

Universidade Estadual de Campinas

INSTITUTO DE MATEMÁTICA, ESTATÍSTICA

E COMPUTAÇÃO CIENTÍFICA

DEPARTAMENTO DE MATEMÁTICA APLICADA

**Modelos de EDP integrados à Lógica Fuzzy e
Métodos Probabilísticos no tratamento de incertezas:
uma aplicação à febre aftosa em bovinos**

MARISTELA MISSIO

Doutorado em Matemática Aplicada

Orientador: **Prof. Dr. Laécio Carvalho de Barros**

Campinas - setembro de 2008

Modelos de EDP integrados à Lógica Fuzzy e Métodos Probabilísticos no tratamento de incertezas: uma aplicação à febre aftosa em bovinos

Este exemplar corresponde à redação final da tese devidamente corrigida e defendida por Maristela Missio e aprovada pela comissão julgadora.

Campinas, 19 de setembro de 2008



Prof. Dr. Laécio Carvalho de Barros

Banca Examinadora:

Prof. Dr. Laécio Carvalho de Barros

Profa. Dra. Rosana Sueli da Motta Jafelice

Profa. Dra. Neli Regina Siqueira Ortega

Prof. Dr. Adilson José Vieira Brandão

Prof. Dr. Laércio Luis Vendite

Tese apresentada ao Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica da Universidade Estadual de Campinas - UNICAMP, como requisito parcial para a obtenção do título de Doutora em Matemática Aplicada.

**FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA
BIBLIOTECA DO IMECC DA UNICAMP
Bibliotecária: Maria Júlia Milani Rodrigues – CRB8a 2116**

Missio, Maristela

M691m Modelos de EDP integrados à lógica fuzzy e métodos probabilísticos no tratamento de incertezas: uma aplicação à febre aftosa em bovinos / Maristela Missio -- Campinas, [S.P. :s.n.], 2008.

Orientador : Laécio Carvalho de Barros

Tese (doutorado) - Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica.

1. Febre aftosa. 2. Equações diferenciais parciais. 3. Método de elementos finitos. 4. Método de Monte Carlo. 5. Lógica difusa. I. Barros, Laécio Carvalho de. II. Universidade Estadual de Campinas. Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica. III. Título.

Título em inglês: PDE models associated to fuzzy logic and statistical methods in the treatment of uncertainties: an application on foot-and-mouth disease.

Palavras-chave em inglês (Keywords): 1. Foot-and-mouth disease. 2. Partial differential equations. 3. Finite elements method. 4. Monte Carlo method. 5. Fuzz logic.

Área de concentração: Matemática Aplicada

Titulação: Doutora em Matemática Aplicada

Banca examinadora:

Prof. Dr. Laécio Carvalho de Barros (IMECC-UNICAMP)

Profa. Dra. Rosana Sueli da Motta Jafelice (UFU)

Profa. Dra. Neli Regina Siqueira Ortega (USP)

Prof. Dr. Adilson José Vieira Brandão (UFABC)

Prof. Dr. Laércio Luis Vendite (IMECC-UNICAMP)

Data da defesa: 19/09/2008

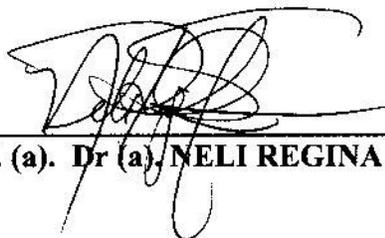
Programa de pós-graduação: Doutorado em Matemática Aplicada

Tese de Doutorado defendida em 19 de setembro de 2008 e aprovada

Pela Banca Examinadora composta pelos Profs. Drs.



Prof. (a). Dr (a). LAÉCIO CARVALHO DE BARROS



Prof. (a). Dr (a). NELI REGINA SIQUEIRA ORTEGA



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



Prof. (a). Dr (a). ADILSON JOSÉ VIEIRA BRANDÃO



Prof. (a) Dr. (a) LAERCIO LUIS VENDITE

*Ao Senhor Deus, que nos ama incondicionalmente.
Aos meus pais Terezinha e Zelindo, pelo amor, sensibilidade
e orgulho de ver o crescimento de seus filhos.*

Agradecimentos

Uma teia de solidariedade permitiu que esta tese tomasse forma. Colegas, amigos e familiares, uns auxiliando com idéias, outros com compreensão, conselhos sinceros, ou simplesmente com o silêncio de cumplicidade. A todos que, sem dúvida e sem exceção, de alguma forma colaboraram comigo, agradeço. Em especial:

À Mãe do Céu, pois nada seria possível sem o seu amor.

A minha grande família, pela torcida, estímulo constante, carinho, paciência e amor.

Ao Professor Laécio Carvalho de Barros, pela dedicada orientação, por todos os ditos encorajadores, pela perseverança, amizade, carinho e paciência com minhas dificuldades. Estou mais agradecida do que sou capaz de dizer.

Ao Professor Adolfo, pela orientação inicial e compreensão singular.

Aos Professores Joni, Rodney, Rosana, Faccenda, Chastel, Magda, Raimundo, Liciania, por investirem seu tempo precioso nesta tese e em mim, pela imensurável ajuda e amizade.

Aos Professores membros da Banca Examinadora, pelas sugestões que em muito contribuíram para a redação final desta tese.

Ao Professor Cosme, por sua generosidade e ajuda no momento que mais precisei.

Aos colegas do Curso de Matemática da UEMS, a quem devo em primeira instância a oportunidade de realização do curso, pela amizade, compreensão e apoio nesta caminhada.

Às minhas irmãs e sobrinhas, pelo amor e paciência que supera as circunstâncias.

À conquista de eternas amizades: Luciana, Marina, Karla, Rosana, Regininha, Camila, Elaine, Zeza e Moisés.

Aos grandes amigos Luziane, Rafael e Nelson por suas valiosas sugestões. Vocês jamais serão esquecidos.

Aos funcionários do IMECC, em particular às Secretarias da Pós-Graduação, que sempre foram solícitos a me auxiliar.

Ao veterinário Leo Cezar Nicolini e a zootecnista Lúcia Gatto, pelas informações biológicas imprescindíveis para a realização deste trabalho.

À UEMS, pela oportunidade de capacitação que me foi ofertada e pela viabilização da bolsa PICDT.

À Unicamp, por ter me acolhido para a realização deste doutorado.

Enfim, agradeço a todos que, com um gesto, uma palavra, um pensamento ou uma intenção me fizeram acreditar que o mundo e as coisas do mundo podem ser melhores do que são.

Eu pedi forças... e Deus deu-me dificuldades para fazer-me forte. Eu pedi sabedoria... e Deus deu-me problemas para resolver. Eu pedi prosperidade... e Deus deu-me cérebro e músculos para trabalhar. Eu pedi coragem... e Deus deu-me pessoas para me ajudar. Eu pedi favores... e Deus deu-me oportunidades.

Ricardo Aldabó Lopez

Resumo

A febre aftosa é uma patologia viral, infecto-contagiosa, caracterizada por um cenário repleto de incertezas que lhe são inerentes, resultantes da influência de fatores socio-econômicos e ambientais relacionados ao processo de transmissão, que pode ocorrer por via direta e indireta. Em epidemiologia, grande parte das incertezas são tratadas ou pela Teoria das Probabilidades ou pela Teoria de Conjuntos Fuzzy, a depender da natureza, seja ela oriunda da aleatoriedade ou de verdade parcial. O uso integrado de modelos clássicos, particularmente as Equações Diferenciais Parciais (EDP), modelos fuzzy e probabilísticos no tratamento das duas classes de incertezas ainda é muito incipiente. Com a intenção de contribuir para o aumento dos estudos nessa área, propõe-se um modelo integrado, envolvendo EDP, lógica fuzzy e métodos probabilísticos, a fim de estudar a dinâmica espacial e temporal de fenômenos epidemiológicos, cujas incertezas são importantes para sua evolução. Para tanto, tomou-se como objeto de estudo a febre aftosa em bovinos e elaborou-se um modelo SIR envolvendo EDP para estudar sua evolução espaço-temporal com parâmetros de difusão e transmissão incertos. Esses foram estimados fazendo-se uso de Sistemas Baseados em Regras Fuzzy (SBRF). As variáveis lingüísticas utilizadas nos SBRF apresentaram incertezas de natureza aleatória, as quais foram tratadas por modelos estocásticos. Na implementação computacional, fez-se o acoplamento dos métodos de elementos finitos para a discretização espacial, e Cranck-Nicolson para a temporal, toolbox fuzzy para os modelos fuzzy e Monte Carlo para os modelos estocásticos, todos em um mesmo algoritmo, construído nos ambientes Matlab e Fortran.

Palavras-chave: febre aftosa, incertezas fuzziness e de variabilidade, equações diferenciais parciais, modelos fuzzy, modelos probabilísticos, método de elementos finitos, método de Monte Carlo.

Abstract

The foot-and-mouth disease is a viral, infectious contagious pathology, characterized for a scene full of inherent uncertainties, resultants of the influence of social, economic and environmental factors related to the transmission process, that can occur for direct and indirect means. In Epidemiology, great part of the uncertainties are treated either by the Theory of Probabilities or by Fuzzy Logic Theory, depending on the nature, in accordance with the type of uncertainty which can be either deriving of the randomness or coming from the subjectivity. The integrated use of models involving Partial Differential Equations (PDE), Fuzzy Theory and Probabilistic in the treatment of the two categories of uncertainties, simultaneously, is still very incipient. Aiming to contribute to the growth of existing studies in this area, we propose an integrated model, involving PDE Models, Fuzzy Models and Stochastic Models, in order to study the space and secular dynamics of these epidemiological phenomena, whose uncertainties are important for their evolution. To do so, the foot-and-mouth disease in bovines was taken over as our study's object and we elaborated a SIR model involving EDP to study its space-time evolution with uncertain parameters of diffusion and transmission. Due to the uncertainties these parameters had been estimated using Rule-Based Fuzzy Systems (RBFS). The linguistic variables of the RBFSs presented uncertainties of random nature, which were treated by random models. For computational results, we coupling several models, using the method of finite elements for the space discretization and Crank-Nicolson for time discretization, toolbox fuzzy for Fuzzy Models and Monte Carlo for Random Models, all in the same algorithm constructed in the environments Matlab and Fortran.

Key-words: Foot-and-mouth disease, uncertainties, PDE, fuzzy models, stochastic models, finite elements method, Monte Carlo method.

Sumário

Introdução	1
1 A febre aftosa em bovinos: aspectos históricos e biológicos	13
1.1 Introdução	13
1.2 Aspectos históricos	14
1.3 Aspectos biológicos	17
1.3.1 A doença	17
1.3.2 Etiologia	17
1.3.3 Sinais clínicos	18
1.3.4 Diagnóstico	19
1.3.5 Formas de transmissão	20
1.3.6 Tratamento e controle	21
2 Referencial Teórico	23
2.1 Modelos matemáticos em epidemiologia: uma introdução	23
2.2 Conceitos fundamentais da teoria de conjuntos fuzzy	32
2.2.1 Subconjuntos fuzzy	33
2.2.2 Operações entre conjuntos fuzzy	34
2.2.3 Níveis de um conjunto fuzzy	35
2.2.4 Números fuzzy	36
2.2.5 Conectivos lógicos	37
2.2.6 Relações fuzzy	38

2.2.7	Sistemas Baseados em Regras Fuzzy	39
3	Alguns modelos matemáticos aplicados à febre aftosa	45
3.1	Introdução	45
3.2	“Dinâmica espacial da febre aftosa em bovinos: um modelo matemático” (Ferreira, 2000)	46
3.3	“The role of spatial mixing in the spread of foot-and-mouth disease” (Chowell et al, 2006.)	48
3.4	“Um modelo matemático para a dispersão da febre aftosa em bovinos” (Cavalin, 2004)	50
3.5	“Um estudo de autômatos celulares com parâmetros fuzzy para a dispersão da febre aftosa em bovinos no Mato Grosso do Sul” (Missio e Barros, 2006)	52
3.5.1	Modelo fuzzy para o parâmetro L	53
3.5.2	Simulações numéricas	58
4	Um modelo de EDP com parâmetros incertos: aplicação no estudo da febre aftosa em bovinos	61
4.1	Introduzindo o modelo de EDP aplicado à febre aftosa	62
4.1.1	Os parâmetros de difusão e transmissão incorporando incertezas	68
4.2	O modelo de EDP com parâmetros incertos	71
4.3	Formulação variacional	73
4.4	O método de Galerkin	77
5	Modelos fuzzy para parâmetros de transmissão e difusão	87
5.1	Modelos fuzzy para os coeficientes de difusão	88
5.1.1	Descrição das variáveis lingüísticas fuzzy	90
5.1.2	Sistemas Baseados em Regras Fuzzy para a variável “fase da doença”	96
5.1.3	Sistemas Baseados em Regras Fuzzy para os coeficientes de difusão	100
5.2	Modelo fuzzy para o parâmetro θ	104

6	Acoplamento dos modelos de EDP, fuzzy e probabilísticos	111
6.1	As variáveis lingüísticas τ , \mathcal{C} , \mathcal{EP} e \mathcal{CP} sob uma óptica probabilística	112
6.1.1	Modelo probabilístico para a variável lingüística τ	115
6.1.2	Modelo probabilístico para a variável lingüística \mathcal{C}	121
6.1.3	Modelo probabilístico para a variável lingüística \mathcal{EP}	125
6.1.4	Modelo probabilístico para a variável lingüística \mathcal{CP}	127
6.2	Implementação computacional	133
7	Simulações e resultados	137
7.1	Simulação 1: condição inicial uniformemente distribuída no espaço	138
7.2	Simulação 2: análise dos parâmetros D_S , D_I e β	141
7.3	Simulação 3: a variável estrutura de produção	149
8	Considerações finais e sugestões para trabalhos futuros	155
8.1	Considerações finais	155
8.2	Propostas de trabalhos futuros	162
	Apêndice	175

Introdução

A febre aftosa é uma enfermidade infecto-contagiosa, epidêmica, febril e aguda, que ataca várias espécies animais, sendo a bovina a mais suscetível. Desde o século *XIX*, quando foi identificada, a infecção pelo seu vírus transformou-se em uma epidemia de projeção mundial. Numa situação de surto da doença, podem ocorrer grandes perdas econômicas pela diminuição e desvalorização dos produtos de origem animal, assim como a limitação do mercado internacional, ocasionando sérios obstáculos para o desenvolvimento das nações envolvidas com este problema.

No Brasil, a febre aftosa tem se tornado um fator limitante para o desenvolvimento econômico da indústria animal, já que sua presença impõe a adoção de medidas sanitárias no comércio interno de animais e de seus produtos não tratados, gerando atrasos na comercialização da carne e seus derivados. Apesar de sua descoberta no Brasil datar do século *XIX*, as primeiras medidas específicas de combate à doença, por meio de uma política normativa e fiscalizadora, foram estabelecidas em 1919 quando o Ministério da Agricultura, implantou o Código de Política Sanitária.

A vigilância constante e a capacidade de informação mais apurada, após a implantação de sistemas de informação; o controle de qualidade das vacinas e a identificação das “áreas-problema”, por meio do estudo do trânsito animal e sua comparação com a ocorrência da doença foram alguns dos fatores que contribuíram para o seu controle, até a última metade do século *XX*.

A principal forma de transmissão, em condições naturais, se dá por contato direto entre um animal infectado e um animal suscetível, pelas vias respiratórias. O vírus dura muito tempo na erva dos pastos e na forragem ensilada. Persiste por tempo pro-

longado na farinha de ossos, nos couros, nos fardos de feno, nas fezes, sêmen e no leite, possibilitando ainda a transmissão por contato indireto, pela água de rios e córregos contaminados pela doença; pelo trânsito de pessoas em áreas contaminadas; por ferramentas, veículos e qualquer outro material, que tenha estado em contato com animal enfermo ou com o vírus da febre aftosa, podem também servir de fonte de contaminação; pelo transporte e importação de animais e subprodutos de origem animal que estejam infectados ou por pessoas que viajam através das fronteiras.

A propagação da febre aftosa pode ser prevenida com a adoção de medidas específicas. Nos países onde a enfermidade é considerada endêmica, como é o caso do Brasil, a incidência da enfermidade é controlada por quarentena, erradicação local, tipagem viral e revacinação do gado em contato ou sob risco, com o apropriado subtipo viral. A vacinação é a única medida de profilaxia, o que não impede totalmente o aparecimento de surtos devido aos subtipos de vírus não contidos nas vacinas. Também poderá ocorrer a recuperação natural dos animais infectados em um período de aproximadamente 15 dias após a infecção.

Tendo em vista as questões históricas e biológicas pertinentes à epidemia da febre aftosa em bovinos, seu processo de transmissão, medidas de controle e sua importância no contexto econômico e social, este estudo tenciona elaborar um modelo matemático que tenha como cenário essa doença, principalmente pelo fato de que o seu contágio se dá em função de um ambiente carregado de incertezas.

Para descrever um fenômeno com o grau de realismo desejado faz-se necessário um processo de modelagem matemática capaz de capturar o máximo de informações que supostamente são essenciais no estudo do fenômeno. Evidentemente, quanto mais informações o modelo incorporar, mais realista ele se torna. Contudo, quase sempre isso implica ou inviabiliza a obtenção de dados fidedignos.

Daí a necessidade de selecionar aqueles aspectos supostamente relevantes, que envolvem o sistema biológico. Na busca por identificar esses aspectos relevantes, surgem impressões obtidas de situações reais que, na maioria das vezes, se acham ocultas em um vasto emaranhado de variáveis subjetivas, impregnadas de características incertas difíceis

de serem mensuradas. Por exemplo, em se tratando do estudo de epidemias e dinâmica de populações, os parâmetros que caracterizam a dispersão da doença, um indivíduo ou até mesmo um grupo de indivíduos, nem sempre podem ser avaliados ou medidos no sentido tradicional. São “incertezas” que somente podem ser conjecturadas intuitivamente. Nesse contexto, ferramentas matemáticas clássicas, que se utilizam de equações determinísticas, quando tratadas de forma isolada, ficam sujeitas à perda de algumas informações inerentes aos fenômenos, que pode ser causada devido à natureza intrinsecamente nebulosa das variáveis de estado envolvidas ou através dos parâmetros das equações (coeficientes ou condição inicial). Ou então, se impõem condições e/ou restrições tão drásticas que, na maioria dos casos, termina desvirtuando a natureza da situação em estudo. Em ambas as situações, as tarefas implicam em grandes desafios, dada a complexidade em se lidar com conceitos vagos e imprecisos.

Contraopondo-se a este cenário de desafios, o interesse de profissionais e pesquisadores em construir modelos matemáticos para descrever fenômenos biológicos que envolvem incertezas tem crescido e se desenvolvido rapidamente nas últimas décadas. Na maior parte dos modelos propostos, a interdisciplinaridade surge como uma das respostas à necessidade de interligação dos métodos dos diferentes ramos do saber científico de caráter essencialmente epistemológico. Esse processo de interdisciplinaridade torna-se necessário devido à excessiva compartimentalização do conhecimento, advindo das informações selecionadas como essenciais, a serem incorporadas ao modelo matemático. Dessa forma, a interligação de ferramentas matemáticas clássicas, no caso, as equações diferenciais e a teoria da probabilidade, com ferramentas não clássicas como a lógica fuzzy, por exemplo, tem demonstrado possuir grande capacidade de aplicação em problemas da área epidemiológica, considerados os tipos de incertezas envolvidos no fenômeno de interesse, [39].

O marco inicial da teoria de conjuntos fuzzy, possibilitando tratar matematicamente alguns termos lingüísticos incertos, foi dado pelo matemático Lotfi Asker Zadeh por meio do artigo “Fuzzy Sets” publicado em 1965, sobre o qual será melhor explicitado no Capítulo 2. Esse seria um primeiro passo no sentido de se programar e armazenar

conceitos vagos em computadores, tornando possível a produção de operações com informações imprecisas, a exemplo do que faz o ser humano.

Devido ao seu grande potencial de aplicabilidade e caráter de interdisciplinaridade, a teoria de conjuntos fuzzy pode facilitar o trabalho do modelador e de especialistas das áreas envolvidas, possibilitando o acréscimo de novas informações, facilitando a análise e compreensão de algumas situações reais. Isso pode ser observado em trabalhos envolvendo Equações de Diferenças, Equações Diferenciais Ordinárias (EDO), Autômatos Celulares, dentre outros, aliados à teoria fuzzy, como no estudo de doenças da autoria de Peixoto [49] sobre a Morte Súbita dos Citros, em que se tem apenas informações parciais, dadas lingüisticamente. Jafelice [24] também faz um estudo sobre população HIV positiva, em que a taxa de transferência da população assintomática para sintomática é um parâmetro que tem caráter *incerto*, definido por meio de descrições de variáveis lingüísticas.

Em se tratando de modelos epidemiológicos envolvendo Equações Diferenciais Parciais (EDP), são poucos os trabalhos que incorporam informações imprecisas inerentes aos fenômenos. Incertezas não advindas da aleatoriedade, possíveis de serem tratadas pela lógica fuzzy, são ainda mais difíceis de se encontrar na literatura das EDPs, como exemplo cita-se [1].

Diante disso, propõe-se um modelo integrado envolvendo EDP, lógica fuzzy e métodos probabilísticos, a fim de estudar a dinâmica espacial e temporal de fenômenos epidemiológicos, cujas incertezas são importantes para sua evolução.

Para tanto, considera-se como objeto de estudo a febre aftosa em bovinos e um modelo compartimental tipo do SIR envolvendo EDP, implementado por meio da técnica de elementos finitos, para estudar a evolução espaço-temporal da doença, com parâmetros de difusão e transmissão incertos. A escolha se deu em função de ser um fenômeno epidemiológico caracterizado por incertezas e imprecisões, com relação a aspectos socioeconômicos e ambientais, enquanto influenciadores da evolução da epidemia, tornando-se o panorama ideal para a utilização conjunta dos modelos matemáticos propostos no tratamento de incertezas, que podem ser agrupadas em duas classes: *a variabi-*

idade, originada da heterogeneidade da população ou da estocasticidade; e *conhecimento parcial*, que resulta de erros sistemáticos de medida ou do desconhecimento de parte do processo considerado (subjetividade).

Em relação à febre aftosa, destaca-se a relevância na escolha dos parâmetros geradores e influenciadores da doença, a fim de elaborar indicadores para a obtenção de um diagnóstico avaliativo do risco epidemiológico. A avaliação toma como base aspectos incertos, seus pressupostos e escolhas, tais como: informação, educação, conduta das pessoas, formas de organização e destino da produção bovina, características ambientais, a população em estudo e a própria doença.

Diversos autores trabalharam com a representação da dinâmica espacial e temporal da doença por meio de modelos envolvendo, dentre outros, as Equações Diferenciais Parciais e Autômatos Celulares, como será apresentado no Capítulo 3. Em geral, os modelos clássicos de biomatemática são fundamentados em hipóteses que quantificam o fenômeno. Porém, este estudo torna-se relevante e diferenciado no sentido de trabalhar com a presença de características incertas próprias do objeto de estudo e do meio onde este ocorre, envolvendo o acoplamento de diversas ferramentas matemáticas, visando a possibilidade de captar com maior precisão os resultados almejados.

A fim de utilizar um sistema compartimental do tipo SIR, não serão consideradas medidas de controle da doença, como vacinação e abate dos animais infectados, de forma que a população de bovinos possa ser dividida nas classes de suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R). Esse contexto possibilitará estudar a evolução espacial e temporal da febre aftosa levando em conta os diversos tipos de incertezas do ponto de vista epidemiológico, socioeconômico e ambiental, que serão incorporadas pelos parâmetros de dispersão e de transmissão do sistema de EDP. Esses parâmetros serão estimados fazendo-se uso de *técnicas de conjuntos fuzzy e probabilísticas*. Sendo assim, a proposta desta tese constituir-se-á da junção das ferramentas matemáticas listadas a seguir:

1. Sistema de EDP não linear, com parâmetros de dispersão e transmissão incertos;
2. Sistemas Baseados em Regras Fuzzy (SBRF) para estimar os parâmetros de dis-

persão e de transmissão;

3. Modelos probabilísticos para dar entrada de dados nos eventos fuzzy dos SBRFs;
4. Formulação variacional e discretização espaço-temporal do modelo de EDP, utilizando os métodos numéricos de elementos finitos e Crank-Nicolson;
5. Implementação computacional envolvendo todos os modelos (EDP, fuzzy e estocásticos).

A tese será organizada da seguinte forma:

No Capítulo 1 serão apresentados os aspectos históricos e biológicos da febre aftosa, cujo conhecimento se faz necessário à compreensão do desenvolvimento dos modelos propostos nesse trabalho.

O Capítulo 2 apresentará considerações pertinentes aos modelos matemáticos em epidemiologia, com uma breve inferência sobre os tipos de incertezas, tratadas pela teoria da probabilidade e pela teoria fuzzy, além de alguns conceitos fundamentais sobre a teoria dos conjuntos fuzzy, necessários ao bom entendimento deste trabalho.

No Capítulo 3 serão abordados alguns modelos sobre a dinâmica espacial e temporal da febre aftosa, propostos por [23], [14], [13] e [41], que darão embasamento à investigação proposta nessa tese.

No Capítulo 8.2 será desenvolvida a proposta do modelo constituído por um sistema de EDP do tipo SIR, em que a dispersão espacial da população será incorporada ao modelo por meio de equações de difusão em cada uma das classes S, I e R. Levando em consideração que a dispersão da população não é puramente aleatória, será admitida a *difusibilidade densidade-dependência*. Os parâmetros de difusão das equações determinísticas que compõem o sistema serão considerados incertos. Isso dá a possibilidade de incorporar informações qualitativas e incertas, próprias do fenômeno em estudo, tais como características ambientais e comportamentais, e diferenças dos indivíduos com relação à sua eficiência de mobilidade devido à doença. Serão ainda definidas as variáveis lingüísticas *características ambientais, população e fase da doença*, que terão a função de

representar as incertezas a serem agregadas aos parâmetros de difusão por meio do uso de Sistemas Baseados em Regras Fuzzy (SBRF).

Outro ponto importante a ser tratado nesse capítulo diz respeito ao parâmetro de transmissão da epidemia. É sabido que o vírus da febre aftosa é altamente resistente no meio ambiente, característica que implica em transmissão na forma indireta de contágio. O estudo avaliará se é possível monitorar e controlar a dispersão do vírus no ambiente de forma eficiente, caso sejam adotadas ações sócio-econômicas e ambientais apropriadas, que envolvam a conduta das pessoas e as formas de produção exercidas pelo estabelecimento, ainda que as medidas de controle da epidemia pelos órgãos sanitários oficiais não estejam presentes no cotidiano. Considera-se que estas estratégias tenham reflexo direto na *força de infecção*, isso porque, naturalmente, incertezas e imprecisões relacionadas a esses fatores são fortemente influenciáveis na taxa de transmissão da epidemia. Neste sentido, visando incorporar ao modelo essas incertezas, admite-se que cada infeccioso tem a mesma chance de encontro com os suscetíveis (lei de ação das massas). Entretanto, pressupõe-se que a *força de infecção*, indicada pelo parâmetro $\lambda = \beta I$ (β representa a taxa de transmissão), seja capaz de capturar os efeitos da transmissão da doença por fatores incertos, relacionados com as formas de produção, as ações humanas e o ambiente, responsáveis pelos “encontros bem-sucedidos” entre suscetíveis e o vírus propagado pelo infectado. Para isso, será proposta a taxa β como um parâmetro incerto estimado por meio de uma combinação de regras fuzzy, formuladas a partir das variáveis lingüísticas - *estrutura de produção* e *conduta pessoal* - que descrevem incertezas.

Ainda nesse capítulo serão apresentadas a formulação variacional e a discretização espacial e temporal do sistema, buscando obter soluções aproximadas do modelo, por meio da técnica de *elementos finitos*.

O Capítulo 5 apresentará, inicialmente, os Sistemas Baseados em Regras Fuzzy (SBRFs) para estimar os coeficientes de difusão da classe de animais suscetíveis e infectados pela febre aftosa. Nesta circunstância, os coeficientes de difusão são parâmetros que têm caráter *incerto*, dependentes do ambiente, da população e da enfermidade. Essas incertezas são como as da classe do “conhecimento parcial”, que podem ser representadas

por variáveis lingüísticas originadas da necessidade de se distinguir qualificações por meio de graduações, que serão aqui tratadas pela Lógica Fuzzy, mais especificamente, pelos SBRF, considerados como uma das ferramentas matemáticas mais poderosas para lidar com tais incertezas. Nesse capítulo, serão descritas as variáveis lingüísticas definidas no Capítulo 8.2, que representam as incertezas inerentes ao ambiente, à população e à própria doença, a serem agregadas aos parâmetros de difusão. A variável “fase da doença” expressa o estado de saúde do indivíduo infectado. A partir das características biológicas da enfermidade, observa-se que quanto maior a carga viral do animal infectado, mais severos são os sinais clínicos causados pela doença. No entanto, não se tem disponível dados quantitativos a respeito da carga viral de cada indivíduo que possibilite mensurar a variável. Face a isso, será definida a variável “tempo de infecção”, indicando o período da infecção que o indivíduo se encontra. Com essa variável, baseando-se em dados qualitativos a respeito da carga viral e em características sintomáticas dos animais doentes, propõe-se mensurar a variável “fase da doença” por meio de um SBRF, sendo que “tempo de infecção” representará a variável de entrada do sistema.

Também nesse capítulo será construído um SBRF de forma que as variáveis de entrada “estrutura de produção” e “conduta pessoal”, definidas no capítulo anterior, possam incorporar à taxa de transmissão, ainda que de forma implícita, a influência exercida por diversos fatores que agregam incertezas (atividades econômicas, sociais e ambientais) na transmissão da doença.

No Capítulo 6 serão propostos os modelos probabilísticos para fazer a leitura atualizada das variáveis lingüísticas, quando apresentam incertezas de variabilidade no domínio das suas funções de pertinência dos SBRF.

Esses modelos são necessários tendo em vista que essas variáveis apresentam, além da incerteza proveniente da classe do “conhecimento parcial”, tratada pela lógica fuzzy, a incerteza de variabilidade. A primeira está presente na definição do “evento”, por exemplo, quando a variável “características ambientais” é qualificada pelo termo lingüístico “mediano”, este termo representa um “evento fuzzy”. A segunda está presente na chance de ocorrência de “seus elementos” (suporte da função de pertinência correspon-

dente ao evento fuzzy). Ou seja, cada termo lingüístico (ou evento fuzzy) tem fronteira não clara. Por outro lado, “seus elementos” têm uma faixa de valores possíveis que não são eqüiprováveis segundo uma distribuição aleatória. Sendo assim, com a existência dos dois tipos de incertezas, percebe-se que a teoria dos conjuntos fuzzy não é suficiente, havendo a necessidade de se fazer uso de outra técnica para abordar as incertezas que envolvam estocasticidade. Nesse sentido, será utilizada a Teoria da Probabilidade, considerada em geral a ferramenta matemática mais apropriada para tratar desse tipo de incerteza.

Assim, um ponto importante a ser destacado nessa tese se refere à necessidade de realizar, para cada uma das variáveis lingüísticas citadas anteriormente, o acoplamento entre os modelos fuzzy e probabilísticos. Os modelos probabilísticos serão propostos nesse capítulo fazendo-se uso de algumas distribuições de probabilidade, além do método de Monte Carlo, a fim de se escolher o valor de entrada para alimentar o SBRF, correspondente a cada variável. Este método gera uma amostra de valores aleatórios por meio de uma distribuição de probabilidade devidamente escolhida. A média amostral obtida será utilizada como entrada no SBRF. Esse método será adotado por ser uma técnica simples e confiável quanto à geração de números aleatórios, com a possibilidade de repetir o experimento em um número considerável de vezes para minimizar o erro na estimativa.

Ainda nesse capítulo será realizada a implementação computacional, por meio do acoplamento dos modelos de EDP, fuzzy e probabilísticos com o objetivo de estudar a evolução da febre aftosa em bovinos em uma fazenda, conforme apresenta a Figura 1.

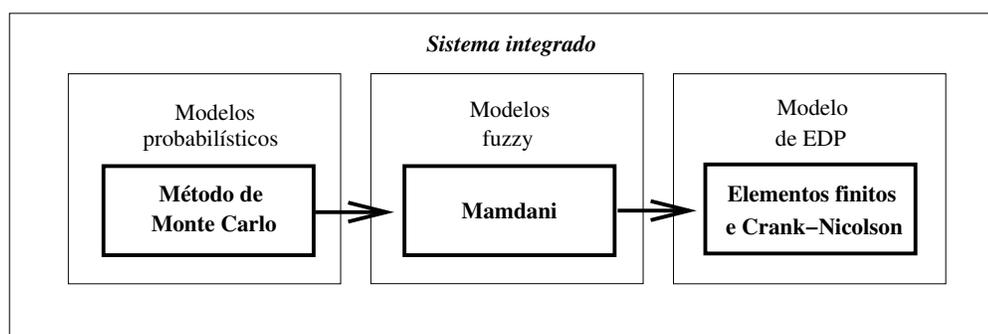


Figura 1: Esquema ilustrativo da integração dos modelos de EDP, fuzzy e probabilísticos.

Face à necessidade de acoplar todos os modelos em um único algoritmo, será

considerado o domínio teórico Ω no formato retangular. Para a discretização espacial de Ω será utilizado o método numérico de elementos finitos triangulares de primeira ordem, e para as aproximações temporais, será utilizado o método implícito de diferenças finitas *Crank-Nicolson*. Serão realizadas três iterações internas a cada passo no tempo, caracterizando-se assim um método preditor-corretor, que tende a uma aproximação da ordem de Δt^2 . A malha da discretização espacial é obtida por meio do software GID - versão 7.0. A opção por este software se deve às vantagens na implementação computacional, já que ele gera arquivos para armazenar as informações sobre a malha de elementos e as coordenadas de cada nó. Entre essas informações, o software permite fazer um mapeamento dos elementos com relação à variável lingüística “características ambientais”, facilitando dessa forma sua leitura.

Para implementar os modelos fuzzy, será utilizada a ferramenta “Fuzzy Logic Toolbox” contida no ambiente Matlab. Os algoritmos para implementar os Métodos de Monte Carlo, os quais descrevem os modelos estocásticos, serão construídos no ambiente *Matlab* - versão 7.0. Esses algoritmos e os modelos fuzzy serão anexados ao algoritmo principal construído para a implementação computacional do sistema de EDP, o qual será desenvolvido nos ambientes *Matlab* - versão 7.0 e *Fortran* - versão 6.5.

No Capítulo 7 serão realizadas as simulações numéricas que possibilitarão observar o avanço de um foco da febre aftosa sobre uma população de bovinos suscetíveis em uma fazenda hipotética, levando em conta os aspectos incertos considerados no trabalho. Para tanto, por meio do registro de características observadas no estabelecimento considerado, baseadas nos instrumentos de avaliação diagnóstica propostos nos modelos fuzzy e estocásticos, será possível compor vários cenários com a condição inicial e com as variáveis lingüísticas *características ambientais*, *estrutura de produção* e *conduta pessoal*. Isso permitirá obter estimativas diversas para os parâmetros de difusão e transmissão incertos.

No primeiro ensaio, a fim de aferir a proposta de interligação do modelo de EDP com os modelos fuzzy e estocásticos, implementados por meio de métodos numéricos de elementos finitos e Crank-Nicolson, considera-se a população inicial uniformemente

distribuída no espaço, o que possibilitará observar se os resultados a serem obtidos serão coerentes com os de um sistema determinístico de equações diferenciais tipo SIR, para validar a estrutura do algoritmo construído. Em outros ensaios, considera-se a população inicial concentrada em alguns pontos do domínio, com a composição de cenários que permitirão avaliar a influência das variáveis “conduta pessoal” e “estrutura de produção” em relação à força de infecção, assim como os parâmetros de difusão em relação à dispersão da população. Nesse contexto, pode-se visualizar e avaliar de que forma essas variáveis afetam a propagação da epidemia.

O Capítulo 8 expõe uma reflexão do desenvolvimento dos capítulos precedentes do ponto de vista da contribuição para o conhecimento, de um modo geral, no desenvolvimento desta tese, assim como as considerações finais observadas. São apresentadas, também, algumas sugestões de trabalhos futuros que possam contribuir para a continuidade ou melhoria do que já foi proposto.

Capítulo 1

A febre aftosa em bovinos: aspectos históricos e biológicos

1.1 Introdução

A febre aftosa é uma doença virótica e de fácil disseminação, também conhecida como doença do pé e da boca (foot and mouth disease). Afeta naturalmente os animais biungulados domésticos e selvagens: bovinos, bubalinos, ovinos, caprinos e suínos. Entre as espécies não biunguladas, foi demonstrada a suscetibilidade de elefantes e capivaras. É considerada como zoonose, porém com raros casos em humanos. Caracteriza-se por febre e formação de vesículas na cavidade bucal e espaços interdigitais.

O Brasil tem um rebanho de 204.512.737 de bovinos, o equivalente a 19% do rebanho mundial. A cada ano, suas indústrias do setor pecuário processam 8,6 milhões de toneladas de carne, que correspondem a 16,4% do volume mundial. Ainda, 20% desta carne é exportada para 153 países, [7].

Segundo [52], no Brasil a febre aftosa é um fator limitante para o desenvolvimento econômico da indústria animal, já que sua presença impõe a adoção de medidas sanitárias no comércio interno de animais e de seus produtos não tratados. Numa perspec-

tiva global, a possibilidade de ocorrência da doença tem um impacto maior que a doença em si mesma, pois o risco da presença da febre aftosa é responsável por custos para os mantenedores dos animais e para a sociedade como um todo, pelas medidas tomadas para prevenir a ocorrência da doença e pela maneira como a confiança no sucesso das medidas determina o acesso para mercados exportadores.

Face às alterações econômicas e sociais impostas pela ocorrência da febre aftosa em bovinos, e a fim de estudar o comportamento dinâmico da epidemia nessa população, são apresentados nesse capítulo alguns aspectos históricos e biológicos da doença, cujo conhecimento se faz necessário ao desenvolvimento dos modelos propostos nesse trabalho.

1.2 Aspectos históricos

A doença foi observada inicialmente na França, Alemanha e Itália durante os séculos *XVII* e *XVIII*. No século *XIX*, a doença apareceu em vários países da Europa, Ásia, África e América.

Após seu surgimento na América do Sul em 1887, a febre aftosa foi descrita pela primeira vez no Brasil em 1895 no Estado do Rio Grande do Sul, de onde se difundiu para outras unidades federativas. Segundo [35], a aparição da doença no Brasil coincidiu com a importação sistemática de produtos bovinos de raças européias no surgimento da indústria frigorífica.

Apesar de sua descoberta no Brasil datar do século *XIX*, as primeiras medidas específicas de combate à doença, visando a implementação de uma política normativa e fiscalizadora, foram estabelecidas em 1919 com a implantação do Código de Polícia Sanitária pelo Ministério da Agricultura.

A *Office International de Epizootias* (OIE) é uma organização internacional criada em 1924 e que hoje conta com 151 países filiados. Tem como objetivos: garantir a segurança sanitária animal para o comércio internacional com base no desenvolvimento de padrões sanitários; coletar e analisar informações científicas veterinárias; informar os

governos sobre a ocorrência da doença e suas formas de controle; garantir a transparência do *status* dos países quanto às doenças animais; proporcionar auxílio técnico e promover a cooperação internacional do controle de doenças animais. Assim, a OIE possui todos os dados de ocorrência da febre aftosa e a situação dos países membros dessa organização quanto à sua presença, [9].

Pelo Decreto *n*°24548, de 03/07/1934, o Governo Federal Brasileiro aprovou o Regulamento da Defesa Sanitária Animal, contendo medidas de profilaxia para as doenças dos animais, incluindo a febre aftosa.

A institucionalização da Campanha de Combate à Febre Aftosa (CCFA) se deu em 09 de agosto de 1963 por meio do decreto *n*°52.344, publicado no Diário Oficial da União pelo então presidente do Brasil, João Goulart, a qual foi implantado em 1965 no Rio Grande do Sul e estendido nos anos seguintes aos Estados de Santa Catarina, Paraná, São Paulo, Minas Gerais, Bahia, Espírito Santo, Mato Grosso, Goiás, Rio de Janeiro e Sergipe.

A campanha de combate à febre aftosa se intensificou no início dos anos 70 com auxílio financeiro do Banco Interamericano de Desenvolvimento (BID). Entretanto, segundo [35], foi registrado um número maior de focos devido à vigilância e capacidade de informação mais apurada, após a implantação de sistema de informação.

O marco da década de 70 foi a implantação do controle de qualidade da vacina e a identificação das “áreas-problema”, por meio do estudo do trânsito animal e sua comparação com a ocorrência da doença.

Os esforços para o controle da febre aftosa foram intensificados com a criação do *Comitê Hemisférico de Erradicação da Febre Aftosa*, em 1987, realizado em Washington DC na V Reunião Interamericana de Saúde Animal. Devido à liberação mais expressiva de recursos financeiros e melhora na qualidade das vacinas, deu-se uma significativa redução do número de focos da febre aftosa nesta década.

Em 1992, a OIE foi responsável pela criação do Código Internacional de Saúde Animal, o qual determina o critério de classificação dos países em relação à febre aftosa e também reconhece a condição de zona infectada, isto é, a ocorrência da enfermidade

em determinada região de um país livre da febre aftosa, com ou sem vacinação, [23]. O reconhecimento das áreas livres da doença é uma das atribuições mais importantes da OIE, segundo a qual os países podem ser: livres da febre aftosa sem vacinação; livres da febre aftosa com vacinação; livres com zonas onde a vacinação é praticada e, ainda, países infectados.

Para ser considerado livre de febre aftosa e ter o mercado internacional aberto para a produção de carne sem restrições, o país deve provar que não tem febre aftosa e que a vacinação dos animais contra essa doença não está ocorrendo. Há uma distinção entre país livre de febre aftosa sem vacinação ou livre com vacinação, sendo que a primeira abre oportunidades muito maiores no mercado internacional.

Segundo [34], com a implantação do programa de erradicação da febre aftosa em 1992; com a regionalização das atividades (circuitos pecuários); o estabelecimento de metas e prazos para seu cumprimento, e com a previsão de erradicação da doença para o ano de 2005, a década de 90 representou um marco no combate à febre aftosa no Brasil.

Nos anos de 2000 e 2001, a febre aftosa reapareceu com força, atingindo praticamente todos os continentes, o que acarretou o sacrifício de milhões de animais, afirma [33]. A ocorrência no Rio Grande do Sul comprometeu a primeira zona livre de febre aftosa no Brasil.

O ano de 2002 é o primeiro sem ocorrência da doença no Brasil e os Estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina recuperam a condição de zona livre com vacinação. Em 2004, a febre aftosa é detectada no estado do Pará e no final de 2005, foram confirmados focos do vírus da febre aftosa sorotipo *O* nos Estados de Mato Grosso do Sul e Paraná.

1.3 Aspectos biológicos

1.3.1 A doença

Como já dito, a febre aftosa é uma enfermidade infecto-contagiosa, epidêmica, febril de evolução aguda. Ataca quase exclusivamente os animais de cascos fendidos, domésticos e selvagens. Ocorre com maior frequência em bovinos, suínos, ovinos e caprinos, sendo rara em carnívoros e inofensiva em eqüinos. A doença é ocasionada por um vírus do gênero *Aphthovirus*, cujos sintomas são caracterizados por febre e lesões vesiculares, úlceras na boca, focinho, tetas, área interdigital e faixa coronária.

A *Office International de Epizootias* (OIE), responsável pela classificação de doenças animais, identificou a febre aftosa como uma doença pertencente à chamada *Lista A*, que corresponde às doenças transmissíveis, sem limite de fronteiras, com um potencial de difusão alto e rápido.

1.3.2 Etiologia

A doença da febre aftosa é causada por vírus do tipo RNA, da família *Picornaviridae*, gênero *Aphthovirus*. Contém um só filamento central de ácido ribonucléico coberto por uma capa protéica, que parece consistir de 32 capsômeros, formando uma cápsula icosaédrica simétrica.

Foram identificados pelo menos sete tipos imunologicamente distintos, O; A; C; SAT 1, 2, 3 (isolados na África) e ÁSIA 1 (isolado no Oriente Médio). O agente etiológico apresenta grande tendência a mutações que originam numerosos subtipos e centenas de cepas diferentes.

Já foram identificados mais de 60 subtipos de vírus causadores da febre aftosa. A vacinação contra um subtipo pode não proteger contra o outro. Além disso, constataram-se alguns subtipos dos vírus citados, com a particularidade de que uns causam ataques mais graves que outros e alguns se propagam mais facilmente. Esta complexidade apre-

senta um aspecto muito desfavorável, pois o aparecimento de novos subtipos em uma região leva à falha de imunidade das vacinas utilizadas, possibilitando o aparecimento de surtos da doença.

O vírus da febre aftosa é extremamente resistente às influências externas, incluindo desinfetantes comuns e práticas usuais de armazenamento de carne. Sobrevive bem no meio ambiente em condições de alta umidade e de pouca incidência solar, principalmente em material orgânico, forragens, pastagens, esterco líquido e sólido, interior de celeiros, currais, paredes e na água. Pode permanecer na forragem contaminada e no meio ambiente por mais de um mês, dependendo da temperatura e do pH. O vírus pode ser preservado por refrigeração e congelamento, sendo progressivamente inativado por elevação da temperatura e em pH ácido menor que 6 e alcalino maior que 9. É também sensível aos desinfetantes químicos, como carbonato de sódio a 4%, ácido cítrico a 0,2%, hidróxido de sódio a 2% e meios físicos como alta temperatura, radiação ultravioleta, ionização por raios gama e luz solar. O vírus sobrevive nos gânglios linfáticos e na medula óssea com pH neutro (em torno de 7), porém, se destrói nos músculos com $\text{pH} < 6$.

1.3.3 Sinais clínicos

Os sinais clínicos são rigorosos nos animais acometidos pela febre aftosa. Inicialmente os animais apresentam febre alta (40°C a 41°C) seguida de salivação excessiva, tremores ocasionais, “estalos” labiais, corrimento nasal, perda de apetite, estomatite dolorosa aguda, pêlo sem brilho, abortos e manqueira.

No período de 24 a 48 horas, a partir da infecção, surgem vesículas (0,5 a 10 cm de diâmetro) na mucosa oral, espaços interdigitais e bandas coronárias das patas. No período de 2 a 3 dias ocorre o rompimento destas vesículas, ocasionando úlceras expostas. As lesões na mucosa oral impedem o animal de se alimentar, causando perda de peso e diminuição da produção de leite. As lesões podais aparecem em quase 10% dos cascos, podendo chegar a 50% ou mais. O animal apresenta dificuldade de locomoção e

enfermidades secundárias, dependendo do tipo de piso que ele tem contato.

Em bovinos, a mortalidade é de apenas 2% em adultos e elevada em animais jovens de até 6 meses de idade. [23] menciona que os animais jovens podem apresentar mortalidade em torno de 20% em decorrência da miocardite que leva à morte súbita sem sinais aparentes da doença. A recuperação natural, descartada a possibilidade de abate dos animais doentes, pode ocorrer entre 7 – 15 dias, mas muitos dos sobreviventes apresentam lesões cardíacas irrecuperáveis.

1.3.4 Diagnóstico

De forma geral, em Medicina o diagnóstico é o ato de reconhecer as enfermidades e determinar seus agentes causadores, individualmente ou em populações específicas, seja animal ou humana. No caso da febre aftosa, o diagnóstico compreende definir e delimitar geograficamente o que está ocorrendo no momento atual, ou seja, é um trabalho de integração entre clínicos, epidemiologistas e laboratórios, correspondendo a cada um uma missão específica.

O diagnóstico clínico determina o tipo de enfermidade mediante a observação dos sintomas dos indivíduos enfermos. Porém, os dados clínicos por si só não são suficientes para determinar com precisão a enfermidade e muito menos o tipo de vírus. Portanto, é necessário que a identificação da enfermidade e a confirmação diagnóstica sejam realizadas em laboratórios.

Após o exame clínico, é realizada em cada foco da doença, a coleta de materiais no fluído vesicular ou epitélio podendo ser usada a técnica de colher fluidos do esôfago/faringe do animal. Seguindo as normas de segurança e qualidade, as amostras são submetidas a investigações basicamente biológicas em laboratórios.

O diagnóstico epidemiológico determina os elementos de suspeita para a febre aftosa, que correspondem à elevada taxa de morbidade e escassa mortalidade, a determinação das espécies afetadas e idades dos animais enfermos.

O diagnóstico de laboratório é realizado para confirmar o diagnóstico clínico e epidemiológico, comprovando a presença do vírus causador da enfermidade e indicando o tipo e subtipo. As provas de laboratório para confirmação incluem: Fixação de Complemento, prova de Precipitação em difusão de Gel-agar (PDAG), vírus neutralização e prova de imunidade cruzada.

1.3.5 Formas de transmissão

O vírus da febre aftosa se isola em grandes concentrações no líquido das vesículas que se formam na mucosa da língua e nos tecidos moles em torno das unhas. O sangue contém grandes quantidades de vírus durante as fases iniciais da enfermidade, quando o animal é muito contagioso.

