



Biomatemática e suas aplicações na dinâmica viral

Dayse Haime Pastore
Cefet/RJ



matemática

substantivo feminino MATEMÁTICA

1. ciência que estuda, por método dedutivo, objetos abstratos (números, figuras, funções) e as relações existentes entre eles.
2. PEDAGOGIA
ensino dos processos, operações e propriedades matemáticas.



biologia

substantivo feminino

BIOLOGIA

ciência que estuda a vida e os organismos vivos, sua estrutura, crescimento, funcionamento, reprodução, origem, evolução, distribuição, bem como suas relações com o ambiente e entre si; biociência, ciências biológicas [Compreende várias outras ciências especializadas, como, p.ex., a ecologia, a bioquímica, a genética, a zoologia e a botânica.].



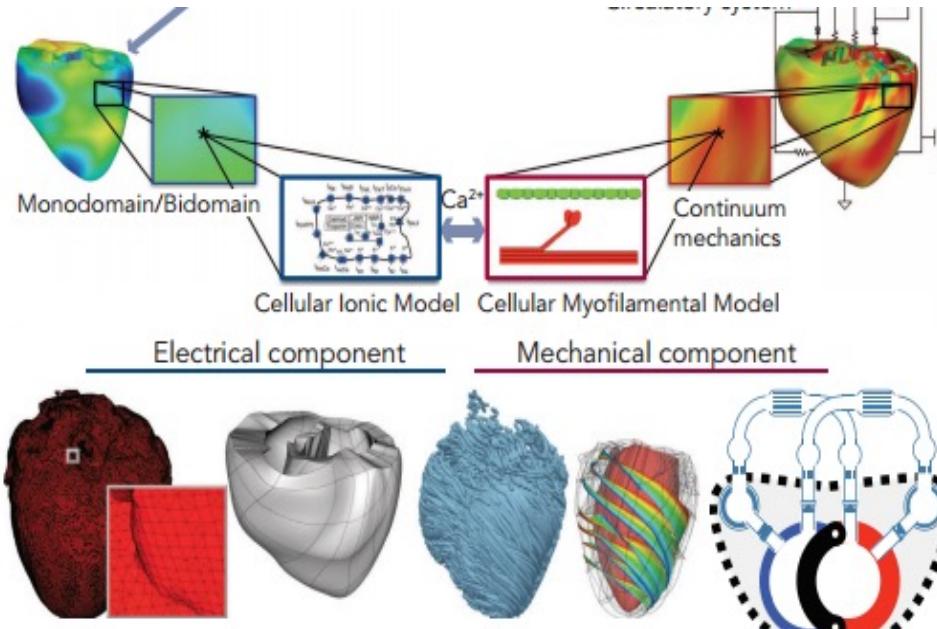
biomatemática

substantivo feminino

MATEMÁTICA

matemática aplicada à biologia, à medicina ou às ciências humanas (p.ex., em estatísticas demográficas, modelos funcionais de fibras nervosas etc.).

<https://www.radcliffecardiology.com/image-gallery/figure-6-whole-heart-modelling>



Upper row: General approach to modelling cardiac electromechanical function. Lower row, from left to right: computational meshes of the canine heart (electrical and mechanical), fibre and sheet orientations obtained from canine heart diffusion weighed MRI and the CircAdapt model of entire heart and circulation. Modified from Trayanova et al., 2011.⁴

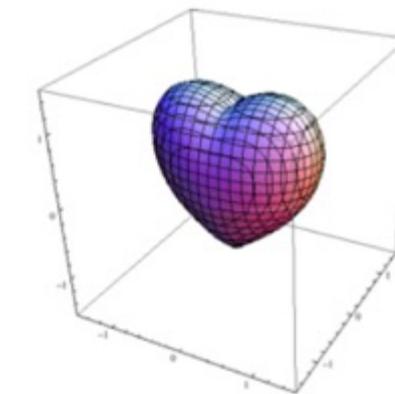
Biología



<https://www.cardio.com/blog/understanding-your-heart-and-how-it-functions>

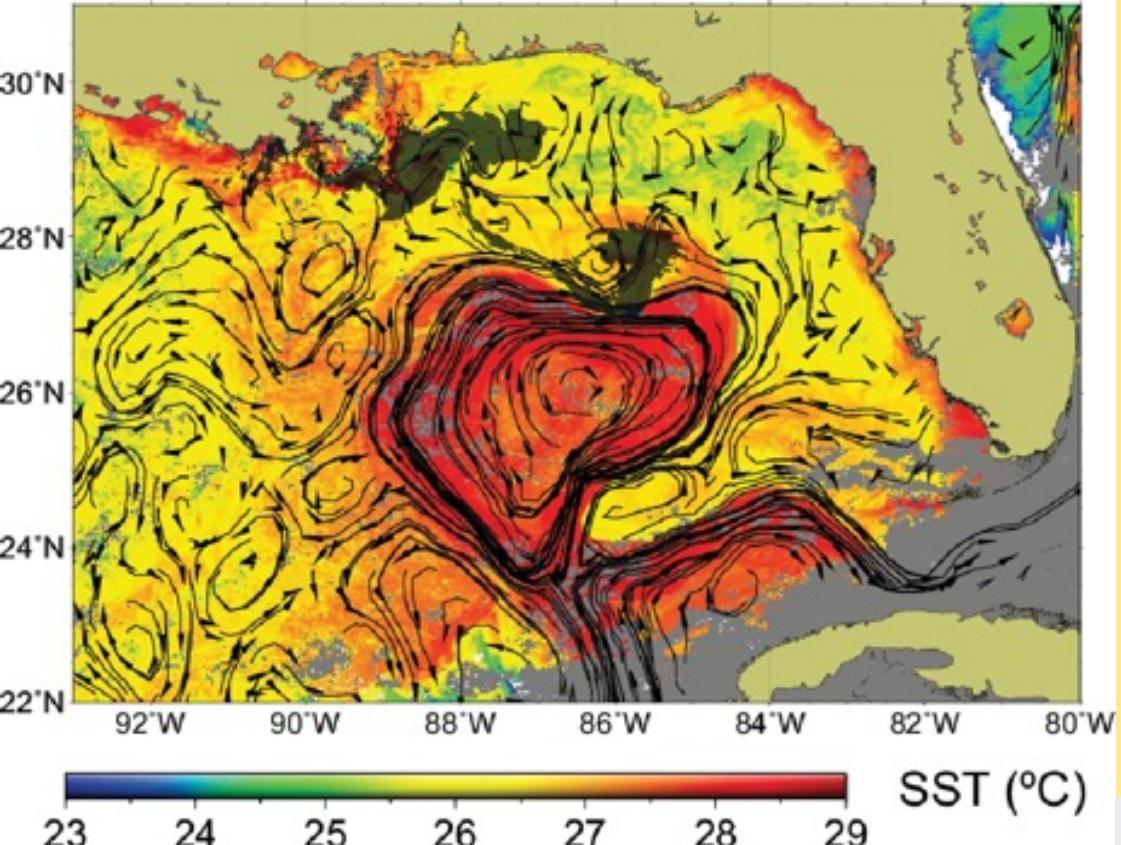
Biomatemática

Matemática



$$\left(x^2 + \frac{9y^2}{4} + z^2 - 1 \right)^3 - x^2 z^3 - \frac{9y^2 z^3}{80} = 0$$

<https://math.stackexchange.com/questions/12098/drawing-heart-in-mathematica>



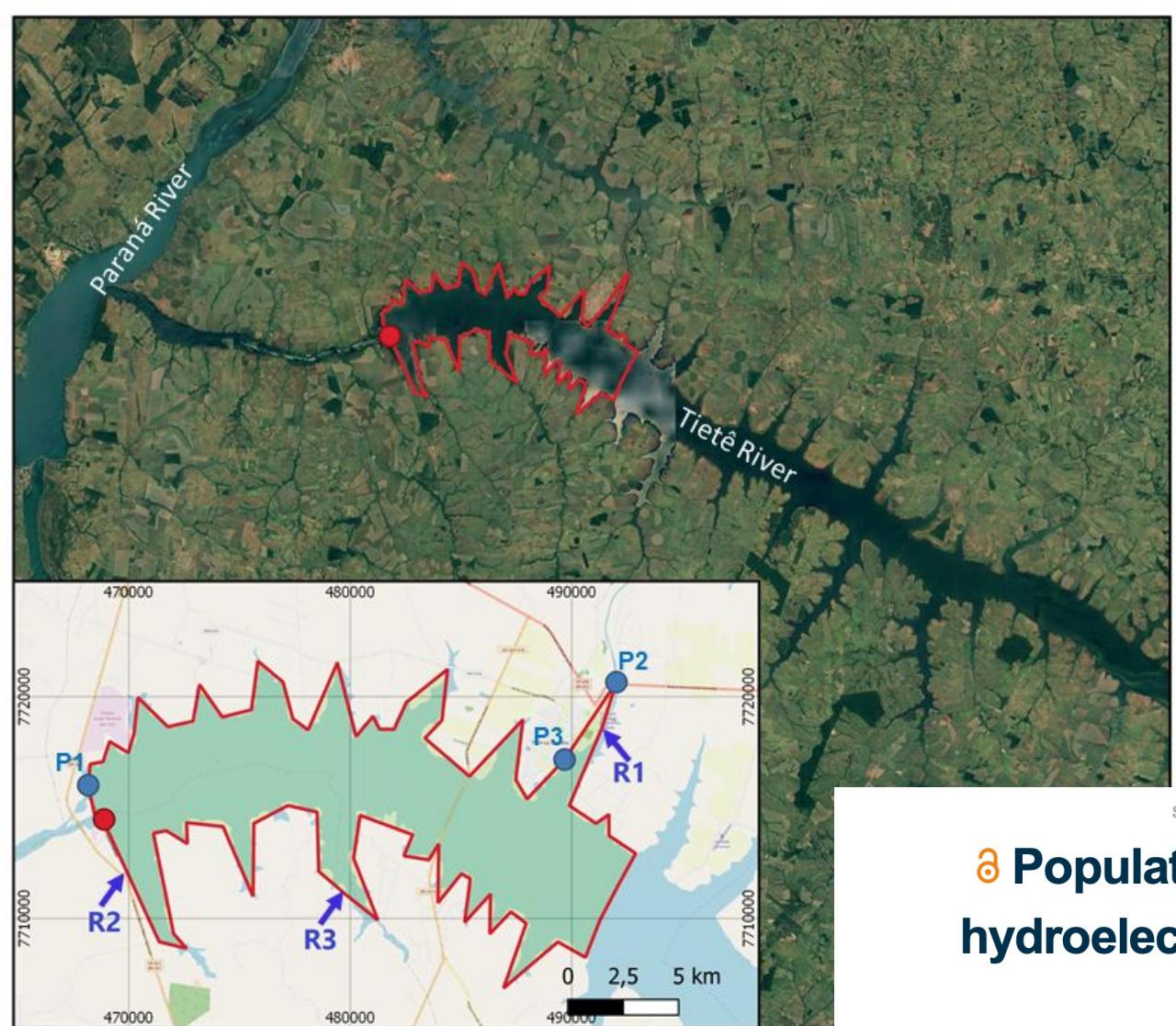
Meio Ambiente

DOI: 10.1007/978-3-319-16459-5 · Corpus ID: 114293895

Mathematical Modelling and Numerical Simulation of Oil Pollution Problems

Matthias Ehrhardt · Published 2015 · Engineering

Written by outstanding experts in the fields of marine engineering, atmospheric physics and chemistry, fluid dynamics and applied mathematics, the contributions in this book cover a wide range of subjects, from pure mathematics to real-world applications in the oil spill engineering business. Offering a truly interdisciplinary approach, the authors present both mathematical models and state-of-the-art numerical methods for adequately solving the partial differential equations involved, as well... [CONTINUE READING](#)



Legend:

- Study area
- Model domain boundary
- Três Irmãos HPP
- Data collection points
- R1 Pereira Barreto Channel
- R2 Macaé Stream
- R3 Travessa Grande Creek

Scientific/Technical Article • RBRH 27 • 2022 • <https://doi.org/10.1590/2318-0331.272220210124>

COPY

Population growth of the golden mussel (*L. fortunei*) in hydroelectric power plants: a study via mathematical and computational modeling

Crescimento populacional do mexilhão dourado (*L. fortunei*) em reservatórios de hidroelétricas: um estudo via modelagem matemática e computacional

José Carlos Rubianes Silva Claudia Mazza Dias Dayse Haime Pastore Anna Regina Corbo Costa

Raquel Medeiros Andrade Figueira Humberto Freitas de Medeiros Fortunato

Charles Henrique Xavier Barreto Barbosa Breylla Campos Carvalho

[ABOUT THE AUTHORS](#)

