Universidade Estadual de Campinas Instituto de Matemática Estatística e Computação Científica

Dissertação de Mestrado

Estudo da Dispersão de Risco de Epizootias em Animais: o Caso da Influenza Aviária

Juliana Marta Rodrigues de Souza

Orientador: João Frederico da Costa Azevedo Meyer

21 de maio de 2010

ESTUDO DA DISPERSÃO DE RISCO DE EPIZOOTIAS EM ANIMAIS: O CASO DA INFLUENZA AVIÁRIA

Este exemplar corresponde à redação final da dissertação devidamente corrigida e defendida por Juliana Marta Rodrigues de Souza e aprovada pela comissão julgadora.

Campinas, 19 de maio de 2010

Prof. Dr:.João F. C. A. Meyer Orientador

Banca Examinadora:

1 João Frederico da Costa Azevedo Meyer

2 Rodney Carlos Bassanezi

3 Silvio Roberto Medeiros Evangelista

Dissertação apresentada ao Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica, UNICAMP, como requisito parcial para obtenção do Título de MESTRE em Matemática Aplicada e Computacional.

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA BIBLIOTECA DO IMECC DA UNICAMP

Bibliotecária: Maria Fabiana Bezerra Müller – CRB8 / 6162

Souza, Juliana Marta Rodrigues de

So89e Estudo da dispersão de risco de epizootias em animais : o caso da influenza aviária/Juliana Marta Rodrigues de Souza-- Campinas, [S.P. : s.n.], 2010.

Orientador : João Frederico da Costa Azevedo Meyer Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica.

1.Coeficiente de difusão.
2.Gripe aviária.
3. Equações diferenciais parciais não-lineares .
I. Meyer, João Frederico da Costa Azevedo.
II. Universidade Estadual de Campinas. Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica. III. Título.

Título em inglês: A risk dispersion study of animal diseases : the avian influenza case

Palavras-chave em inglês (Keywords): 1. Diffusion coefficient. 2. Avian flu. 3. Partial differential equations, Nonlinear.

Área de concentração: Biomatemática

Titulação: Mestre em Matemática Aplicada

Banca examinadora: Prof. Dr. João Frederico da Costa Azevedo Meyer (IMECC-UNICAMP) Prof. Dr. Rodney Carlos Bassanezi (IMECC-UNICAMP) Prof. Dr. Silvio Roberto Medeiros Evangelista (EMBRAPA)

Data da defesa: 30/04/2010

Programa de Pós-Graduação: Mestado em Matemática Aplicada

Dissertação de Mestrado defendida em 30 de abril de 2010 e aprovada

Pela Banca Examinadora composta pelos Profs. Drs.

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

Prof. (a). Dr (a). RODNEY CARLOS BASSANEZI

J.L. Ulu

Prof. (a). Dr (a). SILVIO ROBERTO MEDEIROS EVANGELISTA

O ambiente exerce influência sobre todo e cada indivíduo e é, reciprocamente, modificado. Como um organismo, ele próprio.

Agradecimentos

Eu agradeço. Por tudo e a todos. Mas mais aos queridos. Ao mestre, com carinho. A João, por tudo. À família. A que eu já tinha quando cheguei: minha mãe, meu pai e meu irmão. E a que a ela somei: Mari, Gustavo, Maíra, Meire, Letícia e Felipe. Aos meus avós porque criaram bem meus pais e por tão mais. À Bruna, por seu bom senso e equilíbrio. Aos amigos que não temem a loucura, ou disfarçam bem: Juliana, Marjory e Márcia. Aos que não menciono. Aos que esqueci. Eu agradeço. Por tudo e a todos. Mas mais aos queridos.

Resumo

Esta dissertação de mestrado do grupo de Biomatemática do Instituto de Matemática Aplicada e Computacional da UNICAMP, com auxílio de Bolsa de mestrado da CNPq, é resultado de dois anos, 2008 e 2009, de estudo a respeito da dispersão do risco de contágio do H5N1. Após tratar brevemente da estrutura viral; do papel das aves que sofrem sua ação; dos problemas financeiros que o H5N1 traria ao Brasil e já inflingiu a outras nações; o trabalho concentra-se em modelar e simular um ambiente formado de duas populações de comportamento distinto. A primeira, de aves silvestres, livres, que podem migrar. A segunda população consiste de aves restritas ao controle de um criador; não voam, não se espalham além dos limites da pequena localidade onde são criadas para fins de subsitência. Cada uma das três subdivisões destas populações, de acordo com o status em relação à doença, é modelada por uma equação diferencial parcial, compondo um sistema cuja solução numérica, necessária por conta das descontinuidades das condições iniciais, prediz o comportamentos da infecção em função do tempo e do espaco. Dentre os resultados alcancados, destaca-se: o homem parece ter chance de conter o espalhamento do vírus. Para isso teria de sacrificar todos os animais de pequenas criações e, então, indivíduos da população silvestre, mas a uma taxa menor do que eles são capazes de se reproduzir, ou seriam levados a extinção. Também estão contidos neste trabalho, o estudo dos estados estacionários do sistema e a estimativa de que o coeficiente de difusão do H5N1 assumiria valores entre 0.025 e 0.5 km^2/dia .

Abstract

This dissertation from the IMECC, UNICAMP, Biomathematical Group, with funds offered by CNPq, is the result of two years, 2008 and 2009, of study about the spreading of H5N1 risk of infection. After treating briefly the viral structure; the birds that suffer the virus; the financial problems that the disease would bring to Brazil and has already inflected to other nations; this paper concentrates in modeling and simulating an environment composed by two distinct behaviour population. The first one is free wild birds, that migrate. The second population consists of birds restricted to a farmer control; they don't fly, don't spread beyond little farms limits where they are raised to subsistence purposes. After dividing each of these two populations in other three, according to their status in relation to the H5N1 infection, they are modeled by means of Partial Differential Equation, composing a non-linear system which requires numerical solution because of descontinuous initial conditions and predicts the infection behaviour in spatial and temporal terms. Among the results figure: Humans, by completely sacrifing small farms birds and, then, wild birds in smaller rate than they reproduce themselves, seems to have a chance of prevent the virus to spread even further. This paper also study stationary states and determine, through computational methods, the H5N1 coefficient range, among $0.025 e 0.5 km^2/day$.

Sumário

Ag	grade	ecimentos	vii	
Re	Resumo ix			
Al	bstra	act	xi	
1	Intr	rodução	1	
2	Cor	nsiderações Iniciais	5	
	2.1	H5N1, o vírus	5	
	2.2	Aves, o veículo	10	
	2.3	O problema econômico - Brasil	12	
	2.4	Cronologia	14	
3	Mo	delo, Viés Teórico	19	
	3.1	Modelagem matemática	19	
		3.1.1 Modelos de Reação e Difusão	21	
		3.1.2 A Equação de Reação e Difusão, e Ondas	22	
		3.1.3 Modelos SIR, SIRS	23	
	3.2	Modelo Desenvolvido	23	
4	Pon	tos Estacionários	29	

SUMÁRIO

5	Do	coeficiente de Difusão	37
	5.1	Dedução da Equação	38
	5.2	Dados e tratamento inicial	40
	5.3	Programas	41
		5.3.1 Primeira rotina - $c_R = 0$	41
		5.3.2 Segunda rotina - $c_R \neq 0$	42
		5.3.3 Terceira rotina - Conjunto de dados próximos no tempo	43
		5.3.4 Quarta rotina - Dados espacialmente próximos	43
		5.3.5 Critério de avaliação dos resultados	44
	5.4	Resultados	45
		5.4.1 Bangladesh	46
		5.4.2 Benim e China	51
		5.4.3 Índia	54
		5.4.4 Nigéria	57
		5.4.5 Romênia	59
		5.4.6 Turquia	63
		5.4.7 Vietnam	68
		5.4.8 Conclusão	71
6	Tra	tamento Numérico	77
	6.1	Motivação matemática	77
		6.1.1 O Método de Galerkin e Elementos Finitos	77
	6.2	Obtenção do esquema numérico	78
	6.3	Preparação para execução do programa: inicialização e não	
		linearidades	85
7	\mathbf{Sim}	nulações 8	89
	7.1	Variando o coeficiente de difusão	91
	7.2	Inserindo velocidades	96
	7.3	A respeito das taxas de infecção	01
	7.4	Interação entre aves silvestres e domésticas	06

xiv

SU	JMÁI	RIO		xv
	7.5	Contro	le humano como ferramenta de contenção do H5N1 $$	108
8	Con	clusão		113
\mathbf{A}	Mai	s a res	peito da Equação de Difusão	117
	A.1	Equaçã	ão de conservação e Lei de Fick - Dedução da Equação	
		de Difu	ısão-Reação em Coordenadas Cilíndricas	117
	A.2	Movim	ento Browniano e Difusão	122
В	Fun	damen	tação Matemática	123
\mathbf{C}	Esti	mativa	de α - Programas	127
	C.1	Arquiv	ros de Entrada	127
		C.1.1	Bangladesh	127
		C.1.2	Benim	130
		C.1.3	China	130
		C.1.4	Índia	130
		C.1.5	Nigéria	131
		C.1.6	Romênia	131
		C.1.7	Turquia	132
		C.1.8	Vietnam	134
	C.2	Progra	mas	136
		C.2.1	Programa de chamada	136
		C.2.2	Primeira rotina	140
		C.2.3	Segunda Rotina	141
		C.2.4	Terceira Rotina	144
		C.2.5	Quarta Rotina	146
		C.2.6	Programa para calcular o $Erro(\alpha), c_R = 0 \ldots \ldots$	148
		C.2.7	Programa para calcular o $Erro(\alpha), c_R \neq 0 \ldots \ldots$	150
		C.2.8	Formatador e/ou criador de <i>clusters</i> temporais	151
		C.2.9	Criador de <i>clusters</i> espaço-temporais	155
		C.2.10	Formatadores	158

		C.2.11 Mapas	. 160 . 162 . 164
D	Da	Base de Elementos Finitos	167
\mathbf{E}	Pro	gramas referentes a simulação	171
	E.1	Programa das malhas	. 171
	E.2	Programa principal	. 173

Lista de Figuras

2.1	Estrutura de um típico vírus orthomyxo [18]
2.2	Rotas de migração de aves [16]. $\ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots 11$
2.3	Crescimento na produção brasileira de aves
3.1	Fluxograma com o comportamento das populações estudadas . $\ 26$
5.1	Compreendendo o domínio
5.2	Mapas com subdivisões distintas dos surtos em Bangladesh.
	À esquerda, surtos subdivididos de acordo com a proximidade
	temporal. À direita, em cores diferentes, os distintos subcon-
	juntos de surtos espacialmet ne próximos de H5N1 em aves. $.46$
5.3	Histograma combinando todos os resultados obtidos para o
	coeficiente de difusão de Bangladesh
5.4	${\rm Histogramas\ com\ os\ resultados\ obtidos\ para\ cada\ um\ dos\ métodos}$
	de obtenção do coeficiente de difusão do H5N1 em Bangladesh.
	Da esquerda para a direita, de cima para baixo, resultados
	obtidos de acordo com a ordem de execução há pouco men-
	cionada

5.5	De cima para baixo, da esquerda para a direita, os três primeiros	
	Gráficos apresentam os D' s obtidos sem $clusters,$ com $clusters$	
	temporais e com $clusters$ espaciais; a seguir os gráficos com a	
	Raiz do Erro Quadrático Médio dos três primeiros, os coefi-	
	cientes obtidos usando $\mathit{clusters}$ espaço-temporais e, à direita,	
	a Raiz do Erro Quadrático Médio	49
5.6	Mapas com subdivisões espaciais e temporais dos surtos da	
	China	52
5.7	Todos os resultados alcançados para a China a respeito da	
	estimativa do coeficiente de difusão	53
5.8	Em diferentes cores, os 8 $clusters$ temporais indianos. Cada	
	círculo indica um <i>cluster</i> espacial	54
5.9	Estimativas para o coeficiente de difusão do H5N1 na Índia,	
	de acordo com as duas primeiras rotinas	55
5.10	Histogramas com os ajustes para o coeficiente de difusão, obti-	
	dos por cada um dos 5 métodos computacionais e, no último,	
	todos os resultados juntos, para Índia.	56
5.11	Para a Nigéria: 4 ${\it Clusters}$ espaciais dentro dos círculos e 2	
	<i>clusters</i> temporais em cores distintas	58
5.12	α 's obtidos para a Nigéria utilizando $\mathit{clusters},$ à esquerda, e	
	Raiz do Erro Quadrático Médio resultante destas estimativas,	
	à direita	59
5.13	$Clusters$ romenos, à esquerda espaciais e à direita temporais. $% \mathcal{O}(\mathcal{O})$.	60
5.14	Histogramas com os resultados das execuções computacionais	
	para os dados referentes à Romênia. Alguns histogramas apare-	
	cem com $zoom$ horizontal mas todos foram criados dividindo	
	o intervalo $[0,35]$ em 1050 intervalos. \ldots \ldots \ldots \ldots	61

5.15	Ajustes obtidos para o coeficiente de difusão da Romênia.	
	Acima através das duas primeiras rotinas a aparecer na seção	
	5.3e abaixo por meio do programa calcado em $clusters$ pura-	
	mente espaciais	62
5.16	Mapeamento dos surtos de H5N1 na Turquia; à esquerda, $clus$	
	ters de tempo em 7 diferentes cores e, à direita, 10 cores de-	
	notam os subconjuntos espaciais. \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots	64
5.17	Resultados numéricos obtidos pelas rotinas computacionais	
	apresentadas nas Subseções 5.3.1, 5.3.2 e 5.3.3	64
5.18	Coeficientes e respectivas REQM da Turquia obtidos através	
	de $\mathit{clusters}$ temporais, acima, e espaço-temporais, abaixo	65
5.19	Histogramas com resultados de cada estimativa para o coefi-	
	ciente de difusão da Turquia	66
5.20	Duas visões dos surtos de gripe aviária no Vietnam: à esquerda	
	subdivisões espaciais e à direita diferentes cores indicam difer-	
	entes intervalos de tempo.	68
5.21	Resultados obtidos pelos programas computacionais para o co-	
	eficiente de difusão do H5N1; acima através das duas primeiras	
	rotinas e abaixo usando <i>clusters</i> espaciais	69
5.22	Complementando a Figura 5.21, os resultados usando $clusters$	
	temporais e espaço-temporais, acima e abaixo, respectivamente.	69
5.23	Histograma combinando os resultados de todos os métodos	
	computacionais para o α do Vietnam	71
71	Condição incial de todas as simulações desta seção, da es-	
1.1	condição mera a direita os gráficos referem se a S $L \circ M$	01
7 2	Simulações com $\alpha = 0.05 \ km^2/dia$ om t=20, 60 o 200 dias	91
1.4	respectivamente	02
73	Os gráficos em t -200 dias rotacionados para cada α . De cima	$J\Delta$
1.0	para baixo $\alpha = 0.05$ 0.1 o 0.5 km^2/dia respectivemente	03
	para barro, $\alpha = 0.05, 0.1 \ \text{e} 0.5 \ \text{km} \ / \alpha \alpha \alpha$, respectivamente	90

LISTA DE FIGURAS

7.4	Simulações em três tempos: t=20, 60 e 200 dias; usando α	
	intermediário	4
7.5	As simulações até t=20, 60 e 200 dias, usando o extremo $\alpha =$	
	$0.5km^2/dia.$	5
7.6	Populações $S, I \in M$, da esquerda para a direita, após sim-	
	ulação até t=2000 dias com $\alpha = 0.5 km^2/dia.$ 9	6
7.7	Resultados das simulações com $\alpha=0.02~km^2/dia,$ acima, e	
	$\alpha=0.06~km^2/dia,$ abaixo, em gráficos usando coordenadas	
	radiais, t=50 dias	7
7.8	Comparação dos resultados das simulações com $\alpha=0.05,$ em	
	$t=500$ dias. Acima $v_x=0$ e abaixo $v_x=0.1\ km/dia.$ 9	8
7.9	Simulações com $\alpha=0.05~km^2/dia,t=20$ dias, malha com	
	2679 pontos. Da esquerda para a direita, S,I e $M.$ Na linha	
	superior não há velocidades agindo sobre o sistema e na linha	
	inferior velocidade de 900 m/dia age na direção x 9	9
7.10	Condição inicial da simulação com ambas as componentes da	
	velocidade não nulas	0
7.11	Se $\alpha = 0.08 \ km^2/dia$, em $t = 20 \ dias$, sem velocidade o	
	panomrama é dados pelos três gráficos da parte de cima da	
	Figura; com velocidade de componentes $v_x = 0.9$ e $v_y = 0.3$	
	o retrato da situação é composto pelos três gráficos da parte	
	inferior	1
7.12	Simulação que reflete impacto do aumento de β_{SI} , em relação	
	ao cenário da Figura 7.9	2
7.13	Comportamento da populações em um ponto da simulação da	
	Figura 7.14 ao longo de 1500 dias. Os gráficos de baixo são	
	zoom 's a fim de mostrar detalhes das oscilações amortecidas. . 10	3
7.14	Primeiro ciclo de infecção para $\beta_{SI} = 0.08$, com $\alpha = 0.05$	
	e linha de chamada $SIMBDF(0, T, T, 1, 9, 40, 18, 500)$, com	
	T=0:8:40 e T=100 dias, de cima para baixo. $\dots \dots \dots$	5

7.15	Interação das seis populações cujo comportamento modela-se
	neste trabalho, em quatro tempos: condição inicial 107
7.16	Interação das seis populações cujo comportamento modela-se
	neste trabalho, em quatro tempos: segunda parte, $t=4~{\rm dias.}$. 108
7.17	Interação das seis populações cujo comportamento modela-se
	neste trabalho, em quatro tempos: terceira parte, $t=8~{\rm dias.}~$. 109
7.18	Interação das seis populações cujo comportamento modela-se
	neste trabalho, em quatro tempos: quarta parte $t=16~{\rm dias.}~$. 110
7.19	Situação final da simulação que trabalha com todas as pop-
	ulações, t=60 dias. $\dots \dots \dots$
7.20	Um ponto da primeira simulação com $\mu_B \neq 0$ acompanhado
	ao longo de 350 dias. \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots 111
7.21	Panorama final da simulação que também originou a Figura
	7.20
7.22	Com a inserção de μ_S a doença poderia ter sido contida, não
	fosse a existência de aves domésticas, t=206 dias 112
A.1	Exemplo de volume
D.1	Numeração dos elementos
D.2	Interação entre pontos e triângulos. Os elementos de base
	sobre vértices dos triângulos marrons possuem integral não
	nula sobre os triângulos centrais. $\ldots \ldots 169$
D.3	Produtos não nulos j i k \hdots

Capítulo 1

Introdução

Esta dissertação versa a respeito da dispersão do risco de contágio do H5N1. Desde 1997 o vírus da influenza aviária vem destruindo populações de aves, migratórias e domésticas, trazendo prejuízos financeiros e para a saúde humana. A estrutura viral que permite a ocorrência de frequentes mutações e aumenta a periculosidade do vírus, as aves que, infectadas, sofrem sua ação perniciosa e o transportam pelo mundo, os problemas financeiros que o H5N1 traria ao Brasil, bem como as datas dos acontecimentos decisivos na varredura que vem fazendo pelo mundo, são tratadas no Capítulo 2.

O trabalho concentra-se em um ambiente composto de duas populações de comportamento distinto. A primeira composta de animais silvestres, livres, que podem migrar. Estes indivíduos, se contaminados, carregariam a doença consigo para dentro de um domínio espacial e difundiriam-na através do contato com outros organismos incialmente sãos. A segunda população consiste de aves restritas ao controle de um criador doméstico, no sentido frequentemente designado na literatura por "fundo de quintal"; não voam, não se espalham além dos limites da pequena localidade onde são criadas para fins de subsitência. Estas duas populações, cada uma subdividida em três, de acordo com seus status em relação à doença, são modeladas através de equações diferenciais parciais no Capítulo 6, compondo um sistema cuja solução prediz o comportamentos dos indivíduos e da infecção em função do tempo e do espaço.

No Capítulo 4 são averiguados quais os estados estacionários deste sistema no intuito de descobrir como a doença se estabilizaria, se as populações de aves infectadas iriam a zero, como desejado, ou se, pelo contrário, as populações suscetíveis seriam negativamente afetadas a ponto da extinção, por exemplo.

Os estado estacionários, seus valores, estão intimamente relacionados com coeficiente de difusão do H5N1, α , que também tem papel fundamental na solução numérica. A determinação deste coeficiente, especificamente para o vírus de alta patogenicidade do H5N1, envolvendo modelagem, tabelas de dados de site internacional de saúde animal e programas computacionais é abordada, com sucesso, ao longo do Capítulo 5.

Tanto a hipótese de elementos silvestres infectados adentrando o domínio concentradamente, quanto a da existência de pequenos criadouros, leva a condições iniciais descontínuas para o sistema de EDP's; por isso métodos numéricos são usados a fim de, trabalhando com estas condições realistas, alcançar soluções. Os cálculos requeridos e a matemática que sustenta a existência e unicidade das soluções encontradas através do Método de Galerkin combinado com Elementos Finitos são o tema do Capítulo 6.

Ao acompanhar estas etapas, espera-se que o leitor entenda os vários níveis de ação do H5N1, compreenda as ferramentas matemáticas usadas para estudá-lo, os resultados alcançados aplicando-as e, se necessário, de posse dos programas dos Apêndices C e E seja capaz de, ele próprio, realizar as simulações que considerar relevantes e tirar delas conclusões.

Entende-se que a extensão do texto está além da esperada de uma dissertação de mestrado. Tal extensão é devida ao desejo de expor todo o conteúdo relevante elaborado. Assim é possível deixar de ler capítulos a depender do enfoque do leitor. Leitores interessados apenas no coeficiente difusão do H5N1 não precisam ler, por exemplo, o Capítulo 4 e podem parar de ler ao fim do Capítulo 5. Aos que desejam compreender a modelagem proposta e respectiva simulação numérica, o Capítulo 4 e o Capítulo 5 não são imprescindíveis. Se estados estacionários e soluções analíticas são os de maior apelo, concentrar-se nos quatro primeiros capítulos pode ser suficiente. Entende-se também que a experiência será tão mais enriquecedora quanto completa. E é por isso que se permitiu que o texto tomasse proporções talvez exageradas.

Capítulo 2

Considerações Iniciais

2.1 H5N1, o vírus

Dotados da estrutura mais simples possível, vírus são constituídos essencialmente de uma cápsula protéica, o capsídeo, que envolve material genético. A simplicidade de sua constituição implica o parasitismo celular como solução para a realização das atividades necessárias à multiplicação viral. Tal parasitismo pode ser mais ou menos nocivo para o portador, a depender da destruição, ou não, da célula hospedeira quando da liberação de novos vírus. Dentre as doenças pelas quais os vírus são responsáveis, cita-se grandes problemas brasileiros e mundiais, como a dengue, a AIDS e a Influenza.

Uma vez que haja contato entre o vírus e uma célula hospedeira, material genético viral é introduzido na célula que passa a funcionar como linha de produção de novos vírus; estes, quando prontos, são devolvidos ao exterior da célula de modo a dar continuidade ao processo infeccioso.

Numa célula, o DNA se encarrega da informação genética enquanto o RNA é o responsável pela síntese de proteínas; para tanto existem três tipos de RNA, o m-RNA, ou RNA mensageiro, que carrega a informação de qual sequência de aminoácidos a nova proteína deverá ter, o t-RNA, ou RNA transportador, que é o responsável pelo transporte dos aminoácidos até o local de síntese da proteína e o r-RNA, o RNA ribossômico, cuja função está relacionada com a estrutura do ribossomo.

Ainda numa célula, a síntese de RNA a partir do DNA, chamada de transcrição, ocorre no núcleo e pode ser brevemente resumida da seguinte forma: na presença da enzima RNA-polimerase as pontes de hidrogênio que unem as duas fitas de nucleotídeos do DNA se desfazem, nucleotídeos livres de RNA ligam-se a apenas uma das fitas de DNA, quando pronta, a nova fita simples de RNA destaca-se e parte para o citoplasma enquanto as duas fitas de DNA tornam a se parear.

Uma vez que o processo de transcrição tenha dado origem ao m-RNA, para que proteínas sejam sintetizadas, as moléculas de t-RNA, também oriundas do núcleo, devem difundir-se pelo citoplasma e ligar-se, cada uma, a determinado aminoácido. Um ribossomo, então, ata-se a uma extremidade do m-RNA e a cada trecho de m-RNA um t-RNA une-se pela extremidade livre enquanto, no outro extremo, o t-RNA está ligado a seu aminoácido. A cada trecho de m-RNA percorrido pelo ribossomo ata-se um t-RNA portando seu respectivo aminoácido e, através de ligação peptídica, os aminoácidos ligamse. A cada movimento do ribossomo sobre o m-RNA o processo se repete e, ao fim, uma cadeia polipeptídica é obtida. A síntese de RNA celular, que envolve ribossomos, é chamada tradução. Tratando-se de vírus, o RNA também pode ser o portador de informação genética.

Vírus cujas replicações dependem do RNA possuem duas estratégias possíveis. A primeira inclui uma fase envolvendo DNA e a segunda não a inclui.

O segundo caso, pela necessidade de disponibilidade do m-RNA para que proteínas sejam sintetizadas, ainda pode ser subdividido em três tipos, a depender do RNA viral.

- Há os vírus cujo RNA funciona prontamente como um m-RNA e pode ser diretamente traduzido no interior da célula açambarcada.

- Os vírus cujo RNA pode ser interpretado como o 'negativo' do RNA mensageiro, de modo que, para que proteínas possam ser confeccionadas, é necessário primeiramente produzir seu complementar. Tal processo envolve a enzima RNA-polimerase que, então, também deve ser fabricada pela célula hospedeira para ser incluída na cápsula viral.

 - E, por fim, os vírus cujo RNA é duplamente ligado e, por isso, mantêm relação de dependência, semelhante aos vírus anteriores, com a enzima RNApolimerase.

O vírus da Influenza, assim como o vírus da raiva, se encaixa na segunda categoria de vírus, a dos que não possuem fase de DNA. Restringe-se, pois, a suas características e seu modus-operandi.

Há três grupos de vírus de Influenza. A influenza do tipo A pode infectar humanos, porcos, aves, cavalos e outros animais, mas seus hospedeiros naturais são os pássaros selvagens. Apenas vírus da Influenza do tipo A infectam aves e todos os subtipos conhecidos de influenza A podem infectar aves. O tipo B de Influenza geralmente é encontrado em humanos e é menos patogênico que o tipo A, apesar de poder ser mortal para humanos, normalmente está associado a epidemias menos severas e nunca causou pandemias. Nunca tendo apresentado pandemias ou epidemias, o tipo C da influenza causa apenas pequenas infecções em humanos [15]. Em termos estruturais, os vírus da Influenza têm formatos variados. O tipo A apresenta 8 segmentos de RNA em seu interior [17] e, de acordo com a classificação corrente de vírus, é dito segmentado, enquanto o vírus da raiva, por exemplo, é do tipo não segmentado.

Os vírus da Influenza do tipo A, cuja estrutura pode ser observada na Figura 2.1, possuem cápsula lipídica de duas camadas e podem ser classificados de acordo com as glicoproteínas principais que existem em sua superfície: a hemaglutinina (HA), proteína cujo papel é ligar-se à célula hospedeira e fundir-se a ela, e a neuraminidase (NA) responsável pela remoção de ácido siálico das proteínas do vírus e da célula portadora.

Dado o encontro entre a célula que virá a ser a hospedeira e o vírus, este liga-se aos receptores da superfície celular e é assimilado por endocitose. No



ORTHOMYXOVIRUSES

Figura 2.1: Estrutura de um típico vírus orthomyxo [18].

ph ácido do endossomo, organela responsável pela endocitose e ligada à membrana, o HA passa por uma mudança de forma e então funde-se, liberando material genético viral (nucleocapsídeos) no citoplasma. A necessidade de decomposição do HA antes que possa promover a fusão restringe quais tecidos o vírus poderá infectar.

Como já foi dito, no caso do vírus da Influenza é necessária a produção de m-RNA para que novos vírus sejam confeccionados, por isso nucleocapsídeos são transportados para o núcleo onde a síntese do m-RNA acontece. Uma vez que o m-RNA esteja pronto, sua tradução ocorre no citoplasma, enquanto a replicação, processo que necessita de RNA-polimerase, ou uma versão modificada de RNA-polimerase, é, como a síntese, efetuada no núcleo celular.

Acabada a confecção do RNA de cadeia completa e positiva, este RNA é usado para sintetizar RNA's de cadeia completa negativa que, por sua vez, podem servir de modelo para replicação, podem produzir mais m-RNA ou podem ser embalados.

Quando da montagem de novos vírus, nucleocapsídeos são carregados para fora do núcleo e, via complexo de Golgi, as proteínas envelopadas são transportadas para uma região modificada da membrana plasmática; nessa região da membrana plasmática, a proteína M1 interage com os nucleocapsídeos e com as glicoproteínas, HA e NA, permitindo a saída dos vírus através da membrana.

O indivíduo infectado pelo vírus da gripe, em caso de sobrevivência, desenvolve anticorpos de memória contra o arranjo das proteínas HA e NA do vírus. Se houver posterior exposição ao mesmo vírus, os anticorpos impedem que haja re-infecção; no entanto, conforme o vírus é carregado pelo mundo por hospedeiros, mutações ocorrem e se os códigos de RNA para HA ou NA sofrerem modificações, a proteína será levemente diferente e anticorpos existentes do contágio anterior não a reconhecerão mais. O mais provável é que apenas uma das proteínas mude, diminuindo a gravidade da doença mas ainda possibilitando o aparecimento de uma nova temporada de gripe. Este processo de mutação gradual, ano a ano, é chamado de 'drift antigênico' e causa epidemias anuais de gripe.

Existem vírus da gripe de aves e de muitos mamíferos, dentre eles humanos e porcos . Esses vírus tendem a se ater a uma única espécie, mas quando o vírus da influenza de duas espécies diferentes infectam a mesma célula, surge outra possibilidade de superar defesas previamente adquiridas pelo organismo acometido. O RNA pode sofrer rearranjos, misturando-se com o outro vírus da gripe e vírus híbridos, com novos "H"e "N", podem ser criados. Como nenhum indivíduo terá anticorpos que reconheçam os novos "H"e "N", estes híbridos são particularmente perigosos e causam pandemias.

Assim, se um humano entra em contato suficientemente próximo com um animal infectado, o vírus da gripe animal pode infectar o humano, normalmente causando uma pequena infecção que, a menos de mutações, não se espalha para outros humanos. Porém, se este humano também estiver infectado com influenza humana no mesmo período, interações mais perigosas podem tomar espaço.

Apenas o tipo A de influenza possui classificação baseada nas gliproteínas

de superfície; assim, por exemplo, o vírus 'H5N1' designa um subtipo de vírus de influenza do tipo A com cinco proteínas HA e uma proteína NA. Existem 16 subtipos de proteínas HA e 9 subtipos de proteína NA conhecidos e muitas combinações são possíveis.

Os vírus da Influenza do tipo A e B também são classificados de acordo com cepas. Novas cepas aparecem e substituem antigas e são originadas pelos, mencionados há pouco, drifts antigênicos.

Sabe-se de três subtipos principais de influenza aviária, cada um com 9 subtipos potenciais, que podem infectar também humanos, Influenza A H5, Influenza A H7 e Influenza A H9. O subtipo A H9 raramente foi reportado e sempre apresentou baixa patogenicidade. O subtipo A H7 também é raro, mas causou desde pequenas infecções até casos que levaram a óbito e, dos nove subtipos potencias do subtipo A H5, o subtipo de alta patogenicidade H5N1 circula pelo mundo atualmente e é nosso objeto de estudo.

2.2 Aves, o veículo

A Classe das Aves pertence ao filo dos cordados. Simultaneamente, engloba mais espécies e apresenta menor diversidade anatômica do que qualquer outra classe de vertebrados. Tal semelhança é devida às adaptações fisiológicas necessárias a fim de que o vôo seja possível, no entanto as aves podem ser divididas em dois grupos, as Ratitas, que não voam, e as Carinatas, que voam, sendo este o grupo que compreende a maioria das aves.

O padrão de Clements é tradicionalmente usado na classificação das aves. Apresenta a subclasse das aves ancestrais (Archaeornithes) com apenas uma ordem, a Archaeopterygiformes, e a subclasse das aves modernas (Neornithes) com 31 ordens. Todos os anos mais de 3300 espécies de aves, num total que supera dezenas de bilhões de indivíduos, percorrem em suas rotas migratórias até 20000 km ao redor da Terra, na busca por alimentos e temperaturas mais amenas que as dos invernos de seus locais de origem; intrigando pesquisadores com seu senso de direção [21]. Como podemos ver na Figura 2.2, existem várias rotas migratórias, elas se intersectam e podem ser encaradas como uma malha de corredores de transporte do vírus pelas aves que cobre todo o mundo.



Figura 2.2: Rotas de migração de aves [16].

No Brasil ocorrem 172 espécies de aves migratórias, destas 70 são visitantes provenientes do Hemisfério Sul e as outras 102 provenientes do Hemisfério Norte [10].

Os Estados Unidos, maior produtor mundial de carne de aves, ciente do perigo que o H5N1 representa para a saúde e para a economia, cercou-se de medidas de proteção contra a entrada de animais infectados no país, reduzindo a preocupação do Brasil com esta possível porta de entrada do vírus, que seria carregado por aves migratórias infectadas do Hemisfério Norte para a América do Sul. Configuraria negligência, no entanto, contar com a infalibilidade da estratégia americana e eximir-se de preocupações a respeito das aves vindas do Hemisfério Norte, bem como esquecer-se das aves provenientes do Hemisfério Sul que representam ameaça ainda maior e mais palpável, uma vez que não existem medidas visando à proteção desta frente meridional de entrada. O Brasil há monitoramento em diversos invernários, ainda que muito inferior àquele realizado pelos norte-americanos.

A maior parte do esforço de monitoramento de aves migratórias no norte do continente americano foca na região do Alaska [19], onde se sobrepõem rotas migratória asiáticas e transamericanas, Figura 2.2. O Alaska, localizado entre os paralelos 75N e 55N tem condições ambientais relativamente semelhantes às da base brasileira na Ilha Rei George, na Península Antártica, localizada entre os paralelos 60S e 70S; indicando a necessidade de monitoramento de aves que migram da Antártica para todo o continente americano.

Sabe-se que a Ordem Anseriforme e a Ordem Charadriiforme são as que apresentam maior incidência e diversidade de subtipos de vírus: as aves pertencentes à primeira ordem mostram-se, em geral, assintomáticas quando infectadas com algumas cepas do vírus da Influenza, de alta patogenicidade para humanos, e podem, por isso, migrar normalmente carregando o vírus consigo por longas distâncias. No entanto, os únicos indíduos da Ordem Anseriforme a aparecer no Brasil por migração são os da Família Anatidae, para os quais há registro de mortalidade quando acometidos pelo H5N1 e, portanto, não são assintomáticos. Diferentemente de aves da Ordem Charadriiforme que, a depender da espécie, chegam ao Brasil provenientes do norte e/ou do sul e não apresentam sintomas quando contaminadas.

2.3 O problema econômico - Brasil

Como podemos observar pelo gráfico da Figura 2.3, a produção de aves e ovos no Brasil está em franco crescimento há décadas e, a priori, não há previsões de mudanças nesse panorama: o país constitui, hoje, o segundo maior produtor mundial e é, há anos, o maior exportador de carne de aves e derivados de mundo.

Efetivo de aves e produção de ovos - Brasil 1970/2006



Figura 2.3: Crescimento na produção brasileira de aves

Em 2008 o Brasil produziu 2,280 bilhões de dúzias de ovos e abateu 4,875 bilhões de unidades de frango. Em comparação ao ano de 2007, tais números representam aumentos de 11,5% e 5,3%, respectivamente. A região Sul responde por 60% do abate de frangos e por 23% da produção de ovos do país. O Paraná, isoladamente, contribui com 25,4% do abate.

A região Sudeste é a maior produtora de ovos, participando com 51,2% da produção nacional, e a segunda em abate de frangos, 24% da produção é proveniente do Sudeste. O estado de São Paulo detém 31,7% da produção de ovos.

Enquanto isso o IBGE afirma não haver registro de abate de industrial frango nos estados de Amazonas, Roraima, Amapá e Maranhão. Ainda em comparação com 2007, houve um aumento de 8,7% na exportação da carne de frango, o preço da tonelada de frango em 2008 superou em U\$379 os U\$1403 de 2007 e o faturamento foi 38% maior em 2008 do que em 2007. Em 2004 o Brasil possuía uma fatia de 43% do mercado mundial de carne de frango, o aparecimento da infecção por H5N1 aqui significaria barreiras de pelo menos

6 meses nas exportações e a necessidade do mercado interno absorver 28,5% do total da produção, ainda segundo dados de 2004.

A grande concentração da produção nas regiões Sul e Sudeste deixa claro que se a doença aí chegar a disseminação poderá ocorrer de maneira alarmantemente rápida e que estas serão as regiões mais afetadas economicamente; de qualquer forma, toda a cadeia de produção, que estende-se pelo país inteiro, será prejudicada. A fim de prevenir tal alastramento, aves teriam de ser sacrificadas em quantidade extraordinárias e posteriormente, quando sanado o surto, deveriam ser repostas dispendendo gasto ainda maior. De modo algum poder-se-ia evitar grandes prejuízos econômicos, sociais e de saúde pública.

2.4 Cronologia

Ressalta-se aqui, de acordo com uma cronologia liberada pela *World Health Organization*[22] a 23 de março de 2009, algumas datas e eventos cruciais quanto ao alastramento do vírus H5N1.

1996: Isola-se o vírus H5N1 de um ganso na Província de Guangdong, China.

1997: Em Hong Kong, ocorrem diversos surtos em fazendas e mercados de aves. Pela primeira vez casos de H5N1 em humanos são reportados, 18 no total, sendo 6 casos fatais.

25/11/2003: Morre na China um homem de 24 anos, em Beijing; a princípio o caso é atribuído a SARS mas posteriormente, em agosto de 2006, confirma-se como o vigésimo óbito humano devido ao H5N1 no país.

12/12/2003: Primeiros registros de H5N1 em aves na Coreia.

12/2003-01/2004: Dois tigres e dois leopardos morrem, na Tailândia, devido à infecção por H5N1, após serem alimentados com carcaças de frango frescas. É o primeiro relato de Influenza a causar a morte de grandes felinos.

08/01/2004: Primeiro relato de H5N1 no Vietnam, ainda hoje surtos continuam a ocorrer regularmente.

11/01/2004: Vietnan aponta H5N1 como responsável por doença respiratória com alta mortalidade.

12/01/2004: Primeiro caso de H5N1 detectado em aves para consumo humano no Japão; surtos em aves comercializadas continuam a pulular até março de 2004.

23/01/2004: Aves domésticas são relatadas como infectadas pela primeira vez na Tailândia. Até o fim de janeiro 32 províncias reportam surtos em diversas espécies, inclusive galos de briga. O vírus parece estar intimamente relacionado com o isolado em humanos no Vietnan. A Tailândia proibe vacinação de aves de granja e casos humanos são informados esporadicamente até março de 2004.

24/01/2004: Cambodia relata o primeiro caso de H5N1 em aves demésticas.

02/02/2004: 11 províncias da Indonésia informam, pela primeira vez no país, a presença de H5N1 em aves destinadas a consumo humano.

04/02/2004: Primeiro relato de aves domésticas infectadas na China, durante aproximadamente um mês a decorrer desta data por volta de 9 milhões de aves que se destinariam a consumo humano são sacrificadas. O governo chinês começa a subsidiar a vacinação.

20/2/2004: Na Tailândia, confirma-se o primeiro caso de infecção de gato doméstico pelo H5N1 após comer um pombo infectado pelo vírus.

08/04/2004: Pesquisa identifica o genotipo Z dominante em aves comercializadas para consumo humano, considera plausível que pássaros selvagens façam o papel de transportador do vírus e conclui que o H5N1 encontrou um novo nicho em aves domésticas mas que o vírus ainda não está completamente adaptado a este hospedeiro.

13/07/2004: Pesquisa mostra que o H5N1 tornou-se progressivamente mais letal para mamíferos e que pode levar a óbito aves aquáticas por muito tempo consideradas assintomáticas quando infectadas pelo H5N1.

20/08/2004: Pesquisadores chineses relatam haver encontrado porcos infectados pelo H5N1; não há evidências de que suínos estejam dissemindando

a doença; descoberta parecia ser de relevância limitada.