O período de incubação do vírus varia entre 2 e 8 dias após o contato. Nesse período, há uma grande replicação do vírus, inicialmente na faringe, e pode estar presente em todas as secreções e excreções, tornando o animal um grande disseminador.

A principal forma de transmissão, em condições naturais, se dá por contato direto entre um animal infectado e um animal suscetível. Ou seja, o animal infectado expele o vírus por meio de aerossóis que penetram pelas vias respiratórias do animal suscetível, contaminando-o.

Quando as vesículas do animal infectado se rompem, o vírus passa à saliva e com a baba infecta os alojamentos, os pastos e as estradas por onde ele passa. Acrescente-se a isto o fato de que o vírus resiste durante meses em carcaças congeladas, principalmente na medula óssea; dura muito tempo na erva dos pastos e na forragem ensilada; persiste por tempo prolongado na farinha de ossos, nos couros, nos fardos de feno, nas fezes, sêmen e no leite. Esta resistência do vírus possibilita outra forma de transmissão - a transmissão por contato indireto. Nesse caso, o vírus pode ser transportado de um animal para outro ou de uma fazenda para outra, das seguintes formas:

- Pelo ar, especialmente em zonas temperadas, a uma distância aproximada de até

60 km;

- Pela água de rios e córregos contaminados pela doença;
- Por diversas espécies de animais que transitam livremente entre as fazendas, tais como roedores, veados, cães, gatos, corvos, urubus e aves;
- Pelo trânsito de pessoas em áreas contaminadas (as pessoas podem contaminar-se com o vírus nas fossas nasais, mãos, roupas e calçados, levando o vírus até outros animais e, o vírus resiste no trato respiratório ou garganta do homem por aproximadamente 24 horas);
- Por ferramentas, veículos e qualquer outro material que tenha estado em contato com animal enfermo ou com o vírus da febre aftosa, que podem também servir de fonte de contaminação;
- Pelo transporte e importação de animais e subprodutos de origem animal que estejam infectados ou por pessoas que viajam através das fronteiras.

1.3.6 Tratamento e controle

Não existe tratamento contra a febre aftosa, e sim medidas preventivas específicas. Nos países onde a enfermidade é considerada endêmica, como é o caso do Brasil, a incidência da enfermidade é controlada por quarentena, erradicação local, tipagem viral e revacinação do gado em contato ou sob risco, com o apropriado subtipo viral. A vacinação é a única medida de profilaxia, o que não impede totalmente o aparecimento de surtos devido aos subtipos de vírus não contidos nas vacinas.

Para minimizar o sofrimento dos animais com o aparecimento de mastites e pneumonia bacteriana secundária são realizados tratamentos auxiliares com antibióticos sistêmicos.

Em caso de ocorrência de focos da febre aftosa, o Ministério da Agricultura, por meio do Manual de Procedimentos em Focos de Febre Aftosa [9], orienta para que sejam tomadas as seguintes medidas profiláticas:

- Interdição e quarentena da propriedade onde esteja ocorrendo a febre aftosa, com implantação de postos de fiscalização e proibição de saída de animais, produtos e subprodutos de animais suscetíveis à febre aftosa;
- Restrição do trânsito de animais pelo mesmo período;
- Sacrifício de animais infectados, recuperados e de animais suscetíveis que entram em contato com indivíduos infectados;
- Desinfecção dos locais e de todo o material infectado (artefatos, roupas, veículos, etc.);
- Instauração de uma área de segurança de raio variável de 5 a 10 *Km* com centro na propriedade positiva (na dependência da presença de barreiras naturais que dificultem a dispersão do vírus);
- Determinação de vacinação de animais suscetíveis na região do foco e perifocal.

Nesse capítulo, fez-se um breve relato sobre questões históricas e biológicas pertinentes à epidemia da febre aftosa em bovinos, seu processo de transmissão, medidas de controle da doença e sua importância econômica e social, visando introduzir o cenário em que se dará a aplicação dos modelos matemáticos integrados, cuja descrição terá início no próximo capítulo, com a apresentação do referencial teórico relacionado ao assunto.

Capítulo 2

Referencial Teórico

Esse capítulo é reservado para um breve comentário sobre os modelos matemáticos em epidemiologia (Seção 2.1) e para a apresentação de conceitos fundamentais da teoria dos conjuntos fuzzy (Seção 2.2), os quais acredita-se serem necessários para um bom entendimento deste trabalho.

2.1 Modelos matemáticos em epidemiologia: uma introdução

Uma das metas básicas da ciência atual é criar, a partir dos fenômenos reais, modelos que possam descrever e prever o comportamento de tais fenômenos. Um número considerável de trabalhos envolvendo modelagem matemática vem sendo proposto para descrever as complexas interações entre os seres vivos, baseados nos modelos usados para investigação do crescimento e declínio de populações de Verhulst (1838), Lotka-Volterra (1926) e Malthus (1798) considerados os pioneiros nesta área de aplicação.

A modelagem matemática consiste no processo de extração de características pertinentes de um objeto ou sistema, com ajuda de hipóteses e aproximações simplifi-

cadoras, e representadas em termos matemáticos. Segundo [6], a modelagem matemática é um processo dinâmico utilizado para a obtenção e validação de modelos matemáticos. É a arte de transformar situações da realidade em problemas matemáticos, cujas soluções devem ser interpretadas na linguagem do mundo real. E ainda, uma forma de abstração e generalização com a finalidade de prever tendências.

Isso remete ao conceito de modelo matemático como uma representação ou interpretação simplificada da realidade. É um conjunto de símbolos e relações matemáticas que representam de alguma forma o objeto estudado, desenvolvidos pela elaboração cuidadosa de idéias formadas a partir da intuição e conhecimentos já adquiridos do fenômeno. Desta forma, os modelos podem ser modificados, aprimorados ou substituídos por outros para se obter uma compreensão cada vez mais adequada daquilo que está ocorrendo na natureza.

A modelagem matemática de situações ou fenômenos, por meio de suas variações, tem como característica essencial a evolução do sistema. Neste caso, o termo taxa de variação aparece de forma implícita em palavras, tais como: taxa de crescimento, taxa de crescimento relativo, taxa de mortalidade, velocidade, aceleração, taxa de reação, entre outras. Quantidades que influenciam em algum processo dinâmico são denominadas variáveis, parâmetros ou também constantes. Não existe uma diferença precisa entre estes termos, a distinção é apenas convencional: variáveis representam “grandezas” que se modificam durante o processo; parâmetros são medidas auxiliares que podem ou não mudar durante o processo; constantes são quantidades que não variam e têm seus valores fixados *a priori*.

No decurso dos últimos 60 anos, a definição de epidemiologia tem vindo a alargar-se desde a sua preocupação com as doenças infecto-contagiosas e outras doenças transmissíveis (o estudo das epidemias) até abarcar, presentemente, todos os fenômenos relacionados com a saúde das populações. Epidemiologia pode ser definida como o estudo da ocorrência, disseminação e controle das doenças e tem por base a coleta de informações estatísticas detalhadas, podendo compreender desde o puramente descritivo até o analítico experimental.

A Epidemiologia Matemática consiste em estabelecer, a partir de observações do fenômeno epidêmico, hipóteses matemáticas para quantificar os conhecimentos biológicos a respeito da dinâmica de transmissões de infecções e também para estudar a evolução de doenças epidêmicas, [61].

Na luta contra as doenças infecciosas, busca-se otimizar esforços para seu controle e erradicação, com a possibilidade de resultados em curto prazo. Para isso, elas são consideradas em dois grupos: as de transmissão direta, que não dependem de intermediários para a transmissão, por exemplo: a epidemia do sarampo, da caxumba e da rubéola; e as de transmissão indireta, cuja disseminação depende de um vetor transmissor, como por exemplo: dengue, malária e mal de Chagas.

A transmissão direta ocorre através do meio físico, quando se dá um contato apropriado entre um indivíduo infectado (aquele que apresenta concentração razoável do agente patógeno em seu organismo) com um indivíduo suscetível (aquele que não está infectado, mas pode ser infectado). A transmissão indireta ocorre pela disseminação do agente patógeno por meio de vetores como o homem, pássaros, insetos, animais, veículos, entre outros, os quais mantêm contato direto com os indivíduos suscetíveis.

A maioria dos modelos matemáticos para populações acometidas de uma determinada infecção tem como ponto inicial a hipótese de que a população total pode ser dividida em subpopulações, apresentando significados epidemiológicos em conformidade com a dinâmica biológica da doença. Estes modelos distinguem os indivíduos de uma população de acordo com seu estado em relação à doença, chamados modelos determinísticos compartimentais.

Tais modelos são formulados por equações diferenciais e baseiam-se na *Lei de Ação de Massas*, originada do estudo da cinética química. Esta lei postula que a taxa de formação dos compostos é proporcional às concentrações dos reagentes. A aceitação da lei da ação das massas é baseada no fato de que cada partícula dos reagentes movimenta-se independentemente das demais, o que significa que a mistura é homogênea e portanto todas as partículas têm a mesma chance de encontro que as demais. A tradução dessa lei para os modelos matemáticos é feita considerando o “encontro” entre variáveis, como

sendo o produto delas, [4].

A transposição desta lei para a epidemiologia deu-se, inicialmente, com os modelos de Kermack e McKendrick, [28, 39]. Estes modelos têm como base a hipótese que os indivíduos infecciosos estão distribuídos homogeneamente em toda a população e têm o mesmo poder de transmitir a doença. Entre eles, destaca-se o modelo clássico do tipo SIR para epidemias que, embora simples, exerce grande influência no desenvolvimento e evolução dos modelos atuais para doenças infecciosas de transmissão direta, sendo desta forma citado como ferramenta básica em termos de saúde pública. É útil para uma análise preliminar da dinâmica de várias epidemias e se constitui em um argumento básico, a partir do qual é possível construir-se modelos mais includentes por meio da crítica lúcida de algumas questões específicas.

No modelo SIR, a classificação dos indivíduos é simplesmente por “estado”, ou seja, subdivide a população estudada nas classes ou compartimentos:

- Suscetíveis ($S = S(t)$): número de indivíduos sadios e aptos a contraírem a doença por contato com infecciosos, no instante t ;
- Infecciosos ($I = I(t)$): número de indivíduos anteriormente susceptíveis que contraíram a doença de outros infecciosos e passam imediatamente a serem transmissores dela por contato, no instante t ;
- Recuperados ($R = R(t)$): número de indivíduos que, de infecciosos, passam a não mais participar da dinâmica epidêmica, no instante t .

O processo epidemiológico do modelo SIR é esquematizado pelo sistema compartimental ilustrado na Figura 2.1

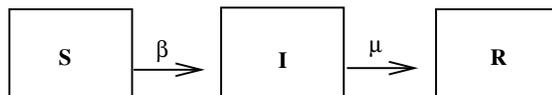


Figura 2.1: Modelo compartimental do tipo SIR.

Nesse caso, um indivíduo sadio entra em contato com um infectado e, através

de algum mecanismo de transmissão, pode passar a ser um membro da subpopulação de infectados, dependendo da taxa de transmissão β . Já os indivíduos infectados podem ser removidos para a subpopulação dos recuperados por reabilitação da doença ou por isolamento a uma taxa μ .

A formulação matemática do modelo SIR, em se tratando de uma população supostamente homogênea, no sentido de que não descreve o aspecto de um indivíduo segundo a sua localização espacial, idade ou segundo qualquer outra medida contínua, é um problema de valor inicial, que pode ser representado, entre outras ferramentas matemáticas, pelo sistema (2.1) não-linear de Equações Diferenciais Ordinárias (EDO).

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \mu I \end{cases} \quad (2.1)$$

com $t \geq 0$, satisfazendo as condições iniciais: $S(0) = S_0$, $I(0) = I_0$, $R(0) = 0$.

Nesta representação, os suscetíveis decrescem a uma taxa proporcional ao número de encontros com os infecciosos (βSI , $\beta > 0$); os infectados aumentam na mesma taxa e perdem os que são curados (isolados ou mortos); a variação dos recuperados é proporcional à quantidade de infectados (μI), onde $\mu > 0$ é um parâmetro constante e, μ^{-1} é o tempo médio durante o qual um indivíduo fica infeccioso. A evolução dos contingentes populacionais ao longo do tempo de um modelo tipo SIR, representado por um sistema de EDO pode ser ilustrada pela Figura 2.2.

Para os modelos epidemiológicos clássicos, um parâmetro essencial é o *valor de reprodutividade basal* (R_0), que dá o número médio de novas infecções causadas por um indivíduo infectado, introduzido em uma população inteiramente suscetível, durante todo o tempo de infecciosidade. Dessa forma, esse parâmetro indica sob quais condições a doença se propaga na população. Se o indivíduo infectado consegue provocar mais que um caso de infecção, isto é, se $R_0 > 1$, então a doença se propaga. Por outro lado, quando $R_0 < 1$, a doença se extingue [4].

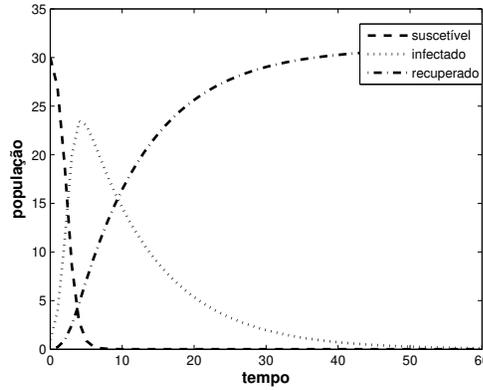


Figura 2.2: Evolução dos contingentes populacionais descrita por um modelo compartimental do tipo SIR, representado por um sistema de EDO, considerando $S_0 = 30$, $I_0 = 1$, $R_0 = 0$, $\beta = 0,05$ e $\mu = 0,1$.

Outros modelos epidemiológicos do tipo *SIRS*, *SIS* ou *SI* podem ser construídos, os quais diferem entre si, seja pela escala de tempo de interesse com dinâmica vital (morte ou nascimento) ou não, seja pelo tipo de mortalidade considerada, incluindo mortalidade induzida pela doença ou não, ou ainda pelo tipo de comportamento dinâmico apresentado pela população, na ausência da doença.

Em muitos modelos epidemiológicos, a simples descrição de uma população ou a formulação de sua dinâmica exige um conhecimento de características dos seus indivíduos que são determinadas, não por rótulos discretos (sexo, espécie, etc), mas por meio de medidas contínuas, como por exemplo, sua posição ao longo de um eixo de coordenadas, ou a sua idade, peso, ângulo de orientação, etc. Nestes casos não basta considerar unicamente a variável temporal, é imprescindível considerar, também, variáveis espaciais no estudo do comportamento evolutivo de uma enfermidade.

Ao acrescentar a variável espacial, o modelo SIR pode ter uma formulação matemática representada por metodologias variadas, desde as mais clássicas como as Equações Diferenciais Parciais (EDP), às não tão clássicas, como Autômatos Celulares.

Para o caso de representar um modelo tipo SIR por EDP, a dispersão espacial dos indivíduos pode ser razoavelmente descrita por um modelo de difusão. Estas equações quantificam a densidade em cada posição e em cada instante, fornecendo assim, boas

informações para analisar o movimento da população quando não podemos “perseguir” os indivíduos, [27].

Os estudos pioneiros sobre dinâmica de populações biológicas que consideram a distribuição espacial e sua movimentação pela difusão clássica são relativamente recentes e podem ser representados pelos trabalhos fundamentais de R. A. Fisher sobre genética na década de 1930, e de J. G. Skellam sobre a dispersão de populações de animais e plantas na década de 1950, [47]; modelos sobre morfogênese de A. M Turing, [59] e modelos em epidemiologia, como o de Kermack e McKendrick, entre os quais destacam-se os de [44], este reuniu, em 1989, uma coletânea de trabalhos a partir dos quais propôs modelos para estudar o espalhamento espacial da raiva epidêmica em raposas.

Como já referido, ao levar em conta a dinâmica espacial, um modelo do tipo SIR também pode ser descrito matematicamente por autômato celular, que consiste em um espaço euclidiano dividido em uma grade de células uniformes e regulares, sendo que cada célula possui um conjunto finito de estados predefinidos, e um conjunto de condições necessárias para a mudança de estado. Os autômatos celulares evoluem a passos de tempo discretos, nos quais as células são simultaneamente atualizadas com base no estado das células em suas vizinhanças, de acordo com um conjunto de regras. Muitos trabalhos recentes compreendendo o estudo de dinâmica populacional têm sido desenvolvidos por meio de autômato celular, destacando-se dentre estes os trabalhos de [50] e [13].

A teoria de epidemiologia matemática com base no princípio da ação das massas, em geral, não considera as diferenças na transmissão da doença. Em vez disso, assume que a população está distribuída de forma homogênea, na qual a taxa de contato é considerada como um parâmetro constante. Nesse caso, todo indivíduo tem a mesma chance de encontro, e também de transmitir a doença, cuja evolução dependerá unicamente da transmissibilidade do agente infeccioso, [20]. Ainda segundo [4], o parâmetro de contágio é avaliado por uma espécie de média obtida na população e, com isso, os indivíduos infectados têm o mesmo poder de infectar os suscetíveis.

Entretanto, em epidemiologia uma mesma doença pode se manifestar de formas diferenciadas nos indivíduos. Assim, é razoável se esperar que existam indivíduos com

maior poder de transmitir a doença que outros, ou seja, existem diferentes graus de infecciosidade. As chances de encontros são as mesmas para cada indivíduo. Mas o sucesso da conversão de um suscetível em infectado depende de vários fatores, como por exemplo, o grau de infecciosidade e/ou suscetibilidade, [4, 39]. As doenças são freqüentemente descritas com a utilização de termos lingüísticos, que podem ser intrinsecamente vagos, uma vez que muitas são as variáveis qualitativas em epidemiologia, cujas características podem conduzir a dificuldades na utilização de métodos quantitativos, [45]. Ainda segundo a autora, sistemas biológicos, médicos e epidêmicos apresentam vários tipos de incertezas inerentes aos seus processos.

Muitas características de incertezas podem ser representadas por modelos determinísticos gerais do tipo compartimental, onde a classe dos infectados é subdividida em grupos, de acordo com o estágio da doença (modelos denominados SI_nR). No entanto, existem muitas dificuldades matemáticas para resolver modelos desta natureza, sendo fundamental o uso de ferramentas que incorporem informações imprecisas nos modelos.

De acordo com [39], em epidemiologia, as incertezas podem ser agrupadas segundo duas classes: *a variabilidade*, originada da heterogeneidade da população ou da estocasticidade; e a do *conhecimento parcial*, que resulta de erros sistemáticos de medida ou do desconhecimento de parte do processo considerado (subjetividade). Portanto, ainda segundo os autores, as duas classes de incertezas devem ser tratadas por métodos diferentes e mais apropriados a cada uma. Segundo [4], a incerteza proveniente da aleatoriedade de eventos está bem desenvolvida, ocupando um lugar de destaque na galeria da Matemática por meio da Teoria da Probabilidade. Porém, [39] reportam que essa teoria não consegue, na maioria das vezes, abordar o problema da ignorância e da subjetividade. Nesses casos, a lógica fuzzy pode ser considerada como uma das ferramentas matemáticas mais poderosas para lidar com tais incertezas, imprecisões e verdades parciais, permitindo a tratabilidade de problemas do mundo-real, muitas vezes com soluções de baixo custo.

A teoria da lógica fuzzy tem sido desenvolvida para lidar com o conceito de verdade parcial, ou seja, com valores de verdade entre o *complemento verdadeiro* e o *complemento falso* da lógica *Booleana*. Neste sentido, a lógica fuzzy difere da lógica

convencional, pois ela permite considerar afirmações com valores *entre* falso e verdadeiro, possibilitando inclusive trabalhar com variáveis lingüísticas.

Muitas tentativas razoáveis e bem-sucedidas usando esta ferramenta têm sido feitas no sentido de incluir comportamentos variados. Por exemplo, [24] faz um estudo sobre a população HIV positiva, em que a taxa de transferência da população assintomática para sintomática é um parâmetro que tem caráter *incerto*, dependente da carga viral e do nível de *CD4+* dos indivíduos infectados. Considera que a taxa de transferência é expressa por um conjunto fuzzy, isto é, a taxa de transferência é definida por meio de descrição das variáveis lingüísticas.

O marco inicial da teoria de conjuntos fuzzy, possibilitando tratar matematicamente alguns termos lingüísticos incertos, foi dado pelo matemático Lotfi Asker Zadeh, professor do Departamento de Engenharia Elétrica e Ciências da Computação da Universidade da Califórnia, em Berkeley, por meio do artigo “Fuzzy Sets” publicado em 1965, [60]. Esse seria um primeiro passo no sentido de se programar e armazenar conceitos vagos em computadores, tornando possível a produção de operações com informações imprecisas, a exemplo do que faz o ser humano. A principal intenção era a de dar um tratamento matemático a certos termos lingüísticos subjetivos, como “*aproximadamente*”, “*em torno de*”, dentre outros. Esta teoria tem contribuído de maneira significativa para o desenvolvimento de novas ferramentas para a modelagem de fenômenos incertos. Dentre estas contribuições, destaca-se o tratamento das equações diferenciais com incertezas nos parâmetros e condição inicial (equações diferenciais fuzzy), primeiramente estudadas por [26] e [57].

Na próxima seção são apresentados os conceitos fundamentais da teoria dos conjuntos fuzzy, que serão utilizados em capítulos posteriores.

2.2 Conceitos fundamentais da teoria de conjuntos fuzzy

Num conjunto clássico A , sabe-se dizer se um dado elemento $x \in A$ ou se $x \notin A$. Porém, existem inúmeras situações em que a relação de pertinência não é muito clara, como para conjuntos cuja fronteira não é bem definida. Por exemplo, dado o conjunto B ($B \subset \mathbb{R}$) dos números próximos de 0. Os números 0,1 e 0,9 pertencem a B ? A resposta a esta pergunta é incerta, pois não pode-se dizer com objetividade se um número está ou não próximo de 0. No entanto, pode-se dizer qual o elemento do conjunto universo \mathbb{R} que se enquadra “melhor” ao termo que caracteriza o conjunto B . Uma afirmação razoável, neste caso, é que 0,1 está mais próximo de 0 que 0,9. Assim, pode-se associar a 0,1 e 0,9 graus de pertinência compatíveis com o conceito que “caracteriza” o conjunto B .

Dessa forma, é possível imaginar uma infinidade de conceitos que possuem a característica de não estarem bem definidos em suas fronteiras. Por exemplo, o conjunto dos homens altos, o diagnóstico médico de um paciente, classificação de bactérias quanto à sua natureza vegetal ou animal, [3].

Para obter a formalização matemática de um conjunto fuzzy, Zadeh baseou-se no fato de que qualquer conjunto clássico pode ser representado por sua *função característica*, cuja definição é dada a seguir.

Definição 1 (Função característica) *Considere o conjunto universo U tal que $U \neq \emptyset$. Um conjunto $A \subset U$ tem associado, de maneira natural, sua função característica $\chi_A : U \rightarrow \{0, 1\}$, definida por:*

$$\chi_A(x) = \begin{cases} 1 & \text{se } x \in A \\ 0 & \text{se } x \notin A \end{cases}.$$

O domínio da função χ_A é o conjunto U , ao passo que sua imagem está contida no conjunto $\{0, 1\}$. Assim, a função característica descreve completamente o conjunto A ,

já que $\chi_A(x) = 1$ indica que o elemento x está em A e $\chi_A(x) = 0$, indica que x não é elemento de A .

2.2.1 Subconjuntos fuzzy

A intenção de Zadeh, ao definir subconjunto fuzzy, foi flexibilizar a pertinência de elementos aos conjuntos, criando a idéia de grau de pertinência. Dessa forma, um elemento poderia pertencer parcialmente a um dado conjunto. Ou seja, em seu artigo considerado o marco do nascimento da teoria de conjuntos fuzzy, [60] ampliou o contra-domínio da função característica χ_A , que é o conjunto $\{0, 1\}$ para o intervalo $[0, 1]$. Admitiu, portanto, que um elemento ao pertencer a um conjunto o faz com um determinado grau.

Definição 2 (Subconjunto fuzzy) *Seja \mathcal{U} um conjunto (clássico). Um subconjunto fuzzy \mathcal{F} de \mathcal{U} é caracterizado por uma função $\varphi_{\mathcal{F}} : \mathcal{U} \rightarrow [0, 1]$, pré-fixada, chamada função de pertinência do subconjunto fuzzy \mathcal{F} .*

Note que $\varphi_{\mathcal{F}} \in [0, 1]$ representa o grau de pertinência do elemento $x \in \mathcal{U}$ ao subconjunto fuzzy \mathcal{F} . Por outro lado, se $\varphi_{\mathcal{F}}(x) = 0$ tem-se que x não pertence a \mathcal{F} ; se $\varphi_{\mathcal{F}}(x) = 1$ diz-se que x pertence totalmente a \mathcal{F} e se $0 < \varphi_{\mathcal{F}}(x) < 1$ diz-se que x pertence parcialmente a \mathcal{F} . Nesse sentido, pode-se afirmar que um conjunto clássico (*conjunto crisp*) é um caso particular do subconjunto fuzzy, cuja função de pertinência $\varphi_{\mathcal{F}}$ é sua função característica $\chi_{\mathcal{F}}$. Com o intuito de simplificar o texto, o *subconjunto fuzzy* será referido por *conjunto fuzzy*.

Uma função de pertinência é uma função numérica gráfica ou tabulada, que atribui valores de pertinência fuzzy para valores de uma variável em seu conjunto universo. É importante observar que o universo de uma variável representa o intervalo numérico de todos os possíveis valores reais que uma variável específica pode assumir, [49]. As formas para as funções de pertinência são totalmente arbitrárias; sua escolha depende de fatores que estão relacionados com o contexto do problema a ser estudado.

Exemplo 2.2.1 (Números próximos de zero) *Seja o conjunto fuzzy B dos números próximos de 0. Neste caso, \mathbb{R} será o conjunto universo.*

Do ponto de vista apenas da teoria fuzzy, qualquer uma das funções de pertinência ilustradas na Figura 2.3 podem representar o conjunto fuzzy B .

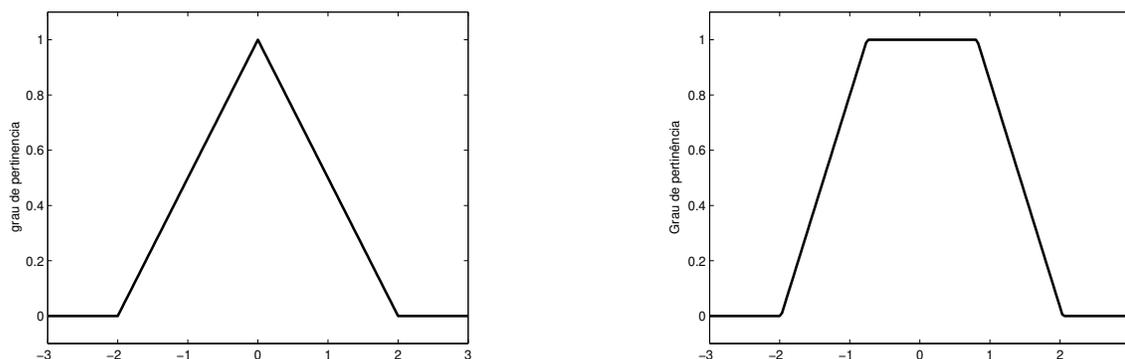


Figura 2.3: Representações do conjunto fuzzy “números próximos de zero”.

É claro que $\varphi_B(0) = 1$ significa que $x = 0$ pertence totalmente ao conjunto fuzzy B e cada vez que x esteja mais longe de zero seu grau de pertinência vai diminuindo simetricamente até anular-se fora do intervalo $[-2, 2]$.

Com essa escolha, se está aceitando que os elementos cuja distância a $x = 0$ é maior do que 2, são considerados definitivamente “longe” de zero.

É evidente que existem infinitos critérios diferentes de representar o mesmo conjunto fuzzy, mas a idéia central é que a função de pertinência tenha que refletir, da melhor maneira possível, as características mais relevantes do conjunto fuzzy que se deseja representar.

2.2.2 Operações entre conjuntos fuzzy

Como na lógica clássica, os operadores de intersecção e união correspondem respectivamente aos operadores lógicos de conjunção (e) e disjunção (ou). Aqui também

existem muitas formalizações matemáticas possíveis para esses operadores e a relação dual entre eles também se mantém, ou seja, a escolha de um operador conjunção “define” qual será o operador disjunção, e vice-versa. O par de operadores mais amplamente utilizado nas técnicas fuzzy são o operador *min* (mínimo) para a conjunção e o *max* (máximo) para a disjunção fuzzy.

Sejam \mathcal{F} e G dois conjuntos fuzzy num mesmo conjunto universo \mathcal{U} , com suas respectivas funções de pertinência indicadas por $\varphi_{\mathcal{F}}$ e φ_G .

Diz-se que \mathcal{F} é um subconjunto fuzzy de G ($\mathcal{F} \subset G$) se, e somente se, $\varphi_{\mathcal{F}}(x) \leq \varphi_G(x)$, $\forall x \in \mathcal{U}$. Ainda, diz-se que $\mathcal{F} = G$ se, e somente se, $\varphi_{\mathcal{F}}(x) = \varphi_G(x)$, $\forall x \in \mathcal{U}$. A função de pertinência do conjunto vazio \emptyset é indicada por $\varphi_{\emptyset}(x) = 0$ e do conjunto universo \mathcal{U} é indicada por $\varphi_{\mathcal{U}}(x) = 1 \quad \forall x \in \mathcal{U}$. Assim, pode-se dizer que $\emptyset \subset \mathcal{F}$ e que $\mathcal{F} \subset \mathcal{U}$ para todo \mathcal{F} .

Definição 3 (União, intersecção e complementar de conjuntos fuzzy) *As funções de pertinência que representam os conjuntos fuzzy união, intersecção e complementar de conjuntos fuzzy são dadas, respectivamente, por*

$$\varphi_{\mathcal{F} \cup G}(x) = \max\{\varphi_{\mathcal{F}}(x), \varphi_G(x)\},$$

$$\varphi_{\mathcal{F} \cap G}(x) = \min\{\varphi_{\mathcal{F}}(x), \varphi_G(x)\},$$

$$\varphi_{\mathcal{F}^c} = 1 - \varphi_G(x),$$

para todo $x \in \mathcal{U}$.

2.2.3 Níveis de um conjunto fuzzy

Um conjunto fuzzy \mathcal{F} de \mathcal{U} é formado por elementos de \mathcal{U} com uma certa ordem, que é traduzida através da classificação por graus. Um elemento x de \mathcal{U} está em uma classe se seu grau de pertinência é maior que um determinado valor limiar ou nível $\alpha \in [0, 1]$, que define aquela classe. O conjunto clássico de tais elementos é um α -nível de \mathcal{F} , denotado por $[\mathcal{F}]^\alpha$, [4].

Definição 4 (α -nível) *Sejam \mathcal{F} um conjunto fuzzy e $\alpha \in]0, 1]$. Um α -nível de \mathcal{F} é definido pelo conjunto*

$$[\mathcal{F}]^\alpha = \{x \in \mathcal{U}; \varphi_{\mathcal{F}}(x) \geq \alpha\}.$$

Definição 5 (Suporte de um conjunto fuzzy) *Suporte de um conjunto fuzzy \mathcal{F} são todos os elementos de \mathcal{U} que têm grau de pertinência diferente de zero em \mathcal{F} , denotado por $\text{supp}(\mathcal{F})$*

$$\text{supp}(\mathcal{F}) = \{x \in \mathcal{U}; \varphi_{\mathcal{F}}(x) > 0\} = [\mathcal{F}]^0.$$

2.2.4 Números fuzzy

De acordo com [29, 22] os *números fuzzy* foram “criados” para generalizar os números reais. Assim como no caso clássico, aqui também é necessário fazer “contas”. A diferença é que no caso fuzzy calculam-se quantidades imprecisas.

Definição 6 (Número fuzzy) *Um conjunto fuzzy A é chamado de número fuzzy quando o conjunto universo, na qual a função φ_A ($\varphi_A(x) : \mathbb{R} \rightarrow [0, 1]$) está definida, é o conjunto dos números \mathbb{R} e satisfaz as condições:*

- (i) *todos os α -níveis de A são não vazios ($[A]^\alpha \neq \emptyset$), com $0 \leq \alpha \leq 1$;*
- (ii) *todos os α -níveis de A são intervalos fechados de \mathbb{R} ;*
- (iii) *$\text{supp}A = \{x \in \mathbb{R} : \varphi_A(x) > 0\} = [A]^0$ é limitado.*

Todo número real r é um número fuzzy particular, cuja função de pertinência é a sua função característica:

$$\chi_r(x) = \begin{cases} 1 & \text{se } x = r \\ 0 & \text{se } x \neq r \end{cases}.$$

2.2.5 Conectivos lógicos

No desenvolvimento deste trabalho serão apresentadas informações da forma: “Se x é A e y é B , então z é C ou z é D ”. Para traduzir essas sentenças para a linguagem matemática, é necessário modelar os conectivos “e” e “ou”, bem como a condição “Se...então...”. Existem inúmeras formas de modelar tais conectivos, visto que eles possuem domínios dependentes, ou seja, variam de acordo com a área estudada.

Os modelos para os conectivos a serem tratados a seguir podem ser vistos como uma extensão dos conectivos lógicos usados na teoria clássica. Primeiramente, considera-se o conectivo “e”, denotando por *norma triangular* ou simplesmente *t-norma* a família das possíveis operações que modelam esse conectivo. Adota-se como notação genérica o símbolo Δ , assim $x\Delta y$.

Definição 7 (t-norma) *A operação binária $\Delta : [0, 1] \times [0, 1] \rightarrow [0, 1]$ é uma t-norma se satisfaz as seguintes condições:*

- (i) *Condições de fronteira: $1\Delta x = x$;*
- (ii) *Comutatividade: $x\Delta y = y\Delta x$;*
- (iii) *Associatividade: $x\Delta(y\Delta z) = (x\Delta y)\Delta z$;*
- (iv) *Monotonicidade: se $x \leq y$ e $z \leq w$ então $x\Delta z \leq y\Delta w$.*

Análoga à construção das t-normas, numa modelagem para o termo “ou”, denota-se por *conorma triangular* ou simplesmente *t-conorma* a família dessas operações. Adota-se como notação genérica o símbolo ∇ , e escreve-se $x\nabla y$.

Definição 8 (t-conorma) *A operação binária $\nabla : [0, 1] \times [0, 1] \rightarrow [0, 1]$ é uma t-conorma se satisfaz as seguintes condições:*

- (i) *Condições de fronteira: $0\nabla x = x$;*
- (ii) *Comutatividade: $x\nabla y = y\nabla x$;*

(iii) *Associatividade*: $x \nabla (y \nabla z) = (x \nabla y) \nabla z$;

(iv) *Monotonicidade*: se $x \leq y$ e $z \leq w$ então $x \nabla z \leq y \nabla w$.

Claramente, o operador \min ($\Delta(x, y) = \min\{x, y\} = x \wedge y$) é uma *t-norma* e o operador \max ($\nabla(x, y) = \max\{x, y\} = x \vee y$) é uma *t-conorma*. Assim as t-normas e t-conormas são úteis para dar base teórica aos sistemas baseados em regras fuzzy, que serão as principais ferramentas da lógica fuzzy utilizadas neste trabalho.

2.2.6 Relações fuzzy

As relações fuzzy são, assim como os conjuntos fuzzy, uma generalização das relações clássicas. Uma relação clássica descreve a inter-relação entre dois ou mais objetos e seu conceito é formalizado a partir da teoria de conjuntos. De maneira geral, quando optamos pela teoria dos conjuntos fuzzy, a relação será *fuzzy* e quando optamos pela teoria clássica de conjuntos a relação será *crisp*. A adoção do tipo de relação depende muito do fenômeno estudado. Porém, a adoção da teoria dos conjuntos fuzzy tem sempre maior robustez no sentido que esta inclui a teoria clássica de conjuntos, [4].

Definição 9 (Relação clássica) *Uma relação clássica R , sobre $U_1 \times U_2 \times \dots \times U_n$, é qualquer subconjunto (clássico) do produto cartesiano $U_1 \times U_2 \times \dots \times U_n$. Se o produto cartesiano for formado por apenas dois conjuntos, $U_1 \times U_2$, a relação é chamada de binária sobre $U_1 \times U_2$.*

Como a relação R é um subconjunto do produto cartesiano, então ela pode ser representada por sua função característica χ_R , da seguinte forma:

$$\chi_R(x_1, x_2, \dots, x_n) = \begin{cases} 1 & \text{se } (x_1, x_2, \dots, x_n) \in R \\ 0 & \text{se } (x_1, x_2, \dots, x_n) \notin R \end{cases}.$$

Definição 10 (Relação fuzzy) *Uma relação fuzzy R , sobre $U_1 \times U_2 \times \dots \times U_n$, é qualquer subconjunto fuzzy de $U_1 \times U_2 \times \dots \times U_n$. Se o produto cartesiano for formado por apenas dois conjuntos, $U_1 \times U_2$, a relação é chamada de fuzzy binária sobre $U_1 \times U_2$.*

Se a função de pertinência da relação fuzzy R for indicada por φ_R , então o número $\varphi_R(x_1, x_2, \dots, x_n) \in [0, 1]$ indica o grau com que os elementos x_i , que compõem a n -upla (x_1, x_2, \dots, x_n) , estão relacionados segundo a relação R. Esta é uma das vantagens em se optar pela relação fuzzy, pois enquanto a relação clássica diz apenas se os elementos estão ou não relacionados entre si, a relação fuzzy binária diz ainda o grau dessa relação.

Definição 11 (Produto Cartesiano) *O produto cartesiano fuzzy dos conjuntos fuzzy A_1, A_2, \dots, A_n de U_1, U_2, \dots, U_n , respectivamente, é a relação fuzzy $A_1 \times A_2 \times \dots \times A_n$ representada pela função de pertinência*

$$\varphi_{A_1 \times A_2 \times \dots \times A_n}(x_1, x_2, \dots, x_n) = \varphi_{A_1}(x_1) \wedge \varphi_{A_2}(x_2) \wedge \dots \wedge \varphi_{A_n}(x_n),$$

onde \wedge representa o mínimo.

O produto cartesiano entre conjuntos fuzzy é uma relação fuzzy sobre $U_1 \times U_2 \times \dots \times U_n$ de grande utilidade, principalmente nos sistemas fuzzy, a serem apresentados a seguir.

2.2.7 Sistemas Baseados em Regras Fuzzy

Os sistemas fuzzy são, em geral, o resultado de uma generalização dos sistemas clássicos, ou seja, nessa abordagem os conceitos nebulosos (incertos) são incorporados a esses sistemas. Uma característica central dos sistemas fuzzy é que eles são baseados no conceito de partição fuzzy das informações. A utilização de conjuntos fuzzy permite uma generalização da informação, que está associada com a introdução da imprecisão, do desconhecimento dos fenômenos. Em essência, a representação da informação nos sistemas fuzzy procura imitar o processo de raciocínio humano, considerando conhecimentos heurísticos e cruzando informações desconectadas *a priori*, [45].

Os sistemas baseados em regras fuzzy têm como base um conjunto de regras do tipo Se-Então, cujos predicados são subjetivos. Neste tipo de sistemas, as quantidades estão associadas a termos lingüísticos, sendo o sistema fuzzy essencialmente uma expressão

qualitativa do fenômeno em estudo. Esse tipo de sistema é baseado na utilização da linguagem natural para descrever o comportamento dos fenômenos.

Os termos lingüísticos são usados para expressar conceitos e conhecimentos na comunicação humana, e em muitas áreas eles são uma forma importante de quantificar os dados. O uso de termos lingüísticos é freqüente no cotidiano de cada pessoa. Diz-se que “O dia está muito quente”, “O ônibus estava lotado”, “Tal pessoa é alta, magra” etc. Todos estes termos possuem um significado e transmitem informação.

Definição 12 (Variável lingüística) *Uma variável lingüística fuzzy X num conjunto universo U é uma variável cujos valores são expressos qualitativamente por termos lingüísticos e quantitativamente por uma função de pertinência. Ou seja, é uma variável cujos valores assumidos por ela são subconjuntos fuzzy de U .*

Uma variável lingüística é caracterizada por: nome da variável (temperatura, pressão, febre, etc.); conjunto de termos lingüísticos (elevado, baixo, pouco, extenso, etc.); domínio (Universo) de valores da variável sobre o qual o significado do termo lingüístico é determinado.

A Figura 2.4 ilustra um exemplo de variável lingüística, cujo nome é *Febre*. Seus termos lingüísticos são *baixa*, *média* e *alta*, o domínio é o intervalo $[36, 40]$ e cada termo lingüístico tem a ele associado um conjunto fuzzy que o caracteriza.

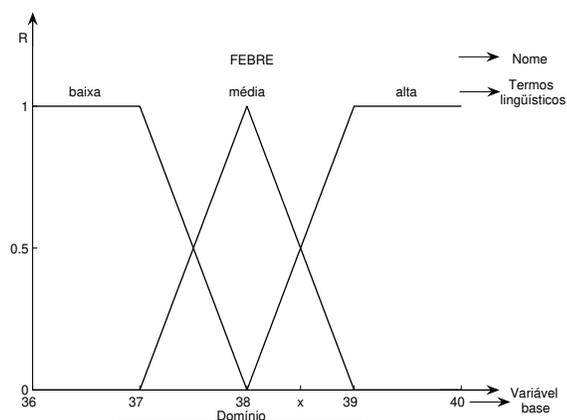


Figura 2.4: Exemplo de variável lingüística.

É importante notar que a variável lingüística é expressa em termos de uma variável básica, ou seja, dentro de um certo domínio de valores, que denota a sua medida. No exemplo descrito na Figura 2.4, a *febre* é medida em graus centígrados (temperatura). Esta medida pode ser quantitativa, no caso em que é possível o uso de aparelhos de medida. Em geral, é o especialista que define o domínio da variável e realiza sua partição fuzzy. Nesse contexto, o papel do especialista torna-se fundamental na modelagem fuzzy, particularmente em alguns modelos de epidemiologia, [45, 39].

Definição 13 (Regras fuzzy) *São estruturas da forma **Se** {antecedentes} **Então** {conseqüentes} utilizadas para descrever situações específicas que podem ser submetidas à análise de um painel de especialistas e, cuja inferência conduz a algum resultado desejado.*

Os antecedentes definem uma região fuzzy no espaço das variáveis de entrada do sistema e descrevem uma condição (premissa), enquanto os conseqüentes definem uma região no espaço das variáveis de saída do sistema e descrevem uma conclusão ou uma ação que pode ser esboçada quando as premissas se verificam.

A regra fuzzy é uma unidade capaz de capturar algum conhecimento específico. Um conjunto de regras (ou Base de Regras) é capaz de descrever um sistema em suas várias possibilidades, cumprindo o papel de “traduzir” matematicamente informações que formam a base de conhecimentos do sistema fuzzy.

Os sistemas baseados em regras fuzzy (SBRF), nesse caso denominados Controladores Fuzzy, possuem quatro módulos: módulo de fuzzificação; módulo da base de regras lingüísticas; módulo de inferência fuzzy e módulo de defuzzificação. Estes módulos estão conectados conforme indicado na Figura 2.5.

1. **Módulo de Fuzzificação:** Neste módulo, as entradas do sistema são traduzidas em conjuntos fuzzy de acordo com seus respectivos domínios. É nele que se justifica a grande importância do fenômeno a ser modelado. Juntamente com os especialistas, as funções de pertinência são formuladas para cada conjunto fuzzy envolvido no processo. Observe-se que, mesmo que a entrada seja crisp, essa será fuzzificada por meio de sua função característica.

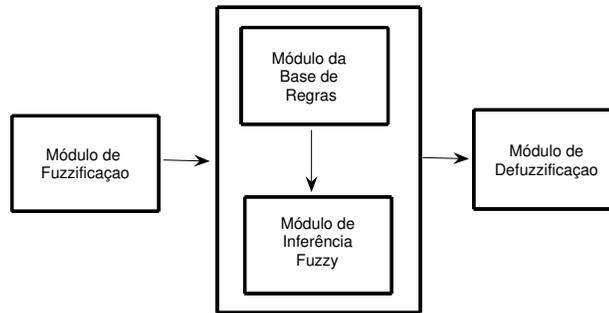


Figura 2.5: Esquema geral de um SBRF.

2. Módulo da Base de Regras Fuzzy

Este pode ser considerado como um módulo que faz parte do “núcleo” do controlador fuzzy. Ele é composto por uma coleção de proposições (regras) fuzzy na forma “Se...Então...”. Cada uma destas proposições pode, por exemplo, ser descrita lingüisticamente de acordo com o conhecimento de um especialista. A base de regras descreve relações entre as variáveis lingüísticas, para serem utilizadas no módulo de inferência fuzzy.

3. **Módulo de Inferência Fuzzy:** É neste módulo que cada proposição fuzzy é “traduzida” matematicamente por meio das técnicas da lógica fuzzy. É onde se define quais t-normas, t-conormas e regras de inferência (que podem ou não ser implicações fuzzy) serão utilizadas para se obter a relação fuzzy que modela a base de regras. Este módulo tem tanta importância quanto o módulo da base de regras. É basicamente dele que depende o sucesso do controlador fuzzy, já que ele fornecerá a saída (controle) fuzzy a ser adotada pelo controlador, a partir de cada entrada.

- **Método de Inferência de Mamdani:** É o método baseado na regra de composição de inferência *max-min*. Uma regra *Se* (antecedente) *então* (consequente) é

definida pelo produto cartesiano fuzzy que compõe o antecedente e o conseqüente da regra. O método de Mamdani agrega as regras através do conectivo lógico OU, que é modelado pelo operador máximo (*max*) e, em cada regra, o conectivo lógico E é modelado pelo operador mínimo (*min*). Ou seja, para o conectivo lógico E adota-se a *t*-norma e para o conectivo lógico OU adota-se a *t*-conorma que conecta as regras fuzzy da base de regras.

4. **Módulo de Defuzzificação:** Na teoria dos conjuntos fuzzy, a defuzzificação é um processo que permite representar um conjunto fuzzy por um valor crisp (número real). Em sistemas fuzzy, em geral a saída é um conjunto fuzzy. Assim deve-se escolher um método para defuzzificar a saída e obter um número real que a represente.

- **Defuzzificador Centro de Massa**

Este método, também denominado Centro de Gravidade, Centróide ou Centro de Área, é semelhante à média aritmética para uma distribuição de dados, com a diferença que os pesos aqui são os valores $\varphi_B(y_i)$ que indicam o grau de compatibilidade do valor y_i , com o conceito modelado pelo conjunto fuzzy B. O centro de massa dá a média das áreas de todas as figuras que representam os graus de pertinência de um subconjunto fuzzy. Entre todos os métodos de defuzzificação ele é o mais preciso e preferido, mesmo sendo o mais complicado.

Para um domínio discreto tem-se: $G(B) = \frac{\sum_{i=0}^n y_i \varphi_B(y_i)}{\sum_{i=0}^n \varphi_B(y_i)}$. Para um domínio contínuo tem-se: $G(B) = \frac{\int_{\mathbb{R}} y \varphi_B(y) dy}{\int_{\mathbb{R}} \varphi_B(y) dy}$.

Exemplo 2.2.2 *Para representar um sistema baseado em regras fuzzy com essa metodologia, consideram-se duas regras genéricas, cada uma com duas entradas e uma saída:*

Regra 1: *Se x_1 é A_1 e x_2 é B_1 então y é C_1*

Regra 2: *Se x_1 é A_2 e x_2 é B_2 então y é C_2*

A Figura 2.6 ilustra o Exemplo 2.2.2, isto é, descreve como a saída real y do sistema de inferência tipo Mamdani é gerada, a partir das entradas x_1 e x_2 reais e a regra de composição *max-min*. A saída $y \in \mathbb{R}$ é obtida pela defuzzificação do conjunto fuzzy de saída $C = C1' \cup C2'$. O método de defuzzificação utilizado foi o Centro de Massa $G(C)$.

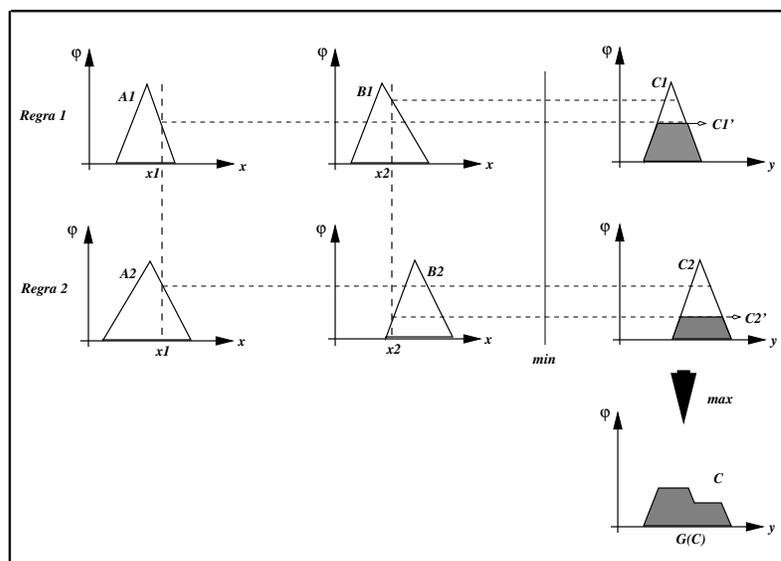


Figura 2.6: Método de Mamdani com composição *max-min*.