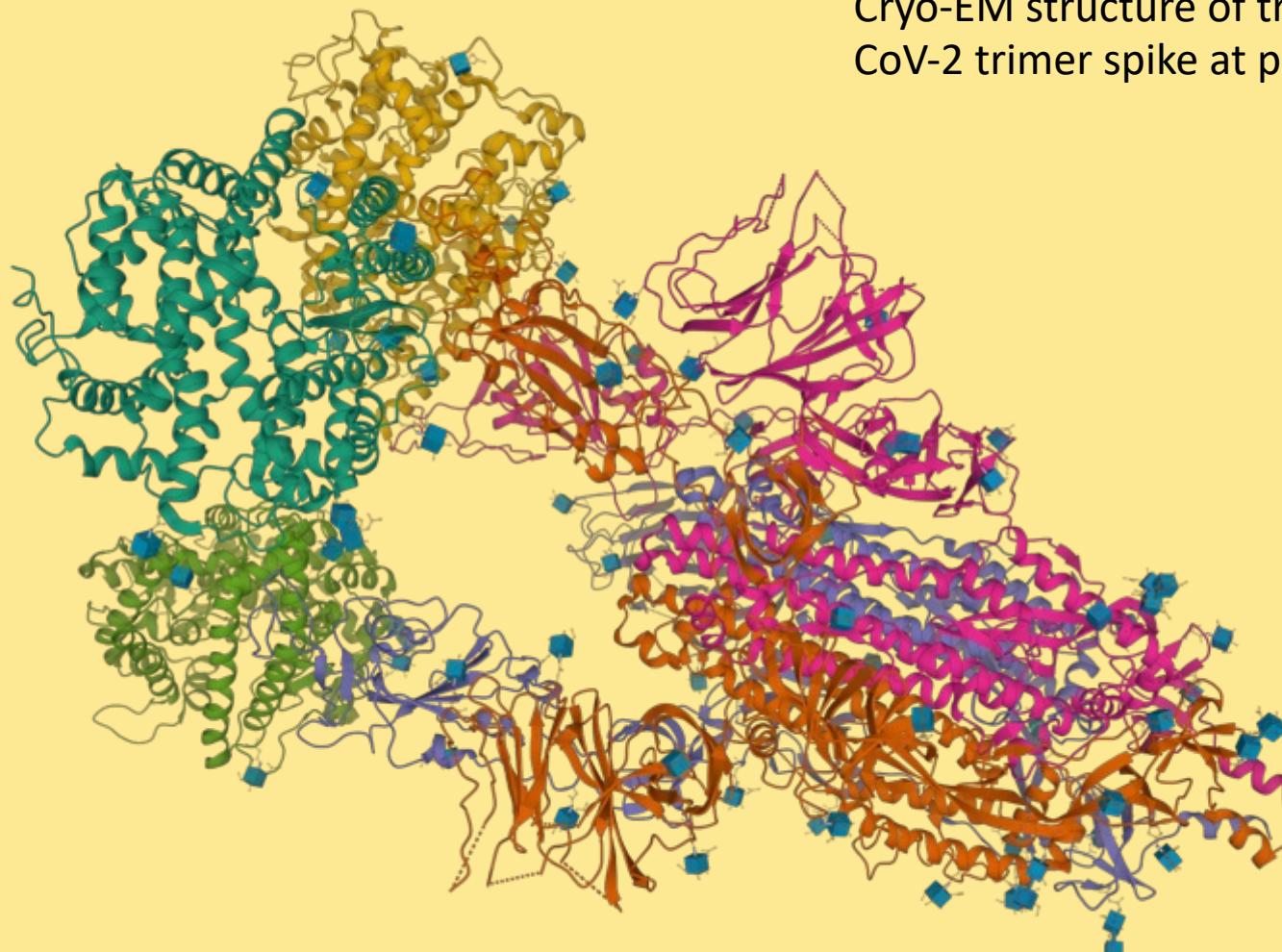
Os modelos matemáticos ajudam no tratamento do câncer



Image of a cancer cell, created using 3D software. (Shutterstock)

<https://theconversation.com/how-mathematics-is-helping-to-fight-cancer-90740>

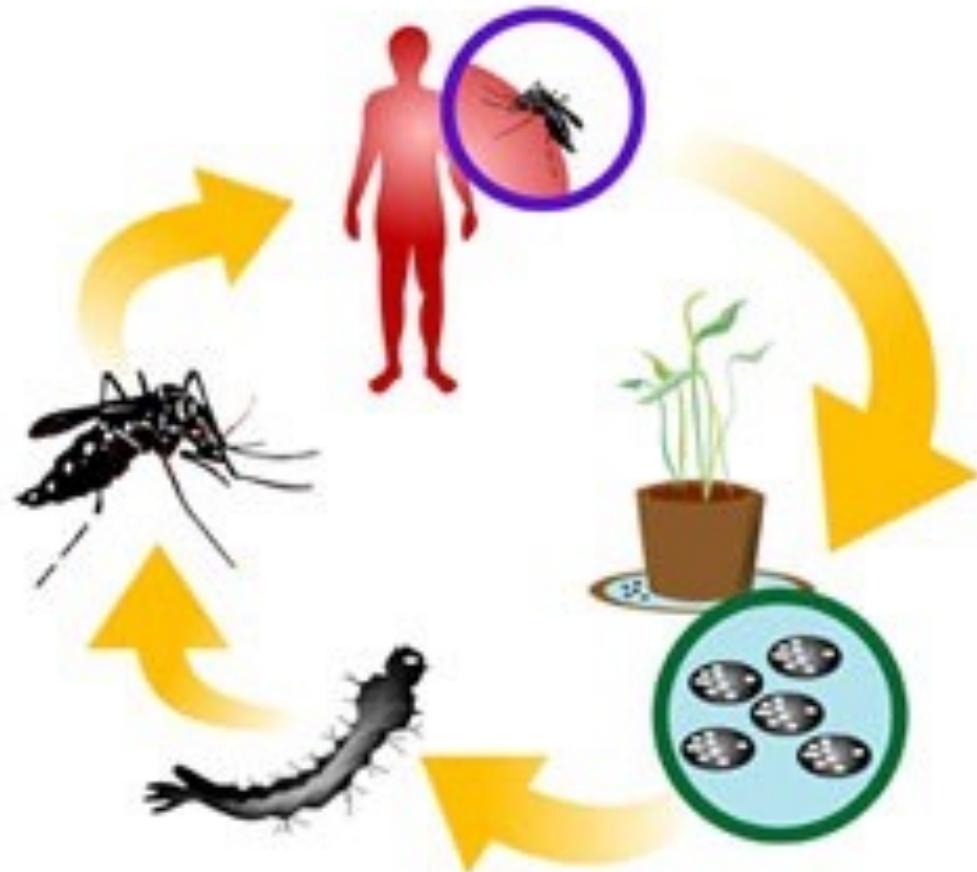
Proteínas



Cryo-EM structure of triple ACE2-bound SARS-CoV-2 trimer spike at pH 7.4

<http://www.rcsb.org/3d-view/7KMS>

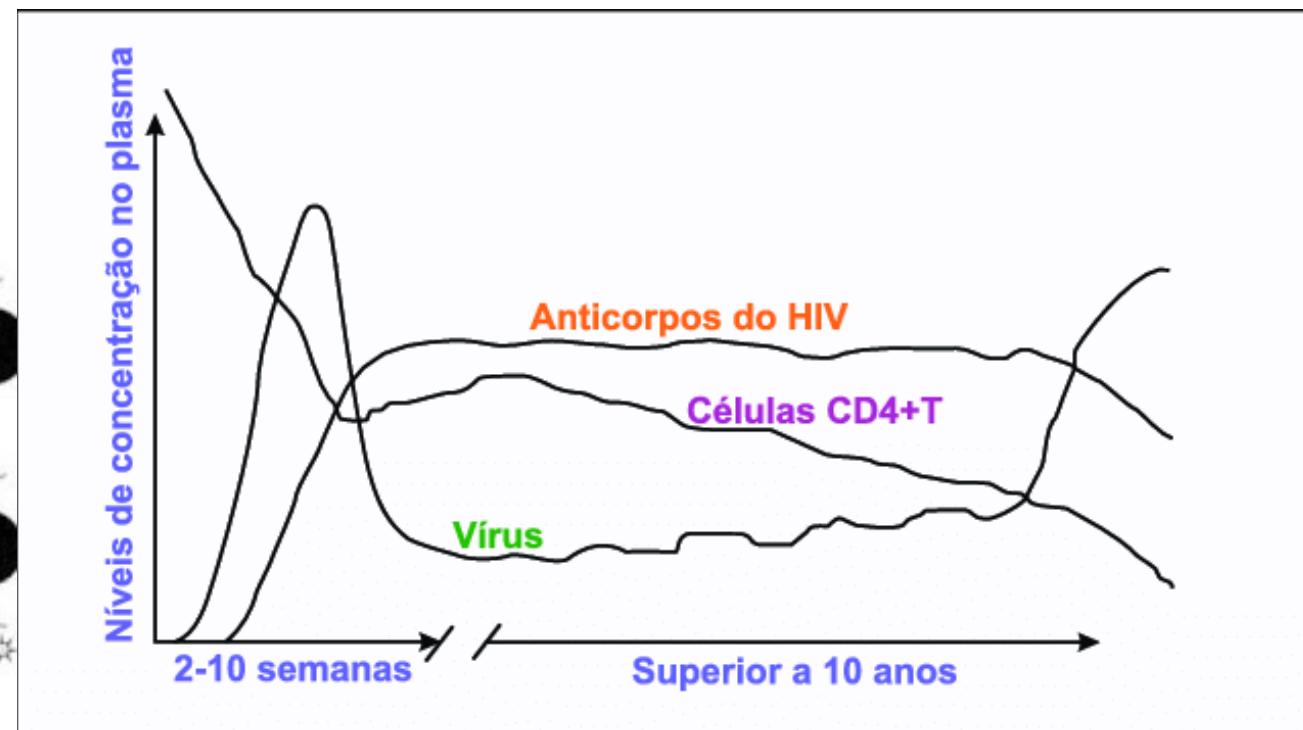
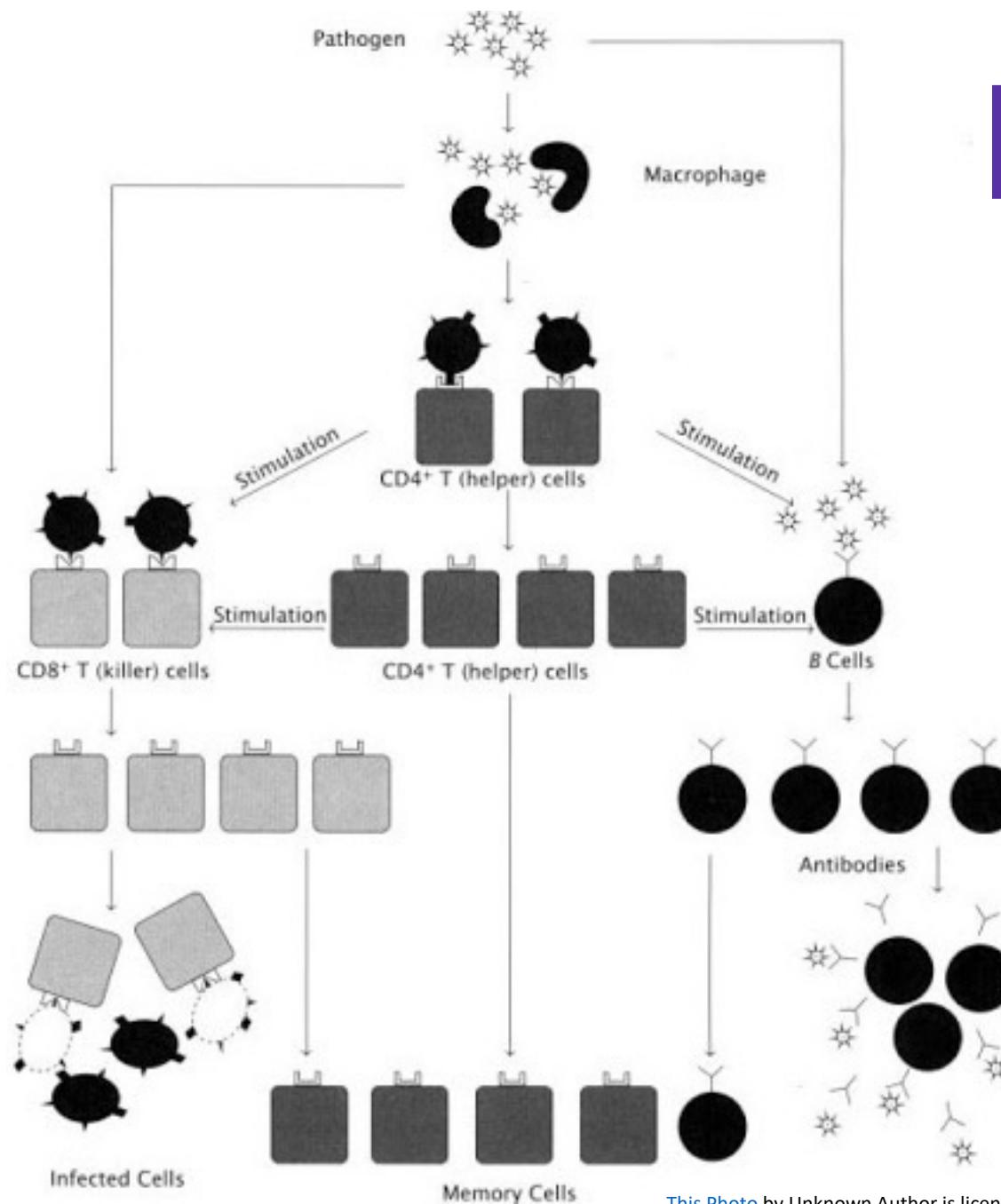
Dengue, zika e chikungunya

