

## **MS1: O Alcance da Biomatemática e seu Potencial no Enfrentamento de Problemas Atuais 2**

**Organizadores:** André Kringes (UFMT, MT), Claudia Mazza Dias (UFRRJ, RJ) e Evandro Estevão Marquesone (UTFPR, PR)

**Datas e horários:** 5a feira e 6a feira – das 08h às 10h

**Local:** a definir

### **Descrição do Minissimpósio**

O Objetivo do Minissimpósio é fomentar a reflexão sobre o alcance da biomatemática e a discussão de desafios na área. Desta forma, pretende-se contribuir para a integração entre pesquisadores de diferentes instituições e a difusão da biomatemática no Brasil. Devido ao sucesso e repercussão do minissimpósio que ocorreu durante o CNMAC em 2023, sentiu-se a necessidade de uma segunda edição com o mesmo tema. O Minissimpósio organizado pelo Comitê Temático de Biomatemática da SBMAC, propõe a apresentação e discussão do uso da matemática no estudo de problemas com motivação biológica com foco nas áreas: ambiental, imunológica, epidemiológica e de ecologia. Trata-se da criação de um ambiente de interação com vistas à expansão da área e planejamento de ações futuras.

### **Programação Detalhada**

O minissimpósio é estruturado em 02 (dois) blocos de 2h cada, o primeiro é composto por 04 (quatro) palestras e o segundo por 02 (duas) palestras. Buscou-se equidade e diversidade entre os palestrantes convidados. Ao término, será feita a Reunião do Comitê Temático de Biomatemática da SBMAC. A programação é descrita abaixo:

**Bloco 1:** 5a feira das 08h às 10h

1. **Profa. Dra. Ana Paula Wyse (UFPB)** de 08h às 08h20

**Título:** Efeitos da manipulação genética de mosquitos no controle de doenças

**Resumo:** Modelos biomatemáticos que descrevem a interação entre mosquitos selvagens e geneticamente modificados tem sido amplamente estudados na literatura. Com o avanço de técnicas de manipulação genética, cada vez mais modernas e eficazes, a vantagem dos indivíduos geneticamente modificados em relação à variedade selvagem tende a proporcionar condições viáveis para a utilização desses mosquitos no controle de doenças. Cada nova técnica descoberta foi modelada e introduzida nas equações que regem a dinâmica do sistema, desde a simples genética mendeliana até os atuais “gene drives”, que garantem maior eficácia dos indivíduos transgênicos. Os modelos resultantes fornecem informações sobre a dinâmica de interação entre as variedades selvagens e geneticamente modificadas, bem como sobre o impacto da inserção dos mosquitos modificados no controle de doenças.

## 2. **Profa. Dra. Dayse Haime Pastore (CEFET-RJ)** de 08h20 às 08h40

**Título:** Um modelo matemático para a mutação do HIV

**Resumo:** Vamos apresentar um modelo de equações diferenciais e integro-diferenciais para a dinâmica da infecção pelo vírus da imunodeficiência adquirida (HIV). Tal modelo leva em conta os processos de mutação que o vírus sofre depois de adentrar o sistema imunológico. O objetivo é acompanhar a evolução da dinâmica do vírus no sistema imunológico uma vez que células de defesa (CTL) são recrutadas para combater exclusivamente cada uma das mutações. Como essas células não estarão disponíveis para combater diferentes cepas, é muito importante entender e modelar a evolução das cepas a fim de prevenir o colapso do sistema imunológico.

## 3. **Prof. Dr. Rafael Alves Bonfim de Queiroz (UFOP)** de 08h40 às 09h

**Título:** Revolucionando a Biomatemática: desvendando os mistérios com inteligência artificial e machine learning

**Resumo:** Na era da revolução tecnológica, a Biomatemática encontra uma aliada poderosa: a Inteligência Artificial (IA) e o Machine Learning (ML). Esta palestra propõe uma jornada fascinante pela interseção dessas disciplinas, demonstrando como o ferramental avançado de IA e ML pode transformar radicalmente a abordagem tradicional para os desafios complexos da Biomatemática. Exploraremos casos de estudo que destacam como algoritmos de aprendizado de máquina podem acelerar a compreensão de processos biológicos, otimizar modelos matemáticos e, em última instância, desvendar os mistérios intrincados que permeiam a pesquisa Biomatemática. Prepare-se para uma visão reveladora sobre como a tecnologia moderna está redefinindo os limites da investigação científica no universo da Biomatemática.