02/09/2004: Gatos, até então considerados resistentes à infecção por quaisquer vírus de influenza do tipo A, são experimentalmente contaminados, desenvolvem doença severa e observa-se que podem contaminar outros gatos.

18/10/2004: Isola-se o vírus H5N1 em duas aves contrabandeadas da Tailândia e apreendidas no Aeroporto Internacional de Bruxelas.

29/10/2004: Pesquisa confirma que patos domésticos podem ser portadores assintomáticos do H5N1, excretando altas quantidades do vírus e aparentando pouco, ou nenhum, sinal de infecção.

27/01/2005: Pesquisa na Tailândia confirma, pela primeira vez, infecção pelo H5N1 de humano para humano, com resulatdo fatal.

04/2005 - 05/2005: Lago Qinghai, China, onde reúnem-se centenas de milhares de aves migratórias: pela primeira vez ocorre morte em massa de aves selvagens devidas à infecção pelo vírus de alta patogenicidade H5N1.

23/07/2005: Primeiro surto em aves criadas para consumo humano na Rússia. Aves migratórias são encontradas mortas nas vizinhanças do locais de surto.

02/08/2005: Indonésia reporta aves domésticas e porcos acometidos na mesma região onde viviam humanos que se infectaram.

10/2005: Pesquisa sobre a evolução de vírus humanos e animais circulando pela Ásia em 2005 sugere que vários aminoácidos localizados próximo à região do vírus que se liga às celulas hospedeiras estariam sofrendo mudanças, algumas das quais poderiam afetar a transmissibilidade e o modo como o organismo atacado responderia à infecção.

06/10/2005: Primeiro relato de H5N1 detectado em aves domésticas na Turquia.

Pesquisa descreve reconstrução do vírus responsável pela pandemia letal de 1918, descobre que este vírus era inteiramente aviário e encontra similaridades com o H5N1. 07/10/2005: A Romênia informa o primeiro caso de aves para consumo humano infectadas pelo H5N1.

21/10/2005: Croácia reporta o primeiro caso de aves selvegens contaminadas pelo H5N1 no país.

23/10/2005: Reino Unido informa que, três dias antes, um papagaio importado, infectado pelo H5N1, morreu durante quarentena.

11/11/2005: O primeiro caso de H5N1 no Golfo é flamingo migratório encontrado no Kwait.

30/01/2006: Iraque informa primeiro caso de humano infectado por H5N1 em seu território.

01/02/2006: Primeiro surto de aves de fundo de quintal relatado no Iraque, na mesma vila em que casos humanos foram detectados.

03/02/2006: Bulgária reporta pela primeira vez caso de H5N1 no país: em cisnes selvagens.

08/02/2006: O vírus é observado no continente africano pela primeira vez: aves para consumo humano infectadas são encontradas na Nigéria.

09/02/2006: Cisnes selvagens são as primeiras aves a serem descobertas com H5N1 na Grécia.

11/02/2006: Primeiro caso de H5N1 informado pela Itália: aves selvagens contaminadas.

14/02/2006: Alemanha encontra cisnes selvagens infectados; é a primeira observação do vírus no país.

17/02/2006: França defronta-se com H5N1 pela primeira vez em seu território, ao encontrar um pato selvagem infectado.

O Egito relata caso de aves para consumo humano contaminadas pelo H5N1, primeiro caso neste país desde 1965.

18/02/2006: Austria e Índia reportam suas primeiras infeções pelo H5N1.

25/02/2006: Primeiro caso de ave para consumo contaminada na União Europeia: um único Peru na França.

02/09/2006: Os Estados Unidos da América detectam o vírus de alta

patogenicidade H5N1 em pássaros selvagens na Pensilvânia e em Maryland.

14/12/2006: Num esforço para conter a doença, mercados chineses de animais vivos são fechados em caráter permanente.

Em fins de 2006 e no início de 2007 países asiáticos, como Japão e Coréia, voltam a encontrar animais infectados, algo que não acontecia desde 2004.

30/03/2007: Primeiro caso de H5N1 em Bangladesh e na Arábia Saudita são reportados.

De acordo com a Organização Mundial de Saúde Animal (OIE) [14], em 2010, até o dia 22 de janeiro, aos menos três novos surtos de H5N1 já foram informados: em Bangladesh, em Hong Kong e na Índia.

A cronologia que acaba de ser apresentada concentra-se nos primeiros casos da infecção em grande número de países, marcando seu espalhamento por diversos continentes; mas não dá conta de cada primeiro surto em todas as nações afetadas. A bibliografia original [22] é muito mais extensa e tenta manter também a trilha dos casos confirmados em humanos; os surtos são tantos, e em tantos lugares, que separar em uma lista eventos que estão se tornando tão frequentes espacial e temporalmente corre o risco de parecer uma tentativa desesperada de mostrar controle sobre uma infecção que já não pode ser contida; este artifício é ainda assim usado aqui para indicar a velocidade e a seriedade do caso.

A infecção pelo vírus de alta patogenicidade da influenza aviária mostra-se frequentemente letal a humanos e, possivelmente, de acordo com o apresentado neste capítulo, o H5N1 tenha originado, ao combinar-se com alguma influenza suína, o H1N1 que assola o mundo há alguns meses. Como se vê na entrada do dia 20 de abril de 2004, casos em porcos foram encontrados e considerados de pouca relevância. Contrariamente ao H5N1, o H1N1 mostrou-se pouco letal para humanos, principalmente quando comparado às altíssimas expectativas nesse sentido; mas, ainda que chamando menos a atenção da mídia, o vírus da gripe aviária continua a alastrar-se e tornar-se mais perigoso para a economia e para a saúde mundial.

Capítulo 3

Modelo, Viés Teórico

3.1 Modelagem matemática

O termo ecologia remete ao estudo do lar, do que há em comum entre todos os seres vivos, o planeta, e a interação destes seres entre si, bem como sua influência e suas respostas ao meio.

Desde sua concepção a matemática, criação da humanidade, descreve de maneira pictórica a realidade a fim de resolver problemas.

Nada mais oportuno, portanto, do que a humanidade se servir do instrumental matemático acumulado ao longo dos séculos e aplicá-lo a diversas áreas do conhecimento, para entender o lar que compartilha, de maneira mais ou menos agressiva, e sua codependência dos outros seres vivos.

Na tentativa de retratar matematicamente um cenário, deve-se considerar quais as ferramentas mais adequadas, que proprocionarão resultados suficientemente detalhados e cuja obtenção será minimamente viável. Deve-se optar entre modelos discretos ou contínuos, que lidam com o evento estudado em valores absolutos ou com a densidade de eventos, com viés espacial ou não etc..

Designe-se por unidade intrínseca (u.i.) de um problema a unidade de variável independente que separa dois eventos de interesse consecutivos. A opção entre modelos discretos ou contínuos é feita com base no número de u.i.'s que têm de ser avaliadas para que todo domínio de interesse seja contemplado pela análise. Quanto maior a razão domínio de interesse/u.i., em geral, mais desejável o modelo contínuo.

Modelos contínuos recorrem a equações diferenciais enquanto modelos discretos fazem uso de equações de diferenças. A versão discreta e a versão contínua de um mesmo problema não necessariamente apresentam os mesmos resultados mas, se os intervalos de tempo entre os eventos forem pequenos o suficiente, a versão contínua pode ser uma boa aproximação para o problema discreto e vice-versa. Assim, equações diferenciais são mais bem ajustadas a populações cujas gerações se sobrepõem. E as diversas populações que não apresentam sobreposição entre gerações apresentam crescimento populacional mais bem retratados por passos discretos, sazonais.

Nascimento, movimento e/ou morte de indivíduos podem ser encarados como fenômenos estocásticos, completamente determinísticos ou ainda, predições determinísticas para algum atributo de uma variável aleatória, como a média ou a esperança.

Ao desconsiderar-se o caráter espacial de um problema assume-se que o ambiente é homogêneo e que cada indivíduo recebe dele, e o afeta com, a mesma influência [1]. Em modelos matemáticos que descrevem dinâmicas de populações, o caráter espacial pode ser desejável, ou até necessário, uma vez que indivíduos costumam ter um âmbito de ação restrito no que tange seus vizinhos mas que, em certos casos, possuem particularidades de acordo com características de seu meio, geográficas por exemplo. Além disso, a compontente espacial permite parâmetros dependentes das variáveis espaciais para o problema.

Em comunidades estruturalmente complexas da natureza, chama-se rede trófica à rede de interação de espécies. Não linearidades, em geral, surgem para retratar a interação de indivíduos de uma mesma população ou de populações diferentes, acarretando por um lado dificuldades matemáticas adi-
cionais e, por outro, realismo. Quando espécies interagem, cada população tem suas dinâmica afetada. Todas as espécies interagentes podem se beneficiar caracterizando o que a Biologia chama de mutualismo ou simbiose. Ou podem competir e sofrer impacto negativo proveniente desta competição. Ou ainda, algumas podem se beneficiar enquanto outras sofrem impactos negativos, o cenário da presa-predador.

Modelos multi-espécies contínuos no tempo, lidando com densidades de espécies são da forma

$$\frac{d\vec{u}}{dt} = \vec{f}\left(\vec{u}\right)$$

Ou:

$$\frac{d\vec{u}}{dt} = \vec{f}\left(\vec{u},t\right)$$

onde $\vec{u}(t)$ é o vetor n-dimensional de densidades populacionais e $\vec{f}(\vec{u})$, ou $\vec{f}(\vec{u},t)$, descreve a relação não linear entre as espécies. A função \vec{f} , envolve parâmetros que caracterizam vários aspectos de crescimento e interação do sistema sob investigação [3].

Para tratar do comportamento do risco de H5N1 em regiões de um país este trabalho calca no viés espacial e em não lineraridades, as últimas presentes devido à divisão das populações de aves em categorias, de acordo com sua procedência e contaminação pelo vírus. Discorre-se mais detalhadamente sobre esses aspectos nas duas seções a seguir.

3.1.1 Modelos de Reação e Difusão

O espaço pode ser tratado explicita ou implicitamente em modelos matemáticos. No primeiro caso é possível obter representações da distribução dos eventos no domínio espacial. No segundo caso é possível saber os valores que as populações assumem em determinadas regiões do espaço, mas não sua distribuição fisíca, de fato. Aqui interessa o primeiro caso. E obtém-se tal resultado usando, no modelo, a equação de reação-difusão.

Difusão é a (macro-)resultante do (micro-)movimento de indivíduos.

Há possibilidades diversas para a dedução da equação de reação difusão, a saber, tomar o limite em larga escala de modelos de dispersão baseado em passeios aleatórios, a partir da Lei de Fick, a partir de equações estocáticas diferenciais, ou mesmo, de sistemas de partículas interagentes. Na tentativa de elucidar sua aplicação a problemas de mobilidade populacional, duas deduções são contempladas no Apêndice A .

3.1.2 A Equação de Reação e Difusão, e Ondas

A componente δ de A.6 implica a possibilidade de ondas propagadoras para solução da equação. A depender do problema, δ assume diversas formas, uma das mais estudadas é $\delta = \rho p(1-p)$, à qual chegou Fisher (1937) ao estudar a prevalência de um gene em uma população que se difundia. A equação $\frac{\partial c}{\partial t} = D \frac{\partial^2 c}{\partial x^2} + \rho p(1-p)$ também pode representar uma população que difunde-se e reproduz-se de acordo com o modelo de Verhulst.

Juntamente com condições inicias, é possível determinar a solução de equações de reação e difusão. A solução analítica pode ser determinada de forma única, a depender dos parâmetros da equação e em alguns casos a solução só pode ser representada em forma de série infinita. Em outros casos ainda, a soluções podem apenas ser aproximadas. Dentre tais soluções possíveis, há a onda propagadora, segundo a qual a população move-se em 'ciclos' varrendo o domínio com sua frente de onda cuja intensidade pode variar temporalmente. Esta solução descreve irretocavelmente muitos problemas de bioquímica e casos de macro-populações como raiva em raposas [4].

3.1.3 Modelos SIR, SIRS

Para estudar matematicamente determinada população exposta a uma doença é necessário compreender previamente o impacto desta última sobre os indivíduos acometidos.

Um único agente infeccioso em populações distintas provoca respostas imunológicas diferentes. Por exemplo, a população pode ser toda suscetível ou pode haver uma parcela imune; todos os infectados podem vir a morrer ou uma fração pode sobreviver e tornar-se permanentemente imune ou, até, após certo período de imunidade retornar à suscetibilidade.

Partindo de informações empíricas, observações biológicas, a cerca da ação de risco é então possível decidir em quantas e quais classes é ideal subdividir a população a fim de obter caracterização rica o suficiente para que o modelo possa fornecer bons resultados, que indiquem o comportamento futuro da doença, e simples o suficiente para que o problema seja matematicamente tratável.

Uma vez que a população tenha sido subdividida de acordo com seu status em relação à doença é possível enxergar o problema como diferentes populações interagindo. É este o caminho que leva a não linearidades.

Suponha, de acordo com as considerações anteriores, que o objeto de estudo seja composto apenas das classes Suscetível e Infectada, falta compreender como a infecção é retratada matematicamente: se ocorre a taxa β , com $[\beta] = \frac{1}{[N][T]}$, onde [N] é a unidade de medida de indivíduos e [T] a de tempo, então a cada SI encontros $S(\beta I)$ indivíduos infectam-se por unidade de tempo. Mais uma vez, a determinação destes parâmetros é muito importante.

3.2 Modelo Desenvolvido

De posse das ferramentas matemáticas brevemente relacionadas neste capítulo apresenta-se agora o modelo desenhado para analisar o impacto da gripe aviária sobre pequenos produtores de frango no Brasil. De acordo com o Capítulo 2, a doença adentraria o país carregada por uma, ou mais, ave(s) selvagem(ns) infectada(s) e se dispersaria entre diversas espécies até que, eventualmente, chegasse a aves domésticas. Assim, divide-se o problema entre aves selvagens e domésticas, ou de fundo de quintal. Cada uma das duas populações é subdividida ainda de acordo com o status em relação a doença, tem-se aves livres da doença, acometidas por ela e mortas devido a infecção.

A notação usada para representar cada uma das seis populações resultantes pode ser observada na Tabela 3.1:

Status em relação à doença	Selvagens	Domésticas
Saudáveis	S	В
Infectados	Ι	D
Mortas	M	F

Tabela 3.1: Notação que designa cada população analisada.

A variação temporal da população de aves migratórias saudáveis, (3.1), cuja concentração é denotada por S, é devida a:

- difusão espacial;
- a compontente de movimentação devida ao vetor velocidade V;

- o termo de crescimento logístico, onde supõe-se que aves infectadas não transmitem a infecção para a prole que, portanto, nasce saudável; que suscetíveis, S, e infectados, I, são parcelas de uma mesma população limitada pela capacidade de suporte K e que a contante Malthusiana de crescimento é λ ;

- as perdas que sofre quando aves selvagens são retiradas do ambiente por agentes externos, por exemplo quando são caçadas pelo homem, termo $\mu_s S$, e quando da infecção de S por aves migratórias infectadas ou mortas, termos $\beta_{SI}SI$ e $\beta_{SM}SM$; ou aves domésticas infectadas ou mortas, representadas pelos termos $\beta_{SD}SD$ e $\beta_{SM}SF$, respectivamente.

Enquanto $\frac{\partial I}{\partial t}$, (3.2), é beneficiada pela infecção de S, também se difunde,

com a mesma constante de difusão α e movimenta-se com velocidade V; além de sofrer perdas quando caçada, $\mu_S I$, ou quando morre por causa da doença, $\mu_I I$.

As aves selvagens que acabam por falecer devido a contaminação não se movem e só devem ser contabilizadas enquanto foram capazes de infectar outros indíviduos, por isso a população cresce com o falecimento de aves migratórias infectadas e decresce com a inativação do vírus um tempo $1/\nu_M$ após o óbito, vide (3.3).

As três equações referentes às aves de fundo de quintal, (3.4)-(3.6), são essencilamente similares às três primeiras equações, de acordo com o status em relação à infecção, e diferem principalmente pela não existência do termo difusivo e de velocidade pois estão restritas ao terreno do criador e pelo crescimento, neste caso Malthusiano já que tal população não aumenta o suficiente para ter seu crescimento limitado pelo ambiente.

O comportamento observado na Figura 3.1 e há pouco discutido é expresso matematicamente pelo sistema não linear de seis equações diferenciais parciais (3.1)-(3.6):

$$\frac{\partial S}{\partial t} = div(\alpha \nabla S) - div(V \cdot S) + \lambda(S+I)\left(1 - \frac{S+I}{K}\right) - \mu_S S - \beta_{SI} SI - \beta_{SM} SM - \beta_{SD} SD - \beta_{SF} SF(3.1)$$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = div(\alpha \nabla I) - div(V \cdot I) + \beta_{SI}SI + \beta_{SM}SM + \beta_{SD}SD + \beta_{SF}SF - (\mu_I + \mu_S)I$$
(3.2)

$$\frac{\partial M}{\partial t} = \mu_I I - \nu_M M \tag{3.3}$$

$$\frac{\partial B}{\partial t} = \sigma(B+D) - \beta_{BI}BI - \beta_{BM}BM - \beta_{BD}BD - \beta_{BF}BF - \mu_BB \quad (3.4)$$

$$\frac{\partial D}{\partial t} = \beta_{BI}BI + \beta_{BM}BM + \beta_{BD}BD + \beta_{BF}BF - (\mu_D + \mu_B)D \qquad (3.5)$$

$$\frac{\partial F}{\partial t} = \mu_D D - \nu_F F \tag{3.6}$$



Figura 3.1: Fluxograma com o comportamento das populações estudadas

Seja $u = (S, I, M, B, D, F)^T$, num domínio espacial bidimensional, as condições iniciais e de fronteira são dadas por:

$$u(x, y, 0) = (S_0(x, y), I_0(x, y), 0, B_0(x, y), 0, 0)$$
(3.7)

$$u(x,0,t) = u(x,2\pi,t)$$
(3.8)

$$S(r_0, y, t) = c_{0S}; \frac{\partial S}{\partial \eta}(R, y, t) = 0; \qquad (3.9)$$

$$\frac{\partial I}{\partial \eta}(r_0, y, t) = 0; I(R, y, t) = 0; \qquad (3.10)$$

$$M(r_0, y, t) = 0; M(R, y, t) = 0;$$
(3.11)

$$B(r_0, y, t) = c_{0B}; \frac{\partial B}{\partial \eta}(R, y, t) = 0;$$
 (3.12)

$$D(r_0, y, t) = 0; D(R, y, t) = 0;$$
(3.13)

$$F(r_0, y, t) = 0; F(R, y, t) = 0;$$
(3.14)

Onde se lê r_0 poder-se-ia escrever x_0 , o mesmo para $R = x_f$, $y_0 = 0$ e $y_f = 2\pi$; isto não é feito pois a determinação da constante de difusividade α , no Capítulo 5, usa coordenadas radiais; daí também a condição periódica na fronteira em y.

Deseja-se estudar o processo de disseminação do risco entre aves domésticas imediatamente após a entrada da infecção no país pela primeira vez, carregada por uma ave migratória selvagem, então a condição é de Dirichlet homogênea para M(x, y, 0), $D(x, y, 0) \in F(x, y, 0)$. Supõe-se também que o domínio é extenso o suficiente para que a infecção nunca atinja x = R e que não há saída nem entrada de aves saudáveis, silvestres ou de fundo de quintal, por esta fronteira. Em r_0 , exceto para a população I tem-se condição de Dirichlet para todas as populações; homogênea para M, D, F e dependente do valor atribuído a c_{0S} e c_{0B} para as populações de aves não infectadas.

A condição de Neumann homogênea sobre $I \text{ em } r_0$ indica que não há entrada ou saída de risco por esta fronteira. Assim, o risco entraria pela fronteira em R carregado por uma ave infectada e a população infectada distribui-se, no primeiro momento, de acordo com o indicado por $I_0(x, y)$.

 $S_0(x, y)$ assume c_{0S} em r_0 e 0 em R, novamente pela suposição de que o domínio é extenso o suficiente. $I_0(x, y)$ e $B_0(x, y)$, descontínuas, serão discutidas no Capítulo 7, suas descontinuidades atrapalham a obtenção da solução analítica do sistema e requerem o uso de aproximações numéricas. No próximo Capítulo, estuda-se a existência de pontos estacionários e suas perspectivas de estabilidade.

Capítulo 4

Pontos Estacionários

Dado o sistema de equações que modela o problema aqui abordado a primeira investida é a respeito da determinação dos pontos estacionários do sistema. O procedimento é bastante habitual para problemas com sistemas dinâmicos e pode ser acompanhado, por exemplo, em [3], Capítulo 3.

Seguindo com a notação apresentada ao fim do Capítulo 3, deseja-se determinar para que valores de u = (S, I, M, B, D, F) tais que $\frac{\partial u}{\partial t} = 0$.

No estado estacionário a derivada temporal é nula, portanto:

$$div(\alpha \nabla S) - div(V \cdot S) + \lambda(S+I)\left(1 - \frac{S+I}{K}\right) -\mu_S S - \beta_{SI} SI - \beta_{SM} SM - \beta_{SD} SD - \beta_{SF} SF = 0,$$
(4.1)

$$div(\alpha \nabla I) - div(V \cdot I) + \beta_{SI}SI + \beta_{SM}SM + \beta_{SD}SD + \beta_{SF}SF - (\mu_I + \mu_S)I = 0, \quad (4.2)$$

$$\mu_I I - \nu_M M = 0, \tag{4.3}$$

$$\sigma(B+D) - \beta_{BI}BI - \beta_{BM}BM - \beta_{BD}BD - \beta_{BF}BF - \mu_B B = 0, \quad (4.4)$$

$$\beta_{BI}BI + \beta_{BM}BM + \beta_{BD}BD + \beta_{BF}BF - (\mu_D + \mu_B)D = 0$$

$$(4.5)$$

е

$$\mu_D D - \nu_F F = 0. \tag{4.6}$$

Diretamente das equações (4.3) e (4.6), tem-se:

$$M = \frac{\mu_I}{\nu_M} I = m(I) \tag{4.7}$$

е

$$F = \frac{\mu_D}{\nu_F} D = f(D). \tag{4.8}$$

Como as constantes $\mu_I, \nu_M, \mu_D \in \nu_F$ são todas não negativas $M \in F$ têm valores coerentes com populações, não negativos, desde que $I \in D$ também tenham.

Exige-se também que $\nu_M > 0$ e $\nu_F > 0$ pois a igualdade, $\nu_M = \nu_F = 0$, significaria que o vírus continuaria ativo eternamente em aves mortas por conta da infecção.

De (4.5), substituindo onde conveniente (4.7) e (4.8), obtém-se:

$$B = \frac{(\mu_D + \mu_B)}{\left(\beta_{BI} + \beta_{BM}\frac{\mu_I}{\nu_M}\right)\frac{I}{D} + \beta_{BD} + \frac{\beta_{BF}\mu_D}{\nu_F}} = b(I, D).$$
(4.9)

Na equação (4.4), após substituir M por (4.7) e F por (4.8), isola-se D:

$$D = \frac{\left(-\sigma + \mu_B\right) + \left(\beta_{BI} + \beta_{BM}\frac{\mu_I}{\nu_M}\right)I}{\left(\frac{\sigma}{B} - \beta_{BD} - \frac{\beta_{BF}\mu_D}{\nu_F}\right)}.$$
(4.10)

Aplicando (4.9) em (4.10):

$$D = \frac{(\mu_B - \sigma) - \left(\beta_{BI} + \beta_{BM} \frac{\mu_I}{\nu_M}\right) \left(\frac{\sigma}{(\mu_D + \mu_B)} - 1\right) I}{(\beta_{BD} + \frac{\beta_{BF} \mu_D}{\nu_F}) \left(\frac{\sigma}{\mu_D + \mu_B} - 1\right)} = d(I).$$
(4.11)

E necessário que $d(I) \ge 0$ donde, chega-se à expressão:

$$I \le \frac{(\mu_B - \sigma)}{\left(\beta_{BI} + \beta_{BM} \frac{\mu_I}{\nu_M}\right) \left(\frac{\sigma}{\mu_D + \mu_B} - 1\right)},\tag{4.12}$$

independentemente do sinal de $\left(\frac{\sigma}{\mu_D + \mu_B} - 1\right)$. Se $\sigma = \mu_B$, então $I \leq 0$, que só pode ser aceita como solução na igualdade

Se $\sigma = \mu_B$, então $I \leq 0$, que só pode ser aceita como solução na igualdade pois populações negativas não são verrosímeis.

Se $\left(\frac{\sigma}{\mu_D + \mu_B} - 1\right) > 0$, é necessário que $\mu_B \ge \sigma$ para que o termo à direita de (4.12) seja um limitante superior positivo de *I*. $\mu_B > \sigma$ significaria que a mortalidade artificial, ou seja, a retirada de indivíduos do meio, pelo homem, seria maior que a taxa de crescimento malthusiana da população, acarretando eventualmente extinção das aves domésticas; a menos da restituição igualmente artificial. Além disso, a combinação de $0 < \left(\frac{\sigma}{\mu_D + \mu_B} - 1\right)$ com $\sigma < \mu_B$ leva a $\mu_D < 0$, inaceitável.

A segunda opção $\left(\frac{\sigma}{\mu_D + \mu_B} - 1\right) < 0$, implica $\mu_B \leq \sigma$ a fim de determinar um limitante superior positivo para *I* e será exigida doravante.

Agora, para continuar a averiguação a respeito da existência do ponto estacionário, substitui-se (4.11) em (4.9), para obter:

$$B = \frac{(\mu_D + \mu_B)(\mu_B - \sigma) + I\left(\beta_{BI} + \beta_{BM}\frac{\mu_I}{\nu_M}\right)(\mu_D + \mu_B - \sigma)}{\left(\beta_{BD} + \frac{\beta_{BF}\mu_D}{\nu_F}\right)(\mu_B - \sigma)} = b(I).(4.13)$$

Claro que se deseja $0 \leq b(I)$ e as condições que acabaram de ser estabelecidas sobre μ_D , $\mu_B \in \sigma$ tornam o denominador de (4.13) negativo, daí a necessidade de que:

$$0 \ge (\mu_D + \mu_B)(\mu_B - \sigma) + I\left(\beta_{BI} + \beta_{BM}\frac{\mu_I}{\nu_M}\right)(\mu_D + \mu_B - \sigma).$$

Rearranjando os termos encontra-se, como d'antes, (4.12) e nenhuma nova condição é acrescentada.

Sabe-se, agora, que D, B, F, M são linearmente dependentes de I no estado estacionário. Passa-se, então, às equações (4.1) e (4.2) que podem ser escritas como:

$$\frac{div(\alpha\nabla S)}{S} - \frac{div(V \cdot S)}{S} - \frac{\lambda S}{K} = (\mu_S - \lambda) - \frac{\lambda I}{S} + \frac{\lambda I^2}{SK} - \left(-\left(\frac{2\lambda}{K} + \beta_{SI}\right)I - \beta_{SM}M - \beta_{SD}D - \beta_{SF}F\right)$$
(4.14)

е

$$\frac{div(\alpha\nabla I) - div(V\cdot I) - (\mu_I + \mu_S)I}{-(\beta_{SI}I + \beta_{SM}M + \beta_{SD}D + \beta_{SF}F)} = S.$$
(4.15)

Substituindo (4.15) em (4.14):

$$\frac{div(\alpha\nabla S)}{S} - \frac{div(V \cdot S)}{S} - \frac{\lambda S}{K} = (\mu_S - \lambda) - \left(-\left(\frac{2\lambda}{K} + \beta_{SI}\right)I - \beta_{SM}M - \beta_{SD}D - \beta_{SF}F \right) + \left(\frac{(\beta_{SI}I + \beta_{SM}M + \beta_{SD}D + \beta_{SF}F)}{div(\alpha\nabla I) - div(V \cdot I) - (\mu_I + \mu_S)I} \right) \left(\lambda I - \frac{\lambda I^2}{K}\right). \quad (4.16)$$

Uma vez que se aplique (4.7), (4.8), (4.11) e (4.13) ao lado esquerdo de (4.16), este passa a depender unicamente de S e o lado direito, de I.

Deseja-se resolver, portanto:

$$\frac{div(\alpha\nabla S)}{S} - \frac{div(V\cdot S)}{S} - \frac{\lambda S}{K} = \gamma$$
(4.17)

CAPÍTULO 4. PONTOS ESTACIONÁRIOS

$$\gamma = (\mu_S - \lambda) - \left(-\left(\frac{2\lambda}{K} + \beta_{SI}\right)I - \beta_{SM}M - \beta_{SD}D - \beta_{SF}F \right) + \left(\frac{(\beta_{SI}I + \beta_{SM}M + \beta_{SD}D + \beta_{SF}F)}{div(\alpha\nabla I) - div(V \cdot I) - (\mu_I + \mu_S)I} \right) \left(\lambda I - \frac{\lambda I^2}{K}\right).$$
(4.18)

Como $\nabla \alpha = 0$ e $\nabla V = 0$, com coordenadas cartesianas em duas dimensões, escreve-se:

$$\alpha \left(\frac{\partial^2 S}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 S}{\partial y^2}\right) - v_x \frac{\partial S}{\partial x} - v_y \frac{\partial S}{\partial y} - \gamma S - \frac{\lambda S^2}{K} = 0, \quad (4.19)$$
$$\gamma = (\mu_S - \lambda) - \left(-\left(\frac{2\lambda}{K} + \beta_{SI}\right)I - \beta_{SM}M - \beta_{SD}D - \beta_{SF}F\right) + \left(\frac{(\beta_{SI}I + \beta_{SM}M + \beta_{SD}D + \beta_{SF}F)}{\alpha \left(\frac{\partial^2 I}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 I}{\partial y^2}\right) - v_x \frac{\partial I}{\partial x} - v_y \frac{\partial I}{\partial y} - (\mu_I + \mu_S)I}\right) \left(\lambda I - \frac{\lambda I^2}{K}\right). \quad (4.20)$$

Trata-se primeiramente (4.19) que pode ser reescrita com
o $\nabla z=f(z)$:

$$\begin{pmatrix} S_x \\ S_y \\ S_{xx} + S_{yy} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ \frac{\gamma}{\alpha} + \frac{\lambda S}{\alpha K} & \frac{v_x}{\alpha} & \frac{v_y}{\alpha} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} S \\ S_x \\ S_y \end{pmatrix}.$$
 (4.21)

No ponto estacionário \overline{z} , $f(\overline{z}) = 0 \Rightarrow S_x = S_y = 0$ e S = 0 ou $S = -\frac{\gamma K}{\lambda}$.

Posto que S é uma população, o interesse é de que seja maior ou igual a zero, forçando $\gamma \leq 0.$

Por sua vez o Jacobiano de f(z) é dado por:

$$J_f(S) = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ \frac{\gamma}{\alpha} + 2\frac{\lambda S}{\alpha K} & \frac{v_x}{\alpha} & \frac{v_y}{\alpha} \end{pmatrix}.$$
 (4.22)

A depender dos autovalores do Jacobiano nos pontos estacionários estes serão de equilíbrio estável ou instável.

Agora a mesma análise para (4.20), que pode ser reescrita como:

$$\left(\frac{\partial^2 I}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 I}{\partial y^2}\right) = +\frac{v_x}{\alpha}\frac{\partial I}{\partial x} + \frac{v_y}{\alpha}\frac{\partial I}{\partial y} + \frac{(\mu_I + \mu_S)}{\alpha}I + \frac{(\beta_{SI}I + \beta_{SM}M + \beta_{SD}D + \beta_{SF}F)\left(\lambda I - \frac{\lambda I^2}{K}\right)}{\alpha\left(\gamma - \mu_S + \lambda - \left(\frac{2\lambda}{K} + \beta_{SI}\right)I - \beta_{SM}M - \beta_{SD}D - \beta_{SF}F\right)}.$$
 (4.23)

Substituindo (4.7),(4.8), (4.11) e (4.13) em (4.23), após manipulações algébricas, chega-se a:

$$\left(\frac{\partial^2 I}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 I}{\partial y^2}\right) = \frac{v_x}{\alpha} \frac{\partial I}{\partial x} + \frac{v_y}{\alpha} \frac{\partial I}{\partial y} + \frac{(\mu_I + \mu_S)}{\alpha} I + \frac{A + CI + EI^2}{G + HI} I. \quad (4.24)$$

Os pontos estacionários relativos à (4.24) tem compontentes $I_x = I_y = 0$ e, além do homogêneo $\overline{I} = 0$, há também as raízes de $\frac{\mu_I + \mu_S}{\alpha} + \frac{A + CI + EI^2}{G + HI} = 0$:

$$\overline{I} = \frac{-H\frac{\mu_I + \mu_S}{\alpha} - C \pm \sqrt{(H\frac{\mu_I + \mu_S}{\alpha} + C)^2 - 4E(G\frac{\mu_I + \mu_S}{\alpha} + A)}}{2E}.$$

Onde:

$$\overline{\beta_{SD}} = \beta_{SD} + \frac{\beta_{SF}\mu_D}{\nu_F},$$

$$\overline{\beta_{SI}} = \beta_{SI} + \frac{\beta_{SM}\mu_I}{\nu_M},$$

$$\overline{\beta_{BD}} = \beta_{BD} + \frac{\beta_{BF}\mu_D}{\nu_F},$$

$$\overline{\beta_{BI}} = \beta_{BI} + \frac{\beta_{BM}\mu_I}{\nu_M},$$

$$\overline{\sigma} = \frac{\sigma}{\mu_B + \mu_D} - 1,$$

$$A = \lambda\overline{\beta_{SD}}\frac{\mu_B - \sigma}{\overline{\beta_{BD}}\overline{\sigma}},$$

$$E = \lambda \left(\overline{\beta_{SI}} - \frac{\overline{\beta_{SD}}\beta_{BI}}{\overline{\beta_{BD}}}\right),$$

$$C = \lambda \frac{(\sigma - \mu_B)\beta_{SD}}{K\overline{\sigma}\overline{\beta_{BD}}} + E,$$

$$G = \alpha \left[(\lambda - \mu_S + \gamma) - \frac{(\mu_B - \sigma)\overline{\beta_{SD}}}{\overline{\beta_{BD}}\overline{\sigma}} \right]$$

е

$$H = \alpha \left[-\frac{2\lambda}{K} - \overline{\beta_{SI}} + \frac{\overline{\beta_{SD}\beta_{BI}}}{\overline{\beta_{BD}}} \right]$$

Deseja-se que exista \overline{I} real e não negativo, claramente possível a depender dos parâmetros do modelo. Ainda que não faça parte do escopo deste esmiuçar para que combinação de que gama de valores o estado estacionário existe, respeitando as condições desejadas, (4.24) pode ser avaliado diretamente uma vez que os parâmetros tenham sido estabelecidos, bem como os autovalores das matrizes jacobianas de ambos os sistemas, e podem, por exemplo, servir de guia quando da análise de simulações.

Pode-se adiantar também, devido ao tamanho mais módico da expressão para S, que a matriz Jacobiana calculada nos pontos estacionários apresenta um par de autovalores imaginários, dando à população a característica oscilatória. Mas, pelo desconhecimento dos valores dos parâmetros envolvidos, nada se pode afirmar por enquanto a respeito do valor da parte real dos autovalores e, portanto, da estabilidade desses pontos.

Ainda a depender dos valores da velocidade, de γ e de $\frac{\lambda}{K}$, é possível resolver analiticamente a equação (4.19), que é similar à que se obtém a partir de uma equação de Fisher-Kolmogoroff quando da mudança de variáveis. Um dos procedimentos [23], baseia-se na fatoração da equação a fim de determinar a solução. Há extensa bibliografia a respeito, por exemplo no Capítulo 10 de [2].

Capítulo 5

Do coeficiente de Difusão

Um dos pilares deste trabalho é que o risco de infecção pelo H5N1 difundese espacialmente. Entende-se como de grande importância, portanto, uma estimativa para a constante de difusibilidade da doença. No trajeto que leva à estimativa desejada são imprescindíveis: a dedução de uma equação simples e pertinente ao problema, relacionando o coeficiente de difusão, α , com os dados existentes; a estimativa do coeficiente, envolvendo tratamento de dados, a escolha de um, ou mais, método(s) para manipular os dados de modo que, partindo da equação teórica, após análise da confiabilidade do resultado, atinja-se um valor, ou um intervalo de possíveis valores, para o coeficiente. A primeira parte é executada apenas uma vez, é proveniente de um caminho simples e direto, guiado por [2], e compõe a primeira seção deste capítulo. A segunda seção versa sobre obtenção e tratamento inicial dos dados. As demais seções privilegiarão alguns dos métodos de obtenção de α , dentre os vários arquitetados e testados, bem como a análise de confiabilidade de cada um. Todos os métodos foram executados para dados de 8 países, envolvendo tabelas de até 270 entradas por país [14]. Os resultados são positivos, como se vê a seguir.

5.1 Dedução da Equação

O ponto de partida é, exatamente, equação de difusão em coordenadas radiais

$$\frac{\partial c}{\partial t} = \frac{\alpha}{r} \frac{\partial}{\partial r} \left(r \frac{\partial c}{\partial r} \right),$$
$$c = c(r, t), r \subset \Omega \in \mathbb{R}^2; t \in (0, T).$$

Como Hardt observou [2], supondo que duas partículas, no caso aves, não interajam, o tempo médio de trânsito de um indivíduo dentro do domínio independe da presença, ou ausência, de outros indivíduos. Ou seja, não há variação temporal da concentração, $\frac{\partial c}{\partial t} = 0$.

Resta, então, o problema de valor de contorno:

$$\frac{\alpha}{r}\frac{\partial}{\partial r}\left(r\frac{\partial c}{\partial r}\right) = 0,$$

$$c(r_0) = c_0, c(R) = c_R.$$

Cuja solução é

$$c(r) = (c_R - c_0) \frac{\ln\left(\frac{r}{r_0}\right)}{\ln\left(\frac{R}{r_0}\right)} + c_0.$$
(5.1)

Portanto o número total de infectados dentro do domínio pode ser expresso por

$$N = \int_{r_0}^{R} c(r)dr =$$

= $\frac{c_R - c_0}{ln(\frac{R}{r_0})} \left[(R - r_0) \left(c_0 \frac{ln(\frac{R}{r_0})}{c_R - c_0} - 1 - ln(r_0) \right) + Rln(R) - r_0 ln(r_0) \right].$

O fluxo total, Φ , é dado por $\Phi = Ja$. Onde J é o fluxo diferencial $J = -\alpha \frac{\partial c}{\partial r}$ e $a = 2\pi r$ é a área da região de entrada, correspondente à superfície



lateral de um cilindro de raio r e altura 1, vide Fig. (5.1).

Figura 5.1: Compreendendo o domínio.

O número de elementos dentro da região pode ser expresso, alternativamente, pelo fluxo total vezes o tempo médio de permanência na região, $N = \Phi \tau$; donde:

$$\alpha = \frac{\left[(R - r_0) \left(1 + ln(r_0) - c_0 \frac{ln(\frac{R}{r_0})}{c_R - c_0} \right) + r_0 ln(r_0) - R ln(R) \right]}{\tau 2\pi}.$$
 (5.2)

Supondo que $c_R = 0$, ou seja, $R - r_0$ é grande o suficiente para que o risco não chegue à borda R do domínio, (5.2) torna-se:

$$\alpha = \frac{[R - r_0 + r_0 ln(R/r_0)]}{\tau 2\pi}.$$
(5.3)

As equações (5.2) e (5.3) compõem a conclusão que se desejava alcançar nesta Seção e servirão de base para a estimativa experimental de α , a seguir.

5.2 Dados e tratamento inicial

Encontram-se disponíveis na internet [14] dados a respeito da contaminação de aves pelo H5N1 desde a primeira infecção. Em 2010 já existem casos registrados e o *link* para Influenza Aviária merece destaque suficiente para estar no topo da página principal da Organização Mundial de Saúde Animal. São exatamente os dados aí obtidos, os usados neste trabalho. Encontrados originalmente no formato .pdf, foi necessário copiar e colar dezenas de páginas para a seguir formatar documentos de texto que serviriam de entrada para os programas escritos em MatLab. Os arquivos formatados fornecem latitude e longitude do local afetado, bem como a data estimada para infecção, além da quantidade de animais expostos (suscetíveis), infectados, mortos pela doença e número de exterminados.

Os países selecionados para a análise, todos do Hemisfério Norte ainda que haja alguns bem próximos ao Equador, e algumas informações quantitativas e qualitativas a respeito dos dados, podem ser vistos na Tabela 5.1.