Ao leitor interessado em maiores detalhes sobre a teoria dos conjuntos fuzzy, indica-se [4, 2, 22].

Capítulo 3

Alguns modelos matemáticos aplicados à febre aftosa

3.1 Introdução

Por um longo período da história a febre aftosa tem sido uma das doenças de maior importância do ponto de vista econômico, justificando a preocupação por sua presença em mais de dois terços dos países membros da Organização Internacional de Epizootias (OIE). A estreita relação existente entre os perfis de saúde animal, principalmente no que diz respeito à febre aftosa, e a organização sócio-econômica da produção pecuária, com a estrutura econômica e social da comunidade, faz com que os problemas de saúde animal sejam quantificados pelos seus efeitos desfavoráveis, sobre diversos aspectos do setor pecuário, bem como sobre outros setores da sociedade. Como áreas de impactos, levando-se em consideração os problemas inerentes à febre aftosa, pode-se relacionar: a produção e produtividade pecuária; os investimentos na pecuária; o comércio pecuário seja de animais ou de produtos, dentro ou fora do país e a saúde pública.

Dada a importância sócio-econômica e ambiental dessa epidemia, autores como [23, 14, 54, 13, 41], entre outros, representaram a dinâmica espacial e temporal da febre

aftosa por meio de modelos envolvendo metodologias variadas, desde as mais clássicas como as equações diferenciais parciais, às não tão clássicas, como autômato celular e teoria de conjuntos fuzzy.

Nesse capítulo, serão brevemente descritas algumas informações referentes aos modelos propostos pelos autores citados acima para, posteriormente, abstrair idéias que darão embasamento ao trabalho dessa tese.

3.2 “Dinâmica espacial da febre aftosa em bovinos: um modelo matemático” (Ferreira, 2000)

Inicia-se considerando o modelo matemático de [23], que inspirado no modelo proposto por [44], para estudar o espalhamento espacial da raiva epidêmica em raposas, propôs um modelo compartimental do tipo SIR (suscetíveis, infectados, recuperados), incorporando a dimensão espacial por meio da utilização da equação de difusão na classe de infectados. Para representar a dinâmica da doença, Ferreira considerou:

1. A transmissão do vírus apenas por contato direto entre um indivíduo infectado e um suscetível, de forma que uma proporção β (coeficiente de transmissão) dos contatos entre animais suscetíveis e infectados produzem indivíduos novos infectados;
2. O indivíduo, uma vez infectado, pode morrer em decorrência da febre aftosa a uma taxa α ; pode recuperar-se da infecção a uma taxa δ , tornando-se imune e saindo do compartimento I para R, ou pode ser descartado a uma taxa b ;
3. O animal recuperado pode perder a imunidade a uma taxa γ , tornando-se suscetível e retornando ao compartimento S, ou pode ser descartado a uma taxa b ;
4. A reposição dos animais realizada a uma taxa a aplicada a todos os compartimentos, independente da condição do animal;

5. Taxa de descarte em vez de taxa de mortalidade, tendo em vista que o animal é descartado antes que ocorra a morte natural.

Dessa forma, para representar a dinâmica da doença, [23] propôs um modelo de Equações Diferenciais Parciais, conforme o sistema (3.1):

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t} = aS - \left[b + (a - b)\frac{N}{K} \right] S - \beta SI + \gamma R \\ \frac{\partial I}{\partial t} = (a - \delta - \alpha)I - \left[b + (a - b)\frac{N}{K} \right] I + \beta SI + D\nabla^2 I \\ \frac{\partial R}{\partial t} = (a - \gamma)R - \left[b + (a - b)\frac{N}{K} \right] R + \delta I, \end{cases} \quad (3.1)$$

onde a população total é dada por $N = S + I + R$ e $\nabla^2 = \Delta$ (Laplaciano).

Os parâmetros constantes α , γ e δ foram estimados pelo autor, a partir de dados obtidos na literatura, os quais estão representados na Tabela 3.1, extraída de [23].

Tabela 3.1: Valores das constantes utilizadas no modelo, estimadas com base em informações obtidas na literatura.

Taxa	Constante	Valor (dia ⁻¹)	Fonte
Mortalidade pela febre Aftosa	α	0,0020	THOMSON, 1994
Perda de Imunidade	γ	0,0027	FENER e col., 1992
Recuperação da Febre Aftosa	δ	0,1	MANN e SELLERS, 1990

Fonte: [23]

A estimativa do parâmetro $a = 47,1 \times 10^{-5} \text{dia}^{-1}$ foi realizada com base em dados fornecidos por [48] e, o valor de $b = 39,1 \times 10^{-5} \text{dia}^{-1}$ foi obtido como sendo o inverso da expectativa média de vida do animal, que é de 7 anos. A capacidade suporte $K = 22,93 \text{ animais} \times Km^2$, foi determinada considerando-se a estabilidade da população bovina no Estado de Santa Catarina no período de 1972 a 1991, com dados produzidos por [38].

O coeficiente de transmissão $\beta = 0,0675 Km^2/\text{dia}$ foi estimado fazendo-se $\beta = \frac{\alpha + a + \delta}{KS^*} - \frac{a}{K}$, onde S^* representa a proporção de indivíduos suscetíveis quando a doença atinge o equilíbrio (o agente infectado transmite a doença para um indivíduo suscetível

durante o período de infecção, $R_0 S = 1$). E por fim, para estimar o coeficiente de difusão $D = 0,3192 \text{ Km}^2 \times \text{dia}^{-1}$, Ferreira baseou-se na distribuição percentual do tamanho das propriedades rurais (em ha), do Estado de Santa Catarina-Brasil, no ano de 1984.

Ferreira validou o modelo considerando dados da epidemia ocorrida no ano de 1990 no Estado de Santa Catarina. Com a implementação do sistema (3.1), considerando a variável espacial em duas dimensões e fazendo uso dos parâmetros acima citados, o autor obteve resultados importantes, a partir dos quais estimou a taxa de reprodutividade basal para a febre aftosa $R_0 = 15$. Obteve ainda uma estimativa para a velocidade mínima de propagação da epidemia e a zona de bloqueio vacinal

3.3 “The role of spatial mixing in the spread of foot-and-mouth disease” (Chowell et al, 2006.)

Com base nos dados da epidemia da febre aftosa ocorrida em 2001, no Paraguai, [14] exploraram a validade de um modelo não-espacial em relação a um modelo espacial, representados, respectivamente, pelos sistemas (3.2) e (3.3). Em ambos os modelos, consideraram a população em estudo dividida em fazendas com animais suscetíveis, vacinados, latentes, infectados, recuperados e protegidos.

A dinâmica espacial foi incluída no modelo (3.3) através da taxa de transmissão da epidemia inter-cidades $\beta_{ij}(t) = \beta(t)e^{-qd_{ij}}$, que é espacialmente dependente, uma vez que reinterpreta a distância d_{ij} entre as cidades i e j como uma medida de influência no panorama de migração. A taxa de transmissão da epidemia foi modelada em dois momentos: antes da intervenção de controle (vacinação) e após a intervenção. O decrescimento exponencial de $\beta_{ij}(t)$, com relação à distância euclidiana (d_{ij}) entre as cidades i e j , ocorre pelo fato das cidades mais distantes não compartilharem das mesmas rotas de vetores responsáveis pelo espalhamento da epidemia, segundo os autores. Neste modelo, $\beta(t)$ denota a razão média de transmissão das fazendas em cada cidade, no tempo

t e o parâmetro q (em km) denota a extensão média local de espalhamento.

A população em estudo foi representada pelo número de fazendas por município, as quais foram classificadas como suscetíveis (S); vacinadas (V); latentes (L); infectadas (I); isoladas (J) e protegidas (P). Os modelos são descritos pelos sistemas (3.2) e (3.3), com $N = S + V + L + I + J + P$ constante, indicando o número total de fazendas. Os autores não consideraram dinâmica vital e perda de imunidade nos modelos.

- Modelo não espacial

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\frac{\hat{\beta}(t)S(t)I(t)}{N} - \hat{\nu}S, & \dot{V}(t) &= \hat{\nu}S - \frac{\hat{\beta}(t)V(t)I(t)}{N} - \hat{\mu}V, \\ \dot{L}(t) &= \hat{\beta}(t)\frac{(S(t) + V(t))I(t)}{N} - \hat{k}L(t), & \dot{I}(t) &= \hat{k}L(t) - \hat{\alpha}I(t), \\ \dot{J}(t) &= \hat{\alpha}I(t), & \dot{P}(t) &= \hat{\mu}V(t),\end{aligned}\tag{3.2}$$

onde os parâmetros $\hat{\beta}(t)$, $\hat{\alpha}(t)$, $\hat{\nu}(t)$ e $\hat{\mu}(t)$ dependem do tempo.

- Modelo espacial

$$\begin{aligned}\dot{S}_i &= -S_i(t) \sum_{j=1}^n \beta(t)I_j(t) - \mu(t)S_i(t), & \dot{V}_i &= \nu(t)S_i(t) - V_i(t) \sum_{j=1}^n \beta(t)I_j(t) - \mu(t)V_i(t), \\ \dot{L}_i &= (S_i(t) + V_i(t)) \sum_{j=1}^n \beta_{ij}(t)I_j(t) - k(t)L_i(t), & \dot{I}_i &= k(t)L_i(t) - \alpha(t)I_i(t), \\ \dot{J}_i &= \alpha(t)I_i(t), & \dot{P}_i &= \mu(t)V_i(t),\end{aligned}\tag{3.3}$$

onde S_i , V_i , L_i , J_i , P_i denotam, respectivamente, o número de fazendas suscetíveis; vacinadas; latentes; infectadas; isoladas e protegidas nas cidades i ($i = 1, 2, \dots, n$). Os parâmetros $\beta(t)$, $\alpha(t)$, $\nu(t)$ e $\mu(t)$ dependem do tempo. Com isso foi possível adotar medidas de controle da epidemia em tempos diferentes.

Os autores observaram diferenças significantes entre os modelos, antes e depois de implantadas políticas de controle (barreiras de movimento de animais e aplicação de vacinas). No modelo espacial (3.3), as taxas de transmissão diminuiram significativamente após as intervenções, ou seja, de $\beta_0 = 0,33$ obtida antes das intervenções para $\beta = 0,10$

após as intervenções. Revelando dois picos da epidemia, em aproximadamente 18 e 28 dias, ajustando-se satisfatoriamente ao número cumulativo de fazendas infectadas da epidemia ocorrida em 2001, no Paraguai. Já no modelo não-espacial (3.2), ocorreu apenas um pico em aproximadamente 25 dias, sem o ajuste satisfatório do número cumulativo de fazendas infectadas da mesma epidemia.

3.4 “Um modelo matemático para a dispersão da febre aftosa em bovinos” (Cavalin, 2004)

No trabalho de [13], a dinâmica da epidemia da febre aftosa, ocorrida no Estado do Rio Grande do Sul em 2000, é analisada a partir de um modelo baseado em autômato celular. O modelo do tipo SIR permite estimar os padrões de espalhamento espacial e a velocidade de propagação de uma doença, como também faz avaliações sobre a extensão ideal de uma zona de bloqueio eficiente para o controle da enfermidade.

No modelo, os indivíduos são representados em um reticulado bidimensional com coordenadas inteiras. Cada célula do reticulado representa um indivíduo que pode assumir três estados: suscetível (S), infectado (I) ou recuperado (R). A vizinhança de cada célula é constituída pelos oito vizinhos mais próximos.

O autor considerou dois tipos de contatos: os locais, nos quais um indivíduo mantém contato com seus oito vizinhos mais próximos, acontecendo a cada iteração, e os não locais, os quais permitem a representação de diversos fenômenos, tais como a propagação do agente infectante através do sistema viário, correntes de ar, e transporte por meio de outros vetores. Os contatos podem acontecer com qualquer indivíduo dentro de uma circunferência de raio L_{max} . Essa distância, ilustrada pela Figura 3.1, é escolhida para cada indivíduo que tiver contato não local confirmado a cada iteração.

A probabilidade de cada indivíduo suscetível se tornar infectado é dada por $p = 1 - (1 - q)^{C_{i,j}^t}$, onde $C_{i,j}^t = N_l + N_{nl}$, que representa o número total de contatos,

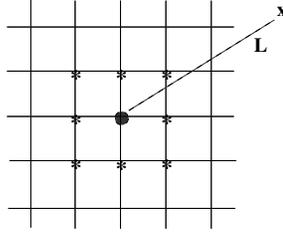


Figura 3.1: Contatos locais com oito vizinhos mais próximos e contato não local a uma distância L .

locais e não locais, que o indivíduo na posição (i, j) estabelece com indivíduos infectados durante a iteração t , e q é a probabilidade de um infectado infectar um suscetível. Ainda, a cada iteração, uma fração μ de infectados se recupera, torna-se imune e passa a fazer parte do compartimento dos recuperados. O modelo não considera dinâmica vital e perda de imunidade.

O modelo de [13] é estocástico, na medida em que cada evento tem uma probabilidade de ocorrer. Para a obtenção de uma função de distribuição de probabilidade da ocorrência de infecção foi utilizado o Método de Monte Carlo.

Para as simulações, o autor considerou toda a população bovina suscetível, com exceção de um único infeccioso no centro do reticulado. Considerou, ainda, as constantes $\mu = 0,1 \text{ dia}^{-1}$, $R_0 = 15$ e a taxa de transmissão $\beta = 0,066$ obtidas de [23]. Num dos importantes resultados obtidos está a velocidade de propagação da epidemia.

Os resultados obtidos através das simulações, entre eles a velocidade de propagação da epidemia, segundo a autora, são coerentes com os dados reais da doença em estudo. Os contatos não locais permitem verificar que os mesmos exercem um papel de importância na dinâmica espacial da doença, visto que esta se espalha mais rapidamente em função destes contatos.

3.5 “Um estudo de autômatos celulares com parâmetros fuzzy para a dispersão da febre aftosa em bovinos no Mato Grosso do Sul” (Missio e Barros, 2006)

Com base em trabalhos de [54, 13, 50], [41] propõem um modelo para estudar a evolução da febre aftosa em bovinos no Estado de Mato Grosso do Sul. Assim como nos modelos propostos pelos autores acima, foi utilizado neste estudo um modelo matemático discreto de autômato celular, com dinâmica do tipo SIR.

A transmissão da febre aftosa de um animal infectado para um suscetível pode ocorrer independentemente de existir o contato direto entre eles. Existe a possibilidade de ocorrer a transmissão da doença também por contato indireto, ou seja, pelo contato do animal suscetível com pessoas, objetos, animais silvestres, água ou o próprio ambiente quando contaminados com o vírus, tendo em vista que este é altamente resistente no meio ambiente e pode ser transportado, de forma involuntária, de um local para outro da fazenda por estes vetores. Assim, com o propósito de agregar ao modelo a forma de transmissão indireta, considerou-se, como em [54], dois tipos de proximidades: vizinhança local, que inclui os oito indivíduos geometricamente mais próximos e contatos não locais, considerados aleatórios, que podem ocorrer entre indivíduos que se encontrem a uma distância L .

O número médio de contatos não locais (N_{cnl}) que um animal infectado faz num intervalo de tempo Δt é dado pela fração p_{nl} de animais suscetíveis distantes a um raio L do animal infectado. Sendo L a distância média que o vírus da febre aftosa percorre ao ser deslocado por vetores como: homem, animais silvestres, pássaros e veículos. Desta forma, o número total de contatos que um animal faz num intervalo de tempo Δt é dado por: $N_c = N_{cl} + N_{cnl}$, onde N_{cl} é igual à vizinhança estritamente local, composta por

8 células. O parâmetro $q = \frac{\mu R_0}{N_c}$ define a probabilidade de que cada contato entre um animal infectado e um suscetível resulte em transmissão da doença.

Portanto as probabilidades de transição de estados são:

- $P = 1 - (1 - q)^{N_c} \Rightarrow$ probabilidade de transição do estado de suscetível para infectado;
- $\mu \Rightarrow$ probabilidade de transição do estado de infectado para recuperado.

A principal distinção desse modelo para os modelos de [54, 13] está na forma de propor os contatos não locais, no que tange ao parâmetro L . [41] definiram L por meio de um modelo fuzzy, ao passo que [54, 13] propuseram modelos estocásticos realizando um sorteio, baseado na probabilidade de ocorrência dos contatos não locais (p_{nl}), que define se haverá ou não contato não local. Em caso afirmativo, é feito um segundo sorteio para definir a distância L . Este sorteio considera a curva normal como curva de distribuição das probabilidades de ocorrência de cada distância L . Obtido este valor, é feito outro sorteio que define a posição em que ocorrerá o contato.

Por outro lado, [41], pressupuseram que a diversidade de incertezas agregadas aos fatores socioeconômicos e ambientais, além dos fatores epidemiológicos, são determinantes na disseminação da febre aftosa. Neste sentido, propuseram agregar estas incertezas ao modelo pelo parâmetro L por meio de um Sistema Baseado em Regras Fuzzy (SBRF), descrito na seção seguinte.

3.5.1 Modelo fuzzy para o parâmetro L

Neste modelo, tomou-se como ponto de partida a hipótese de que a conduta espacial da febre aftosa está relacionada com as diversas formas de organização da produção animal. Estas formas permitem estabelecer relações causa-efeito no âmbito da pecuária, entre elas as do tipo epidemiológico.

A fim de elucidar a relação de causa-efeito, anteriormente citada, [41] consideraram trabalhos de diversos autores, como [38, 43, 35].

Segundo [38] existe uma estreita relação entre as formas de organização da produção pecuária e a conduta de apresentação da febre aftosa. [43] adverte para a importância em integrar variáveis econômicas e biológicas para o estudo da febre aftosa em bovinos, baseando-se nos trabalhos de [51] e [36]. O primeiro trata do estudo sobre o comportamento da febre aftosa relacionado às formas de produção e comercialização da pecuária bovina de corte no Triângulo Mineiro, ao passo que o segundo faz uso da análise sobre o comportamento da doença associado às características sócio-econômicas que o condicionam, para redefinir as áreas endêmicas primárias da enfermidade na região. Ainda, [35] destaca a importância da forma de organização da produção e da movimentação dos animais na difusão da doença.

Diante do trabalho desses autores, [41] elaboraram algumas variáveis lingüísticas, as quais, pressupondo que estão diretamente ligadas à estrutura sócio-econômica e geográfica do estabelecimento onde se encontra o animal infectado, propuseram o parâmetro L dependente dessas variáveis, a fim de agregar ao modelo características típicas das regiões em estudo, por meio de um Sistema Baseado em Regras Fuzzy. Ou seja, realizaram $L = L(\mathcal{EP}, \mathcal{CB}, \mathcal{CP}, \mathcal{AS})$, em que \mathcal{EP} , \mathcal{CB} , \mathcal{CP} e \mathcal{AS} são as variáveis de entrada do SBRF com as respectivas indicações:

1. *Estrutura de produção (\mathcal{EP})*: determina o tipo de atividade econômica da bovinocultura, e é composta pelos seguintes termos lingüísticos:
 - (a) *Pecuária de subsistência*: representado por minifúndios de baixa produtividade ou minifúndios comunitários, os quais apresentam uma maior produtividade com a utilização de pastos comuns para os animais.
 - (b) *Transformação para leite*: representado por estabelecimentos dedicados à exploração de vacas para a produção leiteira, intensiva ou semi-intensiva, que se encontra em áreas geográficas próximas aos centros de industrialização. Os rebanhos são pequenos ou médios com renovação populacional lenta.

- (c) *Transformação para carne*: representado por regiões de recria ou engorda semi-intensiva. Geralmente ocupa áreas de pastos naturais, próximos aos centros de industrialização e consumo com intensa movimentação de animais, tanto dos que chegam das áreas de cria ou produtoras de leite, tanto dos que saem com destino a frigoríficos, leilões, feiras ou outros pontos de comercialização.
- (d) *Pecuária extrativa*: representado por regiões de cria extensiva de bovinos com predomínio de raças ou cruzamentos produtores de carne. Caracteriza-se por grandes propriedades exportadoras de bezerros ou novilhos. Apresenta uma população animal estável com grandes rebanhos.
2. *Comercialização de bovinos (CB)*: consiste na relação de troca existente entre as diferentes partes que compõem o processo de produção bovina. A dinâmica da comercialização pode ser influenciada por fatores socioeconômicos e geopolíticos, como por exemplo, a proximidade geográfica com frigoríficos, a presença de mercado consumidor e a valorização do produto em diferentes mercados e épocas. A comercialização está diretamente ligada à intensidade de trânsito bovino e de seus subprodutos, a qual é reconhecida historicamente como uma das principais formas de difusão da febre aftosa. Desta forma, a variável foi representada pelo conjunto fuzzy $\{baixo, médio, alto\}$, indicando a densidade de animais comercializados pelo estabelecimento com relação ao número de animais existentes no seu município.
3. *Capacitação pessoal (CP)*: representa o envolvimento e a capacidade das pessoas que lidam diariamente com os animais em entender e identificar as implicações ambientais da atividade pecuária e reconhecer a necessidade de adotar medidas de prevenção e controle para impedir a disseminação da febre aftosa. Nesse sentido, [10] menciona que: “Todo médico veterinário, proprietário, transportadores de animais ou qualquer outro cidadão que tenha conhecimento ou suspeita da ocorrência de febre aftosa ou doença com quadro clínico similar, fica obrigado a comunicar o fato ao serviço oficial, nas primeiras quarenta e oito horas da ocorrência,(...)”. Portanto, entendendo que o desafio maior é a educação dos produtores, sua conscientização,

esclarecimento no controle da disseminação da doença, os autores optaram por qualificar a variável pelos termos lingüísticos *baixa*, *média* e *alta*.

4. *Presença de animais silvestres (AS)*: representa os animais que transitam livremente entre as fazendas, tais como roedores, veados, cães, gatos e aves. Esses podem disseminar o vírus da febre aftosa de um animal para outro ou entre estabelecimentos. O vírus pode passar inalterado através do trato digestivo dos pássaros, que atuam como transportadores da infecção por longas distâncias. Desta forma, definiram o conjunto fuzzy $\{fraca, acentuada\}$ para descrever lingüisticamente a variável.

Por sua vez, a variável de saída do SBRF *distância (L)* representa a distância média de deslocamento do vírus para que haja o contato não local entre um animal infectado e um suscetível. A variável foi qualificada pelos termos lingüísticos *baixa*, *média*, *média alta* e *alta*.

As funções de pertinência correspondentes a cada uma das variáveis são ilustradas pelas respectivas Figuras 3.2, 3.3 e 3.4.

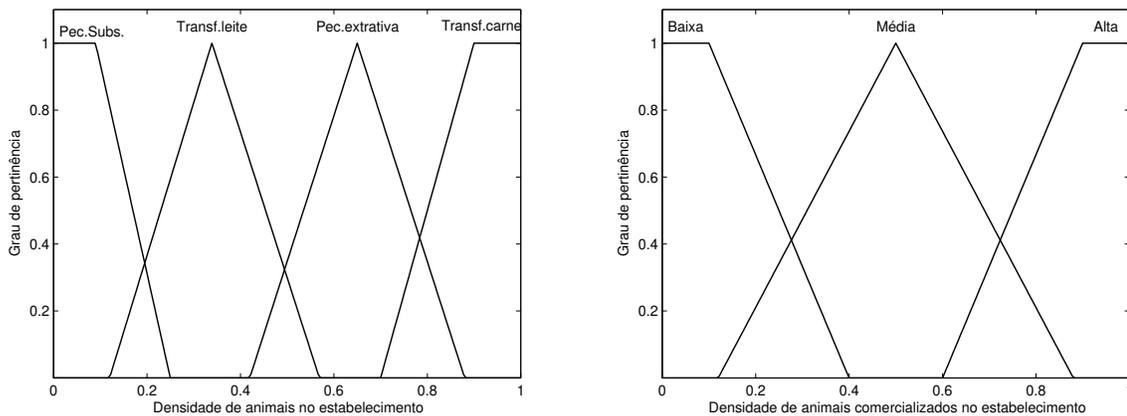


Figura 3.2: Funções de pertinência aos conjuntos fuzzy assumidos pelas variáveis lingüísticas *estrutura de produção* e *comercialização de bovinos*.

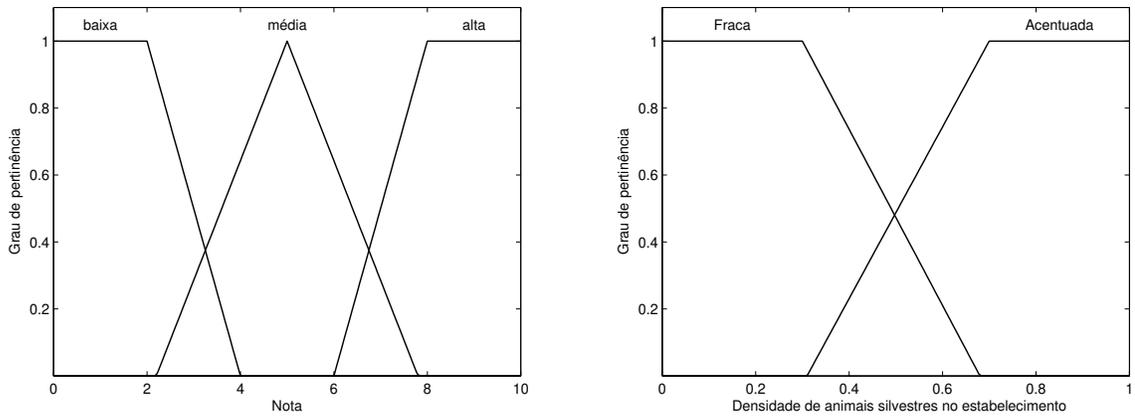


Figura 3.3: Funções de pertinência aos conjuntos fuzzy assumidos pelas variáveis lingüísticas *conduta pessoal* e *presença de animais silvestres*.

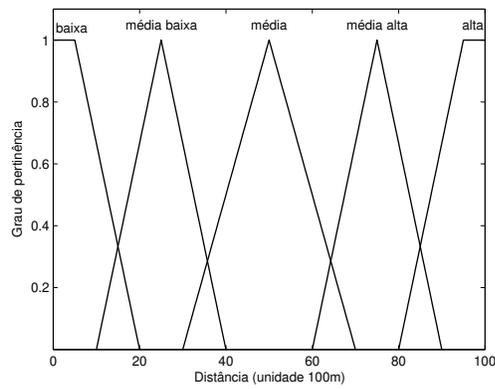


Figura 3.4: Função de pertinência aos conjuntos fuzzy assumidos pela variável lingüística *distância L*.

Assim sendo, [41] modelaram L por meio de um Sistema Baseado em Regras Fuzzy, estruturado pelo esquema da Figura 3.5.

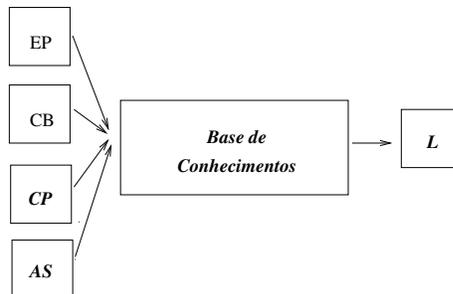


Figura 3.5: Sistema Baseado em Regras Fuzzy para modelar o parâmetro L .

A fim de obter a geração de valores para o parâmetro L pelo SBRF, os autores elaboraram uma base de regras fuzzy, com a colaboração de um especialista em agropecuária, e utilizaram o método de inferência de Mamdani e o Centro de Massa como defuzzificador. Os resultados do modelo de autômato celular, para estudar a evolução da febre aftosa em bovinos, acoplado ao modelo fuzzy, para estimar a distância L de deslocamento do vírus por meio de vetores, foram obtidos por meio das simulações apresentadas na seção seguinte.

3.5.2 Simulações numéricas

Por meio de simulações numéricas, os autores observaram o avanço de um pequeno foco da febre aftosa sobre uma população de bovinos suscetíveis à doença, em estabelecimentos agropecuários com características semelhantes aos estabelecimentos do Estado de Mato Grosso do Sul.

As simulações tiveram início supondo-se a população bovina suscetível com apenas um infectado no centro do reticulado. Com base na densidade demográfica da região, que é de aproximadamente 98 cabeças/Km², a área de cada célula do reticulado foi considerada igual a 0,01 Km². O parâmetro $R_0 = 15$ foi estimado por [23].

Na primeira simulação, foi considerado que o animal infectado encontrava-se em um estabelecimento com as seguintes características: propriedade pequena, cuja estrutura de produção é a *pecuária de subsistência*, comercialização de bovinos *baixa*, capacitação pessoal *média* e presença *fraca* de animais silvestres. Dessa forma, a distância de deslocamento do vírus obtida pelo modelo fuzzy para esse caso foi $L = 6$ unidades de comprimento.

Na segunda simulação, foi considerado que o animal infectado encontrava-se em um estabelecimento com as seguintes características: propriedade cuja estrutura de produção é a *transformação para carne*, comercialização de bovinos *média*, capacitação pessoal *média* e presença *fraca* de animais silvestres. Assim obteve-se, pelo modelo fuzzy, o parâmetro $L = 18$ unidades de comprimento.

Para o contato não local foi feito um sorteio entre todas as possíveis células na circunferência de raio L para que se determinasse qual delas seria o alvo de contato. A fração de suscetíveis que teria chance de contato foi dada por $pnl = 0.1$.

A evolução dos contingentes populacionais ao longo do tempo para os diferentes valores de L está ilustrada na Figura 3.6, a densidade de animais é representada pelos eixos verticais e o tempo pelos eixos horizontais.

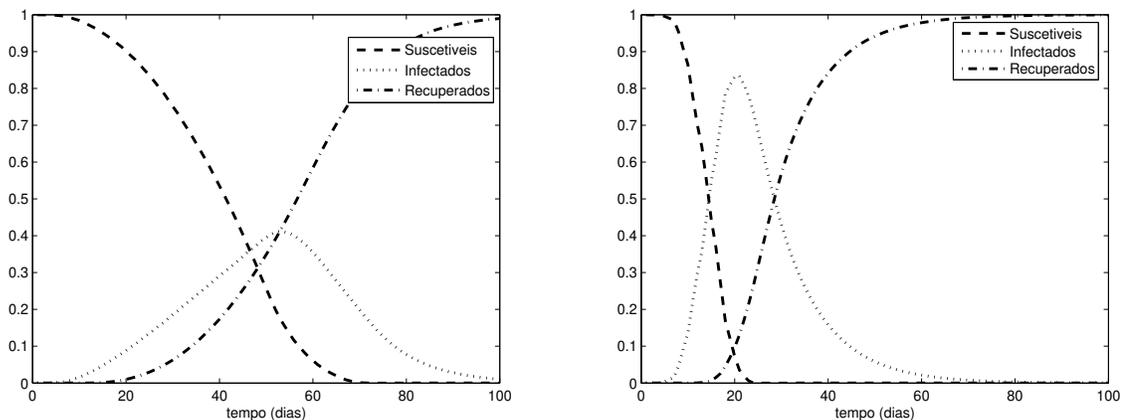


Figura 3.6: Evolução dos contingentes populacionais, obtida ao longo do tempo de 100 dias, para $L = 6$ e $L = 18$, respectivamente.

Pode-se observar pela Figura 3.6, que o parâmetro L exerce forte influência no avanço da epidemia. Para $L = 18$ u.c. a curva dos infectados apresenta um pico em aproximadamente 20 dias, ao passo que no caso de $L=6$ u.c. o pico de infectados ocorre em aproximadamente 55 dias.

Os padrões espaciais, obtidos através das simulações numéricas, estão representados nas Figuras 3.7 e 3.8. A cor preta corresponde à area ocupada pelos suscetíveis (S), cinza corresponde à area ocupada pelos infectados (I) e branco corresponde à area ocupada pelos animais recuperados (R).

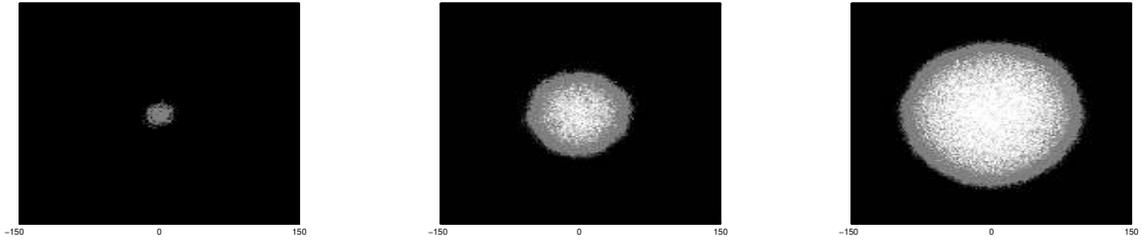


Figura 3.7: Padrões espaciais obtidos por meio da primeira simulação numérica para $t = 10$, $t = 30$ e $t = 50$ dias, respectivamente.

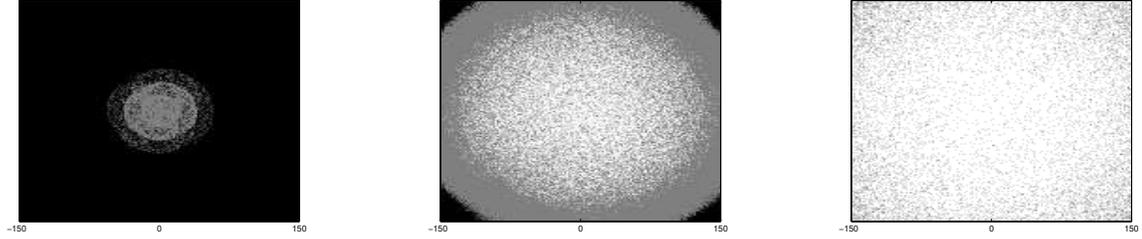


Figura 3.8: Padrões espaciais obtidos por meio da segunda simulação numérica para $t = 10$, $t = 30$ e $t = 50$ dias, respectivamente.

Nas Figuras 3.7 e 3.8, foi observada a formação de focos secundários e que à medida que estes focos crescem, vão fundindo-se com o foco principal. Nota-se, com isso, que os contatos não locais exercem um papel fundamental no espalhamento da doença.

Assim, apresentou-se neste capítulo algumas informações a respeito dos modelos matemáticos de [23, 14, 13, 41], elaborados para representar a dinâmica espacial e temporal da febre aftosa. Estes modelos envolvem metodologias variadas, desde as mais clássicas, como as Equações Diferenciais Parciais, às não tão clássicas, como Autômato Celular e Teoria de Conjuntos Fuzzy. Porém, levando em conta o objetivo dessa tese, que é o de desenvolver um modelo envolvendo o acoplamento de diversas ferramentas matemáticas - *Equações Diferenciais Parciais*, *Teoria de Conjuntos Fuzzy*, *Teoria Probabilística*, *Elementos Finitos* - no estudo de um fenômeno epidemiológico caracterizado por inúmeros tipos de incertezas, será apresentado no próximo capítulo um modelo que considera alguns aspectos dos modelos aqui apresentados, com destaque para a inserção de incertezas inerentes ao fenômeno da febre aftosa nos parâmetros do modelo, por meio das ferramentas matemáticas já citadas.

Capítulo 4

Um modelo de EDP com parâmetros incertos: aplicação no estudo da febre aftosa em bovinos

Neste capítulo, tem-se o propósito de elaborar um modelo matemático por meio de Equações Diferenciais Parciais (EDP), que possibilite estudar a febre aftosa, um fenômeno epidemiológico caracterizado por um cenário de incertezas resultantes de fatores sócio-econômicos e ligados ao meio ambiente.

Neste contexto, abstraindo idéias a partir dos modelos apresentados até então, propõe-se nesse trabalho um modelo epidêmico, constituído por um sistema de *Equações Diferenciais Parciais* do tipo SIR, que possibilitará estudar a evolução espacial e temporal da febre aftosa, levando em conta as incertezas já descritas, que serão incorporadas pelos parâmetros de dispersão e de transmissão. Esses parâmetros serão estimados em capítulos posteriores, haja vista a necessidade de acoplar ao modelo algumas *técnicas de conjuntos fuzzy e probabilísticas*, que permitirão incorporar as incertezas do ponto de vista epidemiológico, socioeconômico e ambiental

Ainda neste capítulo serão apresentadas a formulação variacional e a dis-

cretização espacial e temporal do sistema, possibilitando dessa forma obter soluções aproximadas do modelo, por meio da técnica de *elementos finitos*.

4.1 Introduzindo o modelo de EDP aplicado à febre aftosa

Inicia-se o modelo considerando a população de bovinos em relação à febre aftosa, distribuída em três diferentes classes, de acordo com seu estado: suscetível (população de indivíduos suscetíveis, não portadores do vírus causador da epidemia), infectado (população de indivíduos infecciosos, portadores e transmissores do vírus) e recuperado (população de indivíduos recuperados, aqueles que estão curados e têm desenvolvido imunidade permanente na escala de tempo utilizada).

Segundo [27], a escolha das escalas é de fundamental importância para a modelagem de fenômenos biológicos. Tanto o modelo quanto os resultados dependem das escalas adotadas na sua formulação. Neste trabalho, a escala de observação do espaço é representada pela região no interior da fazenda (domínio em estudo), onde estão localizados os indivíduos da população em estudo, considerada na ordem de quilômetro quadrado. A escala de observação do tempo usada no modelo é da ordem de dias, tendo em vista o tempo de duração da epidemia, que é de aproximadamente um mês.

Neste caso, uma característica mensurável e interessante, usada para descrever a dinâmica da população, é a “posição espacial”, descrita por $\mathbf{x} = (x, y)$. Assim, cada indivíduo da população terá coordenadas $(x, y) \in \mathbb{R}^2$, que indicam a sua posição espacial.

A dinâmica espacial é incorporada ao modelo por meio da equação de difusão, conforme [23]. A difusão é um modelo matemático macroscópico de populações, que resulta da interação e movimentação microscópica de seus indivíduos. Assim, uma interpretação para o processo de difusão, com base na descrição matemática deste evento microscópico de movimentação aleatória dos indivíduos, é dada pela teoria do movimento

browniano, [56].

O coeficiente de difusão D , de acordo com [27], representa a habilidade de movimentação dos indivíduos e pode ser uma função do espaço, do tempo ou mesmo da própria densidade. Ainda segundo [27], os organismos possuem diversas estratégias de movimentação na natureza, buscando explorar novas áreas, seja pela sobrevivência ou mesmo de forma não intencional.

Os bovinos são animais gregários, isto é, vivem em grupos, apresentando uma série de padrões de organização social, que sugerem como serão as interações entre os animais do grupo. Nesse contexto, não é simples a análise isolada dos fatores que determinam a dispersão dos rebanhos nas pastagens.

Segundo [16], a topografia, distância da água, a vegetação (presença de árvores e arbustos) e o bem estar do animal têm sido identificados como fatores que afetam a distribuição dos rebanhos nas pastagens e, conseqüentemente, o uso do espaço, sendo difícil separar estes fatores e avaliá-los individualmente. Em pastos intensivamente manejados não há uma distribuição equilibrada dos animais, todavia a utilização ao final do período de ocupação geralmente é uniforme, existindo padrões temporais de pastejo, que podem ser descritos como ondas de desfolhação, começando perto da água e afastando-se dela.

Ainda, conforme [15], existem diferenças nos padrões de dispersão dos rebanhos de uma mesma espécie em pastagens semelhantes, e isto se dá porque os animais respondem às condições físicas e sociais de seu ambiente. Alguns bovinos possuem um eficiente mecanismo de dispersão e podem atravessar áreas desfavoráveis mais facilmente que outras com menor eficiência na dispersão.

Ao utilizar a equação de difusão densidade-dependente, [32] cita o trabalho de [11], em que analisam a dinâmica de uma população em um meio ambiente fortemente heterogêneo, considerando que esta característica afeta a taxa intrínseca de reprodução da espécie. Eles sugerem que uma extensão de seu trabalho seria considerar espécies cujas dispersões não sejam modeladas por movimentos puramente brownianos. Isto seria justificado, por exemplo, pela presença de ventos ou correntes, ou a presença de gradientes químicos no meio ambiente, que causam agrupamentos populacionais, alterando dessa

forma a dispersão da população. Por meio da análise de modelos discutidos em outras referências citadas no artigo, eles sugerem que tais situações poderiam ser modeladas por equações cujo termo difusivo seria escrito como $\nabla \cdot (\alpha(x, t, u) \nabla u)$, onde $\alpha > 0$ representa o coeficiente de difusão dependente do espaço, do tempo e da densidade populacional

Portanto, considerando que os animais suscetíveis, infectados e recuperados vivem agregados e em condições físicas diferenciadas devido à presença ou não da febre aftosa; ainda, que o movimento desses animais não ocorre essencialmente pelo movimento Browniano, ou seja, os animais não se dispersam ao acaso em seu ambiente e esta falta de casualidade no uso do espaço está relacionada com o comportamento social e com as estruturas física e biológica dos indivíduos e do ambiente, [17]), propõe-se a inclusão da dinâmica espacial em todas as classes da população, com base em [11]. Ou seja, descreve-se a dispersão local das classes de suscetíveis, infectados e recuperados através dos respectivos termos de difusão $\nabla \cdot (D_S(x, y; t; P) \nabla S)$, $\nabla \cdot (D_I(x, y; t; P) \nabla I)$ e $\nabla \cdot (D_R(x, y; t; P) \nabla R)$, onde D_S , D_I e D_R positivos representam os coeficientes de difusão.

Nesse contexto, está sendo admitida uma dinâmica populacional interespecífica, levando em consideração que os coeficientes de difusão das diferentes espécies (as espécies referidas são as classes S, I e R) dependem da densidade populacional, ou seja, admite-se a difusibilidade densidade-dependência.

Sabe-se que os coeficientes de difusão são dependentes de uma série de fatores que muitas vezes são difíceis de serem avaliados no formato quantitativo. No entanto, com os coeficientes variáveis em relação ao espaço, tempo e população, tem-se a possibilidade de incorporar informações qualitativas e incertas inerentes ao fenômeno em estudo, como características ambientais e diferenças dos animais com relação à sua eficiência de mobilidade devido aos sinais clínicos, bastante rigorosos, apresentados pela doença. A idéia consiste em incorporar essas informações qualitativas e incertas nos parâmetros de difusão por meio de uma combinação de regras fuzzy formuladas por variáveis lingüísticas que descrevem estas incertezas (ver Seção 4.1.1).

Um aspecto importante tratado no modelo de [14] está relacionado às formas

de controle da epidemia. Os autores estudaram suas taxas de transmissão no tempo anterior e posterior à aplicação de vacinas e controle do trânsito de animais, verificando com isso uma significativa queda das taxas, após serem tomadas as medidas de controle.

Nesse trabalho, num primeiro momento, opta-se por desconsiderar explicitamente no modelo qualquer forma de controle da epidemia, assim como em [23] e [13]. A atividade humana, o meio ambiente favorável ou não e a alta resistência e eficiência do vírus são fatores importantes na dinâmica desta doença. Assim, torna-se interessante avaliar a evolução da doença sob a dependência desses fatores. Porém, tais características não devem ser entendidas explicitamente como uma medida de controle, mas como uma variável subjetiva, importante para a força de infecção da epidemia.

Da mesma forma que em [23] e [13], será adotada a hipótese de que o animal infectado passe a ser imediatamente infectante, desconsiderando a classe de latência (assintomático e não infeccioso) da população, tendo em vista que não estão sendo adotadas medidas de controle, como a vacinação dos animais.

Propõe-se, assim, um modelo compartimental do tipo SIR que, segundo [44], é considerado adequado para doenças virais.

Ferreira ainda incluiu em seu modelo taxas de nascimentos, mortes causadas pela doença, descartes de animais e perda de imunidade. No entanto, a doença da febre aftosa apresenta uma escala temporal muito rápida quando comparada com a dinâmica demográfica da população, isto é, a escala de tempo (em dias) de transmissão e de recuperação da doença é muito menor que o tempo (em anos) de vida dos animais. Portanto, assim como em [14] e [13], é razoável desprezar a dinâmica vital (nascimentos e mortes) no período de uma epidemia. Além disso, é importante observar que o animal infectado pode se recuperar naturalmente da doença, tornando-se imune e passando a fazer parte do compartimento dos recuperados. Neste modelo, optou-se por não incluir a perda de imunidade, tendo em vista que o tempo médio que um animal permanece imune é de aproximadamente um ano, e este é superior ao tempo de duração da epidemia.

Nesse sentido, devido à escala de tempo escolhida, supõe-se que a população total $P = S + I + R$ se mantém constante no interior da fazenda, ocorrendo apenas

a transição de um estado da doença para outro. O indivíduo suscetível passa para o estado de infectado após um “encontro bem-sucedido” com o vírus da febre aftosa. O termo “encontro bem-sucedido” é no sentido de gerar um indivíduo infectado, [58]. A transmissão ocorre por inalação do vírus, que penetra pelas vias respiratórias do indivíduo suscetível, propagada pelo indivíduo infectado. É importante observar que a transmissão da doença é considerada apenas local, já que o modelo está sendo proposto para um único estabelecimento. Por sua vez, o infectado passa para o estado de recuperado a uma taxa (μ) igual ao inverso do tempo em que ele permanece neste estado até se recuperar.

O processo epidemiológico é esquematizado pelo sistema compartimental



onde $\beta > 0$ é a taxa de transmissão da doença e $\mu > 0$ é a taxa de recuperação.

O modelo SIR faz parte do grupo dos modelos de transmissão direta, que são baseados na *lei de ação das massas*, originada do estudo de cinética química. Em epidemiologia, o princípio da ação das massas postula que “a taxa de transmissão de uma infecção dentro de uma população é proporcional ao número de encontros entre indivíduos suscetíveis e infecciosos, que pressupõe-se ser proporcional ao produto das respectivas densidades”, [28, 44]. Esta lei baseia-se na hipótese de que os indivíduos infecciosos estão distribuídos de maneira homogênea em toda a população e têm o mesmo poder de transmitir a doença. Assim, indicando o parâmetro $\lambda = \beta I$, assume-se que:

- O número de infectados aumenta a uma taxa proporcional ao número de suscetíveis, que é λS . Os suscetíveis diminuem nessa mesma proporção.
- A taxa de passagem dos infectados para a classe dos recuperados é proporcional ao número de infectados, isto é, μI .

Todavia, [4] defendem que a distribuição homogênea da população é uma simplificação considerável para a epidemiologia, já que há muitas fontes de heterogeneidade distinguindo os indivíduos, que podem influenciar fortemente na propagação de uma doença, como por exemplo, a idade e/ou classe social dos indivíduos. Do ponto de vista da

modelagem matemática, pode-se aceitar a lei de ação das massas no sentido de que cada indivíduo infectado tem a mesma chance de encontro com um suscetível. No entanto, a chance de que um encontro resulte em um novo caso de doença, depende de fatores como os citados, [4, 39].

No contexto desse trabalho, é necessário observar que a transmissão da febre aftosa pode ocorrer também por contato indireto. Nesse sentido, deve-se dar enfoque especial à heterogeneidade da população em estudo, principalmente com relação às formas de organização e finalidade da produção bovina (se a criação dos animais é destinada à produção de leite, carne, etc.). Como já referido no trabalho de [41], as formas de produção permitem estabelecer relações de causa-efeito no âmbito da pecuária, entre elas as do tipo epidemiológico. Este aspecto é defendido por autores como [36], que em seu trabalho faz uma análise do comportamento da doença e as características sócio-econômicas que condicionam as principais áreas mantenedoras e disseminadoras da enfermidade; [43], que adverte para a necessidade de integrar variáveis econômicas e biológicas para o estudo da febre aftosa, e [35], que destacam a importância da forma de organização da produção e movimentação dos animais na difusão da doença.

Outra fonte de heterogeneidade de grande influência na transmissão indireta da febre aftosa está relacionada às atividades das pessoas que, de forma direta ou indireta, mantêm contato com os animais na fazenda. Como visto no Capítulo 1, o vírus da febre aftosa sobrevive bem no meio ambiente em condições de alta umidade e pouca incidência solar, nos objetos como calçados, roupas e pneus dos veículos. Esta característica do vírus pode ser ou não monitorada e controlada, com o desenvolvimento ou não de atividades que envolvem educação, conscientização, esclarecimento e parceria das pessoas que, de alguma forma, estão envolvidas com os animais. Assim, pressupõe-se que estas questões sócio-econômicas e ambientais, relacionadas com o tipo de atividades desenvolvidas no estabelecimento, exercem grande influência na *força da infecção*.

Visando incorporar no modelo estas fontes de heterogeneidade que influenciam de maneira subjetiva na força de infecção, continua-se admitindo o princípio da ação das massas, ou seja, que cada infeccioso tem a mesma chance de encontro com os suscetíveis.