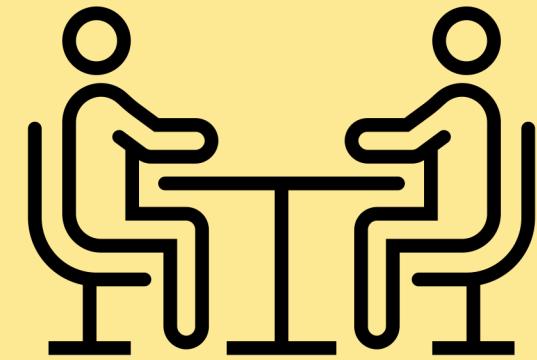
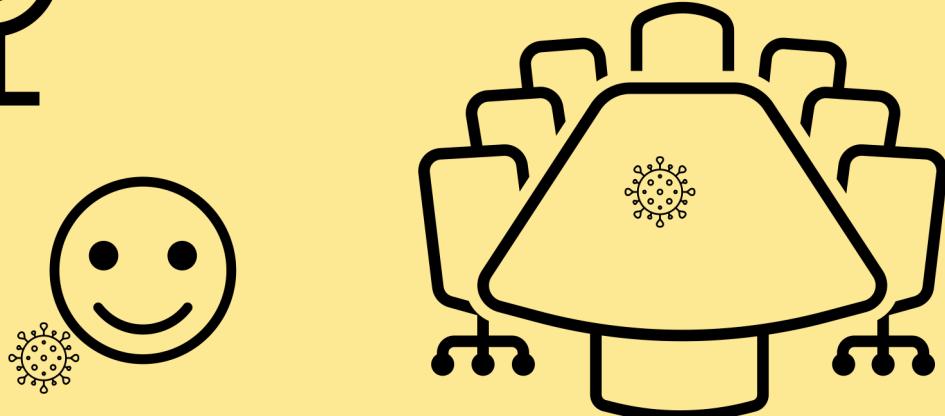
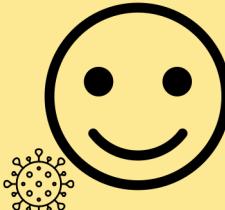
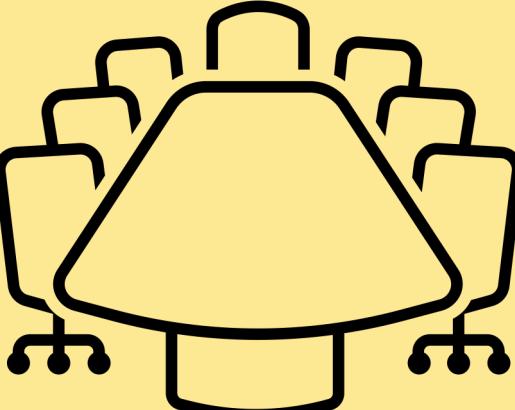
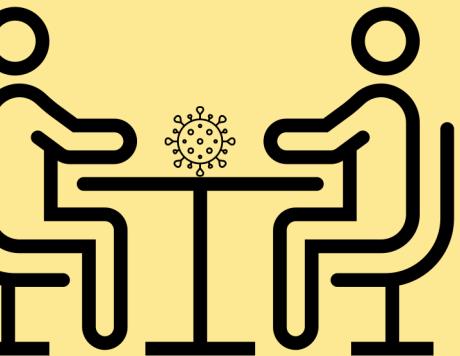
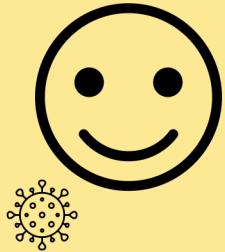


Crédito: Apoena Pinheiro/UnB Agência

[This Photo](#) by Unknown Author is licensed under [CC BY-NC-ND](#)