País	Nro. de surtos	Data do primeiro	Data do último
	registrados	surto considerado	surto contabilizado
Bangladesh	324	05/02/2007	29/08/2009
Benim	5	07/11/2007	15/12/2007
China	21	13/04/2006	12/04/2009
Índia	77	27/01/2008	20/05/2009
Nigéria	48	10/01/2006	22/07/2008
Romênia	179	04/10/2005	30/05/2006
Turquia	221	15/02/2005	01/10/2008
Vietnam	224	18/05/2006	02/09/2009

Tabela 5.1: Países cujos dados foram analisados

A rotina *fit* do *software MatLab*, levemente modificada quanto a sua saída, será a usada quando o objetivo for calcular a melhor aproximação para determinado parâmetro e, invariavelmente, o termo 'melhor aproximação' subentende 'no sentido de Quadrados Mínimos não linear'.

Toda a vez que um parâmetro for aproximado, será executado o cálculo do erro acarretado quando da sua aplicação; tal erro corresponde à Raiz do Erro Quadrático Médio, ou em certas ocasiões, quando feita a ressalva, o próprio Erro Quadrático Médio. Calcula-se também, por meio de uma rotina construída pare este fim específico e que pode ser vista no Apêndice D , o erro intrínseco da medida, ou seja, a variação da medida que acarreta uma unidade de variação no Erro Quadrático Médio.

5.3 Programas

Após a execução de algo em torno de uma dezena de rotinas e comparação dos resultados e informações provenientes delas, foram selecionadas quatro que, combinadas, ou separadamente, servem de guia ao resultado desejado. Detalha-se cada uma delas a seguir.

5.3.1 Primeira rotina - $c_R = 0$

Este programa supõe cada surto como o foco do qual provêm as infecções em datas subseqüentes e, para todo subconjunto de dados, menor a cada iteração que percorre o arquivo de entrada data por data, calcula o melhor valor para o coeficiente de difusão do H5N1, usando para este fim a equação (5.3).

Na rotina, r_0 é a distância¹entre o suposto foco e o surto subsequente, enquanto $R \in \tau$, respectivamente os vetores $x \in y$ do método de Quadrados Mínimos, são a distância e o tempo medidos entre o suposto foco e cada um dos outros surtos.

¹Quando o termo 'distância' for empregado neste texto deve-se ter em mente que a fórmula usada, a fim de diminuir as possíveis distorções causadas pela curvatura da Terra, foi: $d(foco, l.r.s.) = 6366 \sqrt{(lat_{l.r.s.} - lat_{foco})^2 + cos(lat_{l.r.s.})^2(long_{foco} - long_{l.r.s.})^2}$.

Onde l.r.s. \equiv local do registro de surto.

5.3.2 Segunda rotina - $c_R \neq 0$

A segunda rotina possui algumas diferenças cruciais em comparação à primeira. A começar pelo uso da equação (5.2). A condição de Dirichlet não homogênea de c_R em (5.2) exige que, além do próprio c_R , o valor de c_0 seja fornecido para possibilitar a estimativa de α . Com o intuito de sanar esta necessidade, o programa emprega a rotina *fit* duas vezes, sendo a primeira para determinar c_0 e a segunda de maneira similar a da rotina anterior mas empregando a equação (5.2).

Como dantes, o programa é escrito de modo que cada surto seja considerado como foco dos subsequentes, razão da existência de um *loop* maior percorrendo cada linha da tabela de dados de cada país.

A princípio determina-se o número de intervalos, NroInt, em que os valores passíveis de serem assumidos por r serão subdivididos; este valor é sempre menor ou igual a dez e depende da razão (quantidade de dados incial) / (quantidade de dados usada).

Então calcula-se o tamanho de cada subintervalo, a partir da observação de qual o surto mais próximo e o mais distante ao suposto foco.

A rotina *fit* requer ao menos dois pontos para sua execução, então, se $NroInt + 1 \ge 2$, inicializa-se um vetor histograma, *hist*, com NroInt + 1 posições de valor zero. A seguir percorre-se os dados e, a depender da distância foco-surto, a alguma posição do vetor *hist* é adicionada uma unidade.

Um vetor, r, também de tamanho NroInt + 1, é inicializado para armazenar distâncias; mais exatamente, neste vetor armazena-se, em cada posição, o valor do ponto médio do respectivo subintervalo de distância.

Os pontos dados pela tabela [hist; r] são os parâmetros de entrada para a primeira chamada da função *fit*. No ajuste usa-se a equação (5.1) com $c_R = 0$ a fim de simplificar os cálculos e não vincular c_0 a um valor de c_R uma vez que, devido à relação temporal, até se pode pensar c_R como resultado de c_0 mas o contrário não faria sentido.

De posse da melhor aproximação para c_0 , calcula-se, por meio dos dados

obtidos no *site* da OIE, a concentração em R, c_R , dividindo o número de animais infectados no local do surto por $2\pi R$. E, usando (5.2), *fit* é novamente executada, desta vez para determinar α .

5.3.3 Terceira rotina - Conjunto de dados próximos no tempo

Este programa divide os dados em conjuntos distintos de surtos cuja proximidade temporal indicaria a proveniência de um mesmo foco. A citada proximidade temporal é decidida da seguinte forma: cria-se um vetor com a diferença de dias entre surtos subsequentes, *delta*, calcula-se a mediana e a variância deste vetor, retira-se dele, e armazena-se, o conjunto de entradas cujos valores delta(i) estiverem abaixo do máximo entre a mediana mais a variância e tempo de incubação do vírus, que é de dois a quatro dias [20], repete-se o processo até que todos os dados tenham sido separados em conjuntos. O resultado deste procedimento é a criação de um novo arquivo com dados separados quanto à proximidade temporal. A mediana foi usada no lugar da média apesar de acarretar mais cálculos por causa de sua maior robustez.

5.3.4 Quarta rotina - Dados espacialmente próximos

Apesar do objetivo similar ao da terceira rotina, este programa funciona de maneira muito diferente. No procedimento anterior o usuário não possuia liberdade alguma para decidir quantos conjuntos seriam obtidos ao fim do processo; neste, no entanto, tal número é parâmetro de chamada do programa, sendo, por isso, necessária observação da distribuição espacial dos surtos, por meio de uma rotina que os mapeie, para avaliar em quantos grupos os dados devem ser divididos.

Outro parâmetro de entrada deste programa é o número de conjuntos temporais em que os dados estão divididos inicialmente, que pode ser um ou mais a depender da execução e/ou da saída da terceira rotina. Uma vez que tais valores estejam determinados, o algoritmo descrito a seguir é repetido para cada subdivisão temporal dos dados:

-Cria-se uma matriz tal que o elemento ij desta corresponde à distância entre os surtos $i \in j$ da lista de dados analisada; assim esta matriz é simétrica e tem diagonal nula.

-Cria-se também um conjunto para cada dado analisado.

-Enquanto houver mais conjuntos do que o desejado:

*determina-se qual o maior elemento da matriz

*determina-se quais os índices do maior elemento da matriz, $I \in J$

*a coluna do maior elemento é zerada, bem como sua transposta

*os dados correspondentes ao conjunto J são unidos aos do conjunto I, diminuindo em 1 o número de conjuntos de dados divididos espacialmente

*este novo conjunto recebe latitude e longitude correspondente à média das latitudes e longitudes de todos os elementos que o compõe, respectivamente, e a i-ésima linha/coluna da matriz de distância que será recalculada de acordo com os novos valores

Ao fim do processo cada conjunto temporal estará subdividido no número estipulado de conjuntos de dados espacialmente próximos.

5.3.5 Critério de avaliação dos resultados

Falta dizer que as duas últimas rotinas, após usadas combinada ou separadamente, liberam dados que são analisados com uma rotina similar à primeira apresentada nesta seção.

Como se pode perceber, a primeira e a segunda rotina resultam em quase tantos valores para α quanto havia de dados iniciais; na realidade menos, pois certos critérios de convergência são requisitados para que o valor seja considerado. Ainda que um mesmo valor para o coeficiente de difusão possa ser obtido muitas vezes por cada rotina, haverá uma dispersão de valores como resultado desses programas. Tal dispersão será mostrada de maneira direta algumas vezes, relacionando a cada entrada da tabela de dados de um país os valores para α obtido por cada rotina; mas também, com a motivação de transformar resultados experimentais em informação, terá seus pontos apresentados em histogramas que mostrarão como, para cada país, os coeficientes obtidos se concentram em determinado valor.

Todas as informações necessárias para que os resultados sejam compreendidos já foram expostas, na próxima Seção: os resultados.

5.4 Resultados

Apresenta-se nas próximas subseções os resultados de cada país, bem como particularidades destes resultados, ou que a eles levaram. Os países estão ordenados em ordem alfabética ainda que se tenha cogitado a organização por quantidade de pontos ou cronológica. Por vezes aparecerão em gráficos as abreviações CT, CET, CE e TP que indicam *Clusters* Temporais, *Clusters* Espaço-Temporais, *Clusters* Espaciais e Todos os Pontos, respectivamente.

Mais duas ressalvas:

TP refere-se aos resultados combinados das duas primeiras rotinas, algumas vezes designadas também por $cR0 \in cR <> 0$, que a cada suposto foco usam todos os pontos subsequentes para estimar o coeficiente de difusão.

A palavra *cluster*, da língua inglesa, signifa 'grupos' ou 'aglomeração' e é comumente empregada para designar técnicas de separação de dados em grupos de semelhantes, ou próximos n'algum sentido. Neste trabalho não há aprofundamento na teoria de *Clusters*, que são usados apenas como ferramenta para analisar melhor os possíveis valores do coeficiente de difusão do H5N1.

Todos os programas citados, ou apenas usados, para chegar aos resultados deste capítulo, podem ser visto no Apêndice D. Quando da execução dos programas computacionais, as duas primeiras rotinas efetuadas são as descritas nas Subseções 5.3.1 e 5.3.2, respectivamente, então a rotina que aparece na Subeção 5.3.3, seguida de uma combinação da rotina da Subseção 5.3.3 com a rotina da Subseção 5.3.4 e, por fim, apenas o programa cujo algoritmo aparece na Subseção 5.3.4.

5.4.1 Bangladesh



Figura 5.2: Mapas com subdivisões distintas dos surtos em Bangladesh. À esquerda, surtos subdivididos de acordo com a proximidade temporal. À direita, em cores diferentes, os distintos subconjuntos de surtos espacialmetne próximos de H5N1 em aves.

O primeiro país cujos resultados exibimos, Bangladesh, talvez seja o que apresentou melhores resultados e, certamente, é o país com a maior quantidade de surtos que se analisa aqui. É provável que haja uma relação estreita entre a quantidade de dados e o bom resultado obtido, mas é possível também que outras características tenham tido influência, como o clima e o relevo local, ou ainda, as tentativas, ou ausência de tentativas, humanas de frear a doença.



Figura 5.3: Histograma combinando todos os resultados obtidos para o coeficiente de difusão de Bangladesh.

Na Figura 5.2 apresenta-se dois gráficos, mapeamentos dos surtos ocorridos em Bangladesh entre fevereiro de 2007 e final de agosto de 2009. À esquerda 12 cores diferentes mostram o resultado da aplicação da terceira rotina, apresentada na Subseção 5.3.3, que divide os dados em conjuntos cujos elementos, surtos, ocorreram em datas próximas; e à direita vê-se o resultado do programa, algoritmo comentado na Subseção 5.3.4, que realiza a divisão dos dados de acordo com a proximidade espacial dos eventos. Ainda sobre o gráfico na direita da Figura 5.2, o número de subconjuntos que aí aparece é determinado pelo usuário e, no presente caso, corresponde a 9.

A combinação que leva à determinação de *clusters* espaço-temporais, neste



Figura 5.4: Histogramas com os resultados obtidos para cada um dos métodos de obtenção do coeficiente de difusão do H5N1 em Bangladesh. Da esquerda para a direita, de cima para baixo, resultados obtidos de acordo com a ordem de execução há pouco mencionada.



Figura 5.5: De cima para baixo, da esquerda para a direita, os três primeiros Gráficos apresentam os D's obtidos sem *clusters*, com *clusters* temporais e com *clusters* espaciais; a seguir os gráficos com a Raiz do Erro Quadrático Médio dos três primeiros, os coeficientes obtidos usando *clusters* espaçotemporais e, à direita, a Raiz do Erro Quadrático Médio

primeiro caso, fez uso do vetor [1;1;6;1;1;1;9;1;1;6;1], cujo i-ésimo elemento indica em quantos subconjuntos espaciais o i-ésimo subconjunto temporal deve ser dividido. Os resultados das quatro rotinas, mais o resultado da combinação das duas últimas, podem ser observados como um todo na Figura 5.3 ou separadamente na Figura 5.4.

Os gráficos da Figura 5.5 relacionam, para cada método especificado na legenda, a cada surto, o α estimado. Pela dificuldade de tirar conclusões a partir destes gráficos, apesar deles serem significativos, o histograma é a ferramenta escolhida para, dentre todos os ajustes obtidos para o coeficiente de difusão de cada país, decidir qual a melhor estimativa obtida por cada método.

Os valores similares da Raiz do Erro Quadrático Médio (REQM), para todos os métodos, significam resultados igualmente bons neste sentido. O aparecimento de pontos discrepantes, como no último gráfico da Figura 5.5, é devido à divisão da soma do quadrado da diferença, entre dados e valores obtidos para a função teórica usando o coeficiente estimado, pelo erro na medida do tempo: quando a distância temporal diminui, o erro desta medida, e portanto o denominador, também diminui, aumentando o resultado.

Além disso, o gráfico que compara a REQM de vários programas denota mais alguns aspectos positivos dos resultados: a Segunda Rotina, ($cR \ll 0$), requer dois ajustes e, dentre todos os possíveis valores para $c(r_0)$, usase exatamente o que trará o menor EQM, ainda assim, quando comparase os resultados das duas primeiras rotinas, salta aos olhos como eles são compatíveis em termos de distribuição de pontos, e próximos, tanto a respeito da REQM, como já foi mencionado, quanto a respeito dos valores estimados para α .

A coesão dos α 's estimados pelo método que envolve apenas *clusters* temporais, principalmente os valores obtidos para os primeiros surtos de cada *cluster*; assim como a coesão dos valores estimados para o segundo *cluster* espacial, cujo comportamento da curva da REQM coincide bastante com a dos dois métodos que envolvem todos os pontos, merecem destaque. Ressaltase também que as regiões de divisa entre os surtos de cada *cluster* temporal são, justamente, as regiões de salto no gráfico de REQM das duas primeiras rotinas.

Para Bangladesh, então, os resultados que não envolvem subdivisão e o resultado que envolve somente *cluster* espacial são da ordem de 10^{-3} , já os que incluem ou são calcados na subdivisão temporal são da ordem de 10^{-1} .

Nota-se que $\left[\alpha\right] = \frac{\left[S^2\right]}{\left[T\right]}$ ($\left[S^2\right]$ unidade de área e $\left[T\right]$ unidade de tempo); assim, o valor do coeficiente de difusão mais incidente para a rotina com *clusters* espaço-temporais tinha de ser menor do que o resultado obtido usando apenas *clusters* temporais pois, enquanto os períodos de tempo permanecem mais ou menos os mesmos, as distâncias foram restringidas. O método que usa apenas *cluster* espacial é o que apresenta como resultado o menor valor pois seu período é tão extenso quanto os dos dois primeiros métodos mas a região analisada é menor, diminuindo o numerador.

Juntando os resultados de todas as rotinas, o valor de α mais incidente é 0.1 km^2/dia , Figura 5.4.

5.4.2 Benim e China

A estimativa de α requer latitudes e longitudes dos locais afetados. Há poucos anos os dados da OIE eram organizados de outro modo e deles constavam os nomes das localidades afetadas, mas não latitudes e longitudes. Ainda que se pensasse em tomá-los em mapas, as ferramentas de buscas na *internet* não eram capazes de prover mapas suficientemente apurados de determinadas regiões, como por exemplo a China. Para a estimativa do coeficiente de difusão do país mais populoso do mundo usa-se, nesta subseção, apenas 21 surtos, ocorridos entre abril de 2006 e abril de 2007.

Em Benim, no continente africano, foram declarados apenas 5 surtos. Ainda que os dados referentes a estas duas nações fossem usados juntamente, o total resultante seria o menor deste trabalho. Mesmo assim tais cálculos



Figura 5.6: Mapas com subdivisões espaciais e temporais dos surtos da China.

parecem valer o pequeniníssimo esforço computacional, seja a fim de determinar um valor praticamente impossível de ser determinado há três anos, no caso chinês, seja para, ao menos, observar os resultados dos métodos quando há poucos dados disponíveis.

Para Benim, com tão poucos dados e tão próximos espacialmente, mais de um *cluster* espacial não é cogitável e, apesar da terceira rotina subdividir os pontos em três conjuntos distintos quanto à ocorrência temporal, os subgrupos não possuiam pontos suficientes para que o ajuste de α pudesse ser realizado.

Se um coeficiente tivesse de ser atribuído a Benim por necessidade imperiosa, o mais sábio seria usar um valor obtido tendo como foco o primeiro surto, por qualquer um dos métodos que não desconsideram pontos já que ambos os resultados são muito próximos. Observando a proximidade e o número de surtos, o mais provável é que tenha sido realmente esse o caso e desconsiderar pontos poderia inviabilizar o cálculo. Tal valor, a ser atribuído, estaria entre $0.052 \pm 0.002 km^2/dia$ de acordo com o primeiro método ou $0.081 \pm 0.003 km^2/dia$ de acordo com o segundo.

Para a China são determinados visualmente 10 clusters espaciais e, com-



Figura 5.7: Todos os resultados alcançados para a China a respeito da estimativa do coeficiente de difusão.

putacionalmente, 7 *clusters* temporais. O i-ésimo *cluster* temporal é, ainda, subdividido em v(i) *clusters* espaciais, onde v=[3; 2; 1; 4; 1; 2; 1]. Mas, devido à pequena quantidade de pontos, não é possível ajustar nenhum α a quaisquer dos *clusters* espaço-temporais. Dentre os subconjuntos espaciais e temporais apenas um de cada forneceu dados suficientes para estimar o coeficiente de difusão.

Os dois métodos que utilizam todos os pontos apresentam novamente resultados bastante similares.

Em comparação com os dois primeiros programas, os resultados prove-

nientes da rotina que envolve subdivisão temporal são maiores, enquanto a rotina que envolve *clusters* espaciais devolve um único valor e menor; tais fatos são devidos às mesmas razões já mencionadas no caso de Bangladesh e que não serão mais repetidas.

O valor mais incidente para a China e que pode ser visto na Figura 5.7, bem como tudo que foi dito nos dois parágrafos anteriores, foi $\alpha = 0.44 \pm 0.04$ km^2/dia .

5.4.3 Índia



Figura 5.8: Em diferentes cores, os 8 *clusters* temporais indianos. Cada círculo indica um *cluster* espacial.

Os menos de 100 surtos indianos, usados na tentativa de determinar o coeficiente de difusão do H5N1, foram subdivididos em 2 conjuntos de acordo com a proximidade espacial e em 8 conjuntos de acordo com a data de ocorrência, como se pode observar na Figura 5.8. O vetor que relaciona o número de *clusters* espaciais dentro de cada *cluster* temporal é dado por [1;1;1;3;1;2;1;1]. Interessantemente o primeiro *cluster* temporal e o primeiro



Figura 5.9: Estimativas para o coeficiente de difusão do H5N1 na Índia, de acordo com as duas primeiras rotinas.

cluster espacial coincidem e, portanto, os coeficiente obtidos usando estes conjuntos de pontos, também.

A REQM dos cinco métodos é menor ou igual a dez, independentemente do surto que se supõe como foco, significando saídas igualmente boas no sentido de quadrados mínimos.

O sexto cluster temporal, composto pelos surtos entre o quinquagésimo e o septuagésimo segundo, incluindo os extremos, possui várias reincidências da doença numa mesma localidade, dificultando o ajuste de um valor para α pela terceira rotina, mas, quando há mais pontos disponíveis, por não haver a separação em subconjuntos temporais, os ajustes são possíveis e, entre os surtos de número 50 e 57, pelos resultados da segunda rotina poder-se-ia traçar uma reta, bem como entre os surtos 61 e 64, de acordo com as duas rotinas que não desconsideram ponto algum. As observações relativas aos dois primeiros métodos são visíveis na Figura 5.9.



Figura 5.10: Histogramas com os ajustes para o coeficiente de difusão, obtidos por cada um dos 5 métodos computacionais e, no último, todos os resultados juntos, para Índia.

O método que ajusta $c(r_0)$ é o que apresenta o maior número de estimativas para α num intervalo de comprimento 0.06, 16, seguido do primeiro método, com 14 pontos; só esta informação já seria forte indício de que no sexto histograma da Figura 5.10, que acumula as respostas de todos os programas, o valor mais incidente seria o da segunda rotina. Além disso, o procedimento que usa apenas a divisão espacial dos pontos está de acordo com o segundo programa a respeito do valor mais incidente.

O método que recorre a subgrupos temporalmente próximos não foi capaz de obter um número expressivo de ajustes, nem de apresentar uma concetração maior em uma região bem delimitada do domínio de possibilidades do histograma; isto poderia ser explicado com o fato de *clusters* serem usados precisamente para determinar diferentes valores para o coeficiente, a depender do momento do surto; mas não se pode afirmar nada nesse sentido pois não há ajustes suficientes para corroborar esta versão. Assim afirma-se que do uso de *clusters* puramente temporais não se pode extrair resultado algum para a Índia.

De resultados palpáveis tem-se: com base na primeira rotina, o valor estimado para $\alpha \in 0.13 \pm 0.03 \ km^2/dia$; de acordo com a segunda e a quarta rotinas $0.20 \pm 0.03 \ km^2/dia$ e quando se apoia em divisão espaço-temporal obtém-se $0.5 \pm 0.03 \ km^2/dia$.

5.4.4 Nigéria

Para a Nigéria todas as REQM obtidas, exceto por um ponto resultado da primeira rotina, são satisfatoriamente menores ou iguais a 10.

O primeiro *cluster* temporal nigeriano é dividido em 3 subconjuntos espaciais e o segundo *cluster* em dois. Assim como no caso dos *clusters* temporais da Índia, os valores ajustados para α por este método não configuram maioria suficiente para determinar apenas um valor mais provável para o coeficiente de difusão.

O procedimento que fornece saídas mais coesas é o primeiro, com sete



Figura 5.11: Para a Nigéria: 4 *Clusters* espaciais dentro dos círculos e 2 *clusters* temporais em cores distintas.

valores entre 0.10 e 0.15 km^2/dia ; seguido do segundo programa, com 5 valores entre 0.35 e 0.40 km^2/dia . Ambos os métodos com somente um tipo de *cluster* possuem quatro valores dentro de um intervalo de tamanho 0.1, a rotina que separa subconjuntos embasada puramente em características espaciais apresenta tais valores ao redor de 0.1 km^2/dia e o programa baseado em subconjuntos próximos no tempo apresentam estes valores ao redor de 0.15 km^2/dia .

A Nigéria é o terceiro colocado ao ordenar os países em ordem crescente de dados utilizados, com 48 surtos, por isso apesar de apresentar resultados melhores que a China, segunda colocada, estes são de expressividade tímida. Há uma complicação a mais: estudos indicaram o encontro de duas cepas distintas de H5N1 neste país, o que poderia motivar valores diferentes para o coeficiente de difusão. Observando os gráficos da Figura 5.12, percebe-se que o único valor ajustado para o coeficiente do *cluster* espacial com mais de um ponto à esquerda da Figura 5.11, CE2, é bem menor que os valores obtidos para o maior *cluster* espacial à direita desta mesma Figura, CE1.


Figura 5.12: α 's obtidos para a Nigéria utilizando *clusters*, à esquerda, e Raiz do Erro Quadrático Médio resultante destas estimativas, à direita.

No entanto não se sabe se os *clusters* espaciais diferentes estão relacionados a cepas distintas e, ainda que estivessem, não foi possível ajustar valores suficientes para o primeiro subconjunto para que se pudesse emitir alguma espécie de conclusão no sentido de coeficientes diferentes para cepas distintas.

5.4.5 Romênia

No intuito de estabeler que valor assume o coeficiente de difusão do H5N1 na Romênia, trabalhou-se com dados referentes a 179 surtos dentro deste país. Todos estes surtos ocorreram em um período de 238 dias que o programa responsável pela determinação de *clusters* temporais subdividiu em 8 grupos, de acordo com o intervalo de tempo em que ocorreram, Figura 5.13. Como sempre, cada *cluster* temporal ainda foi dividido em conjuntos espacialmente próximos; desta vez de acordo com o vetor [1; 1; 1; 1; 1; 1; 2; 10].

Este foi o único país, dentre os analisados, em que, se não fosse pela condição de que a diferença de até quatro dias,tempo de incubação do vírus, não é suficiente para determinar um *cluster*, haveria uma quantidade difer-



Figura 5.13: *Clusters* romenos, à esquerda espaciais e à direita temporais.

ente de subconjuntos espacialmente próximos, 32. Este comportamento seria devido a existência de muitos surtos numa mesma data. Assumir a existência desses 32 subconjuntos de pontos levaria á grande diminuição da quantidade de α 's passíveis de serem estimados, o que, por sua vez, poderia impedir a extração de resultados dos histogramas que aparecem na Figura 5.14.

Usando o critério do tempo de incubação os valores mais frequentes para o coeficiente de difusão usando *clusters* temporais foi $\alpha = 2.35 \pm 0.21 \ Km^2/dia$ e os *clusters* espaço-temporais indicam o valor $\alpha = 0.25 \pm 0.02 \ Km^2/dia$. Mais uma vez o método que lança mão de subdivisão temporal dos dados resulta em um valor demasiadamente grande para o coeficiente de difusão.

A Romênia foi a primeira nação para a qual se ajustaram α 's maiores que trinta para alguns conjuntos de dados; nada alarmante, provavelmente devido a algum comportamento peculiar dos pontos que os originam, estes resultados não chegam a ser relevantes; ao contrário dos valores mais incidentes, conseguidos pelos programas que não desprezam nenhum ponto posterior a cada suposto foco e pelo programa que se utiliza de *clusters* espaciais.

A predominância não intencional de pontos de intervalos de tempo bem distintos em cada subgrupo espacialmente semelhante, que pode ser vista na



Figura 5.14: Histogramas com os resultados das execuções computacionais para os dados referentes à Romênia. Alguns histogramas aparecem com zoom horizontal mas todos foram criados dividindo o intervalo [0,35] em 1050 intervalos.



Figura 5.15: Ajustes obtidos para o coeficiente de difusão da Romênia. Acima através das duas primeiras rotinas a aparecer na seção 5.3 e abaixo por meio do programa calcado em *clusters* puramente espaciais.

parte de baixo Figura 5.15, tem ser mencionada. Essa confluência espaçotemporal, desvinculada da rotina específica para esse fim, pode ajudar a explicar os bons resultados da quarta rotina.

Da Figura 5.14 infere-se que para a primeira rotina, (cR = 0), o valor que sobressai é de $\alpha = 0.13 \pm 0.03 \ Km^2/dia$, para a segunda rotina, (cR <> 0), a resposta mais obtida é $\alpha = 0.23 \pm 0.03 \ Km^2/dia$ e com uso de *clusters* espaciais conclui-se que $\alpha = 0.04 \pm 0.03 \ Km^2/dia$; cada valor aparece respectivamente 16, 15 e 17 vezes.

Faz-se necessário comentar também o comportamento coeso, Figura 5.15, dos valores obtidos pelas duas primeiras rotinas para os 70 primeiros surtos analisados, como estes valores apresentam REQM entre 6 e 8 unidades mas com pontos razoavelmentes dispersos e como os coeficientes estimados para os surtos seguintes apresentam valores oscilantes mas com REQM's pouco menores e de comportamento mais 'contínuo', o salto ocorre justamente na região de transição entre o quarto e o quinto *cluster* temporal.

5.4.6 Turquia

O detentor da terceira maior quantidade de dados é a Turquia, onde o H5N1 se dispersou de modo bastante peculiar. A peculiaridade mencionada é perceptível quando da execução da rotina mapacluster, que pode ser encontrada no Apêndice D e é responsável por confeccionar gráficos dos *clusters* temporais de acordo com a ordem cronológica (mapacluster também é responsável pelos gráficos de *clusters* espaciais).

O que se vê é que 4, dos 7, subconjuntos temporais possuem somente um ponto e, assim, para estes quatro grupos não é possível ajustar nenhum α . Dentre os três grupos restantes, um, o segundo na ordem cronológica, é extremamente disperso, abrange toda a área afetada no país e é posteriormente dividido, bem como a totalidade dos dados na Quarta Rotina, em 10 conjuntos espaço-temporais que podem ser vistos na Figura 5.16. O segundo *cluster* temporal com mais de um ponto é o quinto, seguindo a ordem dos



Figura 5.16: Mapeamento dos surtos de H5N1 na Turquia; à esquerda, clus-ters de tempo em 7 diferentes cores e, à direita, 10 cores denotam os subconjuntos espaciais.



Figura 5.17: Resultados numéricos obtidos pelas rotinas computacionais apresentadas nas Subseções 5.3.1, 5.3.2 e 5.3.3.



Figura 5.18: Coeficientes e respectivas REQM da Turquia obtidos através de *clusters* temporais, acima, e espaço-temporais, abaixo.



Figura 5.19: Histogramas com resultados de cada estimativa para o coeficiente de difusão da Turquia.

acontecimentos, e não é subdividido em mais conjuntos quando da rotina que combina divisão espacial e temporal devido à proximidade de seus pontos. Por fim, o sexto *cluster* temporal é o último a ser constítuido por mais de um surto, no caso 6, e seus elementos estão distantes o suficiente no espaço para serem novamente separados em 3 conjuntos na parte oportuna da execução.

Tudo isso foi dito para explicar a razão de apenas um subgrupo temporal apresentar resultados quando novamente particionado e, também, a razão do comportamento destes resultados estarem tão de acordo com os obtidos pela rotina que foca somente na distribuição espacial dos pontos. Apesar dos valores alcançado serem diferentes, sua posição relativa, ou o 'desenho' que os pontos fazem nos gráficos, é bastante similar a menos da escala, ver Figura 5.18.

Pode-se pensar que também é devido à separação temporal que por volta do ducentésimo surto há um salto na REQM da primeira rotina, justo onde começam a aparecer os pontos de CT2, como é exibido na Figura 5.17. Exatamente nessa região, onde os pontos anteriores param de influir no ajuste do coeficiente de difusão do H5N1, é que os valores ajustados pela primeira rotina e os valores ajustados pela terceira rotina para o segundo *cluster* temporal coincidem muito. Aliás, reside na ausência de dados referentes a surtos posteriores ao de número 200, na execução do terceiro programa para o primeiro *cluster*, o motivo da diferença entre os resultados obtidos pelo primeiro programa e os alcançado para CT1.

Falta relatar a informação exibida na Figura 5.19, os valores dos coeficientes de difusão obtidos foram:

 $-\alpha = 0.33 \pm 0.03$, conforme a primeira e a segunda rotina;

 $-\alpha = 0.4 \pm 0.03 \ km^2/dia$, usando *clusters* espaciais

 $-\alpha = 0.5 \pm 0.03 \ km^2/dia$ através de *clusters* espaço-temporais e

- α seria maior que $2km^2/dia$ de acordo o programa baseado em *clusters* temporais.

Ocorre que soluções de equações de difusão podem levar a ondas [4],



Figura 5.20: Duas visões dos surtos de gripe aviária no Vietnam: à esquerda subdivisões espaciais e à direita diferentes cores indicam diferentes intervalos de tempo.

o que parece ter havido com a Turquia, e que valores de coeficientes de difusibilidade são tipicamente inferiores a 1 km^2/dia [2]; por esses motivos o resultado mais correto seria o das duas primeiras rotinas e não o de CT1.

Afinal, apesar de *clusters* temporais estarem ligados a saltos nos gráficos das REQM's ao longo de toda esta Seção, um olhar mais atento mostra que o gráfico da REQM de CT1 também apresenta um comportamento nada convecional por volta do surto de número 120, justo onde o termina a primeira ocorrência de surtos em CE2. O mesmo CE2 volta a indicar incidência da doença a partir do surto de número 200. Assim a relação entre *clusters* espaciais e descontinuidades de REQM é uma explicação ainda mais completa e convincente do que a relação entre estas e *clusters* temporais.

5.4.7 Vietnam

O Vietnam é o segundo país com mais dados analisado neste trabalho, possui 224 surtos contabilizados versus os 324 de Bangladesh, primeiro colo-

Figura 5.21: Resultados obtidos pelos programas computacionais para o coeficiente de difusão do H5N1; acima através das duas primeiras rotinas e abaixo usando *clusters* espaciais.



Figura 5.22: Complementando a Figura 5.21, os resultados usando *clusters* temporais e espaço-temporais, acima e abaixo, respectivamente.

cado. A aplicação da terceira rotina retornou 17 aglomerados de pontos temporalmente próximos e, segundo pode ser observado na Figura 5.20, a quantidade de *clusters* espaciais, entrada da quarta rotina, foi o número 10.

O total de dias cobertos no caso do Vietnam é de quase três anos, o surto de número 65 marca o ínicio, e o de número 164 o fim, do segundo ano. Como se pode ver na Figura 5.21, o *cluster* espacial designado por CE2 sofre muitos surtos durante o primeiro e o terceiro anos, e muito poucos durante o segundo. O comportamento dos α 's obtidos pelos dois primeiros métodos, mas não os valores, é bem parecido com os alcançados para CE2. Mais ainda, os coeficientes ajustados através de *clusters* espaciais compõem um gráfico bastante similar ao dos dois primeiros métodos de obtenção de α , exceto pela escala.

O i-ésimo subconjunto temporal foi dividido pela i-ésima componente do vetor [1; 2; 2; 1; 8; 2; 3; 1; 3; 5; 2; 2; 2; 1; 5; 1; 1; 1]. Vietnam, Bangladesh e Turquia compõem o grupo dos países que responderam melhor à técnica de ajuste de α a partir de *clusters* espaço-temporais, vale lembrar que estes são também os detentores das maiores quantidades de dados. Para o Vietnam outra vantagem de usar esta técnica foi conseguir estimar coeficientes para o conjunto CET1, pois o *cluster* puramente temporal correspondente quase não resultou em ajustes para o coeficiente buscado, Figura 5.22. Ainda na Figura 5.22 pode-se comparar todos resultados conseguidos pelo método puramente temporal com o método que considera a relação espacial dos surtos.

Os resultados para o Vietnam, cuja parte mais significativa da distribuição pode ser vista na Figura 5.23, foram: para o primeiro método $\alpha = 0.450 \pm 0.005 \ km^2/dia$, para o segundo $\alpha = 0.500 \pm 0.005 \ km^2/dia$, o terceiro $\alpha = 1.7 \pm 0.05 \ km^2/dia$, a combinação do terceiro com o quarto $\alpha = 0.010 \pm 0.005 \ km^2/dia$, e o quarto somente $\alpha = 0.020 \pm 0.005 \ km^2/dia$.



Figura 5.23: Histograma combinando os resultados de todos os métodos computacionais para o α do Vietnam.

5.4.8 Conclusão

Ao iniciar a busca pelo coeficiente de difusão do H5N1 não havia certeza se este caminho levaria a algum lugar. Na verdade não havia nem um caminho, de fato, pois ainda que haja bibliografia a respeito do coeficiente de difusibilidade [2], que ele já tenha sido calculado para algumas doenças [5] e em diversas situações para aplicações da Química, isto ainda não havia sido feito por este grupo. A quantidade de trabalho na busca por dados, na organização e manipulação, já representaria um esforço mais adequado a uma equipe multidiscilinar. Mas esta dissertação não pára neste ponto. Ainda é necessário pensar em como se pode analisar os resultados, que características são relevantes e quais se deve descartar. O corpo principal do programa responsável pelas saídas mostradas nesta Seção contava com 5 rotinas, sendo uma delas combinação de outras duas, mas pelo menos uma dezena de programas foram escritos até que se chegasse a essa configuração; diferenças sutis como usar a média ou a mediana na Terceira Rotina, ou razoáveis sobre como, sem nenhuma experiência anterior, montar uma rotina que encontrasse aglomerados espaciais, são obstáculos que, apesar de sobrepujados, não devem ser esquecidos. Certamente todo esforço é recompensado com a satisfação de existirem conclusões a serem apresentadas neste ponto do trabalho.

Exceto quando da aplicação de *clusters* temporais, o maior valor estimado para α foi 0.5 km^2/dia pela segunda rotina para o Vietnam. A mesma segunda rotina deveria, por sua construção, sempre apresentar REQM menor e coeficientes maiores que os da primeira rotina; a parte inicial desta afirmação justifica-se pela utilização de um valor ótimo para suprir a falta de $c(r_0)$ e a parte subsequente é devida às diferenças na condição de contorno que pesa sobre cada método. A primeira rotina, ao fazer uso de $c_R = 0$, afirma que a infecção não chegou ao extremo do domínio, enquanto a segunda rotina afirma qua a doença já chegou a este ponto, aumentando seu alcance. Ambas as expectativas, a respeito da REQM e da diferença de magnitudes dos resultados, se confirmadas corroboram a coerência destes métodos e, de um modo geral, são satisfeitas nos 8 casos analisados.

Supondo que o bom comportamento das curvas de REQM signifiquem bons resultados, as duas primeiras rotinas são excelentes e, por não desprezarem pontos e sempre serem capazes de fornecer histogramas conclusivos, são as que dão menos margem a interpretações equívocas. Deve-se também deixar claro que o fato de a primeira rotina obter resultados praticamente tão acurados quanto a segunda, que leva a vantagem de escolher o melhor valor para $c(r_0)$, depõe, e muito, a favor do modelo escolhido para estimar α .

Volta-se a atenção agora para o uso de *clusters*: apenas 5 dos países analisados forneceu alguma estimativa razoável para α quando os dados de partida eram provenientes de *clusters* puramente temporais e, ainda assim, a menos da Nigéria, todos estes valores foram maiores que 0.7 km^2/dia , altíssimos.

Enquanto isso, *clusters* espaciais apresentaram bons resultados sempre

que houve número suficiente de pontos para que o ajuste fosse possível.

Já foi dito que era esperado que *clusters* temporais apresentassem valores maiores, e *clusters* espaciais valores menores, que os dos dois primeiros métodos.

Ao analisar com mais calma quais seriam os motivos do maior sucesso dos *clusters* espaciais e da maior coerência dos resultados com o valor esperado para um coeficiente de difusibilidade, percebe-se que isolar surtos da doença em grupos de eventos próximos espacialmente reduz a contribuição do carregamento na estimativa do coeficiente, se há uma região extensa do espaço sem surtos entre dois grupos acometidos este é um forte indício de que houve transporte do risco entre um grupo e outro, e não difusão. Uma ave poderia ter voado de um lugar a outro sem contaminar mais indivíduos no caminho ou os surtos teriam focos totalmente diferentes, não cabendo a ideia de difusão do vírus.

Já se mencionou algumas vezes antes que é possível obter soluções do tipo onda para problemas de reação-difusão. O uso de *clusters* temporais pode impedir a percepção de indícios da existência dessas soluções, de hiatos temporais nos surtos de determinado *cluster* espacial, ver Figuras 5.17 e 5.21, e desconsidera ocorrências numa mesma região, posto que muito distantes no tempo, ocorrências que podem ser fruto de um mesmo foco inicial ainda assim. Bom motivo para ter cautela com resultados que se firmam em *clusters* espaço-temporais.

As Tabelas 5.2 e 5.3 contêm uma compilação de todos os resultados.

Na Tabela 5.3 vê-se que os coeficientes calculados para a China e para o Vietnam são bastante elevados, por outro lado os surtos nesses lugares se iniciaram em 2004. É provável que os surtos analisados tenham origem em eventos anteriores cuja ausência prejudica os resultados, principalmente no caso da China que conta com bem poucos pontos.

Para Bangladesh e Benim, detentores dos menores valores obtidos para α , todos os surtos contabilizados desde o início da pandemia foram consider-

País	Cl. Espaciais	Cl. Espaço Temporais	<i>Cl.</i> Temporais
Bangladesh	$0.025 {\pm} 0.005$	$0.20 {\pm} 0.03$	$0.7{\pm}0.1$
Benim			
China			
Índia	$0.20{\pm}0.03$	$0.5{\pm}0.03$	
Nigéria	$0.1 {\pm} 0.05$		0.15 + 0.05
Romênia	$0.04{\pm}0.03$	$2.35 {\pm} 0.21$	$0.25 {\pm} 0.02$
Turquia	$0.4{\pm}0.03$	$0.5 {\pm} 0.03$	2+
Vietnam	$0.02 {\pm} 0.005$	$0.010 {\pm} 0.005$	$1.7{\pm}0.05$

Tabela 5.2: Estimativas do coeficiente de difusão do H5N1 obtidos pelas Rotinas que envolvem *clusters*.