Entretanto, pressupõe-se que a *força da infecção*, indicada pelo parâmetro $\lambda = \beta I$, seja capaz de capturar os efeitos da transmissão da doença por fatores locais (interior do estabelecimento). Fatores estes incertos, relacionados com as formas de produção, a conduta das pessoas e o ambiente, responsáveis pelos “encontros bem-sucedidos” entre suscetíveis e o vírus propagados pelo infectado. A idéia é que a força de infecção possa incorporar esses fatores incertos por meio de uma combinação de regras fuzzy, formuladas por variáveis lingüísticas que descrevem as características de incertezas.

Na seção seguinte, são definidas variáveis lingüísticas, com o intuito de incorporar incertezas aos parâmetros de difusão D_S , D_I e D_R e de transmissão λ . Com essas variáveis, será possível fazer uso de SBRFs para estimar esses parâmetros.

4.1.1 Os parâmetros de difusão e transmissão incorporando incertezas

Levando-se em conta que as incertezas do ponto de vista epidemiológico, socioeconômico e ambiental são classificadas, com base em [39], como incertezas do “conhecimento parcial”, propõe-se mensurar tais incertezas por meio de variáveis lingüísticas, permitindo dessa forma fazer uso de SBRFs para estimar os parâmetros de difusão e transmissão. A seguir, são definidas as variáveis lingüísticas correspondentes a cada parâmetro.

1. Parâmetros de difusão

Inferiu-se na seção anterior que coeficientes de difusão são dependentes de uma série de fatores que incorporam informações qualitativas e incertas inerentes ao fenômeno em estudo. Estes fatores estão relacionados com as características ambientais, com as diferenças dos animais em relação à sua eficiência de mobilidade, devido aos sinais clínicos apresentados pela doença e com as atitudes comportamentais dos mesmos.

Assim, com o intuito de descrever as incertezas relacionadas às “áreas de vida” dos animais (substrato de interação para o animal, onde mantém todas as suas relações com o ambiente, inclusive as sociais), define-se a variável “características ambientais” (\mathcal{C});

para mensurar as incertezas relacionadas ao estado de saúde dos animais afetados pela enfermidade, estabelece-se a variável “fase da doença” (\mathcal{FD}) e, por fim, para indicar as incertezas relacionadas ao comportamento dos animais devido à quantidade de indivíduos por elemento do domínio discretizado, determina-se a variável “população” (\mathcal{P}) (ver Seção 5.1.1).

Com isso, uma sofisticação a ser introduzida no modelo é a de fazer os coeficientes de difusão dependentes dessas variáveis incertas, podendo assim, incorporar ao modelo as várias incertezas inerentes ao espaço e à população. Para isso, agrega-se à variável independente espacial $(x, y) \in \Omega \subset \mathbb{R}^2$ a variável subjetiva \mathcal{C} , que indica as características do meio onde se locomovem os indivíduos; a variável \mathcal{P} , mensurando as características de comportamento determinado pela quantidade de indivíduos. E para a classe dos infectados, acrescenta-se a variável \mathcal{FD} , também subjetiva, indicando a fase da doença, ou seja, o estado de saúde dos animais. Assim, faz-se os coeficientes de difusão da forma: $D_S = D_S(\mathcal{C}, \mathcal{P})$, $D_I = D_I(\mathcal{C}, \mathcal{P}, \mathcal{FD})$ e $D_R = D_R(\mathcal{C}, \mathcal{P})$, cada um determinado por um SBRF, os quais serão desenvolvidos no Capítulo 5.

Neste caso, mais do que um movimento puramente aleatório, fatores subjetivos, como as características do ambiente em que o animal está inserido e o seu estado de saúde devido à presença da febre aftosa podem ser indicados, pelos coeficientes de difusão, como direcionadores na dispersão dos animais.

2. Parâmetro de transmissão

Sugeriu-se na seção anterior que a força de infecção λ é capaz de incorporar as incertezas oriundas das adversidades sociais, econômicas e ambientais do estabelecimento em que os animais estão inseridos. Isso porque, naturalmente, fatores incertos relacionados às formas de produção, às pessoas e ao ambiente, responsáveis pelos “encontros bem-sucedidos” entre suscetíveis e o vírus propagados pelo infectado, são fortemente influenciáveis na “taxa de transmissão” β .

Face a esse argumento, descreve-se as incertezas sócio-econômicas e ambientais a serem incorporadas pelo parâmetro λ por meio de variáveis linguísticas. Para isso, com

base no modelo de [41], definem-se as variáveis lingüísticas “conduta pessoal” (\mathcal{CP}) e “estrutura de produção” (\mathcal{EP}), as quais visam traduzir, de forma implícita, a influência que a qualificação pessoal e a heterogenia dos animais (se destinados à produção de leite, carne, etc) exercem na transmissão da doença, seja de forma direta no encontro entre suscetíveis e infectados, como de forma indireta, no encontro entre suscetíveis e o vírus depositado no meio ambiente pelos infectados. Assim, para lidar com as incertezas mensuradas pelas variáveis \mathcal{EP} e \mathcal{CP} , propõe-se aqui um Sistema Baseado em Regras Fuzzy $\theta = \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$, representando o *grau de influência das incertezas na transmissão da epidemia*, a ser desenvolvido no próximo capítulo.

Neste contexto, a exemplo de [5], que em seu trabalho descrevem sobre a influência da distribuição de renda na expectativa de vida, propõe-se aqui a taxa de transmissão β definida por $\beta = \beta_1 + \beta_2\theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$, onde

- o parâmetro β_1 representa a taxa de transmissão “natural”. Isto é, a taxa de transmissão apresentada em uma fazenda “modelo”, no sentido de haver, por exemplo, qualificação profissional adequada no trato da doença;
- o produto $\beta_2\theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$ representa o incremento à taxa β_1 , ao incluir no modelo as incertezas com relação às atividades econômicas, sociais e ambientais de uma fazenda, não qualificada como “modelo”.

Observa-se que o valor $\theta = 1$ está associado à taxa de transmissão $\beta = \beta_1 + \beta_2$ máxima. Isto significa que o estabelecimento apresenta as piores condições sociais e ambientais, onde os trabalhadores não são qualificados para o exercício das atividades com os animais, não existe conscientização, esclarecimento ou parceria para enfrentar o desafio no controle da disseminação da doença. Por outro lado, quando $\theta = 0$, a taxa de transmissão $\beta = \beta_1$ atinge seu valor mínimo. Neste caso, tem-se um estabelecimento modelo no trato da febre aftosa.

Para estimar as taxas de transmissão da epidemia β_1 e β_2 , toma-se como base o modelo espacial (3.3), proposto por [14]. O autor obteve, a partir desse modelo, a taxa de transmissão $\beta = 0,33$ no período anterior às medidas de controle da epidemia

e, $\beta = 0,1$ no período posterior a adoção de medidas de controle. Neste sentido, faz-se $\beta_1 = 0,1$ indicando um estabelecimento “ideal” com qualificação profissional adequada no trato da doença, ou seja, considera-se, de forma implícita, uma situação similar ao um estabelecimento no período posterior a adoção de medidas de controle da epidemia. E toma-se $\beta_2 = 0,23$ de forma que $\beta_1 + \beta_2 = 0,33$ indique a taxa de transmissão obtida por [14], anterior a adoção de medidas de controle da epidemia.

Daí, com β dado acima, a força da infecção $\lambda = \beta I$ assume a forma

$$\lambda = (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) I,$$

cuja dependência das variáveis lingüísticas \mathcal{CP} e \mathcal{EP} possibilitam agregar incertezas e imprecisões no âmbito socioeconômico e ambiental.

4.2 O modelo de EDP com parâmetros incertos

Considerando-se as situações e os fatores apresentados, propõe-se o sistema (4.1) não linear de equações diferenciais parciais para descrever a dinâmica da febre aftosa em bovinos, considerando o domínio espacial representado por uma fazenda. As variáveis de estado são, portanto: $S = S(x, y; t)$, $I = I(x, y; t)$ e $R = R(x, y; t)$, com $(x, y) \in \Omega \subset \mathbb{R}^2$ e $t \in (0, T)$ para algum $T > 0$ fixo e o modelo dado por:

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t} = \text{div}(D_S(\mathcal{C}, \mathcal{P}).\nabla S) - \lambda(\beta, I)S \\ \frac{\partial I}{\partial t} = \text{div}(D_I(\mathcal{C}, \mathcal{P}, \mathcal{FD}).\nabla I) + \lambda(\beta, I)S - \mu I \\ \frac{\partial R}{\partial t} = \text{div}(D_R(\mathcal{C}, \mathcal{P}).\nabla R) + \mu I, \end{cases} \quad (4.1)$$

satisfazendo as condições iniciais

$$S(x, y; 0) = S_0(x, y), \quad I(x, y; 0) = I_0(x, y) \quad \text{e} \quad R(x, y; 0) = 0.$$

Parâmetros que figuram no modelo:

- $D_S = D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P})$, $D_I = D_I(\mathcal{C}, \mathcal{P}, \mathcal{FD})$ e $D_R = D_R(\mathcal{C}, \mathcal{P})$ representam, respectivamente, os coeficientes de difusão das populações de suscetíveis, infectados e recuperados. São dependentes das variáveis subjetivas características ambientais (\mathcal{C}), população (\mathcal{P}) e a fase da doença (\mathcal{FD}) da febre aftosa apresentada pelos indivíduos. A fim de simplificar o modelo aqui proposto, considera-se o coeficiente de difusão dos recuperados (D_R) igual ao dos suscetíveis, ou seja, $D_R(\mathcal{C}; \mathcal{P}) = D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P})$.
- $\lambda = \beta I$ representa a força de infecção da febre aftosa, com β representando a taxa de transmissão da doença.
- a taxa de passagem de infectado para recuperado é representada pelo parâmetro constante μ . A partir de [37] faz-se $\mu = 0, 1$, como o inverso do tempo médio que um animal leva para se recuperar da doença.

Com base em [1], o domínio Ω foi dividido em regiões, indicando algumas características do meio onde se encontra a população, isto é, se o ambiente é favorável ou desfavorável à sua locomoção. A variável subjetiva \mathcal{C} (características ambientais) é dependente dessas regiões e pode ser representada por funções de pertinência que indicam o grau de dificuldade de locomoção da população. A Figura 4.1 ilustra o domínio $\Omega \subset \mathbb{R}^2$, onde $\Gamma = \partial\Omega$ é a fronteira de Ω , representando o ambiente (pasto) de uma fazenda onde se encontra a população.

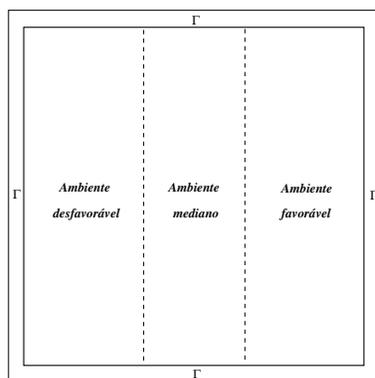


Figura 4.1: Domínio Ω dividido em regiões, as quais representam qualitativamente a variável lingüística “características ambientais”.

A condição de fronteira é, numa abordagem exploratória inicial, do tipo Von Neumann homogênea, caracterizando a fronteira Γ em que pode ocorrer a presença de animais de qualquer classe, porém, existem obstáculos impedindo a passagem dos animais.

Por fim, o sistema (4.1) torna-se completo com as condições de fronteira:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{\partial S(x, y; t)}{\partial \eta} \Big|_{(x, y) \in \Gamma} = \frac{\partial I(x, y; t)}{\partial \eta} \Big|_{(x, y) \in \Gamma} = \frac{\partial R(x, y; t)}{\partial \eta} \Big|_{(x, y) \in \Gamma} = 0, \\ \text{para } t \in (0, T). \end{array} \right. \quad (4.2)$$

Com o propósito de simplificar a escrita do modelo constituído pelo sistema (4.1) e pelas condições de fronteira (4.2) será estabelecida a notação “sistema (4.1–4.2)”.

4.3 Formulação variacional

Nesta seção, será obtida a formulação variacional do sistema (4.1–4.2), anteriormente apresentado em sua formulação clássica. A formulação variacional consiste em reescrever a formulação do sistema (4.1–4.2), cujas soluções, denominadas “soluções fracas”, devem ser procuradas em um espaço métrico conveniente, ou seja, em um espaço com menos restrições para diferenciabilidade.

O processo para obtenção da formulação variacional é desenvolvido da seguinte forma:

1. Considera-se as derivadas de (4.1) no sentido das distribuições;
2. Efetua-se o produto interno de cada termo das equações de (4.1) por uma função ν , denominada função teste, sendo esta pertencente a um subespaço conveniente de

$$\mathcal{H}^1(\Omega) = \left\{ \nu(x, y) \in L^2(\Omega) : \frac{\partial \nu}{\partial x} \text{ e } \frac{\partial \nu}{\partial y} \in L^2(\Omega) \right\},$$

denotado por \mathcal{V} (caracterizado mais adiante), onde $L^2(\Omega)$ é o espaço hilbertiano das funções de quadrado integrável no sentido de Lebesgue. Ou seja,

$$L^2(\Omega) = \left\{ u : \Omega \longrightarrow \mathbb{R} \mid u \text{ é mensurável e } \int_{\Omega} |u(x, y)|^2 dA < \infty \right\}.$$

A necessidade de introduzir uma formulação variacional ao modelo (4.1–4.2) implica em exigir integrabilidade no sentido de Lebesgue, tanto das funções $S, I, R : \Omega \times (0, T] \longrightarrow \mathbb{R}$ como das derivadas de primeira ordem, incluindo as derivadas temporais.

Desta forma, para cada $t \in (0, T]$, devemos ter $S(x, y; t)$, $I(x, y; t)$ e $R(x, y; t) \in H$, onde H é definido da seguinte forma:

$$H = \{u \in L^2(0, T; \mathcal{H}^1(\Omega)) : \forall t \in (0, T), \frac{\partial u}{\partial x}, \frac{\partial u}{\partial y}, \frac{\partial u}{\partial t} \in L^2(\Omega), u|_{\Gamma=0}\}, \quad (4.3)$$

Define-se o espaço das funções teste \mathcal{V} como um subespaço vetorial de $\mathcal{H}^1(\Omega)$ dado por

$$\mathcal{V} = \{v \in \mathcal{H}^1(\Omega) \text{ e } v|_{\Gamma=0}\}. \quad (4.4)$$

Dados $u, v \in \mathcal{V}$, os produtos internos em \mathcal{V} são denotados por:

- $(u|v)_{\Omega} = \int_{\Omega} u(x, y)v(x, y) dA$ e $(\nabla u|\nabla v)_{\Omega} = \int_{\Omega} \nabla u(x, y)\nabla v(x, y) dA$ no interior de Ω .
- $\langle u|v \rangle_{\Gamma} = \int_{\Gamma} u(x, y)v(x, y) d\gamma$ ao longo da fronteira de Ω ($\Gamma \subset \partial\Omega$).

Para obter a forma variacional de (4.1–4.2), multiplica-se o problema pela função teste $v \in \mathcal{V}$, como segue:

$$\left\{ \begin{array}{l} \left(\frac{\partial S}{\partial t}\right|v) + (-\operatorname{div}(D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}).\nabla S)|v) = -(\lambda(\beta, I)S|v) \\ \left(\frac{\partial I}{\partial t}\right|v) + (-\operatorname{div}(D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD}).\nabla I)|v) = (\lambda(\beta, I)S - \mu I|v) \\ \left(\frac{\partial R}{\partial t}\right|v) + (-\operatorname{div}(D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}).\nabla R)|v) = (\mu I|v), \end{array} \right. \quad (4.5)$$

para todo $v \in \mathcal{V}$, ou também,

$$\left\{ \begin{array}{l} \left(\frac{\partial S}{\partial t} |v \right) - (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \Delta S |v) = -(\lambda(\beta, I) S |v) \\ \left(\frac{\partial I}{\partial t} |v \right) - (D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD}) \Delta I |v) = (\lambda(\beta, I) S - \mu I |v) \\ \left(\frac{\partial R}{\partial t} |v \right) - (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \Delta R |v) = (\mu I |v), \\ \text{para todo } v \in \mathcal{V}. \end{array} \right. \quad (4.6)$$

Aplica-se o teorema de Green no segundo termo do lado esquerdo das equações de (4.6) para obter:

$$\left\{ \begin{array}{l} \left(\frac{\partial S}{\partial t} |v \right) + (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla S \| \nabla v) - \langle D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \frac{\partial S}{\partial \eta} |v \rangle = -(\lambda(\beta, I) S |v) \\ \left(\frac{\partial I}{\partial t} |v \right) + (D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD}) \nabla I \| \nabla v) - \langle D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD}) \frac{\partial I}{\partial \eta} |v \rangle = (\lambda(\beta, I) S - \mu I |v) \\ \left(\frac{\partial R}{\partial t} |v \right) + (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla R \| \nabla v) - \langle D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \frac{\partial R}{\partial \eta} |v \rangle = (\mu I |v), \\ \text{para todo } v \in \mathcal{V}. \end{array} \right. \quad (4.7)$$

Incorporando as condições de contorno de Von Neumann homogêneas e, exigindo que as funções procuradas $S = S(x, y; t)$, $I = I(x, y; t)$ e $R = R(x, y; t)$ satisfaçam às condições iniciais $S(x, y; 0) = S_0(x, y)$, $I(x, y; 0) = I_0(x, y)$ e $R(x, y; 0) = 0$, tem-se a formulação fraca ou variacional do problema originalmente proposto, isto é, o problema (4.1–4.2) torna-se: Encontrar $S = S(x, y; t)$, $I = I(x, y; t)$ e $R = R(x, y; t) \in H$, tal que:

$$\left\{ \begin{array}{l} \left(\frac{\partial S}{\partial t} |v \right) + (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla S | \nabla v) = -(\lambda(\beta, I) S | v) \\ \left(\frac{\partial I}{\partial t} |v \right) + (D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD}) \nabla I | \nabla v) = (\lambda(\beta, I) S - \mu I | v) \\ \left(\frac{\partial R}{\partial t} |v \right) + (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla R | \nabla v) = (\mu I | v), \\ \text{para todo } v \in \mathcal{V}. \end{array} \right. \quad (4.8)$$

Finalmente, lembrando que $\lambda(\beta, I) = \beta I$ e $\beta = \beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$, tem-se

$$\left\{ \begin{array}{l} \left(\frac{\partial S}{\partial t} |v \right) + (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla S | \nabla v) = -(\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) S I | v) \\ \left(\frac{\partial I}{\partial t} |v \right) + (D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD}) \nabla I | \nabla v) = ((\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) S I - \mu I | v) \\ \left(\frac{\partial R}{\partial t} |v \right) + (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla R | \nabla v) = (\mu I | v), \\ \text{para todo } v \in \mathcal{V}. \end{array} \right. \quad (4.9)$$

É importante observar que em (4.9) aparecem apenas as derivadas de primeira ordem, no sentido de distribuições das soluções $S(x, y; t)$, $I(x, y; t)$ e $R(x, y; t)$, enquanto no sistema (4.1–4.2) aparecem as derivadas de segunda ordem, no sentido clássico. Desta forma, passando da formulação clássica (4.1–4.2) para a formulação variacional (4.9), são enfraquecidas as hipóteses de regularidade da solução, o que proporciona um aumento da classe de funções para os quais o problema faz sentido. Esta formulação é apropriada para a discretização via Método de Galerkin com Elementos Finitos.

A fim de garantir a existência e unicidade de solução para o problema (4.1–4.2), observa-se inicialmente que os coeficientes de difusão - $D_S = D_S(\mathcal{C}, \mathcal{P})$ e $D_S = D_S(\mathcal{C}, \mathcal{P}, \mathcal{FD})$ - e o parâmetro de transmissão - $\beta = \beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{EP}, \mathcal{CP})$ - são limitados. De fato, os parâmetros D_S , D_I e θ são todos avaliados por Sistemas Baseados em Regras Fuzzy (ver Capítulo 5). Com isso cada parâmetro está contido no suporte de suas respectivas

funções de pertinência (ver Figuras 5.10 e 5.15), que por sua vez são intervalos de reta limitados.

A existência de solução fraca para o problema (4.1–4.2), é garantida pelo método de Galerkin, o qual consiste em obter um espaço projetado em dimensão finita m , para cada $m \in \mathbb{N}$. Obtendo, assim, um problema de valor inicial envolvendo apenas Equações Diferenciais Ordinárias. A partir daí, considerando o teorema de Carathéodory (citado e demonstrado em [42]), segue que, para todo $m \in \mathbb{N}$, o problema correspondente possui solução local, a qual, através de estimativas *a priori*, independentes de t , permite estender as soluções locais ao intervalo $[0, T]$ para todo $t > 0$, obtendo-se um par de seqüências de funções $\{(S_m)(I_m)(R_m)\}_{m \in \mathbb{N}}$ que converge para a solução do sistema inicialmente considerado.

4.4 O método de Galerkin

Segundo [25], uma das opções para a construção de uma solução aproximada do ponto de vista do espaço é o método de Galerkin, em conjunto com uma separação de variáveis espacial e temporal e com o método de Crank-Nicolson, que discretiza a parte temporal. Este método consiste em procurar uma solução aproximada, construindo um subespaço \mathcal{V}_h , de \mathcal{V} de dimensão finita m , para todo $m \in \mathbb{N}$.

Seja $\mathcal{B} = \{\varphi_1, \varphi_2, \dots, \varphi_m\}$ uma base para \mathcal{V}_h , onde as φ_i 's, chamadas funções teste, são convenientemente escolhidas. As funções de \mathcal{V}_h são formadas por combinações lineares finitas de elementos da base \mathcal{B} , como segue:

$$v_h = \sum_{j=1}^m c_j(t) \varphi_j(x, y),$$

onde $c_j : (0, T) \rightarrow \mathbb{R}$, $j = 1, \dots, m$. Então o sistema (4.8), torna-se:

$$\left\{ \begin{array}{l} \left(\frac{\partial S}{\partial t} |v_h \right) + (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla S \| \nabla v_h) = - ((\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) SI |v_h) \\ \left(\frac{\partial I}{\partial t} |v_h \right) + (D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD}) \nabla I \| \nabla v_h) = ((\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) SI - \mu I |v_h) \\ \left(\frac{\partial R}{\partial t} |v_h \right) + (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla R \| \nabla v_h) = (\mu I |v_h), \\ \text{para todo } v_h \in \mathcal{V}_h. \end{array} \right. \quad (4.10)$$

Fazendo uma separação de variáveis temporal e espacial $\forall v_h \in \mathcal{V}$,

$$v_h = \sum_{j=1}^m c_j(t) \varphi_j(x, y) = \sum_{j=1}^m c_j(t) \varphi_j,$$

busca-se soluções $S_h(x, y; t)$, $I_h(x, y; t)$, $R_h(x, y; t) \in \mathcal{V}_h$, que aproximem as respectivas soluções $S(x, y; t)$, $I(x, y; t)$, $R(x, y; t) \in \mathcal{V}$, de tal forma que

$$S(x, y; t) \cong S_h(x, y; t) = \sum_{j=1}^m S_j(t) \varphi_j(x, y) = \sum_{j=1}^m S_j(t) \varphi_j,$$

$$I(x, y; t) \cong I_h(x, y; t) = \sum_{j=1}^m I_j(t) \varphi_j(x, y) = \sum_{j=1}^m I_j(t) \varphi_j,$$

$$R(x, y; t) \cong R_h(x, y; t) = \sum_{j=1}^m R_j(t) \varphi_j(x, y) = \sum_{j=1}^m R_j(t) \varphi_j,$$

e para a qual,

$$\frac{\partial S_h}{\partial t} = \sum_{j=1}^m \frac{dS_j}{dt} \varphi_j, \quad \frac{\partial S_h}{\partial x} = \sum_{j=1}^m S_j \frac{\partial \varphi_j}{\partial x} \quad \text{e} \quad \frac{\partial S_h}{\partial y} = \sum_{j=1}^m S_j \frac{\partial \varphi_j}{\partial y}.$$

De forma análoga, obtém-se as derivadas para I_h e R_h .

Substituindo as expressões $S_h(x, y; t)$, $I_h(x, y; t)$, $R_h(x, y; t)$ e suas derivadas em (4.10), para cada elemento φ_i da base \mathcal{B} de \mathcal{V}_h , tem-se:

$$\left\{ \begin{aligned}
& \sum_{j=1}^m \frac{dS_j(t)}{dt} (\varphi_j | \varphi_i) + \sum_{j=1}^m S_j(t) (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) \\
& = -(\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \left(\left(\sum_{j=1}^m S_j(t) \varphi_j \right) \left(\sum_{k=1}^m I_k(t) \varphi_k \right) | \varphi_i \right) \\
& \sum_{j=1}^m \frac{dI_j(t)}{dt} (\varphi_j | \varphi_i) + \sum_{j=1}^m I_j(t) (D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) \\
& = (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \left(\left(\sum_{j=1}^m I_j(t) \varphi_j \right) \left(\sum_{k=1}^m S_k(t) \varphi_k \right) | \varphi_i \right) - \mu \sum_{j=1}^m I_j(t) (\varphi_j | \varphi_i) \\
& \sum_{j=1}^m \frac{dR_j(t)}{dt} (\varphi_j | \varphi_i) + \sum_{j=1}^m R_j(t) (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) = \mu \sum_{j=1}^m I_j(t) (\varphi_j | \varphi_i),
\end{aligned} \right. \tag{4.11}$$

No sistema (4.11), reescreve-se de forma conveniente os termos não lineares,

$$\left(\left(\sum_{j=1}^m S_j(t) \varphi_j \right) \left(\sum_{k=1}^m I_k(t) \varphi_k \right) | \varphi_i \right) = \sum_{j=1}^m S_j(t) \left(\sum_{k=1}^m I_k(t) (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right)$$

e

$$\left(\left(\sum_{j=1}^m I_j(t) \varphi_j \right) \left(\sum_{k=1}^m S_k(t) \varphi_k \right) | \varphi_i \right) = \sum_{j=1}^m I_j(t) \left(\sum_{k=1}^m S_k(t) (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right),$$

e substitui-se em (4.11), para obter:

$$\left\{ \begin{array}{l}
\sum_{j=1}^m \frac{dS_j(t)}{dt} (\varphi_j | \varphi_i) + \sum_{j=1}^m S_j(t) (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) \\
= -(\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \sum_{j=1}^m S_j(t) \left(\sum_{k=1}^m I_k(t) (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) \\
\\
\sum_{j=1}^m \frac{dI_j(t)}{dt} (\varphi_j | \varphi_i) + \sum_{j=1}^m I_j(t) (D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) \\
= (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \sum_{j=1}^m I_j(t) \left(\sum_{k=1}^m S_k(t) (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) - \mu \sum_{j=1}^m I_j(t) (\varphi_j | \varphi_i) \\
\\
\sum_{j=1}^m \frac{dR_j(t)}{dt} (\varphi_j | \varphi_i) + \sum_{j=1}^m R_j(t) (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) = \mu \sum_{j=1}^m I_j(t) (\varphi_j | \varphi_i), \\
\text{para todo } \varphi_i \in \mathcal{B}.
\end{array} \right. \quad (4.12)$$

Isto corresponde a um sistema não-linear de Equações Diferenciais Ordinárias (EDO) na variável t , com as condições iniciais (já discretizadas) dadas implicitamente por

$$\sum_{j=1}^m S_j(0) \varphi_j(x, y) = S_0(x, y), \quad \sum_{j=1}^m I_j(0) \varphi_j(x, y) = I_0(x, y) \quad \text{e} \quad \sum_{j=1}^m R_j(0) \varphi_j(x, y) = 0,$$

que na formulação variacional se torna

$$\sum_{j=1}^m S_j(0) (\varphi_i, \varphi_i) = (S_0 | \varphi_i), \quad \sum_{j=1}^m I_j(0) (\varphi_i, \varphi_i) = (I_0 | \varphi_i)$$

$$\text{e} \quad \sum_{j=1}^m R_j(0) (\varphi_i, \varphi_i) = (0 | \varphi_i), \quad \forall \varphi_i \in \mathcal{B}.$$

O sistema EDO (4.12) com as condições iniciais acima descritas é um sistema aproximado finito que tem solução local em $[0, t_m[$. Esta solução é garantida pelo teorema de Carathéodory, a extensão para o intervalo $[0, T]$ pode ser realizada com base em [42].

Assim, com o objetivo de encontrar uma aproximação espacial, recorre-se ao método numérico de Elementos Finitos de primeira ordem. Este método consiste em: discretizar o domínio Ω do problema, por meio da construção de uma malha de elementos finitos (neste caso são triângulos), em subdomínios simples Ω_h ; usar os conceitos variacionais para construir uma solução aproximada sobre estes subdomínios, usando funções espacialmente escolhidas.

Vale ressaltar que nem sempre o domínio Ω coincide com o domínio Ω_h , mas nesses casos quando $h \rightarrow 0$, temos $\Omega_h \rightarrow \Omega$, sendo h o diâmetro do maior elemento da malha.

Agora, com o objetivo de encontrar uma aproximação temporal, recorre-se ao método numérico implícito de Crank-Nicolson.

Inicialmente, define-se $\Pi : 0 = t_0 < t_1 < \dots < t_N = T$ uma partição qualquer de $[0, T]$ e Δt o passo constante no tempo. Do método referido, obtém-se:

$$\frac{dc_j(t_n + \Delta t/2)}{dt} \cong \frac{c_j(t_{n+1}) - c_j(t_n)}{\Delta t} \quad \text{e} \quad c_j(t_n + \Delta t/2) \cong \frac{c_j(t_{n+1}) + c_j(t_n)}{2}, \quad (4.13)$$

com erro da ordem de $(\Delta t)^2$.

Denominando $S_j^{(n)}$, $I_j^{(n)}$ e $R_j^{(n)}$, $n = 0, 1, \dots, N$, as respectivas aproximações de S_j , I_j e R_j nos nós (x_j, y_j, t_n) , pode-se usar (4.13) em (4.12) para obter uma nova aproximação do sistema dado, $\forall i, j, k = 1, \dots, m$ e $\forall \varphi_j \in \mathcal{B}$:

É necessário observar que a variável lingüística “População (\mathcal{P})” se altera com relação ao tempo. Neste caso, a notação apropriada para a variável é $\mathcal{P}^{(n)}$, $n = 0, 1, \dots, N$. No entanto, a fim de simplificar o texto, considera-se apenas a notação \mathcal{P} .

$$\left\{ \begin{aligned}
& \sum_{j=1}^m \frac{S_j^{(n+1)} - S_j^{(n)}}{\Delta t} (\varphi_j | \varphi_i) + \sum_{j=1}^m \frac{S_j^{(n+1)} + S_j^{(n)}}{2} (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) \\
& = -(\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \sum_{j=1}^m \frac{S_j^{(n+1)} + S_j^{(n)}}{2} \left(\sum_{k=1}^m \frac{I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)}}{2} (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) \\
& \sum_{j=1}^m \frac{I_j^{(n+1)} - I_j^{(n)}}{\Delta t} (\varphi_j | \varphi_i) + \sum_{j=1}^m \frac{I_j^{(n+1)} + I_j^{(n)}}{2} (D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) \\
& = (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \sum_{j=1}^m \frac{I_j^{(n+1)} + I_j^{(n)}}{2} \left(\sum_{k=1}^m \frac{S_k^{(n+1)} + S_k^{(n)}}{2} (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) \\
& - \mu \sum_{j=1}^m \frac{I_j^{(n+1)} + I_j^{(n)}}{2} (\varphi_j | \varphi_i) \\
& \sum_{j=1}^m \frac{R_j^{(n+1)} - R_j^{(n)}}{\Delta t} (\varphi_j | \varphi_i) + \sum_{j=1}^m \frac{R_j^{(n+1)} + R_j^{(n)}}{2} (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) \\
& = \mu \sum_{j=1}^m \frac{I_j^{(n+1)} + I_j^{(n)}}{2} (\varphi_j | \varphi_i), \\
& \text{para todo } \varphi_i \in \mathcal{B}.
\end{aligned} \right. \tag{4.14}$$

Fazendo a separação dos termos em $t^{(n+1)}$ e $t^{(n)}$, em cada equação, o sistema (4.14) pode ser reescrito da forma a seguir, $\forall t \in (0, T)$, $\forall i, j, k = 1, \dots, m$ e $\forall \varphi_j \in \mathcal{B}$:

$$\left\{ \begin{aligned}
& \sum_{j=1}^m S_j^{(n+1)} (\varphi_j | \varphi_i) + \frac{\Delta t}{2} \sum_{j=1}^m S_j^{(n+1)} (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) \\
& + (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \frac{\Delta t}{2} \sum_{j=1}^m S_j^{(n+1)} \left(\sum_{k=1}^m \frac{I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)}}{2} (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) \\
& = \sum_{j=1}^m S_j^{(n)} (\varphi_j | \varphi_i) - \frac{\Delta t}{2} \sum_{j=1}^m S_j^{(n)} (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) \\
& - (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \frac{\Delta t}{2} \sum_{j=1}^m S_j^{(n)} \left(\sum_{k=1}^m \frac{I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)}}{2} (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right), \\
\\
& \sum_{j=1}^m I_j^{(n+1)} (\varphi_j | \varphi_i) + \frac{\Delta t}{2} \sum_{j=1}^m I_j^{(n+1)} (D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) \\
& - (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \frac{\Delta t}{2} \sum_{j=1}^m I_j^{(n+1)} \left(\sum_{k=1}^m \frac{S_k^{(n+1)} + S_k^{(n)}}{2} (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) \\
& + \frac{\mu \Delta t}{2} \sum_{j=1}^m I_j^{(n+1)} (\varphi_j | \varphi_i) \\
& = \sum_{j=1}^m I_j^{(n)} (\varphi_j | \varphi_i) - \frac{\Delta t}{2} \sum_{j=1}^m I_j^{(n)} (D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) \\
& + (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \frac{\Delta t}{2} \sum_{j=1}^m I_j^{(n)} \left(\sum_{k=1}^m \frac{S_k^{(n+1)} + S_k^{(n)}}{2} (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) \\
& - \frac{\mu \Delta t}{2} \sum_{j=1}^m I_j^{(n)} (\varphi_j | \varphi_i), \\
\\
& \sum_{j=1}^m R_j^{(n+1)} (\varphi_j | \varphi_i) + \frac{\Delta t}{2} \sum_{j=1}^m R_j^{(n+1)} (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) \\
& - \frac{\mu \Delta t}{2} \sum_{j=1}^m I_j^{(n+1)} (\varphi_j | \varphi_i) = \sum_{j=1}^m R_j^{(n)} (\varphi_j | \varphi_i) \\
& - \frac{\Delta t}{2} \sum_{j=1}^m R_j^{(n)} (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \nabla \varphi_j \| \nabla \varphi_i) + \frac{\mu \Delta t}{2} \sum_{j=1}^m I_j^{(n)} (\varphi_j | \varphi_i).
\end{aligned} \right. \tag{4.15}$$

A fim de facilitar a implementação do algoritmo, vamos reagrupar os termos

de forma conveniente, $\forall t \in (0, T)$, $\forall i, j, k = 1, \dots, m$ e $\forall \varphi_j = \varphi_j(x, y) \in \mathcal{B}$:

$$\left\{ \begin{aligned}
& \sum_{j=1}^m S_j^{(n+1)} \left\{ (\varphi_j | \varphi_i) + \frac{\Delta t}{2} (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P})) \nabla \varphi_j \parallel \nabla \varphi_i \right\} \\
& + (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \frac{\Delta t}{2} \left(\sum_{k=1}^m \frac{I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)}}{2} (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) \Big\} \\
& = \sum_{j=1}^m S_j^{(n)} \left\{ (\varphi_j | \varphi_i) - \frac{\Delta t}{2} (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P})) \nabla \varphi_j \parallel \nabla \varphi_i \right\} \\
& - (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \frac{\Delta t}{2} \left(\sum_{k=1}^m \frac{I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)}}{2} (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) \Big\}, \\
\\
& \sum_{j=1}^m I_j^{(n+1)} \left\{ \left(1 + \frac{\mu \Delta t}{2} \right) (\varphi_j | \varphi_i) + \frac{\Delta t}{2} (D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD})) \nabla \varphi_j \parallel \nabla \varphi_i \right\} \\
& - (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \frac{\Delta t}{2} \left(\sum_{k=1}^m \frac{S_k^{(n+1)} + S_k^{(n)}}{2} (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) \Big\} \\
& = \sum_{j=1}^m I_j^{(n)} \left\{ \left(1 - \frac{\mu \Delta t}{2} \right) (\varphi_j | \varphi_i) - \frac{\Delta t}{2} (D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD})) \nabla \varphi_j \parallel \nabla \varphi_i \right\} \\
& + (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \frac{\Delta t}{2} \left(\sum_{k=1}^m \frac{S_k^{(n+1)} + S_k^{(n)}}{2} (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) \Big\}, \\
\\
& \sum_{j=1}^m R_j^{(n+1)} \left\{ (\varphi_j | \varphi_i) + \frac{\Delta t}{2} (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P})) \nabla \varphi_j \parallel \nabla \varphi_i \right\} \\
& - \frac{\mu \Delta t}{2} \sum_{j=1}^m I_j^{(n+1)} (\varphi_j | \varphi_i) \\
& = \sum_{j=1}^m R_j^{(n)} \left\{ (\varphi_j | \varphi_i) - \frac{\Delta t}{2} (D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P})) \nabla \varphi_j \parallel \nabla \varphi_i \right\} \\
& + \frac{\mu \Delta t}{2} \sum_{j=1}^m I_j^{(n)} (\varphi_j | \varphi_i).
\end{aligned} \right. \tag{4.16}$$

O resultado será o seguinte sistema:

$$\begin{cases} U_S (I^{(n)}, I^{(n+1)}) S^{(n+1)} = W_S (I^{(n)}, I^{(n+1)}) S^{(n)} \\ U_I (S^{(n)}, S^{(n+1)}) I^{(n+1)} = W_I (S^{(n)}, S^{(n+1)}) I^{(n)} \\ U_R R^{(n+1)} = W_R R^{(n)} + A_R (I^{(n+1)} + I^{(n)}), \end{cases} \quad (4.17)$$

onde as matrizes U_S , W_S , U_I , W_I , U_R , W_R e A_R são dadas por:

$$\begin{aligned} U_S(i, j) &= (\varphi_j | \varphi_i) + D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \frac{\Delta t}{2} (\nabla \varphi_j || \nabla \varphi_i) \\ &\quad + (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \frac{\Delta t}{2} \left(\sum_{k=1}^m \frac{I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)}}{2} (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} W_S(i, j) &= (\varphi_j | \varphi_i) - D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \frac{\Delta t}{2} (\nabla \varphi_j || \nabla \varphi_i) \\ &\quad - (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \frac{\Delta t}{2} \left(\sum_{k=1}^m \frac{I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)}}{2} (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} U_I(i, j) &= \left(1 + \frac{\mu \Delta t}{2} \right) (\varphi_j | \varphi_i) + D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD}) \frac{\Delta t}{2} (\nabla \varphi_j || \nabla \varphi_i) \\ &\quad - (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \frac{\Delta t}{2} \left(\sum_{k=1}^m \frac{S_k^{(n+1)} + S_k^{(n)}}{2} (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} W_I(i, j) &= \left(1 - \frac{\mu \Delta t}{2} \right) (\varphi_j | \varphi_i) - D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD}) \frac{\Delta t}{2} (\nabla \varphi_j || \nabla \varphi_i) \\ &\quad + (\beta_1 + \beta_2 \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})) \frac{\Delta t}{2} \left(\sum_{k=1}^m \frac{S_k^{(n+1)} + S_k^{(n)}}{2} (\varphi_k \varphi_j | \varphi_i) \right) \end{aligned}$$

$$U_R(i, j) = (\varphi_j | \varphi_i) + D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \frac{\Delta t}{2} (\nabla \varphi_j || \nabla \varphi_i)$$

$$W_R(i, j) = (\varphi_j | \varphi_i) - D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P}) \frac{\Delta t}{2} (\nabla \varphi_j || \nabla \varphi_i)$$

$$A_R(i, j) = \frac{\mu \Delta t}{2} (\varphi_j | \varphi_i),$$

com $i, j, k = 1, \dots, m$.

Na implementação computacional do sistema (4.17), o domínio espacial será discretizado através de elementos finitos triangulares de primeira ordem. Porém, é importante lembrar que os parâmetros $D_S(\mathcal{C}; \mathcal{P})$, $D_I(\mathcal{C}; \mathcal{P}; \mathcal{FD})$ e $\theta(\mathcal{CP}; \mathcal{EP})$ são dependentes de variáveis lingüísticas que serão modeladas no Capítulo 5.

Capítulo 5

Modelos fuzzy para parâmetros de transmissão e difusão

Para estudar certos fenômenos, faz-se necessário lidar com incertezas, imprecisões, subjetividades e conceitos vagos. Segundo [4], a incerteza proveniente da aleatoriedade de eventos está bem desenvolvida, ocupando um lugar de destaque na galeria da Matemática por meio da Teoria da Probabilidade. Por outro lado, a lógica fuzzy tem dado suas principais contribuições para descrever incertezas que representam qualidades ou verdades parciais, presentes em muitas variáveis utilizadas em nosso cotidiano. Essas variáveis, apesar de suas incertezas, são transmitidas e perfeitamente compreendidas lingüisticamente entre interlocutores.

O modelo de EDP (4.1), proposto no Capítulo 8.2 para descrever a dinâmica da febre aftosa em bovinos, envolve parâmetros que expressam características ambientais, econômicas, sociais e até mesmo da própria população em estudo, ou seja, os parâmetros de transmissão e difusão envolvidos na formulação do modelo são carregados de incertezas. Como já referido na Seção 4.1.1, essas incertezas são, com base em [39], como as da classe do “conhecimento parcial”. Essas podem ser representadas por variáveis lingüísticas oriundas da necessidade de se distinguir qualificações por meio de graduações, que serão

aqui tratadas pela Lógica Fuzzy, mais especificamente, pelos Sistemas Baseados em Regras Fuzzy (SBRF), considerados como uma das ferramentas matemáticas mais poderosas para lidar com tais incertezas.

No contexto desse trabalho, os SBRF representam uma ferramenta valiosa para descrever lingüisticamente os parâmetros de difusão e transmissão do modelo (4.1).

Na Seção 5.1 desse capítulo, serão apresentados os SBRF para estimar os coeficientes de difusão da classe de animais suscetíveis e infectados pela febre aftosa. Os coeficientes de difusão não são obtidos explicitamente, são parâmetros que têm caráter *incerto*, dependente do ambiente, da população e da enfermidade. São avaliados a cada passo de evolução no tempo, devido sua relação de dependência com a população e a enfermidade, as quais são variáveis em relação ao tempo.

Na seção 5.2, propõe-se um sistema baseado em regras fuzzy para modelar o parâmetro θ , que representa, de forma implícita, a influência que a capacitação pessoal e a heterogenia dos animais (se destinados à produção de leite, carne, etc) exercem na transmissão da doença.

5.1 Modelos fuzzy para os coeficientes de difusão

Nesta seção, faz-se uso de conhecimentos sobre as características comportamentais dos animais, que influenciam na distribuição espacial, para modelar os coeficientes de difusão dos indivíduos suscetíveis e infectados. Estes parâmetros, por levarem em conta características biológicas do animal e do ambiente no qual está inserido, apresentam um forte grau de incerteza. Tal incerteza será tratada nos parâmetros, através da teoria dos conjuntos fuzzy.

Nos modelos clássicos (determinísticos) em epidemiologia, que envolvem EDP, é muito comum avaliar o coeficiente de difusão pelo método de ajuste de dados estatísticos. No modelo proposto por [23], o coeficiente de difusão dos infectados representa a área média percorrida por um animal infectado durante uma unidade de tempo. Este coe-

ficiente foi estimado a partir da distribuição percentual do tamanho das propriedades rurais (em ha), do Estado de Santa Catarina-Brasil, no ano de 1984. Com isso, todos os indivíduos da população em estudo têm o mesmo “poder” de locomoção, independente de suas características biológicas e das condições de trânsito do meio. É como se fosse admitida a homogeneidade em ambas as classes da população.

Entende-se que esta é uma hipótese bastante simplificadora para o sistema (4.1). Em um estudo sobre o bem-estar dos bovinos, [16], afirmam que não é simples a análise isolada dos fatores que determinam a distribuição dos rebanhos nas pastagens. Segundo [15], as diferenças que existem nos padrões de distribuição dos rebanhos de uma mesma espécie em pastos semelhantes ocorrem, principalmente, porque os animais respondem às condições físicas e sociais de seu ambiente. Isto significa que alguns animais se deslocam no espaço com mais eficiência que outros, pois apresentam, entre outros fatores, capacidade física diferenciada devido à presença ou não dos sinais clínicos causados, por exemplo, pela febre aftosa. Justifica-se assim a necessidade de diferenciar os coeficientes de difusão das classes de suscetíveis e infectados.

Entre os diversos fatores que afetam a distribuição dos rebanhos nas pastagens, citados por [15] e [16], destacam-se o bem-estar físico e social dos bovinos. O bem-estar (estado do organismo durante as suas tentativas de se ajustar com o seu ambiente), na prática, está ligado à densidade de animais no grupo e ao meio físico preparado para o exercício das atividades dos animais que nele vivem, por exemplo: estábulos, mangueiras e pastos (a palavra pasto toma por definição “terreno em que há erva para alimento dos animais”).

Isto possibilita uma forma de estabelecer a relação de dependência dos coeficientes de difusão com as condições de transitabilidade no espaço físico onde o animal está situado e com as condições físicas desse animal, através de três importantes variáveis, denominadas aqui como: características ambientais (\mathcal{C}), população (\mathcal{P}) e fase da doença (\mathcal{FD}).

5.1.1 Descrição das variáveis lingüísticas fuzzy

Uma variável lingüística fuzzy é uma variável cujos valores são expressos qualitativamente por termos lingüísticos e quantitativamente por uma função de pertinência, ou seja, é uma variável cujos valores assumidos por ela são conjuntos fuzzy.

Essa seção traz uma breve descrição sobre as variáveis lingüísticas fuzzy, isto é, nomeia as variáveis de entrada (*características ambientais, população e fase da doença*) dos controladores fuzzy que modelam os coeficientes de difusão das populações de suscetíveis e infectados (D_S e D_I).

1. Características ambientais (\mathcal{C}): representam as características da “área de vida” dos animais, as quais interferem na locomoção dos mesmos.

Em sistemas de criação extensiva, [16] descrevem que os bovinos definem sua “área de vida”, a qual é caracterizada pela região do espaço onde desenvolvem todas as suas atividades. Nesse contexto, essa região pode ser encarada como o substrato de interação para o animal, onde mantém todas as suas relações com o ambiente, inclusive as sociais. De maneira geral, as “áreas de vida” apresentam dimensões variáveis, dependendo da disponibilidade dos recursos e da pressão ambiental (clima, predadores, etc.). Podem ser subdivididas, de acordo com a sua utilização pelos animais, em regiões de descanso (inseridas em locais sombreados e próximos a bebedouros), regiões de alimentação e de reprodução.

Segundo especialistas, a disponibilidade de recursos em alimentação, água e a pressão ambiental exercem forte influência nas tomadas de decisão dos animais com relação à sua movimentação. Por exemplo, se nos sistemas de criação extensiva as “áreas de vida” são desfavoráveis, com a oferta de pasto baixa e longe de bebedouros e sombras, o animal se movimentará com maior intensidade para consumir alimentação e água necessárias à sua sobrevivência, assim como para se proteger das altas temperaturas.

Com base nestas análises, para medir qualitativamente a variável características ambientais (\mathcal{C}), atribuiu-se os termos lingüísticos *favorável, mediano e desfavorável*.

A fim de facilitar a compreensão e manipulação do modelo aqui proposto, dividiu-se de forma teórica o domínio Ω (uma fazenda) em subdomínios, com base no trabalho de [1], ilustrados na Figura 4.1. Estes subdomínios classificam qualitativamente as “áreas de vida” dos animais nos seguintes ambientes: *favorável*, *mediano* e *desfavorável*.

As funções de pertinência de cada conjunto fuzzy da variável “características ambientais” são ilustradas na Figura 5.1. Como essa é uma variável qualitativa, optou-se por escolher uma escala de 0 a 1 para indicar as características ambientais, sendo que, quanto mais próximo de zero, tem-se ambientes mais desfavoráveis e quanto mais próximo de 1, tem-se ambientes mais favoráveis.

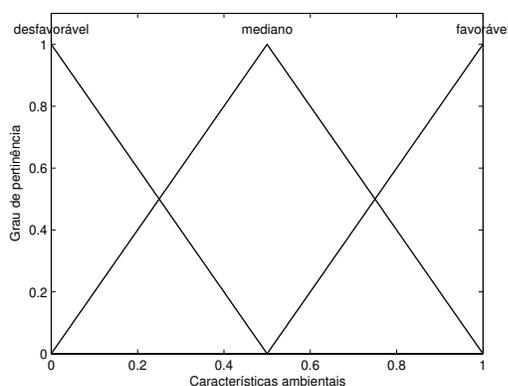


Figura 5.1: Função de pertinência aos conjuntos fuzzy assumidos pela variável lingüística características ambientais (\mathcal{C}).