Dinâmica viral intracelular





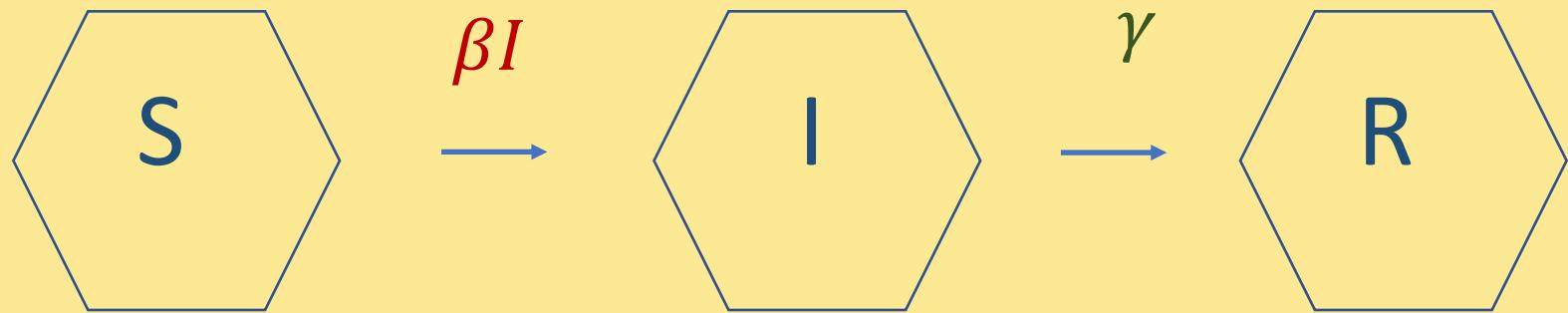
Modelo SIR

$$\dot{S} = -\beta IS$$

$$\dot{I} = \beta IS - \gamma I$$

$$\dot{R} = \gamma I$$

$$N = S(t) + I(t) + R(t)$$



β - Taxa de contato

$1/\gamma$ - Período infeccioso médio

Modelo SEIR

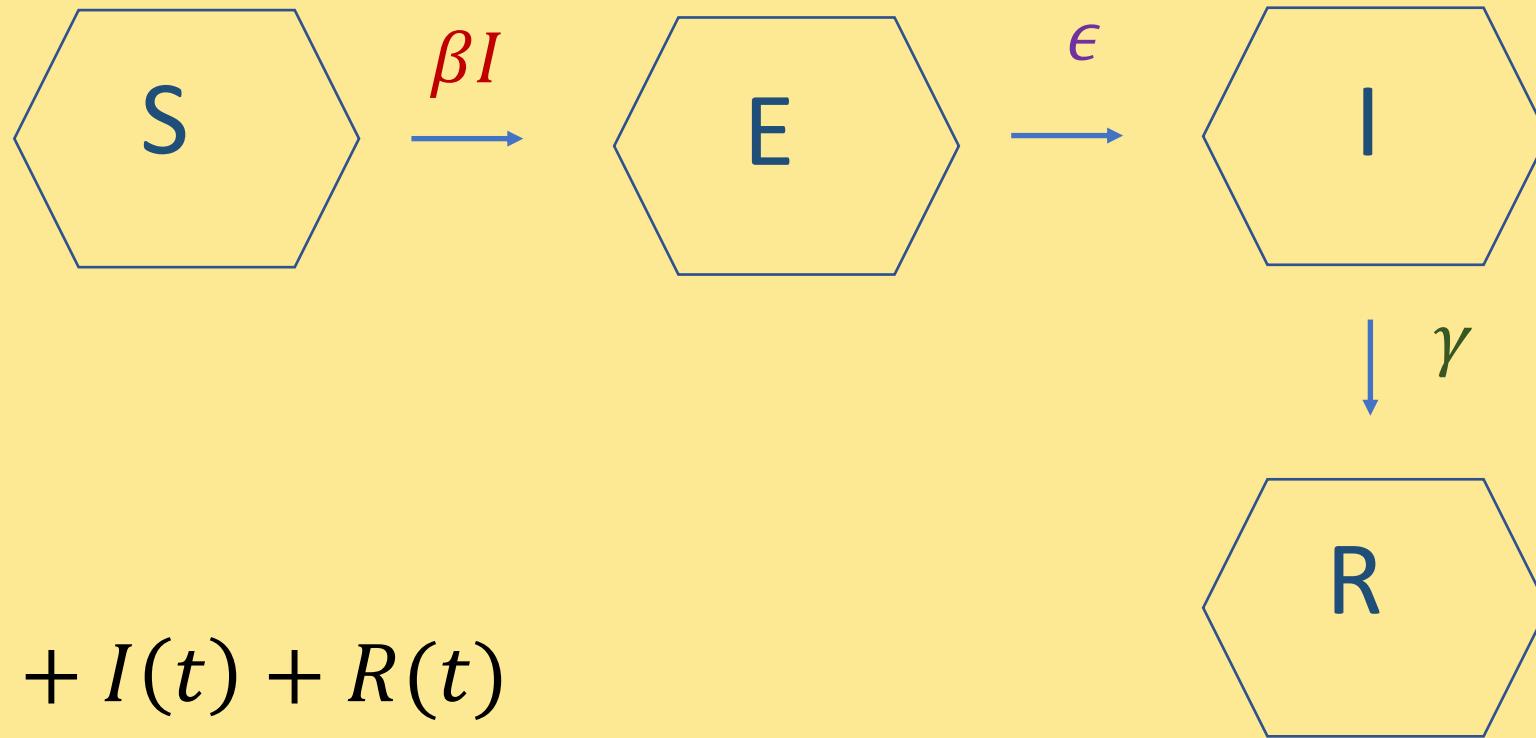
$$\dot{S} = -\beta IS$$

$$\dot{E} = \beta IS - \epsilon E$$

$$\dot{I} = \epsilon E - \gamma I$$

$$\dot{R} = \gamma I$$

$$N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$$



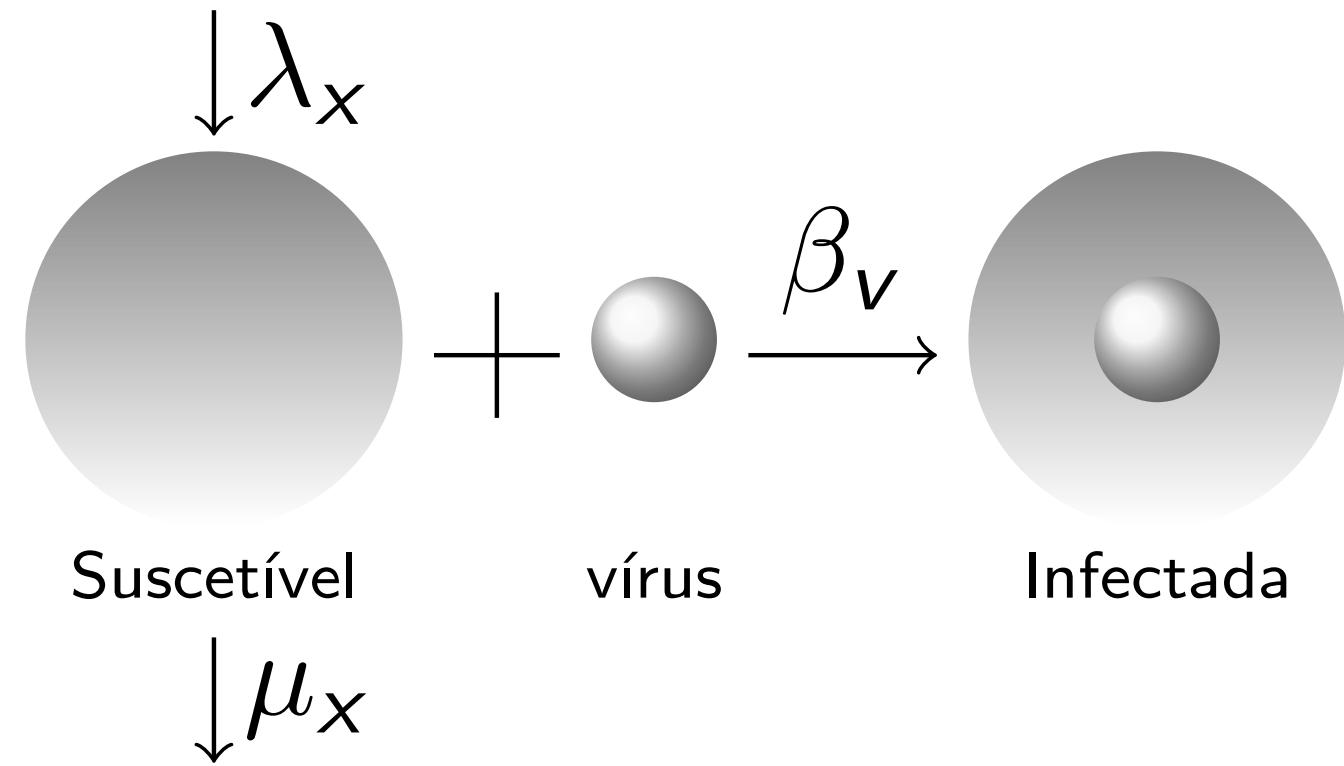
β - Taxa de contato

ϵ - Período latência médio

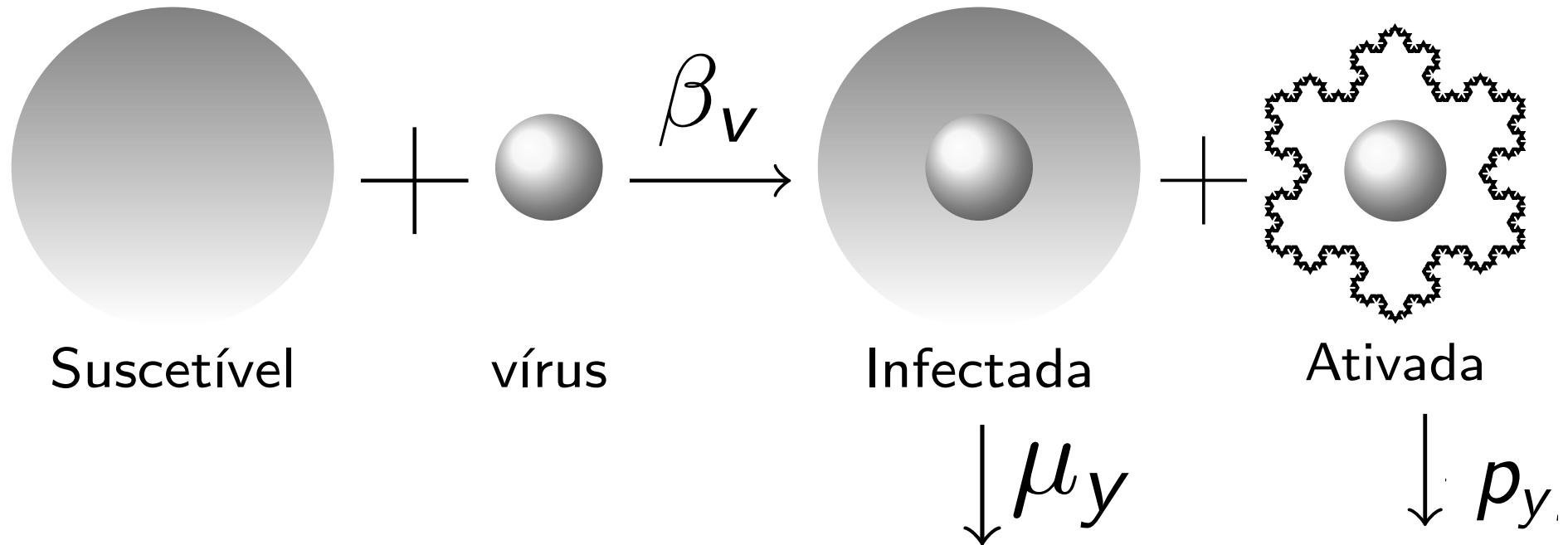
$1/\gamma$ - Período infeccioso médio

$$\dot{x} = \lambda_x - \mu_x x - \beta_v x v$$

Células
TCD₄₊



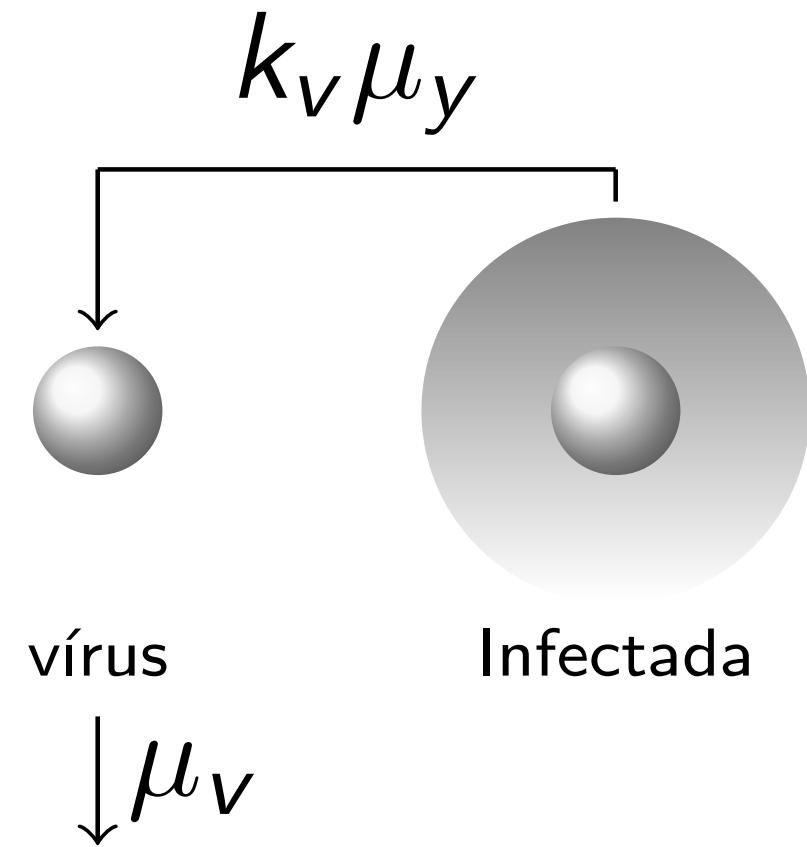
$$\dot{y} = \beta_v X V - \mu_y y - p_y y z_a$$



**Células T CD₄₊
Infectadas pelo HIV**

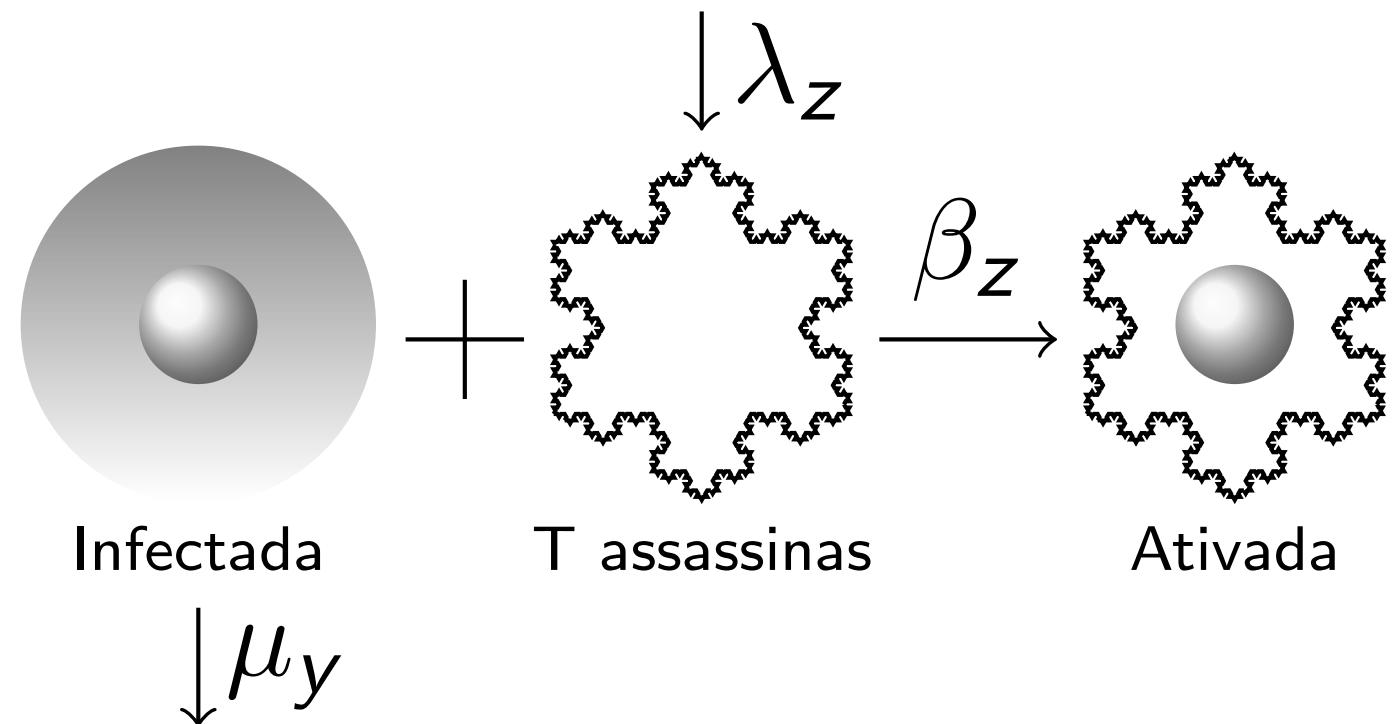
$$\dot{v} = k_v \mu_y y - \mu_v v$$

Vírus Livre



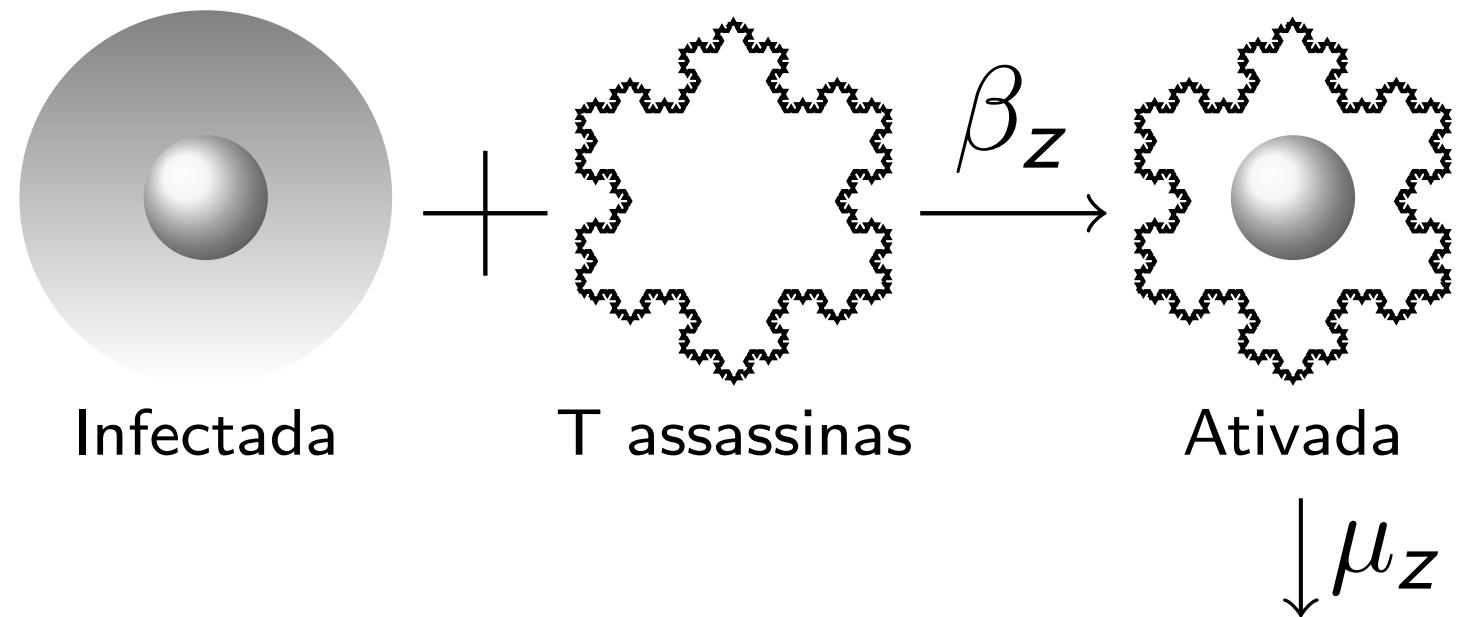
$$\dot{z} = \lambda_z - \mu_z z - \beta_z zy$$

Células T Assassinas CTL



$$\dot{z}_a = \beta_z zy - \mu_z Z_a$$

**Células T
Assassinas
Ativadas
para o HIV
CTL ativadas**



Modelo de Equações Diferenciais Ordinárias

$$\begin{aligned}\dot{x} &= \lambda_x - \mu_x x - \beta_v x v \\ \dot{y} &= \beta_v x v - \mu_y y - p_y y z_a \\ \dot{v} &= k_v \mu_y y - \mu_v v \\ \dot{z} &= \lambda_z - \mu_z z - \beta_z z y \\ \dot{z}_a &= \beta_z z y - \mu_z z_a\end{aligned}$$

Nowak and Bangham (1996)

Levin et al. (1997)

Wodarz (2007)

Grégio et al. (2009)

Perelson and Ribeiro (2013)

Shu et al. (2014)

Arruda et al., (2015)