País	$c_R = 0$	$c_R \neq 0$	TODOS os Métodos
Bangladesh	0.075 ± 0.008	0.096 ± 0.008	0.08 ± 0.01
Benim	0.052 ± 0.002	0.081 ± 0.003	$0.067 {\pm} 0.015$
China	0.3 ± 0.1	$0.4{\pm}0.1$	$0.44{\pm}0.04$
Índia	$0.13 {\pm} 0.03$	$0.20{\pm}0.03$	0.2 ± 0.03
Nigéria	0.125 ± 0.015	$0.35 {\pm} 0.4$	0.125 ± 0.025
Romênia	0.13 ± 0.03	0.23 ± 003	0.20 ± 0.017
Turquia	$0.33 {\pm} 0.03$	$0.33 {\pm} 0.03$	$0.36 {\pm} 0.03$
Vietnam	$0.45 {\pm} 0.005$	$0.5 {\pm} 0.005$	0.02 ± 0.05

Tabela 5.3: Resultados determinados por meio de histogramas usando a Primeira Rotina, Subseção 5.3.1; a Segunda Rotina, Subseção 5.3.2 e combinando todos os resultados de todas as rotina executadas.

ados. Estes países ostentam os menores valores para o coeficiente quando da aplicação dos dois primeiros métodos e, mesmo sendo os extremos em quantidades de dados e tendo a doença em Benim ocupado uma área muitíssimo menor do que em Bangladesh, ainda assim concordam razoavelmente.

Por certo que não se atribuirá um único valor para o coeficiente de difusão do H5N1 neste momento mas, diante dos fatos discutidos e dos valores presentes às Tabelas 5.2 e 5.3, conclui-se que o mais adequado nas simulações posteriores, no Capítulo 7, é tomar α entre 0.05 e 0.5 km^2/dia e analisar consequências que variações deste parâmetro, dentro do intervalo atribuído, acarretam ao problema.

Capítulo 6

Tratamento Numérico

6.1 Motivação matemática

Todo o esforço realizado no Capítulo anterior, como indicado, visava a obter valores numéricos para permitir proceder à aproximação computacional da solução do sistema não linear de EDP's através do qual se modelou a dispersão do risco de infecção. Para concluir a necessidade e possibilidade da aproximação matemática para o sistema de equações diferenciais parciais em que este trabalho se concentra, existe a necessidade de embasamento teórico que é apresentado em linhas gerais no Apêndice B.

6.1.1 O Método de Galerkin e Elementos Finitos

No caso do sistema aqui abordado exibir a solução propriamente dita não é tão simples quanto demonstrar sua existência e unicidade, por isso é necessário obter aproximações criteriosas para tal solução. Isto pode ser feito usando técnicas consagradas como o Método de Galerkin que, usado para aproximar a solução deste tipo de problema, consiste em definir problemas em algum subespaço de H, H_h , de dimensão finita. No presente caso $H = \overline{D(\Omega)}$. Para tanto, ao subespaço escolhido, associa-se o problema discreto: determinar $y_h \in H_h$ tal que $a(y_h, \phi) = g(\phi), \forall \phi \in H_h$. Pelo resultado de Lax-Milgram, tal problema tem solução única, a solução discreta.

Toma-se $B_h = \{\phi_i, ..., \phi_n\} \subset D(\Omega)$ como base de H_h tal que $y \approx y_h = \sum_{i=1:n} y_i \phi_i$, com y_i aproximando $y(x_i), x_i \in \Omega$.

O método de elementos finitos é essencialmente um processo de construção de H_h , o espaço de elementos finitos. Nessa empreitada três aspectos são fundamentais, a partição do domínio, o grau do polinômio sobre cada elemento da partição e a base B_h .

Aplica-se o método de elementos finitos para obter a solução numérica do sistema de EDP's apresentado no Capítulo 3 e busca-se por tal solução em $\overline{D(\Omega \times (0,T))} = H^1(\Omega \times (0,T)) \operatorname{com} \Omega \subset R^2$ limitado.

Resultados importantes para a implementação computacional do programa que simulará o comportamento das populações de aves silvestres e domésticas em questão, a respeito da interação entre elementos da base usada no método de Elementos Finitos podem ser vistos no Apêndice B.

6.2 Obtenção do esquema numérico

Partindo do apresentado na Seção 6.1, realiza-se agora os cálculos necessários para prosseguir com a parte computacional que deteminará soluções aproximadas para o sistema.

Trabalha-se primeiramente com (3.1):

$$\frac{\partial S}{\partial t} = \nabla(\alpha \nabla S) - \nabla(V \cdot S) + \lambda(S+I) \left(1 - \frac{S+I}{K}\right) - \mu_S S - \beta_{SI} SI - \beta_{SM} SM - \beta_{SD} SD - \beta_{SF} SF,$$
(6.1)

$$\int_{\Omega} \frac{\partial S}{\partial t} \phi d\sigma = \int_{\Omega} \nabla (\alpha \nabla S) \phi d\sigma - \int_{\Omega} \nabla (V \cdot S) \phi d\sigma + \int_{\Omega} \nabla (V \cdot S) \phi$$

CAPÍTULO 6. TRATAMENTO NUMÉRICO

$$+\int_{\Omega}\lambda(S+I)\left(1-\frac{S+I}{K}\right)\phi d\sigma - \int_{\Omega}\mu_{S}S\phi d\sigma - \int_{\Omega}\beta_{SI}SI\phi d\sigma - \int_{\Omega}\beta_{SM}SM\phi d\sigma - \int_{\Omega}\beta_{SD}SD\phi d\sigma - \int_{\Omega}\beta_{SF}SF\phi d\sigma, \forall \phi \in H^{1}(\Omega).$$

Neste trabalho $\nabla \alpha = 0$, então $\nabla(\alpha \nabla S) = \alpha \nabla^2 S$:

$$\begin{split} \int_{\Omega} \frac{\partial S}{\partial t} \phi d\sigma &= \int_{\Omega} \alpha \nabla^2 S \phi d\sigma - \int_{\Omega} \nabla (V \cdot S) \phi d\sigma + \int_{\Omega} \lambda (S+I) \left(1 - \frac{S+I}{K}\right) \phi d\sigma - \\ &- \int_{\Omega} \mu_S S \phi d\sigma - \int_{\Omega} \beta_{SI} SI \phi d\sigma - \int_{\Omega} \beta_{SM} SM \phi d\sigma - \\ &- \int_{\Omega} \beta_{SD} SD \phi d\sigma - \int_{\Omega} \beta_{SF} SF \phi d\sigma, \forall \phi \in H^1(\Omega). \end{split}$$

Pelo Teorema de Green

$$\int_{\Omega} \alpha \nabla^2 S \phi d\Omega = -\int_{\Omega} \alpha \nabla S \nabla \phi d\sigma + \int_{\partial \Omega} \alpha \frac{\partial S}{\partial \eta} \phi d\gamma.$$
(6.2)

Sobre a fronteira do domínio espacial as ϕ 's são tais que o segundo termo de 6.2 é nulo e, aqui, $\nabla(V \cdot S) = S \cdot \nabla V + V \cdot \nabla S = V \cdot \nabla S$, por isso:

$$\int_{\Omega} \frac{\partial S}{\partial t} \phi d\sigma = -\int_{\Omega} \alpha \nabla S \nabla \phi d\sigma - \int_{\Omega} V \cdot \nabla S \phi d\sigma \quad (6.3)$$
$$+ \int_{\Omega} \lambda (S+I) \left(1 - \frac{S+I}{K}\right) \phi d\sigma - \int_{\Omega} \mu_S S \phi d\sigma - \int_{\Omega} \beta_{SI} S I \phi d\sigma$$
$$- \int_{\Omega} \beta_{SM} S M \phi d\sigma - \int_{\Omega} \beta_{SD} S D \phi d\sigma - \int_{\Omega} \beta_{SF} S F \phi d\sigma, \forall \phi \in H^1(\Omega).$$

Procura-se pela solução discreta no espaço H_h de base $B_h = \{\phi_1, ..., \phi_n\},$ donde obtém-se

$$S_h = \sum_{i=1}^n S_i(t)\phi_i(x,y) \approx S(t,x,y).$$

E, analogamente:

$$I_h = \sum_{i=1}^n I_i(t)\phi_i(x,y) \approx I(t,x,y),$$
$$M_h = \sum_{i=1}^n M_i(t)\phi_i(x,y) \approx M(t,x,y),$$
$$B_h = \sum_{i=1}^n B_i(t)\phi_i(x,y) \approx B(t,x,y),$$
$$D_h = \sum_{i=1}^n D_i(t)\phi_i(x,y) \approx D(t,x,y)$$

е

$$F_h = \sum_{i=1}^n F_i(t)\phi_i(x,y) \approx F(t,x,y).$$

O processo que trouxe até (6.3) é repetido com cada uma das outras equações do sistema (3.1)-(3.6); então substitui-se no sistema resultante as expressões da aproximação discreta e, usando a notação $\langle \phi_i, \phi_j \rangle$, chega-se a:

$$\sum_{i} \frac{dS_{i}}{dt} \langle \phi_{i}, \phi_{j} \rangle =$$

$$= \sum_{i} \left\{ \lambda I_{i} \langle \phi_{i}, \phi_{j} \rangle - S_{i} \left[\alpha \langle \nabla \phi_{i}, \nabla \phi_{j} \rangle + \langle \nabla v \phi_{i}, \phi_{j} \rangle - (\lambda - \mu_{S}) \langle \phi_{i}, \phi_{j} \rangle \right] \right\} -$$

$$- \sum_{i} S_{i} \left\{ \sum_{k} \left[\left(\beta_{SI} + \frac{2\lambda}{K} \right) I_{k} + \beta_{SM} M_{k} + \beta_{SD} D_{k} + \beta_{SF} F_{k} + \frac{\lambda}{K} S_{k} \right] \langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \rangle \right\} -$$

$$- \sum_{i} \frac{\lambda}{K} I_{i} \sum_{k} I_{k} \langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \rangle, \qquad (6.4)$$

$$\sum_{i} \frac{dI_i}{dt} \left\langle \phi_i, \phi_j \right\rangle =$$

$$-\sum_{i} \left\{ I_{i} \left[\alpha \left\langle \nabla \phi_{i}, \nabla \phi_{j} \right\rangle + \left\langle \nabla v \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle + \left(\mu_{I} + \mu_{S} \right) \left\langle \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right] \right\} + \sum_{i} S_{i} \left\{ \sum_{k} \left[\beta_{SI} I_{k} + \beta_{SM} M_{k} + \beta_{SD} D_{k} + \beta_{SF} F_{k} \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\}, (6.5)$$

$$\sum_{i} \left\{ \frac{dM_i}{dt} \left\langle \phi_i, \phi_j \right\rangle \right\} = \sum_{i} \left(\mu_i I_i - \nu_M M_i \right) \left\langle \phi_i, \phi_j \right\rangle, \tag{6.6}$$

$$\sum_{i} \left\{ \frac{dB_{i}}{dt} \langle \phi_{i}, \phi_{j} \rangle \right\} = \sum_{i} \left(\left(\sigma - \mu_{B} \right) B_{i} + \sigma D_{i} \right) \langle \phi_{i}, \phi_{j} \rangle - \sum_{i} B_{i} \left\{ \sum_{k} \left[\beta_{BI} I_{k} + \beta_{BD} D_{k} + \beta_{BF} F_{k} \right] \langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \rangle \right\},$$
(6.7)

$$\sum_{i} \left\{ \frac{dD_{i}}{dt} \langle \phi_{i}, \phi_{j} \rangle \right\} = \sum_{i} - (\mu_{D} + \mu_{B}) D_{i} \langle \phi_{i}, \phi_{j} \rangle + \sum_{i} B_{i} \left\{ \sum_{k} \left[\beta_{BI} I_{k} + \beta_{BD} D_{k} + \beta_{BF} F_{k} \right] \langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \rangle \right\}$$
(6.8)

е

$$\sum_{i} \left\{ \frac{dF_i}{dt} \left\langle \phi_i, \phi_j \right\rangle \right\} = \sum_{i} \left(\mu_D D_i - \nu_F F_i \right) \left\langle \phi_i, \phi_j \right\rangle.$$
(6.9)

O método de Crank-Nicolson é aplicado para aproximar a derivada temporal. Na primeira equação toma-se, para (x_i, y_i) e $t = t_n \frac{\Delta t}{2}$:

$$\begin{split} \frac{dS_i}{dt} &\approx \frac{S_i^{(n+1)} - S_i^{(n)}}{\Delta t}, \\ S_i^{(n+1/2)} &\approx \frac{S_i^{(n+1)} + S_i^{(n)}}{2} \end{split}$$

е

$$I_i^{(n+1/2)} \approx \frac{I_i^{(n+1)} + I_i^{(n)}}{2}.$$

Donde, após multiplicar os dois lados por Δt e colocar à esquerda os termos que envolvem o tempo n + 1 e à direita os termos envolvendo n:

$$\begin{split} &\sum_{i} \left\{ S_{i}^{(n+1)} \frac{\Delta t}{2} \left[\alpha \left\langle \nabla \phi_{i}, \nabla \phi_{j} \right\rangle + \left\langle \nabla v \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle - \left(\lambda - \mu_{S} - \frac{2}{\Delta t} \right) \left\langle \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right] \right\} - \\ &- \sum_{i} \frac{\Delta t \lambda}{2} I_{i}^{(n+1)} \left\langle \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle + \\ &+ \sum_{i} \frac{\Delta t}{4} S_{i}^{(n+1)} \left\{ \sum_{k} \left[\left(\beta_{SI} + \frac{2\lambda}{K} \right) \left(I_{k}^{(n+1)} + I_{k}^{(n)} \right) + \beta_{SM} \left(M_{k}^{(n+1)} + M_{k}^{(n)} \right) \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\} + \\ &+ \sum_{i} \frac{\Delta t}{4} S_{i}^{(n+1)} \left\{ \sum_{k} \left[\beta_{SD} \left(D_{k}^{(n+1)} + D_{k}^{(n)} \right) + \beta_{SF} \left(F_{k}^{(n+1)} + F_{k}^{(n)} \right) \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\} + \\ &+ \sum_{i} \frac{\Delta t}{4} S_{i}^{(n+1)} \left\{ \sum_{k} \frac{\lambda}{K} \left(S_{k}^{(n+1)} + S_{k}^{(n)} \right) \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\} + \\ &+ \frac{\Delta t}{4} \frac{\lambda}{K} \sum_{i} \left\{ I_{i}^{(n+1)} \sum_{k} \left[\left(I_{k}^{(n+1)} + I_{k}^{(n)} \right) \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right] \right\} = \\ &= \sum_{i} \frac{\Delta t \lambda}{2} I_{i}^{(n)} \left\langle \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle - \\ &- \sum_{i} \left\{ S_{i}^{(n)} \frac{\Delta t}{2} \left[\alpha \left\langle \nabla \phi_{i}, \nabla \phi_{j} \right\rangle + \left\langle \nabla v \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle - \left(\lambda - \mu_{S} + \frac{2}{\Delta t} \right) \left\langle \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right] \right\} - \\ &- \sum_{i} \frac{\Delta t}{4} S_{i}^{(n)} \left\{ \sum_{k} \left[\left(\beta_{SI} + \frac{2\lambda}{K} \right) \left(I_{k}^{(n+1)} + I_{k}^{(n)} \right) + \beta_{SM} \left(M_{k}^{(n+1)} + M_{k}^{(n)} \right) \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\} - \\ &- \sum_{i} \frac{\Delta t}{4} S_{i}^{(n)} \left\{ \sum_{k} \left[\beta_{SD} \left(D_{k}^{(n+1)} + D_{k}^{(n)} \right) + \beta_{SF} \left(F_{k}^{(n+1)} + F_{k}^{(n)} \right) \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\} - \end{aligned}$$

$$-\sum_{i} \frac{\Delta t}{4} S_{i}^{(n)} \left\{ \sum_{k} \frac{\lambda}{K} \left(S_{k}^{(n+1)} + S_{k}^{(n)} \right) \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\} - \frac{\Delta t}{4} \frac{\lambda}{K} \sum_{i} \left\{ I_{i}^{(n)} \sum_{k} \left[\left(I_{k}^{(n+1)} + I_{k}^{(n)} \right) \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right] \right\}.$$

$$(6.10)$$

Procede-se da mesma forma na segunda equação do sistema: toma-se a aproximação discreta da derivada temporal e dos pontos da malha no tempo $n\!+\!1/2$ usando

$$\frac{dI_i}{dt} = \frac{I_i^{(n+1)} - I_i^{(n)}}{\Delta t}$$

е

$$I_i^{(n+1/2)} = \frac{I_i^{(n+1)} + I_i^{(n)}}{2},$$

após manipulações algébricas:

$$\begin{split} &\sum_{i} \left\{ I_{i}^{(n+1)} \frac{\Delta t}{2} \left[\alpha \left\langle \nabla \phi_{i}, \nabla \phi_{j} \right\rangle + \left\langle \nabla v \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle - \left(\mu_{I} + \mu_{S} - \frac{2}{\Delta t} \right) \left\langle \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right] \right\} - \\ &- \sum_{i} S_{i}^{(n+1)} \left\{ \sum_{k} \left[\frac{\Delta t \beta_{SI}}{4} \left(I_{k}^{(n+1)} + I_{k}^{(n)} \right) + \frac{\Delta t \beta_{SM}}{4} \left(M_{k}^{(n+1)} + M_{k}^{(n)} \right) \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\} - \\ &- \sum_{i} S_{i}^{(n+1)} \left\{ \sum_{k} \left[\frac{\Delta t \beta_{SD}}{4} \left(D_{k}^{(n+1)} + D_{k}^{(n)} \right) + \frac{\Delta t \beta_{SF}}{4} \left(F_{k}^{(n+1)} + F_{k}^{(n)} \right) \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\} = \\ &= - \sum_{i} \left\{ I_{i}^{(n)} \frac{\Delta t}{2} \left[\alpha \left\langle \nabla \phi_{i}, \nabla \phi_{j} \right\rangle + \left\langle \nabla v \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle - \left(\mu_{I} + \mu_{S} + \frac{2}{\Delta t} \right) \left\langle \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right] \right\} + \\ &+ \sum_{i} S_{i}^{(n)} \left\{ \sum_{k} \frac{\Delta t}{4} \left[\beta_{SI} \left(I_{k}^{(n+1)} + I_{k}^{(n)} \right) + \beta_{SM} \left(M_{k}^{(n+1)} + M_{k}^{(n)} \right) \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\} + \\ &+ \sum_{i} S_{i}^{(n)} \left\{ \sum_{k} \frac{\Delta t}{4} \left[+ \beta_{SD} \left(D_{k}^{(n+1)} + D_{k}^{(n)} \right) + \beta_{SF} \left(F_{k}^{(n+1)} + F_{k}^{(n)} \right) \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\}. \end{split}$$

Após as aproximações discretas as quatro últimas equações do sistema

83

são dadas por:

$$\sum_{i} \left[\left(1 - \frac{\Delta t \nu_M}{2} \right) M_i^{(n+1)} - \frac{\Delta t \mu_i}{2} I_i^{(n+1)} \right] \langle \phi_i, \phi_j \rangle = \\ = \sum_{i} \left[\left(1 + \frac{\Delta t \nu_M}{2} \right) M_i^{(n)} + \frac{\Delta t \mu_i}{2} I_i^{(n)} \right] \langle \phi_i, \phi_j \rangle,$$

$$-\sum_{i} \left(B_{i}^{n+1} \left(\frac{\Delta t \left(\sigma - \mu_{B} \right)}{2} - 1 \right) + D_{i}^{n+1} \frac{\Delta t \sigma}{2} \right) \left\langle \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle + \\ +\sum_{i} B_{i}^{n+1} \left\{ \sum_{k} \left[I_{k}^{n+1} \frac{\Delta t \beta_{BI}}{4} + D_{k}^{n+1} \frac{\Delta t \beta_{BD}}{4} + F_{k}^{n+1} \frac{\Delta t \beta_{BF}}{4} \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\} + \\ +\sum_{i} B_{i}^{n+1} \left\{ \sum_{k} \left[I_{k}^{n} \frac{\Delta t \beta_{BI}}{4} + D_{k}^{n} \frac{\Delta t \beta_{BD}}{4} + F_{k}^{n} \frac{\Delta t \beta_{BF}}{4} \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\} = \\ =\sum_{i} \left(B_{i}^{n} \left(\frac{\Delta t \left(\sigma - \mu_{B} \right)}{2} + 1 \right) + D_{i}^{n} \frac{\Delta t \sigma}{2} \right) \left\langle \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle - \\ -\sum_{i} B_{i}^{n} \left\{ \sum_{k} \left[I_{k}^{n+1} \frac{\Delta t \beta_{BI}}{4} + D_{k}^{n+1} \frac{\Delta t \beta_{BD}}{4} + F_{k}^{n+1} \frac{\Delta t \beta_{BF}}{4} \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\}$$

$$\sum_{i} \left[\frac{\Delta t \left(\mu_{D} + \mu_{B}\right)}{2} + 1 \right] D_{i}^{n+1} \left\langle \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle - \\ -\sum_{i} B_{i}^{n+1} \left\{ \sum_{k} \left[\frac{\Delta t \beta_{BI}}{4} I_{k}^{n+1} + D_{k}^{n+1} \frac{\Delta t \beta_{BD}}{4} + F_{k}^{n+1} \frac{\Delta t \beta_{BF}}{4} \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\} \\ -\sum_{i} B_{i}^{n+1} \left\{ \sum_{k} \left[\frac{\Delta t \beta_{BI}}{4} I_{k}^{n} + D_{k}^{n} \frac{\Delta t \beta_{BD}}{4} + F_{k}^{n} \frac{\Delta t \beta_{BF}}{4} \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\}$$

$$= \sum_{i} \left[1 - \frac{\Delta t \left(\mu_{D} + \mu_{B}\right)}{2} \right] D_{i}^{n} \left\langle \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle + \\ + \sum_{i} B_{i}^{n} \left\{ \sum_{k} \left[\frac{\Delta t \beta_{BI}}{4} I_{k}^{n+1} + D_{k}^{n+1} \frac{\Delta t \beta_{BD}}{4} + F_{k}^{n+1} \frac{\Delta t \beta_{BF}}{4} \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\} + \\ + \sum_{i} B_{i}^{n} \left\{ \sum_{k} \left[\frac{\Delta t \beta_{BI}}{4} I_{k}^{n} + D_{k}^{n} \frac{\Delta t \beta_{BD}}{4} + F_{k}^{n} \frac{\Delta t \beta_{BF}}{4} \right] \left\langle \phi_{k} \phi_{i}, \phi_{j} \right\rangle \right\}$$

е

$$-\sum_{i} \left(D_{i}^{n+1} \frac{\Delta t \mu_{D}}{2} + F_{i}^{n+1} \left(\frac{\Delta t \nu_{F}}{2} - 1 \right) \right) \langle \phi_{i}, \phi_{j} \rangle =$$
$$= \sum_{i} \left(D_{i}^{n} \frac{\Delta t \mu_{D}}{2} + F_{i}^{n} \left(\frac{\Delta t \nu_{F}}{2} + 1 \right) \right) \langle \phi_{i}, \phi_{j} \rangle.$$

Apenas mais uma consideração teórica é necessária antes de partir para simulações e é esta consideração que é privilegiada pela próxima Seção.

6.3 Preparação para execução do programa: inicialização e não linearidades

As equações apresentadas ao fim da Seção 6.2 podem ser compreendidas, grosso modo, como

$$M_1(\vec{u}^{n+1}, \vec{u}^n)\vec{u}^{n+1} = M_2(\vec{u}^{n+1}, \vec{u}^n)\vec{u}^n.$$
(6.11)

Pois definiu-se, no Capítulo 4, $\vec{u} = (S, I, M, B, D, F)$ ou, equivalentemente, $\vec{u}^n = (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n).$

Como ambas as matrizes, $M_1 \in M_2$, são funções de $\vec{u}^{n+1} \in \vec{u}^n$, a inicialização computacional não é imediata pois, apesar da existência da condição inicial \vec{u}^0 , requer \vec{u}^1 que é exatamente o resultado almejado na primeira iteração. E assim sucessivamente. Ainda por sua relação de dependência com $\vec{u}^{n+1} \in \vec{u}^n$, $M_1 \in M_2$ contêm blocos referentes a cada uma das compontentes do vetor u, que serão denotados por M_{iS} , M_{iI} , M_{iM} , M_{iB} , $M_{iD} \in M_{iF}$ para i = 1, 2.

A respeito da incialização, o impasse é solucionado de acordo com [7]. A cada passo temporal n $(n = 0, ..., N_t$ tal que $T = \Delta t N_t$), determina-se uma aproximação inicial para \vec{u}^{n+1} , \vec{u}^* , que é refinada até que um valor confiável seja obtido. O procedimento realizado para chegar a \vec{u}^* é repetido k vezes, ou até \vec{u}^{k*} , onde k é escolhido entre 3 e 7, dependendo do que se considera um bom equilíbrio entre custo computacional e confiabilidade do resultado:

Para obter S^* :

$$M_{1S}((S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n), (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n))S^* = M_{2S}((S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n), (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n))S^n.$$

Para obter I^* :

$$M_{1I}((S^*, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n), (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n))I^* = = M_{2I}((S^*, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n), (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n))I^n.$$

Para obter M^* :

$$M_{1M}((S^*, I^*, M^n, B^n, D^n, F^n), (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n))M^* = M_{2M}((S^*, I^*, M^n, B^n, D^n, F^n), (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n))M^n.$$

Para obter B^* :

$$M_{1B}((S^*, I^*, M^*, B^n, D^n, F^n), (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n))B^* = = M_{2B}((S^*, I^*, M^*, B^n, D^n, F^n), (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n))B^n$$

Para obter D^* :

$$M_{1D}((S^*, I^*, M^*, B^*, D^n, F^n), (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n))D^* = M_{2D}((S^*, I^*, M^*, B^*, D^n, F^n), (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n))D^n.$$

Para obter F^* :

$$M_{1F}((S^*, I^*, M^*, B^*, D^*, F^n), (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n))F^* = M_{2F}((S^*, I^*, M^*, B^*, D^*, F^n), (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n))F^n.$$

Para obter S^{2*} :

$$M_{1S}((S^*, I^*, M^*, B^*, D^*, F^*), (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n))S^{2*} = M_{2F}((S^*, I^*, M^*, B^*, D^*, F^*), (S^n, I^n, M^n, B^n, D^n, F^n))S^n.$$

E assim successivamente até k*, quando $\vec{u}^{n+1} \leftarrow \vec{u}^{k*}$, k entre 3 e 7.

O programa responsável pela simulação de cenários, que consta do Apêndice E, cujos resultadoos são o objeto de atenção do Capítulo 7, foi escrito calcado na técnica que se acabou de expor.

Capítulo 7

Simulações

Chega-se neste Capítulo ao objetivo final do trabalho: simular a dispersão da Influenza Aviária (H5N1) por aves domésticas de pequenos criadouros, e aves silvestres, livres, de acordo com o modelo apresentado no Capítulo 3, usando de guia as conclusões do Capítulo 4, trabalhando com o coeficiente de difusão α no intervalo estipulado no Capítulo 5 e seguindo o método numérico abordado no Capítulo anterior.

Antes de iniciar a simulações em que se tinha interesse de fato, o programa principal, que consta no Apêndice E, foi executado a fim de testar se todas as características do modelo teórico estavam sendo corretamente retratadas. As saídas, omitidas, foram plenamente satisfatórias.

Daqui por diante entende-se que cada unidade populacional do programa corresponde a 10 indivíduos, cada unidade espacial a 1 quilômetro e cada unidade temporal, 1 dia.

O modelo é constituído de diversos parâmetros cujos papéis já foram considerados no Capítulo 3, são eles:

- 8 coeficientes de contaminação designados por β , com subíndice de acordo com as populações que afeta, a saber, β_{SI} , β_{SM} , β_{SD} , β_{SF} , β_{BI} , β_{BM} , β_{BD} , β_{BF} . Estes coeficientes relativos à contaminação dentro de uma mesma população, silvestre ou doméstica, serão maiores que os interpopulacionais, assim como a infecção por contato com aves mortas é bem menor que por aves vivas, donde respeitar-se-á $\beta_{SF} \leq \beta_{SM} \leq \beta_{SD} \leq \beta_{SI}$ e $\beta_{BM} \leq \beta_{BF} \leq \beta_{BI} \leq \beta_{BD}$. Deduz-se também que indivíduos restritos a um mesmo ambiente possam ser mais suscetíveis ao contágio do que aves livres, devido ao convívio mais próximo: $\beta_{SF} \leq \beta_{BM}, \beta_{SM} \leq \beta_{BF}, \beta_{SD} \leq \beta_{BI}$ e $\beta_{SI} \leq \beta_{BD}$.

- Há as taxas de crescimento populacional, λ verhulstiana e σ malthusiana dadas em por cento. Em geral toma-se $\lambda < \sigma$ uma vez que a vida selvagem apresenta maiores dificuldades para a procriação do que a criação doméstica. Também relacionada ao modelo de crescimento populacional das aves silvestres existe K, a capacidade de suporte do ambiente; intimamente ligada ao ponto estacionário não homogêneo de S, assim como λ , ver Capítulo 4.

- A meia vida do vírus em animais mortos, $\nu_F \in \nu_M$, é assumida 0.5 [1/dia]; $\mu_I \in \mu_D$, as mortalidades das aves, são tomadas como 0.1 e 0.7 respectivamente pois sabe-se que fatalidade da doença é muito maior para aves domésticas do que para as aves silvestres.

- As ferramentas de controle humano, os coeficientes $\mu_S \in \mu_B$, que correspondem a uma possível retirada de indivíduos pelo homem e podem ser modificados a depender da necessidade.

- Há, ainda, as velocidades, uma em cada direção, podendo ser combinadas e o coeficiente de difusão. Existe uma relação entre velocidade e coeficiente de difusão que deve ser satisfeita a fim de evitar problemas numéricos, esta relação é dada pelo Núcleo de Péclet: deve-se ter $\frac{v_x \Delta x}{\alpha} < 2$ e $\frac{v_y \Delta y}{\alpha} < 2$. Respeitando estes limites, as velocidades serão variadas dentro de valores passíveis de serem observados na realidade. α será tomado dentro da gama de valores obtidos chegou no Capítulo 5

 Terminam a lista de valores necessários, e serão variadas também, as condições iniciais, descritas antes de cada simulação, e que têm participação importante no desenlace do problema e na opção por métodos numéricos para determinar a solução do sistema.

No Capítulo 5, o modelo usado na determinação de α baseia-se num

domínio circular, um anel. A fim de que as simulações pudessem ser vistas em coordenadas radiais, uma condição periódica foi colocada em y, cuja extensão é sempre de 6,28. Sendo assim, por vezes os gráficos serão exibidos em coordenadas cartesianas e por vezes em coordenadas radiais, $y \equiv \theta$ e $x \equiv r$.

Estabelece-se que N_r é o número de subdivisões em r, N_{θ} o número de divisões do domínio em θ e $N_{\theta} < N_r$.

A linha de chamada do programa é $SIMBDF(t_0, T, N_t, r_0, R, N_r, N_{\theta}, p)$ e, daqui por diante, $t_0 = 0$ é o tempo inicial, T o tempo final, N_t o número de subintervalos de tempo. $N_t = T$, resultando em $\Delta t = 1$ dia. $r_0 \equiv x_0$ e $R \equiv x_f$ são os limites do domínio espacial em r e, por fim, p é um ponto arbitrário cujo comportamento deseja-se acompanhar por toda a simulação, de $t_0 = 0$ a T, para cada uma das seis populações.

Trata-se primeiro do parâmetro mais privilegiado no escopo deste trabalho, o coeficiente de difusão do H5N1.

7.1 Variando o coeficiente de difusão



Figura 7.1: Condição incial de todas as simulações desta seção, da esquerda para a direita os gráficos referem-se a S, $I \in M$.

Para iniciar as simulações decidiu-se observar qual a influência do coeficiente de difusão sobre o modelo.



Figura 7.2: Simulações com $\alpha = 0.05 \ km^2/dia$ em t=20, 60 e 200 dias, respectivamente.

A condição inicial será S(x, y, 0) = c0S > 0, M(x, y, 0) = B(x, y, 0) = D(x, y, 0) = F(x, y, 0) = 0 para todo domínio espacial e $I(pm_x, pm_y, 0) = 0.1$, onde pm_x e pm_y são as coordenadas do ponto médio do domínio espacial, como mostra a Figura 7.1.

Os parâmetros influentes nas simulações desta Seção, além de α , que não foram determinados no início do Capítulo, são c0S = 0.8, $\beta_{SI} = 0.005$, $\beta_{SM} = 0.002$, $\lambda = 0.02$, K = 20.

A linha de chamada é SIMBDF(0, T, T, 1, 9, 36, 18, 162). Para cada α serão mostrados os resultados em três diferentes tempos T = 20, 60 e 200 dias.



Figura 7.3: Os gráficos em t=200 dias rotacionados, para cada α . De cima para baixo, $\alpha = 0.05, 0.1 \text{ e} 0.5 \text{ } km^2/dia$, respectivamente.

Quando $\alpha = 0.05 \ Km^2/dia$, Figura 7.2, de acordo com a simulação a população de aves silvestres suscetíveis alcança estado estacionário. Sabe-se que o ponto estacionário não-homogêneo de S é $\overline{S} \approx -\frac{\gamma K}{\lambda}$. As simulações que atingem estados estacionários não nulos permitem estimar \overline{S} . Poder-seia calcular a área abaixo do gráfico de S para y constante e multiplicar o resultado por 6.28, a extensão de y, obtendo \overline{S} e depois γ . De posse de γ os estados estacionários de I podem ser tratados.

Ao fim do Capítulo 4 é exibido o Jacobiano geral de S, cujos autovalores determinam a estabilidade da solução, apesar de sua grande importância este estudo de autovalores foge ao escopo deste trabalho. Aqui menciona-



Figura 7.4: Simulações em três tempos: t=20, 60 e 200 dias; usando α intermediário.

se apenas aspectos qualitativos visíveis nas simulações. Há dois aspectos da primeira simulação que devem ser ressaltados: primeiro a suavidade de seus resultados, aumentar o valor do coeficiente de difusão acarreta dificuldades numéricas que não aparecem na Figura 7.2; podem ser observadas mas suavizam-se ao longo das iterações temporais na Figura 7.4 e vão tornando-se incontornáveis na Figura 7.5. E, segundo aspecto, a forma do gráfico, observe que em t = 60 dias, na Figura 7.2, a infecção ainda não se difundiu até as laterais do domínio, y = 0 e $y = 2\pi$, então a condição de periodicidade não lhe confere a característia de valores praticamente constantes para cada r fixo que se observa em t = 200 dias na Figura 7.2 e, ainda mais cedo, a partir de t = 60 dias na Figura 7.4.

Aplicando $\alpha = 0.1 \ km^2/dia$, além da diferença no tempo necessário para que o 'anel' se feche, ou seja, para que a doença atravesse o domínio de y = 0



Figura 7.5: As simulações até t=20, 60 e 200 dias, usando o extremo $\alpha = 0.5 km^2/dia.$

a $y = 2\pi$, a forma da solução estacionária para S também muda, como se vê na Figura 7.3.

Para o segundo coeficiente analisado, a população S estabiliza-se novamente e I apenas tende a 0, sem atingi-lo ao fim de t = 200 dias.

Na Figura 7.5 vê-se três momentos da simulação para $\alpha = 0.5 \ km^2/dia$, este é o maior coeficiente estimado sem o uso de cluster temporal no Capítulo 5; a simulação apresenta dificuldades numéricas devido ao valor muito grande para um coeficiente deste tipo. É a primeira vez que S não apresenta sinais de que irá atingir um estado estacionário não homogêneo. Em uma última simulação, que chegou a T = 2000 dias, cuja situação final pode ser vista na Figura 7.6, S continuava a decrescer ainda que muito lentamente. Vale obser-



Figura 7.6: Populações S, $I \in M$, da esquerda para a direita, após simulação até t=2000 dias com $\alpha = 0.5 km^2/dia$.

var que sem o estado estacionário não homogêneo não é possível determinar γ para posterior análise de $\overline{I} \neq 0$.

Averiguar as implicações da variação do coeficiente de difusão do H5N1 em uma ordem de grandeza é das tarefas mais simples a que se poderia propor este trabalho e mostra por quantas direções diferentes os efeitos se espalham. Explica-se: variar o coeficiente de difusão altera os pontos estacionários do problema, sua estabilidade e ainda pode acarretar complicações numéricas.

As conclusões mais imediatas e simples dizem respeito às formas das soluções, mais concentrada para α 's menores ou formando um anel ao redor de r_0 quando o coeficiente aumenta, vide Figura 7.7. Certamente é tão mais simples conter a doença quanto menos ela se dispersa. Falta averiguar o que acarretam velocidades não nulas e a participação da população de aves domésticas, bem como um possível controle através de μ_S e μ_B .

7.2 Inserindo velocidades

O Jacobiano (4.22), por si só, denota que acrescentar velocidades não nulas ao modelo modificará todo o resultado. O cálculo dos autovalores dependerá de um polinômio de terceiro grau mais complexo, uma vez que haverá na matriz mais coeficientes não nulos e sempre com termo indepen-


Figura 7.7: Resultados das simulações com $\alpha = 0.02 \ km^2/dia$, acima, e $\alpha = 0.06 \ km^2/dia$, abaixo, em gráficos usando coordenadas radiais, t=50 dias.

dente diferente de zero.

Nesta seção os únicos parâmetros que serão modificados, juntamente com α , são as componentes da velocidade, salvo menção em contrário. A inserção de velocidades no problema também requer cuidados numéricos. Sem que se modifique a linha de chamada, a velocidade máxima possível em x, com $\alpha = 0.05 \ km^2/dia$, respeitando o núcleo de Péclet, é $0.1 \ km/dia$ mas, como se vê na Figura 7.8, nenhuma modificação pode ser observada em \overline{S} e o estado estacionário permanece o mesmo, portanto γ também. Por outro lado, as populações $I \in M$ são menores na ausência de velocidade. Os pontos de maior concentração são $I = 3.75 \ 10^{-8}$ e $M = 6.5 \ 10^{-9}$ com v_x nula, versus $I = 6.2 \ 10^{-8}$ e $M = 1.25 \ 10^{-8}$ do caso em que existe uma componente da velocidade agindo em x; sinalizando que a velocidade auxilia na perpetuação do vírus.

Porém uma velocidade de $0.1 \ km/dia$ não faz sentido na realidade, prin-



Figura 7.8: Comparação dos resultados das simulações com $\alpha = 0.05$, em t = 500 dias. Acima $v_x = 0$ e abaixo $v_x = 0.1 \ km/dia$.

cipalmente quando se tem em vista aves que atravessam continentes voando. Supor uma velocidade dez vezes maior, mantendo α , implica a divisão de Δx por um fator de dez, igualmente. Esta redução pode ser feita diminuindo o domínio estudado, aumentando N_r , ou combinando ambas as ações. Sendo assim, a linha de chamada seguinte é $SIMBDF(0, T, N_t, 2, 5.5, 140, 18, 500)$. Antes o foco de inicial de aves infectadas era $I(x, y, t_0) = 0, \forall (x, y) \neq (5, 3.49)$ e $I(5, 3.49, t_0) = 0.1$, equivalente a um vetor de 703 elementos nulos exceto pelo da posição 352 e, mesmo com o novo domínio e a nova discretização, esta condição será mantida. Agora I é um vetor de 2679 componentes nulas exceto pelo posição 2290.

O que se tenta, ao combinar redução do domínio com aumento do número de intervalos em x, é tornar factível o uso de uma velocidade coerente com a realidade minimizando os gastos computacionais¹.

¹Existem outros modos de contornar este problema que fogem ao escopo do trabalho. Aplicando técnicas de aproximação como *Upwind* e análogos, por exemplo.

CAPÍTULO 7. SIMULAÇÕES

As diferenças em consequência da componente de velocidade podem ser vistas mais claramente na Figura 7.9 nos gráficos referentes à população M, mais à direita, pois apesar da equação que modela esta população não possuir termos de velocidades, nem difusivos, I os possui e M é igual a I a menos de uma constante multiplicativa, mantendo, por isso, a mesma forma ainda que em outra escala. Aliás, sem fazer uso do *zoom*, é justamente esta diferença de escala que permite observar melhor em M do que em I as consequências da velocidade e, com mais razão ainda, em S.