2. População ($\mathcal{P}(x, y; t) = S(x, y; t) + I(x, y; t) + R(x, y; t)$): representa a quantidade de indivíduos por elemento do domínio Ω , discretizado pelo Método de Elementos Finitos (ver seção 6.2), onde S , I e R representam as respectivas populações de suscetíveis, infectados e recuperados.

A formação de grandes grupos de animais, mantidos em alta densidade populacional, surtirão efeito sobre a expressão do comportamento e a *performance* individual. Por exemplo, os animais não podem evitar a violação de seu espaço individual, quando em condições de alta densidade populacional, o que pode resultar no aumento das interações

agonísticas e estresse social, [30]. Os resultados de [31] mostraram que a distância média entre bezerros (6 a 13 meses de idade) e animais adultos (2 a 12 anos de idade) aumenta na medida em que o grupo diminui de tamanho, mantendo-se uma distância média constante $d = 10\text{ m}$ a $d = 12\text{ m}$ entre eles. Isto indica que os animais se movimentam mais em busca de seu espaço individual quando estão mantidos em alta densidade.

Para avaliar os coeficientes de difusão por meio de um SBRF devemos qualificar cada uma das suas variáveis dependentes. Daí a necessidade de se qualificar a variável população pelos termos lingüísticos: *nula*, *baixa*, *média baixa*, *média alta* e *alta*, os quais estão representados por funções de pertinência mostradas na Figura 5.2. O eixo horizontal das funções de pertinência varia de 0 a k , onde k representa a quantidade máxima de indivíduos em qualquer coordenada do domínio Ω , discretizado por elementos finitos. Assim, pode-se dizer que o parâmetro k representa a capacidade de suporte para cada elemento (triângulo) do domínio discretizado. Esse valor k deverá ser determinado no momento da implementação computacional do modelo, com base nas medidas do domínio Ω e da distância média d entre os animais, obtida por [31]. Ou seja, ao implementar o modelo, o parâmetro k é estimado, dividindo-se o número máximo de indivíduos que cabem no domínio Ω (levando-se em conta a área d^2 que cada indivíduo ocupa) pelo número de ‘nós’ (coordenadas dos vértices do elemento finito) do domínio discretizado.

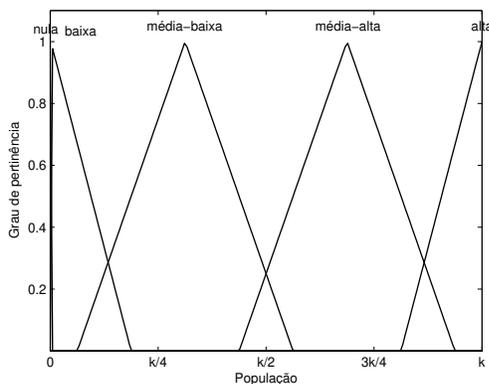


Figura 5.2: Função de pertinência aos conjuntos fuzzy assumidos pela variável lingüística população (\mathcal{P}).

3. Fase da doença (\mathcal{FD}): expressa o estado de saúde do indivíduo infectado.

De maneira geral, indivíduos afetados por algum tipo de enfermidade apresentam certa dificuldade de conduta, quando comparados com aqueles sadios. No caso dos animais infectados pela febre aftosa, quando apresentam graus de debilidade física devido a essa enfermidade, não é diferente. Como visto no Capítulo 1, os sinais clínicos apresentados por um animal infectado pela febre aftosa são bastante severos. Entre esses sinais, destacam-se a febre alta que deixa o animal fadigado e o surgimento de lesões na mucosa oral, que impedem o animal de se alimentar, causando perda de peso. Aparecem lesões também nos espaços interdigitais e bandas coronárias das patas (cascos), causando manqueira. Estas lesões são vesículas que se desenvolvem na medida em que o vírus se replica dentro de um grupo de células epiteliais, causando sua ruptura e criando uma grande “bolha” cheia de fluido dentro do epitélio. Esse fluido vesicular contém quantidades abundantes de partículas virais, que também persistem nas células vizinhas por 3 a 8 dias, diminuindo em número conforme os anticorpos são formados.

Os anticorpos contra o vírus da febre aftosa podem ser detectados após 4 dias de infecção, sendo que os títulos máximos ocorrem entre 7 e 15 dias, havendo então um declínio progressivo da carga viral e, conseqüentemente, das lesões causadas pela doença. Paralelamente, ocorre o processo de cicatrização das lesões e os animais convalescentes de infecção natural se recuperam, apresentando imunidade por um período de aproximadamente um ano.

Da Tabela 5.1, extraída de [37], e da Figura 5.3, extraída de [21], pode-se observar, respectivamente, a evolução dos sinais clínicos com relação ao tempo de enfermidade e a curva de evolução teórica do vírus da febre aftosa em um indivíduo, nos primeiros dias após a infecção.

A partir destas características biológicas da enfermidade, observa-se que quanto maior a carga viral do animal infectado, mais severos são os sinais clínicos causados pela doença. Assim, considerando que estas características biológicas apresentam um forte grau de incerteza, caracteriza-se a variável *fase da doença* (\mathcal{FD}) pelos conjuntos fuzzy fase inicial, moderada leve, moderada, moderada aguda ou aguda.

Tabela 5.1: Evolução das lesões causadas pelo vírus da febre aftosa em bovinos a partir da infecção (Mann e Sellers, 1990).

Lesões	Período
Vesículas íntegras na língua e/ou patas.	24 – 48 h
Vesículas rompidas parcialmente cobertas pelo epitélio; úlceras expostas.	2 – 3 dias
Epitélio necrótico e caseoso; tecido de granulação evidente na língua ou partes da boca	4 – 5 dias
Perda de Epitélio; processo de cicatrização em evolução na língua; separação evidente nas linhas de crescimento do casco.	7+ dias

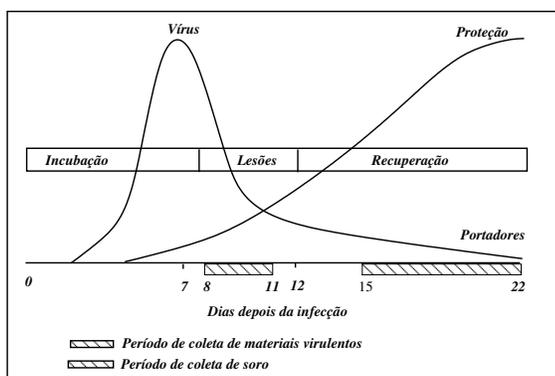


Figura 5.3: Evolução teórica da febre aftosa em um indivíduo infectado (Fernández e Söndahl, 1978).

No entanto, ao se modelar a variável fase da doença, depara-se com a questão: como classificar a fase da doença de cada animal infectado em inicial, moderada leve, moderada, moderada aguda ou aguda, sem medir a quantidade de título virêmico do mesmo? A dificuldade ocorre pela indisponibilidade de dados numéricos a respeito da carga viral de cada indivíduo infectado. Porém, tem-se disponível dados qualitativos sobre a epidemia, supracitados na Tabela 5.1 e ilustrados na Figura 5.3, os quais dão a idéia de que durante o período em que o indivíduo está infectado, existem momentos de maior replicação do vírus e, em conseqüência, maior severidade dos sinais clínicos. Assim, estes sinais podem ser classificados conforme a “idade da doença”, ou seja, o tempo com que o indivíduo está infectado. Com isso, pode-se contornar a questão referida acima,

fazendo-se a variável “fase da doença” dependente do tempo em que o indivíduo está infectado. A fim de representar esta dependência, pode utilizar-se como ferramenta um Sistema Baseado em Regras Fuzzy. Para isso, define-se uma variável para determinar em que período da infecção o indivíduo se encontra, denominada *tempo de infecção*, descrita a seguir.

4. Tempo de infecção (τ): indica o período da infecção em que o indivíduo infectado se encontra.

Esta variável divide o tempo de aproximadamente 15 dias em que o indivíduo fica doente em pequenos intervalos, tornando possível determinar os diversos momentos em que podem ocorrer alterações dos sinais clínicos dos animais infectados. Ou seja, com relação aos sinais clínicos, a doença pode ser classificada qualitativamente em diferentes fases, dependendo do tempo de infecção. Por exemplo, no período entre 5 e 6 dias de infecção as lesões são bastantes severas, podendo-se dizer que a doença se apresenta numa fase aguda.

Neste sentido, a variável *tempo de infecção* (τ) é classificada pelos termos lingüísticos *tempo0* (τ_0), *tempo1* (τ_1), *tempo2* (τ_2), *tempo3* (τ_3), ..., *tempo14* (τ_{14}) e *tempo15* (τ_{15}). Suas funções de pertinência são as ilustradas na Figura 5.4. O eixo horizontal varia entre 0 e 15 dias, tendo em vista que nesse intervalo de tempo ocorre a recuperação dos indivíduos infectados.

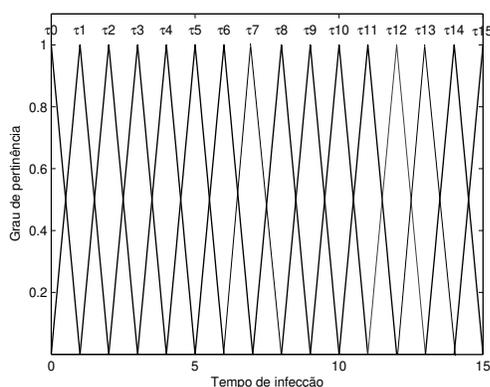


Figura 5.4: Função de pertinência aos conjuntos fuzzy assumidos pela variável lingüística tempo de infecção (τ).

O ideal é que se tivesse uma expressão analítica para $\mathcal{FD} = \mathcal{FD}(\tau)$. Como não é o caso, a opção por um Sistema Baseado em Regras Fuzzy (SBRF) pode desempenhar bem esse papel, como demonstrado a seguir.

5.1.2 Sistemas Baseados em Regras Fuzzy para a variável “fase da doença”

Como visto na seção 2.2.7, um SBRF compreende quatro componentes principais: um codificador, que representa as variáveis de entrada e saída em conjuntos fuzzy; um método de inferência; uma base de conhecimentos e um decodificador, que transforma a saída em um valor numérico. O SBRF aqui utilizado para modelar a variável qualitativa *fase da doença* (\mathcal{FD}) é estruturado pelo esquema da Figura 5.5.

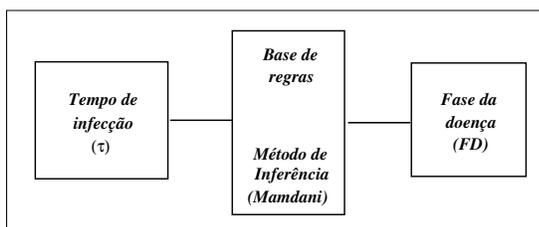


Figura 5.5: Estrutura dos sistemas baseados em regras fuzzy construído para modelar a variável fase da doença (\mathcal{FD}).

A variável de entrada utilizada na modelagem fuzzy para determinar a “fase da doença” é a variável “tempo de infecção” definida na seção anterior, com suas funções de pertinência ilustradas na Figura 5.4. Por conseguinte, com o propósito de obter para a variável “fase da doença” uma forma gráfica aproximada da forma que representa a evolução do vírus da febre aftosa, ilustrada na Figura 5.3, construiu-se as funções de pertinência de cada conjunto fuzzy como número fuzzy da forma triangular e trapezoidal, conforme ilustração na Figura 5.6. Como essa é uma variável qualitativa, optou-se por escolher uma escala de 0 a 1 para indicar as fases da doença (*inicial, moderada leve,*

moderada, moderada aguda e aguda). Quanto mais próximo de zero, tem-se as fases em que os sintomas clínicos são mais leves e quanto mais próximo de 1, tem-se as fases em que os sintomas clínicos são mais severos.

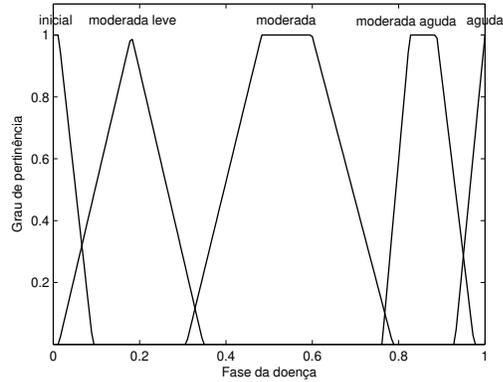


Figura 5.6: Função de pertinência aos conjuntos fuzzy assumidos pela variável lingüística fase da doença (\mathcal{FD}).

Como já dito, não se tem disponível a função matemática que modela a variável “fase da doença” ($\mathcal{FD} = \mathcal{FD}(\tau)$), principalmente porque ela deve representar, no modelo, uma grande carga de informações físicas e biológicas com características intrinsecamente incertas. No entanto, o conjunto de regras fuzzy pode desempenhar bem o papel da função matemática, isto porque há intuitivamente a idéia de que as regras se aproximam de funções em uma iteração ideal de informações. Isto é, sistemas fuzzy baseados em conjuntos de regras lingüísticas “cobrem” a curva que será candidata a ser a função que modela o problema em mãos e se aproximam bem desta, [4, 19].

Normalmente, a base de regras é construída com o auxílio de especialistas. Nesse caso, a base de regras foi elaborada tendo em vista as informações biológicas contidas na Tabela 5.1 e no gráfico da evolução do vírus ilustrado na Figura 5.3. Assim, fazendo-se a associação entre os termos subjetivos das variáveis “tempo de infecção” e “fase da doença”, estabelece-se a base de regras, conforme Quadro 5.1.

1. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo0$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é inicial.
2. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo1$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é inicial.
3. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo2$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é inicial.
4. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo3$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é moderada leve.
5. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo4$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é moderada.
6. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo5$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é aguda.
7. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo6$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é aguda.
8. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo7$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é aguda.
9. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo8$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é moderada aguda.
10. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo9$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é moderada.
11. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo10$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é moderada leve.
12. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo11$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é moderada leve.
13. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo12$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é moderada leve.
14. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo13$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é moderada leve.
15. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo14$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é moderada leve.
16. **Se** tempo de infecção $\tau = tempo15$ **então** fase da doença \mathcal{FD} é moderada leve.

Quadro 5.1: Base de regras para a variável fase da doença (\mathcal{FD}).

A variável *fase da doença* (\mathcal{FD}) foi inferida, a partir das regras estabelecidas, por meio do método de inferência de Mamdani que, como visto na Seção 2.2.7, associa a t-norma *min* para o conectivo lógico “e” e a t-conorma *max* para o conectivo “ou”. A resposta clássica (não fuzzy) é obtida através da defuzzificação, utilizando-se o Método do Centro de Massa, que é o método mais utilizado. A Figura 5.7 apresenta a curva obtida pelo mapeamento realizado pelo modelo fuzzy, mais especificamente pelo SBRF.

Ao observar a curva que descreve a variável \mathcal{FD} , obtida pelo SBRF e ilustrada na Figura 5.7, pode-se intuir que existe uma aproximação dessa com a curva que representa a evolução teórica da febre aftosa em um indivíduo infectado, conforme a Figura 5.3. O resultado obtido foi satisfatório, com características bastante semelhantes entre ambas.

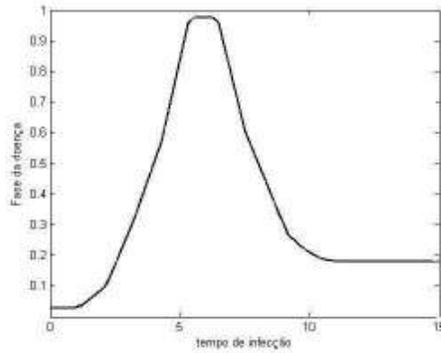


Figura 5.7: Curva obtida pelo mapeamento do modelo fuzzy para a variável \mathcal{FD} .

É sabido que para comparar duas curvas, deve-se conhecê-las em todos os pontos, e aqui está se supondo que a função que representa a curva (5.3) não é conhecida. Todavia, [19] mostra que é possível aproximar uma curva conhecendo apenas algumas de suas características. Basta que, para isto, se consiga transformar o conhecimento que se tem sobre ela no maior número de regras possível.

A autora de [19] observa ainda, em teorema descrito, que aumentando o número de regras da base de regras, a aproximação passa a ser mais eficaz. No contexto desse trabalho, aumentar o número de regras para melhorar ainda mais a aproximação das duas curvas geraria o contexto ideal. Porém, o SBRF modelado para estimar o parâmetro de difusão dos infectados (D_I) poderia se tornar impraticável. Isso porque ocorreria também um aumento excessivo das regras da base de regras desse sistema. Sendo assim, considerando a aproximação entre as curvas suficientemente satisfatória, conclui-se que o SBRF proposto demonstrou possuir boa capacidade para determinar a “fase da doença” (\mathcal{FD}) dos indivíduos infectados, com base em características de evolução do vírus e das alterações dos sinais clínicos dos animais infectados.

Finalmente, tendo definidas as variáveis *características ambientais* (\mathcal{C}), *população* (\mathcal{P}) e *fase da doença* (\mathcal{FD}), as quais são descritas em termos lingüísticos, a modelagem dos *coeficientes de difusão* D_S e D_I será embasada na teoria dos conjuntos fuzzy através da construção de Sistemas Baseados em Regras Fuzzy (SBRF). Esse conjunto de ações possibilitará, assim, estabelecer a relação de dependência dos coeficientes de difusão com

as condições de transitabilidade no espaço físico onde o animal está situado e com as condições físicas desse animal afetado pela doença.

5.1.3 Sistemas Baseados em Regras Fuzzy para os coeficientes de difusão

Foi visto na seção anterior que as partes fundamentais na modelagem obtidas por meio de um SBRF são: os termos lingüísticos que definem subjetivamente os estados das variáveis de entrada e saída; uma base de regras em que estão incorporadas as informações do fenômeno modelado, quanto mais precisas forem estas informações, melhor determinados serão os estados assumidos pelas variáveis de entrada e saída, descrevendo com mais detalhes o fenômeno; um método de inferência e um defuzzificador.

Um aspecto importante, a ser lembrado antes de definir os SBRF que modelarão D_S e D_I , diz respeito à debilidade física enfrentada pelos animais acometidos pela febre aftosa. A debilidade física é uma consequência da severidade dos sinais clínicos oriundos da doença. Essa característica que afeta os animais infectados interfere drasticamente na sua eficiência de mobilidade, definindo dessa forma um importante diferencial entre os infectados e os suscetíveis em relação à dispersão espacial. Como já referido nessa tese, este aspecto justifica a necessidade de inserir a variável “fase da doença” (\mathcal{FD}) como variável de entrada do SBRF $D_I = D_I(\mathcal{C}, \mathcal{P}, \mathcal{FD})$, diferenciando-o do SBRF $D_S = D_S(\mathcal{C}, \mathcal{P})$. As Figuras 5.8 e 5.9 ilustram os respectivos esquemas dos SBRF aqui utilizados para modelar os coeficientes de difusão D_S e D_I .

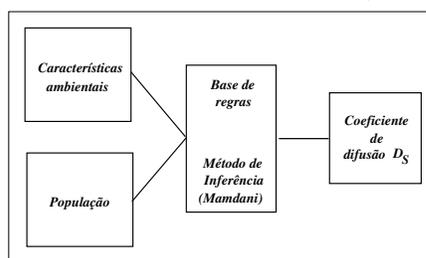


Figura 5.8: Estrutura do SBRF construído para estimar o coeficiente de difusão D_S .

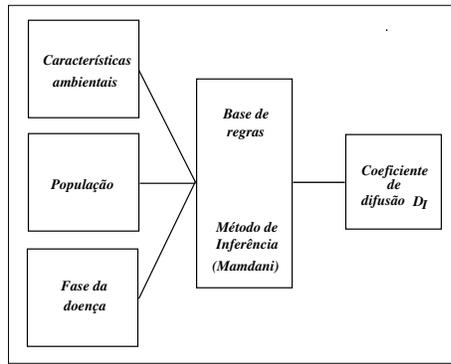


Figura 5.9: Estrutura do SBRF construído para estimar o coeficiente de difusão D_I .

As variáveis de entrada de cada controlador – *características ambientais*, *população* e *fase da doença* – foram consideradas na seção 5.1.1 como variáveis lingüísticas, e seus valores como conjuntos fuzzy em seus respectivos domínios.

As variáveis de saída de cada SBRF – *coeficiente de difusão dos suscetíveis* (D_S) e *coeficiente de difusão dos infectados* (D_I) – têm seus valores como conjuntos fuzzy dados pelos termos lingüísticos: *nulo*, *muito baixo*, *baixo*, *alto* e *muito alto*. A Figura 5.10 apresenta, simultaneamente, a representação gráfica das variáveis de saída D_S e D_I .

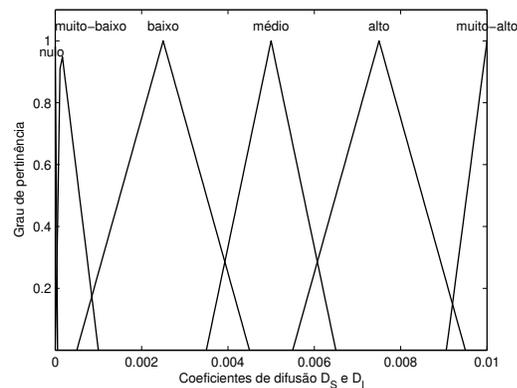


Figura 5.10: Função de pertinência aos conjuntos fuzzy assumidos pelas variáveis lingüísticas coeficientes de difusão dos suscetíveis e infectados.

Para estimar o coeficiente de difusão dos suscetíveis, estabeleceu-se a base de regras ilustrada na Tabela 5.2, e para precisar o coeficiente de difusão dos infectados,

estabeleceu-se a base de regras composta por 72 regras, das quais parte delas são destacadas na Tabela 5.3. É na definição da base de regras que as informações do fenômeno em estudo são utilizadas. Para cada estado definido pelos termos lingüísticos da variável de entrada, é definida uma regra. Sendo assim, quanto mais termos lingüísticos, mais informações são incorporadas na modelagem.

Tabela 5.2: Base de regras para o coeficiente de difusão dos suscetíveis D_S .

Características ambientais	População				
	nula	baixa	média baixa	média alta	alta
favorável	nulo	muito baixo	muito baixo	baixo	médio
mediano	nulo	muito baixo	baixo	médio	alto
desfavorável	nulo	baixo	médio	alto	muito alto

Tabela 5.3: Exemplos de regras da base de regras para o coeficiente de difusão dos infectados D_I .

Regra	Variáveis de entrada			Variável de saída
	Características ambientais	População	Fase da doença	Coefficiente de difusão D_I
15	desfavorável	média baixa	aguda	muito baixo
43	mediano	média alta	moderada	médio
71	favorável	alta	inicial	médio
75	favorável	alta	aguda	baixo

O método de inferência é o mecanismo pelo qual as informações subjetivas definidas pela base de regras são avaliadas matematicamente. É neste estágio que, para cada valor assumido pelas variáveis de entrada, o valor das variáveis de saída é determinado de acordo com a base de regras. O método de inferência utilizado é o Método de Mamdani. A defuzzificação é feita por meio do Método do Centro de Massa. O papel do

defuzzificador é converter cada conclusão obtida pelo método de inferência em um número real que melhor representa a ação a ser tomada.

A Figura 5.11 ilustra a relação existente entre as *características ambientais* e a *população* de bovinos para o coeficiente de difusão dos suscetíveis. Essa relação depende das funções de pertinência das variáveis de entrada e saída do sistema e da base de regras.

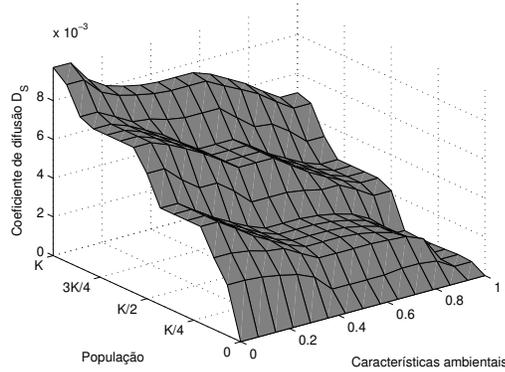


Figura 5.11: Representação gráfica do coeficiente de difusão dos suscetíveis (D_S).

Tendo em vista a dificuldade em obter a representação gráfica do coeficiente $D_I = D_I(\mathcal{C}, \mathcal{P}, \mathcal{FD})$, por ser dependente de três variáveis, ressalta-se que ao considerar \mathcal{FD} constante, tem-se a mesma representação gráfica obtida por $D_S = D_S(\mathcal{C}, \mathcal{P})$. No entanto, assumindo \mathcal{P} constante, obtém-se a representação ilustrada pela Figura 5.12(a) e ao considerar \mathcal{C} constante, tem-se a ilustração gráfica conforme Figura 5.12(b).

Outro parâmetro de grande importância para o modelo aqui proposto é aquele que está relacionado com a infecção de indivíduos por “contato indireto”. Na seção 4.1.1, a taxa de transmissão da infecção foi definida da forma $\beta = \beta_1 + \beta_2\theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$, onde o parâmetro $\theta = \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$ objetiva representar a influência exercida por diversos fatores que agregam incertezas (atividades econômicas, sociais e ambientais) na transmissão da doença. Assim, será exposto na próxima seção um modelo fuzzy para o parâmetro θ .

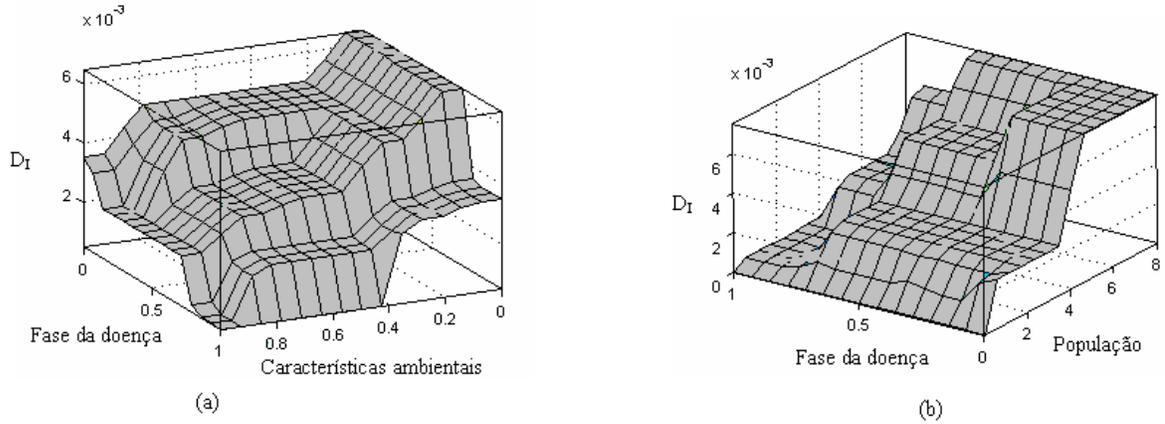


Figura 5.12: Representação gráfica de $D_I = D_I(\mathcal{C}, \mathcal{FD})$ em (a) e de $D_I = D_I(\mathcal{P}, \mathcal{FD})$ em (b).

5.2 Modelo fuzzy para o parâmetro θ

A transmissão de infecções depende fundamentalmente do meio socioeconômico e ambiental. Mesmo que de forma implícita, ela depende de fatores que nem sempre são inerentes ao agente infeccioso ou ao hospedeiro, mas aos vetores transmissores e à forma de agregação social, principalmente em se tratando de doenças transmissíveis também por contato indireto.

No caso da febre aftosa, a transição de animais da classe de suscetíveis para infectados pode ocorrer independentemente da existência de contato direto entre eles. Existe a possibilidade de ocorrer a transmissão da doença também por contato indireto, ou seja, pelo contato do animal suscetível com pessoas, objetos, animais silvestres, água ou o próprio ambiente, quando contaminados com o vírus, tendo em vista que esse é altamente resistente no meio ambiente e pode ser transportado, de forma involuntária, de um local para outro da fazenda por meio destes vetores transmissores.

No Capítulo 8.2, fez-se inferência sobre a necessidade de incorporar à força de infecção (λ) as incertezas e imprecisões relacionadas a esses fatores socioeconômicos e ambientais, os quais são fortemente influenciáveis na taxa de transmissão da epidemia (β), em se tratando, principalmente, da forma de transmissão indireta. Fez-se, também, menção ao fato de que as incertezas podem ser representadas por meio de variáveis lingüísticas,

tornando possível agregá-las à força de infecção, construindo-se um SBRF, considerado uma das ferramentas mais eficientes para tratar dessas incertezas. Face a isso, foram definidas, ainda na Seção 5.1.1, as variáveis lingüísticas “conduta pessoal” (\mathcal{CP}) e “estrutura de produção” (\mathcal{EP}), as quais visam traduzir, de forma implícita, a influência que a qualificação pessoal e a heterogenia dos animais (se destinados à produção de leite, carne, etc) exercem na transmissão da doença, seja de forma direta no encontro entre suscetíveis e infectados, como de forma indireta, no encontro entre suscetíveis e o vírus depositado no meio ambiente pelos infectados. Assim, para lidar com as incertezas mensuradas pelas variáveis \mathcal{EP} e \mathcal{CP} , propõe-se o SBRF $\theta = \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$, estruturado conforme Figura 5.13.

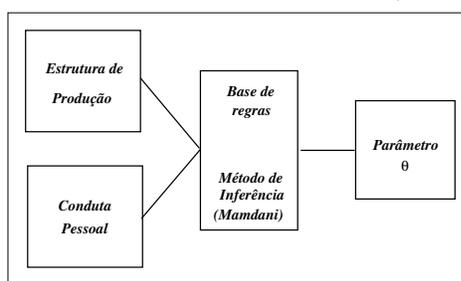


Figura 5.13: Estrutura do Sistema Baseado em Regras Fuzzy construído para estimar θ .

O parâmetro θ , modelado pelo SBRF acima, tem como objetivo captar as incertezas inerentes aos aspectos socioeconômicos e ambientais que, de forma implícita, exercem grande influência na transmissão da febre aftosa em bovinos. Isto porque θ é responsável por agregar à taxa $\beta = \beta_1 + \beta_2\theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$ de transmissão da doença a forma de transmissão também por contato indireto. Nesse sentido, a força de infecção é capaz de incorporar ao modelo esses fatores incertos, responsáveis pelos “encontros bem-sucedidos” entre suscetíveis e o vírus propagados pelo infectado, já que ela é dependente de β , ou seja, $\lambda = \beta I$.

Para definir os termos lingüísticos da variável de entrada *estrutura de produção* (\mathcal{EP}), toma-se como base os tipos de atividades econômicas na bovinocultura, que descrevem as formas de organização da produção bovina (*pecuária de subsistência, produção*

de leite, produção de carne e pecuária extrativa), definidas por [41] a partir de autores como [43]. Os estabelecimentos caracterizados pela *pecuária de subsistência* têm produtividade e comercialização de animais muito baixa, quase insignificante; os caracterizados pela *produção de leite* apresentam rebanhos pequenos ou médios com comercialização baixa, sendo o maior movimento com transporte de leite; os caracterizados pela *pecuária extrativa* têm grandes rebanhos com alta movimentação de animais e os caracterizados pela *transformação para carne* apresentam produtividade e comercialização intensa superior aos anteriores. Assim, com intuito de mensurar a variável \mathcal{EP} atribui-se os termos lingüísticos *muito baixa, baixa, alta e muito alta*.

O surgimento, a manutenção e a propagação da febre aftosa podem ser considerados como o resultado, muitas vezes inesperado, das atividades transformadoras do homem, principalmente com as ligadas à educação sanitária. Esta enfermidade está associada principalmente à falta de informação dos proprietários frente à necessidade do desenvolvimento de estratégias, abrangentes e de utilização contínua, visando evitar ou minimizar os riscos de contaminação dos animais sadios. Entre estas estratégias, destacam-se as relacionadas às condições higiênico-sanitárias e educacionais do estabelecimento, como: instruir e orientar as pessoas envolvidas com os animais de forma a estarem sensibilizadas e conscientes de que são parte importante no processo de controle da enfermidade; reduzir o número de agentes patogênicos potenciais e minimizar a poluição ambiental por meio da prática de higienização e desinfecção de ferramentas e equipamentos de trabalho, estábulos, mangueiras e galpões, manejo de dejetos, coleta e destino adequado de lixo, controle de insetos e roedores; manter a vigilância sanitária com a observação contínua do estado de saúde dos animais na propriedade, em suas movimentações (entrada, saída e trânsito), e quando das concentrações dos mesmos (exposições, feiras, torneios, rodeios, leilões e outros).

As incertezas inerentes a essas ações humanas, fortemente influenciáveis na propagação da epidemia, são incorporadas ao modelo pela variável lingüística “conduta pessoal” (\mathcal{CP}). Para isso, a variável é representada pelos termos lingüísticos *totalmente insatisfatória, insatisfatória, freqüentemente insatisfatória, regular, freqüentemente satis-*

fatória, satisfatória e totalmente satisfatória, capazes de traduzir as incertezas que envolvem as ações de prevenção, monitoramento e controle da doença. Estes são modelados por funções de pertinência, em que o domínio de cada uma delas é representado por um intervalo de reta $[a, b] \subset [0, 1]$. As funções de pertinência de ambas as variáveis estão ilustradas na Figura 5.14.

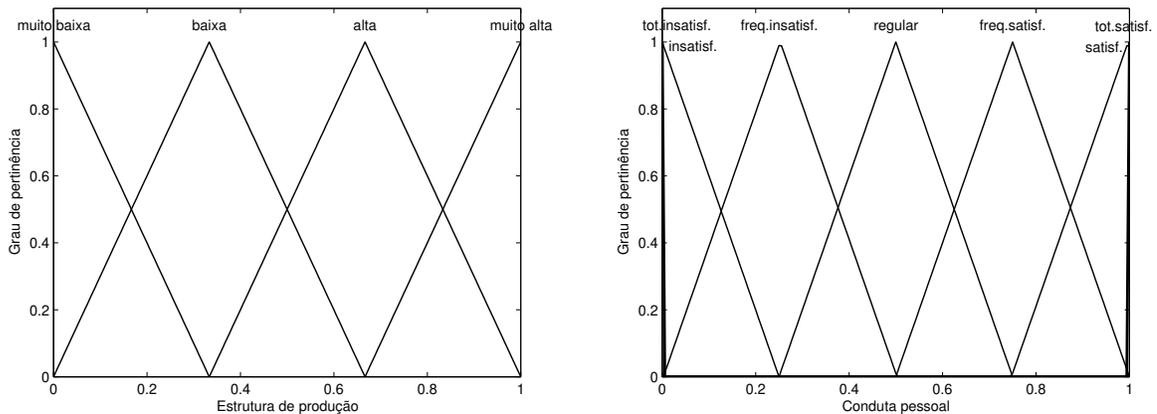


Figura 5.14: Funções de pertinência aos conjuntos fuzzy assumidos pelas variáveis lingüísticas estrutura de produção e conduta pessoal.

A variável de saída θ é classificada qualitativamente pelos termos lingüísticos: *nulo, muito baixo, baixo, médio, alto, muito alto e máximo*, os quais estão ilustrados pelas funções de pertinência da Figura 5.15.

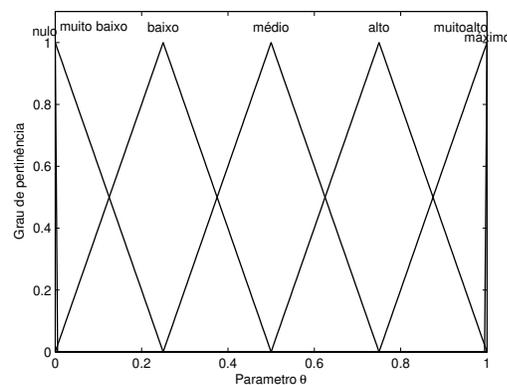


Figura 5.15: Função de pertinência aos conjuntos fuzzy assumidos pela variável lingüística θ .

Da combinação dos conjuntos fuzzy $\mathcal{CP} = \{totalmente\ insatisfatória, insatis-$

fatória, freqüentemente insatisfatória, regular, freqüentemente satisfatória, satisfatória, totalmente satisfatória} e $\mathcal{EP} = \{\text{muito baixa, baixa, alta, muito alta}\}$, estabelece-se a base de regras lingüísticas ilustrada na Tabela 5.4, para estimar a variável θ .

Tabela 5.4: Base de regras para a variável θ .

Conduta Pessoal	Estrutura de produção			
	muito baixa	baixa	alta	muito alta
tot. insatisfatória	máximo	máximo	máximo	máximo
insatisfatória	alto	alto	muito alto	muito alto
freq. insatisfatória	médio	alto	alto	muito alto
regular	baixo	médio	médio	alto
freq. satisfatória	muito baixo	baixo	baixo	médio
satisfatória	muito baixo	muito baixo	muito baixo	baixo
tot. satisfatória	nulo	nulo	nulo	nulo

Usando o método de inferência de Mamdani e o Centro de Massa como defuzzificador, obtém-se a representação gráfica do parâmetro θ , conforme ilustração na Figura 5.16.

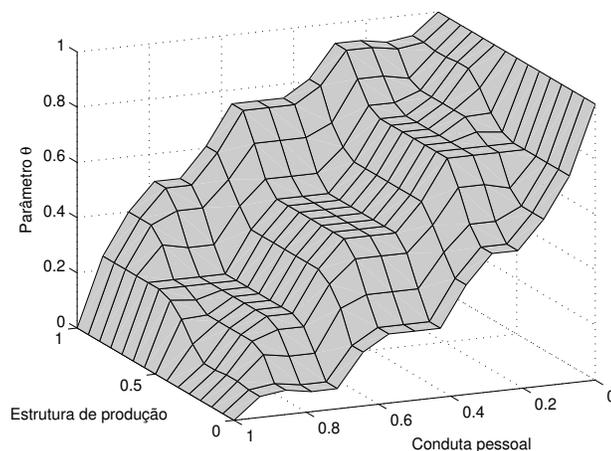


Figura 5.16: Representação gráfica do parâmetro θ .

Pelo gráfico observa-se a grande influência que a conduta pessoal exerce no crescimento do parâmetro θ , em qualquer tipo de atividade econômica, θ cresce rapidamente, à medida que diminui a qualificação, a conscientização e esclarecimento das pessoas no exercício das atividades com os animais, para enfrentar o desafio no controle da disseminação da doença.

Finalmente, com o modelo fuzzy aqui proposto para estimar o parâmetro θ , tem-se a possibilidade de incorporar à taxa β de transmissão da doença a forma de transmissão também por contato indireto, fazendo $\beta = \beta_1 + \beta_2\theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$.

Com os modelos fuzzy propostos para estimar os parâmetros que carregam incertezas, será realizada no próximo capítulo a implementação computacional do modelo (4.1), com o objetivo de estudar a evolução da febre aftosa em bovinos em uma fazenda.

Capítulo 6

Acoplamento dos modelos de EDP, fuzzy e probabilísticos

Ao se realizar o acoplamento dos modelos de EDP e fuzzy na implementação computacional, depara-se com a existência de incertezas provenientes também da classe de variabilidade. Essas incertezas surgem ao realizar a leitura das variáveis lingüísticas \mathcal{C} , \mathcal{EP} , \mathcal{CP} e τ , quando postos em ação os SBRFs $\mathcal{FD} = \mathcal{FD}(\tau)$, $D_S = D_S(\mathcal{C}, \mathcal{P})$, $D_I = D_I(\mathcal{C}, \mathcal{P}, \mathcal{FD})$ e $\theta = \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$, isso porque são variáveis lingüísticas descritas por termos qualitativos.

Diante dessa situação, propõe-se modelos probabilísticos para fazer a leitura atualizada das variáveis de entrada “tempo de infecção” (τ) e “características ambientais” (\mathcal{C}), definidas na seção 5.1.1 e, “forma de produção” (\mathcal{EP}) e “conduta pessoal” (\mathcal{CP}) definidas na seção 5.2. A partir dos modelos probabilísticos serão postos em ação os SBRFs para estimar os parâmetros incertos do modelo de EDP (4.1) e, finalmente, realizar a implementação computacional por meio do acoplamento dos modelos de EDP, fuzzy e probabilísticos.

6.1 As variáveis lingüísticas τ , \mathcal{C} , \mathcal{EP} e \mathcal{CP} sob uma óptica probabilística

Como já reportado, essas variáveis apresentam, além da incerteza proveniente da classe de “conhecimento parcial”, tratada pela lógica fuzzy, a incerteza de variabilidade (ver seção 2.1). A primeira está presente na definição do “evento”, como \mathcal{C} = “mediano”, e a segunda na chance de ocorrência de “seus elementos”. Ou seja, cada termo (ou evento fuzzy) tem fronteira não clara. Por outro lado, “seus elementos” (suporte) não são eqüiprováveis segundo uma distribuição aleatória. Esse tipo de incerteza, como já referido na seção 2.1, pode ser tratada pela Teoria da Probabilidade, que é uma ferramenta bem desenvolvida e consolidada para tal.

Para melhor situar a existência dos dois tipos de incertezas presentes nas variáveis, toma-se como exemplo a variável lingüística *características ambientais* (\mathcal{C}). Os *coeficientes de difusão* D_S e D_I variam em cada elemento da malha a cada iteração de tempo $t \in [0, T]$. Porém, considera-se a variável \mathcal{C} constante em relação ao tempo, daí sua leitura é feita em cada elemento da malha uma única vez. É conhecida, a partir da 5ª coluna da matriz malha (ver seção 6.2), a subregião do domínio Ω ao qual o elemento pertence, o que permite saber a qualificação da variável \mathcal{C} no conjunto fuzzy *desfavorável*, *mediano* ou *favorável*. No entanto, é necessário alimentar a entrada do SBRF com um valor pertencente ao domínio da função de pertinência do conjunto fuzzy ao qual o elemento pertence. O domínio é o intervalo $[0, 1]$. Os valores mais próximos de zero correspondem ao conjunto fuzzy *desfavorável*; valores intermediários pertencem ao conjunto fuzzy *mediano* e valores mais próximos de um correspondem ao conjunto fuzzy *favorável* (ver Figura 5.1). Neste caso, tem-se um problema, pois o domínio de cada função de pertinência é definido por um intervalo de reta, ou seja, é preciso saber qual é o valor pertencente à reta suporte da função de pertinência, correspondente ao conjunto fuzzy ao qual o elemento pertence. No entanto, este valor não é conhecido *a priori*.

Aqui a incerteza fuzzy está presente na definição do evento (conjunto fuzzy).

E para dar entrada ao SBRF, é necessário considerar a chance dos “elementos” (suporte do conjunto fuzzy) desse evento ocorrer, caracterizando uma incerteza de variabilidade (probabilística). A Figura 6.1 traz a ilustração de um evento fuzzy e seus “elementos”, os quais envolvem, respectivamente, incertezas fuzzy e probabilísticas da variável \mathcal{C} .

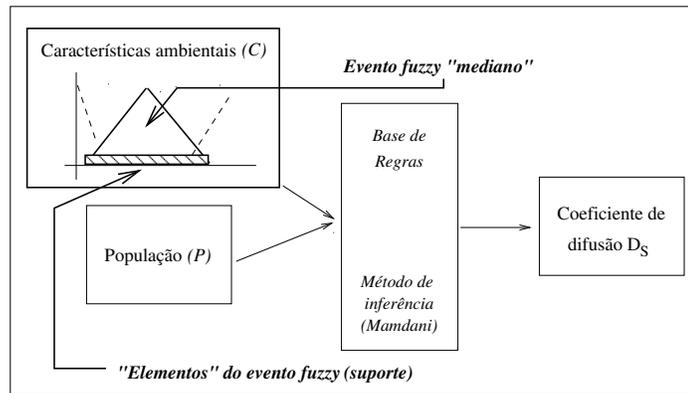


Figura 6.1: Esquema ilustrativo de um **evento fuzzy** e seus “**elementos**”, os quais envolvem, respectivamente, incertezas fuzzy e probabilísticas da variável lingüística “características ambientais” do SBRF modelado para estimar os coeficientes de difusão D_S e D_I .

Para as demais variáveis lingüísticas \mathcal{EP} , \mathcal{CP} e τ deparou-se com problemas semelhantes: em cada variável existe a incerteza fuzzy presente na definição do evento (não possuem fronteira bem definida), e a incerteza probabilística presente ao calcular a chance de ocorrência de “seus elementos” ou dos próprios eventos, que podem não ser equiprováveis segundo uma distribuição aleatória. Essas situações, originárias da natureza e que envolvem incertezas de variabilidade, são denominadas de *fenômenos* ou *experimentos aleatórios*. Nesse sentido, uma solução alternativa para contornar o problema detectado é expressar o grau de incerteza desses valores de entrada em termos de probabilidades.

Na maioria das vezes, as observações ou experiências podem ser planejadas e analisadas com mais precisão quando utilizado algum método estocástico. Mesmo mantendo as condições experimentais mais constantes possíveis, a repetição de uma observação ou experiência dificilmente resulta em valores iguais, ocorrendo variações. No entanto, é possível obter uma boa aproximação do valor esperado à medida que o número de

repetições (simulações) tende ao infinito.

Nesse sentido, uma vez detectadas características de incerteza de variabilidade, aplica-se um modelo estocástico para cada variável incerta (que tem um intervalo de valores possíveis), ou seja, para os valores pertencentes à reta suporte de cada função de pertinência, de modo a permitir inferir, com o grau de confiabilidade desejado, qual o valor de entrada pertencente a esses intervalos que irão alimentar os SBRFs propostos para modelar a variável lingüística \mathcal{FD} e os parâmetros D_S , D_I e θ .

Para qualquer simulação computacional de um sistema físico que envolve aleatoriedade, deve ser incluído um método para geração de seqüências de números aleatórios. Um destes métodos amplamente utilizado em procedimentos de seleção amostral (para gerar aleatoriamente valores para variáveis incertas) é a simulação de Monte Carlo.

“Monte Carlo” foi o codinome de um projeto secreto relacionado ao desenho e ao projeto de armas atômicas desenvolvido pelo Matemático John Von Neumann, [55]. O método existe desde o século XIX, mas sua primeira aplicação real surgiu na Segunda Guerra Mundial, quando a construção das armas nucleares exigiu complexas simulações sobre a difusão de neutrons. A partir daí, ele tem sido usado nos mais diversos campos do conhecimento, como na Física, Matemática e Biologia, desde a simulação do comportamento de partículas subatômicas até a análise de risco nas bolsas de valores. O conceito básico do método é a aleatoriedade. Eles podem reproduzir, por exemplo, a natureza aleatória da interação de átomos e moléculas, aproximando-se do fenômeno, pois na natureza, as partículas evidentemente não têm “vontade própria” e seu comportamento, dentro de situações limitadas, pode ser descrito por leis probabilísticas, assim como na simulação de Monte Carlo.

Este método envolve uma técnica tradicional para gerar, randomicamente, valores para variáveis incertas centenas ou milhares de vezes, de modo a simular um modelo. Assim, no contexto dessa tese, o método consiste basicamente em gerar sucessivas amostras de valores aleatórios, de acordo com uma distribuição de probabilidade. Com isso, ao selecionar aleatoriamente valores de forma independente, o Método de Monte Carlo irá contribuir para uma visão também probabilística das variáveis de entrada fuzzy

para os SBRFs modelados no Capítulo 5.

Os modelos estocásticos para resolver os problemas relacionados à existência de incertezas probabilísticas junto às variáveis lingüísticas τ , \mathcal{C} , \mathcal{EP} e \mathcal{CP} serão propostos nas subseções seguintes.

6.1.1 Modelo probabilístico para a variável lingüística τ

A variável lingüística *tempo de infecção* (τ) foi definida na seção 5.1.1 com base em informações biológicas da febre aftosa, para determinar em que período da infecção o indivíduo se encontra. Portanto, a variável é definida para indivíduos. Ela subdivide o período de 15 dias em que o animal fica convalescente em pequenos intervalos de tempo qualificados pelos termos lingüísticos: *tempo0*, *tempo1*, [...], *tempo15* (ver Figura 5.4). A rigor, esta variável é definida para cada indivíduo infectado durante todo o período em que está doente. Esse fato nos obrigaria a propor um modelo matemático para cada indivíduo, o que não se aplica a este caso. Desta forma, depara-se com um problema, tendo em vista que no modelo proposto (4.1), a variável de estado I indica a população de infectados. Assim, a leitura da variável tempo de infecção deve ser feita para a população I e não para um indivíduo pertencente a esta população.

Para contornar este problema, propõe-se aqui uma extensão à variável τ para a população de infectados I , ou seja, τ passa a representar o “tempo de infecção da população”, cujos elementos tenham sinais clínicos semelhantes.

Na variável τ , assim como em \mathcal{C} , \mathcal{EP} e \mathcal{CP} , tem-se a nítida característica de incertezas de natureza fuzzy e probabilísticas. Aqui a incerteza fuzzy está presente na definição do evento, como $\tau = \text{“tempo05”}$, e a incerteza probabilística está presente na chance de ocorrência desse evento. Ou seja, os “eventos” não são equiprováveis segundo uma distribuição aleatória.