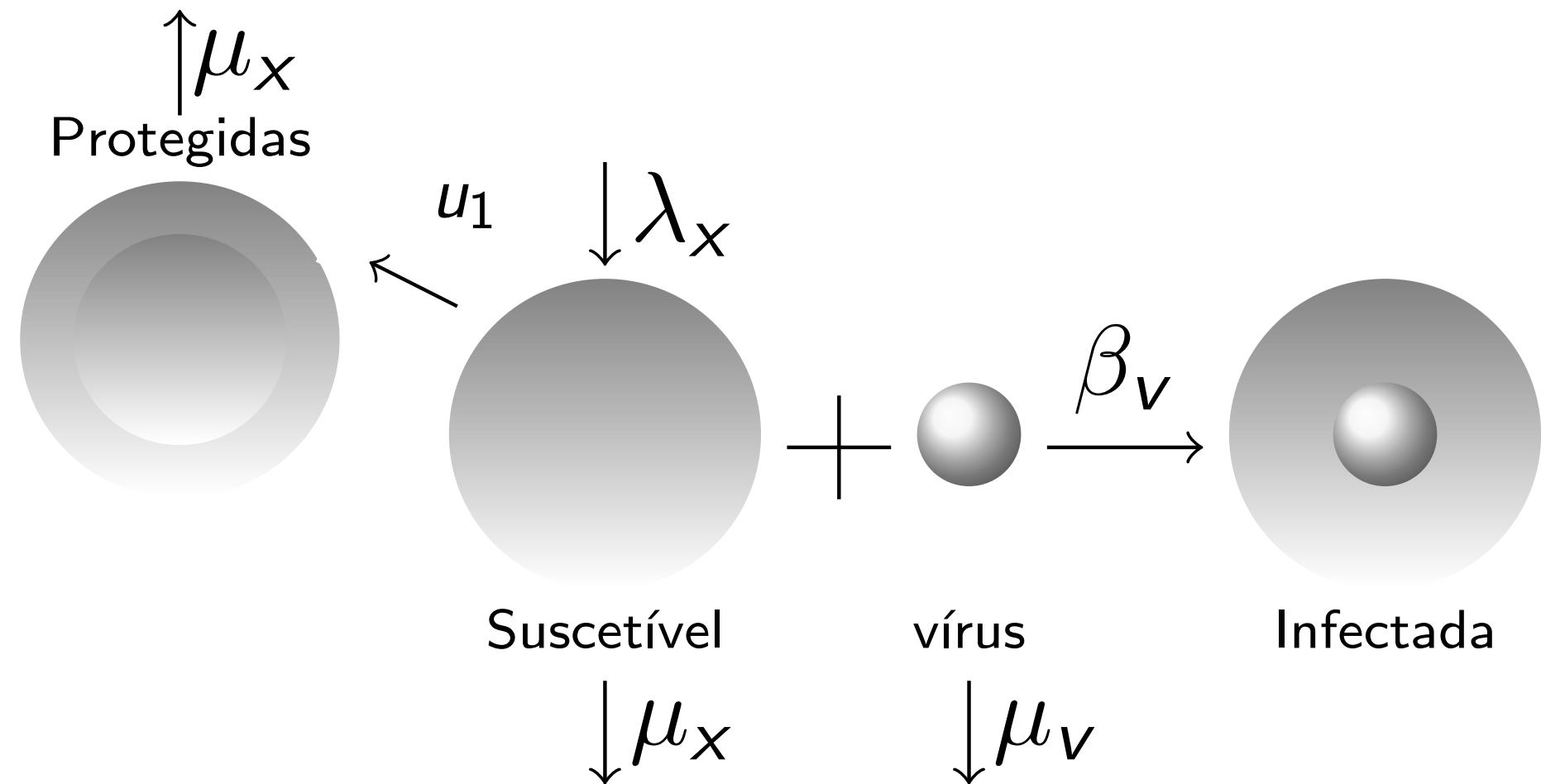
Heesterbeek et al. (2015)

Sánchez-Taltavull et al. (2016)

Yan et al. (2016)

$$\begin{aligned}\dot{x} &= \lambda_x - \mu_x x - \beta_v x v - u_1 x \\ \dot{x}_p &= u_1 x - \mu_x x_p\end{aligned}$$

**Células TCD₄₊
Protegidas
por
Inibidores de
Transcriptase
Reversa,
Entrada e
Integrase**

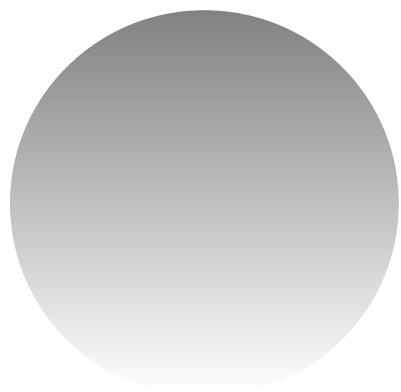


$$\dot{y} = \beta_v xv - \mu_y y - p_y y z_a - u_2 y$$

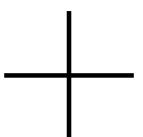
$$\dot{y}_b = u_2 y - \mu_y y_b$$

$\uparrow \mu_y$
Bloqueadas

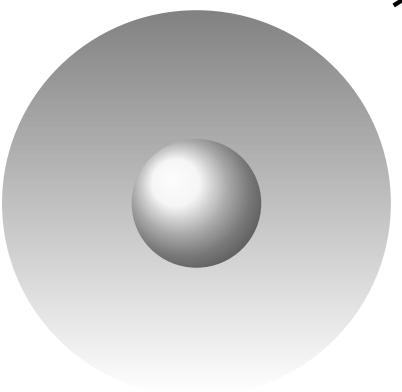
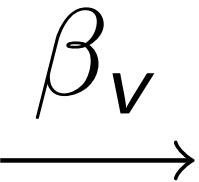
**Células T
CD4+
Infectadas
pelo HIV
Bloqueada
por
Inibidores de
Protease**



Suscetível



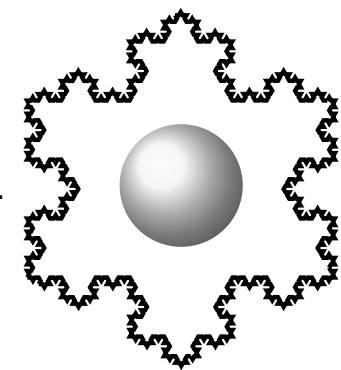
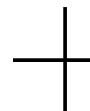
vírus



Infectada

$\downarrow \mu_y$

u_2



Ativada

$\downarrow p_y$

Modelo de Equações Diferenciais Ordinárias

$$\begin{aligned}\dot{x} &= \lambda_x - \mu_x x - \beta_v xv - u_1 x \\ \dot{x}_p &= u_1 x - \mu_x x_p \\ \dot{y} &= \beta_v xv - \mu_y y - p_y y z_a - u_2 y \\ \dot{y}_b &= u_2 y - \mu_y y_b \\ \dot{v} &= k_v \mu_y y - \mu_v v \\ \dot{z} &= \lambda_z - \mu_z z - \beta_z z y \\ \dot{z}_a &= \beta_z z y - \mu_z z_a\end{aligned}$$

Finzi et al. (1999)

Kilby et al. (2000)

Adams et al. (2004)

Joly and Pinto (2006)

Eisele and Siliciano (2012)

Pontos de Equilíbrio

Os pontos de equilíbrio do sistema dinâmico são dados pela relação:

$$P = \left(\frac{\lambda_x}{\mu_x + u_1 + \beta_v \bar{v}}, \frac{\lambda_x \mu_x}{u_1(\mu_x + u_1 + \beta_v \bar{v})}, \frac{\mu_v \bar{v}}{k_v \mu_y}, \frac{\mu_v \bar{v}}{k_v u_2}, \bar{v}, \right. \\ \left. \frac{k_v \lambda_z \mu_y}{\beta_z \mu_v \bar{v} + k_v \mu_y \mu_z}, \frac{\lambda_z \beta_z \mu_v \bar{v}}{\mu_z (\beta_z \mu_v \bar{v} + k_v \mu_y \mu_z)} \right),$$

onde

$$\bar{v} = 0 \quad \text{ou} \quad a \bar{v}^2 + b \bar{v} + c = 0$$

Ponto de Equilíbrio trivial

Para uma pessoa não-infectada pelo HIV temos $v = 0$. Sendo assim o ponto de equilíbrio trivial é:

$$P_0 = \left(\frac{\lambda_x}{\mu_x + u_1}, \frac{\lambda_x \mu_x}{u_1(\mu_x + u_1)}, 0, 0, 0, \frac{\lambda_z}{\mu_z}, 0 \right).$$

$$R_0 = \frac{k_v \beta_v \lambda_x \mu_y}{(\mu_x + u_1)(\mu_y + u_2)\mu_v}.$$

Se $R_0 < 1$, o ponto de equilíbrio trivial P_0 é estável. Ou seja, a infecção não se propagaria no organismo do indivíduo.

O problema de controle ótimo

$$\text{Maximize} \quad J = \frac{1}{2} \int_0^T (c_1 x_p^2 - c_2(1 - v_1)^2 - c_3(1 - v_2)^2) dt$$

Para que os limites de dosagens estejam entre 0 e 1.

$$u_1 = (1 - v_1)$$

Podemos interpretar esse funcional como maximizar o número de células protegidas ao mesmo tempo que minimizamos a quantidade de drogas administradas.

$$u_2 = (1 - v_2)$$

Para encontrar u_1 e u_2 que minimize os efeitos colaterais usamos o princípio do máximo de Pontryagin e derivamos o Hamiltoniano associado ao problema de controle ótimo.

Hamiltoniano

$$\begin{aligned} H = & \frac{1}{2} \left[c_1 x_p^2 - c_2 (1 - v_1)^2 - c_3 (1 - v_2)^2 \right] + \\ & + w_1 [\lambda_x - \mu_x x - \beta_v x v - (1 - v_1) x] + \\ & + w_2 [(1 - v_1) x - \mu_x x_p] + w_3 [\beta_v x v - \mu_y y - p_y y z_a - (1 - v_2) y] + \\ & + w_4 [(1 - v_2) y - \mu_y y_b] + \\ & + w_5 [k_v \mu_y y - \mu_v v] + w_6 [\lambda_z - \mu_z z - \beta_z z y] + \\ & w_7 [\beta_z z y - \mu_z z_a] + \eta_1 v_1 + \eta_2 v_2, \end{aligned}$$

Equações de Coestado

$$\left\{ \begin{array}{lcl} \frac{dw_1}{dt} & = & -\frac{\partial H}{\partial x} = \mu_x w_1 + \beta_v v w_1 + v_1 w_1 - v_1 w_2 - \beta_v v w_3 \\ \\ \frac{dw_2}{dt} & = & -\frac{\partial H}{\partial x_p} = -c_1 x_p + \mu_x w_2 \\ \\ \frac{dw_3}{dt} & = & -\frac{\partial H}{\partial y} = \mu_y w_3 + p_y z_a w_3 + v_2 w_3 - v_2 w_4 - k_v \mu_y w_5 + \beta_z z w_6 - \beta_z z w_7 \\ \\ \frac{dw_4}{dt} & = & -\frac{\partial H}{\partial y_b} = \mu_y w_4 \\ \\ \frac{dw_5}{dt} & = & -\frac{\partial H}{\partial v} = \beta_v x w_1 - \beta_v x w_3 + \mu_v w_5 + p_v z_a w_5 \\ \\ \frac{dw_6}{dt} & = & -\frac{\partial H}{\partial z} = \mu_z w_6 + \beta_z y w_6 - \beta_z y w_7 \\ \\ \frac{dw_7}{dt} & = & -\frac{\partial H}{\partial z_a} = p_y y w_3 + \mu_z w_7. \end{array} \right.$$