Figura 7.9: Simulações com $\alpha = 0.05 \ km^2/dia$, t = 20 dias, malha com 2679 pontos. Da esquerda para a direita, S, $I \in M$. Na linha superior não há velocidades agindo sobre o sistema e na linha inferior velocidade de 900 m/dia age na direção x.

Para acrescentar uma velocidade em y, novo esforço é realizado a fim de conciliar a viabilidade de resultados e compromisso com a realidade. Na Figura 7.11 apresenta-se qual o aspecto final de simulação para t = 20, sendo a condição inicial de acordo com a Figura 7.10, $\alpha = 0.08 \ km^2/dia$, $v_x = 0.9 \ km/dia$ e $v_y = 0.3 \ km/dia$, cuja resultante é de 1.3 km/dia. A



Figura 7.10: Condição inicial da simulação com ambas as componentes da velocidade não nulas.

linha de chamada é SIMBDF(0, 20, 20, 3.5, 5.5, 50, 50, 300). Nessa Figura, os gráficos em coordenadas radiais apresentam as maiores diferenças para a população M, de novo por motivos de escala. Nota-se que a velocidade, agindo juntamente com a difusão, leva os indivíduos saudáveis para a fronteira externa do domínio espacial mais rapidamente, o que,não fosse o fato de a velocidade agir sobre os animais infectados também, seria uma forma de escapar do vírus. Dos gráficos relativos M, fica clara a maior quantidade de mortes quando há um campo de velocidades migratórias que transporte os vírus.

Procurou-se nesta seção mostrar quais as mudanças nas configurações finais das populações de aves silvestres diante da existência dessas velocidades, quando comparadas a casos em que a difusão age sozinha. Apesar de coeficientes difusivos grandes permitirem que velocidades ainda maiores estejam no intervalo aceitável pelo Núcleo de Péclet, o valor destas tem de ser bem alto para que suas consequências não desapareçam quando imersas em um ambiente com alta difusão². Além disso, desejava-se que os problemas numéricos dos próprios α 's não prejudicassem as simulações envolvendo velocidades.

²Esta situação pode ser evitada diminuindo adequadamente os valores de Δx e Δy . Tal atitude, porém, torna os sistemas proporcionalmente maiores, acrescentando outra dificuldade à obtenção do almejado equilíbrio numérico.



Figura 7.11: Se $\alpha = 0.08 \ km^2/dia$, em $t = 20 \ dias$, sem velocidade o panomrama é dados pelos três gráficos da parte de cima da Figura; com velocidade de componentes $v_x = 0.9$ e $v_y = 0.3$ o retrato da situação é composto pelos três gráficos da parte inferior.

Diante do exposto conclui-se que o transporte do vírus corrobora para aumentar o risco de infecção, mesmo que não seja suficiente para por si só acarretar mudanças decisivas no futuro da população envolvida. Já a existência de outra população, de aves domésticas, alimenta a doença a ponto de torn-a-la perniciosa para os criadores que introduziram os indivíduos no ambiente.

7.3 A respeito das taxas de infecção

Dentre os casos exibidos até aqui, a simulação que leva à configuração da parte inferior da Figura 7.11, quando executada por um tempo equivalente a 35 dias, apresenta pela primeira vez sinais de que S está sofrendo o impacto da infecção e que ele é maior na região do espaço em que o indivíduo infec-



Figura 7.12: Simulação que reflete impacto do aumento de β_{SI} , em relação ao cenário da Figura 7.9.

tado estava localizado inicialmente. Este impacto maior é retratado por três pontos em cor levemente diferente da de sua vizinhança e o que o motiva é, como já se disse, a existência de velocidade de transporte que torna a população debilitada o suficiente para que surta efeito visível. Tão maior e mais visível é este efeito quanto maior a transmissão.

Usando como parâmetros $\alpha = 0.05 km^2/dia$, $v_x = 0.9 km/dia$, $v_y = 0$ e aumentando β_{SI} de 0.005, Figura 7.9, para $\beta_{SI} = 0.006$, o transtorno é bem maior para a população de aves saudáveis, ver Figura 7.12.

Por certo que os parâmetros de contaminação aqui denotados por β , como o coeficiente de difusão e as componentes da velocidade, não podem ter seus valores aumentados impunemente. Ainda que mais análise seja necessária, afirma-se que estes coeficientes não devem ser muito maiores que α para evitar instabilidades numéricas na presença de velocidades.

Para ilustrar a força da componente do modelo assunto desta Seção, a



Figura 7.13: Comportamento da populações em um ponto da simulação da Figura 7.14 ao longo de 1500 dias. Os gráficos de baixo são *zoom*'s a fim de mostrar detalhes das oscilações amortecidas.

Figura 7.14 retrata o comportamento das três populações de aves silvestres sem velocidades, com $\alpha = 0.05 \ km^2/dia$, $\beta_{SI} = 0.08$ (ou seja, em 80% dos encontros entre aves suscetíveis e infectadas vivas ocorre contaminação) e $\beta_{SM} = 0.004$ (em 4% das ocasiões em que ave suscetível encontra ave contaminada morta há contágio). Observe-de como o impacto inicial é brutal sobre S. Também pela virulência, o vírus não é mais bem sucedido; a princípio, ao contaminar muitos indivíduos o 'estoque' que abastece a contaminação quase desaparece concentrando-se nas regiões em que o vírus ainda não chegou e só retornando à configuração inicial quando o número de infectados já está bastante reduzido; é nesse momento que torna a haver grande quantidade de acometidos e o ciclo recomeça: são as ondas da doença que atravessam o domínio. Como mostra a Figura 7.13³, que acompanhou um dos pontos da malha por toda a simulação que cobriu 1500 dias de infecção, as oscilações das populações S, $I \in M$ são amortecidas e, no ponto analisado, tendem a $0.11, 0.2 e 5 10^{-3}$, respectivamente. Há uma diminuição nas concentrações, relativa aos valores iniciais, mas o equilíbrio ocorre sem que nenhuma delas seja extinta, indicando que a doença continuará a assolar as aves silvestres. Passa-se agora a explorar quais as consequências para disseminação do H5N1 da interação de aves de pequenos criadouros, ditas de 'fundo de quintal', com aves silvestres.

 $^{^3\}mathrm{Para}$ esta identificação qualitativa é importante verificar a escala do eixo vertical do gráfico.



Figura 7.14: Primeiro ciclo de infecção para $\beta_{SI} = 0.08$, com $\alpha = 0.05$ e linha de chamada SIMBDF(0, T, T, 1, 9, 40, 18, 500), com T=0:8:40 e T=100 dias, de cima para baixo.

7.4 Interação entre aves silvestres e domésticas

As aves domésticas foram modeladas com crescimento malthusiano e sem componentes de velocidade e difusão, posto que presas ao terreno do criador. Na ausência de infecção, a concentração nos pontos onde originalmente houvesse aves cresceria indefinidamente. Na presença de infecção, a população de aves domésticas saudáveis, B, cede indivíduos para a população de aves domésticas infectadas, D, das quais 70% vêm a morrer devido à contaminação.

Em todos os gráficos desta Seção, a primeira linha diz respeito a aves silvestres, a segunda a aves domésticas; a primeira coluna se refere a indivíduos suscetíveis, a segunda a indivíduos infectados e a terceira aos que morreram mas ainda portam o vírus ativo por algum tempo.

Os coeficientes atribuídos inicialmente são $\alpha = 0.08$, $\beta_{SI} = 0.08$, $\beta_{SM} = 0.004$, $\beta_{SD} = 0.009$, $\beta_{SF} = 0.003$, $\beta_{BI} = 0.009$, $\beta_{BM} = 0.003$, $\beta_{BD} = 0.09$, $\beta_{BF} = 0.005$, $\lambda = 0.02$, $\sigma = 0.03$, K = 20, ainda com $\mu_S = 0$, $\mu_B = 0$. Manteve-se o mesmo valor para o maior número de parâmetros possível a fim de comparar esta simulação com a última da Seção anterior. A linha de chamada não muda. Esta combinação de parâmetros satisfaz as condições estipuladas no Capítulo 4 para que no equilíbrio, se houver, as populações sejam não negativas. A próxima Seção averiguará se diferenças numéricas perceptíveis ocorrem quando esta relação não é satisfeita.

Com condições inciais $S(x, y, t_0) = 0.8$, $\forall (x, y) \in \Omega$; $I(x, y, t_0) = 0$, $\forall (x, y) \in \Omega \text{ com } (x, y) \neq (5, 3.49)$, onde I = 0.1; $B(x, y, t_0) = 0$, $\forall (x, y) \in \Omega \text{ com } (x, y) \neq (3, 2), (3, 4), (4, 2), (4, 4)$, onde B = 0.8 e $M(x, y, t_0) = D(x, y, t_0) = F(x, y, t_0)$.

Nas Figura 7.15-7.18 são exibidos quatro instantes da simulação, t = 0, 4, 8 e 16 dias. Os comportamentos da população silvestre permanecem iguais aos do último exemplo da Seção anterior. O que se deve atentar no gráfico relativo a D, é que os animais afetados surgem primeiramente na região em que há aves silvestres infectadas e, conforme o risco de infecção

se dispersa, chega aos outros dois criadouros de aves domésticas. Como a infecção torna a mudar de sentido, seguindo indivíduos selvagens suscetíveis, os focos em pequenos criadouros acompanham tal movimento.



Figura 7.15: Interação das seis populações cujo comportamento modela-se neste trabalho, em quatro tempos: condição inicial.

O interesse maior nesta simulação é pelo que acontece em $t = 60 \ dias$, retratado na Figura 7.19. A existência desses aglomerados de aves domésticas suscetíveis ao contágio funciona como o combustível que faltava ao vírus para que prevaleça. Explica-se: enquanto em alguns casos a população infectada decresceu demasiadamente por ausência de população suscetível acessível silvestre ou doméstica, ou pelo pequeno valor de β ; a existência de aves que não se movem e cuja população aumenta com taxa constante pode suprir a demanda por novos indivíduos a serem infectados que, então, atingirão as aves silvestres.



Figura 7.16: Interação das seis populações cujo comportamento modela-se neste trabalho, em quatro tempos: segunda parte, t = 4 dias.

7.5 Controle humano como ferramenta de contenção do H5N1

Na simulação anterior usa-se $\mu_B = \mu_s = 0$ e $\sigma - \mu_B - \mu_D < 0$, com $\mu_B \leq \sigma$. Esta Seção se inicia introduzindo $\mu_B = 0.02$, ainda dentro das condições necessárias para equilíbrio não negativo. Esta nova componente impede que a população de aves domésticas cresça tão indiscriminadamente e lhe confere comportamento com características oscilatórias, como se vê na Figura 7.20 que acompanha um dos pontos do domínio ao longo do tempo.

Quando a concentração de I fica pequena o suficiente, os focos de I provenientes de D aparecem tanto na parte de menor concentração, como no topo da onda de I mas mais suavemente. A Figura 7.21 mostra este comportamento de I e o das outras populações em t=349 dias, quando S apresenta



Figura 7.17: Interação das seis populações cujo comportamento modela-se neste trabalho, em quatro tempos: terceira parte, t = 8 dias.

pela primeira vez depressões devidas ao impacto de D.

Claramente o fator μ_B modifica a saída do programa. Além das aves de criadouros terem seu crescimento contido, a influência da infecção nestes indivíduos (D) leva muito mais tempo para afetar nitidamente S, sendo uma ferramenta muito importante na contenção do H5N1. Por outro lado a oscilação de I e, portanto, M continua a ocorrer e novamente não tende a zero.

 $B \to 0$ para $\mu_B = 0.031$ maior que $\sigma = 0.03$ e, portanto, D e F também, tornando irrelevante para as aves silvestres, em termos da infecção, a coexistência com os indivíduos domésticos. Claro que exterminar as aves de pequenos criadores extermina o H5N1 nesta população mas, enquanto o risco persistir em aves silvestres, não se poderia repor os indivíduos das pequenas criações ou haveria nova infecção.

O último parâmetro com que se vai trabalhar é μ_S , a taxa de retirada de



Figura 7.18: Interação das seis populações cujo comportamento modela-se neste trabalho, em quatro tempos: quarta parte t = 16 dias.

aves silvestres induzida por fatores externos, o homem por exemplo.

Com $\mu_S = 0.01 < \lambda = 0.02$ e voltando μ_B para $0.02 < \sigma = 0.03$; a oscilação que antes existia, de *I* em busca de *S*, cessa e *I* iria a zero não fosse por *D* que o abastece na região onde há menor concentração de silvestres suscetíveis primeiramente e, depois, na parte onde há maior concentração de *S* e onde o impacto se faz sentir mais fortemente. Este último momento pode ser observado na Figura 7.22. Para este valor de μ_S , *I* é reduzido sem que *S* sofra demais para isso, afinal levar animais silvestres à extinção não deve ser sequer cogitado como estratégia de contenção do vírus.

Assim, parece que haveria de se retirar as aves domésticas do cenário para, então, terminar com a infecção entre as aves silvestres por meio de μ_S e, por fim, poder reinserir os animais nas pequenas criações. Aumentando μ_S em 0.015 e tornando maior que λ , S não dá sinais de se estabilizar e não pára de decrescer, a temida extinção tomaria lugar.



Figura 7.19: Situação final da simulação que trabalha com todas as populações, t=60 dias.



Figura 7.20: Um ponto da primeira simulação com $\mu_B \neq 0$ acompanhado ao longo de 350 dias.



Figura 7.21: Panorama final da simulação que também originou a Figura 7.20.



Figura 7.22: Com a inserção de μ_S a doença poderia ter sido contida, não fosse a existência de aves domésticas, t=206 dias.

Capítulo 8

Conclusão

Talvez de modo muito pretencioso, porque abrangente, este trabalho se propôs a estudar as consequências da entrada do H5N1 num cenário que incluía aves silvestres e pequenas criações. Possíveis cenários brasileiros podem ser similares exceto por uma característica especial: produtores de frango que possuem aves geneticamente muito parecidas, com sistema imunológico extremamente debilitado e que, por isso, uma vez infectadas seriam destruídas rapidamente e pequenos produtores periurbanos. A inserção desta última população, de aves criadas com fins comerciais, completaria o panorama e pode vir a ser tema de um trabalho futuro, mais completo e, possivelmente, interinstitucional [8], pois apesar de o Brasil ter um protocolo muito preciso a respeito da infra-estrutura física de criação agro-industrial, de modo que a influência destes indíviduos seria minimizada; criações domésticas para fins comerciais por vezes não estão plenamente de acordo com a legislação e poderiam acarretar mudanças nos resultados das simulações.

Para que consequências possam ser estudas é preciso primeiramente comprender suas causas. O primeiro Capítulo contém informações necessárias para esclarecer de onde provém a periculosidade dos vírus, por sua constituição, o da Influenza mais especificamente; traz uma cronologia que fornece visão de seus macro-efeitos, morte de milhares de animais silvestres numa dada ocasião e fechamento permanente de mercados chineses [22], por exemplo. Por certo que vários problemas ecônomicos, além dos de saúde pública, estão atrelados à ameaça do vírus de alta patogenicidade, são ilustrados na Seção 2.3 e motivam este trabalho.

A velocidade responsável pelo transporte do vírus, através das aves migratórias, carrega-o até uma região antes livre da infecção que, então, espalhase devido ao contato entre indivíduos. Analisaram-se brevemente as ferramentas matemáticas responsáveis por retratar estes comportamentos, inclusive deduzindo a equação de reação e difusão em coordenadas polares, vide Apêndice A. Ao fim desta análise fica clara a relevância do coeficiente de difusão do H5N1 no modelo. De nada adiantaria um termo difusivo nas equações se não se estivesse de posse de uma estimativa viavelmente fidedigna para tal valor. Com intuito de possibilitar as simulações, expendese o Capítulo 5 abordando a modelagem, a busca e o tratamento de dados, os algoritmos criados para sua manipulação e, por fim, os resultados obtidos para oito países estudados: Bangladesh, Benim, China, India, Nigéria, Romênia, Turquia e Vietnam. Explorou-se quatro tipos de programas, dois usando todos os dados disponíveis e dois usando subconjuntos de dados dentre os disponíveis. Os métodos que incluíam todos os pontos apresentaram sempre resultados consistentes, individual e conjuntamente, sendo que o que supunha condição de Dirichlet homogênea depôs a favor de valores menores do que o que supunha que a doença chegava ao extremo do domínio. Os resultados destes métodos ficaram entre $0.052 e 0.5 km^2/dia$. Dos algoritmos que envolviam divisão de pontos, concluiu-se que a divisão espacial, além de pertinente com o conceito de difusão, limitando eventos agrupados numa mesma região espacial, fornecia α 's entre 0.025 e 0.2 km^2/dia de acordo com as expectativas para um coeficiente de difusão. Uma das melhorias que se deve considerar futuramente é a completa independência do algoritmo de determinação de aglomerados espaciais em relação ao usuário do programa. Já a divisão temporal dos dados levou a coeficientes muito altos e exclui a possibilidade de um período de latência do vírus, que chegou a ser observada em simulações do Capítulo 7. Existe também o problema numérico acarretado por α 's demasiadamente grandes e o fato de que, se ocorrem, suplantam a ação de velocidades, por vezes.

Por ora, as seis equações provenientes da modelagem do Capítulo 6 forneceram material suficiente para que, junto com a gama de valores possíveis estimada para o coeficiente de difusão, se tire conclusões decisivas a respeito das medidas que devem ser tomadas a fim de conter a dispersão do vírus sem agredir desnecessariamente a fauna. Apesar de dificuldades numéricas, optou-se por usar, na maioria das vezes, α da ordem de 10^{-1} , valor que reside na zona de interseção entre saídas dos métodos que consideram todos os pontos e métodos que contabilizam apenas agrupamentos de pontos espacialmente próximos.

Não seria possível, num número finito de páginas, apresentar tantas simulações quanto o programa computacional que consta do Apêndice E está apto a executar, mas a qualquer sinal de necessidade ele pode, e deve, ser utilizado. Considera-se que este programa, juntamente com a estimativa do coeficiente difusivo, um grande dos grandes êxitos deste trabalho.

As simulações apresentadas no Capítulo 7 indicam quais as respostas das populações às variações no coeficiente de difusão, dentre elas a instabilidade das soluções; às situações em que a velocidade era desconsiderada e para casos em que ela agia em apenas uma ou em ambas as direções; à variação da taxa de contaminação, β e à ação humana tentando conter o vírus. A partir de cada um destes tópicos poder-se-ia extrair uma nova dissertação, mas foi possível assinalar alguns comportamentos que merecem destaque:

-O valor do coeficiente de difusão é quem dita o espalhamento da doença mas na presença de velocidades suficientemente grandes, como as que acontecem quando da migração, a infecção é ainda mais voraz.

-Os β 's estão profundamente relacionados com o estado estacionário e com a latência do vírus e a determinação de seu(s) valor(es) contribuiria imensamente para que um cenário mais conclusivo fosse obtido. A coexistência do coeficiente de difusão, do β , e das velocidades pode trazer dificuldades numéricas e merece maior análise.

-O homem parece ter chance de conter o espalhamento do vírus ao retirar totalmente de cena os animais de pequenas criações e subsequentemente indivíduos da população silvestre. Os animais silvestres devem ser eliminados a uma taxa menor do que são capazes de se reproduzir, a fim de evitar extinção. A execução dos animais de pequenos criadores é muito importante pois quando se reduz apenas a quantidade de animais silvestres, as aves domésticas passam a ser os vetores de disseminação da doença entre as aves livres, que a carregam e dispersam, reiniciando o problema.

Apesar de extenso, o trabalho considera diversos aspectos, intrincados e inter-relacionados, responsáveis pela pluralidade da natureza e seus retratos matemáticos, extraindo deles respostas que podem fazer a diferença entre um desfecho bem sucedido e um desastre caso um surto de H5N1 ou similar ocorra; além de fornecer úteis novas informações relevantes mundialmente, como a estimativa do coeficiente de difusão do H5N1.

Apêndice A

Mais a respeito da Equação de Difusão

A.1 Equação de conservação e Lei de Fick -Dedução da Equação de Difusão-Reação em Coordenadas Cilíndricas

Uma quantidade inicial de partículas dentro de uma região, a menos de fontes ou sorvedouros, só pode variar temporalmente com a entrada e/ou a saída de novos indivíduos através das fronteiras da região. Tal afirmação é descrita pela equação de conservação cuja dedução será apresentada a seguir para o domínio

$$D = \{ (r, \theta, h) : r_0 \le r \le R, 0 \le \theta \le 2\pi, 0 \le h \le H \}$$
(A.1)

A fim de acompanhar a dedução é necessário ter em mente algumas definições.

A definição de interesse para a concentração, $c(r, \theta, h, t)$ no instante t, é

dada por

número de partículas

$$\int_{r_0}^{r_0+\Delta r} \int_{\theta_0}^{\theta_0+\Delta \theta} \int_{h_0}^{h_0+\Delta h} c\left(r,\theta,h,t\right) dh d\theta r dr = \text{dentro do volume} \quad (A.2)$$
$$\Delta r \Delta h \Delta \theta \left(2r_0 - \Delta r\right)$$

Similarmente à concentração, a definição de densidade de fonte/sorvedouro, $\sigma(r, \theta, h, t)$ no instante t, é tal que

taxa de partículas

criadas ou destruídas

$$\int_{r_0}^{r_0 + \Delta r} \int_{\theta_0}^{\theta_0 + \Delta \theta} \int_{h_0}^{h_0 + \Delta h} \sigma(r, \theta, h, t) \, dh d\theta r dr = \text{dentro do volume} \quad (A.3)$$
$$\Delta r \Delta h \Delta \theta \, (2r_0 - \Delta r)$$

Por fim, dado um ponto (r_0, θ_0, h_0) , o fluxo de partículas, $\vec{J}(r, \theta, h, t)$ é definido pelo número de partículas que atravessa uma área unitária A, com alguma orientação particular, suspensa por (r_0, θ_0, h_0) em uma unidade de tempo. Conforme a orientação de A, a área de teste, a taxa de partículas que atravessam-na varia. A maior taxa é atingida quando a direção predominante de fluxo é ortogonal a área atravessada. Diante do exposto, o fluxo é definido como um vetor na direção \vec{n} , normal unitária ao elemento de área, e sua magnitude é dada por

número de partículas cruzando

$$\vec{J}(r,\theta,h,t) =$$
uma área unitária em (r,θ,h,t) por
unidade de tempo, no tempo t
(A.4)

O objetivo é determinar a variação temporal da concentração num elemento de volume, Figura A.1. A equação de balanceamento considera a



Figura A.1: Exemplo de volume

criação/destruição local de partículas e a antrada e saída de partículas através das seis faces do volume.

Portanto, para Δt suficientemente pequeno, de acordo com as definições apresentadas, as funções fluxo e σ podem ser tomadas constantes em relação ao tempo e p mantendo em mente que todas as faces do volumes são menores que a unidade

$$\begin{split} &\int_{r_0}^{r_0+\Delta r} \int_{\theta_0}^{\theta_0+\Delta \theta} \int_{h_0}^{h_0+\Delta h} c\left(r,\theta,h,t+\Delta t\right) - c\left(r,\theta,h,t+\right) dh d\theta r dr = \\ &\left\{ \left[J_r\left(r_0,\theta_0,h_0,t\right)r_0 - J_r\left(r_0+\Delta r_0,\theta_0,h_0,t\right)\left(r_0+\Delta r\right)\right] \Delta \theta \Delta h \right\} \Delta t \\ &+ \left\{ \left[J_\theta\left(r_0,\theta_0,h_0,t\right) - J_\theta\left(r_0,\theta_0+\Delta \theta,h_0,t\right)\right] \Delta r \Delta h \right\} \Delta t \\ &+ \left\{ \left[J_h\left(r_0,\theta_0,h_0,t\right) - J_h\left(r_0,\theta_0,h_0+\Delta h,t\right)\right] \frac{\Delta \theta}{2} \Delta r\left(2r_0+\Delta r\right) \right\} \Delta t \\ &\pm \left\{ \int_{r_0}^{r_0+\Delta r} \int_{\theta_0}^{\theta_0+\Delta \theta} \int_{h_0}^{h_0+\Delta h} \sigma\left(r,\theta,h,t\right) dh d\theta r dr \right\} \Delta t \end{split}$$

Dividindo por Δt e fazendo $\Delta t \rightarrow 0$

$$\frac{\partial}{\partial t}\int_{r_0}^{r_0+\Delta r}\int_{\theta_0}^{\theta_0+\Delta\theta}\int_{h_0}^{h_0+\Delta h}c\left(r,\theta,h,t\right)dhd\theta rdr=$$

$$\begin{aligned} \left[J_r\left(r_0,\theta_0,h_0,t\right)r_0 - J_r\left(r_0 + \Delta r_0,\theta_0,h_0,t\right)\left(r_0 + \Delta r\right)\right]\Delta\theta\Delta h \\ + \left[J_\theta\left(r_0,\theta_0,h_0,t\right) - J_\theta\left(r_0,\theta_0 + \Delta\theta,h_0,t\right)\right]\Delta r\Delta h \\ + \left[J_h\left(r_0,\theta_0,h_0,t\right) - J_h\left(r_0,\theta_0,h_0 + \Delta h,t\right)\right]\frac{\Delta\theta}{2}\Delta r\left(2r_0 + \Delta r\right) \\ \pm \int_{r_0}^{r_0 + \Delta r} \int_{\theta_0}^{\theta_0 + \Delta\theta} \int_{h_0}^{h_0 + \Delta h} \sigma\left(r,\theta,h,t\right) dh d\theta r dr \end{aligned}$$

Pelo Teorema do Valor Médio Integral, existe $r_1, r_2 \in [r_0, r_0 + \Delta r], \theta_1, \theta_2 \in [\theta_0, \theta_0 + \Delta \theta]$ e $h_1, h_2 \in [h_0, h_0 + \Delta h]$ tais que

$$\begin{aligned} &\frac{\partial}{\partial t}c\left(r_{1},\theta_{1},h_{1},t\right)r_{1}\Delta h\Delta\theta\Delta r = \\ &\left[J_{r}\left(r_{0},\theta_{0},h_{0},t\right)r_{0}-J_{r}\left(r_{0}+\Delta r_{0},\theta_{0},h_{0},t\right)\left(r_{0}+\Delta r\right)\right]\Delta\theta\Delta h \\ &+\left[J_{\theta}\left(r_{0},\theta_{0},h_{0},t\right)-J_{\theta}\left(r_{0},\theta_{0}+\Delta\theta,h_{0},t\right)\right]\Delta r\Delta h \\ &+\left[J_{h}\left(r_{0},\theta_{0},h_{0},t\right)-J_{h}\left(r_{0},\theta_{0},h_{0}+\Delta h,t\right)\right]\frac{\Delta\theta}{2}\Delta r\left(2r_{0}+\Delta r\right) \\ &\pm\sigma\left(r_{2},\theta_{2},h_{2},t\right)r_{2}\Delta h\Delta\theta\Delta r\end{aligned}$$

Dividindo por $\Delta r \Delta \theta \Delta h$:

$$\begin{aligned} \frac{\partial}{\partial t} c \left(r_{1}, \theta_{1}, h_{1}, t\right) r_{1} &= \\ \frac{\left[J_{r} \left(r_{0}, \theta_{0}, h_{0}, t\right) r_{0} - J_{r} \left(r_{0} + \Delta r_{0}, \theta_{0}, h_{0}, t\right) \left(r_{0} + \Delta r\right)\right]}{\Delta r} \\ &+ \frac{\left[J_{\theta} \left(r_{0}, \theta_{0}, h_{0}, t\right) - J_{\theta} \left(r_{0}, \theta_{0} + \Delta \theta, h_{0}, t\right)\right]}{\Delta \theta} \\ &+ \frac{\left[J_{h} \left(r_{0}, \theta_{0}, h_{0}, t\right) - J_{h} \left(r_{0}, \theta_{0}, h_{0} + \Delta h, t\right)\right] \left(r_{0} + \frac{\Delta r}{2}\right)}{\Delta h} \pm \sigma \left(r_{2}, \theta_{2}, h_{2}, t\right) r_{2} \end{aligned}$$

Tomando o limite, quando $\Delta r \to 0$, $\Delta \theta \to 0 \in \Delta h \to 0$, $r1, r2, r0 + \frac{\Delta r}{2} \to r_0$, $\theta 1, \theta 2 \to \theta_0 \in h1, h2 \to h_0$ e omitindo o subíndice zero, a fim de simplificar a notação.

$$\frac{\partial}{\partial t} c\left(r,\theta,h,t\right) r = -\frac{\partial \left[J_r\left(r,\theta,h,t\right) r\right]}{\partial r} - \frac{\partial J_\theta\left(r,\theta,h,t\right)}{\partial \theta} - r\frac{\partial J_h\left(r,\theta,h,t\right)}{\partial h} \\ \pm \sigma\left(r,\theta,h,t\right) r$$

Ou

$$\frac{\partial}{\partial t}c = -\frac{1}{r}\frac{(\partial J_r r)}{\partial r} - \frac{1}{r}\frac{\partial J_\theta}{\partial \theta} - \frac{\partial J_h}{\partial h} \pm \sigma$$

$$\frac{\partial}{\partial t}c(r,\theta,h,t) = -\nabla_{r,\theta,h}J(r,\theta,h,t) \pm \sigma(r,\theta,h,t)$$
(A.5)

A Equação A.5 é a equação de conservação em coordenadas polares. A obtenção da equação de reação - difusão por este caminho é finalizada a partir da contribução da Lei de Fick.

A. Fick era fisiologista e a lei creditada a ele, portanto, foi baseada em suas experiências com mecanismos celulares. Nestes casos, a concentração em questão é baixa, assim, para $dr, d\theta, dh$ suficientemente pequenos pode-se desconsiderar a interação entre partículas e, o movimento é contra o gradiente de concentração, mas proporcional a ele, ou seja $\vec{J} = -D(r, \theta, h) \, \vec{\nabla}c$.

O coeficiente de difusão, D, representa o grau de liberdade do movimento das partículas e depende fortemente do tamanho das partículas, do tipo de solvente, da temperatura e será tratado com maior profundidade na seção 5.1.

Em situações de altas concentrações, quando a interação entre partículas torna-se relevante, a Lei de Fick deixa de ser adequada e existem outras versões mais aplicáveis de difusão.

Combinando o fluxo de Fick com a equação de conservação obtemos a equação de Reação Difusão

$$\frac{\partial c}{\partial t} = \nabla \cdot \left(D \vec{\nabla} c \right) \pm \delta \tag{A.6}$$

A equação de difusão pertence à família de equações diferenciais parciais parabólicas cujas soluções já foram bastantes estudadas e podem ser estendidas para casos mais complexos. Mas tais extensões devem ser criteriosas, pois estender ao comportamento animal equações que inicialmente tratavam se substâncias químicas pode ser um salto grande demais. Para tratar de casos menos restritos do que os contemplados pela Lei de Fick surgem em auxílio considerações probabilísticas, tema da próxima subseção.

A.2 Movimento Browniano e Difusão

No movimento browniano, pequenas partículas movem-se irregularmente em um líquido ou gás. Dentre os exemplos que podemos observar diariamente estão a dança das partículas de poeira, visível em um feixe de luz.

Trabalhando-se em uma dimensão, parte-se da hipótese de que é igualmente provável que cada partícula do conjunto estudado mova-se em qualquer sentidoe, que a cada intervalo de tempo Δt , o tamanho do passo é λ . Aplicando conceitos relativamente simples e bastante disseminados de teoria combinatória, distribuição de Bernoulli e sua convergência para a distribuição normal, conclui-se que a probabilidade de uma partícula encontrar-se na posição $x = m\lambda$ no instante $t = n\tau$ é dada por $\lim_{n\to\infty} p(m,n) = \sqrt{\frac{2}{\pi n}} e^{\frac{-m^2}{2n}}$ ou, com $D = \lim_{\tau,\lambda\to 0} \frac{\lambda^2}{2\tau}$, $p(x,t) = \frac{1}{2\sqrt{(\pi Dt)}} e^{\frac{-x^2}{4Dt}}$. Que é similar à solução da equação proveniente da combinação da equação de conservação com a Lei de Fick em uma dimensão cartesiana.

Ambos os pontos de vista apresentados podem ser aplicados para estudar fenômenos difusivos. Tendo o segundo hipóteses mais fracas sua gama de aplicabilidade é maior, bem como as crescentes dificuldades matemáticas que apresenta para problemas mais complexos.

Apêndice B

Fundamentação Matemática

Um espaço de Banach é um espaço vetorial normado e completo. Seja um aberto $\Omega \subset \mathbb{R}^n$ com fronteira $\partial \Omega$.

O espaço $L^2(\Omega)$ munido da norma $\|\phi\|_{L^2(\Omega)} = \sqrt{\int |\phi(x)|^2 dx}$, com a integral no sentido de Lebesgue, é um espaço de Banach.

Um espaço de Hilbert H é um espaço vetorial munido de produto interno \langle , \rangle_H tal que, se $||x||_H = \sqrt{\langle x, x \rangle_H}$, $(H, ||.||_H)$ é completo.

Segundo o Teorema da representação de Riesz, se H é um espaço de Hilbert e L é linear e contínua sobre H, então existe um único elemento $u_L \in H$ tal que $L(v) = \langle v, u_L \rangle, \forall v \in H$ e $||L||_{H'} = ||u_L||_H$, onde H' é o dual de H. Além disso, o Teorema afirma que todo $u \in H$ define uma forma linear contínua L_u tal que $L_u(v) = \langle v, u \rangle, \forall v \in H$ e $||L||_{H'} = ||u||_H$.

Define-se como sendo o domínio $D(\Omega)$, o espaço $C_0^{\infty}(\Omega)$, das funções $\phi: \Omega \to R$, infinitamente diferenciáveis de suporte compacto contido em Ω . Devido a sua continuidade, ϕ é nula n'alguma vizinhança de $\partial\Omega$.

Demonstra-se que $D(\Omega)$ é denso em $L^2(\Omega)$.

Seja $D^p = \frac{\partial^{|p|}}{\partial x_1^{p_1} \dots \partial x_n^{p_n}} \operatorname{com} |p_1| + \dots + |p_n| = p.$ $D^p \phi$ é chamada derivada de f no sentido de distribuições, se f pertence a $L^2(\Omega)$ e

$$\int_{\Omega} D^p f \phi dx = (-1)^p \int_{\Omega} f D^p \phi dx, \forall \phi \in D(\Omega).$$

Do exposto até aqui, se $T = D^2 + D + 1$ e $y(x) \in L^2(\Omega)$ com Ty = f tem-se que, para $\phi \in D(\Omega)$,

$$\int_{\Omega} Ty(x)\phi(x)dx = \int_{\Omega} D^2 y(x)\phi(x) + Dy(x)\phi(x) + y(x)\phi(x)dx.$$

Integrando por partes o primeiro termo, como $\phi(\partial \Omega) = 0$:

$$\int_{\Omega} D^2 y(x)\phi(x)dx = |Dy(x)\phi(x)|_{\partial\Omega} - \int_{\Omega} Dy(x)D\phi dx = -\int_{\Omega} Dy(x)D\phi(x)dx.$$

Portanto,

$$\int_{\Omega} Ty(x)\phi(x)dx = \int_{\Omega} f(x)\phi(x)dx =$$
$$= \int_{\Omega} -Dy(x)D\phi(x) + Dy(x)\phi(x) + y(x)\phi(x)dx$$

O espaço de Sobolev $H^m(\Omega), m \ge 0, m$ inteiro, é definido por

$$u \in H^m \leftrightarrow D^p u \in L^2(\Omega) \forall p, |p| \le m.$$

Assim, $H^0(\Omega) = L^2(\Omega)$. Além disso $H^m(\Omega)$ é um espaço de Hilbert quando munido do produto interno

$$< u, v >_{H^m(\Omega)} = \sum_{0 \le |p| \le m} < D^p u, D^p v >_{L^2(\Omega)}$$

De acordo com o Teorema de Lax-Milgram, se $a(.,.) : H \times H \to R$ é bilinear, contínua, tal que $\exists r \in R$ para o qual $a(u, u) \geq r ||u||^2$ e se $g : H \to R$ é linear e contínua; então existe um único $u \in H$ para o qual

 $a(u,v) = g(v), \forall v \in H.$

Aplicando o Teorema de Lax-Milgram a

$$\int_{\Omega} f(x)\phi(x)dx = \int_{\Omega} -Dy(x)D\phi(x) + Dy(x)\phi(x) + y(x)\phi(x)dx,$$

conclui-se que há uma única y(x) que solucione tal problema e, portanto, Ty = f, para qualquer $\phi \in D(\Omega)$.

Apêndice C

Estimativa de α - Programas

C.1 Arquivos de Entrada

C.1.1 Bangladesh

23.44000 90.37000 782 6255 90 90 6165 0 25.08000 89.23000 783 149 3 3 146 0 25.48000 89.00000 783 500 32 32 468 0 25.07000 89.35000 788 200 148 148 52 0 23.55000 90.36000 789 1635 70 70 1565 0 23.78330 90.33330 796 2500 154 154 2346 0 21.58330 92.11670 824 2000 180 180 180 1820 0 22.28330 91.96670 867 969 50 50 919 0 22.34286 91.79470 936 4000 53 53 3947 0

C.1.2 Benim

Titulo							
6.4612	2.6417	0 3	37 3	33	33	0	4
6.5075	2.5923	24	129	55	55	0	74
6.3648	2.4014	26	308	238	67	0	241
6.4952	2.6182	34	123	16	16	0	107
6.5415	2.5398	38	87	9	9	0	78

C.1.3 China

C.1.4 Índia

Lat Long 0 sus inf mortos destr slaug 21.21531 72.82258 0 0 0 0 91886 0 21.16265 73.79065 0 0 0 0 323585 0 20.98393 75.68579 46 0 0 0 93637 0 21.32528 76.23167 60 0 0 0 11163 0 20.67637 75.22644 60 0 0 0 240200 0 20.68390 75.42118 68 0 0 0 251393 0 20.93158 76.76450 81 0 0 0 31970 0 24.81600 93.93300 526 144 134 133 11 0 24.31900 68.37700 707 819078 35525 35525 66566 0

26.07000 89.28000 1098 10108 50 50 10058 0 26.53000 88.16000 1113 1677 97 97 1580 0 25.12000 88.46000 1114 39617 35 35 39582 0 26.53000 88.10000 1136 20341 4 20337 0 25.27000 88.10000 1145 363 363 363 0 0 25.40000 88.13000 1209 0 20 20 0 0

C.1.5 Nigéria

C.1.6 Romênia

C.1.7Turquia

lat long s i m dest slaug
C.1.8 Vietnam

C.2 Programas

entradas que o

C.2.1 Programa de chamada

%necessário, cores randomicas serão usadas cor1=[.8;1;1;0;1;0;0;0;0.8;0.8;0;0.8;0;0;0;0,4;0.4;0;1;]; cor2=[0.8;1;0;1;0;1;0;0;0.8;0;0.8;0;0.8;0;0;4;0;0.4;0.5]; cor3=[0.8;0;1;1;0;0;1;0;0;0.8;0.8;0;0;0.8;0;0;0.4;0.4;0.5]; %Criando strings com o nomes do arquivo de saída nomearqsaida=strcat(pais,'_saida_final2'); %Abre o arquivo onde serão gravadas as saídas arqout = fopen(strcat(nomearqsaida,'.txt'), 'wt'); %Chama a rotina que transforma arquivo com dados (colunas) desnecessários %em arguivo menor e tranforma latitudes e longitude de graus para radianos CriaArqRad(pais,tam); %CriaFocosEmRad cria arquivo a partir de pais_em_rad.txt com nf tabelas de %saída, onde nf é o número de possíveis focos com pelo menos um surto %proveniente de si, as nf tabelas incluem cabeçário, indice do foco %relativamente a tabela original, número de surtos que poderiam ser %provenientes daí e as linhas com o índice original de cada surto, a %distancia de cada suruto ao suposto foco, o número de dias decorrentes do foco ao surto e o número de infectados em cada surto. CriaFocosEmRad(pais): %mapa cria um mapa com o surtos de país, de acordo com pais_em_rad, plota todos os surtos que ocorreram em uma mesma data por vez mapa(pais) %Primeira rotina para estimar D: %A rotina AllPtscRO tem como parametros de entrada o nome do país, %usado para abrir o arquivo pais_focos_em_rad.txt e tam %O programa retorna um arquivo pais_TodosPts_cRO.txt com nf valores %para D e os dados que geraram estes valores. % nf=TodosPtscR0(pais,tam); %cria string com o nome do arquivo de saída de AllPtscRO n=strcat(pais,'_TodosPts_cR0'); %coloca o nome do arquivo criado em arquit fprintf(argout,'%s\n',n); %bem como quantas tabelas há nele fprintf(argout,'%i\n',nf); %itera o número de programas que aparecem na saída final de compil k=k+1%Chamada da segunda rotina para estimar o coeficiente de difusão %São parametros de entrada: o pais, e portanto o arquivo em questão, o %número de dados neste arquivo, o inteiro maior que tam/10 que ajudará %a regular as subdivisões do histograma usado para ajustar c0 . %Esta rotina cria o arquivo de saída pais_hist_TodosPts_cRn0.txt e %retorna nf o número de estimativas de alpha, obtidas ajustando c0 e %então ajustando o coeficiente de difusão a uma equação diferente %da do programa anterior, que era simplificada pois tomava cR=0 nf=hist_TodosPtscRn0(pais,tam,ceil(tam/10)); %cria string com o nome do arquivo de saída histograma_AllPtscRnO n=strcat(pais,'_hist_TodosPts_cRn0'); %coloca o nome do arquivo criado em arqout fprintf(arqout,'%s\n',n); %bem como quantas tabelas há nele fprintf(arqout,'%i\n',nf); %itera o número de programas k=k+1; %Rotina responsável pela determinação de cluters temporais %Possui apenas dois parametros de entrada o pais cujos arquivo %pais_em_rad usará e a variável booleana que indica qual sua %finalidade: guando 0 determinar cluisters temporais, guando 1

% criar e formatar arquivo de saída.