Sendo assim, considerando o experimento “tempo de infecção da população”, a chance de ocorrência de um dos eventos deste está intrinsecamente associada à pro-

abilidade de que tal evento ocorra. Isto remete à idéia de que o tempo de infecção da população (τ) pode ser definido como uma variável aleatória. A Figura 6.2 ilustra o SBRF para modelar a variável \mathcal{FD} , destacando o experimento “tempo de infecção da população” e seus eventos “ $tempo0, tempo1, [...], tempo15$ ”, os quais envolvem incertezas que são tratadas por meio de ferramentas fuzzy e probabilísticas, respectivamente.

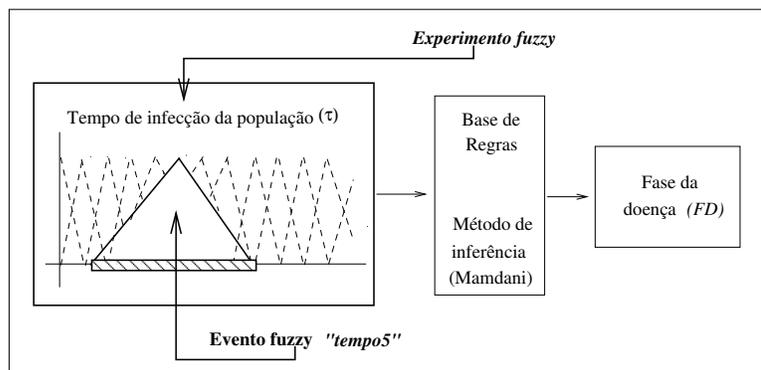


Figura 6.2: Esquema ilustrativo de um **experimento fuzzy** e seus **eventos**, os quais envolvem, respectivamente, incertezas fuzzy e probabilísticas da variável lingüística “tempo de infecção da população” do SBRF modelado para a variável lingüística “fase da doença”.

Levando-se em conta o fato relevante de que o tempo de infecção da população (τ) é limitado pelo intervalo $[0, 15]$, optou-se por uma função de distribuição de probabilidade específica que é usada extensivamente na análise de dados de vida: a distribuição Weibull truncada, [53].

A distribuição Weibull, nomeada em 1939 pelo seu criador, o físico sueco Ernest Hjalmar Wallodi Weibull, é uma distribuição de probabilidade contínua e limitada, muito versátil para aplicações práticas e elimina os inconvenientes que outras distribuições podem provocar, dado que nunca ocorrem valores negativos para os tempos de vida. É uma generalização da distribuição exponencial usada em estudos de tempo de vida de equipamentos, análise de sobrevivência e em outras áreas, devido à sua versatilidade e simplicidade, [53].

Uma variável aleatória tem distribuição Weibull com parâmetros $\alpha > 0$ e $\eta > 0$

se sua densidade de probabilidade é descrita por:

$$f(v) = \begin{cases} \frac{\alpha}{\eta} \left(\frac{v}{\eta}\right)^{\alpha-1} \exp\left\{-\left(\frac{v}{\eta}\right)^\alpha\right\}, & v \geq 0 \\ 0, & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (6.1)$$

onde $\alpha > 0$ é o parâmetro de forma, conhecido também como inclinação da distribuição Weibull, e $\eta > 0$ é o parâmetro de escala da distribuição, e controla as dimensões que a curva assume.

Observa-se que ao derivar $\exp\left\{-\left(\frac{v}{\eta}\right)^\alpha\right\}$ com relação à v obtém-se $f(v)$. Daí conclui-se que a função de distribuição é representada por

$$F(v) = 1 - \exp\left\{-\left(\frac{v}{\eta}\right)^\alpha\right\}. \quad (6.2)$$

O valor esperado do “tempo de infecção da população” (τ), pela distribuição Weibull, é dado pela expressão:

$$E(\tau) = \eta \Gamma\left(1 + \frac{1}{\alpha}\right), \quad (6.3)$$

com $\Gamma(y) = \int_0^\infty v^{y-1} \exp\{-v\} dv$ representando a função gama.

A taxa de falha de um sistema cujo tempo de vida tem função de distribuição $F(t)$, com densidade de probabilidade $f(v)$, é dada por $h(v) = \frac{f(v)}{1 - F(v)}$. Essa taxa, que é uma função do tempo, é aproximadamente igual à probabilidade de que ocorra falha num intervalo de tempo Δv , após o instante v , dado que não houve falha até esse instante, [18].

No contexto aqui tratado, a expressão “taxa de falha” é vista de maneira positiva, indicando a taxa de sucesso em relação ao tempo em que o indivíduo deixa de ser doente. Assim, a partir de $f(v)$ e de $F(v)$, obtém-se a taxa de falha da distribuição Weibull:

$$h(v) = \frac{f(v)}{1 - F(v)} = \frac{\frac{\alpha}{\eta} \left(\frac{v}{\eta}\right)^{\alpha-1} \exp\left\{-\left(\frac{v}{\eta}\right)^\alpha\right\}}{\exp\left\{-\left(\frac{v}{\eta}\right)^\alpha\right\}}.$$

Simplificando, tem-se

$$h(v) = \frac{\alpha}{\eta} \left(\frac{v}{\eta}\right)^{\alpha-1}. \quad (6.4)$$

Os diferentes valores do parâmetro de forma α podem indicar efeitos no comportamento da distribuição. De fato, alguns valores do parâmetro farão com que as funções da distribuição reduzam-se a outras distribuições. Quando α representa um valor entre 3 e 4, a distribuição Weibull é semelhante a uma distribuição normal e quando $\alpha = 1$, a distribuição Weibull se reduz a uma distribuição exponencial, [53].

A taxa de falha da distribuição Weibull dada por (6.4) é uma função crescente para $\alpha > 1$ e decrescente para $\alpha < 1$, [18]. A título de ilustração, descreve-se alguns exemplos de curvas de taxas de falhas de distribuições de Weibull, encontrados em [18], com $\eta = 1$ fixo: para $\alpha = 2$ tem-se $h(v) = 2v$ se $v > 0$ e $h(v) = 0$ se $v < 0$; para $\alpha = 1$ tem-se $h(v) = 1$ se $v > 0$ e $h(v) = 0$ se $v < 0$ e, finalmente, para $\alpha = 1/2$ tem-se $h(v) = \frac{1}{2}v^{-1/2}$. Os três casos são ilustrados pela Figura 6.11.

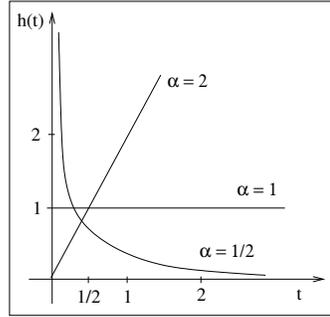


Figura 6.3: Curvas ilustrativas das taxas de falha da distribuição Weibull para diferentes parâmetros de forma.

A fim de estimar um valor razoável para o parâmetro de forma α , observa-se a partir do modelo (4.1) que $\frac{\partial R}{\partial t} \cong \mu I$. Como no início a população de infectados I cresce com o tempo t ($t \in [0, T]$), é de se esperar que $\frac{\partial R}{\partial t}$ também cresça com t . Conseqüentemente, a taxa de falha (em que há recuperação da doença) cresce com o tempo. Ou seja, $h(t) = \frac{\alpha}{\eta} \left(\frac{t}{\eta} \right)^{\alpha-1}$ é crescente. Portanto $\alpha > 1$. Em função disso, as seguintes possibilidades passam a ser consideradas:

1. Se $h(t) = lt$, com $l = \frac{\alpha}{\eta^2}$. Então $\alpha = 2$;
2. Se $h(t) = lt^2$, com $l = \frac{\alpha}{\eta^3}$. Então $\alpha = 3$;

3. Se $h(t) = lt^3$, com $l = \frac{\alpha}{\eta^4}$. Então $\alpha = 4$.

Considerando que no início do processo da epidemia, a população de recuperados, mensurada pela função $R(t)$, apresenta uma pequena concavidade para cima, tem-se que o primeiro caso é um forte candidato para descrever a taxa de falha. Daí $\frac{\partial R}{\partial t} \cong t$. Assim, partindo do pressuposto de que a taxa de falha deve ter um comportamento semelhante à curva dos recuperados, que cresce com o tempo t no início do processo de evolução da epidemia, admite-se que a taxa de falha pode ser aproximada por uma função linear da forma $h(t) = lt$. Então, de (6.4) tem-se $\alpha - 1 = 1$ e, portanto, $\alpha = 2$.

Com isso, o parâmetro de forma, indicando a inclinação da distribuição Weibull, é estimado em $\alpha = 1$ quando $t = 1$, e $\alpha = 2$ quando $t > 1$. Desta forma, tem-se que a geração de valores aleatórios segue uma distribuição exponencial no primeiro dia de evolução do sistema, ou seja, existe uma probabilidade maior de ocorrer valores aleatórios mais próximos de zero. Por outro lado, quando $t > 1$, há maior probabilidade de ocorrer a geração de valores aleatórios mais próximos do limite superior de τ .

Lembrando que a variável tempo de infecção da população (τ) é definida no intervalo de 0 a 15 dias, τ assume um conjunto limitado. Desta forma, utilizando-se o Método de Monte Carlo, faz-se a geração de valores aleatórios v , por meio da distribuição uniforme e, em seguida, ocorre a geração de valores τ por meio de uma Weibull truncada, com base na seguinte transformação:

$$\tau = \eta \left(-\log \left((1 - v)e^{-\left(\frac{a}{\eta}\right)^\alpha} + ve^{-\left(\frac{b}{\eta}\right)^\alpha} \right) \right)^{1/\alpha}. \quad (6.5)$$

Os parâmetros a e b indicam, respectivamente, os limites inferior e superior da variação de $\tau \in [0, 15]$. Assim, estima-se $a = 0$, pois 0 é o limite inferior de τ . Por outro lado, considerando o tempo (em dias) de evolução do sistema representado por $t \in [0, T]$, deve-se dar atenção especial aos primeiros 15 dias ($t \in [0, 15]$), ao estimar o parâmetro b . É natural ter a variável tempo de infecção da população $\tau < 1$ no primeiro dia ($t = 1$); $\tau < 2$ no segundo dia ($t = 2$) e, assim sucessivamente até $\tau < 15$ no décimo quinto dia ($t = 15$). No entanto, para $t \in (15, T]$ o tempo de infecção da população é sempre limitado superiormente por $\tau = 15$, tendo em vista que os animais se recuperam da doença nesse

período. Face a isso, τ pode assumir qualquer valor inferior ou igual a 15. Assim, adota-se o parâmetro $b = t$, quando $t \in [0, 14]$ e $b = 15$ quando $t \in [15, T]$.

Considerando que o tempo médio de doença é em torno de 10 dias, tem-se que para $t > 15$, o valor esperado do “tempo de infecção da população” (τ) é estimado em

$$E(\tau) = 10 \Rightarrow \eta\Gamma\left(1 + \frac{1}{\alpha}\right) = 10.$$

Dessa expressão, sendo $\alpha = 2$, obtém-se o parâmetro de escala $\eta = 11,3$ que será adotado a partir de $t > 15$ dias de evolução do sistema. Agora, para os primeiros 15 dias, considera-se que η cresce com b (valor máximo a ser assumido por τ). Assim, será adotado que $E(\tau) = 10\left(\frac{b}{15}\right)$. Então $\eta\Gamma\left(1 + \frac{1}{\alpha}\right) = 10\left(\frac{b}{15}\right)$. Essa expressão possibilita estimar o parâmetro de escala de maneira que a distribuição esteja truncada em b . Ou seja, adotando-se $\eta = 0,67\frac{b}{\Gamma\left(1 + \frac{1}{\alpha}\right)}$ tem-se a probabilidade nula de estimar $\tau > t$.

Em resumo, conhecendo-se a população inicial de infectados, o “tempo de infecção da população” τ é estimado diariamente a partir de $t = 0$ ($t \in [0, T]$) de evolução da epidemia, pelo Método de Monte Carlo, por meio dos seguintes procedimentos:

1. Gera-se uma amostra de m valores aleatórios, através da distribuição uniforme;
2. Faz-se uma transformação desta amostra, por meio da função de distribuição Weibull truncada (6.5), para se obter uma nova amostra de τ no intervalo $[0, t]$, considerando os valores dos parâmetros a, b, α e η , a cada unidade de tempo t , conforme descrição anterior;
3. Finalmente, o valor de entrada para alimentar o SBRF é dado pela média amostral $\bar{\tau}$ da nova amostra obtida em 2.

A Figura 6.4 ilustra o segundo passo do Método de Monte Carlo, demonstrando as transformações dos valores gerados no primeiro passo por meio da função de distribuição Weibull truncada (6.5), para o sexto dia de evolução do sistema.

O tamanho da amostra gerada tem grande importância na determinação da qualidade dos resultados, uma vez que, quanto maior for a amostra, mais a distribuição

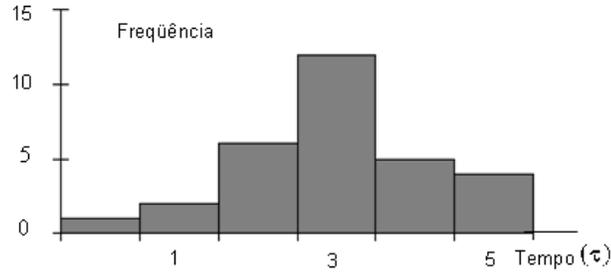


Figura 6.4: Distribuição de probabilidade da variável *tempo de infecção da população* τ para $t = 6$ dias de evolução do sistema.

amostral se aproxima das funções originais. Porém, um processo dessa natureza requer um tempo elevado de execução, até mesmo para computadores capazes de realizar a simulação em grande velocidade. Felizmente, graças a um dos trabalhos mais importantes da Teoria de Probabilidade, conhecido como Teorema Central do Limite, se o tamanho da amostra for suficientemente grande ($m \geq 30$), a distribuição amostral média pode ser aproximada por uma distribuição normal. Daí, considerando que na implementação computacional do modelo (4.1), o método de Monte Carlo será repetido T (tempo final) vezes, tornando-se excessivamente onerosa a escolha de uma amostra muito grande, optou-se por seguir a sugestão de especialistas, tomando-se uma amostra de tamanho suficiente $m = 30$.

Uma vez conhecido o tempo de infecção da população $\bar{\tau}$, a cada tempo $t \in [0, T]$ pode-se obter os valores da variável lingüística *fase da doença* (\mathcal{FD}), por meio do modelo baseado em regras fuzzy $\mathcal{FD} = \mathcal{FD}(\tau) = \mathcal{FD}(\bar{\tau})$, proposto na seção 5.1.1.

6.1.2 Modelo probabilístico para a variável lingüística \mathcal{C}

É sabido que uma das partes fundamentais da modelagem obtida por meio de um SBRF é aquela constituída pelos termos lingüísticos que definem os estados das variáveis de entrada e saída. No caso dos SBRFs construídos no Capítulo 5 para modelar os coeficientes de difusão D_S e D_I , uma das variáveis de entrada dos sistemas - a variável \mathcal{C} - é classificada qualitativamente pelos termos lingüísticos *desfavorável*, *mediano*

ou *favorável*. É importante notar que na implementação computacional a qualificação da variável é conhecida, ou seja, sabe-se *a priori* se o elemento do domínio Ω é qualificado como desfavorável, mediano ou favorável. No entanto, é notória a existência de incertezas probabilísticas ao se escolher um valor do domínio da função de pertinência ($\mathbf{c} \in [a, b] \subset [0, 1]$) do referido termo lingüístico para dar entrada ao SBRF. Este tipo de incerteza ocorre porque existe uma faixa de valores possíveis, já que o domínio é um intervalo de reta.

Como já referido na seção 6.1 e ilustrado na Figura 6.1, existe a incerteza fuzzy na definição dos eventos (não possuem fronteira bem definida) e a incerteza probabilística ao calcular a chance de ocorrência de “seus elementos” - no caso os valores do domínio (suporte) da função de pertinência -, os quais são representados pelo intervalo de reta $[a, b] \subset [0, 1]$.

Nesse sentido, considerando as incertezas probabilísticas ao definir um valor \mathbf{c} de entrada para \mathcal{C} no SBRF, faz-se necessário dispor de um procedimento para simulação estocástica, que possibilite a geração de valores aleatórios para representar bem esse valor de \mathcal{C} . Para isso, o processo de simulação é baseado no Método de Monte Carlo, sendo os valores aleatórios ajustados à distribuição densidade de probabilidade.

O uso de função densidade de probabilidade está diretamente ligado à natureza dos dados aos quais ela se relaciona. Os parâmetros da função podem fazer com que a mesma assuma diferentes formas, o que possibilita sua utilização em um número maior de situações.

No caso da variável \mathcal{C} , as funções de pertinência são do tipo triangular (ver Figura 5.1). Os valores do domínio ($[a, b] \subset [0, 1]$) das funções de pertinência dos conjuntos fuzzy *desfavorável*, *mediano* e *favorável*, apresentam uma tendência central, encontrando-se em torno de um valor médio com valores mínimos e máximos no suporte. Nessas situações, a modelagem através da distribuição beta proporciona um ajuste razoável para os valores \mathbf{c} de entrada da variável \mathcal{C} , por ser esta distribuição capaz de modelar praticamente qualquer tipo de distribuição limitada por um intervalo fechado $[a, b]$.

A distribuição beta de dois parâmetros (p.d.f.) é uma distribuição de proba-

bilidade contínua. A função de densidade para valores no intervalo $[0, 1]$ é dada por

$$f(v) = \begin{cases} \frac{\Gamma(\alpha + \eta)}{\Gamma(\alpha)\Gamma(\eta)} v^{\alpha-1} (1-v)^{\eta-1}, & 0 \leq v \leq 1 \\ 0, & \text{caso contrário,} \end{cases} \quad (6.6)$$

onde Γ é a função gama, $\alpha > 0$ e $\eta > 0$ são os parâmetros de forma. A função densidade de probabilidade beta pode levar a diferentes formas, dependendo dos valores dos parâmetros α e η , conforme ilustra a Figura 6.5.

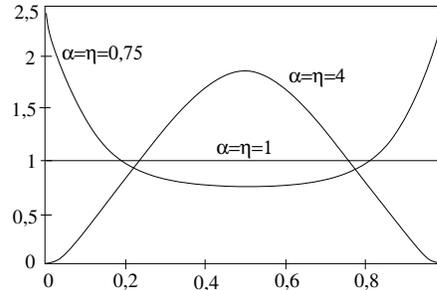


Figura 6.5: Distribuição de probabilidade beta considerando valores diferentes para os parâmetros.

O emprego da função beta expressa pela equação (6.6) no ajuste de distribuições exige que sejam feitas transformações nos dados que atendam ao campo de domínio da função que corresponde ao intervalo $[a, b]$, originando uma distribuição truncada. Assim, uma variável v num intervalo qualquer $[a, b]$ pode ser representada pela distribuição beta após a transformação em que substitui-se v por $\frac{v-a}{b-a}$, possibilitando reescrever a expressão (6.6) da forma

$$f(v) = \begin{cases} \frac{\Gamma(\alpha + \eta)}{\Gamma(\alpha)\Gamma(\eta)} \left(\frac{v-a}{b-a}\right)^{\alpha-1} \cdot \left(\frac{b-v}{b-a}\right)^{\eta-1}, & a \leq v \leq b \\ 0, & \text{caso contrário.} \end{cases} \quad (6.7)$$

Uma vez determinada a função de densidade de probabilidade para a variável “características ambientais”, o processo de simulação com base no Método de Monte Carlo para obter o valor \mathbf{c} de entrada que irá alimentar os SBRFs ocorre por meio dos seguintes procedimentos:

1. Gera-se uma amostra de m valores aleatórios v , por meio da distribuição uniforme;

2. Faz-se uma transformação desta amostra, por meio da função de distribuição beta (f.d.a.) truncada no intervalo $[a, b]$, para se obter uma nova amostra v_T no intervalo considerado;
3. Finalmente, o valor \mathbf{c} de entrada para alimentar o SBRF é dado pela média amostral $\mathbf{c} = \overline{v_T}$ da nova amostra obtida em 2.

Como já reportado na seção anterior, o tamanho da amostra gerada tem grande importância na determinação da qualidade dos resultados. Considerando que na implementação computacional do sistema (4.17), o Método de Monte Carlo para a variável \mathcal{C} será executado uma única vez, implicando em um custo computacional menor do que o necessário para a variável τ , optou-se por uma amostra grande com $m = 1000$ valores.

Para exemplificar a função de densidade de probabilidade beta no modelo, considera-se um nó de coordenadas $(x, y) \in \Omega$ classificado qualitativamente pelo termo lingüístico “mediano”, com relação à variável \mathcal{C} . O histograma resultante do segundo passo da simulação de Monte Carlo, referente a essa situação, é ilustrado pela Figura 6.6.

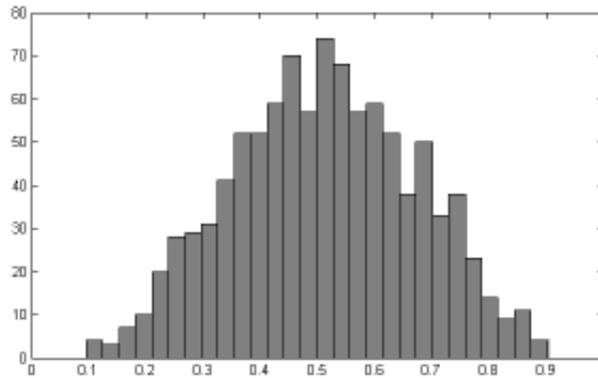


Figura 6.6: Distribuição de probabilidade beta dos valores v_T (eixo horizontal) do domínio das funções de pertinência da variável lingüística \mathcal{C} . O eixo vertical indica a frequência da distribuição. Os parâmetros considerados foram $\alpha = \eta = 4,55$.

Do histograma, observa-se que os valores com maior probabilidade apresentam uma tendência central, encontrando-se em torno do valor médio ($v_T = 0,5$), pertencente

ao domínio da função de pertinência relativa ao conjunto fuzzy “mediano”, e os valores com menor probabilidade são os mais próximos do valor mínimo ($v_t = 0$) e do valor máximo ($v_T = 1$) do suporte.

Finalmente, com o valor de entrada \mathbf{c} da variável \mathcal{C} conhecido, os SBRFs modelados para estimar os coeficientes de difusão D_S e D_I podem ser postos em ação a cada iteração de tempo durante a implementação computacional. Na seção seguinte, será proposto um modelo estocástico para determinar o valor de entrada da variável “estrutura de produção” do modelo fuzzy apresentado no Capítulo 5 para estimar o parâmetro θ .

6.1.3 Modelo probabilístico para a variável lingüística \mathcal{EP}

No modelo fuzzy $\theta = \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$, proposto na seção 5.2, a variável lingüística “estrutura de produção” (\mathcal{EP}) foi definida com o intuito de representar o tipo de atividade econômica exercida pelo estabelecimento agropecuário, ou seja, a variável descreve de forma intuitiva as formas de organização da produção bovina (*pecuária de subsistência, produção de leite, produção de carne e pecuária extrativa*). Neste sentido, qualificou-se a variável pelos conjuntos fuzzy *muito baixa, baixa, alta e muito alta*.

Para a variável \mathcal{EP} deparou-se com um problema semelhante ao encontrado na leitura da variável \mathcal{C} , tratado na seção anterior. Por ser uma variável qualitativa, optou-se também por escolher uma escala de 0 a 1 para indicar o domínio das funções de pertinência, sendo que, quanto mais próximos de zero, obtêm-se os domínios dos conjuntos fuzzy denominados mais baixos e quanto mais próximos de 1, têm-se os domínios dos conjuntos fuzzy denominados mais altos (ver Figura 5.14). Assim, aqui também ocorrem incertezas probabilísticas ao se escolher um valor \mathbf{ep} do suporte da função de pertinência de cada termo lingüístico ($\mathbf{ep} \in [a, b] \subset [0, 1]$), para dar entrada ao SBRF. Isso acontece porque o domínio de cada função de pertinência é um intervalo de reta, existindo, dessa forma, uma faixa de valores possíveis.

Nesse caso, assim como no caso da variável \mathcal{C} , existem incertezas fuzzy na

definição do evento e incertezas probabilísticas ao calcular a chance de ocorrência de “seus elementos”. Os “elementos” do evento fuzzy se referem aos valores do domínio da função de pertinência, os quais são representados pelo intervalo de reta $[a, b] \subset [0, 1]$. Um esquema ilustrativo dessa situação encontra-se na Figura 6.7.

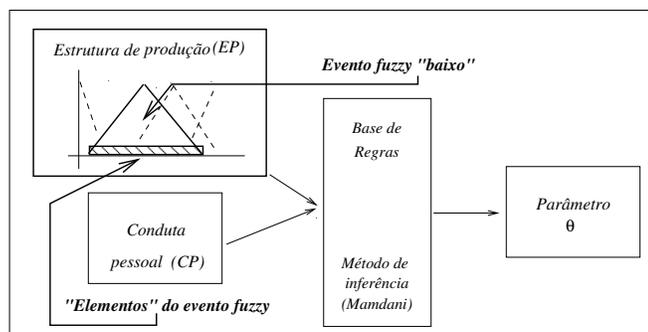


Figura 6.7: Esquema ilustrativo de um **evento fuzzy** e seus “**elementos**”, os quais envolvem, respectivamente, incertezas fuzzy e probabilísticas da variável lingüística “estrutura de produção” do SBRF modelado para estimar o parâmetro θ .

Levando-se em conta que as funções de pertinência de cada conjunto fuzzy são da forma triangular, com características semelhantes às da variável \mathcal{C} (ver Figuras 5.14) e, considerando que é conhecido *a priori* se a variável \mathcal{EP} é qualificada como *muito baixa*, *baixa*, *alta* ou *muito alta*, propõe-se nesta seção um modelo estocástico similar ao sugerido para a variável \mathcal{C} , fazendo-se apenas as adaptações necessárias com relação aos intervalos, já que os problemas são equivalentes.

Para isso, considerando as incertezas probabilísticas ao definir o valor \mathbf{ep} de entrada para \mathcal{EP} no SBRF, o modelo estocástico para a geração de valores aleatórios que representem bem esse valor será baseado no Método de Monte Carlo, sendo os valores aleatórios ajustados à distribuição densidade de probabilidade beta.

Faz sentido usar, para este modelo estocástico, os mesmos passos usados no método de Monte Carlo para o modelo estocástico da variável \mathcal{C} , assim como também o mesmo tamanho de amostra com $m = 1000$, pois o método é executado uma única vez durante a implementação computacional. Com isso, o modelo segue os seguintes passos:

1. Gera-se uma amostra de m valores aleatórios, por meio da distribuição uniforme;

2. Faz-se uma transformação desta amostra por meio da função de distribuição beta (f.d.a.) truncada no intervalo $[a, b]$, para se obter uma nova amostra de valores v_T no intervalo considerado;
3. Finalmente, o valor \mathbf{ep} de entrada para alimentar o SBRF é dado pela média amostral $\mathbf{ep} = \overline{v_T}$ da nova amostra obtida em 2.

Com esse modelo estocástico, obtém-se o valor de entrada \mathbf{ep} da variável \mathcal{EP} , porém ainda é necessário determinar o valor \mathbf{cp} que represente a variável lingüística “conduta pessoal” (\mathcal{CP}), para pôr em prática o SBRF $\theta = \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$, proposto no Capítulo 5 a fim de estimar o parâmetro θ . O modelo estocástico para essa variável será apresentado na próxima seção.

6.1.4 Modelo probabilístico para a variável lingüística \mathcal{CP}

A variável lingüística “conduta pessoal” (\mathcal{CP}) foi definida com o intuito de incorporar ao modelo, mesmo que de forma implícita, a influência que a qualificação pessoal exerce na transmissão da doença por meio de ações adequadas no sentido de se evitar ou minimizar os riscos de contaminação dos animais sadios. Para se ter êxito na prevenção, monitoramento e controle da alta incidência e sobrevivência do vírus no meio ambiente, faz-se necessário o desenvolvimento de estratégias abrangentes e de utilização contínua, dentre estas: instruir e orientar as pessoas envolvidas diretamente com os animais quanto às tarefas a serem desenvolvidas, de forma a estarem sensibilizadas e conscientes de que são parte importante do processo de controle da enfermidade; higienizar o meio ambiente de produção do animal, reduzindo o número de agentes patogênicos potenciais e minimizar a poluição ambiental, por produtos de excreção animal.

Nesse sentido, na seção 5.2, a variável \mathcal{CP} foi qualificada pelos termos lingüísticos *totalmente insatisfatória*, *insatisfatória*, *frequentemente insatisfatória*, *regular*, *frequentemente satisfatória*, *satisfatória*, *totalmente satisfatória*. Com esses termos, a variável é capaz de traduzir as incertezas que envolvem as ações de prevenção, moni-

toramento e controle da doença. Os termos lingüísticos são modelados por funções de pertinência, cujo domínio é representado por um intervalo de reta $[a, b] \subset [0, 1]$ (ver Figura 5.14).

Mas como identificar o termo lingüístico que melhor qualifica o estabelecimento agropecuário, considerado durante a implementação do modelo, com relação à variável \mathcal{CP} ? Dentro deste contexto, os “eventos” (por exemplo $\mathcal{CP} = \text{“regular”}$) não são equiprováveis segundo uma distribuição aleatória. Tem-se a incerteza fuzzy presente na definição do evento e a incerteza probabilística na chance de ocorrência desse evento, que surge de acordo com a existência ou não de critérios e modelos que possam avaliar, com rigor e precisão, o nível das ações de prevenção e controle da doença, exercidas pelas pessoas envolvidas com os animais.

Sendo assim, considerando o experimento “conduta pessoal”, a chance de ocorrência de um dos eventos desse experimento está intrinsecamente associada à probabilidade de que tal evento ocorra. Isto remete à idéia de que a variável \mathcal{CP} pode ser definida como uma variável aleatória. A Figura 6.8 ilustra o SBRF para modelar o parâmetro θ destacando o experimento “conduta pessoal” e seus eventos *totalmente insatisfatória*, [...], *satisfatória* e *totalmente satisfatória*, os quais envolvem incertezas que são tratadas por meio de ferramentas fuzzy e probabilísticas, respectivamente.

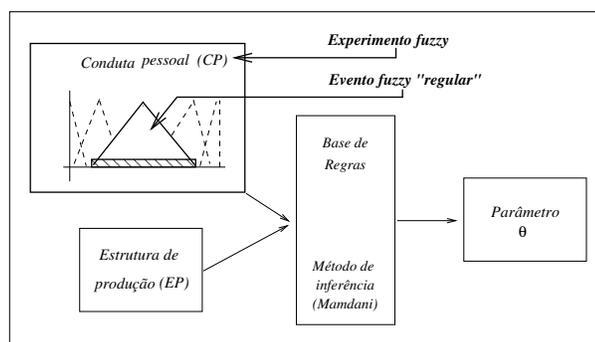


Figura 6.8: Esquema ilustrativo de um **experimento fuzzy** e seus **eventos**, os quais envolvem, respectivamente, incertezas fuzzy e probabilísticas da variável lingüística “conduta pessoal” do SBRF modelado para estimar o parâmetro θ .

Nesse caso, tem-se uma situação similar ao caso da variável τ no sentido de

que a incerteza fuzzy está presente na definição do evento e a incerteza probabilística está presente na chance de ocorrência desse evento. Assim, como utilizado no modelo estocástico para τ , propõe-se aqui ajustar os valores aleatórios, gerados com base no Método de Monte Carlo, segundo a função de distribuição Weibull, descrita na seção 6.1.1. Com esses valores ajustados pela distribuição Weibull, será possível estimar o valor de entrada \mathbf{cp} da variável \mathcal{CP} que irá alimentar o SBRF ($\theta = \theta(\mathcal{EP}, \mathcal{CP})$).

É importante notar que a variável \mathcal{CP} , ao contrário da variável τ , é constante em relação ao tempo. No entanto, existe a possibilidade da conduta das pessoas ser alterada durante o processo de ocorrência da epidemia. Pode ocorrer, por exemplo, um processo de conscientização e esclarecimento a respeito da doença após a mesma ser detectada. Isso porque ocorrem cobranças da comunidade (interna e externa ao estabelecimento) e tomadas de medidas de controle por parte dos órgãos sanitários oficiais de vigilância. Assim, poderia-se modelar a variável \mathcal{CP} , de forma que fosse dependente do tempo, mas não é o caso aqui nesse estudo.

Como já referido, existe a incerteza probabilística na escolha do termo lingüístico que qualifica com maior precisão a variável \mathcal{CP} e essa incerteza ocorre pela falta de modelos e critérios avaliativos. Assim, para contornar essa situação, propõe-se inicialmente uma pré-avaliação do estabelecimento agropecuário considerado, com relação às condições higiênico-sanitárias e educacionais, para a partir daí desenvolver o modelo estocástico já referido, que possibilitará estimar o valor \mathbf{cp} que melhor representa a variável \mathcal{CP} .

É evidenciado nesse trabalho que o aparecimento, a manutenção e a propagação da febre aftosa podem ser considerados como o resultado, muitas vezes inesperado, das atividades transformadoras do homem, principalmente com as associadas à educação sanitária, as quais são representadas aqui, de forma qualitativa, pela variável \mathcal{CP} . A seguir será elaborado um estudo de caso com a utilização de uma metodologia que se utiliza de três indicadores, que possibilitam fazer uma pré-avaliação, simples porém eficiente, da conduta das pessoas com relação às condições higiênico-sanitárias e educacionais do estabelecimento.

Estudo de Caso: Avaliação do desempenho de práticas preventivas da febre aftosa na

fazenda em estudo

Cenário: Um agente de vigilância sanitária dirige-se à fazenda com a missão de avaliar a existência de práticas preventivas da febre aftosa. Para tanto, irá se utilizar de um questionário que emprega indicadores, a ser aplicado às pessoas da fazenda que executam o trato direto no cotidiano com os animais. A fazenda possui j pessoas nessa situação entre proprietários e empregados. Cada indicador terá a possibilidade de três alternativas com os seguintes conceitos e valores correspondentes: excelente = 2; regular = 1; e não se aplica = 0.

Indicador 1: Recebimento de instruções e orientações pelas pessoas envolvidas com os animais quanto às tarefas a serem desenvolvidas visando a prevenção, controle e erradicação da febre aftosa;

Indicador 2: Práticas de higienização e desinfecção de estábulos, mangueiras e galpões, manejo de dejetos, coleta e destino adequado de lixo, controle de insetos e roedores;

Indicador 3: Vigilância sanitária com a observação contínua do estado de saúde dos animais na propriedade, em suas movimentações (entrada, saída e trânsito), e quando das concentrações dos mesmos (exposições, feiras, torneios, rodeios, leilões e outros).

Obtém-se a média aritmética M dos valores atribuídos pelo total de respondentes. A partir da média M , faz-se o enquadramento da variável \mathcal{CP} em uma das categorias indicativas de qualidade A , B ou C da seguinte forma: A se $4,5 \leq M \leq 6$; B se $1,5 \leq M < 4,5$ e C se $0 \leq M < 1,5$. Com isso obtém-se uma qualificação *a priori* para a variável \mathcal{CP} , que irá nortear a indicação dos parâmetros de forma e escala da distribuição de probabilidade utilizada no modelo estocástico.

A partir dessa classificação inicial da \mathcal{CP} , o processo de simulação de Monte Carlo para obter o valor \mathbf{cp} de entrada que irá alimentar o SBRF ocorre por meio dos seguintes procedimentos:

1. Gera-se uma amostra de $m = 1000$ valores aleatórios v , por meio da distribuição

uniforme;

2. Faz-se uma transformação desta amostra por meio da função de distribuição Weibull truncada (6.5), para se obter uma nova amostra de valores v_T no intervalo $[a,b]=[0,1]$. Os parâmetros de forma α e de escala η a serem considerados dependerão da qualificação inicial atribuída à variável \mathcal{CP} como segue:

- (I) Se $\mathcal{CP} = C$ atribui-se $\alpha = 1$ e $\eta = 0,5$ gerando uma distribuição exponencial decrescente, com maior probabilidade para os conjuntos fuzzy *totalmente insatisfatória*, *insatisfatória* e *freqüentemente insatisfatória*;
- (II) Se $\mathcal{CP} = B$ toma-se $\alpha = 3,5$ e $\eta = 0,65$, para gerar uma distribuição semelhante à distribuição normal, com maior probabilidade para os conjuntos fuzzy *regular*, *freqüentemente insatisfatória* e *freqüentemente satisfatória*;
- (III) Se $\mathcal{CP} = A$ faz-se $v_T = 1 - \eta \left(-\log \left((1 - v)e^{-\left(\frac{a}{\eta}\right)^\alpha} + ve^{-\left(\frac{b}{\eta}\right)^\alpha} \right) \right)^{1/\alpha}$ com $\alpha = 1$ e $\eta = 0,5$ para gerar uma exponencial crescente, com maior probabilidade para os conjuntos fuzzy *totalmente satisfatória*, *satisfatória* e *freqüentemente satisfatória*.

3. Finalmente, o valor \mathbf{cp} de entrada para alimentar o SBRF é dado pela média amostral $\mathbf{cp} = \overline{v_T}$ da nova amostra obtida em 2.

A Figura 6.9 ilustra o segundo passo do Método de Monte Carlo, demonstrando as transformações dos valores gerados no primeiro passo por meio da função de distribuição Weibull truncada (6.5), para as três qualificações iniciais de \mathcal{CP} .

A partir da elaboração do estudo de caso, cujo intuito é o de avaliar a conduta pessoal, por meio do modelo estocástico descrito anteriormente, é possível obter o valor de entrada \mathbf{cp} da variável \mathcal{CP} . Considerando-se que o estudo de caso relatado constitui-se em um protótipo inicial de aplicação de avaliação, ressalta-se que este pode sofrer alterações no sentido de se criar um número maior de indicadores e de conceitos, com vistas a obter resultados mais próximos da realidade do local investigado.

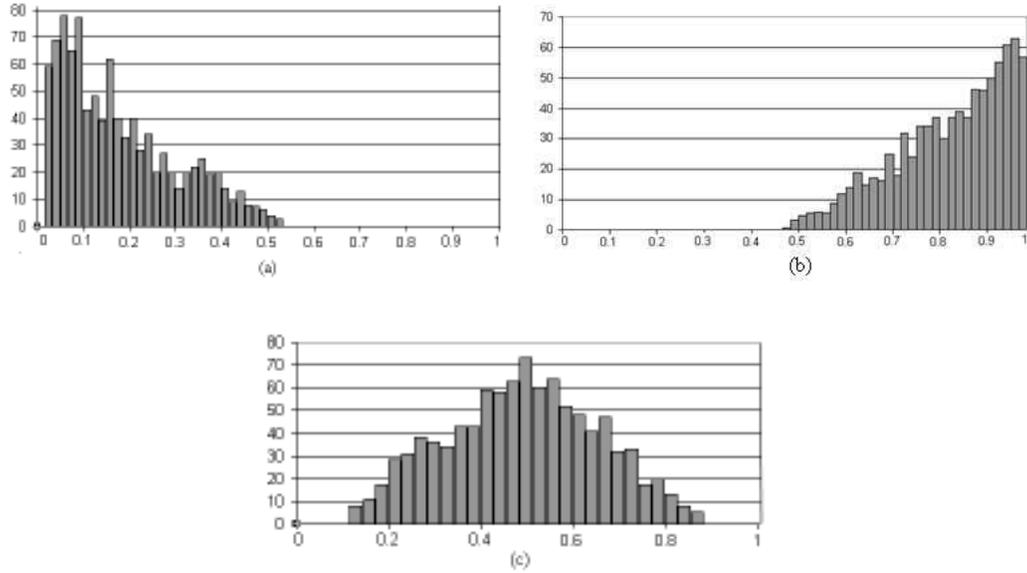


Figura 6.9: Distribuições de probabilidades da variável (\mathcal{CP}). A Figura (a) corresponde ao histograma originado pela transformação do item (I); a Figura (b) corresponde ao histograma originado pela transformação do item (III) e a Figura (c) corresponde ao originado pela transformação do item (II).

As distribuições de probabilidades Weibull e Beta foram utilizadas neste trabalho por serem muito versáteis, podendo assumir formas variadas, a depender de seus parâmetros. Nessa situação, o Método de Monte Carlo permite gerar uma amostra, de modo a atribuir maior probabilidade aos valores do suporte dos conjuntos fuzzy, que apresentam maior grau de pertinência. Este fato pode representar uma vantagem com relação à distribuição uniforme, considerada em [1], que dá a mesma chance de sorteio para todos os elementos do suporte.

Por fim, com os problemas referentes à leitura atualizada das variáveis lingüísticas resolvidos, faz-se o acoplamento dos algoritmos para implementar os Métodos de Monte Carlo, construídos no ambiente *Matlab* - versão 7.0, com os SBRFs $\mathcal{FD} = \mathcal{FD}(\tau)$, $D_S = D_S(\mathcal{C}, \mathcal{P})$, $D_I = D_I(\mathcal{C}, \mathcal{P}, \mathcal{FD})$, $\theta = \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$, estes utilizando-se da ferramenta “Fuzzy Logic Toolbox” contida no ambiente *Matlab*. Os algoritmos dos modelos probabilísticos e fuzzy serão introduzidos no algoritmo principal construído para a implementação computacional do sistema de EDP, por meio dos métodos numéricos de elementos finitos e Crank-Nicolson.

6.2 Implementação computacional

Na implementação computacional do sistema (4.17), o domínio espacial é discretizado por meio do Método de Elementos Finitos triangulares de primeira ordem (MEF). A origem do desenvolvimento deste recurso ocorreu no final do século XVIII. Entretanto, a sua viabilização tornou-se possível somente com o advento dos computadores, facilitando a resolução das enormes equações algébricas. O MEF pode ser utilizado em diversas áreas das ciências exatas e biológicas e, devido à sua grande aplicabilidade e eficiência, existem trabalhos com esta metodologia em diversas especialidades.

Para as aproximações temporais, faz-se uso do método implícito de diferenças finitas *Crank-Nicolson*. A escolha se deve à sua consistência e estabilidade numérica e à sua margem de erro. São feitas três iterações¹ internas a cada passo no tempo, caracterizando-se assim um método preditor-corretor, que tende a uma aproximação da ordem de (Δt^2) . As respectivas populações de suscetíveis, infectados e recuperados são indicadas por S , I e R . Assim, a partir das condições iniciais $S^{(0)}$, $I^{(0)}$ e $R^{(0)}$, este processo é feito da seguinte maneira:

1. Obtém-se $S^{(*)}$ da equação linear $U_S (I^{(0)}, I^{(0)}) S^{(*)} = W_S (I^{(0)}, I^{(0)}) S^{(0)}$.
2. Obtém-se $I^{(*)}$ da equação linear $U_I (S^{(0)}, S^{(*)}) I^{(*)} = W_I (S^{(0)}, S^{(*)}) I^{(0)}$.
3. Obtém-se $R^{(*)}$ da equação linear $U_R R^{(*)} = W_R R^{(0)} + A_R (I^{(0)} + I^{(*)})$.
4. Obtém-se $S^{(**)}$ da equação linear $U_S (I^{(0)}, I^{(*)}) S^{(**)} = W_S (I^{(0)}, I^{(*)}) S^{(0)}$.
5. Obtém-se $I^{(**)}$ da equação linear $U_I (S^{(0)}, S^{(**)}) I^{(**)} = W_S (S^{(0)}, S^{(**)}) I^{(0)}$.
6. Obtém-se $R^{(**)}$ da equação linear $U_R R^{(**)} = W_R R^{(0)} + A_R (I^{(0)} + I^{(**)})$.
7. Seguindo o processo, obtém-se $S^{(***)}$, $I^{(***)}$ e $R^{(***)}$. Definem-se assim, as aproximações dos vetores $S^{(1)} = S^{(***)}$, $I^{(1)} = I^{(***)}$ e $R^{(1)} = R^{(***)}$.

¹As três iterações internas a cada passo no tempo são indicadas pelos respectivos símbolos *, **, ***.

8. O procedimento todo, de 1 a 7, é repetido com $S^{(n)}$ no lugar de $S^{(0)}$; $I^{(n)}$ no lugar de $I^{(0)}$ e $R^{(n)}$ no lugar de $R^{(0)}$, para se obter $S^{(n+1)}$, $I^{(n+1)}$ e $R^{(n+1)}$ após as iterações internas ao $(n + 1)$ -ésimo passo na iteração temporal.

Considera-se o domínio teórico Ω , constituído por um retângulo com área na ordem de km^2 , representando uma fazenda. Na discretização espacial são utilizados os valores de comprimento dos eixos x e y iguais a 1 *uc* e o número de subintervalos dos eixos x e y iguais a 10. Os ensaios numéricos são realizados em $T/\Delta t$ iterações de tempo, indicando T dias de epidemia. A malha da discretização é obtida por meio do software GID - versão 7.0. O software GID gera arquivos para armazenar as informações sobre a malha de elementos e as coordenadas de cada nó. Um destes arquivos contém a matriz malha de dimensão $nn \times 5$, onde nn é o número de elementos (triângulos) da malha. Cada linha da matriz representa um elemento; a primeira coluna de cada linha indica o número do elemento; as três colunas seguintes de cada linha representam os números dos nós dos vértices e a quinta coluna indica as características ambientais do domínio (desfavorável, mediano ou favorável) ao qual o nó pertence. A Figura 6.10 ilustra o domínio Ω discretizado por elementos finitos de primeira ordem.

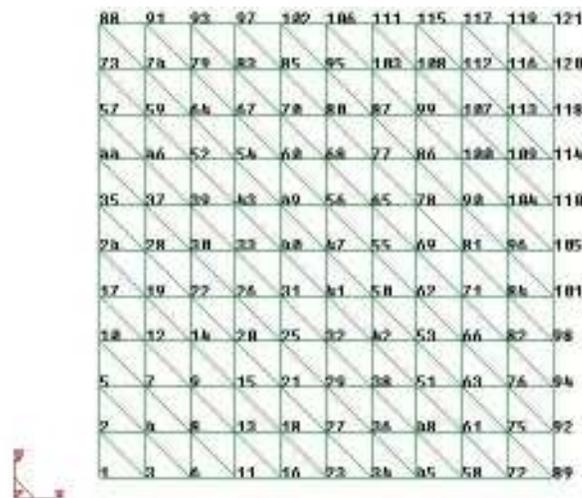


Figura 6.10: Discretização do domínio Ω através de elementos finitos triangulares de primeira ordem, usada na implementação: 121 nós e 200 elementos.

A malha gerada pelo software GID, os algoritmos dos modelos probabilísticos e fuzzy são introduzidos no algoritmo principal construído nos ambientes *Matlab* - versão 7.0 e *Fortran* - versão 6.5, para a implementação computacional do sistema de EDP (4.17).

A Figura 6.11, representada por meio de um fluxograma, ilustra o acoplamento dos modelos de EDP, fuzzy e probabilísticos. O retângulo externo representa o algoritmo principal referente aos métodos de elementos finitos e Crank-Nicolson. As ações no interior do retângulo pontilhado são variáveis em relação ao tempo.

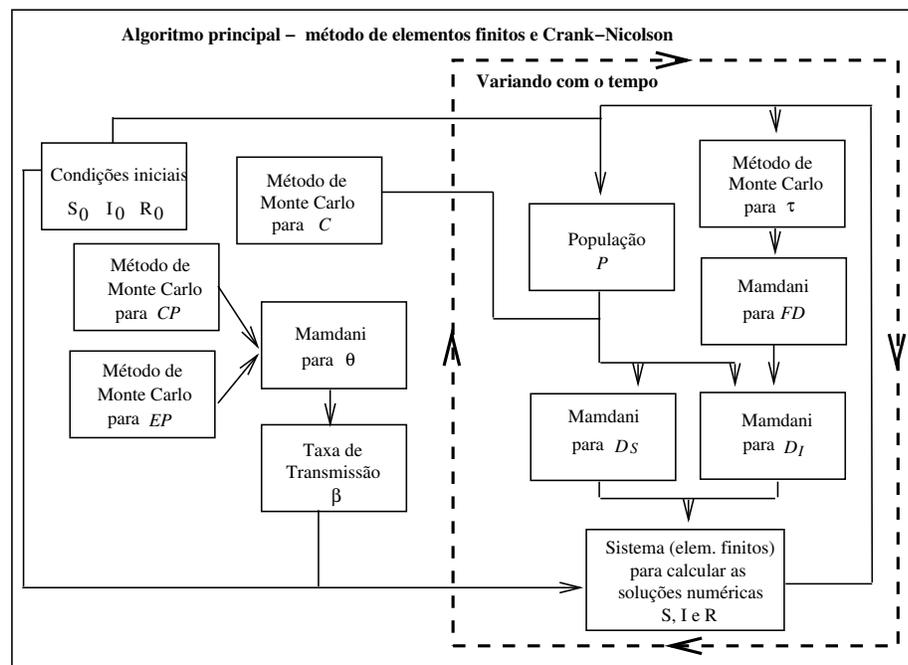


Figura 6.11: Fluxograma ilustrativo do acoplamento dos modelos de EDP, fuzzy e probabilísticos no mesmo algoritmo para a implementação computacional. Os modelos fuzzy estão representados pelos métodos de inferência de Mamdani e os probabilísticos pelos métodos de Monte Carlo.