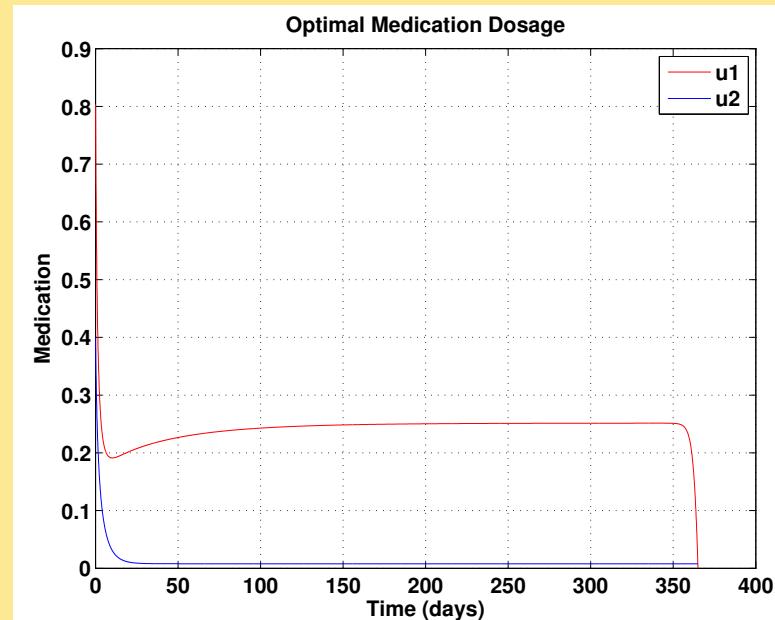
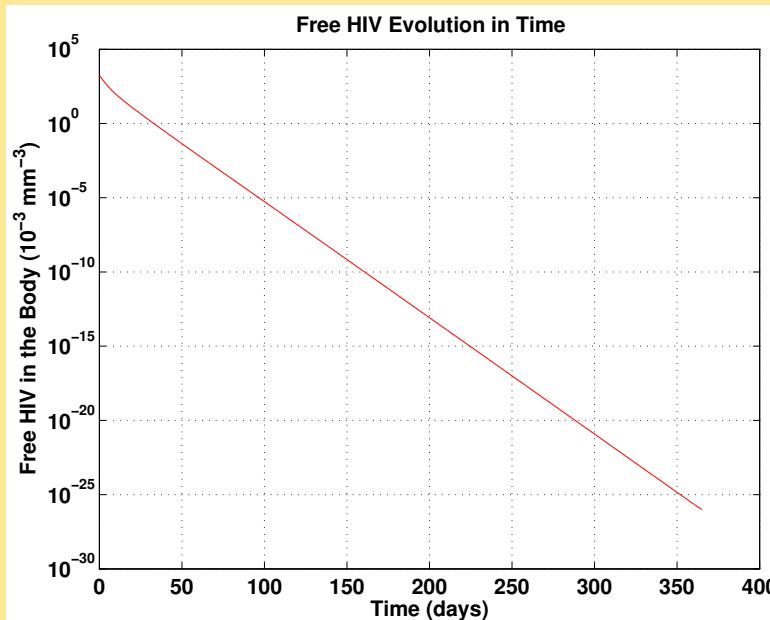
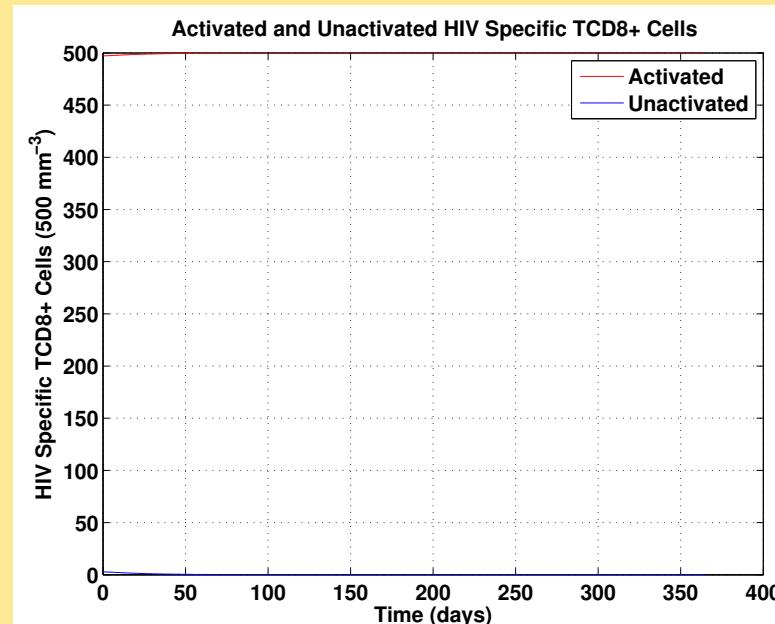
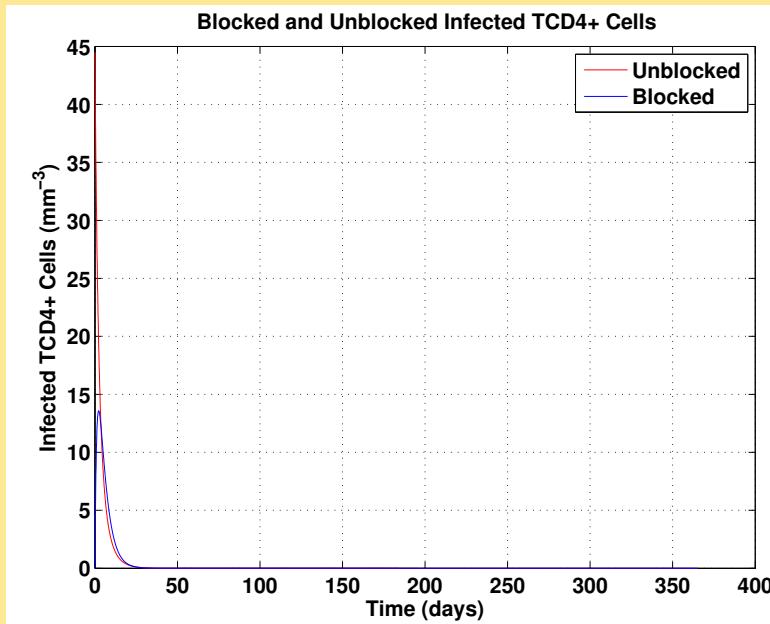
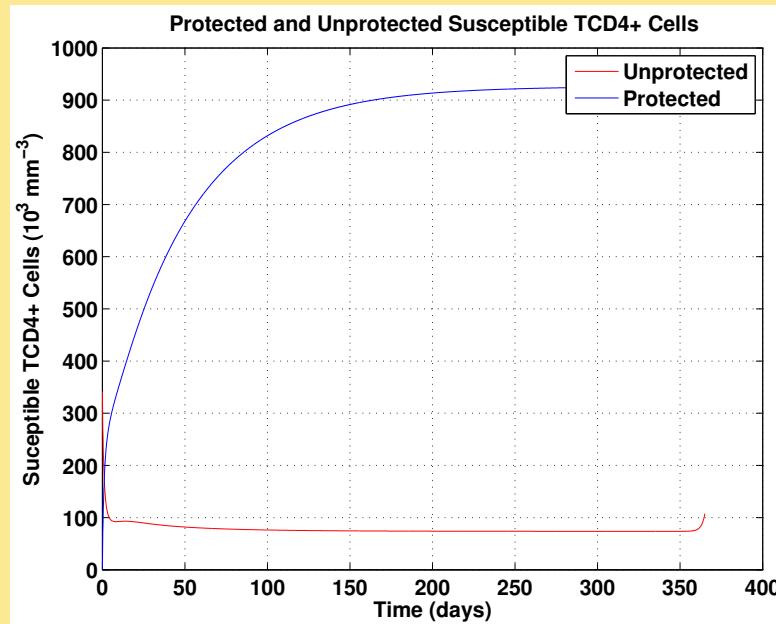
Condições iniciais usadas nas simulações numéricas

Células suscetíveis	x	10^3 mm^{-3}
Células protegidas	x_p	0 mm^{-3}
Células infectadas pelo HIV	y	0 mm^{-3}
Células bloqueadas	y_b	0 mm^{-3}
HIV livres no organismo	v	10^{-3} mm^{-3}
Células T assassinas ativadas para o HIV	z	500 mm^{-3}
Células de defesa ativadas	z_a	0 mm^{-3}

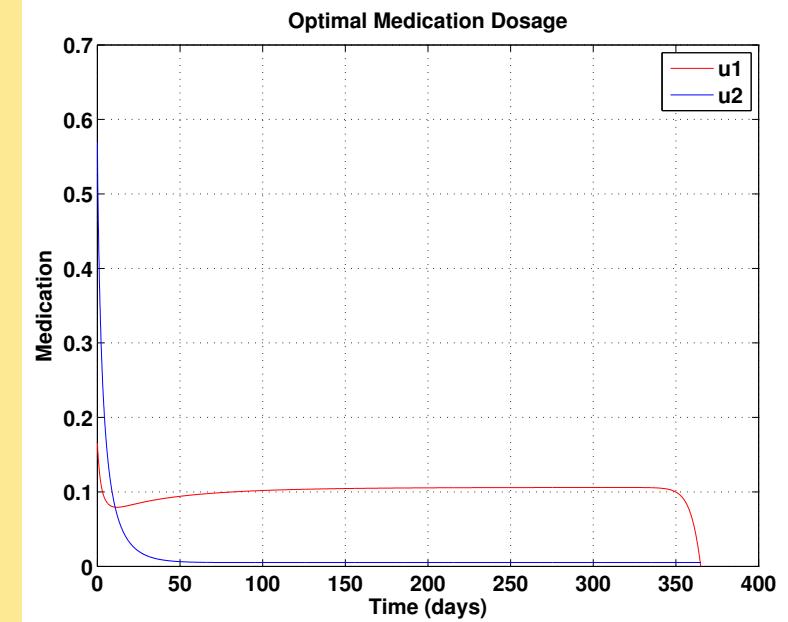
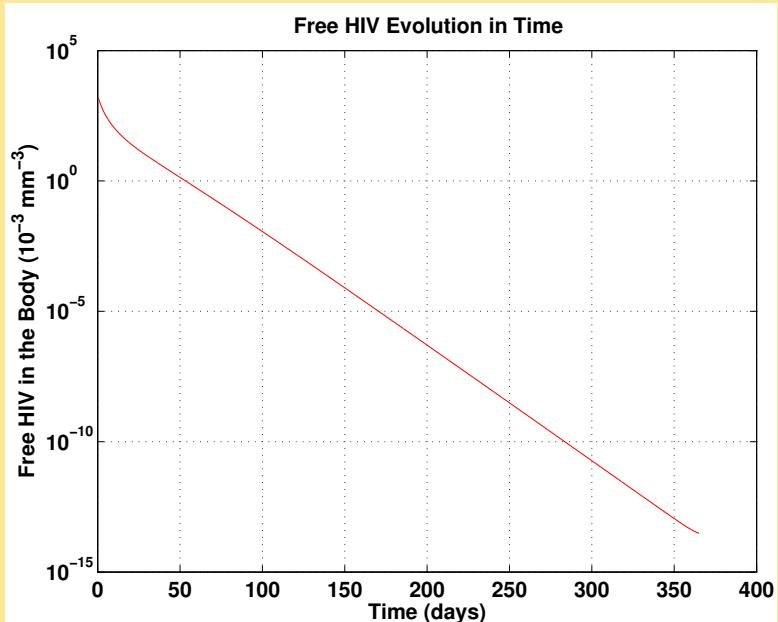
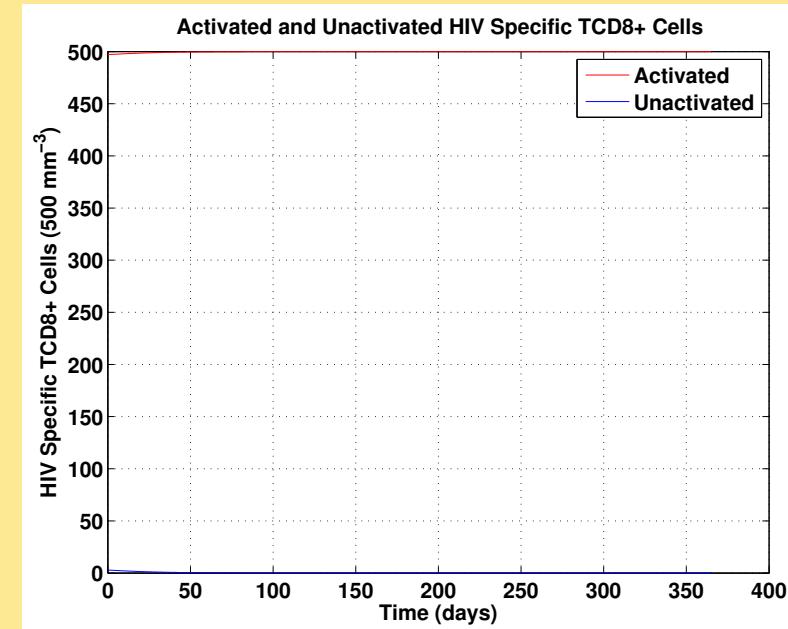
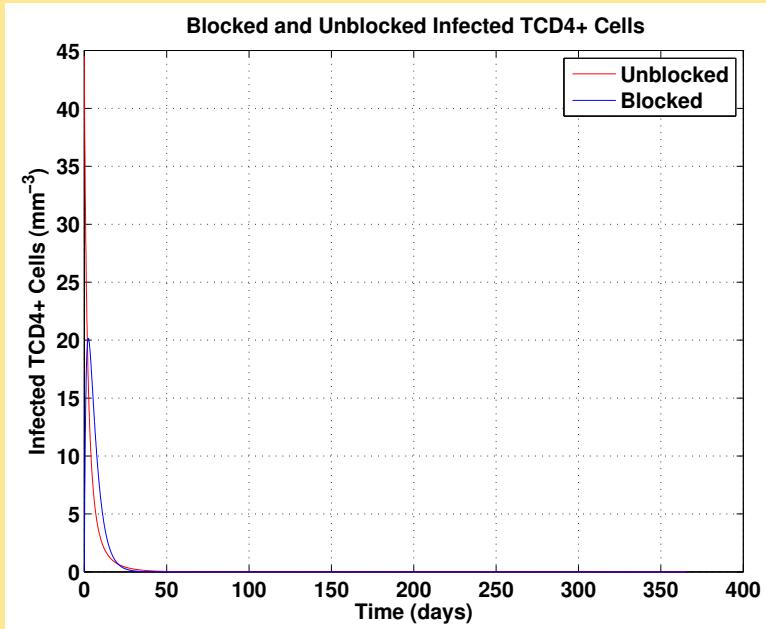
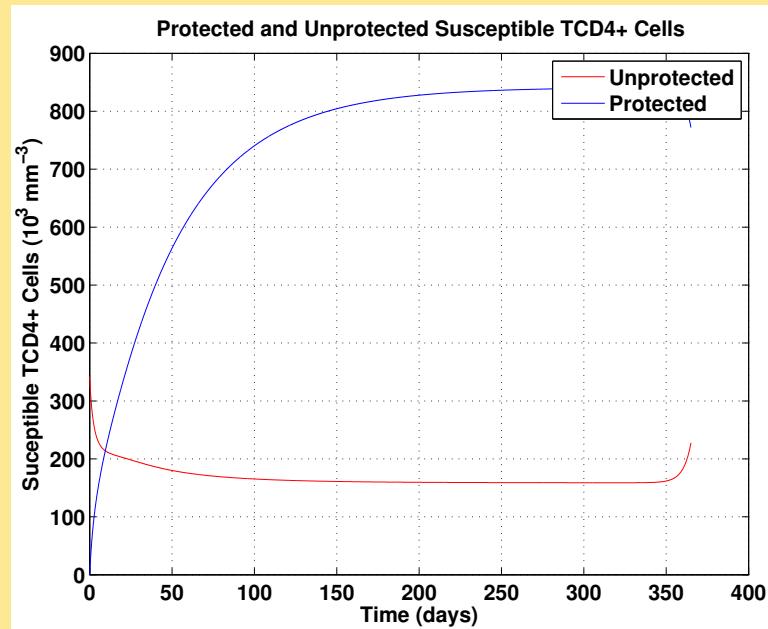
Parâmetros usados nas simulações numéricas