%Além de um arquivo com os dados subdivididos, ou apenas %formatados, pais_clustemp.txt, retorna o número de %subconjuntos em que sua execução resultou NroClust=clustemp(pais, 0); %Para plotar cada subconjunto resultante de clustemp(pais, 0) %é chamada a rotina mapacluster(pais.strcat(pais.' clustemp').tam. NroClust) %A rotina a seguir executa o equivalente às rotinas %CriaFocoemRad e TodosPtscRO para cada subconjunto obtido por %clustemp(pais, 0) devolve o vetor nfv com o número de possíveis % focos obtidos de cada subconjunto e cria um arquivo toda vez %tal número for maior que 1 os nomes dos arquivos criados %respeitam a regra i_de_NroClust_clustemp_pais_TodosPtscR0.txt nfv=TPcROCT(pais,tam,NroClust); %0 for a seguir é responsável por armazenar no arquivo de saída quais os %arquivos criatdo por TPcROCT bem como quantas tabelas cada um deles %possui. for i=1:NroClust %
se para o i-ésimo subconjunto de dados há possíveis focos
nfv(i)~=0 e if nfv(i)~=0 %cria-se um string com o nome do novo arquivo n1=strcat(num2str(i),'_de_',num2str(NroClust),'_clustemp_',pais, '_TodosPts_cR0'); %coloca-se o nome do novo arquivo no arquivo de saída fprintf(arqout,'%s\n',n1); %E o número de tabelas deste arquivo fprintf(arqout,'%i\n',nfv(i)); %Para cada sucesso o contador do número de arquivos de saída é %iterado k=k+1; end end "Agora para cada subconjunto de dados criado de acordo com 'afinidade' %temporal determina-se, a partir do visualizado em mapacluster %um número de clusters espaciais. Tais números são armazenados no vetor %NroClusv na posição i correspondente ao i-ésimo cluster temporal. %pais, NroClust e Nro Clusv são os parametros de entrada da função a %seguir, que separa os clusters espaciais de cada cluster temporal %e os coloca em novos arquivos. Em cada arquivo %NroClus(1,1)_ClusEsp_do_1_clustemp_de_pais.txt %são armazendado os clusters espaciais do i-ésimo cluster temporal EspTempclus(pais, NroClust, NroClusv); %De posse dos clusters tempo-espaciais deseja-se estimar o %coeficiente de difusão de cada subconjunto. %Para isto: for l=1:NroClust %Só é interessante refazer o cálculo para um cluster temporal se ele %possuir mais de um subconjunto espacialmente próximo if NroClusv(1)>1 %Para cada arquivo nomearqin=strcat(num2str(NroClusv(1,1)),'_ClusEsp_do_', num2str(1),'_clustemp_de_',pais) clear nf %Calcula-se D, TPcROCE cria um novo arquivo para cada cluster %espaço-temporal nf=TPcROCE(nomearqin,tam,NroClusv(1,1)) for i=1: NroClusv(1) %Se fitou-se algum D com sucesso para o i-ésimo cluster %espaço-temporal, então nf(i)>0 if nf(i)~=0 n=strcat(num2str(i),'_',nomearqin,'_TodosPts_cR0') %Salva-se o nome do arquivo com os dados no arquivo de saída

```
fprintf(arqout,'%s\n',n);
                                %bem como o número de possíveis valores obtidos
                                fprintf(argout,'%i\n',nf(i));
                                %o contador do número de arquivos de saída é iterado
                              k=k+1:
                        end
               end
       end
end
%Deseja-se agora determinar o coeficiente de difusão guando para cluster
%espaciais apenas (sem a pré divisão de acordo com a data)
%Para isso a rotina clustemp é chamada apena para formatar os dados e
%NroClust==1
NroClust=clustemp(pais, 1);
\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ens
%AllPtscRO para o único conjunto obtido por clustemp(pais, 1),
%devolve nf com o número de possíveis focos obtidos para o
%subconjunto e cria um arquivo se tal número (nf) for pelo menos 1
%o nomes do arquivo criado respeita a regra
%1_de_1_clustemp_pais_exc_APtscR0.txt
clear nf
nf=TPcROCT(strcat(pais,'_exc'),tam,NroClust);
%Determina NroClusE clusters espaciais
EspTempclus(strcat(pais,'_exc'), NroClust, NroClusE);
%e sua saida recebe o nome
nomearqin=strcat(num2str(NroClusE),'_ClusEsp_do_',num2str(1),
                                                                     '_clustemp_de_',pais,'_exc');
%Para ver-se os conjuntos espacialmente separados resultantes:
mapacluster(pais,nomearqin,tam, NroClusE);
clear nf
%Chama de TPcROCE para estimativa do D de cada cluster espacial
nf=TPcROCE(nomeargin.tam.NroClusE):
%Se fitou-se algum D com sucesso nf~=0
for i=1:NroClusE
       if nf(i)~=0
            n=strcat(num2str(i),'_',nomearqin,'_TodosPts_cR0');
            %Salva-se o nome do arquivo com os dados no arquivo de saída
           fprintf(arqout,'%s\n',n);
           \% bem \ {\rm como} \ {\rm o} \ {\rm número} \ {\rm de} \ {\rm possíveis} \ {\rm valores} \ {\rm obtidos}
           fprintf(arqout,'%i\n',nf(i));
           %o contador do número de arquivos de saída é iterado
           k=k+1;
        end
end
%fecha-se o arquivo de saída
fclose(arqout);
%caso os vetores responsáveis pelas cores sejam pequenos demais, cria-se
%maiores
if k>19
        cor1=rand(k,1);
        cor2=rand(k,1);
        cor3=rand(k.1):
end
%de acordo com o arquivado em 'pais'_saida criam-se os gráficos
%comparativos
GraficoD(nomearqsaida,tam,k,cor1,cor2,cor3)
GraficoDeEr(nomearqsaida,tam,k,cor1,cor2,cor3)
Graficosqer(nomearqsaida,tam,k,cor1,cor2,cor3)
```

C.2.2 Primeira rotina

%Abertura do arquivo de entrada arqin = fopen(strcat(pais,'_focos_em_rad.txt'), 'rt'); %Leitura e armazenamento das entradas nf=fscanf(argin,'%i\n',[1,1]); %inicialização da variável que contará quantas vezes conseguiu-se estimar %alpha com sucesso nesta rotina nnf=0; %Inicialização dos vetores onde os dados de entrada serão armazenados: dis=zeros(nf,tam-1); %distâncias tempomin=zeros(nf,tam-1);%dias desde o foco inicial tamdis=zeros(nf,1); %tamanho dos vetores acima ind=zeros(nf,tam); %indices originais Infe=zeros(nf,tam-1); %número de infectados %for que percorre cada tabela for i=1:nf %leitura do cabeçário title = fgetl(arqin); %leitura fo indice do suposto foco ind(1,i)=fscanf(arqin,'%i\n',[1,1]); %leitura do número de pontos da tabela tamdis(i,1)=fscanf(arqin,'%i\n',[1,1]); %leitura dos dados da tabela [dado, cont]=fscanf(arqin,'%f\t%f\t%f\t%f\n',[4,tamdis(i,1)]); dado=dado'; %armazenamento em novas variáveis ind(2:tamdis(i,1)+1,i)=dado(:,1); dis(1:tamdis(i,1),i)=dado(:,2); tempo(1:tamdis(i,1),i)=dado(:,3); %Infe(1:tamdis(i,1),i)=dado(:,4);%informação não utilizada clear dado end %encerrada a leitura do arquivo de entrada %fecha-se o arquivo fclose(arqin); %abertura do arquivo de saída pais_AllPts_cR0.txt argout = fopen(strcat(pais,'_TodosPts_cR0.txt'), 'wt'); %Tratamento do arquivo de saída %Declaração parâmetros do método de fit opts = fitoptions('Method', 'Nonlinear', 'Lower', 0); %Para cada i tenta-se estimar um alpha for i=1:nf % toma-se rO como a distancia do primeiro surto ao foco r0=dis(1,i); %declara-se a funcão que se dejesa fitar f=strcat('x/(D*6.28)-',num2str(r0),'/(D*6.28)+',num2str(r0),' *log(',num2str(r0),'/x)/(D*6.28)'); Tau = fittype(f,'options',opts); %f1 recebe o valor de alpha calculado e se este foi calculadcom %sucesso ou não pela rotina f1=fit(dis(1:tamdis(i,1),i),tempo(1:tamdis(i,1),i),Tau);%D recebe fit %se hove sucesso f1(1,2)==1 if f1(1,2) %armazena-se D

```
D=f1(1,1);
%calcula-se a soma das diferenças ao quadrado entre o dado e o
%valor que se obtém usando D
sger=0;
clear vet
for j=1:tamdis(i,1)
    %os valores da solução analítica usando D em cada ponto:
    vet(j,1)=(dis(j,i)/(D*2*pi))-(r0/(D*2*pi))
                                  +r0*(log(r0/dis(j,i))/(D*2*pi));
    %a soma do quadrado da diferença entre valor teórico e dados
    sqer=sqer+(tempo(j,i)-vet(j,1))*(tempo(j,i)-vet(j,1));
end
ert=0.1*(max(tempo(1:tamdis(i,1),i))-min(tempo(1:tamdis(i,1),i)));
"Supondo um erro de ert na medida de tempo, dividimos soer por
%ert^2
sqer=sqer/(ert*ert);
%Calcula-se o erro de D: o Delta D que resulta Delta f=1
ERROD=ErrorDcR0(r0, D, sqer, tamdis(i,1), dis(1:tamdis(i,1),i)
                                     ,tempo(1:tamdis(i,1),i),ert);
%se Delta D>D declaramos que a estimativa falhou
if (ERROD<D)
     %itera-se nnf
     nnf=nnf+1;
    %a raiz do erro quadrático médio
    sqer=sqrt(sqer/(tamdis(i,1)-2));
    %acima usa-se nro de pontos menos 2 pois r0 também e tomado
    \% dentre os dados, diminuindo os graus de liberdade
    %Formatação da saída:
    %Primeira linha índice original do foco
    fprintf(arqout,'%i\n',ind(1,i) );
    %Segunda linha: cabeçário
    fprintf(arqout,strcat('distância \t tempo\n'));
    %terceira linha: valor estimado para D
    fprintf(arqout,'%f\n',D);
    %Linha 4:valor obtido para o erro de D
    fprintf(arqout,'%f\n',ERROD);
    %Linha 5 Raiz do erro quadrático médio
    fprintf(arqout,'%f\n',sqer);
    %o número de pontos da tabela usada
    fprintf(argout,'%i\n'.tamdis(i.1)):
    %os dados da tabela usada: indices, distancias e dias
    fprintf(arqout,'%i\t%f\t%f\n', [ind(2:tamdis(i,1)+1,i)
               dis(1:tamdis(i,1),i) tempo(1:tamdis(i,1),i)]');
    %pula linha
    fprintf(arqout,'\n');
    end
```

```
end
fclose(arqout);
```

end

C.2.3 Segunda Rotina

```
%inicializa a varível que contará o número de tabelas na saída
nnf=0;
for i=1:nf
    %leitura do cabeçário
    title = fgetl(arqin);
    %Leitura do índice origina do foco
    i2=fscanf(arqin,'%i\n',[1,1]);
    %Leitura do número de pontos na tabela
    t=fscanf(arqin,'%i\n',[1,1]);
    %Leitura da tabela
    [dado, cont]=fscanf(argin,'%f\t%f\t%f\t%f\t%f\n',[4,t]);
    dado=dado':
    \mbox{\sc k}{toma-se} como rO a menor distancia de entrada da tabela ao foco
    r0=min(dado(:.2));
    %e como R a maior
    R=max(dado(:,2));
    %vê qual a distancia total 'percorrida' por esse conjunto de dados
    disttotal=R-r0:
    %inicializa-se a variável que diz em quantos patamares os valores que
    r0 assume serão divididos nro_int=10*ceil(t/tam) onde t<=tam então
    %nro_int<=10
    nro int=ceil(t/N);
    %para fitar dados é preciso ao menos dois pontos então impõem-se a
    %condição nro_int>1
    if nro int>1
        %inicializa-se a variável com o tamanho de caa intervalo
         tam_int=disttotal/nro_int;
        %o vetor que conterá o histograma com a incidencia para cada r
        hist=zeros(nro_int+1,1);
        %o vetor com r
        r=zeros(nro_int+1,1);
        for j=1:t
             %preenche-se hist de acordo com as incidencias de cada
             %distancia
             hist(floor(abs((dado(j,2)-r0))/tam_int)+1,1)=1+hist
                                      floor(abs((dado(j,2)-r0))/tam_int)+1,1);
         end
         %Preenche-se r com os pontos médios de cada intervalo de distância
        for j=1:nro_int+1
            r(j,1)=(r0+(j/2)*tam_int);
         end
        %Determina-se as opções para o fit
        opts = fitoptions('Method', 'Nonlinear', 'Lower', 0, 'Robust', 'on');
        %<br/>inicializa-se a função a que se ajustará c<br/>0% \left( {{{\left( {{{\left( {{{\left( {{{\left( {{{\left( {{{{\left( {{{{\left( {{{{\left( {{{\left( {{{\left( {{{{\left( {{{{\left( {{{{\left( {{{{\left( {{{{\left( {{{{}}}}}} \right.}}} \right.
        %c(r)=c0-(c0*log(r/r0))/log(R/r0)
        funcao=strcat('c0-(c0*log(x/',num2str(r0),'))/
                                     log(',num2str(R),'/',num2str(r0),')');
        Conc = fittype(funcao,'options',opts);
        %realiza-se o fit
        h=fit(r,hist,Conc);
        %se o método obteve sucesso em ahustar c0, h(1,2)==1 e então
        if(h(1,2))
             %atribui-se c0
             c0=h(1,1):
             %Declaração parâmetros do método de fit agora para alpha
             opts = fitoptions('Method', 'Nonlinear', 'Lower', 0);
             %Declaração parâmetros do método de fit
             %inicializa-se cR como a concentração de infectados na última
             %data da tabela de surtos
             cR=dado(t,4)/(2*pi*dado(t,2));
             %inicializa-se f
             %T(r)=((r-r0)/(D*2*pi))*(1+log(r0)-c0*log(r/r0)/(cR-c0))
```

+(1/(D*2*pi))*(r0*log(r0)-r*log(r)); f=strcat('((x-',num2str(r0),')/(D*2*pi))*(1+log(',num2str(r0),') -',num2str(c0),'*log(x/',num2str(r0),')/(',num2str(cR),'-', num2str(c0),'))+(1/(D*2*pi))*(',num2str(r0),'*log(', num2str(r0),')-x*log(x))'); Tau = fittype(f,'options',opts); %f1 recebe as saídas da rotina fit f1(1,1:2)=fit(dado(1:t,2),dado(1:t,3),Tau);%D recebe fit %se a rotina fit obteve suces
sp na estimativa de alpha f(1,2)=1 $% \left(1,2\right) =1$ if (f1(1,2)) %atribui-se f1(1.1) a D D=f1(1,1): %calcula-se a soma do quadrado da diferença entre dados e %valores obtidos usando D sqer=0; clear vet for j=1:t %os valores da solução analítica usando D em cada ponto: vet(j,1)=((dado(j,2)-r0)/(D*2*pi))*(1+log(r0)c0*(log(dado(j,2)/r0)/(cR-c0))) +(1/(D*2*pi))*(r0*log(r0)-dado(j,2)*log(dado(j,2))); %a soma do quadrado da diferença entre valor teórico e dados sqer=sqer+(dado(j,3)-vet(j,1))*(dado(j,3)-vet(j,1)); end ert=0.1*(max(dado(1:t.3))-min(dado(1:t.3))); %Supondo um erro de ert na medida de tempo, dividimos sqer %por ert^2 sqer=sqer/(ert*ert); %Calcula-se o erro de D %esta formula está adaptada para calcular o Erro de D %quando a função usada para tal estimativa eh a f %apresentada ERROD=ErrorDcRn0(r0,c0,cR, D, sqer, t, dado(1:t,2),dado(1:t,3),ert); % D D obtido só é interessante se seu erro for menos que seu %valor e mais de dois pontos foram usados no fit pois %sqer=sqrt(sqer/(t-2)) já que o valor de r0 é dado if (ERROD<D && t>2) %itera-se o número de tabelas do arquivo de saída nnf=nnf+1; %cálcula-se a raiz do erro guadrático médio sqer=sqrt(sqer/(t-2)); %Formatação da saída %Índice original fprintf(arqout,'%i\n',i2); %cabeçário fprintf(arqout,strcat('distância \t tempo\n')); %D estimado fprintf(arqout,'%f\n',D); %Erro de D fprintf(arqout,'%f\n',ERROD); %raiz do erro quadrático médio fprintf(arqout,'%f\n',sqer); %número de dados usados e presentes na tabela a %seguir fprintf(arqout,'%i\n',t); %tabela com índices, distâncias e datas fprintf(argout,'%f\t%f\t%f\n', [dado(1:t,1) dado(1:t,2) dado(1:t,3)]'); %pula linha fprintf(arqout,'\n'); end

```
end
%limpeza das variáveis
clear dado
clear tam_int
clear t
clear r
clear hist
end
%repete-se o processo para a próxima tabela do arquivo de entrada
end
%fecha-se o arquivo de entrada
fclose(arqin);
%fecha-se o arquivo de saída
fclose(arqout);
```

C.2.4 Terceira Rotina

```
function nf=TPcROCT(pais,tam,NroClust)
%São parâmetros de entrada o pais, e portanto o arquivo pais_clustemp.txt
%em questão, o número de dados original (tam),
%Abre o arquivo de entrada pais_clustemp.txt
arqin = fopen(strcat(pais,'_clustemp.txt'), 'rt');
%cria o vetor que armazenará quantos focos seriam viáveis para cada
%subconjunto de dados (no mesmo sentido que a rotina AllPtscRO faz com
%todos os pontos)
nf=zeros(1.NroClust):
%Lê o cabecário
title = fgetl(arqin);
%for responsável por percorrer cada subconjunto de dados do arquivo de
%entrada
for nc=1:NroClust
    %%%%%Parte similar a CriaFocosRad executada para cada subconjunto%%%%%
    %Lê o índice original
    i2=fscanf(arqin,'%f\n',1);
    %Lê o tamanho do subconjunto
    t=fscanf(arqin,'%f\n',1);
   %le os dados
    [tdado,count]=fscanf(arqin,'%f',[5,t]);
    %Salva dado definitivamente
    dado=transpose(tdado);
    %Cria vetor que armazenará resultados em caso de não convergência do
    %fit de D
   falha=zeros(tam-1.1);
    \mbox{\sc Declara}e inicializa os vetores onde serão armazenados as informações
    dis=sparse(tam,tam);
                           %vetor de distancias
    tempo=sparse(tam,tam); %vetor de tempo
    %for que percorre cada item de cada subconjunto
    for i=1:t-1
       %Inicalize-se n, auxiliar no armazenamento do índice de cada ponto
        %da tabela
       n=1:
       %Primeiramente o índice do suposto foco da vez
        ind(n,i)=i;
       %Para j=i+1:t calcula-se as distancias entre i e j
       for (j=i+1:t)
           n=n+1;%itera-se n
           %cálculo e atribuição das distâncias
           d=6366*sqrt((dado(j,2)-dado(i,2))*(dado(j,2)-dado(i,2))+
                             cos(dado(j,2))*cos(dado(j,2))*(dado(j,3)
                                    -dado(i,3))*(dado(j,3)-dado(i,3)));
           dis(n,i)=d;
```

```
%cálculo dos tempos que a donça levou para percorrer cada
        %distância
       tempo(n,i)=dado(j,4)-dado(i,4);
       %armazenamento dos índices de cada j-ésimo dado
       ind(n,i)=dado(j,1);
     end
%%%%%Prte similar a AllPtscRO realizada para cada suposto foco de cada
if max(tempo(1:tam-i+1,i)) %%os dias não podem ser todos nulos
   %Criação e Abertura do arquivo de saída
   arqout1 = fopen(strcat(num2str(nc),'_de_',num2str(NroClust),
                           '_clustemp_',pais,'_TodosPts_cR0.txt'), 'wt');
   %Declara as opções da rotina fit
   opts = fitoptions('Method', 'Nonlinear', 'Lower', 0);
   \ensuremath{\ensuremath{\mathcal{V}}\xspace} acada ponto do subconjunto de dados, ou equivalentemente suposto
   %foco:
   for i=1:t
       %inicializa-se a variável que conta o tamanho dos vetores que serão
       %usados no ajuste, k
       k=1;
       %Para cada i criam-se novos vetores sem os zeros
       for j=1:tam-i+1
           if (dis(j,i)~=0)
               resx(k.1)=dis(j.i);
               resy(k,1)=tempo(j,i);
               indice(k,1)=ind(j,i);
               k=k+1;
           end
        end
        %Se os vetores possuirem mais de um elemento
       if k>1
           %toma-se o tamanho deles
            [m n] = size(resx);
        else
           %se eles possuem apenas um elemento o fit não é possível
           %isto é indicado atribuido zero a m
           m=0;
        end
       %Se o vetor possui mais de dois elementos (requerido pois a média
       %da soma do quadrado das diferenças entre os dados e os valores
        %ajustados é obtido fazendo divisão por m-2, já que r0 é tomado de
       %dentro dos dados)
       if(m>2)
           %atribui-se a r0 o valor da menor distância ao suposto foco
           r0=resx(1,1);
           %Inicializa-se a funcão f
           f=strcat('x/(D*2*pi)-',num2str(r0),'/(D*2*pi)+',num2str(r0),
                                    '*log(',num2str(r0),'/x)/(D*2*pi)');
           Tau = fittype(f,'options',opts);
           %Chama-se a função fit
           f1=fit(resx(:,1),resy(:,1),Tau);%D recebe fit
           %Se a função obteve sucesso f(1,2)=1 e
           if f1(1.2)
               %atribui-se o valor de D
               D=f1(1,1);
               %calcula-se o quadrado do erro total
               sger=0;
               clear vet
               for j=1:m
                   %cálculo dos valores da solução analítica usando D em
                   %cada ponto
```

```
vet(j,1)=(resx(j,1)/(D*2*pi))-(r0/(D*2*pi))
                                                +r0*(log(r0/resx(j,1))/(D*2*pi));
                        %cálculo da soma do quadrado da diferença entre valor
                       %teórico e dados
                       sqer=sqer+abs(resy(j,1)-vet(j,1))*abs(resy(j,1)-vet(j,1));
                    end
                   %caso o erro de medida do tempo não tenha sido fornecido
                    ert(nc)=0.1*(max(tempo(:,i))-min(tempo(:,i)));
                    %Dividindo a soma dos quadrados das diferenças pelo
                    %quadrado do erro de medida
                    saer=saer/(ert(nc)*ert(nc));
                    %Calcula-se o erro de D
                    ERROD=ErrorDcR0(r0, D, sqer, m, resx(1:m,1),resy(1:m,1),ert(nc));
                   %Se o erro obtido para D não for igual ou maior que o
                    %própio D: sucesso
                    if (ERROD<D)
                       %O número de focos possíveis dentro do nc-ésimo subconjunto
                       %de pontos temporalmente próximos é acrescido de uma
                       %unidade
                       nf(nc)=nf(nc)+1;
                       %Calcula-se a Raiz do erro quadrático médio
                       sqer=sqrt(sqer/(m-2));
                       %Imprime-se os dados no arquivo de saída:
                       %O suposto foco oringinal
                       fprintf(argout1,'%i\n',dado(i,1));
                       %O cabecário
                        fprintf(arqout1,strcat('distância \t tempo\n'));
                       %O D ajustado
                       fprintf(arqout1,'%f\n',D);
                       %O erro obtido para D
                       fprintf(arqout1,'%f\n',ERROD);
                       %a raiz do erro quadrático médio
                       fprintf(arqout1,'%f\n',sqer);
                       %O número de pontos usados
                        fprintf(arqout1,'%i\n',m);
                       %Os dados
                        fprintf(arqout1,'%i\t%f\t%f\n',
                                       [indice(:,1) resx(:,1) resy(:,1)]');
                       %pula linha
                       fprintf(arqout1,'\n');
                    end
                end
            end
            %Limpa-se os vetores que serão usados na próxima iteração
            clear resx;
           clear resv:
           clear indice;
        end
       %Fecha-se o arquivo referente ao nc-ésimo subconjunto
       fclose(arqout1);
    end
%Fecha o arquivo de entrada pais_clustemp.txt
fclose(argin);
```

C.2.5 Quarta Rotina

```
function nf=TPcROCE(nomearqin,tamo,NroClusE)
%abertura do arquivo de entrada
arqin = fopen(strcat(nomearqin,'.txt'), 'rt');
```

%Leitura do cabeçário title = fgetl(arqin) %Inicializa-se as variáveis que vão receber os dados e serão usadas nos %cálculos %for que percorre cada conjunto de dados do aquirvo de entrada for k=1:NroClusE %Abertura do arquivo de saída arqfinal = fopen(strcat(num2str(k),'_',nomearqin,'_TodosPts_cR0.txt'), 'wt'); %Inicializa-se o contador de possíveis focos nf(k,1)=0; %Leitura do índice do foco inicial i2=fscanf(arqin,'%i\n',1); %Leitura do número de dados do subconjunto tam=fscanf(arqin,'%i\n',1); %Leitura dos dados [dado,count]=fscanf(arqin,'%f',[5,tam]); dado=dado'; dis=zeros(tam-1.tam); tempo=zeros(tam-1,tam); tamdis=zeros(tam-1,1); ind=zeros(tam-1,1); Infe=zeros(tam-1,1); %inicalização de variáveis que auxiliarão nos cálculos de distâncias for i=1:tam i=i+1; m=1; while(j<=tam) %cálculo da distância d d=6366*sqrt((dado(j,2)-dado(i,2))*(dado(j,2)-dado(i,2)) +cos(dado(j,2))*cos(dado(j,2))*(dado(j,3) -dado(i,3))*(dado(j,3)-dado(i,3))); %Se d não nula if (d~=0) %armazena-se os dados dis(m,i)=d; tempo(m,i)=dado(j,4)-dado(i,4);ind(m,1)=dado(j,1); Infe(m,1)=dado(j,5); %Itera-se m que reportará o tamanho de dados deste subconjunto m=m+1; end %itera-se j para calcular a próxima distância j=j+1;% end %Atribui-se o tamanho deste subconjunto tamdis(i,1)=m-1; %Se ele tiver mais de dois elementos tentar-se-á ajustar um D a partir %dele if tamdis(i,1)>2 %Declaração das opções de fit e da função que será usada para fitar os %dados. opts = fitoptions('Method', 'Nonlinear', 'Lower', 0, 'Robust', 'on'); %r0 é a distancia do primeiro surto ao foco r0=dis(1.i): %declara-se a função func=strcat('x/(D*2*pi)-',num2str(r0),'/(D*2*pi)+' ,num2str(r0),'*log(',num2str(r0),'/x)/(D*2*pi)'); Tau = fittype(func, 'options', opts); %fita-se j-i-ésimo conjunto de entradas f1=fit(dis(1:tamdis(i,1),i),tempo(1:tamdis(i,1),i),Tau); %Se o fit obteve sucesso f1(1,2)==1 if (f1(1,2) && max(tempo(1:tamdis(i,1),i))>0)

```
%atribui-se D
              D=f1(1,1);
             %Cálcula-se o soma do quadrado da diferença usando o D estimado
              sger=0;
              clear vet
              for l=1:tamdis(i,1)
                 %os valores da solução analítica usando D em cada ponto:
                 vet(1,1)=(dis(1,i)/(D*2*pi))-(r0/(D*2*pi))+r0*(log(r0/dis(1,i))/(D*2*pi));
                 %a soma do quadrado da diferença entre valor teórico e dados
                 sqer=sqer+abs(tempo(1,i)-vet(1,1))*abs(tempo(1,i)-vet(1,1));
              end
              ert=0.1*(max(tempo(1:tamdis(i,1),i))-min(tempo(1:tamdis(i,1),i)));
              %divide-se a soma do quadrado de difrernça pelo erro da
              %medida ao guadrado
              sqer=sqer/(ert*ert);
              %chama-se a rotina para a determinação do erro(D)
              ERROD=ErrorDcR0(r0, D, sqer,tamdis(i,1),
                                       dis(1:tamdis(i,1),i),tempo(1:tamdis(i,1),i),ert);
              %Só considera-se resultados com erro(d)<d
              if (ERROD<D)
                %contabiliza-se mais um sucesso
                nf(k,1)=nf(k,1)+1;
                %calcula-se a raiz quadrática do erro
                 sqer=sqrt(sqer/(tamdis(i,1)));
                %Imprime-se o índice original do suposto foco
                fprintf(arqfinal, '%i\n', ind(1,1));
                 %o cabeçário
                fprintf(arqfinal, 'dist \t tempo \n ');
                %fit final de D
                 fprintf(arqfinal, '%f\n', f1(1,1));
                 %Erro para o fit final de D
                 fprintf(arqfinal, '%f\n', ERROD);
                 %Raiz da soma dos guadrados do erro usando o D
                 fprintf(arqfinal, '%f\n', sqer);
                 %número de pontos
                fprintf(arqfinal, '%i\n', tamdis(i,1));
                 %dados
                 fprintf(arqfinal, '%f\t%f\n',[ind(1:tamdis(i,1),1)
                                    dis(1:tamdis(i,1),i) tempo(1:tamdis(i,1),i)]');
                %pula linha
                fprintf(arqfinal,'\n ');
              end
          end
        end
%fecha-se o arquivo de saída
fclose(arqfinal);
%Fecha arquivo de entrada
fclose(argin);
```

C.2.6 Programa para calcular o Erro(α), $c_R = 0$

function ERROD=ErrorDcRO(r0, D, sqer,npt, dis,tempo,ert) %Processo iterativo para obter o valor d2 tal que Erro(D)-Erro(d2)=1 %r0: parâmetro de fit da equação dado na rotina anterior %D: coeficiente de difusão estimado %sqer: soma dos quadrados das diferenças entre dados e valores obtidos %usando o D ajustado na equação, dividido pelo erro de medida ao quadrado %npt: número de pontos usados na estimativa de D

end

```
%dis: vetor de distancias usado no fit de D, equivalente a vetor x
%tempo: vetor de dias usado no fit de D, equivalente ao vetor y
%ert: erro em cada medida de tempo
%Inicalização do parametro que receberá o delta de D
ERROD=0:
%Incialização de uma das variáveis que controla o incremento de D para
%atingir d2 tal que Erro(D)-Erro(d2)=1
c=10:
%Inicalização da varíavel sqer2 que deseja-se 1 unidade maior que sqer;
%ela é incializada duas unidades maior e a diferença abs(sqer-sqer2) será
%parâmetro de parada
sqer2=sqer+2;
%Inicalização da variável que junto com c regulam do valor de d2 tal que
%Erro(D)-Erro(d2)=1
x=1;
%Inicialização de d2
d2=0;
%while que pára se d2 tiver crescido demais (->DeltaD>D) ou se
%abs(Erro(D)-Erro(d2)) já está no intervalo desejado [0.99,1.01]
while (abs(abs(sqer2-sqer)-1)>0.01 && d2<2*D)
    %cada vez que o for termina e o while prossegue c aumenta de modo que
    %1/c diminua e d2=(x+i/c)D, receba um porcentagem mais específica de D
    %c=10*10
    %c=10*100
   %...
    c=c*10:
    for i=1:100
       %reincia sqer2 para recalculá-lo de acordo com o novo d2
        sger2=0:
       %i/c=1/100,...,100/100
       %i/c=1/(10*100),...,10/100
        %...
       %d2 é inicializado maior que D. como:
       %1.01*D
        %1.02*D
       %...
       %2*D->1.99D
        %1.991...D
       %1.992...D
        d2 = (x+i/c) *D
        clear vet;
       for j=1:npt
           %A diferença deste programa para o programa ErrorDcRn0 reside
            %na função com relação à qual o erro é calculado.
            % calcula os valores da solução analítica usando d2 em cada ponto:
            vet(j,1)=(dis(j,1)/(d2*2*pi))-(r0/(d2*2*pi))+r0*(log(r0/dis(j,1))/(d2*2*pi));
           %a soma do quadrado da diferenca entre valor teórico e dados
            sqer2=sqer2+(tempo(j,1)-vet(j,1))*(tempo(j,1)-vet(j,1));
        end
       %dividindo sqer pelo quadrado do erro da medida de tempo
        sqer2=sqer2/(ert*ert);
        %aumenta-se o valor de d2 a cada iteração até que o
        %delta erro seja inferior a 1
        %lembrando que se, ao final do for, d2>2*D o while pára de iterar
        %pois o valor que se obteria para d2 não é interessante, o erro de
        %D não deve ser maior que ou igual ao próprio D
        if(abs(sqer2-sqer)>1 || i==100)
           %atualiza-se o valor de ERROD
           ERROD=abs(d2-D);
            %aumenta-se o valor de x em
           %(x+i-1)/c ou (x+i-1)
           %(x+i-1)/c ou (x+i-1)*10
```

```
%...
    %x é ajustado de modo a voltar d2 para o valor anterior e ser
    %iterado diferentemente por exemplo se
    %d2=1.03*D
    %e abs(sqer2-sqer)>1
    %x=1.02
    %e 1/c que antes era 0.01 agora será 0.001 para refinar o valor
    %de d2=1.021*D
    x=(d2/D)-(1/c);
    %D deveria proporcionar o sqer mínimo, se sqer2<sqer, ERROD:=D
    %pois quando o while parar de iterar o proframa devolverá um
    %valor inaceitável para a rotina que o chamou; acusando o erro.
    if (sqer2<sqer)
        ERROD=D;
    end
    %sai do for e volta para o while:
    break
end
```

end end

```
C.2.7 Programa para calcular o \text{Erro}(\alpha), c_R \neq 0
```

```
function ERROD=ErrorDcRn0(r0,c0,cR, D, sqer, npt, dis,tempo,ert)
%Processo iterativo para obter o valor d2 tal que Erro(D)-Erro(d2)=1
%r0: parâmetro de fit da equação dado na rotina anterior
%D: coeficiente de difusão estimado
%sqer: soma dos quadrados das diferenças entre dados e valores obtidos
%usando o D ajustado na equação, dividido pelo erro de medida ao quadrado
%npt: número de pontos usados na estimativa de D
%dis: vetor de distancias usado no fit de D, equivalente a vetor x
%tempo: vetor de dias usado no fit de D, equivalente ao vetor y
%ert: erro em cada medida de tempo
%Inicalização do parametro que receberá o delta de D
ERROD=0;
%Incialização de uma das variáveis que controla o incremento de D para
%atingir d2 tal que Erro(D)-Erro(d2)=1
c=10;
%Inicalização da varíavel sqer2 que deseja-se 1 unidade maior que sqer;
%ela é incializada duas unidades maior e a diferença abs(sqer-sqer2) será
%parâmetro de parada
saer2=saer+2:
%Inicalização da variável que junto com c regulam do valor de d2 tal que
%Erro(D)-Erro(d2)=1
x=1;
%Inicialização de d2
d2=0:
%while que pára se d2 tiver crescido demais (->DeltaD>D) ou se
%abs(Erro(D)-Erro(d2)) já está no intervalo desejado [0.99,1.01]
while (abs(abs(sqer2-sqer)-1)>0.01 && d2<2*D)
   %cada vez que o for termina e o while prossegue c aumenta de modo que
   %1/c diminua e d2=(x+i/c)D, receba um porcentagem mais específica de D
   %c=10*10
   %c=10*100
   %...
   c=c*10;
   for i=1:100
       %reincia sqer2 para recalculá-lo de acordo com o novo d2
       sqer2=0;
       %i/c=1/100,...,100/100
```

```
%i/c=1/(10*100),...,10/100
    %...
    %d2 é inicializado maior que D, como:
    %1.01*D
    %1.02*D
    %...
    %2*D->1.99D
    %1.991...D
    %1.992...D
    d2=(x+i/c)*D;
    clear vet;
    for j=1:npt
        %A diferença deste programa para o programa ErrorDcRO reside
        %na função com relação à gual o erro é calculado.
        %calcula os valores da solução analítica usando d2 em cada
        %ponto:
        vet(j,1)=((dis(j,1)-r0)/(d2*2*pi))*(1+log(r0)
                           -c0*(log(dis(j,1)/r0)/(cR-c0)))
        +(1/(d2*2*pi))*(r0*log(r0)-dis(j,1)*log(dis(j,1)));
        %a soma do quadrado da diferença entre valor teórico e dados
        sqer2=sqer2+(tempo(j,1)-vet(j,1))*(tempo(j,1)-vet(j,1));
    end
    %dividindo sqer pelo quadrado do erro da medida de tempo
    sqer2=sqer2/(ert*ert);
    %aumenta-se o valor de d2 a cada iteração até que o
    %delta erro seja inferior a 1
    %lembrando que se, ao final do for, d2>2*D o while pára de iterar
    %pois o valor que se obteria para d2 não é interessante, o erro de
    \mbox{\sc D} não deve ser maior que ou igual ao próprio D
    if(abs(sqer2-sqer)>1 || i==100)
        %atualiza-se o valor de ERROD
        ERROD=abs(d2-D);
        %aumenta-se o valor de x em
        %(x+i-1)/c ou (x+i-1)
        %(x+i-1)/c ou (x+i-1)*10
        %...
        %x é ajustado de modo a voltar d2 para o valor anterior e ser
        %iterado diferentemente por exemplo se
        %d2=1.03*D
        %e abs(sqer2-sqer)>1
        %x=1.02
        %e 1/c que antes era 0.01 agora será 0.001 para refinar o valor
        %de d2=1.021*D
        x=(d2/D)-(1/c);
        %D deveria proporcionar o sqer mínimo, se sqer2<sqer, ERROD:=D
        %pois quando o while parar de iterar o proframa devolverá um
        %valor inaceitável para a rotina que o chamou; acusando o erro.
        if (sqer2<sqer)
            ERROD=D;
        end
        %sai do for e volta para o while:
        break
    end
end
```

```
end
```