Um ponto de destaque a ser considerado foi a complexidade de ações que envolveu o desenvolvimento do algoritmo que possibilitou a integração entre os métodos de Monte Carlo, SBRF (Mamdani) e elementos finitos. Isso porque o algoritmo envolve diversas rotinas com uma grande quantidade de elementos variáveis. O fato do método de elementos finitos ser desenvolvido para sistemas determinísticos, composto de elementos quantitativos e os demais serem caracterizados por incertezas e subjetividades (elementos

qualitativos), envolveu muito cuidado na escolha dos parâmetros e variáveis empregados, uma vez que qualquer escolha equivocada poderia implicar alterações bruscas na solução.

No Capítulo 7 serão realizadas simulações que permitirão aferir a proposta de interligação do modelo de EDP (4.1) com os modelos fuzzy e estocásticos, implementados por meio de métodos numéricos de elementos finitos e Crank-Nicolson.

Capítulo 7

Simulações e resultados

Neste capítulo, são apresentadas simulações numéricas que possibilitam observar o avanço de um foco da febre aftosa sobre uma população de bovinos suscetíveis em uma fazenda, levando-se em conta os aspectos incertos considerados no trabalho. Estas simulações permitem aferir a proposta de interligação do modelo de EDP (4.1) com os modelos fuzzy e estocásticos, implementados por meio de métodos numéricos de elementos finitos e Crank-Nicolson, sendo necessária a avaliação da correlação entre estes modelos e métodos numéricos, a fim de comprovar a validade da diversificação de ferramentas matemáticas, utilizadas de forma interdisciplinar no decorrer do trabalho.

Como já dito, os ensaios visam avaliar a junção de diversas ferramentas matemáticas ao modelo (4.1), aplicado à febre aftosa em bovinos. Para tanto, por meio do registro de características observadas no estabelecimento considerado, baseadas nos instrumentos de avaliação diagnóstica propostos nos modelos fuzzy e estocásticos, será possível compor vários cenários variando a condição inicial e/ou as variáveis linguísticas *características ambientais, estrutura de produção e conduta pessoal*. Isso permitirá obter estimativas diversas para os parâmetros incertos D_S , D_I e β , as quais poderão indicar as conseqüências dos mesmos no trato da febre aftosa.

Na primeira simulação, a fim de aferir a proposta de interligação do modelo de EDP com os modelos fuzzy e estocásticos, implementados por meio de métodos numéricos

de elementos finitos e Crank-Nicolson, considera-se a população inicial uniformemente distribuída no espaço, o que possibilitará observar se os resultados a serem obtidos serão coerentes com os de um sistema determinístico de equações diferenciais do tipo SIR, para validar a estrutura do algoritmo construído. Em outras simulações, considera-se a população inicial concentrada em alguns pontos do domínio, com a composição de cenários que permitirão avaliar a influência das variáveis “conduta pessoal” e “estrutura de produção” em relação à força de infecção, assim como os parâmetros de difusão em relação à dispersão da população. Nesse contexto, pode-se visualizar e avaliar de que forma essas variáveis afetam a propagação da epidemia.

7.1 Simulação 1: condição inicial uniformemente distribuída no espaço

O algoritmo desenvolvido para implementar o sistema (4.1), por meio da discretização espacial (por elementos finitos) e temporal (por Crank-Nicolson), envolve diversas rotinas que são necessárias para implementar os modelos estocásticos e fuzzy, propostos neste trabalho. Assim, tendo em vista a grande quantidade de elementos variáveis durante a execução do algoritmo, torna-se necessário fazer uma avaliação do mesmo.

Neste sentido, optou-se por realizar uma simulação considerando a população inicial uniformemente distribuída no espaço, com indivíduos suscetíveis em todos os elementos do domínio discretizado e apenas um infectado localizado no nó 116 (ver malha ilustrada na Figura 6.10). Assumiu-se o tamanho da população inicial de 8 indivíduos por nó da malha, que é a capacidade suporte (k) de cada elemento do domínio discretizado, a qual é determinada com base na distância média ($d = 10m$) entre os indivíduos, obtida por [31] (ver seção 5.1.1). Embora sabendo que a distribuição uniforme da população não é observada na prática, optou-se por esta escolha pela vantagem de uma visualização melhor dos resultados.

A fim de executar os modelos fuzzy propostos para estimar os coeficientes de difusão D_S e D_I , decidiu-se por classificar a variável lingüística \mathcal{C} em *desfavorável*, *mediano* e *favorável*, ou seja, o domínio Ω é representado, em relação ao ambiente, conforme Figura 4.1. Com isso, o modelo estocástico dessa variável inferiu os valores $\mathbf{c} = 0,2$ para os elementos localizados em ambientes “desfavoráveis”; $\mathbf{c} = 0,5$ para os ambientes “medianos” e $\mathbf{c} = 0,8$ para os “favoráveis”.

Ainda, levando em conta o tamanho da população inicial, considera-se um estabelecimento cuja atividade econômica é a *transformação para carne*. Neste caso, a variável “estrutura de produção” é qualificada pelo evento fuzzy “muito alta”. Assim, do modelo estocástico para a variável \mathcal{EP} , obtém-se o valor $\mathbf{ep} = 0,94$. Pelo *estudo de caso* descrito na seção 6.1.3, que possibilita uma pré-avaliação da conduta das pessoas com relação às condições higiênico-sanitárias e educacionais do estabelecimento, considera-se o conceito B como indicativo de qualidade que irá nortear a escolha dos parâmetros da função de distribuição de probabilidade beta utilizada no modelo estocástico, para determinar a variável “conduta pessoal”. Esse modelo determina o valor $\mathbf{cp} = 0,58$, qualificando a variável \mathcal{CP} pelo evento fuzzy “regular”. A partir dos valores \mathbf{ep} e \mathbf{cp} estimados, obtém-se $\theta = 0,75$ pelo SBRF $\theta = \theta(\mathcal{EP}, \mathcal{CP})$ e, conseqüentemente, estima-se a taxa de transmissão $\beta = 0,27$ do estabelecimento considerado.

Com os parâmetros de difusão e transmissão definidos, obtém-se as densidades populacionais de suscetíveis, infectados e recuperados após 600 passos no tempo, as quais estão ilustradas na Figura 7.1. E para observar se os resultados obtidos são coerentes com os de um sistema determinístico de equações diferenciais do tipo SIR, escolheu-se alguns nós do domínio discretizado para que, fixado esse ponto no domínio espacial, se possa ilustrar o comportamento evolutivo de cada classe da população modelada. Os gráficos obtidos para cada nó escolhido são representados na Figura 7.2. Para cada gráfico desta figura, o eixo x representa o número de iterações realizadas no tempo t (a cada dez iterações corresponde a $t = 1$ dia), e o eixo y representa o tamanho da população por elemento do domínio discretizado.

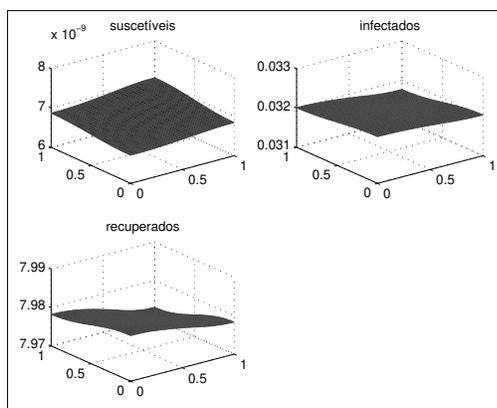


Figura 7.1: Distribuição das respectivas densidades populacionais de S, I e R ao final de 60 dias.

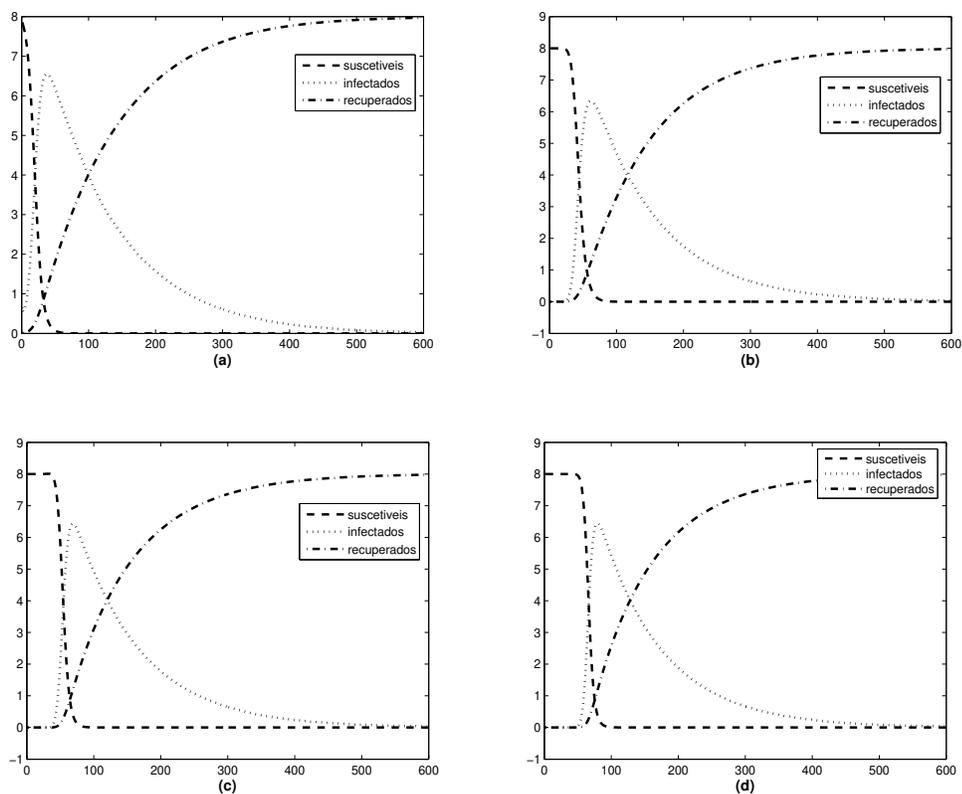


Figura 7.2: Acompanhamento do comportamento evolutivo de cada classe da população ao longo do tempo de 60 dias. O gráfico (a) representa o nó 116 (condição inicial de infectados); (b) representa o nó 47 (ponto central do domínio Ω); (c) representa o nó 75 (canto inferior direito do domínio Ω) e (d) representa o nó 4 (canto inferior esquerdo do domínio Ω).

Em todos os conjuntos de gráficos da Figura 7.2 observa-se que, em qualquer instante t (em uma mesma perpendicular ao eixo das iterações), verifica-se a conservação da população total em cada elemento, ou seja, $S(t) + I(t) + R(t) = S_0 + I_0 + R(0) = 8$. Visualiza-se que com o passar das iterações, o número de suscetíveis diminui à medida que o número de recuperados aumenta. A população de infectados atinge um número máximo e depois cai para zero. Mais especificamente, verifica-se que no conjunto de gráficos (a), representando o elemento com a presença inicial de infectados, ocorre um rápido decaimento da população de suscetíveis em virtude do rápido crescimento dos recuperados e infectados. Os infectados atingem o ponto máximo em menos de 10 dias. Isso é devido à força de infecção $\lambda = \beta I$ alta, tendo em vista que essa é proporcional à quantidade de suscetíveis à taxa de transmissão $\beta = 0,27$ que também é alta. Em contrapartida, no nó 4 localizado no ambiente em que \mathcal{C} é “desfavorável” e mais distante da condição inicial de infectados, a doença chega quase ao mesmo tempo que no nó 75 localizado no ambiente em que \mathcal{C} é “favorável”, com isso a população de suscetíveis permanece constante por alguns dias, dado que a mesma está uniformemente distribuída no espaço. Nesse contexto, tem-se que o comportamento evolutivo de cada classe da população ao longo do tempo é similar ao apresentado nos modelos compartimentais do tipo SIR clássicos (ver Figura 2.2).

7.2 Simulação 2: análise dos parâmetros D_S , D_I e β

Como já dito, a fim de observar os efeitos de variação dos parâmetros incertos D_S , D_I e β , imaginam-se diferentes situações com as variáveis lingüísticas \mathcal{C} , \mathcal{EP} e \mathcal{CP} , por meio dos três casos descritos a seguir. Nessa simulação, considera-se um estabelecimento cuja atividade econômica é a pecuária extrativa. Nessa situação, a variável “estrutura de produção” é qualificada pelo termo lingüístico “alta”. Ainda, com o intuito de avaliar a influência dos coeficientes de difusão neste tipo de estabelecimento, para cada caso, são realizados dois ensaios: no primeiro considera-se a variável *características ambientais* (\mathcal{C})

classificada como “favorável” e no segundo como “desfavorável”, em todo o domínio Ω .

Em todos os casos, o domínio é ocupado inicialmente por uma população de 160 indivíduos suscetíveis e um infectado, todos concentrados em uma região, conforme representa a Figura 7.3.

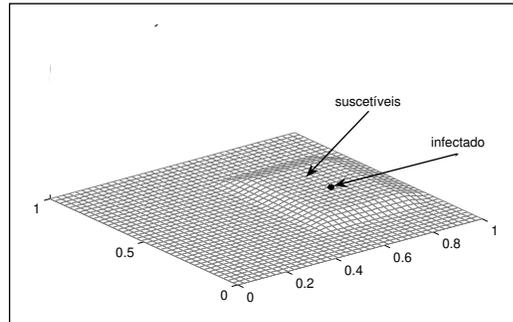


Figura 7.3: Distribuição inicial da população. O retângulo em relevo representa a região onde os suscetíveis e o infectado estão concentrados.

Caso 1: Fazenda com indicativo de qualidade A.

Neste primeiro caso, fez-se a opção pelo estudo da evolução da epidemia em uma fazenda em que a conduta das pessoas com relação às condições higiênico-sanitárias e educacionais tem conceito A. Com este indicativo de qualidade, o modelo estocástico proposto na seção 6.1.3 qualifica a variável “conduta pessoal” pelo eventos fuzzy “satisfatória”.

Depois de 600 passos no tempo, para um instante final de 60 dias, obtém-se as densidades populacionais de suscetíveis, infectados e recuperados. A Figura 7.4 (a) mostra a representação para a situação em que a variável características ambientais é classificada qualitativamente como “favorável” e, na Figura 7.4 (b), tem-se a representação para \mathcal{C} “desfavorável”.

Embora as superfícies de densidades populacionais de ambas as simulações apresentem aspectos bastante semelhantes, existem diferenças no comportamento de dispersão das populações. Na Figura 7.4 (a) observa-se que ocorre uma densidade populacional de infectados mais acentuada na região onde se encontrava a população inicial do que em pontos distantes dessa região. Já na Figura 7.4 (b), essa diferença é significati-

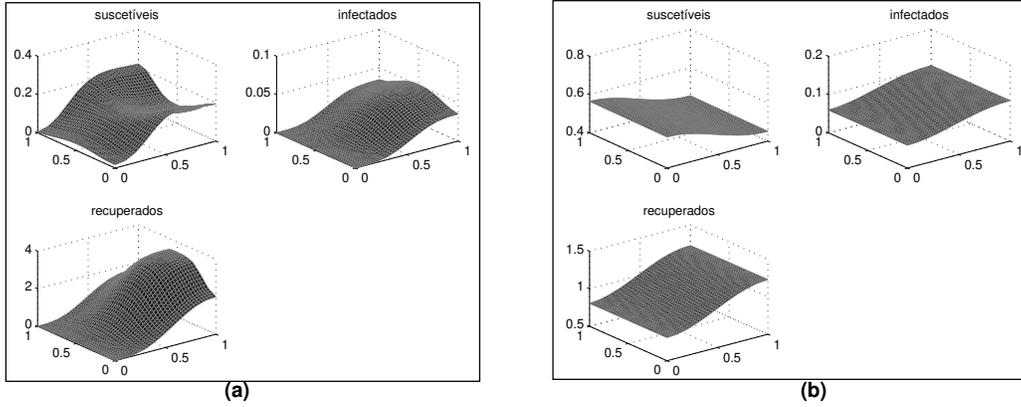


Figura 7.4: Distribuição das respectivas densidades populacionais de suscetíveis, infectados e recuperados, sendo $\mathcal{CP} = \text{satisfatória}$ e $\mathcal{EP} = \text{alta}$. Em (a) \mathcal{C} é favorável e em (b) \mathcal{C} é desfavorável.

vamente menor, ou seja, a dispersão é mais homogênea. Esse comportamento se repete com as populações de suscetíveis e recuperados, sendo que na Figura 7.4 (b), observa-se que na população de suscetíveis, a densidade é mais elevada em pontos mais distantes da região onde estava a população inicial. As densidades populacionais de indivíduos suscetíveis das duas simulações são significativamente altas para o número de passos no tempo considerado. Ainda observa-se que a densidade é maior na segunda simulação que na primeira.

Ainda neste primeiro conjunto de ensaios, escolheu-se um nó do domínio discretizado para que, fixado esse ponto no domínio espacial, se possa ilustrar o comportamento evolutivo de cada classe da população modelada. O ponto escolhido é o ponto onde estava localizada a população de infectados da condição inicial. Os respectivos conjuntos de gráficos de cada simulação são representados na Figura 7.5.

Nos dois conjuntos de gráficos (a) e (b), da Figura 7.5, observa-se inicialmente um rápido decaimento na concentração das populações de suscetíveis e infectados, o que já era esperado pela introdução do termo de difusão na modelagem apresentada. No primeiro ensaio (a), após esse rápido decaimento ocorre um aumento da população de infectados, atingindo um único pico por volta de 155 iterações, correspondendo a 15 dias do início da epidemia. A partir daí, ocorre um decaimento, já que a população de suscetíveis também decai em decorrência da dispersão e da infecção. No segundo ensaio (b), devido

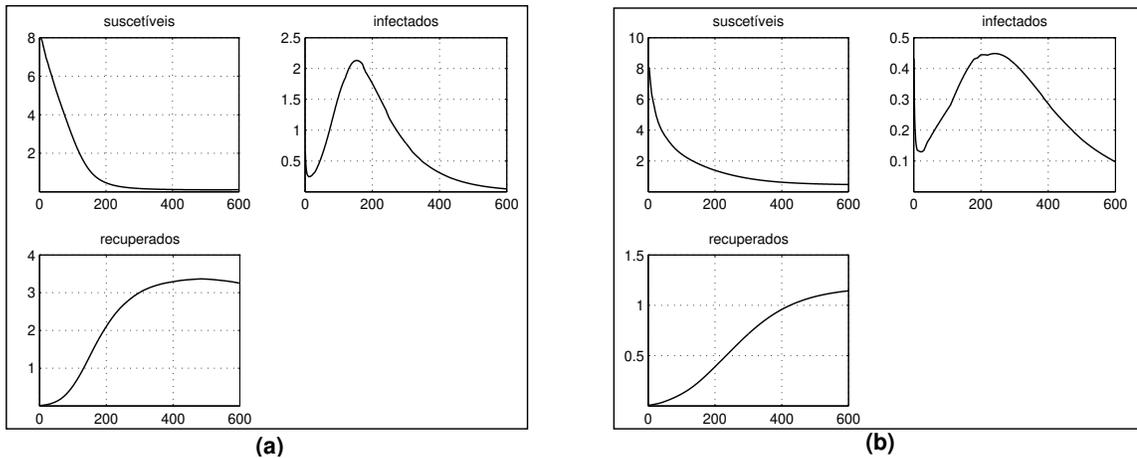


Figura 7.5: Representação da evolução dos contingentes populacionais ao longo do tempo de 60 dias, no ponto correspondente a população inicial de infectados. Considerando $\mathcal{CP} = \text{satisfatória}$ e $\mathcal{EP} = \text{alta}$. No conjunto de gráficos (a) a variável \mathcal{C} é nomeada como *favorável* e em (b) como *desfavorável*.

a uma maior dispersão dos indivíduos nesse ponto, o gráfico da população de infectados é levemente mais achatado, sem apresentar o pico observado em (a), só atingindo o maior número de infectados em torno de 220 iterações, correspondendo a 22 dias do início da infecção. Após um certo período de tempo, há um decaimento da população com mais suavidade do que no ensaio (a). A população de recuperados cresce, vindo a se estabilizar após atingir seu ponto máximo.

O modelo estocástico qualificou a variável lingüística \mathcal{CP} como “satisfatória”, com $\mathbf{cp} = 0,91$, isso resultando no parâmetro $\theta = 0,079$ pelo SBRF. Indica assim que o estabelecimento pode ser considerado “quase ideal” com relação à taxa de transmissão da febre aftosa. Isto é, trata-se de um estabelecimento em que as pessoas envolvidas nas atividades com os animais exercem influência positiva, impedindo o avanço rápido da doença mesmo involuntariamente, ou seja, sem adotar as medidas de controle indicadas pelas instituições sanitárias responsáveis pela doença. Isso fica comprovado nos resultados sugeridos pelo conjunto de ensaios do *Caso 1*. Em ambos os ensaios tem-se um crescimento muito lento do número de infectados. Ao final de 600 iterações ainda existe uma densidade considerável de indivíduos suscetíveis no estabelecimento. Neste caso, a força de infecção $\lambda = \beta I$ é baixa, já que β assume um valor bem próximo do mínimo.

No primeiro ensaio, os coeficientes de difusão, tanto dos suscetíveis como dos

infectados, são mais baixos que os do segundo ensaio. Neste caso, os animais ficam mais concentrados, pois se dispersam mais lentamente, possibilitando o contato direto entre suscetíveis e infectados com maior frequência. Já no segundo ensaio, os indivíduos estão localizados na região cuja variável *características ambientais* \mathcal{C} é classificada como “desfavorável”, fazendo com que os coeficientes de difusão D_S e D_I sejam maiores do que no ensaio anterior. Daí, tanto os indivíduos suscetíveis como os infectados se dispersaram mais, ocupando os espaços vazios mais rapidamente. Este fator implica em menos contatos diretos entre ambas as classes da população.

A dispersão da população exerce grande influência no crescimento da epidemia. O número de infectados aumenta segundo uma força de infecção $\lambda = \beta I$, que é proporcional ao número de suscetíveis, isto é, λS . Isto justifica o fato da infecção ter uma evolução mais acelerada na primeira simulação do que na segunda. Quando \mathcal{C} é “favorável” existe maior concentração de indivíduos suscetíveis e infectados por unidade de área, devido à dispersão mais lenta dos indivíduos, implicando em uma força de infecção λ mais forte.

Caso 2: Fazenda com indicativo de qualidade C.

Dando seqüência à avaliação da variável *conduta pessoal* na evolução da epidemia em uma fazenda, será considerado aqui, em oposição ao *Caso 1*, o conceito C como indicativo de qualidade relacionado às condições higiênico-sanitárias e educacionais do estabelecimento. Com este conceito, o modelo estocástico proposto na seção 6.1.3 qualifica a variável “conduta pessoal” pelo evento fuzzy “insatisfatória”, com $\mathbf{cp} = 0, 1$.

A Figura 7.6, através dos conjuntos de gráficos (a) e (b), ilustra a evolução das populações de suscetíveis, infectados e recuperados ao final de 600 iterações no tempo, para os dois ensaios. Inicialmente, ao comparar os conjuntos de gráficos (a) e (b) da Figura 7.6, observa-se o mesmo comportamento obtido no *Caso 1*, com os parâmetros de difusão D_S e D_I exercendo grande influência na evolução da doença. Porém quando são comparados os *Casos 1* e *2*, tem-se uma significativa diferença na escala dos eixos que indicam as densidades de indivíduos suscetíveis e infectados. Na Figura 7.4 (a), os eixos

estão representados em uma escala significativamente maior do que os da Figura 7.6 (a). O mesmo fato se repete com as Figuras 7.4 (b) e 7.6 (b). Isto significa que no *Caso 2* a evolução da doença se deu de forma mais acelerada que no *Caso 1*.

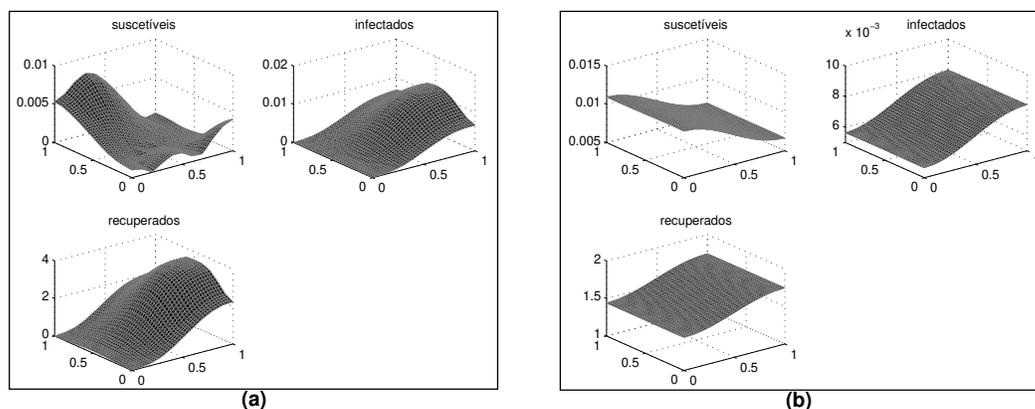


Figura 7.6: Distribuição das respectivas densidades populacionais de suscetíveis, infectados e recuperados, sendo $\mathcal{CP} = \textit{insatisfatória}$ e $\mathcal{EP} = \textit{alta}$. Em (a) \mathcal{C} é favorável e em (b) \mathcal{C} é desfavorável.

Na Figura 7.7 tem-se a representação do comportamento evolutivo de cada classe da população modelada ao longo de 600 iterações, para os ensaios em que a variável \mathcal{C} é classificada no primeiro conjunto de gráficos (a) como “favorável” e, no segundo (b), como “desfavorável”. O nó escolhido é o mesmo do escolhido no *Caso 1*.

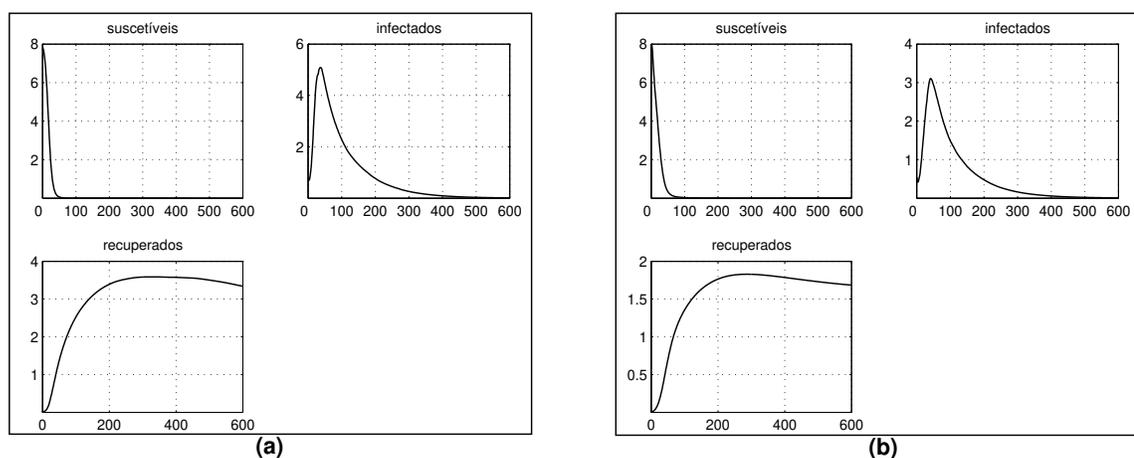


Figura 7.7: A evolução dos contingentes populacionais ao longo do tempo de 60 dias no ponto correspondente à população inicial de infectados, considerando $\mathcal{CP} = \textit{insatisfatória}$ e $\mathcal{EP} = \textit{alta}$. No primeiro conjunto de gráficos (a) a variável \mathcal{C} é nomeada como *favorável* e no segundo (b) como *desfavorável*.

Neste caso, pôde-se observar inicialmente que a população de suscetíveis decai de forma brusca em um tempo bastante curto, sendo o tempo significativamente menor no primeiro conjunto de gráficos que no segundo. Segue um rápido aumento da população de infectados atingindo um único pico em menos de 100 iterações, representando menos de 10 dias do início da infecção, tanto em (a) como em (b). A partir daí, ocorre um decaimento, já que a população de suscetíveis também decai e a população de recuperados cresce, vindo a se estabilizar após atingir seu ponto máximo.

Como já referido na seção 5.2, o parâmetro θ tem por objetivo incorporar a influência exercida por diversos fatores que agregam incertezas na taxa de transmissão da doença, entre estes, os fatores sociais e ambientais. No *Caso 2*, considerou-se um estabelecimento em que a variável *conduta pessoal* é classificada como *insatisfatória*. Isto indica que o estabelecimento apresenta as piores condições sociais e ambientais, ou seja, as pessoas não são qualificadas para o exercício das atividades com os animais e não existe conscientização, esclarecimento e parceria para enfrentar o desafio no controle da disseminação da doença. Como visto nos capítulos anteriores, o vírus da febre aftosa sobrevive bem no meio ambiente em condições de alta umidade e pouca incidência solar, nos objetos como calçados, roupas e pneus dos veículos. No segundo caso, com a variável *conduta pessoal* “insatisfatória”, subentende-se que esta característica do vírus não é monitorada e nem controlada pelas pessoas envolvidas no manejo com os animais. Nesta situação, do SBRF $\theta = \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$ resulta o parâmetro $\theta = 0,92$, que está associado à taxa de transmissão $\beta = 0.31$ muito próxima da máxima e, em consequência disso, a força de infecção λ é maior que a do *Caso 1*. Isto justifica o fato da evolução da doença ser mais rápida no *Caso 2* do que no *Caso 1*.

Caso 3: Fazenda com indicativo de qualidade B.

Para completar o estudo da variável *conduta pessoal*, optou-se por um terceiro caso com a escolha de um estabelecimento intermediário aos *Casos 1 e 2* no que tange à atuação das pessoas envolvidas com os animais, avaliado com conceito B. Com esse indicativo de qualidade, o modelo estocástico determina $\mathbf{cp} = 0,59$, classificando o evento fuzzy

representativo da variável como “regular”. Assim, determinados os valores de entrada ϵ_P e ϵ_C do SBRF, obtém-se para o parâmetro $\theta = 0,5$ e conseqüentemente $\beta = 0,22$.

Na Figura 7.8, tem-se a ilustração da evolução das populações de suscetíveis, infectados e recuperados, no final de 600 iterações no tempo. Os dois ensaios estão ilustrados nos respectivos conjuntos de gráficos (a) e (b). Já as Figuras 7.9 (a) e 7.9(b) mostram o comportamento evolutivo de cada classe da população, correspondentes aos respectivos ensaios, no nó do domínio discretizado onde estava localizada a população inicial de infectados.

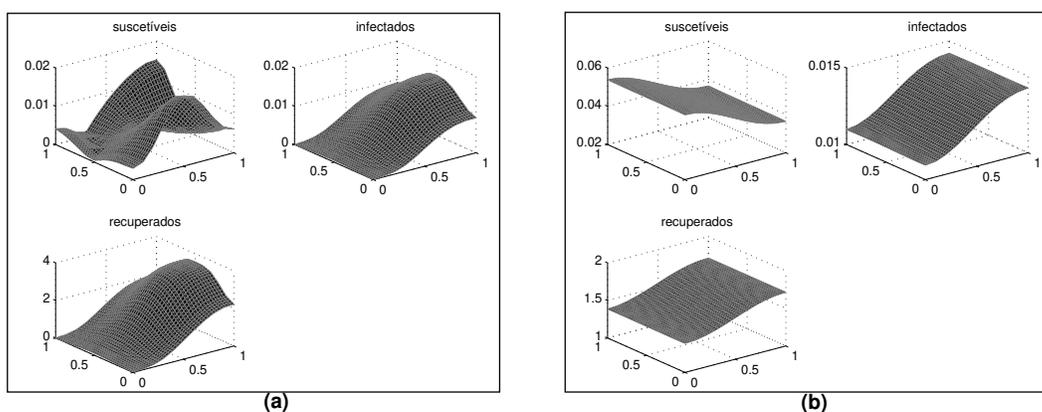


Figura 7.8: Distribuição das respectivas densidades populacionais de suscetíveis, infectados e recuperados, sendo $\mathcal{CP} = regular$ e $\mathcal{EP} = alta$. Em (a) \mathcal{C} é favorável e em (b) \mathcal{C} é desfavorável.

Os gráficos obtidos dos ensaios, nesse caso, confirmam o que já era intuitivamente esperado, tendo em vista os dos casos anteriores. Ou seja, tem-se resultados semelhantes aos ensaios dos *Casos 1* e *2* tanto no que se refere à influência dos coeficientes de difusão D_S e D_I como em relação à força de infecção λ , porém com escalas intermediárias (ver Figuras 7.5, 7.7 e 7.9).

Conclui-se, a partir dos 3 casos, que mesmo sem pôr em prática as medidas de controle da doença indicadas pelos órgãos sanitários oficiais, é possível retardar ou até mesmo controlar o avanço da epidemia, desde que as atividades humanas sejam adequadas, ou seja, a “conduta pessoal” seja satisfatória.

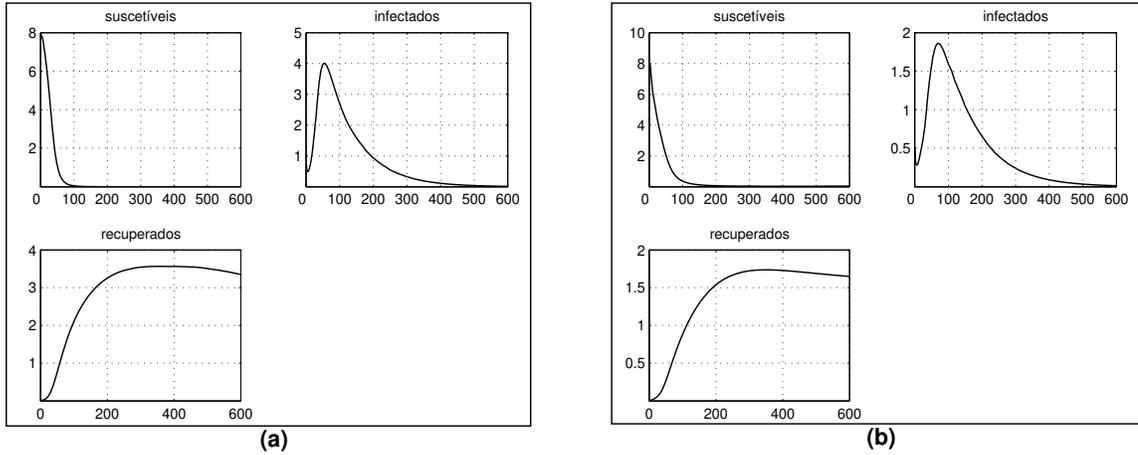


Figura 7.9: A evolução dos contingentes populacionais ao longo do tempo de 60 dias no ponto correspondente à população inicial de infectados, considerando $\mathcal{CP} = regular$ e $\mathcal{EP} = alta$. No primeiro conjunto de gráficos (a) a variável \mathcal{C} é nomeada como *favorável* e no segundo (b) como *desfavorável*.

7.3 Simulação 3: a variável estrutura de produção

Este caso tem o objetivo de comprovar a relação da conduta da febre aftosa com as formas de organização da produção bovina, relação defendida por diversos autores já citados na seção 5.2. Para descrever as formas de organização da produção bovina definiu-se, nessa mesma seção, a variável lingüística *estrutura de produção* (\mathcal{EP}), a qual foi qualificada pelos termos lingüísticos {*muito baixa, baixa, alta, muito alta*}.

Assim, optou-se por simular duas situações: na primeira considera-se um estabelecimento cuja atividade econômica é a *pecuária de subsistência*. Em contrapartida, na segunda situação considera-se a *produção de carne*. Pelo modelo estocástico proposto na seção 6.1.3, a variável \mathcal{EP} é qualificada pelo termo “muito baixa” na primeira simulação, e “muito alta” na segunda. Em ambas as simulações, os estabelecimentos recebem o conceito B como indicativo de qualidade. Neste caso, a variável *conduta pessoal* é qualificada como *regular*, pelo modelo estocástico proposto na seção 6.1.4. Com relação à variável *características ambientais*, faz-se a opção pelos termos *desfavorável, mediano e favorável*, conforme Figura 4.1.

A fim de comparar o desenvolvimento da doença nas duas situações, dado que

o estabelecimento em que a atividade econômica é a pecuária de subsistência tem uma quantidade significativamente menor de animais que o de produção de carne, e levando-se em conta que a *pecuária de subsistência* pode ser representada por minifúndios de baixa produtividade ou minifúndios comunitários, toma-se a população inicial de 200 suscetíveis divididos em 5 grupos de 40 indivíduos cada, representando minifúndios comunitários, localizados nos 4 cantos e no centro do domínio. Soma-se à população inicial um animal infectado, localizado no grupo do centro do domínio. Para a segunda simulação toma-se a mesma distribuição da população inicial, considerando que toda a população pertence à mesma fazenda.

Após 600 passos no tempo obtém-se as densidades populacionais de suscetíveis, infectados e recuperados. A Figura 7.10 (a) mostra a representação para a primeira situação em que a variável \mathcal{EP} é classificada qualitativamente como “muito baixa” e, na Figura 7.10 (b), tem-se a representação para a segunda situação, com \mathcal{EP} qualificada como “muito alta”.

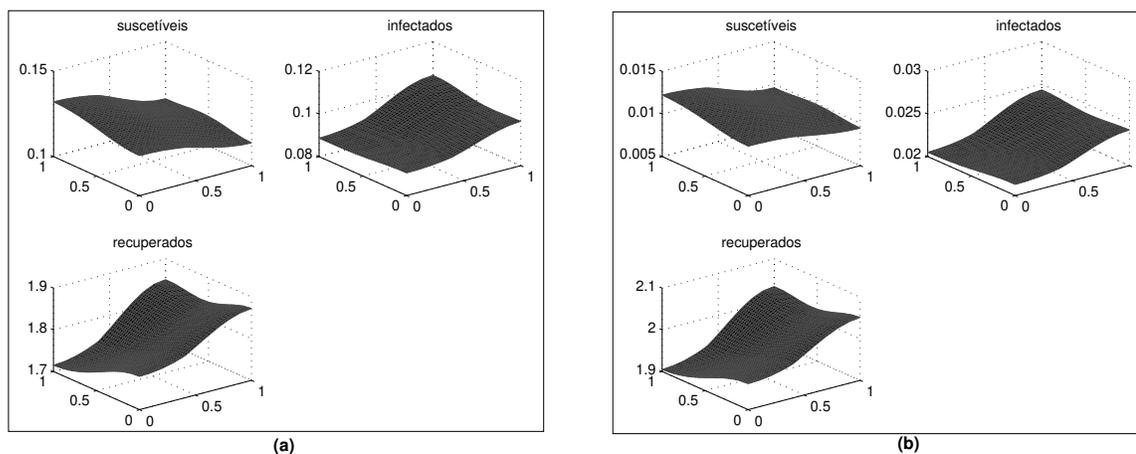


Figura 7.10: Distribuição das respectivas densidades populacionais de suscetíveis, infectados e recuperados, para um instante final de 60 dias. Na simulação (a) tem-se $\theta = 0,25$ e $\beta = 0,16$; em (b) tem-se $\theta = 0,75$ e $\beta = 0,27$.

Observa-se, ao comparar os dois conjuntos de gráficos, que as populações de suscetíveis e infectados da simulação (a), em que a atividade econômica é a pecuária de subsistência, tem-se uma escala ligeiramente maior que a da segunda simulação (b).

Apesar do tamanho da população inicial ser o mesmo nos dois casos, tem-se que a movimentação dos animais destinados à produção de carne e de pessoas que lidam com esses animais é significativamente maior que na primeira situação. No estabelecimento destinado à produção de carne, o parâmetro θ , responsável por agregar ao modelo as incertezas inerentes à aspectos socioeconômicos e ambientais, é maior que no primeiro caso e, conseqüentemente, a taxa de transmissão também é maior. Nesse contexto, em (b) o avanço da epidemia é mais rápido que em (a).

A Figura 7.11 ilustra a evolução dos contingentes populacionais, ao longo do tempo de 60 dias, no nó correspondente à população inicial de infectados.

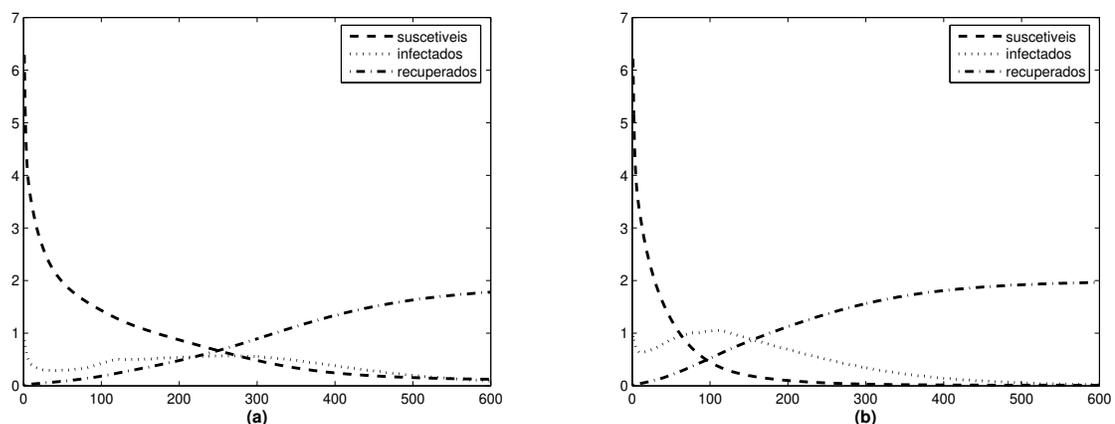


Figura 7.11: A evolução dos contingentes populacionais ao longo do tempo no ponto correspondente à população inicial de infectados. Considerando $\mathcal{CP} = regular$, $\mathcal{EP} = muito baixa$ no primeiro conjunto de gráficos (a) e $\mathcal{EP} = muito alta$ em (b).

Inicialmente ocorre uma ligeira queda no número de infectados nas duas simulações. Isso se deve à existência do termo de difusão no modelo. Em seguida, tem-se um crescimento lento da população de infectados em (a), atingindo a maior densidade em torno de 25 dias. Por outro lado, em (b) a população de infectados cresce mais rapidamente, atingindo um pico em torno de 10 dias.

Na Figura 7.12 faz-se a representação gráfica do comportamento evolutivo de todas as classes da população modelada em cada um dos 4 grupos de animais, localizados nos cantos do domínio Ω . Os gráficos indicando “canto superior e inferior esquerdo”,

representam nós localizados na região do domínio em que a variável \mathcal{C} é qualificada pelo termo lingüístico “desfavorável”, em contrapartida, os gráficos indicando “canto superior e inferior direito” estão localizados na região em que \mathcal{C} é qualificada pelo termo lingüístico “favorável”. A região central do domínio, onde está localizada a condição inicial de infectados encontra-se na região em que \mathcal{C} é “mediana”.

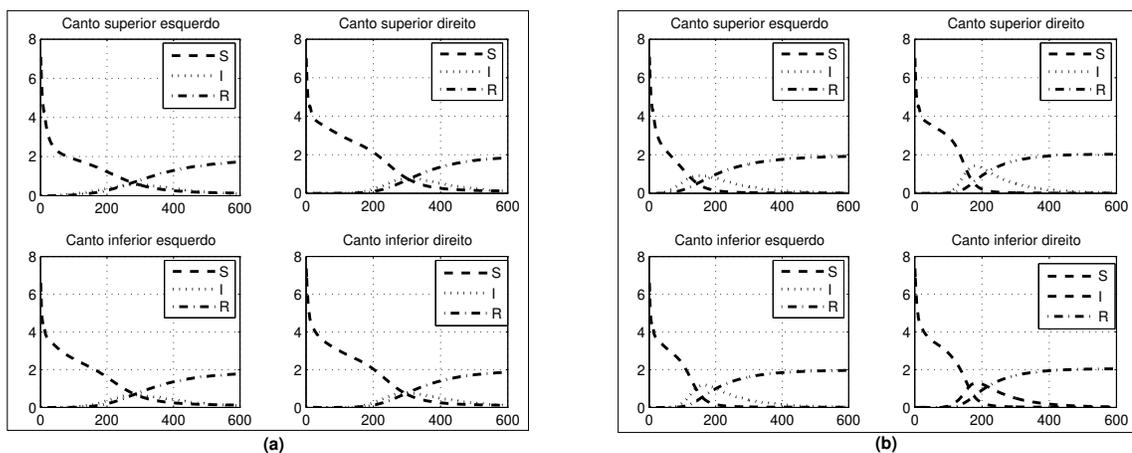


Figura 7.12: A evolução dos contingentes populacionais ao longo do tempo de 60 dias, em pontos escolhidos para representar os 4 grupos da população inicial de suscetíveis, localizados nos 4 cantos do domínio. O conjunto de gráficos (a) corresponde à simulação em que a variável $\mathcal{E}\mathcal{P}$ é qualificada pelo termo “muito baixa” e o conjunto de gráficos (b) corresponde à $\mathcal{E}\mathcal{P}$ qualificada como “muito alta”.

Em todos os pontos representados nos conjuntos de gráficos da Figura 7.12, não há concentração inicial da população de infectados. Assim, percebe-se que a chegada dessa classe da população nos pontos situados na região cuja variável \mathcal{C} é “desfavorável” acontece em menos iterações do que nos pontos da região \mathcal{C} “favorável”. Esta situação pode ser justificada ao se observar que na região cuja variável \mathcal{C} é qualificada como “favorável”, há disponibilidade de recursos em alimentação, água e sombra. Estes recursos ambientais exercem forte influência na tomada de decisão dos animais, desestimulando-os de se dispersar. Assim, eles levam mais tempo para chegar em pontos distantes da concentração inicial. O processo inverso ocorre em regiões “desfavoráveis”; nelas, a oferta de alimentação é baixa e longe de bebedouros e sombras, o animal passa a se movimentar com maior intensidade para consumir alimentação e água necessárias para sua sobrevivência,

assim como para se proteger das altas temperaturas.

Também pode-se observar em (a) e (b) que, no início do processo, a população de suscetíveis decresce rapidamente, voltando a crescer após algumas iterações. Essa situação ocorre devido à existência do termo de dispersão, ou seja, inicialmente o elemento do domínio discretizado perde parte da população e após algumas iterações recebe indivíduos suscetíveis vindos de outros elementos. E essa característica é mais acentuada nos gráficos referentes aos nós dos cantos inferior e superior direitos, dado que nesses pontos a população de infectados demora mais para chegar. Quando os infectados chegam nos nós da direita, encontra-se uma população maior de suscetíveis. Com isso a força de infecção, que é proporcional à quantidade de suscetíveis, é maior do que a dos pontos da esquerda. Uma consequência disso é a existência, nesses pontos, de uma curva mais acentuada para os infectados.

Capítulo 8

Considerações finais e sugestões para trabalhos futuros

Na primeira seção deste capítulo, cabe uma reflexão do desenvolvimento dos capítulos precedentes do ponto de vista da contribuição para o conhecimento, de um modo geral, no desenvolvimento desta tese, assim como as considerações finais observadas. São apresentadas, também, algumas sugestões de trabalhos futuros que possam contribuir para a continuidade ou melhoria do que já foi proposto.

8.1 Considerações finais

O objetivo dessa tese foi apresentar a proposta de um modelo integrado envolvendo *EDP*, *lógica fuzzy* e *métodos probabilísticos*, com sua implementação pela técnica de *elementos finitos*, para estudar a dinâmica espacial e temporal de fenômenos epidemiológicos caracterizados por incertezas importantes para sua evolução.

Para tanto, destacaram-se os seguintes pontos:

1. Modelo compartimental do tipo SIR constituído por um sistema de Equações Dife-

- renciais Parciais (EDP), com parâmetros de dispersão e transmissão incertos;
2. Modelos fuzzy constituídos por SBRF para estimar os parâmetros incertos;
 3. Modelos estocásticos baseados no Método de Monte Carlo para dar entrada de dados nos eventos fuzzy dos SBRFs;
 4. Formulação variacional e discretização espaço-temporal do modelo de EDP, utilizando os respectivos métodos numéricos de elementos finitos e Crank-Nicolson;
 5. Implementação computacional envolvendo todos os modelos (EDP, fuzzy e estocásticos).

Na busca de implementar um modelo de EDP cuja estrutura possibilitasse agregar diversas ferramentas matemáticas para o estudo de um fenômeno em que a forma de contágio e dispersão da população fosse caracterizada por incertezas quanto aos aspectos epidemiológicos, sócio-econômicos e ambientais, considerou-se como objeto de estudo a febre aftosa em bovinos, que por ser uma patologia viral cuja transmissão ocorre por contato direto e indireto, e por apresentar características bastante complexas e incertas, constituiu-se no cenário ideal para essa finalidade.