## 4. **Prof. Dr. Moiseis dos Santos Cecconello (UFMT)** de 09h às 09h20

**Título:** Biomatemática: machine learning vs modelagem matemática

**Resumo:** Tradicionalmente, a modelagem matemática tem sido a principal ferramenta para analisar, prever e simular fenômenos biológicos. O avanço das técnicas de machine learning abre caminho para uma abordagem inovadora na representação matemática de

fenômenos com vastos conjuntos de dados. Nesta palestra, exploraremos as vantagens e desvantagens dessas duas metodologias, bem como suas aplicações.

## **Bloco 2 - 6a feira das 08h às 10h**

### **5. Profa. Dra. Suani Pinho (UFBA) de 08h às 08h20**

**Título:** Desafios da modelagem matemática de doenças transmissíveis associada a dados reais

**Resumo:** É notória a importância da pesquisa multidisciplinar para a investigação das doenças transmissíveis, em particular a modelagem matemática e computacional da dinâmica e do controle de sua transmissão, cujo comportamento complexo traz consigo a necessidade da abordagem integrada das várias áreas a exemplo do que se verificou na pandemia da COVID-19. Se, por um lado, a constituição de equipes multidisciplinares, se constitui em um dos maiores desafios, ela é rota profícua para o desenvolvimento científico em torno do objeto de estudo em questão. Neste sentido, situamos a modelagem matemática e computacional, não apenas na interface entre as ciências exatas e as ciências da vida, mas também no que chamamos hoje ciência dos dados. A abordagem multidisciplinar permite enfrentar o desafio, não menos importante de incluir no modelo características essenciais da dinâmica e controle do processo de transmissão sem incorrer em introduzir muitos detalhes que não interferem significativamente nos resultados.

Outros relevantes desafios poderiam ser sumarizados em algumas questões: o quão importantes são os dados das epidemias e das endemias relevantes para previsão e desenho de cenários hipotéticos? Como podemos enfrentar a situação das sub-notificações dos dados epidêmicos? Quão ubíquos são os modelos matemáticos para descrever a variabilidade de cenários epidêmicos e endêmicos? Quais as medidas adequadas para fornecer informações sobre os processos epidêmicos? Quão urgente e como devemos considerar a influência climática nas doenças de transmissão vetorial? Nesta apresentação apresentaremos alguns modelos relacionados com dados epidêmicos ilustrando cenários com respostas a estas questões, a exemplo do papel dos casos assintomáticos – não capturados pelos dados – na dinâmica da COVID-19 [1], da co-circulação viral da Dengue e da Zika [2,3] e do papel das variáveis climáticas na dinâmica dos vetores interferindo na dinâmica espaço-temporal da dengue.

#### Principais Referências

[1] Oliveira, JF; Jorge, DCP; Pereira, F; Veiga, RG; Rodrigues, MS; Torquato, MF; Silva, NB; Fiaconne, RR; Castro, CP; Paiva, ASS; , Cardim, LL; Amad, AAS; Lima, EABF; Souza,DS; Pinho, STR; Ramos, PI; Andrade, RFS; Rede CoVida working group. Evaluating the burden of COVID-19 on hospital resources in Bahia, Brazil: A modelling-based analysis of 14.8 million individuals. *Nature Commun.* 12 (2021) 333.

[2] de Araújo, RGS; Jorge, DCP; Dorn, RC; Cruz-Pacheco, G; Esteva, MLM; and Pinho, STR; Applying a multi-strain dengue model to epidemics data, *Math. Biosc.* 360 (2023), 109013.

[3] Hirata, FMR; Jorge, DCP; Pereira, FAC; Skalinski, LM; Cruz-Pacheco, G; Esteva, MLM;

and Pinho, STR; Co- circulation of Dengue and Zika viruses: A modelling approach applied to epidemics data, Chaos Solit. Fractals 173, 113599 (2023).

**6. Profa. Dra. Máira Aguiar (BCAM- Basque Center for Applied Mathematics) de 08h20 às 08h40**

**Título:** O impacto da análise empírica de dados na intervenção prática em saúde pública

**Resumo:** A dinâmica epidemiológica da febre do dengue mostra grandes flutuações na incidência da doença, e os modelos matemáticos que descrevem a transmissão da doença têm como objetivo final serem utilizados como ferramentas preditivas para avaliar a introdução de estratégias de intervenção. Nesta palestra, apresentarei três exemplos que destacam as potenciais consequências da análise errônea de dados, demonstrando como a interpretação equivocada dos dados pode contribuir para intervenções em saúde pública falhas e ineficazes, ressaltando a importância crítica da análise precisa de dados para orientar a tomada de decisões informadas em estratégias de saúde pública para o controle de doenças.

**7. Reunião do Comitê Temático de Biomatemática da SBMAC de 08h40 às 10h**