C.2.8 Formatador e/ou criador de *clusters* temporais

function conj=clustemp (pais, exc) %Se exc=0 %Subdivide os dados em subconjuntos de acordo com a proximidade temporal

```
%dos eventos
%Se exc=1
%Apenas formata um arquivo de saída legível pela rotina que o chamou
%Abertura do arquivo de entrada
arqin = fopen(strcat(pais,'_em_rad.txt'), 'rt');
%Lê o número de tabelas do arquivo (sempre 1 se não há clusters espaciais
%ainda)
nrofc=fscanf(arqin,'%i\n',1);
%Se não for para apena formatar
if ~exc
   %Cria arquivo de saída pais_clustemp.txt
    arqout = fopen(strcat(pais,'_clustemp.txt'), 'wt');
    %Imprime cabeçário no arquivo de saída
   fprintf(arqout,'Nro de clusters\n');
   %Pula linha
    fprintf(arqout, '\n');
   %Inicializa a variável que armazenará o número de clusters obtidos
    coni=0:
   %Le cabeçário
    title = fgetl(arqin);
    %Lê índice original do foco
   i2=fscanf(arqin,'%i\n',1);
   %Lê número de linhas da tabela
    tam=fscanf(arqin,'%f\n',1);
    %passa para t o número de dados da tabel
    t=tam:
    %Lê oa tabela
    [dado,count]=fscanf(arqin,'%f',[5,t]);
    dado=dado':
    %enquanto houver mais de um dado a ser subdividido em conjuntos
    while(t>1)
       %Cria um vetor com diferença em número de dias entre dois surtos
       \sp{subsequentes} , deltat, e copia estes valores no vetor auxiliar aux
       for i=1:t-1
           deltat(i,1)=dado(i+1,4)-dado(i,4);
           aux(i,1)=deltat(i,1);
        end
        %inicializa a variavel que recebera a media do número de dias entre
       %surtos subsequentes
       media=0:
       %for que percorre deltat,
       for i=1:t-2
           % for que, juntamente com o anterior, ordena o vetor auxiliar
           %em ordem crescente
           for j=i+1:t-1
               if(aux(i,1)>aux(j,1))
                   h=aux(i.1):
                   aux(i,1)=aux(j,1);
                    aux(j,1)=h;
               end
            end
            %adicionando parcelas à média
           media=media+deltat(i,1);
        end
       %finalização do cáculo da média
        media=(media+deltat(t-1,1))/(t-1);
        %inicalização da variável onde armazenar-se-á a variância dos
       %delta t's
       var=0:
        %Cálculo da variância
       for i=1:t-1
           var=var+(deltat(i,1)-media)*(deltat(i,1)-media);
```

```
end
var=sqrt(var/(t-1));
%determinação da mediana de deltat a partir do vetor aux
%se o número de pontos é par
if mod(t.2)==0
    %e maior que 1
    if t/2>1
        %a media é a média dos elementos do meio de aux
        mediana=(aux((t/2)-1,1)+aux((t/2)+1,1))/2;
    %se t==2
    else
        %a mediana é o menor valor de aux
       mediana=aux(t-1,1);
    end
%se não: o número de pontos é ímpar
else
   %e a mediana recebe o valor do meio do vetor
   mediana=aux(((t-1)/2)+1,1);
end
%Selecionando que valores pertencem ao conjunto
%Inicaliza-se a variável que percorre deltat
k=1:
%Enquanto k não chegar ao fim do vetor
%e o valor de deltat for menor ou igual ao máximo entre a mediana
Xmais a variância e o tempo de incubação do vírus acrescido de um
%dia
while(k<=t-1 && deltat(k,1)<=max(mediana+var,5))
   %itera-se k
    k=k+1;
end
%inicializa-se a variável que controlará quais elementos do vetor
%deltat pertencerão a qual subconjunto de dados
ind1=k:
%dado1 recebe todos os elementos de dado referentes a valores de
%deltat menores ou igual à mediana mais a variancia
dado1(1:ind1,1:5)=dado(1:ind1,1:5);
%dado2 recebe todos os outros valores de dado
dado2(1:t-ind1,1:5)=dado(ind1+1:t,1:5);
% plot([1:1:t-1],deltat,'.',[1:1:t-1],mediana*ones(1:t-1,1),
                          % 'g-',[1:1:t-1],ones(1:t-1,1)*var,'r-')
% hold on
%Se ind1 for positivo armazena-se o conjunto de dados compativeis
%em termos de distancia temporal n o arquivo de saída
if ind1>0
    %índice original do foco
    fprintf(arqout, '%i\n', dado1(1,1));
    %número de pontos no conjunto
    fprintf(arqout, '%i\n', ind1);
    %tabela com indice, lat, long, dia, Infectados
    fprintf(arqout, '%f\t%f\t%f\t%f\t%f\n', [dado1(:,:)]');
    %Pula linha
    fprintf(arqout, '\n');
    %itera-se o número de subconjuntos
    conj=conj+1;
end
%atualiza-se o valor de ind2 como o total anterior de pontos menos
%a quantidade de pontos que já foi armazenada
ind2=t-ind1:
%Se restou apenas um ponto ele compõe sozinho um novo subconjunto e
%suas informações são salvas no arquivo de saída
if ind2==1
    %índice original do foco
```

```
fprintf(arqout, '%i\n', dado2(1,1));
            %número de pontos no conjunto, 1
           fprintf(argout, '%i\n', ind2);
           %tabela com indice, lat, long, dia, Infectados
           fprintf(arqout, '%f\t%f\t%f\t%f\t%f\n', [dado2(:,:)]');
           %Pula linha
           fprintf(argout, '\n');
           %itera-se o número de subconjuntos
            conj=conj+1;
        end
       %Se resta mais de um ponto
       if ind2>=1
           %limpam-se variáveis antigas
           % e dado recebe dado2
           clear dado
           dado=dado2:
           clear dado1
           clear dado2
           clear deltat
        end
       %ataliza-se t
       t=ind2:
    end
else
   %Apenas deseja-se formatar os dados então haverá apenas um conjunto na
   %saída
    conj=1;
   %abre-se o arquivo de saída
    arqout = fopen(strcat(pais,'_exc_clustemp.txt'), 'wt');
   %Imprime-se o cabeçário no arquivo de saída
    fprintf(arqout,'Nro de clusters\n');
   %Pula linha
   fprintf(arqout, '\n');
   %Le-se o cabeçário do arquivo de entrada
    title = fgetl(arqin);
   %Le-se o índice original do foco
    i2=fscanf(arqin,'%i\n',1);
    %Le-se o número de dados
   tam=fscanf(arqin,'%f\n',1);
   t=tam:
    %Le-se os dados
    [dado,count]=fscanf(arqin,'%f',[5,t]);
   dado=dado';
   dado1(1:t,1:5)=dado(1:t,1:5):
    %Se houver mais de uma linha na tabela
    if t>=1
       %Grava-se o índice original
      fprintf(arqout, '%i\n', dado1(1,1));
       %o número de linhas da tabela
      fprintf(arqout, '%i\n', t);
      %Os dados
      fprintf(arqout, '%f\t%f\t%f\t%f\t%f\n', [dado1(:,:)]');
      %Pula-se linha
      fprintf(arqout, '\n');
    end
    %limpa-se as variáveis
    clear dado
     clear dado1
%fecha-se o arquivo de saída
fclose(argout):
%fecha-se p arquivo de entrada
```

fclose(arqin);

C.2.9 Criador de *clusters* espaço-temporais

```
function EspTempclus(pais, NroClust, NroClus)
%Parametros de entrada
%pais cujos clusters espaciais se deseja calcular
%NroClust é o número de subconjuntos em que se dividiu os dados de acordo
%com a proximidade temporal
%NroClus: vetor com (NroClus,1) entradas contendo o numero de subconjuntos
%que se deve criar para cada cluster temporal
%Abertura Arquivo de entrada
arqin = fopen(strcat(pais,'_clustemp.txt'), 'rt');
%Leitura do cabeçário
title = fgetl(arqin);
%For que percorre cada subconjunto espacial
for cont=1:NroClust
   %Leitura do índice original do foco
    indice(cont,1)=fscanf(arqin,'%i',1);
    %Leitura do número de linhas da tabela
    tam=fscanf(arqin,'%i',1);
    %Leitura dos dados
    [dado,count]=fscanf(arqin,'%f',[5,tam]);
    dado=dado';
    %Inicialização da Matriz de Distancias
   DistMat=zeros(tam.tam):
    %Inicialização do vetor que conterá os índices de cada subconjunto
    cluster=zeros(1,tam);
   %Atribuição dos elementos da Matriz de distancias e do cluster
    for i=1:tam
        for j=i+1:tam
            %A matriz será simétrica e de diagonal nula
           DistMat(i,j)=6366*sqrt((dado(j,2)-dado(i,2))*(dado(j,2)
                   -dado(i,2))+cos(dado(j,2))*cos(dado(j,2))*(dado(j,3)
                                   -dado(i,3))*(dado(j,3)-dado(i,3)));
           DistMat(j,i)=DistMat(i,j);
        end
       %Inicialmente existem tam subconjuntos com apenas um elemento cada
       cluster(1,i)=i;
    end
    %n recebe tam o objetivo eh que se chegue a n=NroClus(cont,1)
    n=tam;
    %enguanto o objetivo não é alcancado
    while (n>NroClus(cont,1))
       %d recebe o maior elemento da matriz
        d=max(max(DistMat));
       %ok é variável booleana que indica que a matriz ainda possui
       %valores não nulos
        ok=0:
        %Este trecho determina os índices dop menor valor da matriz bem
       %como qual ele é, d, e se a matriz possui elementos não nulos:
        \mbox{\sc 0s} for's percorrem a parte triangular superior da matriz, exceto
        %pela diagonal nula
       for i=1:tam
           for j=i+1:tam
                %Se há distancia não nula menor que d
                if(0<DistMat(i,j) && DistMat(i,j)<=d);</pre>
                    %atribui-se esse valor menos a d
                    d=DistMat(i,j);
                    %armzena-se as componentes
                    imin=i;
```

```
jmin=j;
                        %atribui-se sucesso a ok
                        ok=1;
                end
        end
end
%Se houve sucesso na determinação do menor elementos não nulo da
%matriz de distancias
if ok
        %retira-se a coluna em que o menor valor se encontrava
        DistMat(:,imin)=zeros(tam.1);
        %e sua correspondente tranposta pois a matriz é simétrica
        DistMat(jmin,:)=zeros(1,tam);
        %mtc recebe o qual o maior número não de elementos n'alguma
        %coluna de cluster
         [mtc ntc]=size(cluster);
        %1 recebe os elementos da imin-ésima coluna de cluster
        l=cluster(1,imin);
        %Agora deve-se determinar quais e quantos dados do cluster jmin
         %serão passados para o cluster i min
        %inicializa-se a variável mtamclus1 que contará quantos
        %elementos não nulos possui cluster(:,imin)
        mtamclus1=0;
        %se o primeiro elemento é não nulo
        if (1~=0)
                %o tamanho mtamclus1 é pelo menos 1
                mtamclus1=1;
         end
        %percorre-se cluster(:,imin) à procura da primeira entrada nula
        \ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ensuremath{\ens
         %mtc+1
        while(1~=0 && mtamclus1<=mtc-1)
               mtamclus1=mtamclus1+1:
                l=cluster(mtamclus1,imin);
         end
        %se cluster(:,imin) tem mais algum elemento não nulo mas o
         %mtamclus1-ésimo é nulo retorna-se para o anterior (correção do
         %último while)
        if(mtamclus1~=0 && cluster(mtamclus1,imin)==0)
               mtamclus1=mtamclus1-1:
        end
        %agora parte-se em busca de descobrir quantos elementos não
        %nulos há na jmin-ésima coluna de cluster, chama-se este número
        \mbox{\sc de} mtamclus
2. O processo é idêntico ao que se realizou para
        %mtamclus1
        l=cluster(1,jmin);
        mtamclus2=0:
        if (1~=0)
               mtamclus2=1;
         end
        while(1~=0 && mtamclus2<=mtc-1)
                mtamclus2=mtamclus2+1;
                l=cluster(mtamclus2,jmin);
         end
        if(mtamclus2~=0 && cluster(mtamclus2,jmin)==0)
              mtamclus2=mtamclus2-1;
         end
        %De posse do número de elementos não nulos da imin-ésima
        %coluna de cluster, mtamclus1, e do número de elementos não
         %nulos da jmin-ésima coluna de cluster, mtamclus2
        %Transporta-se os elementos da imin-ésima para a imin-ésima
        cluster(mtamclus1+1:mtamclus1+mtamclus2,imin)=cluster(1:mtamclus2,jmin);
```

```
%zera-se o elementos de cluster(:,jmin)
        cluster(1:mtamclus2,jmin)=0;
        %Para poder considerar todos os pontos de determinada coluna de
        %cluster na matriz de distancia utiliza-se a média das
        %altitudes e latitudes de cluster(:,imin) aproveitando que
        %nesta coluna são armazendados os índices de cada ponto pode-se
        %obter cada latitude e cada longitude a partir dos dados
       %iniciais
       lataux=0:
       longaux=0;
       for k=1:mtamclus1+mtamclus2
           lataux=lataux+dado(cluster(k,imin),2);
            longaux=longaux+dado(cluster(k,imin),3);
        end
       lataux=lataux/(mtamclus1+mtamclus2);
        longaux=longaux/(mtamclus1+mtamclus2);
       %É preciso também calcular a média das latitudes e longitudes
       %dos outros clusters
        for j=1:tam
            %então repete-se o processo já executado antes para
            %determinar o tamanho de cada cluster
           l=cluster(1,j);
            mtamclus=0;
           if (1~=0)
               mtamclus=1:
            end
            while(1~=0 && mtamclus<=mtc-1)
              mtamclus=mtamclus+1;
               l=cluster(mtamclus,j);
            end
            if(mtamclus~=0 && cluster(mtamclus,j)==0)
              mtamclus=mtamclus-1;
            end
            %e depois as médias
            lataux2=0; longaux2=0;
            for k=1:mtamclus
               lataux2=lataux2+dado(cluster(k,j),2)/mtamclus;
               longaux2=longaux2+dado(cluster(k,j),3)/mtamclus;
            end
            %Pro fim atualiza-se a matriz de distancias
            DistMat(imin,j)=6366*sqrt((lataux2-lataux)*(lataux2-lataux)
            +cos(lataux2)*cos(lataux2)*(longaux2-longaux)*(longaux2-longaux));
            DistMat(j,imin)=DistMat(imin,j);
        end
    end
    %e o número de subconjuntos diminui de uma unidade
   n=n-1;
%Abertura do arquivo de saída relativo a cada cluster temporal
arqout = fopen(strcat(num2str(NroClus(cont,1)),'_ClusEsp_do_'
                 ,num2str(cont),'_clustemp_de_',pais,'.txt'), 'wt');
%formatando arquivo de saída:
%Escreve-se o cabeçário
fprintf(arqout,'Nro de clusters\n');
%Pula linha
fprintf(arqout, '\n');
[mtc ntc]=size(cluster);
for j=1:tam
   %descobre-se o número de elementos não nulos de cada coluna de
    %cluster
   l=cluster(1,j);
   mtamclus=0;
```

```
if (1~=0)
           mtamclus=1;
        end
       while(1~=0 && mtamclus<=mtc-1)
              mtamclus=mtamclus+1:
             l=cluster(mtamclus,j);
        end
       if(mtamclus~=0 && cluster(mtamclus,j)==0)
           mtamclus=mtamclus-1;
        end
       %se o número de elementos da j-ésima coluna de cluster é não nulo
       if mtamclus~=0
            %Salva-se no arquivo de saída:
           %indice que origina o cluster
           fprintf(arqout, '%i\n', j);
           %número de pontos
           fprintf(arqout, '%i\n', mtamclus);
           %ordena-se os pontos de acordo com os índices
           aux=0:
           for l=1:mtamclus
               for k=l+1:mtamclus
                   if(cluster(l,j)>cluster(k,j))
                        aux=cluster(l,j);
                        cluster(l,j)=cluster(k,j);
                        cluster(k,j)=aux;
                   end
                end
                %salva-se os menores dados do cluster no arquivo de saída
                fprintf(arqout, '%f\t%f\t%f\t%f\t%f\t%f\n',
                   [dado(cluster(1,j),1) dado(cluster(1,j),2) dado(cluster(1,j),3)
                                      dado(cluster(1,j),4) dado(cluster(1,j),5)]');
            end
            %pula linha
            fprintf(arqout, '\n');
        end
    end
    %fecha-se o arquivo de saída destes clusters espaciais do clustar
    %temporal
fclose(argout);
%fecha-se o arquivo de entrada
fclose(arqin);
```

C.2.10 **Formatadores**

end

function CriaArqRad(pais,tam) %Cria o arquivo Pais_em_rad.txt a partir do arquivo original, pais.txt, %transformando latitudes e longitutes em radianos e reduzindo o número de %colunas %abre arquivo de entrada arqin = fopen(strcat(pais,'.txt'), 'rt'); %lê título title = fgetl(arqin); %lê dados [dado,count]=fscanf(arqin,'%f',[8,tam]); %fecha arquivo de entrada fclose(argin); dado=transpose(dado); %cria arquivo de saída arqout = fopen(strcat(pais,'_em_rad.txt'), 'wt'); %inicializa variável que indica quantos subconjuntos no arquivo

```
nf=1;
%inicializa variável que indica o índice do primeiro foco
i2=1;
%escreve nf no arquivo
fprintf(arqout, '%i\n', nf);
%escreve título
fprintf(arqout, '%s\n', 'Indice\t Lat_rad\t Long_rad\t dia \t Infec');
%escreve i2 no arquivo de saída
fprintf(arqout, '%i\n', i2);
%escreve tam no arquivo de saída
fprintf(arqout, '%i\n', tam);
%escreve dados de saída índice, Lat em rad, Long em rad, dia, Infectados
for i=1:tam
fprintf(argout, '%f\t%f\t%f\t%f\t%f\n', [i (pi/180)*dado(i,1)
                   (pi/180)*dado(i,2) dado(i,3) dado(i,5)]');
end
%pula linha
fprintf(argout,'\n ');
%fecha arquivo de saída
fclose(arqout);
clear dado
function CriaFocosEmRad(pais)
%A partir da tabela com surtos em radianos d arquivo pais_em_rad.txt cria
%pais_focos_em_rad.txt, usado pelos programas TodosPtscRO e
%hist_TodosPts_cRn0, com uma tabela para cada surto que possa ter originado
%novos surtos
%Abre o arquivo de entrada
arqin = fopen(strcat(pais,'_em_rad.txt'), 'rt');
%Lê nf=1
a=fscanf(arqin,'%f\n',1);
%Lê linha de cabeçário
title = fgetl(arqin);
%Lê i2=1
a=fscanf(arqin,'%f\n',1);
%Lê número de dados da tabela
tam=fscanf(argin,'%f\n',1);
%Lê os dados
[dado1,count]=fscanf(arqin,'%f',[5,tam]);
%Fecha o arquivo
fclose(argin):
%Armazena apenas as colunas relevantes para os cálculos
dado=transpose(dado1(2:5,1:tam));
%Abre o arquivo de saída
arq = fopen(strcat(pais,'_focos_em_rad.txt'), 'wt');
\mbox{\sc black}Declara e inicializa os vetores onde serão armazenados as informações
dis=zeros(tam-1,tam-1); %vetor de distancias
tempo=zeros(tam-1,tam-1); %vetor de tempo
tamdis=zeros(tam-1,1);
                           %nro de pontos a partir de cada foco
nf=0;
for i=1:tam-1
   j=i+1;%j é a variável auxiliar que garantirá que não leremos
         %dados referentes a surtos anteriores ao surto inicial
    n=0;%n é a variável auxiliar responsável por contar, para cada i,
       %quantas entradas existem na tabela
    %Iteração para percorrer dias posteriores a cada suposto foco
    while(j<=tam)
       %Não retira NENHUM ponto
       d=6366*sqrt((dado(j,1)-dado(i,1))*(dado(j,1)-dado(i,1))
        +cos(dado(j,1))*cos(dado(j,1))*(dado(j,2)-dado(i,2))*(dado(j,2)-dado(i,2)));
       if (d~=0)
           n=n+1;%contamos uma nova entrada
```

```
tempo(n,i)=dado(j,3)-dado(i,3);%armazenamos o novo foco
           dis(n,i)=d;
           ind(n,i)=dado1(1,j);
           Infe(n,i)=dado(j,4);
       end
       j=j+1; %passamos ao próximo item da tabela de dados
   end
   tamdis(i,1)=n;
   if tamdis(i,1)>2
       nf=nf+1;
   end
end
%formatação do arquivo de saída
fprintf(arq, '%i\n', nf);
for i=1:tam-1
   if tamdis(i,1)>2
       fprintf(arq, 'dist \t tempo\t infectados\n ');
       fprintf(arq, '%i\n', i);
       fprintf(arq, '%i\n', tamdis(i,1));
       fprintf(arq, '%f\t%f\t%f\t%f\n ',[ind(1:tamdis(i,1),i)
       dis(1:tamdis(i,1),i) tempo(1:tamdis(i,1),i) Infe(1:tamdis(i,1),i)]');
       fprintf(arq,'\n ');
   end
end
%fecha-se o arquivo de saída
fclose(arq);
```

C.2.11 Mapas

function mapa(pais)
arqin = fopen(strcat(pais,'_em_rad.txt'), 'rt');
%leitura do número de tabelas no arquivo
a=fscanf(arqin,'%f\n',1);
%Leitura do cabeçário
title = fgetl(arqin);
%leitura do índice original do foco
a=fscanf(arqin,'%f\n',1);
%leitura do número de dados
tam=fscanf(arqin,'%f\n',1);

%Leitura dos dados [dado1,count]=fscanf(arqin,'%f',[5,tam]); fclose(argin): %Armazena-se os dados necessário dado=dado1(2:5,1:tam)'; %limpeza da informação antiga clear dado1 %a fim de saber a escala do gráfico xmin=min(dado(:,1)); xmax=max(dado(:,1)); ymin=min(dado(:,2)); ymax=max(dado(:,2)); %incialização de varíaveis auxiliares i1=1: j2=1; foco=1; figure %while responsável por percorrer todos os dados while(j1<tam) %contador de entradas k=1;

```
%dia1 armazena o dia do evento de interesse
    dia1=dado(j1,3);
    %dia2 armazena a data do evento seguinte
    dia2=dado(j2+1,3);
    %na coluna ímpar de map armazena-se a latitude
   map(k,2*foco-1)=dado(j1,1);
    %na coluna par a longitude
    map(k,2*foco)=dado(j1,2);
    %incializa-se a variável booleana responsável por controlar
   yes=0;
   %while responsável por armazenar em map eventos ocorridos numa mesma
    %data dia1
    while(j2<tam && dia1==dia2)
       %itera o contador de entradas nas colunas 2*foco e 2*foco-1 de map
       k=k+1;
       %armazena novos eventos daquele dia
       map(k,2*foco-1)=dado(j2,1);
       map(k,2*foco)=dado(j2,2);
       j2=j2+1;
       dia2=dado(j2,3);
       %indica que mais de um evento ocorreu na mesma data
       yes=1;
    end
    %plota no mapa todos os eventos do dia1
   plot(map(:,2*foco-1),map(:,2*foco),'*'),axis([xmin-0.05 xmax+0.05 ymin-0.05 ymax+0.05])
    %pause(0.5)
    hold on
   %itera o contador de colunas de map
   foco=foco+1:
    if yes
    %se j2 foi iterado até dado(j2,3) ser um dia diferente de dia1
       j1=j2;
    else
   %se não, itera-se j1
       j1=j1+1;
    end
end
function mapacluster(pais,arq,tam, NroClus)
%Plota gráfico dos subconjuntos próximos espacialmente
%Para estabelecer limites do gráfico:
%abre o arquivo pais_em_rad.txt
arqin = fopen(strcat(pais,'_em_rad.txt'), 'rt');
%Lê nf=1
a=fscanf(arqin,'%i\n',1);
%Lê o cabeçário
title = fgetl(arqin);
%Lê o índice original do foco
a=fscanf(arqin,'%i\n',1);
%Lê o número de dados
tam=fscanf(arqin,'%i\n',1);
%Le a tabela do arquivo
[dado,count]=fscanf(arqin,'%f',[5,tam]);
%Fecha arquivo pais_em_rad.txt
fclose(argin):
dado=dado';
xmin=min(dado(:,2));
xmax=max(dado(:,2));
ymin=min(dado(:,3));
ymax=max(dado(:,3));
clear dado
```

```
%Abertura do arquivo de entrada
argin = fopen(strcat(arg,'.txt'), 'rt');
%Lê o cabeçário
title = fgetl(arqin);
%Cria figura
figure
%For que controla o plot de cada subconjunto
for i=1:NroClus
   %Le o índice original do foco do subconjunto
   i2=fscanf(arqin,'%i',1);
   %Le o número de elementos do subconjunto
   t=fscanf(arqin,'%i',1);
   %Le os dados
   [dado,count]=fscanf(arqin,'%f',[5,t]);
   dado=dado':
   %Plota no mapa com uma cor aleatória cada subconjunto
   plot(dado(:,2),dado(:,3),'*','Color',
       [rand(1) rand(1) rand(1) ]),axis([xmin-0.05 xmax+0.05 ymin-0.05 ymax+0.05])
   %Mantém todos os conjuntos até o fim da execução
   hold on
   %requer entrada qualquer para o próximo passo
   pause()
   %limpa vetor que será utilizado na próxima iteração
   clear dado
end
%Fecha arquivo de entrada
fclose(arqin);
```

C.2.12 Gráficos

```
function Graficos(arq,tam,nroprog)
%requer o nome do arquivo com o nome dos arquivos de saída
%o número original de dados
%o número de arquivos listados
%Chama os gráficos com resultados já caluculados por compil
cor1=[.8;1;1;0;1;0;0;0;0.8;0.8;0;0;0;0;0;4;0.4;0;1;rand(10,1)];
cor2=[0.8;1;0;1;0;0;0;0.8;0,0;0;0;0;0;0;4;0.4;0.5;rand(10,1)];
cor3=[0.8;0;1;1;0;0;1;0;0;0.8;0;0;0,8;0;0;0.4;0.4;0.5;rand(10,1)];
%GraficoD(arq,tam,nroprog,cor1,cor2,cor3)
Graficosqer(arq,tam,nroprog,cor1,cor2,cor3)
```

```
function GraficoDeEr(nomearq,tam,nro, cor1, cor2, cor3)%<-'pais'_saida.txt</pre>
%A partir de um arquivo txt contendo nf vezes
%uma linha com indice, uma com cabeçário ,D, ErroD, sqer, falha, uma linha
%com o tamanho dos vetores abaixo, e abaixo desta tres vetores lado a lado.
%Libera gráficos
%Abertura do arquivo de entrada
arqin=fopen(strcat(nomearq,'.txt'), 'rt');
%inicialização do contador de pontos do gráfico de saída
\%({\rm s\acute{o}} aparecerão no gráfico D's provenientes de fits envolvendo mais de dois
%pontos e que covergiram)
figure
for j=1:nro
    narq=fscanf(arqin, '%s\n', 1);
    nf=fscanf(arqin, '%i\n', 1);
    arq=fopen(strcat(narq,'.txt'), 'rt');
    D=zeros(tam,1);
    er=zeros(tam.1):
    sqer=zeros(tam,1);
```

```
for i=1:nf
        i2=fscanf(arq, '%i\n', [1,1]);
       title1 = fgetl(arq);
       d=fscanf(arq, '%f\n', [1,1]); %recebe o valor de D
       e=fscanf(arq, '%f\n', [1,1]);%recebe o erro do D acima
       s=fscanf(arq, '%f\n', [1,1]);%recebe o erro total do problema
       t(i,1)=fscanf(arq, '%i\n', [1,1]);
        [data,count]=fscanf(arq, '%f\t%f\t%f\n',[3,t(i,1)]); %read in data
       D(i2,1)=d;
       er(i2,1)=e;
       sqer(i2,1)=s;
     end
    clear s
   clear d
   clear e
    clear data
    %Ao fim da leitura fechamos o arquivo de entrada
   fclose(arg):
    titulo3=strcat('Ds e ERRO(D)s__ ',nomearq);
    errorbar(D,er,'.','Color',[cor1(j,1) cor2(j,1) cor3(j,1) ]), grid on,title(titulo3)%,axis([0 k 0 5])
    %A=legend('1','2','3','4','5','6','7','8','9','10','11','12','13','14','15','16','17','18','19');
   hold on
end
hold off
function Graficosqer(nomearq,tam,nro,cor1,cor2,cor3)%<-'pais'_saida.txt</pre>
%A partir de um arquivo txt contendo nf vezes
%uma linha com indice, uma com cabeçário ,D, ErroD, sqer, falha, uma linha
%com o tamanho dos vetores abaixo, e abaixo desta tres vetores lado a lado.
%Libera gráficos
%Abertura do arquivo de entrada
arqin=fopen(strcat(nomearq,'.txt'), 'rt');
%inicialização do contador de pontos do gráfico de saída
\%({\rm s\acute{o}} aparecerão no gráfico D's provenientes de fits envolvendo mais de dois
%pontos e que covergiram)
figure
for j=1:nro
   narq=fscanf(arqin, '%s\n', 1);
    nf=fscanf(arqin, '%i\n', 1);
   arq=fopen(strcat(narq,'.txt'), 'rt');
   D=zeros(tam.1);
    er=zeros(tam,1);
    sqer=zeros(tam,1);
    for i=1:nf
       i2=fscanf(arq, '%i\n', [1,1]);
        title1 = fgetl(arq);
       d=fscanf(arq, '%f\n', [1,1]); %recebe o valor de D
       e=fscanf(arq, '%f\n', [1,1]);%recebe o erro do D acima
       s=fscanf(arq, '%f\n', [1,1]);%recebe o erro total do problema
       t(i,1)=fscanf(arq, '%i\n', [1,1]);
        [data,count]=fscanf(arq, '%f\t%f\n',[3,t(i,1)]); %read in data
       D(i2,1)=d;
       er(i2,1)=e;
       sqer(i2,1)=s;
    end
   clear s
    clear d
    clear e
    clear data
    %Ao fim da leitura fechamos o arquivo de entrada
```

fclose(arq); %Gráfico com o erro cumulativo do método titulo2=strcat('Raiz do Erro Quadrático Médio de__ ',nomearq); plot([1:1:tam],sqer(:,1),'.','Color',[cor1(j,1) cor2(j,1) cor3(j,1)]),title(titulo2) %A=legend('1','2','3','4','5','6','7','8','9','10','11','12','13','14','15','16','17','18','19'); hold on

end hold off

C.2.13 Saídas Finais

```
function Saida(pais,nomearq1,tam,nroarq,ninter, Dmax, Dmin,quaishist)
%Responsável pela produção de histogramas combinando resultados de
%diferentes conjuntos de arquivos.
%nomearq1.txt contem n=nroarq arquivos
%tam é o número original de dados do pais em questão pais
%ninter é o númedo de patamares do histograma e que determina a precisã da
%medida também, Dmax e dmin indicam qual o intervalo aceitável de valores
%de D
%e inicia a montagem do histograma
amp=Dmax-Dmin;%vê qual a distancia total 'percorrida' por esse conjunto de dados
%calcula-se o tamanho do intervalo
tam_int=amp/ninter;
%inicializa-se o histograma
hist=zeros(ninter+1,nroarq);
arqin1=fopen(strcat(nomearq1,'.txt'), 'rt');
figure
tit=strcat('Histograma de incidência de D para',pais);
%cada arquivo de nomearq1
for a=1:nroarq
   %tem seu nome lido
    nomearq=fscanf(arqin1, '%s\n', 1)
    %bem como o número de programas cujo nome nomearq contem
   nroprog=fscanf(arqin1, '%i\n', 1);
    %abre-se-o
    arqin=fopen(strcat(nomearq,'.txt'), 'rt');
    %inializa-se variáveis auxiliares
    1=0;
   12=0:
    %paca cada programa de nomearq
    for j=1:nroprog
       %de posse de seus nomes
       narq=fscanf(arqin, '%s\n', 1)
        %e do número de focos do arquivo é lido
       nf(j,1)=fscanf(arqin, '%i\n', 1);
        %são nestes arquivos que residem os dados
       %eles são abertos
        arq=fopen(strcat(narq,'.txt'), 'rt');
       for i=1:nf(j,1)
           %Le-se os resultados:
            %indice original inicial
           i2=fscanf(arq, '%i\n', [1,1]);
           %cabecario
            title1 = fgetl(arq);
            d=fscanf(arq, '%f\n', [1,1]); %recebe o valor de D
           e=fscanf(arq, '%f\n', [1,1]);%recebe o erro do D acima
            s=fscanf(arq, '%f\n', [1,1]);%recebe o erro total do problema
            \% o número de pontos que levou a este reultado
            t=fscanf(arq, '%i\n', [1,1]);
            [data,count]=fscanf(arq, '%f\t%f\t%f\n',[3,t]); %read in data
```

```
%Se d é maior que um valor que considerar-se-ia O
            if ( d>0.00000000001)
               1=1+1;
               %ele é lido
               D(1.1)=d:
            end
        end
       clear d
        clear e
       clear s
       clear data
       %Ao fim da leitura fechamos o arquivo de entrada
       fclose(arq);
    end
   %so houver mais de um intervalo para se dividir os dados
   if ninter>1
      for j=1:1
            %atrbui-se a cada patamar a que corresponde o valor uma unidade a
           %mais
            if D(j,1)<=Dmax
               hist(floor(abs((D(j,1)-Dmin))/tam_int)+1,a)
                               =1+hist(floor(abs((D(j,1)-Dmin))/tam_int)+1,a);
            else
                %Se D está além do Dmax aceitável o último patamar recebe mais
               %uma unidade
               hist(ninter+1,a)=1+hist(ninter+1,a);
            end
      end
    end
    \% o erro e a raiz do valor para cada componente do histograma
    for i=1:ninter+1
       er(i,a)=sqrt(hist(i,a));
    end
end
%plota-se cada histograma de cada arqin
bar([Dmin:amp/(ninter):Dmax],hist,'stack'),title(tit)
A=legend('cR0','cR<>0','Clusters Temporais',
                  'Clusters Espaciais', 'Cluster Esp-Temp', 'cRO e cR<>0');
%fecha-se arquivo de entrada
fclose(arqin1)
%Para soltar a saída final de compil com subconjuntos da saída original
%repete-se o processo de abertura de programas
arqin1=fopen(strcat(nomearq1,'.txt'), 'rt');
for i=1:nroarq
    nomearq=fscanf(arqin1, '%s\n', 1);
   nroprog=fscanf(arqin1, '%i\n', 1);
    %chama-se a rotina Graficos
    %Graficos(nomearq,tam,nroprog);
end
%fecha-se arquivo de entrada
fclose(arqin1)
if max(quaishist)
       [m n]=size(quaishist);
       arqin1=fopen(strcat(nomearq1,'.txt'), 'rt');
       for i=1:nroarq
           nomearq=fscanf(argin1, '%s\n', 1);
           nroprog=fscanf(arqin1, '%i\n', 1);
           for l=1:m
              if quaishist(1,1)==i
                   figure
                   tit=strcat('Histograma de incidência de D para__',nomearq);
```



Apêndice D

Da Base de Elementos Finitos

O domínio espacial é discretizado, subdividindo-o em uma malha de pontos sobre sobre o quais soluções aproximadas para o problema serão obtidas.

Como foi mencionado na seção anterior, o método de Elementos Finitos está intimamente relacionado com a base, B_h , escolhida. As funções $\phi_i(x, y)$ que compõem B_h usadas neste trabalho são tais que $\phi_i(x, y)$ vale 1 sobre o elemento da malha de número *i*.

Analisa-se, então, $\int \int_{\Omega} \varphi_i(x, y) \varphi_j(x, y) dx dy$ ou, simplificando a notação, $\int \int_{\Omega} \varphi_i \varphi_j dx dy$. Para cada j
 apenas alguns i's fornecem valores não nulos para este produto interno.

Se o eixo das abcissas do domínio está dividido em N_x intervalos e o eixo das ordenadas está dividido em N_y intervalos, a título de exemplo, não considerando condições de contorno que diminuiriam o número de incógnitas, numerando os pontos de baixo para cima e da esquerda para direita, afirmamos que, salvo pontos de fronteira, os valores de i para os quais o produto interno com funções índice j
 está definido são $i=j-N_y, j-(N_y+1), j-1, j, j+1, j+N_y, j+(N_y+1).$ Assim sendo:

$$\begin{split} \sum_{i} \int \int_{\Omega} \varphi_{i} \varphi_{j} dx dy &= \int \int_{\Omega} \varphi_{j-Ny-1} \varphi_{j} dx dy + \int \int_{\Omega} \varphi_{j-Ny} \varphi_{j} dx dy \\ &+ \int \int_{\Omega} \varphi_{j-1} \varphi_{j} dx dy + \int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j} dx dy + \int \int_{\Omega} \varphi_{j+1} \varphi_{j} dx dy \\ &+ \int \int_{\Omega} \varphi_{j+Ny} \varphi_{j} dx dy + \int \int_{\Omega} \varphi_{j+Ny+1} \varphi_{j} dx dy \end{split}$$

Semelhantemente para as integrais que envolvem o gradiente de tais funções.

Além disso, para cada par de ij, o domínio sobre o qual o produto interno das funções é não nulo também varia.

Dado o ponto j, é possível obter as coordenadas (j_x, j_y) através da seguinte regra: Se o resto da divisão $\frac{j}{Ny+1}$ é não nulo, $j_x := int(\frac{j}{Ny+1})$ e $j_y := resto(\frac{j}{Ny+1})$.

Caso contrário, $j_x := int(\frac{j}{N_y+1}) - 1 e j_y := Ny + 1$. De posse de $j_x e j_y$ é possível saber quais os triângulos que fazem fronteira com o ponto j. Como pode ser observado no esquema da Figura (D.1).