Para tanto, dividiu-se a população de bovinos nas classes de suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R), o que possibilitou utilizar um sistema do tipo SIR, constituído de **Equações Diferenciais Parciais**, com a finalidade de incorporar ao modelo a evolução espaço-temporal da epidemia, levando em conta as incertezas referenciadas (ver modelo (4.1)).

Tendo em vista que a dispersão da população de bovinos não ocorre essencialmente pelo movimento Browniano, ou seja, os animais não se dispersam ao acaso em seu ambiente, e esta falta de casualidade no uso do espaço está relacionada com o comportamento social e com as estruturas físicas e biológicas dos indivíduos e do ambiente, a dispersão espacial da população foi incorporada ao modelo por meio de equações de difusão em cada uma das classes S, I e R, admitindo-se a **difusibilidade**

densidade-dependência. Por esse motivo, optou-se por coeficientes capazes de incorporar informações qualitativas e incertas inerentes ao fenômeno em estudo, ou seja, pôde-se contemplar no modelo as diferenças dos animais com relação à sua eficiência de mobilidade.

Assim, um diferencial introduzido ao modelo foi o de representar os parâmetros de difusão da equação determinística como parâmetros subjetivos, incorporando incertezas ligadas ao espaço, à população e à própria doença, ou seja, fez-se $D_S = D_S(\mathcal{C}, \mathcal{P})$ e $D_I = D_I(\mathcal{C}, \mathcal{P}, \mathcal{FD})$, em que as incertezas são agregadas ao modelo pelas variáveis lingüísticas \mathcal{C} = “características ambientais”, \mathcal{P} = “população” e \mathcal{FD} = “fase da doença”.

O parâmetro de transmissão da epidemia foi tratado nessa tese também como um parâmetro incerto. A partir da característica de resistência do vírus da febre aftosa no meio ambiente, a qual possibilita a forma de transmissão indireta de contágio, admitiu-se que cada infeccioso tinha a mesma chance de encontro com os suscetíveis. Entretanto, pressupôs-se que a *força de infecção*, indicada pelo parâmetro $\lambda = \beta I$ (β representa a taxa de transmissão), era capaz de capturar os efeitos da transmissão da doença por fatores incertos, relacionados com as formas de produção, as pessoas e o ambiente, responsáveis pelos “encontros bem-sucedidos” entre suscetíveis e o vírus propagado pelo infectado. Para isso, foi proposto a taxa β como um parâmetro incerto dependente de variáveis lingüísticas - *estrutura de produção* (\mathcal{EP}) e *conduta pessoal* (\mathcal{CP}) - que descrevem incertezas inerentes a aspectos sócio-econômicos e ambientais. Sendo assim, fez-se $\beta(\theta)$, onde o parâmetro $\theta = \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$ é o responsável pela agregação de tais incertezas à taxa β por meio das variáveis lingüísticas.

Em geral, os modelos epidemiológicos que envolvem EDP são determinísticos. No entanto, como já referido acima, os parâmetros de difusão e a força de infecção do modelo (4.1) incorporam informações importantes da enfermidade e do meio de convivência da população em estudo, todas envolvendo algum tipo de incerteza. Em epidemiologia, as incertezas podem ser agrupadas segundo duas classes: a variabilidade e a conhecimento parcial, sendo a primeira originada da heterogeneidade da população ou da estocasticidade, e a segunda resultante de erros sistemáticos de medida ou de desconhecimento de

parte do processo considerado (subjetividade).

As incertezas tratadas até este ponto do trabalho são como as da classe do conhecimento parcial. Nesse caso, foi possível confirmar a necessidade de se utilizar de alguma estrutura matemática que possibilitasse lidar com as imprecisões e incertezas de forma mais crítica e realista. A teoria da lógica fuzzy, desenvolvida para lidar com o conceito de verdade parcial, ou seja, com valores de verdade entre o *complemento verdadeiro* e o *complemento falso* da Lógica *Booleana*, pode ser considerada como uma das ferramentas matemáticas mais poderosas para lidar com tais incertezas, imprecisões e verdades parciais, permitindo a tratabilidade de problemas do mundo-real, muitas vezes com soluções de baixo custo.

Face a esses argumentos, buscou-se, no contexto desse trabalho, a **teoria da lógica fuzzy** para representar essas incertezas, ou seja, fez-se uso de Sistemas Baseados em Regras Fuzzy (SBRF) para modelar os parâmetros incertos $D_S = D_S(\mathcal{C}, \mathcal{P})$, $D_I = D_I(\mathcal{C}, \mathcal{P}, \mathcal{FD})$ e $\theta = \theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$. Particularmente, em se tratando de modelos epidemiológicos envolvendo EDP, são muito poucos os trabalhos existentes em que os parâmetros de difusão e a força de infecção são estimadas pela lógica fuzzy, sendo esta área ainda muito incipiente.

Ao estimar os parâmetros de dispersão D_S , D_I e de transmissão β , todos modelados pela lógica fuzzy, tem-se as variáveis lingüísticas \mathcal{C} , \mathcal{FD} , \mathcal{CP} , e \mathcal{EP} descritas por termos qualitativos, apresentando assim dificuldades na utilização de métodos quantitativos para dar entrada nos SBRF específicos a cada parâmetro. Ou seja, estas variáveis apresentam, além da incerteza tratada pela lógica fuzzy, a incerteza de variabilidade, necessitando da utilização de outra ferramenta que possibilite tratar tal incerteza.

Para melhor situar o problema, toma-se como exemplo a variável fase da doença (\mathcal{FD}), dependente de outra variável, também qualitativa, denominada “tempo de infecção” (τ) do indivíduo infectado. Para determinar a variável fase da doença de um indivíduo infectado, fez-se uso de um SBRF $\mathcal{FD} = \mathcal{FD}(\tau)$. Porém, como já descrito na seção 6.1.1, τ foi definida para cada indivíduo infectado. No entanto, no modelo proposto (4.1), a variável de estado I indica a população de infectados. A solução encontrada para o

problema foi a de fazer a leitura de τ para toda a população I. Ou seja, τ passou a indicar o “tempo de infecção da população”, o qual foi qualificado pelos conjuntos fuzzy *tempo0*, *tempo1*, *tempo2*, [...], *tempo15*, cujas fronteiras não são claramente definidas. O conjunto fuzzy *tempo5* da população de infectados exemplifica mais precisamente um evento fuzzy, onde a incerteza fuzzy está presente na definição do evento. E para dar entrada ao SBRF é necessário obter a chance desses “eventos” ocorrerem, caracterizando uma incerteza de variabilidade (probabilística) (ver Figura 6.2).

Para as demais variáveis lingüísticas citadas anteriormente, deparou-se com problemas se-melhantes: em cada variável, existe a incerteza fuzzy presente na definição do evento, e a incerteza probabilística ao calcular a chance de ocorrência de “seus elementos”¹, já que poderiam não ser eqüiprováveis segundo uma distribuição (ver Figura 6.1).

Sendo assim, com a existência dos dois tipos de incertezas, percebeu-se que a teoria da lógica fuzzy não seria suficiente, havendo a necessidade de fazer uso de outra técnica para abordar as incertezas, envolvendo aleatoriedade. Nesse sentido, foi utilizada a **teoria de probabilidades**, considerada, em geral, a ferramenta matemática mais apropriada para tratar desse tipo de incerteza.

Desta forma, para cada uma das variáveis lingüísticas citadas ($\tau, \mathcal{C}, \mathcal{CP}, \mathcal{EP}$), fez-se o acoplamento de modelos fuzzy e probabilísticos. No modelo probabilístico, com a utilização do método de Monte Carlo, escolheu-se o valor de entrada para alimentar o SBRF, correspondente a cada variável. Este método gerou uma amostra de valores aleatórios por meio de uma distribuição de probabilidade e usou a amostra obtida como entrada no SBRF. Optou-se pela adoção do referido método por se caracterizar como uma técnica simples e confiável em gerar números aleatórios, com a possibilidade de repetir o experimento em um número considerável de vezes para minimizar o erro na estimativa. Para cada variável incerta do modelo (isto é, que tem uma faixa de valores possíveis), foi preciso optar por uma distribuição de probabilidades, e esta foi a principal dificuldade de utilização desta técnica.

¹Aqui, os “elementos” do evento fuzzy são os valores pertencentes ao suporte das funções de pertinência correspondente a cada evento fuzzy.

Um ponto importante a considerar é que, mesmo percebendo diferenças significativas entre as teorias fuzzy e probabilística, pôde-se comprovar a existência de grandes possibilidade delas se complementarem. Esta junção pode resultar em uma ferramenta realmente útil que poderá ser aplicada em modelos similares ao utilizado nesse trabalho.

Para a discretização espacial, utilizou-se o **Método de Elementos Finitos** (MEF) que consiste, no contexto desse trabalho, na discretização de um meio contínuo (domínio Ω) em pequenos elementos triangulares, mantendo as mesmas propriedades do meio original. Esses elementos foram descritos pelo sistema de EDP (4.1), sendo que uma solução aproximada do sistema foi desenvolvida para cada um dos elementos. A solução total foi então gerada, colocando juntas as soluções de cada elemento. Utilizando-se as soluções individuais, tomou-se o cuidado de assegurar a continuidade dos contornos entre os elementos. Assim, o sistema de EDP (4.1) foi satisfeito em forma de fatias. O MEF foi utilizado nesse trabalho devido à sua grande aplicabilidade e eficiência no uso de elementos triangulares.

Para a discretização temporal utilizou-se o método implícito de diferenças finitas **Crank-Nicolson**, por ser um método numericamente consistente e estável. Esse método, que foi desenvolvido por John Crank e Phyllis Nicolson em meados do século 20, é vantajoso também por reduzir significativamente o volume total de cálculos.

Um grande desafio dessa tese foi a **implementação computacional**. A dificuldade se deu pela necessidade de acoplar os modelos de EDP, fuzzy e estocásticos num único algoritmo. Face a isso, optou-se por considerar o domínio teórico Ω da forma retangular com a discretização espacial constituída por uma malha regular, obtida por meio do software GID - versão 7.0. O uso do software GID trouxe grandes vantagens na implementação computacional, já que ele gera arquivos para armazenar as informações sobre a malha de elementos e as coordenadas de cada nó. Entre essas informações, o software permitiu fazer um mapeamento dos elementos com relação à variável lingüística “características ambientais”, facilitando dessa forma sua leitura.

Para implementar os modelos fuzzy, utilizou-se a ferramenta “Fuzzy Logic Toolbox” contida no ambiente Matlab. Os algoritmos construídos para implementar os

Métodos de Monte Carlo, os quais descrevem os modelos estocásticos, foram construídos no ambiente *Matlab* - versão 7.0. Esses algoritmos e os modelos fuzzy foram anexados ao algoritmo principal construído para a implementação computacional do sistema de EDP, o qual foi desenvolvido nos ambientes *Matlab* - versão 7.0 e *Fortran* - versão 6.5.

As simulações numéricas possibilitaram observar o avanço de um foco da febre aftosa sobre uma população de bovinos suscetíveis numa fazenda, levando em conta os aspectos incertos considerados no trabalho. As simulações permitiram também aferir a proposta de interligação do modelo de EDP (4.1) com os modelos fuzzy e estocásticos, implementados por meio de métodos numéricos de elementos finitos e Crank-Nicolson. Ou seja, pôde-se comprovar a validade da diversificação de ferramentas matemáticas, utilizadas de forma interdisciplinar no decorrer do trabalho. Os resultados obtidos nas diversas simulações são coerentes com os de um sistema clássico de equações diferenciais tipo SIR, validando, assim, a estrutura do algoritmo usado na implementação computacional.

A incerteza impera em quase todas as variáveis do modelo proposto nessa tese. Todavia, com as simulações foi possível visualizar como essas variáveis afetam a propagação da epidemia. O estudo avaliou que é possível monitorar e controlar a dispersão do vírus no ambiente de forma eficiente, quando adotadas ações socioeconômicas e ambientais apropriadas, que envolvam a conduta das pessoas e as formas de produção exercidas pelo estabelecimento, ainda que as medidas de controle da epidemia pelos órgãos sanitários oficiais não estejam presentes no cotidiano. Considera-se que estas estratégias tenham reflexo direto na *força de infecção*, isso porque, naturalmente, incertezas e imprecisões relacionadas a esses fatores são fortemente influenciáveis na taxa de transmissão da epidemia.

O principal ponto de originalidade deste trabalho se refere à possibilidade de acoplamento das diversas ferramentas matemáticas - EDP, lógica fuzzy, teoria probabilística e elementos finitos - em um único modelo, tornando possível realizar o estudo de fenômenos epidemiológicos caracterizados por incertezas. No caso do objeto de estudo deste trabalho, a febre aftosa, utilizou-se variáveis características dos pontos de vista epidemiológico, sócio-econômico e ambiental, que por sua natureza são incertas e imprecisas.

A complexidade de ações que envolveu o desenvolvimento do algoritmo, que possibilitou a integração dos diversos métodos, resultou em um grande desafio ao se propor caminhos, buscando maneiras de extrair dessas ferramentas as melhores possibilidades de compartilhamento de funções dentro do mesmo modelo. O fato do método de elementos finitos ser desenvolvido para sistemas determinísticos, composto de elementos quantitativos e os demais serem caracterizados por incertezas e subjetividades (elementos qualitativos), envolveu muito cuidado na escolha dos parâmetros e variáveis empregados, uma vez que qualquer escolha equivocada poderia implicar alterações bruscas na solução.

Embora não tenha sido validada com dados reais da epidemia, tomando como base o referencial bibliográfico e as constatações aqui evidenciadas, crê-se que essa metodologia empregada pode fornecer resultados mais próximos da realidade.

8.2 Propostas de trabalhos futuros

Tem-se a certeza e a consciência da existência de limitações, tanto dos modelos propostos (EDP, fuzzy e estocásticos), quanto do algoritmo implementado. Nesse sentido, o trabalho desenvolvido nessa tese está longe de encerrar conclusivamente as questões referentes à febre aftosa. Na verdade, a junção de ferramentas matemáticas nesse estudo possibilita desvendar um universo de aplicações que podem animar intensamente a continuidade de atividades nessa linha de pesquisa. Ressalta-se nesse momento alguns trabalhos que já são vislumbrados para estudos posteriores.

Um trabalho a ser proposto é a verificação da existência de solução tipo onda viajante. Ela se caracteriza por manter sua forma inalterada no decorrer do tempo e por ter velocidade de propagação constante. Essa onda vista por um observador parado parecerá estacionária. Assim, fazendo-se a adimensionalização do sistema (4.1), busca-se o estudo das condições analíticas para a existência de soluções tipo onda viajante. A partir daí pretende-se determinar a velocidade de propagação da epidemia da febre aftosa, assim como analisar cenários para a zona de bloqueio evitando a propagação da doença.

Um trabalho interessante a ser proposto é o de estabelecer a correlação entre a força de infecção λ e as variáveis \mathcal{CP} e \mathcal{EP} . No decorrer do desenvolvimento dessa tese, elucidou-se a diversidade de fatores e determinantes que envolvem a epidemia da febre aftosa. Contudo, deu-se fundamental importância à pressuposta relação entre a força de infecção ($\lambda = \beta I$) e as incertezas inerentes aos aspectos sociais, econômicos e ambientais, considerados essenciais para o sucesso na prevenção da febre aftosa e também no controle da epidemia. Esta relação foi construída por meio de modelos fuzzy e estocásticos para estimar o parâmetro β - taxa de transmissão da doença - de forma que este agregasse os diversos tipos de incertezas - às de conhecimento parcial e de variabilidade - relacionadas aos fatores anteriormente citados. Para isso, foi proposto inicialmente o modelo $\beta = \beta_1 + \beta_2\theta(\mathcal{CP}, \mathcal{EP})$ por meio de um SBRF (ver seção 5.2). Neste caso, considerou-se a informação e educação mensurada pela variável lingüística \mathcal{CP} e as questões ambientais e econômicas mensuradas pela variável \mathcal{EP} . Em seguida, tendo em vista a presença de incertezas probabilísticas relacionadas ao domínio das funções de pertinência das variáveis \mathcal{CP} e \mathcal{EP} , foi proposto um modelo estocástico (ver seção 6.1), complementando assim a metodologia para estimar o parâmetro β e conseqüentemente, a força de infecção λ .

Tendo em vista a fundamental importância que a força de infecção exerce na área de epidemiologia e considerando que os modelos desenvolvidos nessa tese para estimar β e, por sua vez, a força de infecção λ ainda apresentam limitações, tenciona-se aprimorar o modelo fortalecendo a correlação entre a força de infecção λ e as variáveis \mathcal{CP} e \mathcal{EP} , a fim de obter valores da força de infecção mais próximos de uma epidemia real, no caso a epidemia da febre aftosa ocorrida no ano de 2005 no Estado de Mato Grosso do Sul.

O Estado, que ocupa a primeira posição em número de animais bovinos no país, com densidade demográfica de aproximadamente 69 cabeças/Km² e responsável por 13% da produção brasileira de carne bovina, enfrentou elevados prejuízos econômicos e sociais causados pelo registro de focos do vírus da febre aftosa em 2005. Nesta epidemia, foram registrados 33 focos da doença com destaque para os municípios de Eldorado, Japorã e Mundo Novo. Segundo [46], foram sacrificados 32.549 bovinos suscetíveis, custando aos cofres públicos R\$ 18.556.071,00 somente de indenização aos proprietários de animais

sacrificados.

A Tabela 8.1 traz algumas informações sobre os episódios de febre aftosa no Estado de Mato Grosso do Sul, no ano de 2005. Estas informações correspondem a dados colhidos após 20 dias de atividades para contenção e eliminação dos casos de febre aftosa pelos órgãos sanitários oficiais.

Tabela 8.1: Dados dos episódios de febre aftosa no Estado de Mato Grosso do Sul, no ano de 2005.

	Propriedade	Município	Bovinos suscetíveis	Bovinos doentes
1	Faz Vezozzo	Eldorado	584	154
2	Faz Jangada	Eldorado	3548	65
3	Sítio St ^o Antônio	Japorã	182	20
4	Sítio São Benedito	Japorã	132	4
5	Faz Guaira	Japorã	783	31
6	Sítio Boa Vista	Japorã	52	3
7	Faz Guatambu	Japorã	253	16
8	Lote 205 PA Savana	Japorã	16	2
9	Sítio São Benedito(2)	Japorã	142	20
10	Fazenda Gazin	Mundo Novo	777	5
Total			6.469	320

Fonte: Departamento de Saúde Animal da Secretaria de Defesa Agropecuária do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, [8] - elaboração da autora.

A partir dos dados reais apresentados sobre a epidemia, como os citados acima, e com o aprimoramento do modelo fuzzy proposto na seção 5.2, será possível determinar valores para a força de infecção λ determinando, dessa forma, a correlação entre a força de infecção λ e as incertezas agregadas às atividades socioeconômicas e ambientais do estabelecimento, por meio das variáveis lingüísticas \mathcal{CP} e \mathcal{EP} . Mais especificamente, para estabelecer essa correlação, inicia-se com um diagnóstico real das variáveis lingüísticas \mathcal{CP} e \mathcal{EP} em cada fazenda, e por meio dos modelos estocásticos propostos no Capítulo 6 determinam-se os valores de entrada, relativos a cada variável, do SBRF $\theta = \theta(\mathcal{EP}, \mathcal{CP})$.

Conhecendo-se θ , obtém-se a taxa de transmissão da febre aftosa β específica de cada fazenda, para a partir das populações de infectados, de cada estabelecimento, descritas na Tabela 8.1, determinar valores que descrevem a *força de infecção* λ correspondente a cada fazenda. Entende-se que a conduta pessoal e a mudança de atitude no sentido de prevenir a propagação da epidemia, que resulta na redução da força de infecção, são variáveis determinantes dessa relação.

Finaliza-se esse exercício de pesquisa, parafraseando Pierre Bourdieu [s/data]:

Uma exposição sobre uma pesquisa é, com efeito, o contrário de um show, de uma exibição na qual se procura ser visto e mostrar o que vale. É um discurso em que a gente se expõe, no qual se correm riscos (...). Quanto mais a gente se expõe, mais possibilidades existem de tirar proveito da discussão e, estou certo, mais benevolente serão as críticas ou os conselhos.

Referências Bibliográficas

- [1] ALMEIDA, C.G., JAFELICE, R.S.M. e MEYER, J.F.C.A. **Modelagem fuzzy em dinâmica populacional**. XXIX CNMAC. Campinas, 2006.
- [2] AMENDOLA, M., SOUZA, A.L. e BARROS, L. C. **Manual do uso da teoria dos conjuntos fuzzy no MATLAB 6.5**. Disponível em:
http : //www.ime.unicamp.br/ laeciocb/manual – fuzzy – matlab.pdf. Acesso em: 08 mai. 2007.
- [3] BARROS, L.C. **Modelos determinísticos com parâmetros subjetivos**. Dissertação de Mestrado, IMECC - Unicamp, Campinas, 1992.
- [4] BARROS, L.C. e BASSANEZI. R.C. **Tópicos de Lógica Fuzzy e Biomatemática**. Coleção IMECC - Textos didáticos. v.5. Campinas. UNICAMP - IMECC, 2006.
- [5] BARROS, L.C. e BASSANEZI. R.C. **A simple model of life expectancy with subjective parameters**. In: *Kybernetes*, vol. 7, pp. 91-98, 1995.
- [6] BASSANEZI, R.C. **Ensino-aprendizagem com modelagem matemática: uma nova estratégia**. São Paulo, Contexto, 2002.
- [7] BRASIL. IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Indicadores agropecuários**. Disponível em: *http : //www.ibge.gov.br*. Acesso em: 08 mai. 2007.
- [8] BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Informações sobre os episódios de febre aftosa no Estado de Mato Grosso do Sul**. De-

partamento de Saúde Animal da Secretaria de Defesa Agropecuária. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/>. Acesso em: 05 jan. 2006.

- [9] BRASIL. Ministério da Agricultura. **Manual de Procedimentos em Focos de Febre Aftosa**-Plano Nacional de Combate à Febre Aftosa. Brasília, 1973.
- [10] BRASIL. Ministério da Agricultura do Abastecimento e da Reforma Agrária. **Portaria N^o121, 29 de março de 1993**.
- [11] CANTRELL, R.S. e COSNER, C. **Diffusive logistic equations with indefinite weights**: populations models in disrupted environments. *Proceedings of the Royal Society of Edinburgh*, v. 112A, p.293-318, 1989.
- [12] CASTANHO, M.J.P. **Construção e avaliação de um modelo matemático para prever a evolução do câncer de próstata e descrever seu crescimento utilizando a teoria dos conjuntos fuzzy**. Tese de Doutorado. FEEC, UNICAMP. Campinas, 2005.
- [13] CAVALIN C. F. **Um modelo matemático para a dispersão da febre aftosa em bovinos**. Dissertação de Mestrado. Departamento de Física, Estatística e Matemática, Departamento de Tecnologia, Unijuí, Ijuí, 2004.
- [14] CHOWELL, G. et al. **The role of spatial mixing in the spread of foot-and-mouth disease**. In: *Preventive Veterinary Medicine* 73: 297-314, 2006.
- [15] COSTA, M.J.R.P. **Termorregulação e comportamento alimentar e postural em ovinos: diferenças individuais e variações estacionais**. Tese de Doutorado. Faculdade de Filosofia Ciências e Letras de Ribeirão Preto, USP. Ribeirão Preto, 1995.
- [16] COSTA, M.J.R.P. and CROMBERG, V.U. **Alguns aspectos a serem considerados para melhorar o bem-estar de animais em sistemas de pastejo rotacionado**. In: Fundamentos do pastejo rotacionado. FEALQ. Piracicaba, 1997.

- [17] COSTA, M.J.R. **Ambiência na produção de bovinos de corte a pasto.** Anais de Etologia, 18: 26-42. 2000.
- [18] DANTAS, C.A.B. **Probabilidade:** Um Curso Introductório. 2.ed. São Paulo. Editora da Universidade de São Paulo, 2004.
- [19] DIAS, M.R.B. **Equações diferenciais ordinárias com campo de direções parcialmente conhecido.** Dissertação de Mestrado. IMECC, Unicamp. Campinas, 2006.
- [20] EDELSTEIN, K.L. **Mathematical Models in Biology.** McGraw-Hill, Inc, 1987.
- [21] FERNÂNDEZ A.A. e SÖNDAHL M.S. **Diagnóstico das enfermidades vesiculares e classificação do vírus da febre aftosa.** Centro Pan-Americano de Febre Aftosa. Rio de Janeiro, 1978.
- [22] PEDRYCZ, W. e GOMIDE, F. **Fuzzy Systems Engineering - Toward Human-Centric Computing** Ed. John Wiley & Sons, Inc., Hoboken. New Jersey, EUA. 1a. edição, 2007.
- [23] FERREIRA F. **Dinâmica Espacial da Febre Aftosa em Bovinos:** Um Modelo Matemático. Tese de Doutorado. Faculdade de Saúde Pública, USP, São Paulo, 2000.
- [24] JAFELICE, R.S.M. **Modelagem fuzzy para dinâmica de transferência de soropositivos para HIV em doença plenamente manifesta.** Tese de Doutorado. Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação, UNICAMP. Campinas, 2003.
- [25] JOHNSON, C. **Numerical solution of partial differential equations by the finite element method.** Cambridge University Press, New York. 1987.
- [26] KALEVA, O. **Fuzzy differential equations.** In: Fuzzy Sets and Systems, 24(3) : 301 – 317, 1987.

- [27] KATO, L. A. **Modelos matemáticos de dispersão em múltiplas escalas e um estudo da propagação de lesões foliares em grandes plantações.** Tese de Doutorado. IMECC, Unicamp. Campinas, 2004.
- [28] KERMACK, W.O. e MCKENDRICK, G.A. **A contribution to the mathematical theory of epidemics.** In: Proceedings of the Royal Society of London, Series A, 115, 700-721.
- [29] KLIR, G. e YUAN, B. **Fuzzy Sets and Fuzzy Logic - Theory and Application.** Prentice All. 1995.
- [30] KONDO, S., MARUGUCHI H. and NISHINO, S. **Spatial and social behavior of calves in reduced dry-lot space.** Jap J Zootec Sci, v.55, p.71-77, 1984.
- [31] KONDO, S. et al. **The effect of group size and space allowance on the agonistic and spacing behavior of cattle.** Appl Anim Behav Sci, v.24, p.127-135, 1989.
- [32] LACAZ, T.M.V.S. **Análise de problemas populacionais intraespecíficos e interespecíficos com difusão densidade-dependente.** Tese de doutorado. IMECC-Unicamp. Campinas, 1999.
- [33] LIMA, R.C.A., MIRANDA, S.H.G. e GALLI, F. **Febre Aftosa: Impacto Sobre as Exportações Brasileiras de Carnes e o Contexto Mundial das Barreiras Sanitárias.** Instituto de Estudos do Comércio e Negociações internacionais, Centro de Estudos avançados em Economia Aplicada-ESALQ/USP. São Paulo, 2005.
- [34] LYRA, T.M.P. e CORTES, J.A. **Controle de qualidade nos serviços públicos: a experiência dos programas de saúde animal.** Rev. Educ. Contin. CRMV-SP, v.5, p.320 – 331, 2002.
- [35] LYRA T.M.P. e SILVA, J.A. **A febre aftosa no Brasil, 1960-2002.** In: Arq. Bras. Med. Vet. Zootec., 56: 565–576. Brasília, DF, 2004.

- [36] MADDARENA, E.F. **Definição das áreas endêmicas primárias de febre aftosa em Minas Gerais. Dissertação de Mestrado.** Escola de Veterinária, UFMG. Minas Gerais, 1991.
- [37] MANN, J.A. e SELLERS R.F. **Foot-and-mouth disease virus.** In: Dinter Z e Morein B, editors. *Virus Infections of Ruminants.* The Netherlands: Elsevier Science Publishers B. V. 1990. v.3, p.503-512.
- [38] MARTINS, C. **Caracterização Epidemiológica no Espaço Catarinense.** Tese de Doutorado, Escola de Veterinária, UFMG, Minas Gerais, 1984.
- [39] MASSAD, E. et al. **Fuzzy Logic in Action: Applications in Epidemiology and Beyond.** April, 21, 2008 Springer, Berlin, Heidelberg, New York, Hong Kong, London, Milan, Paris, Tokyo.
- [40] MERCEDES, C.E.R. e FIGUEROA H.E.H. **Padé Boundary Conditions for the Finite-Element Modeling of Planar Junctions.** *Journal of Lightwave Technology.* v.22, no. 1, 2004.
- [41] MISSIO, M. e BARROS, L.C. **Um estudo de autômatos celulares com parâmetros fuzzy para a dispersão da febre aftosa em bovinos no Mato Grosso do Sul.** *Biomatemática* 16: 43–52. IMECC, Unicamp. Campinas, 2006.
- [42] MISSIO, M. **Existência e decaimento uniforme de um sistema de Klein-Gordon-Schrödinger não linear.** Dissertação de Mestrado. DMA. UEM. Maringá, 2003.
- [43] MORAES, G.M. **Definição e Delimitação dos Circuitos de Comercialização Bovina como Elemento Metodológico de Intervenção Sanitária: O Caso da Febre Aftosa no Estado de Mato Grosso do Sul.** Dissertação de Mestrado. Escola de Veterinária, UFMG, Minas Gerais, 1993.
- [44] MURRAY, J.D. **Mathematical Biology I. An Introduction.** Springer-Verlag, Berlin, 2001.

- [45] ORTEGA, N.R.S. **Aplicação da teoria de conjuntos fuzzy a problemas da biomedicina**. Tese de Doutorado. Instituto de Física-USP. São Paulo, 2001.
- [46] OIE. **Informaciones Sanitarias**. Vol 19, Nº 11, 2006. Disponível em: http://www.oie.int/esp/info/hebdo/EIS_27.HTM#Sec10. Acesso em: 8 abr. 2006.
- [47] OKUBO, A. **Diffusion and Ecological Problems: Mathematical Models**. Springer-Verlag. USA. 1980.
- [48] OLIVEIRA, J.F., KIRINUS, L.C.C. e MARTINS, C. **Relatório sobre Febre Aftosa**. Relatório de atividades. Companhia Integrada de Desenvolvimento Agrícola de Santa Catarina (CIDASC) - Secretaria da Agricultura e Abastecimento. 1992.
- [49] PEIXOTO, M. S. **Sistemas Dinâmicos e Controladores Fuzzy: um estudo da Dispersão da Morte Súbita dos Citros em São Paulo**. Tese de Doutorado. IMECC-UNICAMP, Campinas, 2005.
- [50] PEIXOTO, M. S. e BARROS, L.C. **Um estudo de autômatos celulares para o espalhamento geográfico de epidemias com parâmetros fuzzy**. In: TEMA Tend. Mat. Apl. Comput., 5, No. 1 (2004), 125-133.
- [51] PEREIRA, P.L.L. **Estudo do Comportamento Epidemiológico da Febre Aftosa no Contexto Pecuário do Triângulo Mineiro**. Dissertação de Mestrado. UFMG, Belo Horizonte, 1986.
- [52] PITUCO, E.M. **A Importância da Febre Aftosa em Saúde Pública**. Centro de Pesquisa e desenvolvimento de Sanidade Animal-Instituto Biológico. disponível em: <http://bvs.panaftosa.org.br/textoc/Pituco-FMD-saudepublica.pdf> Acesso em: 05 jun. 2007.
- [53] RELIASOFT BRASIL. **Conceitos de Confiabilidade: Características da Distribuição Weibull**. Disponível em: http://www.dee.ufrn.br/tavares/arquivos/t%F3picos/Weibull_T%F3picos%20dessa%20Edi%E7%E3o.pdf. Acesso em: 20 abr. 2008.

- [54] RODRIGUES, L.A.D. et al. **Modelo matemático discreto para a dispersão da febre aftosa em bovinos**. Seminário Latino Americano de Biomatemática. Argentina, 2005.
- [55] SCHUYLER, J.R. **Decision Analysis in Projects: Monte Carlo Simulation**. Upper Darby: Project Management Institute. 1994.
- [56] SEGEL, L.A. e LIN, C.C. **Mathematics applied to deterministic problems in the natural sciences**. Philadelphia : SIAM, 1988.
- [57] SEIKKALA, S. **On the fuzzy initial value problem**. Fuzzy Sets and Systems, 24(3):319-330, 1987.
- [58] TAKAHASHI, L.T. **Modelos matemáticos de epidemiologia com vetores: simulação da propagação urbana e geográfica da dengue**. Tese de Doutorado. IMECC - UNICAMP. Campinas, 2004.
- [59] TURING, A.M. **The Chemical Basis of Morphogenesis**. Phil. Tr. R. Soc. London. B 237, 37-73. 1952.
- [60] ZADEH, L. A. **Fuzzy sets**. Information And Control. (8):338-353, 1965.
- [61] YANG, H.M. **Epidemiologia matemática: estudo dos efeitos da vacinação em doenças de transmissão direta**. Editora da Unicamp. Campinas, 2001.

Apêndice

Códigos Fontes

Neste apêndice, são apresentados os códigos numéricos utilizados na implementação dos modelos de EDP, fuzzy e probabilísticos para as aproximações da solução do problema integrado. Foram utilizados dois códigos, sendo um para obter as submatrizes de rigidez e outro para integrar os modelos fuzzy, probabilísticos e de elementos finitos.

Para obter as submatrizes de rigidez, fez-se uso de um código numérico elaborado com base em [40]. Esse código numérico foi realizado no ambiente *Fortran* - versão 6.5 e armazenado no arquivo *sir.f*, o qual carrega o arquivo denominado *sir.gid*, gerado pelo software *GID* - versão 7.0, com a função de armazenar as informações sobre a malha e as coordenadas de cada elemento.

Para implementar os modelos fuzzy, utilizou-se a ferramenta “Fuzzy Logic Toolbox” contida no ambiente Matlab. Foram criados os seguintes arquivos: *theta.fis* para desenvolver o SBRF $\theta = \theta(\mathcal{E}\mathcal{P}, \mathcal{C}\mathcal{P})$; *fase-da-doenca.fis* para desenvolver o SBRF $\mathcal{FD} = \mathcal{FD}(\tau)$; *dispersaoS.fis* e *dispersaoI.fis* para os respectivos sistemas $D_S = D_S(\mathcal{C}, \mathcal{P})$ e $D_I = D_I(\mathcal{C}, \mathcal{P}, \mathcal{FD})$. Para elaborar os *arquivos.fis* foram utilizadas as funções de pertinência e as bases de regras específicas para cada um dos modelos apresentados no Capítulo 5.

Os Métodos de Monte Carlo, apresentados no Capítulo 6 para fazer a leitura

das variáveis lingüísticas τ , \mathcal{C} , \mathcal{EP} , \mathcal{CP} , foram desenvolvidos no código numérico *sir.m*, o qual foi elaborado em ambiente *Matlab* - versão 7.0 para fazer a integração das rotinas fuzzy, probabilísticas e de elementos finitos.

Para a geração gráfica fez-se uso da rotina *plotsir.m*. É importante observar que os arquivos - *sir.f*; *sir.gid*; *sir.m*; *plotsir.m*; *theta.fis*; *fase-da-doenca.fis*; *dispersaoS.fis* e *dispersaoI.fis* - estão localizados em um único diretório.

Na seção seguinte, faz-se a descrição do código numérico *sir.m*, elaborado para realizar a integração dos modelos de EDP, fuzzy e probabilísticos, desenvolvidos nessa tese.

Código numérico *sir.m*

```
clear all;
% Aproximação de um sistema tipo SIR para a epidemia
% da febre aftosa em uma fazenda.
format long
% Carrega a rotina sir.f
par = 0.0; save par.i par -ascii
!SIR
load-files
nv = length(find(sqbou(:,2))); chname
% Dados de discretização do modelo
T = 60;           % tempo final
dt = 0.1;
nt = T/dt;       % no. de subintervalos no tempo
iter = 3;        % no. de atualizações de S, I e R
% Condições iniciais, considerando a população inicial
% uniformemente distribuída no espaço.
```

```

S0=ones(nv,1)*8; I0=zeros(nv,1); R0=zeros(nv,1);
K0=47;          % nó central
I0(K0)=1.0;     % população inicial de infectados
% Cálculo do parâmetro incerto  $\theta$ 
% Geração de amostras de números aleatórios para a variável  $\mathcal{CP}$ 
% Conceitos: A=1.0; B=2.0; C=3.0
input 'CP =';
if CP == 1.0
    CPA = 0;
    for i = 1 : 1000
        cpa = rand(1,1);
        cpA = 1 - (0.1 * (-log((1 - cpa) + cpa * exp(-(1/0.1)))));
        CPA = CPA + cpA;
    end
    cp = CPA/1000;
elseif CP == 2.0
    CPB = 0;
    for i = 1 : 1000
        cpb = rand(1,1);
        cpB = 0.65 * (-log((1 - cpb) + cpb * exp(-(1/0.65)^3.5)))^(1/3.5);
        CPB = CPB + cpB;
    end
    cp=CPB/1000;
else CP == 3.0
    CPC = 0;
    for i = 1 : 1000
        cpc = rand(1,1);
        cpC = 0.1 * (-log((1 - cpc) + cpc * exp(-(1/0.1)))));

```

```

        CPC = CPC + cpC;
    end
    cp=CPC/1000;
end
% Geração de amostras de números aleatórios para a variável  $\mathcal{EP}$ 
% 1.0 = Atividade de subsistência; 2.0 = produção de leite
% 3.0 = pecuária extrativa e 4.0 = produção de carne
input 'EP ='
if EP == 1.0
    EP1 = 0;
    for i = 1 : 1 : 1000
        E1 = rand(1, 1);
        EP11 = 0.25 * betainv(E1, 1, 4);
        EP1 = EP1 + EP11;
    end
    ep = EP1/1000;
elseif EP == 2.0
    EP2 = 0;
    for i = 1 : 1 : 1000
        E2 = rand(1, 1);
        EP21 = 0.1 + 0.5 * betainv(E2, 4.5, 4.5);
        EP2 = EP2 + EP21;
    end
    ep = EP2/1000;
elseif EP == 3.0
    EP3=0;
    for i = 1 : 1 : 1000
        E3 = rand(1, 1);

```

```

        EP31 = 0.4+0.5*betainv(E3,4.5,4.5);
        EP3 = EP3 + EP31;
end
    ep = EP3/1000;
else  $\mathcal{EP} == 4.0$ 
    EP4 = 0;
for  $i = 1 : 1 : 1000$ 
    E4 = rand(1,1);
    EP41 = 0.75+(1-0.75)*betainv(E4,4,1);
    EP4 = EP4 + EP41;
end
    ep = EP4/1000;
end
% Carrega o arquivo theta.fis
    fismat1 = readfis('theta');
    heta = evalfis([ep cp],fismat1);
     $\theta = heta$ ;
% Parâmetros
     $\beta_1 = 0.1$ ;
     $\beta_2 = 0.23$ ;
     $\beta = \beta_1 + \beta_2 * \theta$ ;    % Calcula a força da infecção
     $\mu = 0.1$ ;                % Taxa de recuperação
     $u_1 = dt * 0.5$ ;
     $u_4 = u_1 * \mu$ ;
% Geração de amostras de números aleatórios para a variável  $\mathcal{C}$ 
    CX1=0;CX2=0;CX3=0;CX4=0;
for  $i = 1 : 1 : 1000$ 
    C1 = rand(1,1);
    c31 = betainv(C1,1,4);

```

```

CX3 = CX3 + c31;
c11 = betainv(C1,4.55,4.55);
CX1 = CX1 + c11;
c21 = betainv(C1,4,1);
CX2 = CX2 + c21;
end
c(1)=CX1/1000; % ambiente mediano
c(2)=CX2/1000; % ambiente favorável
c(3)=CX3/1000; % ambiente desfavorável
S = S0; I = I0; R = R0;
St = S0; It = I0; Rt = R0;
% População média total
index=sqbou(find(sqbou(:,2)),1);
sirt0=zeros(length(sqbou),1);
sirt0(index)=abs(S0(:)+I0(:)+R0(:));
sirmt0=(sirt0(top(:,2))+sirt0(top(:,3))+sirt0(top(:,4)))/3.0;
% Geração de amostra de números aleatórios para a variável  $\tau_0$ 
SX0=0;
for i = 1 : 30
    S0 = rand(1,1);
    X0 = 0.5 * (-log((1 - S0) + S0/exp(2)));
    SX0 = SX0 + X0;
end
 $\tau_0$  = SX0/30;
% Carrega os arquivos fase-da-doenca.fis, dispersaoS.fis
% e dispersaoI.fis
solo = zeros(nel,1);
solo(:) = c(top(:,5));
fismat3 = readfis('dispersaoS');

```

```

Ds = evalfis([solo sirmt0],fismat3);
save dese.dat Ds -ascii;
fismat4 = readfis('fase-da-doenca');
fismat44= readfis('dispersaoI');
fd = evalfis(tau0,fismat4);
FD = fd*ones(nel,1);
Di = evalfis([solo sirmt0 FD],fismat44);
save desi.dat Di -ascii;
load mata.dat; load matb.dat;
% Construção das matrizes
US = zeros(nv,nv); WS = zeros(nv,nv);
UI = zeros(nv,nv); WI = zeros(nv,nv);
UR = zeros(nv,nv); WR = zeros(nv,nv);
% Calcula as integrais que não dependem do tempo
% e armazena em A1 e B1
A1 = sparse(mata(:,1),mata(:,2),mata(:,3),nv,nv);
B1 = sparse(matb(:,1),matb(:,2),matb(:,3),nv,nv);
par = 1.0; save par.i par -ascii;
sd = 0; % Contador do número de dias
a = 2; % Parâmetro da distribuição Weibull
v = gamma(1+1/a); u = 10/(15*v);
for it = 1:nt % Início do loop do tempo
% Carrega a rotina sir.f
!SIR
load mata.dat; load matb.dat;
% Calcula as integrais que dependem do tempo
% Armazena nas matrizes lineares A2 e B2
A2 = sparse(mata(:,1),mata(:,2),mata(:,4),nv,nv);
B2 = sparse(matb(:,1),matb(:,2),matb(:,4),nv,nv);

```

```

% Faz as atualizações para calcular os termos não lineares
for ii=1:iter
    II = (I + It)*0.5;
    fi = II; acopla;
% Carrega a rotina sir.f
    !SIR
    load matan.dat;
% Calcula as integrais que dependem do tempo
% Armazena nas matrizes não lineares A3 e B3
    A3 = sparse(mata(:,1),mata(:,2),matan(:,3),nv,nv);
    US = A1 + u1*A2 + (u1*beta)*A3;
    WS = A1 - u1*A2 - (u1*beta)*A3;
    S1 = US\ (WS*St);
    SS = (S1 + St)*0.5;
    fi = SS; acopla;
% Carrega a rotina sir.f
    !SIR
    load matbn.dat;
    B3 = sparse(matb(:,1),matb(:,2),matbn(:,3),nv,nv);
    UI = B1 + u1*B2 - (u1*beta)*B3 + u4*B1;
    WI = B1 - u1*B2 + (u1*beta)*B3 - u4*B1;
    I1 = UI\ (WI*It);
    S = S1; I = I1;
end
    UR = A1 + u1*A2;
    WR = A1 - u1*A2;
    R = UR\ (WR*Rt + A1*(u4*(I + It)));
    It = I; St = S; Rt = R;

```

```

% Os parâmetros Ds e Di são atualizados a cada 10 iterações (1 dia)
if (mod(it,10) == 0)
    sd=sd+1
% População média total
    sirt = zeros(length(sqbou),1);
    sirt(index) = abs(p(:))+ abs(q(:))+ abs(r(:));
    sirmt = (sirt(top(:,2)) + sirt(top(:,3)) + sirt(top(:,4)))/3.0;
% Geração de amostras aleatórias para determinar a variável  $\tau$ 
    if sd==1
        d=2; b=u*d;
    for i = 1:30
        S1 = rand(1,1);
        X1 = b*(-log((1 - S1) + S1 * exp(-(d/b)^a)))^(1/a);
        SX1 = SX1 + X1;
    end
         $\tau = SX1/30$ ;
    elseif sd==2
        SX2=0; d=3; b=u*d;
    for i = 1:30
        S2 = rand(1,1);
        X2 = b*(-log((1 - S2) + S2 * exp(-(d/b)^a)))^(1/a);
        SX2 = SX2 + X2;
    end
         $\tau = SX2/30$ ;
    elseif j==sd
        SX3=0; d=4; b=u*d;
    for i = 1:30
        S3 = rand(1,1);
        X3 = b * (-log((1 - S3) + S3 * exp(-(d/b)^a)))^(1/a);

```

```

        SX3 = SX3 + X3;
    end
     $\tau = SX3/30;$ 
elseif sd==4
    SX4=0; d=5; b=u*d;
    for i = 1:30
        S4 = rand(1,1);
         $X4 = b * (-\log((1 - S4) + S4 * \exp(-(d/b)^a)))^{(1/a)}$ ;
        SX4 = SX4 + X4;
    end
     $\tau = SX4/30;$ 
elseif sd==5
    SX5=0; d=6; b=u*d;
    for i = 1:30
        S5 = rand(1,1);
         $X5 = b * (-\log((1 - S5) + S5 * \exp(-(d/b)^a)))^{(1/a)}$ ;
        SX5 = SX5 + X5;
    end
     $\tau = SX5/30;$ 
elseif sd==6
    SX6=0; d=7; b=u*d;
    for i = 1:30
        S6 = rand(1,1);
         $X6 = b * (-\log((1 - S6) + S6 * \exp(-(d/b)^a)))^{(1/a)}$ ;
        SX6 = SX6 + X6;
    end
     $\tau = SX6/30;$ 
elseif sd==7
    SX7=0; d=8; b=u*d;

```

```

for i = 1:30
    S7 = rand(1,1);
    X7 = b * (-log((1 - S7) + S7 * exp(-(d/b)^a)))^(1/a);
    SX7 = SX7 + X7;
end
    τ = SX7/30;
elseif sd==8
    SX8=0; d=9; b=u*d;
for i = 1:30
    S8 = rand(1,1);
    X8 = b * (-log((1 - S8) + S8 * exp(-(d/b)^a)))^(1/a);
    SX8 = SX8 + X8;
end
    τ = SX8/30;
elseif sd==9
    SX9=0; d=10; b=u*d;
for i = 1:30
    S9 = rand(1,1);
    X9 = b * (-log((1 - S9) + S9 * exp(-(d/b)^a)))^(1/a);
    SX9 = SX9 + X9;
end
    τ = SX9/30;
elseif sd==10
    SX10=0; d=11; b=u*d;
for i = 1:30
    S10 = rand(1,1);
    X10 = b * (-log((1 - S10) + S10 * exp(-(d/b)^a)))^(1/a);
    SX10 = SX10 + X10;
end
end

```

```

     $\tau = \text{SX10}/30;$ 
elseif sd==11
    SX11=0; d=12; b=u*d;
for i = 1:30
    S11 = rand(1,1);
    X11 = b * (-log((1 - S11) + S11 * exp(-(d/b)^a)))^(1/a);
    SX11 = SX11 + X11;
end
elseif sd==12
    SX12=0; d=13; b=u*d;
for i = 1:30
    S12 = rand(1,1);
    X12 = b * (-log((1 - S12) + S12 * exp(-(d/b)^a)))^(1/a);
    SX12 = SX12 + X12;
end
     $\tau = \text{SX12}/30;$ 
elseif sd==13
    SX13=0; d=14; b=u*d;
for i = 1:30
    S13 = rand(1,1);
    X13 = b * (-log((1 - S13) + S13 * exp(-(d/b)^a)))^(1/a);
    SX13 = SX13 + X13;
end
     $\tau = \text{SX13}/30;$ 
else
    SX14=0; d=15; b=10/v;
for i = 1:30
    S14 = rand(1,1);
    X14 = b * (-log((1 - S14) + S14 * exp(-(d/b)^a)))^(1/a);

```

```

        SX14 = SX14 + X14;
    end
         $\tau = SX14/30;$ 
    end
% Atualiza o coeficiente de difusão Di chamando os SBRFs
        fismat4A = readfis('fase-da-doenca');
        fismat44A= readfis('dispersaoI');
        fdA = evalfis(tau,fismat4A);
        FDA = fdA*ones(nel,1);
        Di = evalfis([solo sirmt FDA],fismat44A);
        save desi.dat Di -ascii;
    end % Final do loop das atualizações dos parâmetros
% Atualiza o coeficiente de difusão dos suscetíveis
        fismat33 = readfis('dispersaoS');
        Ds = evalfis([solo abs(sirmt)],fismat33);
        save dese.dat Ds -ascii;
% Carrega a rotina plotsir.m para gerar as figuras
plotsir
% Mostra o ponto K0 ao longo do tempo
        vs(it)=S(K0); vi(it)=I(K0); vr(it)=R(K0);
    end % Final do loop do tempo
figure(2)
        plot(vs,'b');
        hold on
        plot(vi,'r');
        plot(vr,'g')
        legend('suscetíveis','infectados','recuperados')
        title('Ponto K0 = condição inicial')

```