Mortalidade das células suscetíveis	μ_x	0.02 dia^{-1}
Mortalidade das células infectadas	μ_y	0.24 dia^{-1}
Mortalidade do vírus	μ_v	2.4 dia^{-1}
Mortalidade das células T assassinas	μ_z	0.04 dia^{-1}
Número médio de vírus livre liberados por uma célula infectada	k_v	360
Taxa de ativação da resposta imunológica	β_z	$5 \cdot 10^{-6} \text{ mm}^3 \text{ dia}^{-1}$
Taxa de infecção do vírus	β_v	$2.4 \cdot 10^{-5} \text{ mm}^3 \text{ dia}^{-1}$
Taxa de destruição de células infectadas	p_y	$0.02 \text{ mm}^3 \text{ dia}^{-1}$
Taxa de suprimento das células suscetíveis	λ_x	$20 \text{ dia}^{-1} \text{ mm}^{-3}$
Taxa de suprimento das células T assassinas	λ_z	$20 \text{ dia}^{-1} \text{ mm}^{-3}$

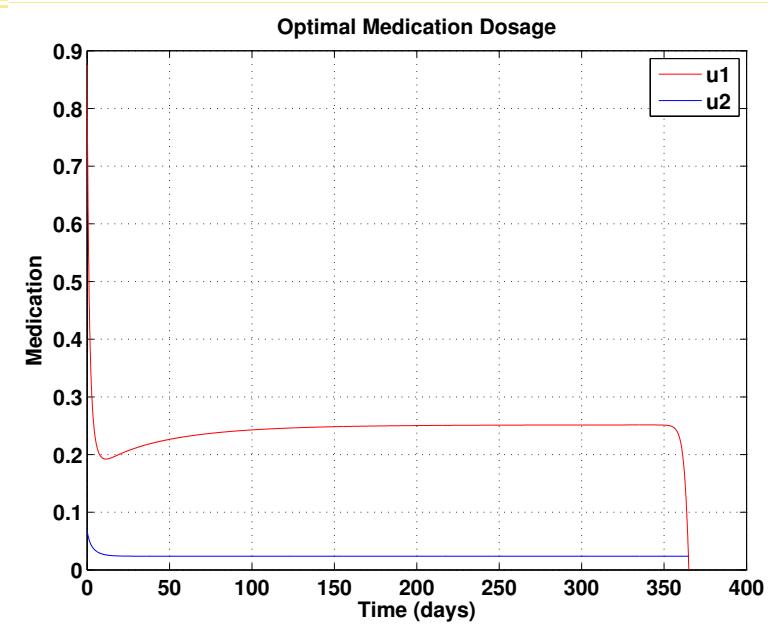
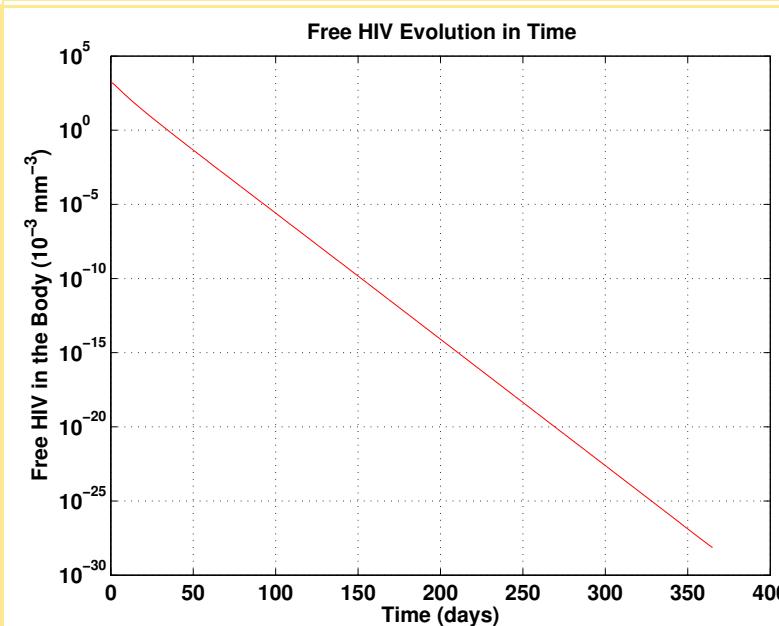
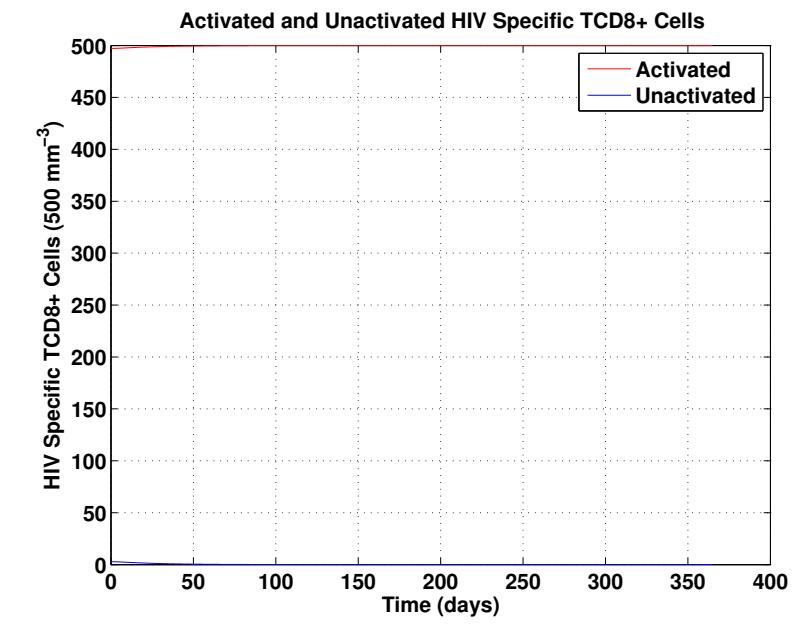
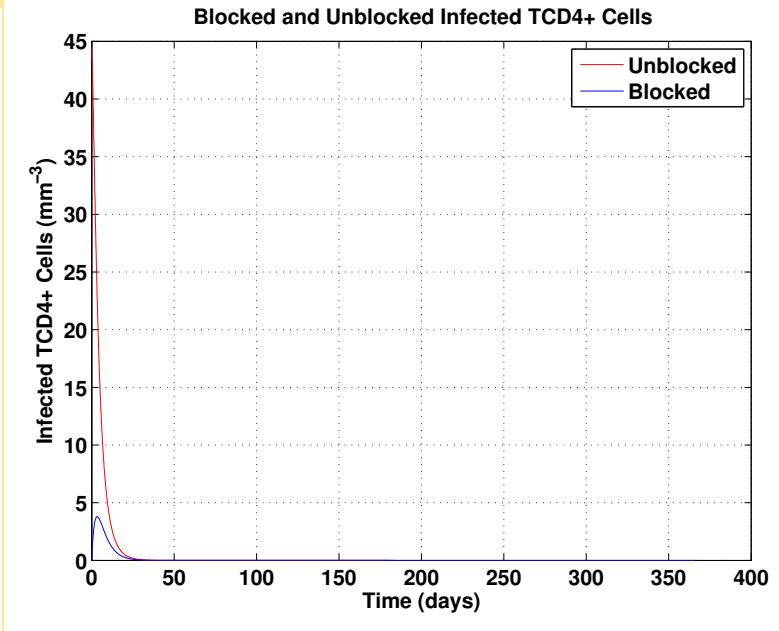
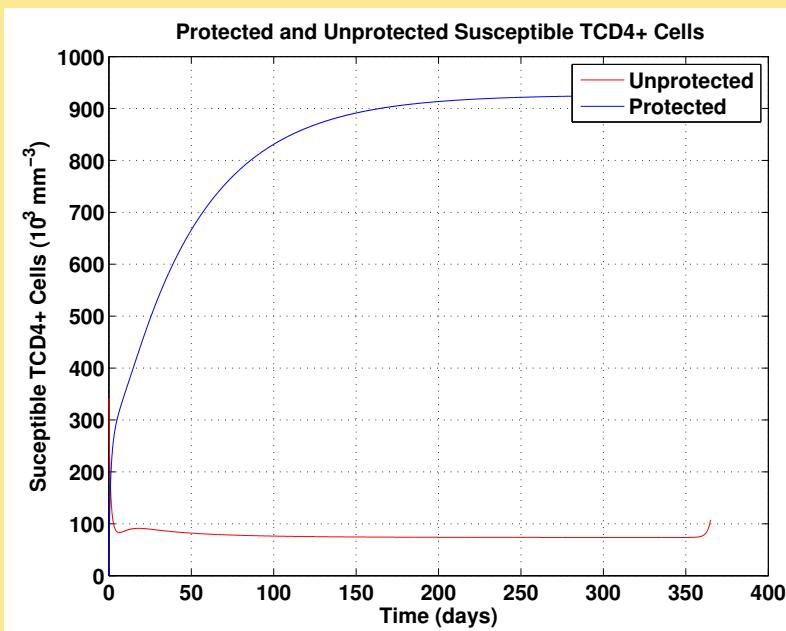
Optimal Trajectories for Case 1: $c_1 = 10^{-6}$, $c_2 = c_3 = 1$.



Optimal Trajectories for Case 2: $c_1 = 10^{-6}$, $c_2 = 10$, $c_3 = 1$.