Pode-se, também, enumerar o triângulos usando a relação $T \equiv T(j_x, j_y) = 2\left[\left(j_x - 1\right)N_y + j_y\right]$, de onde conclui-se que:

$$\begin{split} &\int \int_{\Omega} \varphi_{j-N_y-1} \varphi_j dx dy = \int \int_{T-1UT-2} \varphi_{j-N_y-1} \varphi_j dx dy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j-N_y} \varphi_j dx dy = \int \int_{TUT-1} \varphi_{j-N_y} \varphi_j dx dy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j-1} \varphi_j dx dy = \int \int_{T-2UT+2N_y-3} \varphi_{j-1} \varphi_j dx dy \end{split}$$



Figura D.1: Numeração dos elementos

$$\begin{split} &\int \int_{\Omega} \varphi_{j}\varphi_{j}dxdy = \\ &\int \int_{T-1UT-2UTUT+2N_{y}-1UT+2N_{y}-2UT+2N_{y}-3} \varphi_{j}\varphi_{j}dxdy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j+1}\varphi_{j}dxdy = \int \int_{TUT+2N_{y}-1} \varphi_{j+1}\varphi_{j}dxdy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j+N_{y}}\varphi_{j}dxdy = \int \int_{T+2N_{y}-2UT+2N_{y}-3} \varphi_{j+N_{y}}\varphi_{j}dxdy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j+N_{y}+1}\varphi_{j}dxdy = \int \int_{T+2N_{y}-1UT+2N_{y}-2} \varphi_{j+N_{y}+1}\varphi_{j}dxdy \end{split}$$

Todos os triângulos da malha são semelhantes, então numerando os vértices de cada triângulo de $\hat{1}$ a $\hat{3}$, a partir do maior ângulo no sentido anti-horário, observa-se que as 'interações' de cada dois vértices são sempre similares às possíveis combinações entre os três angulos básicos. Ou seja, pode-se dizer que:

$$\begin{split} &\int \int_{\Omega} \varphi_{j-Ny-1} \varphi_{j} dx dy = \int \int_{T-2} \varphi_{2} \varphi_{1} dx dy + \int \int_{T-1} \varphi_{1} \varphi_{2} dx dy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j-Ny} \varphi_{j} dx dy = \int \int_{T-1} \varphi_{3} \varphi_{2} dx dy + \int \int_{T} \varphi_{2} \varphi_{3} dx dy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j-1} \varphi_{j} dx dy = \int \int_{T-2} \varphi_{3} \varphi_{1} dx dy + \int \int_{T+2Ny-3} \varphi_{1} \varphi_{3} dx dy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j} dx dy = \int \int_{T-2} \varphi_{1}^{2} dx dy + \int \int_{T-1} \varphi_{2}^{2} dx dy + \int \int_{T} \varphi_{3}^{2} dx dy \\ &+ \int \int_{T+2Ny-1} \varphi_{1}^{2} dx dy + \int \int_{T+2Ny-2} \varphi_{2}^{2} dx dy + \int \int_{T+2Ny-3} \varphi_{3}^{2} dx dy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j+1} \varphi_{j} dx dy = \int \int_{T} \varphi_{1} \varphi_{3} dx dy + \int \int_{T+2Ny-1} \varphi_{3} \varphi_{1} dx dy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j+Ny} \varphi_{j} dx dy = \int \int_{T+2Ny-3} \varphi_{2} \varphi_{3} dx dy + \int \int_{T+2Ny-2} \varphi_{3} \varphi_{2} dx dy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j+Ny} \varphi_{j} dx dy = \int \int_{T+2Ny-3} \varphi_{1} \varphi_{2} \varphi_{3} dx dy + \int \int_{T+2Ny-1} \varphi_{2} \varphi_{1} dx dy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j+Ny} \varphi_{j} dx dy = \int \int_{T+2Ny-3} \varphi_{1} \varphi_{2} \varphi_{1} dx dy + \int \int_{T+2Ny-1} \varphi_{2} \varphi_{1} dx dy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j+Ny+1} \varphi_{j} dx dy = \int \int_{T+2Ny-2} \varphi_{1} \varphi_{2} \varphi_{2} dx dy + \int \int_{T+2Ny-1} \varphi_{2} \varphi_{1} dx dy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j+Ny+1} \varphi_{j} dx dy = \int \int_{T+2Ny-2} \varphi_{1} \varphi_{2} \varphi_{2} dx dy + \int \int_{T+2Ny-1} \varphi_{2} \varphi_{1} dx dy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j+Ny+1} \varphi_{j} dx dy = \int \int_{T+2Ny-2} \varphi_{1} \varphi_{2} \varphi_{2} dx dy + \int \int_{T+2Ny-1} \varphi_{2} \varphi_{1} dx dy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j+Ny+1} \varphi_{j} dx dy = \int \int_{T+2Ny-2} \varphi_{1} \varphi_{2} \varphi_{2} dx dy + \int \int_{T+2Ny-1} \varphi_{2} \varphi_{1} dx dy \\ &\int \int_{\Omega} \varphi_{j+Ny+1} \varphi_{j} dx dy = \int \int_{T+2Ny-2} \varphi_{1} \varphi_{j} \varphi_{j} dx dy + \int \int_{T+2Ny-1} \varphi_{j} \varphi_{j} dx dy + \int \int_{T+2Ny-1} \varphi_{j} \varphi_{j} dx dy + \int \int_{T+2Ny-1} \varphi_{j} \varphi_{j} dx dy = \int \int_{T+2Ny-1} \varphi_{j} \varphi_{j} dx dy + \int \int_{T+2Ny-1} \varphi_{j} \varphi_{j} dx d$$

Portanto:

$$\begin{split} &\sum_i \int \int_{\Omega} \varphi_i \varphi_j dx dy = \int \int_{T-2} \varphi_{\hat{2}} \varphi_{\hat{1}} + \varphi_{\hat{1}}^2 + \varphi_{\hat{3}} \varphi_{\hat{1}} dx dy \\ &+ \int \int_{T-1} \varphi_{\hat{1}} \varphi_{\hat{2}} + \varphi_{\hat{3}} \varphi_{\hat{2}} + \varphi_{\hat{2}}^2 dx dy + \int \int_{T} \varphi_{\hat{2}} \varphi_{\hat{3}} + \varphi_{\hat{3}}^2 + \varphi_{\hat{1}} \varphi_{\hat{3}} dx dy \end{split}$$

APÊNDICE D. DA BASE DE ELEMENTOS FINITOS

$$\begin{split} &+ \int \int_{T+2N_y-3} \varphi_{\hat{1}} \varphi_{\hat{3}} + \varphi_{\hat{3}}^2 + \varphi_{\hat{2}} \varphi_{\hat{3}} dx dy + \int \int_{T+2N_y-2} \varphi_{\hat{2}}^2 + \varphi_{\hat{3}} \varphi_{\hat{2}} + \varphi_{\hat{1}} \varphi_{\hat{2}} dx dy \\ &+ \int \int_{T+2N_y-1} \varphi_{\hat{1}}^2 + \varphi_{\hat{3}} \varphi_{\hat{1}} + \varphi_{\hat{2}} \varphi_{\hat{1}} dx dy \end{split}$$
(D.1)



Figura D.2: Interação entre pontos e triângulos. Os elementos de base sobre vértices dos triângulos marrons possuem integral não nula sobre os triângulos centrais.

Aplicando a equação (D.1) para $j := j + 1 e j := j - N_y$, vendo que, de acordo com as Figuras (D.2) e (D.1), os pontos, $j - N_y$, j e j + 1 são os únicos que possuem produto interno não nulo sobre o triângulo T e reorganizando as parcelas, fica claro que sobre cada triângulo T os seguintes produtos internos são não nulos, geralmente :

$$\begin{split} &\int \int_{T} \nabla \varphi_{\hat{1}}^{2} + \nabla \varphi_{\hat{1}} \varphi_{\hat{1}} + \varphi_{\hat{1}}^{2} + \nabla \varphi_{\hat{2}}^{2} + \nabla \varphi_{\hat{2}} \varphi_{\hat{2}} + \varphi_{\hat{2}}^{2} \\ &+ \nabla \varphi_{\hat{3}}^{2} + \nabla \varphi_{\hat{3}} \varphi_{\hat{3}} + \varphi_{\hat{3}}^{2} + 2 \nabla \varphi_{\hat{1}} \nabla \varphi_{\hat{2}} + \nabla \varphi_{\hat{1}} \varphi_{\hat{2}} + \varphi_{\hat{1}} \nabla \varphi_{\hat{2}} \\ &+ 2 \varphi_{\hat{1}} \varphi_{\hat{2}} + 2 \nabla \varphi_{\hat{1}} \nabla \varphi_{\hat{3}} + \nabla \varphi_{\hat{1}} \varphi_{\hat{3}} + \nabla \varphi_{\hat{1}} \nabla \varphi_{\hat{3}} + 2 \varphi_{\hat{1}} \varphi_{\hat{3}} \\ &+ 2 \nabla \varphi_{\hat{2}} \nabla \varphi_{\hat{3}} + \nabla \varphi_{\hat{2}} \varphi_{\hat{3}} + \varphi_{\hat{2}} \nabla \varphi_{\hat{3}} + 2 \varphi_{\hat{2}} \varphi_{\hat{3}} dx dy \end{split}$$

Analise-se, agora, $\int \int_{\Omega} \varphi_i \varphi_j \varphi_k dx dy$. Novamente, para cada j
 apenas $i = j - N_y, j - (N_y + 1), j - 1, j, j + 1, j + N_y, j + (N_y + 1)$ for
necem produtos internos não nulos.

$$\begin{split} &-\sum_{i}\sum_{k}\int\int_{\Omega}\varphi_{k}\varphi_{i}\varphi_{j}dxdy=-\sum_{k}\left\{\int\int_{\Omega}\varphi_{k}\varphi_{j-Ny}\varphi_{j}dxdy\right\}\\ &-\sum_{k}\left\{\int\int_{\Omega}\varphi_{k}\varphi_{j-(Ny+1)}\varphi_{j}dxdy+\int\int_{\Omega}\varphi_{k}\varphi_{j-1}\varphi_{j}dxdy\right\}\\ &-\sum_{k}\left\{\int\int_{\Omega}\varphi_{k}\varphi_{j}\varphi_{j}dxdy+\int\int_{\Omega}\varphi_{k}\varphi_{j+1}\varphi_{j}dxdy\right\}\\ &-\sum_{k}\left\{\int\int_{\Omega}\varphi_{k}\varphi_{j+Ny}\varphi_{j}dxdy+\int\int_{\Omega}\varphi_{k}\varphi_{j+(Ny+1)}\varphi_{j}dxdy\right\}\end{split}$$

Tendo em mente que, inicialmente, os valores que k pode assumir também são $j - N_y$, $j - (N_y + 1)$, j - 1, j, j + 1, $j + N_y$, $j + (N_y + 1)$, mas depois devem ser retirados os valores para os quais a combinação ik seria nula, como pode-se observar na Figura (D.3), obtem-se:

$$-\sum_{i}\sum_{k}\int\int_{\Omega}\varphi_{k}\varphi_{i}\varphi_{j}dxdy =$$


Figura D.3: Produtos não nulos j i k

$$\begin{split} &-\int \int_{\Omega} \varphi_{j}^{2} -_{N_{y}-1} \varphi_{j} dx dy - \int \int_{\Omega} \varphi_{j}^{2} -_{N_{y}} \varphi_{j} dx dy - \int \int_{\Omega} \varphi_{j}^{2} -_{j}^{2} \varphi_{j} dx dy \\ &-\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+1}^{2} dx dy - \int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}}^{2} dx dy - \int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+1}^{2} dx dy \\ &-2\int \int_{\Omega} \varphi_{j-N_{y}-1} \varphi_{j}^{2} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j-N_{y}} \varphi_{j}^{2} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j-1} \varphi_{j}^{2} dx dy \\ &-\int \int_{\Omega} \varphi_{j}^{2} \varphi_{j+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j}^{2} \varphi_{j+N_{y}} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j}^{2} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy \\ &-2\int \int_{\Omega} \varphi_{j}^{2} \varphi_{j+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j}^{2} \varphi_{j+N_{y}} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j}^{2} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy \\ &-2\int \int_{\Omega} \varphi_{j-N_{y}-1} \varphi_{j-N_{y}} \varphi_{j} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+1} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy \\ &-2\int \int_{\Omega} \varphi_{j-1} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+1} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy \\ &-2\int \int_{\Omega} \varphi_{j-1} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+1} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy \\ &-2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy \\ &-2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy \\ &-2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy \\ &-2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}} \varphi_{j+N_{y}} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy \\ &-2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+N_{y}+1} dx dy \\ &-2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+N_{y}+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+N_{y}+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+N_{y}+N_{y}+1} dx dy - 2\int \int_{\Omega} \varphi_{j} \varphi_{j+N_{y}+N_$$

Mais uma vez ressalta-se que o suporte de cada integral é diferente e pode ser obtido através da análise do esquema que aparece na Figura (D.1); que pela similaridade entre os triângulos, os índices tas funções podem ser todos substituidos por $\hat{1}$, $\hat{2}$ ou $\hat{3}$ a depender de sua posição relativa no triângulo; e observando quais elementos de malha tem produtos internos não nujlos sobre T, no caso j = j + 1 e $j = j - N_y$, após longas manipulações conclui-se que sobre cada triângulo T tem-se as seguintes integrais:

$$-\int \int_{T} \varphi_{\hat{1}}^{3} + \varphi_{\hat{2}}^{3} + \varphi_{\hat{3}}^{3} + 3 \left(\varphi_{\hat{1}}^{2} \varphi_{\hat{2}} + \varphi_{\hat{1}}^{2} \varphi_{\hat{3}} + \varphi_{\hat{1}} \varphi_{\hat{2}}^{2} + \varphi_{\hat{2}}^{2} \varphi_{\hat{3}} + \varphi_{\hat{1}} \varphi_{\hat{3}}^{2} + \varphi_{\hat{2}} \varphi_{\hat{3}}^{2} \right) + 6 \varphi_{\hat{2}} \varphi_{\hat{3}} \varphi_{\hat{1}} dx dy$$

Apêndice E

Programas referentes a simulação

E.1 Programa das malhas

function m=malhasb(Nx,Ny) %Fornece a matriz... $\mbox{Nx=Número}$ de intervalos em x %Ny=Número de intervalos em y for i=1:Nx for j=1:Ny T=2*((i-1)*Ny+j); k=(i-1)*(Ny)+j; m(T-1,1)=k-Ny; m(T-1,2)=k; m(T-1,3)=k-Ny+1; m(T,1)=k+1; m(T,2)=k-Ny+1; m(T,3)=k; endend %Por causa da condição sobre theta=2pi for i=1:Nx T=2*i*Ny; m(T-1,3)=(i-2)*Ny+1; m(T,1)=(i-1)*Ny+1; m(T,2)=(i-2)*Ny+1; end %Se o valor das populações sobre r
0 é c
te dada $% \mathcal{T}_{\mathrm{s}}$ for T=1:2:2*Ny m(T,1)=0; m(T,3)=0; m(T+1,2)=0; end function m=malhai(Nx,Ny) %Fornece a matriz...

%Nx=Número de intervalos em x %Ny=Número de intervalos em y for i=1:Nx for j=1:Ny T=2*((i-1)*Ny+j); k=i*Ny+j; m(T-1,1)=k-Ny; m(T-1,2)=k; m(T-1,3)=k-Ny+1; m(T,1)=k+1; m(T,2)=k-Ny+1; m(T,3)=k; end end %Por causa da condição sobre theta=2pi for i=1:Nx T=2*i*Ny; m(T-1,3)=(i-1)*Ny+1; m(T,1)=(i)*Ny+1; m(T,2)=(i-1)*Ny+1; end %Se o valor das populações sobre R é cte dada for T=2*(Ny-1)*Nx+2:2:2*Ny*Nx m(T-1,2)=0; m(T,1)=0; m(T,3)=0; end function m=malhamdf(Nx,Ny) %Fornece a matriz... %Nx=Número de intervalos em x %Ny=Número de intervalos em y for i=1:Nx for j=1:Ny T=2*((i-1)*Ny+j); k=(i-1)*(Ny)+j; m(T-1,1)=k-Ny; m(T-1,2)=k; m(T-1,3)=k-Ny+1; m(T,1)=k+1; m(T,2)=k-Ny+1; m(T,3)=k; end end %Por causa da condição sobre theta=2pi for i=1:Nx T=2*i*Ny; m(T-1,3)=(i-2)*Ny+1; m(T,1)=(i-1)*Ny+1; m(T,2)=(i-2)*Ny+1; end %Se o valor das populações sobre r0 é cte dada for T=1:2:2*Ny m(T,1)=0; m(T,3)=0; m(T+1,2)=0; end %Se o valor das populações sobre R é c
te dada for T=2*(Ny-1)*Nx+2:2:2*Ny*Nx m(T-1,2)=0; m(T,1)=0; m(T,3)=0; end

E.2 Programa principal

function SIMBDF(t0,T, Nt, r0, R, Nr, Ntheta) %escala de visualização do gráficos escala1=[0 Ntheta 0 Nr 0 5]; escala=[0 Ntheta 0 Nr 0 1.5]; %número total de pontos da malha nn=(Nr+1)*(Ntheta+1): %numero de triângulos ntr=2*Nr*Ntheta; %Para todas as populações sabemos que P(r,0,t)=P(r,2*pi,t) $\ensuremath{\ens$ %Para M, D e F temos condições de fronteira constantes em rO e em R e por %isso temos menos 2*Ntheta+2 incógnitas $\ensuremath{\ensuremath{\mathcal{R}}}$ Para S, I e B e temos condições de fronteira constantes em um dos raios e %derivada normal nula no outro resultando daí Ntheta+1 incógnitas a menos %Ou seja %para M,D e F temos nimdf=(Nr-1)*(Ntheta);%incógnitas %para S, I e B temos nisib=Nr*Ntheta;% incógnitas %Parâmetros do problema discretizado %intervalos temporais deltat=(T-t0)/Nt; %intervalos em r deltar=(R-r0)/Nr: %intervalos em theta deltatheta=(2*pi)/Ntheta; %condição inicial c0S=3; cOB=0;%1.25; c0I=0.1; %Parametros do problema %Coeficiente de difusão %entre 0.05 e 0.5 km^2/dia alpha=0.05; %Velocidade horizontal %em r, de acordo com a legenda vx=0.0; %vx=0.026; %Velocidade vertical %em theta, segundo a legenda vv=0.0: %vy=-0.01; %Constante Malthusiana para aves selvagens lambda=0.0025; %lambda=0: %Capacidade de suporte do ambiente K=15; %taxa de retirada de aves selvagens pelo homem - 'colheita' mi s=0.0017: %mi_s=0; %taxa de infecção quando do encontro entre ave selvagem saudável e ave %selvagem infectada beta_SI=0.005; %beta_SI=0; %taxa de infecção quando do encontro entre ave selvagem saudável e ave %selvagem infectada morta beta_SM=0.002; %beta_SM=0.1; %beta_SM=0; %taxa de infecção quando do encontro entre ave selvagem saudável e ave %doméstica infectada

beta_SD=0.003; %beta_SD=0; %taxa de infecção quando do encontro entre ave selvagem saudável e ave %doméstica infectada morta beta SF=0.001: %beta_SF=0; %taxa de mortalidade das aves selvagens infectadas %mi T=0.25: mi_I=0.1; %mi_I=0.; %taxa de inativação do vírus quando da morte do portador selvagem mu_M=0.5;%%checar este valor... %mu_M=0; %constante malthusiana para aves domésticas sigma=0.005; %sigma=0; %taxa de infecção quando do encontro entre ave doméstica saudável e ave %selvagem infectada beta BT=0.003: %beta_BI=0; %taxa de infecção quando do encontro entre ave doméstica saudável e ave %doméstica infectada %beta_BD=0.001; beta_BD=0.009; %taxa de infecção quando do encontro entre ave doméstica saudável e ave %silvestre morta beta_BM=0.001; %taxa de infecção quando do encontro entre ave doméstica saudável e ave %doméstica infectada morta beta_BF=0.005; %beta_BF=0; %taxa de retirada de aves doméstica pelo homem - 'colheita' mi b=0.0005; mi_b=0; %taxa de mortalidade da aves domésticas infectadas mi_d=0.7; %mi_d=0; %taxa de inativação do vírus quando da morte do portador doméstico mu_f=0.5;%%checar este valor... %mu f=0; %constantes auxiliares drdthe=deltar/deltatheta; dthedr=deltatheta/deltar; dt2=deltat/2. dt4=deltat/4; %Submatrizes de rigidez phiiphij=(deltar*deltatheta/12)*[1 0.5 0.5 0.5 1 0.5 0.5 0.5 1]; gphiigphij=0.5*[drdthe+dthedr -dthedr -drdthe -dthedr dthedr 0 -drdthe 0 drdthe]; dphiidrphij=(1/6)*[-deltatheta deltatheta 0 -deltatheta deltatheta 0 -deltatheta deltatheta 0]: dphiidthphij=(1/6)*[-deltar 0 deltar -deltar 0 deltar -deltar 0 deltarl: %matrizes auxiliares (parte linear) %todas 3x3 Aux=dt2*(alpha*gphiigphij+vx*dphiidrphij+vy*dphiidthphij); AuxSl=Aux-(dt2*(lambda-mi_s)-1)*phiiphij;

AuxSO=Aux-(dt2*(lambda-mi_s)+1)*phiiphij; AuxIl=Aux+(dt2*(mi_I+mi_s)+1)*phiiphij; AuxIO=Aux+(dt2*(mi_I+mi_s)-1)*phiiphij; %geramos as malhas %a matriz de malha varia com as condições de fornteira mmdf=malhamdf(Nr,Ntheta); msb=malhasb(Nr,Ntheta); mi=malhai(Nr,Ntheta); $\mbox{\sc k}$ declaramos os vetores que receberão as soluções a cada iteração e as %condições iniciais S=zeros(nn.1); SO=zeros(nn.1); %SO(1:Ntheta+1,1)=cOS; I=zeros(nn,1); IO=zeros(nn,1); M=zeros(nn,1); MO=zeros(nn,1); B=zeros(nn.1); %BO=ones(nn.1): BO=zeros(nn,1); %BO(1:Ntheta+1,1)=c0B; %BO(410,1)=c0B/2; %BO(500,1)=cOB; %BO(115,1)=cOB; %BO(184:186,1)=c0B; D=zeros(nn,1); DO=zeros(nn,1); F=zeros(nn,1); FO=zeros(nn.1); $\mbox{\sc Condição}$ inicial de S, um plano que vale zero em R e cOS em rO. for i=1:Nr+1 SO((i-1)*(Ntheta+1)+1:i*(Ntheta+1),1)=(cOS*(R-rO-i*deltar)/(R-rO)); end %Possibilidade de acrescente população suscetível concentrada em %determinada região for i=Nr/2-1:Nr/2+1 for j=Ntheta/2-1:Ntheta/2+1 %SO((i-1)*Ntheta+j)=5; end end %IO((Nr/4)*(Ntheta+1):(Nr/4+1)*(Ntheta+1),1)=cOI; %IO(1:Ntheta+1,1)=c0I %IO(3*Ntheta+4:4*Ntheta+4,1)=cOI; %Para a condição abaixo Nr e Ntheta devem ser pares for i=Nr/2-1:Nr/2+1 for j=Ntheta/2-1:Ntheta/2+1 %BO((i-1)*(Ntheta+1)+i)=cOB: %IO((i-1)*(Ntheta+1)+j)=cOI; end end IO(148:152,1)=c0I/4; %IO(266:270,1)=cOI; for i=1:Nr+1 for j=1:Ntheta+1 verS(i,j)=SO((i-1)*(Ntheta+1)+j); verI(i,j)=IO((i-1)*(Ntheta+1)+j); verM(i,j)=MO((i-1)*(Ntheta+1)+j); verB(i,j)=BO((i-1)*(Ntheta+1)+j); verD(i,j)=DO((i-1)*(Ntheta+1)+j); verF(i,j)=F0((i-1)*(Ntheta+1)+j); end

 ${\tt end}$

%Gráficos das condições iniciais podem ser em coordenadas polares usando %polarplot3D ou em coordenadas cartesianas convencionais figure %subplot(2,3,1); polarplot3d(verS); subplot(2,3,1);surf (verS)%,axis(escala),xlabel('Theta'),ylabel('r') pause(0) subplot(2,3,2);surf (verI)%,axis(escala),xlabel('Theta'),ylabel('r') pause(0) %subplot(2,3,2);polarplot3d(verI); pause(0) subplot(2,3,3);surf (verM)%,axis(escala),xlabel('Theta'),ylabel('r') %subplot(2,3,3);polarplot3d(verM); pause(0) subplot(2,3,4);surf (verB)%,axis(escala),xlabel('Theta'),ylabel('r') %subplot(2,3,4);polarplot3d(verB); pause(0) subplot(2,3,5);surf (verD)%,axis(escala),xlabel('Theta'),ylabel('r') %subplot(2,3,5);polarplot3d(verD); pause(0) subplot(2,3,6);surf (verF)%,axis(escala),xlabel('Theta'),ylabel('r') %subplot(2,3,6);polarplot3d(verF); pause() %incialização dos vetores usados nos cálculos s=zeros(nisib,1); s0=zeros(nisib.1): in=zeros(nisib,1); i0=zeros(nisib,1); m=zeros(nimdf,1); m0=zeros(nimdf.1): b=zeros(nisib,1); b0=zeros(nisib,1); d=zeros(nimdf,1); d0=zeros(nimdf.1): f=zeros(nimdf,1); f0=zeros(nimdf,1); %Atribuições dos vetores que serão usados nos cálculos, cuja estrutura %depende da condição de contorno %Para S, B e I for i=1:Nr s0((i-1)*Ntheta+1:i*Ntheta,1)=S0(i*(Ntheta+1)+1:(i+1)*(Ntheta+1)-1,1); s=s0; b0((i-1)*Ntheta+1:i*Ntheta,1)=B0(i*(Ntheta+1)+1:(i+1)*(Ntheta+1)-1,1); b=b0; iO((i-1)*Ntheta+1:i*Ntheta,1)=IO((i-1)*(Ntheta+1)+1:i*(Ntheta+1)-1,1); in=i0; end %Para M. D.e.F for i=1:Nr-1 m0((i-1)*Ntheta+1:i*Ntheta,1)=M0(i*(Ntheta+1)+1:(i+1)*(Ntheta+1)-1,1); m=m0; d0((i-1)*Ntheta+1:i*Ntheta,1)=D0(i*(Ntheta+1)+1:(i+1)*(Ntheta+1)-1,1); d=d0; f0((i-1)*Ntheta+1:i*Ntheta,1)=F0(i*(Ntheta+1)+1:(i+1)*(Ntheta+1)-1,1); f=f0: end %inicializamos as matrizes de coeficientes da parte linear MSl=sparse(nisib,nisib); MSO=sparse(nisib,nisib); MIl=sparse(nisib,nisib); MIO=sparse(nisib,nisib); MBI=sparse(nisib.nisib): MBO=sparse(nisib,nisib);

```
%Declaração de matrizes auxiliares
MAuxsb=sparse(nisib,nisib);
MAuxi=sparse(nisib,nisib);
MAuxmdf=sparse(nimdf,nimdf);
%Péclet
vx*deltar/alpha
%Péclet
vy*deltatheta/alpha
pause()
%Montando as matrizes
%Loop da malha
for nt=1:ntr
    for il=1:3
       igl=msb(nt,il);
       if igl~=0
            for jl=1:3
                jgl=msb(nt,jl);
                if jgl~=0
                    %Montando matriz auxiliar para S e B
                    MAuxsb(igl,jgl)=MAuxsb(igl,jgl)+dt2*phiiphij(il,jl);
                    %Matrizes da primeira equação
                    MSl(igl,jgl)=MSl(igl,jgl)+AuxSl(il,jl);
                    MSO(igl,jgl)=MSO(igl,jgl)+AuxSO(il,jl);
                end
            end
        end
        igl=mi(nt,il);
        if igl~=0
            for jl=1:3
                jgl=mi(nt,jl);
                if jgl~=0
                    %Montando matriz auxiliar para I
                    MAuxi(igl,jgl)=MAuxi(igl,jgl)+dt2*phiiphij(il,jl);
                    %Matrizes da segunda equação
                    MIl(igl,jgl)=MIl(igl,jgl)+AuxIl(il,jl);
                    MIO(igl,jgl)=MIO(igl,jgl)+AuxIO(il,jl);
                end
            end
        end
        igl=mmdf(nt,il);
        if igl~=0
            for jl=1:3
                jgl=mmdf(nt,jl);
                if jgl~=0
                    %Montando matriz auxiliar para M, D e F
                    MAuxmdf(igl,jgl)=MAuxmdf(igl,jgl)+dt2*phiiphij(il,jl);
                end
            end
        end
    end
end
%loop temporal
for t=1:Nt
    t
    %%Iterações devidas ás não-lineridades de S
    for est=1:7
        %Iaux recebe I(t=n+1/2)
        \label{eq:laws} Iaux=[i0(Ntheta+1:nisib,1);I0(nn-Ntheta:nn-1,1)]+[in(Ntheta+1:nisib,1);I(nn-Ntheta:nn-1,1)];
        VetAux=dt4*((2*(lambda/K)+beta_SI)*Iaux+beta_SM*([m0;MO(nn-Ntheta:nn-1,1)]+
     \verb[m;M(nn-Ntheta:nn-1,1)])+beta\_SD*([d0;D0(nn-Ntheta:nn-1,1)]+[d;D(nn-Ntheta:nn-1,1)])
+beta_SF*([f0;F0(nn-Ntheta:nn-1,1)]+[f;F(nn-Ntheta:nn-1,1)])+(lambda/K)*(s0+s));
        PNLAux1sb=zeros(nisib,nisib);
```

```
PNLAux2sb=zeros(nisib,nisib);
       %MS1*S-Mauxsb*lambda*I+PNLAux1sb*S+PNLAux2sb*I=-MS0*S0+MAuxsb*lambda*I0
       %-PNLAsux1sb*SO-PNLAux2sb*IO
      for nt=1:ntr
          for il=1:3
              igl=msb(nt,il);
               if igl~=0
                  for jl=1:3
                      jgl=msb(nt,jl);
                       if jgl~=0
                           'Matriz de coeficientes da parte não linear
                           for kl=1:3
                                kgl=msb(nt,kl);
                               if kgl~=0
                                    if (kl~=il && kl~=jl && jl~=il)
                                            PNLAux1sb(igl,jgl)=PNLAux1sb(igl,jgl)+1/120*VetAux(kgl,1);
                                            PNLAux2sb(igl,jgl)=PNLAux2sb(igl,jgl)
                                             +1/120*dt4*(lambda/K)*Iaux(kgl,1);
                                        else
                                            if (kl==il && kl==jl)
                                                PNLAux1sb(igl,jgl)=PNLAux1sb(igl,jgl)+1/20*VetAux(kgl,1);
                                                PNLAux2sb(igl,jgl)=PNLAux2sb(igl,jgl)
                                                 +1/20*dt4*(lambda/K)*Iaux(kgl,1);
                                            else
                                                PNLAux1sb(igl,jgl)=PNLAux1sb(igl,jgl)+1/60*VetAux(kgl,1);
                                                PNLAux2sb(igl,jgl)=PNLAux2sb(igl,jgl)
                                                 +1/60*dt4*(lambda/K)*Iaux(kgl,1);
                                            end
                                        end
                                  end
                           end
                      end
                  end
               end
           end
       end
      %resolve-se o sistema pela est-ésima vez
       s=MSl\(-MSO*sO+MAuxsb*lambda*Iaux-PNLAux1sb*(s+s0)-PNLAux2sb*Iaux);
   end
   %Montando a S resultante que será usada nos próximos sistemas
   for i=1:Nr
       S(i*(Ntheta+1)+1:(i+1)*(Ntheta+1)-1,1)=s((i-1)*(Ntheta)+1:i*Ntheta,1);
      S((i+1)*(Ntheta+1),1)=S(i*(Ntheta+1)+1,1);
   end
   %Montando a matriz de visualização
   for i=1:Nr+1
      for i=1:Ntheta+1
          verS(i,j)=S((i-1)*(Ntheta+1)+j);
      end
   end
%subplot(2,3,1);polarplot3d(verS);
subplot(2,3,1);surf (verS)%,axis(escala),xlabel('Theta'),ylabel('r')
pause(0)
%Tratamento da não-linearidade para I
   for est=1:7
      VetAux=dt4*(beta_SI*(i0+in)+beta_SM*([MO(1:Ntheta,1);m0]+[M(1:Ntheta,1);m])
        +beta_SD*([DO(1:Ntheta,1);d0]+[D(1:Ntheta,1);d])
        +beta_SF*([FO(1:Ntheta,1);f0]+[F(1:Ntheta,1);f]));
      PNLi=zeros(nisib,nisib);
       for nt=1:ntr
          for il=1:3
              igl=mi(nt,il);
```

```
if igl~=0
                for jl=1:3
                   jgl=mi(nt,jl);
                   if jgl~=0
                       for kl=1:3
                           kgl=mi(nt,kl);
                            if kgl~=0
                                if (kl~=il && kl~=jl && jl~=il)
                                    PNLi(igl,jgl)=PNLi(igl,jgl)+1/120*VetAux(kgl,1);
                                else
                                    if (kl==il && kl==il)
                                        PNLi(igl,jgl)=PNLi(igl,jgl)+1/20*VetAux(kgl,1);
                                    else
                                       PNLi(igl,jgl)=PNLi(igl,jgl)+1/60*VetAux(kgl,1);
                                    end
                                end
                           end
                       end
                   end
               end
           end
        end
    end
    in=MIl\(-MIO*iO+PNLi*([SO(1:Ntheta,1);sO(1:nisib-Ntheta,1)]
     +[S(1:Ntheta,1);s(1:nisib-Ntheta,1)]));
end
for i=1:Nr
   I((i-1)*(Ntheta+1)+1:i*(Ntheta+1)-1,1)=in((i-1)*(Ntheta)+1:i*(Ntheta),1);
   I((i)*(Ntheta+1),1)=I((i-1)*(Ntheta+1)+1,1);
end
for i=1:Nr+1
   for j=1:Ntheta+1
       verI(i,j)=I((i-1)*(Ntheta+1)+j);
    end
end
%subplot(2,3,2);polarplot3d(verI);
subplot(2,3,2);surf (verI)%,axis(escala),xlabel('Theta'),ylabel('r')
%for est=1:7 é desnecessário para M porque M não tem parte não linear
   m=((2/deltat+mu_M)*MAuxmdf)\(mi_I*MAuxmdf*(in(1:nisib-Ntheta,1))
    +i0(1:nisib-Ntheta,1))+(2/deltat-mu_M)*MAuxmdf*m0);
for i=1:Nr-1
    M(i*(Ntheta+1)+1:(i+1)*(Ntheta+1)-1,1)=m((i-1)*(Ntheta)+1:i*Ntheta,1);
   M((i+1)*(Ntheta+1),1)=M(i*(Ntheta+1)+1,1);
end
for i=1:Nr+1
   for j=1:Ntheta+1
      verM(i,j)=M((i-1)*(Ntheta+1)+j);
   end
end
%subplot(2,3,3);polarplot3d(verM);%;
subplot(2,3,3);surf (verM)%,axis(escala),xlabel('Theta'),ylabel('r')
pause(0)
%Tratamento das não linearidades de B
for est=1:7
   VetAux=dt4*(beta_BI*([i0(Ntheta+1:nisib,1);I0(nn-Ntheta:nn-1,1)]
    +[in(Ntheta+1:nisib,1);I(nn-Ntheta:nn-1,1)])
     +beta_BD*([d0;D0(nn-Ntheta:nn-1,1)]
    +[d;D(nn-Ntheta:nn-1,1)])+beta_BF*([f0;F0(nn-Ntheta:nn-1,1)]
    +[f;F(nn-Ntheta:nn-1,1)])+beta_BM*([m0;MO(nn-Ntheta:nn-1,1)]
     +[m;M(nn-Ntheta:nn-1,1)]));
    PNLAux1sb=zeros(nisib,nisib);
   for nt=1:ntr
```

```
for il=1:3
            igl=msb(nt,il);
            if igl~=0
                for jl=1:3
                    jgl=msb(nt,jl);
                    if jgl~=0
                        %Matriz de coeficientes da parte não linear
                        for kl=1:3
                            kgl=msb(nt,kl);
                            if kgl~=0
                                if (kl~=il && kl~=jl && jl~=il)
                                    PNLAux1sb(igl,jgl)=
                                     PNLAux1sb(igl,jgl)+1/120*VetAux(kgl,1);
                                else
                                    if (kl==il && kl==jl)
                                        PNLAux1sb(igl,jgl)=
                                         PNLAux1sb(igl,jgl)+1/20*VetAux(kgl,1);
                                    else
                                        PNLAux1sb(igl,jgl)=
                                         PNLAux1sb(igl,jgl)+1/60*VetAux(kgl,1);
                                    end
                                end
                            end
                        end
                    end
                end
            end
        end
    end
    b=(MAuxsb*((-sigma+mi_b)+2/deltat))\(MAuxsb*((sigma-mi_b)+2/deltat)*b0
     +sigma*MAuxsb*([d0;D0(nn-Ntheta:nn-1,1)]+[d;D(nn-Ntheta:nn-1,1)])-(PNLAux1sb*(b0+b)));
end
for i=1:Nr
    B(i*(Ntheta+1)+1:(i+1)*(Ntheta+1)-1,1)=b((i-1)*(Ntheta)+1:i*(Ntheta),1);
    B((i+1)*(Ntheta+1),1)=B(i*(Ntheta+1)+1,1);
end
for i=1:Nr+1
    for j=1:Ntheta+1
        verB(i,j)=B((i-1)*(Ntheta+1)+j);
    end
end
%subplot(2,3,4);polarplot3d(verB);
subplot(2,3,4);surf (verB)%,axis(escala),xlabel('Theta'),ylabel('r')
pause(0)
%Tratamento da parte não linear de D
for est=1:7
    VetAux0=dt4*(beta_BI*(i0(1:nisib-Ntheta,1))
     +in(1:nisib-Ntheta,1))+beta_BD*(d0+d)+beta_BF*(f0+f)+beta_BM*(m0+m));
    PNLmdf=zeros(nimdf,nimdf);
    for nt=1:ntr
        for il=1:3
        igl=mmdf(nt,il);
        if igl~=0
            for jl=1:3
                jgl=mmdf(nt,jl);
                if jgl~=0
                    for kl=1:3
                    kgl=mmdf(nt,kl);
                       if kgl~=0
                            if (kl~=il && kl~=jl && jl~=il)
                                PNLmdf(igl,jgl)=PNLmdf(igl,jgl)+1/120*VetAux0(kgl,1);
                            else
```

```
if (kl==il && kl==jl)
                                    PNLmdf(igl,jgl)=PNLmdf(igl,jgl)+1/20*VetAux0(kgl,1);
                                else
                                    PNLmdf(igl,jgl)=PNLmdf(igl,jgl)+1/60*VetAux0(kgl,1);
                                end
                            end
                        end
                    end
                end
            end
        end
        end
     end
    d=((2/deltat+mi_d+mi_b)*MAuxmdf)\((2/deltat-mi_d-mi_b)*MAuxmdf*d0
     +PNLmdf*(b0(Ntheta+1:nisib,1)+b(Ntheta+1:nisib,1)));
end
for i=1:Nr-1
    D(i*(Ntheta+1)+1:(i+1)*(Ntheta+1)-1,1)=d((i-1)*(Ntheta)+1:i*Ntheta,1);
    D((i+1)*(Ntheta+1),1)=D(i*(Ntheta+1)+1,1);
end
for i=1:Nr+1
    for j=1:Ntheta+1
       verD(i,j)=D((i-1)*(Ntheta+1)+j);
    end
end
%subplot(2,3,5);polarplot3d(verD);
subplot(2,3,5);surf (verD)%,axis(escala),xlabel('Theta'),ylabel('r')
pause(0)
%F também não tem parte não linear.
f=((mu_f+2/deltat)*MAuxmdf)\(-(mu_f-2/deltat)*MAuxmdf*f0+mi_d*MAuxmdf*(d0+d));
for i=1:Nr-1
    F(i*(Ntheta+1)+1:(i+1)*(Ntheta+1)-1,1)=f((i-1)*(Ntheta)+1:i*Ntheta,1);
    F((i+1)*(Ntheta+1),1)=F(i*(Ntheta+1)+1,1);
end
for i=1:Nr+1
    for j=1:Ntheta+1
       verF(i,j)=F((i-1)*(Ntheta+1)+j);
    end
end
%subplot(2,3,6);polarplot3d(verF);
subplot(2,3,6);surf (verF)%,axis(escala),xlabel('Theta'),ylabel('r')
pause(0.5)
%Atribuições dos novos valores
SO=S;IO=I;MO=M;BO=B;DO=D;FO=F;
s0=s;i0=in;m0=m;b0=b;d0=d;f0=f;
```

 ${\tt end}$

181

Referências Bibliográficas

- [1] R. S. Cantrell e C. Cosner, (Ed.). Spatial Ecology via Reaction-Diffusion Equations, Wiley (2003).
- [2] L. Edelstein-Keshet, Mathematical Models in Biology, SIAM, Philadelphia, 2004.
- [3] J. D. Murray, (Ed.). Mathematical Biology, Springer-Verlag (1989).
- [4] J. D. Murray, Mathematical Biology II: Spatial Models and Biomedical Applications, Springer, Berlin, 2003.
- [5] A. Okubo Diffusion and ecological problems : mathematical models, Springer, Berlin, 1980.
- [6] H. H. Rashford Two-level discrete-time galerkin approximations for second order nonlinear parabolic partial differential equations, Numerical Analysis 06, 1010-1026, SIAM.
- [7] R. C. Sossae A presença evolutiva de um material impactante e seu efeito no transiente populacional de especies interativas : modelagem e aproximação, Tese de doutorado, UNICAMP.
- [8] Forum interdisciplinar Monitoramento da Rota Sul: Apoio Técnico e Científico na Prevenção e no Combate à Influenza Aviária
- [9] Embrapa, site http://www.cnpsa.embrapa.br/?ids=Ss9l56d8z.
- [10] IBAMA CEMAVE, site http://www.icmbio.gov.br/cemave/.
- [11] Difusão. Lei de Fick, www.fisica.ufs.br/CorpoDocente/egsantana/transporte/difusion/difusion.htm (23.04.2009).
- [12] BBC, site http://news.bbc.co.uk/2/shared/spl/hi/world/05/bird_flu_map/html/1.stm.
- [13] Herald Tribune International, site http://www.iht.com/articles/2006/06/23/news/flu.php.
- [14] OIE, site http://www.oie.int/downld/AVIAN%20INFLUENZA/A_AI-Asia.htm.
- [15] Center for Disease Control and Prevention, site http://www.cdc.gov/flu/avian/geninfo/fluviruses.htm.
- [16] Food and Agriculture Organization of the United Nations, site http://www.fao.org/ag/againfo/foto/EMPRES_Watch_global_flyways.gif 01.04.09.
- [17] Avian Influenza Org, sitehttp://www.avianinfluenza.org/mutated-avian-influenza-virus-h5n1.php.
- [18] University of South Carolina School of Medicine *site* pathmicro.med.sc.edu/mhunt/flu.htm.
- $\label{eq:star} [19] \ \ \text{USGS}, \ site \ http://alaska.usgs.gov/science/biology/avian_influenza/2008_sampling_maps.html.$
- [20] Agrolink, site http://www.agrolink.com.br/gripeaviaria/NoticiaDetalhe.aspx?CodNoticia=41117.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [21] Revista Super Interessante, site http://super.abril.com.br/mundo-animal/rumo-aves-migratorias-439816.shtml.
- $[22] \ \ WHO, \ site \ \ HTTP://www.who.int/csr/disease/avian_influenza/country/cases_table_2008_04_03/en/index.html.$
- [23] H. C. Rosu e O. Cornejo-Pérez Supersymmetric pairing of kinks for polynomial nonlinearities, PHYSICAL REVIEW E 71, 046607 s2005d.