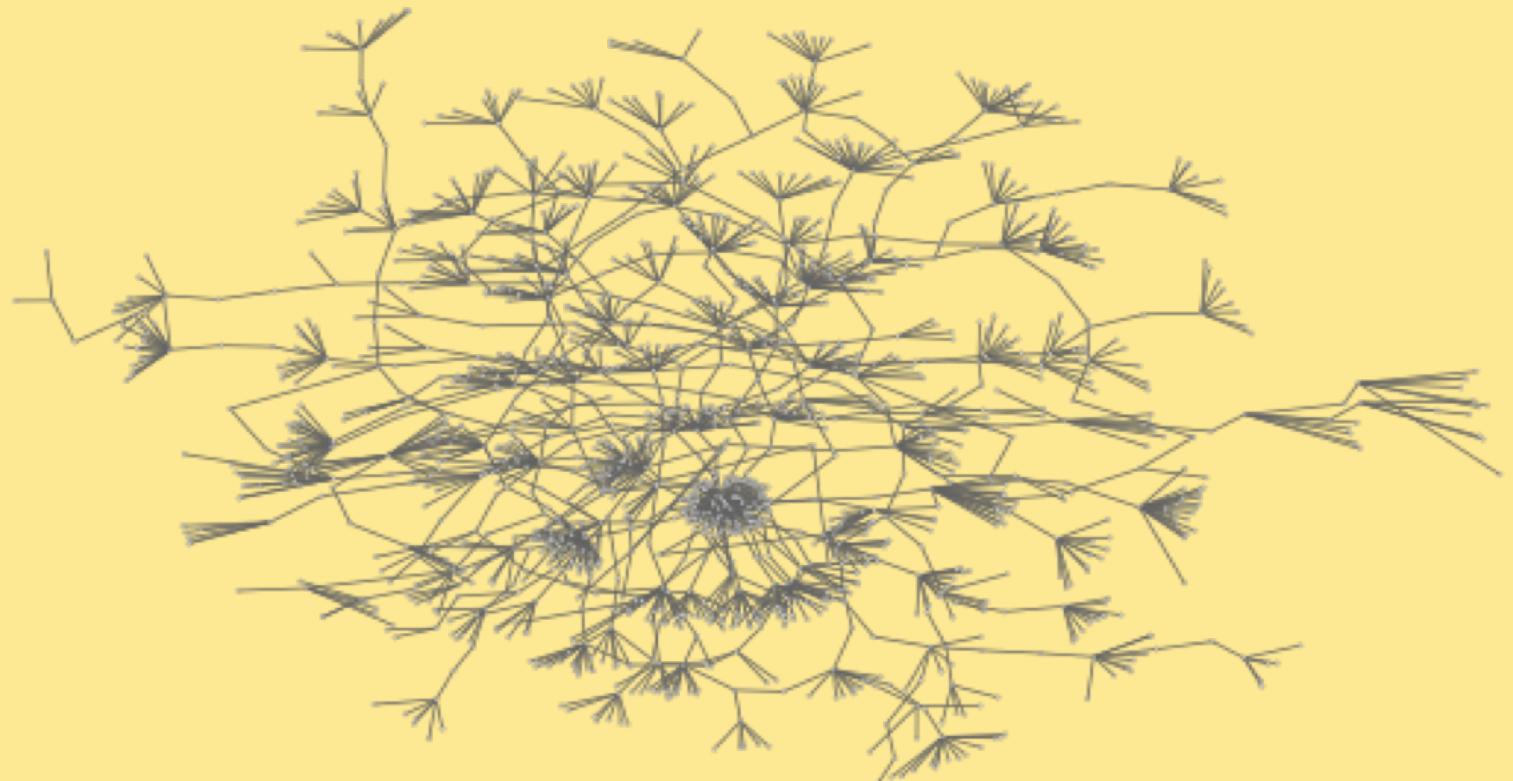
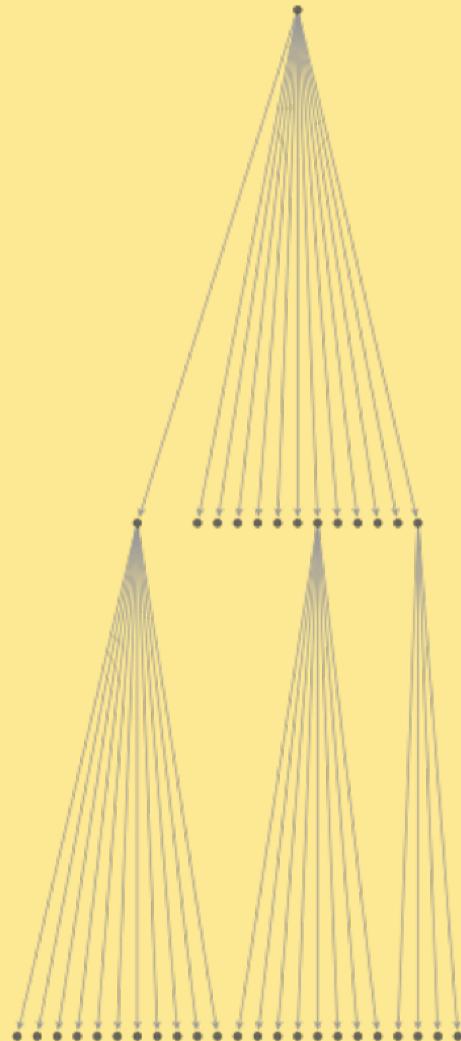
Optimal Trajectories for Case 3: $c_1 = 10^{-6}$, $c_2 = 1$, $c_3 = 10$.



Modelo de Disseminação de HIV através de Redes Sociais

Sloot et al. (2008)

Barbastefano and Pastore (2019)



Montagem da rede

- Uma amostra inicial de infectados é gerada. Para cada vértice, o modelo de equação é rodado para um número sorteado de anos (distribuição uniforme entre 1 e 10 anos)
- As escolhas dos valores de u_1 e u_2 foram feitas através de uma função que simula uma distribuição uniforme, onde 0 é a ausência de tratamento e 1 é a máxima eficiência do tratamento
- Em cada ano, sorteia-se, de acordo com uma lei de potências, o número de parceiros para cada vértice. Se o contagio acontece um novo vértice e uma nova aresta são adicionados a rede. A chance de contagio depende da carga viral de cada pessoa, que vem da simulação feita pelo modelo de EDO.

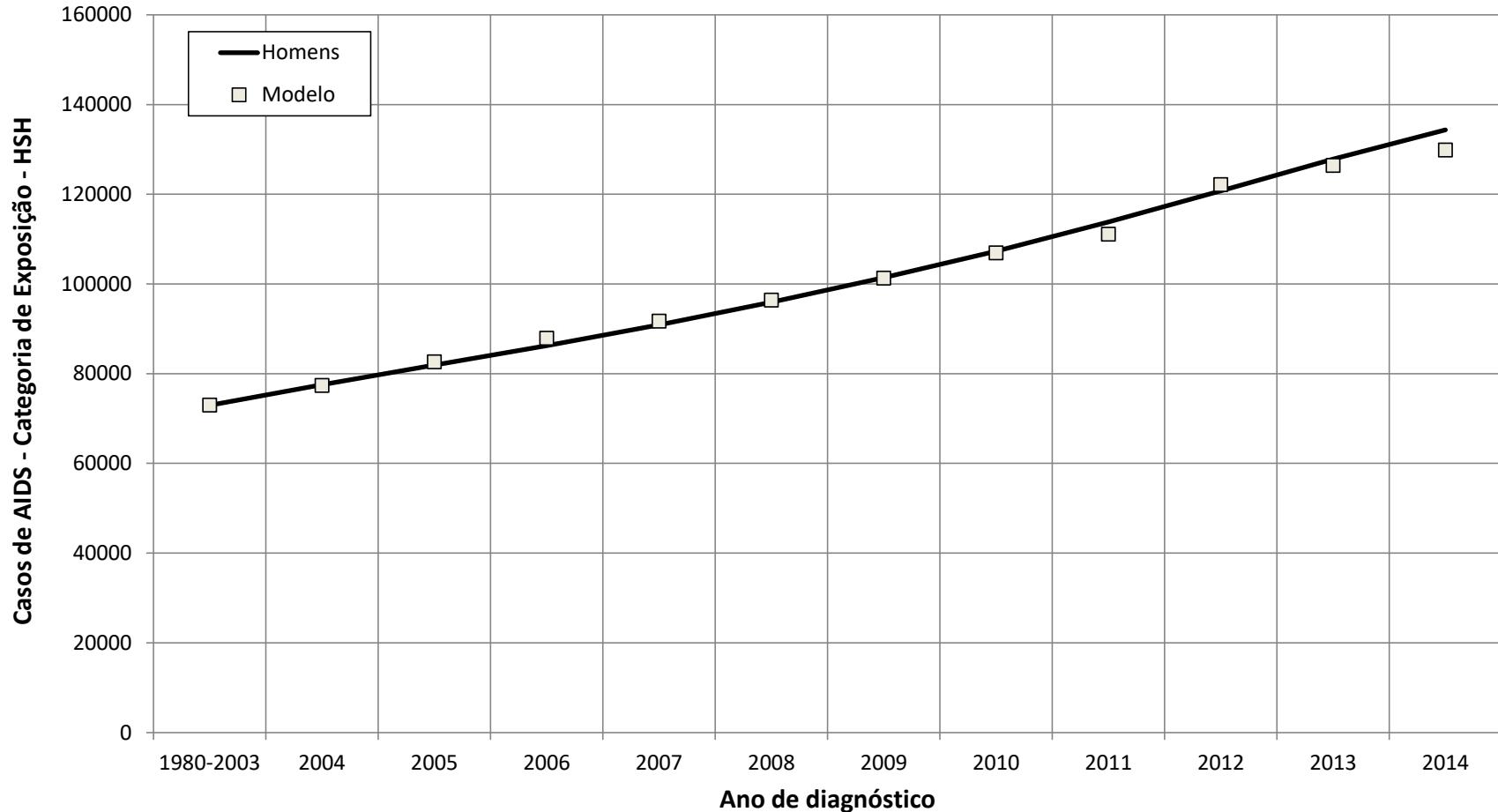
Montagem da rede

- A cada ano, são sorteados novos indivíduos para receberem tratamento antirretroviral, de acordo com as médias oficiais de novos paciente existentes no site oficial brasileiro de estatísticas para o HIV, (<http://indicadores.aids.gov.br/>).
- São sorteados, de acordo com o tempo de contágio e uso de drogas (tratamento), os indivíduos que morrerão a cada ano, sendo removidos da rede
- Para cada vértice, o modelo de EDO é executado mais uma vez para verificação da carga viral no ano seguinte

Resultados

O modelo apresentou aderência aos dados empíricos do número de homens infectados com HIV no Brasil no período 2004-2014.

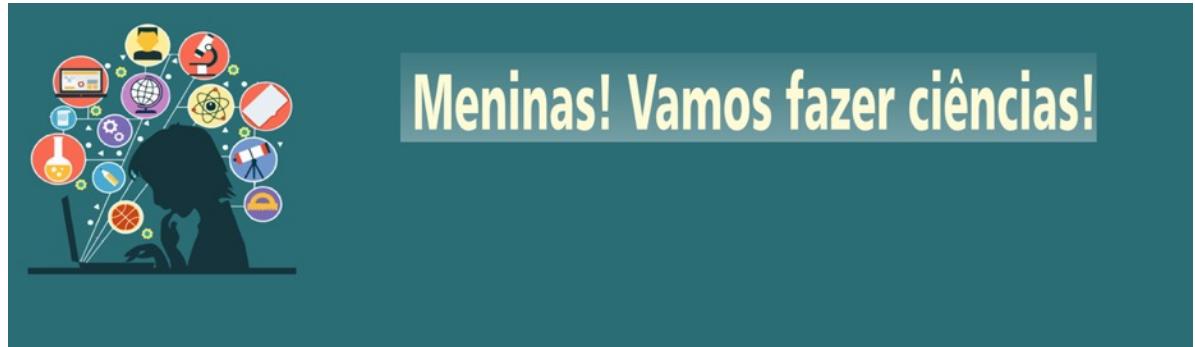
Casos de AIDS em homens acumulados, em indivíduos do sexo masculino com 13 anos de idade ou mais, segundo categoria de exposição HSH, por ano de diagnóstico



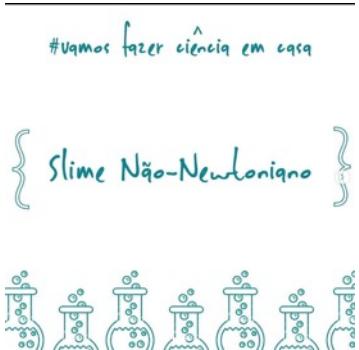
Coautores

Claudia M. Dias
Edilson F. Arruda
Hyun Mo Yang
Rafael G. Barbastefano
Roberto C. A. Thomé





Meninas! Vamos fazer ciências!



Meninas! Vamos fazer ciências!

MARKETING/
FINANCEIRO



MARCELLA FERREIRA
DIRETORA DE MARKETING E FINANCIERO
ENGENHARIA MECÂNICA

MARKETING/
FINANCEIRO



ALLYCE GABRIELE
TÉCNICO EM INFORMÁTICA



LUIZA PRADO
ADMINISTRAÇÃO

PESQUISA E
CRIAÇÃO



ANNA CAROLINA MENDONÇA
DIRETORA DE PESQUISA E CRIAÇÃO
ENGENHARIA MECÂNICA



VANESSA RODRIGUES
TÉCNICO EM ADMINISTRAÇÃO



MARIANA MARIAH
TÉCNICO EM EDIFICAÇÕES

PESQUISA E
CRIAÇÃO



JULIE
TÉCNICO EM ELETROÔNICA



MARIA EDUARDA
GUIA DE TURISMO

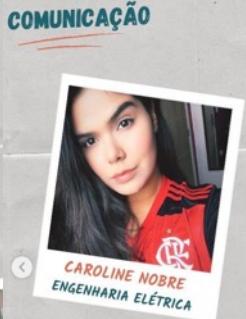
COMUNICAÇÃO



CECÍLIA ALVES
ENGENHARIA AMBIENTAL



GABRIELA CUNHA
DIRETORA DE COMUNICAÇÃO
ENGENHARIA DE TELECOMUNICAÇÕES



CAROLINE NOBRE
ENGENHARIA ELÉTRICA



BARBARA PALUMBO
ENGENHARIA DE PRODUÇÃO

COMUNICAÇÃO



LUANA VICTÓRIO
LÍNGUAS ESTRANGEIRAS APLICADAS ÀS
NEGOCIAÇÕES INTERNACIONAIS (LEANI)



VANESSA RODRIGUES
TÉCNICO EM ADMINISTRAÇÃO

PROFESSORES



ALANA
TÉCNICO EM EDIFICAÇÕES



PAMELLA LUNA
ENGENHARIA MECÂNICA



ANNA REGINA



DAYSE PASTORE



CAROLINE PONCE



ANDRÉ ALEXANDRE



Muito obrigada pela atenção

dayse.pastore@cefet-rj.br