



08 a 11 de Outubro de 2018
Instituto Federal Fluminense
Búzios - RJ

Estudo do Comportamento Antropofílico de Mosquitos Selvagens e Transgênicos

Moisés Filgueira de Oliveira¹ - moisesfmat@gmail.com

Ana Paula P. Wyse² - anawyse@ci.ufpb.br

José Luiz Acebal¹ - acebal@dppg.cefetmg.br

¹Centro Federal de Educação Tecnológica, Belo Horizonte - MG, Brasil

²Universidade Federal da Paraíba, Centro de Informática - João Pessoa, PB, Brasil

Resumo. *O objetivo deste trabalho é propor um modelo matemático para simular a dispersão de mosquitos e seu controle. Em particular, a espécie de mosquito selecionada para o desenvolvimento do estudo foi Aedes aegypti, devido sua importância vetorial na transmissão de arboviroses para humanos. Os números alarmantes relatados pela Organização Mundial da Saúde colocam em destaque doenças como dengue, febre amarela, chikungunya e zika vírus, que tem como principal vetor Aedes aegypti. Inovações no âmbito do controle vetorial, como a introdução de mosquitos geneticamente modificados, apresentam uma nova perspectiva no controle vetorial e, conseqüentemente, a redução no números de infecções. A fim de se garantir segurança, economia e eficiência, a avaliação de medidas de prevenção e controle podem ser estudadas antes ou durante as intervenções através de modelos matemáticos e simulações. Portanto, propomos neste trabalho um modelo matemático descrito por um sistema de equações diferenciais do tipo reação-difusão-quimiotaxia que descreva a dinâmica da interação entre mosquitos selvagens e transgênicos.*

Palavras-chave: *modelo matemático, mosquitos transgênicos, modificação genética, controle Aedes aegypti*

1. INTRODUÇÃO

As doenças transmitidas pelo mosquito *Aedes aegypti* constituem um problema recorrente e complexo no cenário epidemiológico da saúde pública mundial, principalmente nos países tropicais com resurgimento de endemias em locais em que já haviam sido controladas. Trata-se de um fenômeno sazonal com aumento de infecções frequentemente associado com estações quentes e úmidas. Devido a esta dependência climática, percebe-se um agravamento dessa situação com o aquecimento global, com conseqüente aumento do período de maior infestação, bem como o aumento no mundo das áreas endêmicas para além dos trópicos. Entre a técnicas inovadoras usadas para controle do vetor encontra-se a manipulação genética de mosquitos.

O mosquito *Aedes aegypti* é uma espécie originária da África que foi introduzido nas diversas regiões tropicais e subtropicais do planeta através dos navios negreiros no período colonial

de acordo Finep (2018). Atualmente, mais da metade da população mundial vive em áreas infestadas pelo *Aedes aegypti*, o principal mosquito transmissor de zika, dengue, chikungunya e febre amarela, conforme OPAS (2018). Nos anos de 2015 a 2017, foram registrados no Brasil mais de 204 mil caso de zika, aproximadamente 292 mil casos de chikungunya e 2,8 milhões de Dengue, correspondendo a 64% dos casos de doenças notificadas no continente AmERICANO segundo FAPESP (2018).

Entre as modernas técnicas de controle, figura a manipulação genética e introdução de mosquitos transgênicos desenvolvidos para reduzir a capacidade de detecção de CO_2 como pode ser encontrado no trabalho desenvolvido por McMeninam (2014). Sendo as fêmeas dos mosquitos as responsáveis pela picada e repasto sanguíneo para desenvolver os ovos e sendo a busca da fêmea por hospedeiros guiada pelo CO_2 , a diminuição dessa capacidade de orientação tem impacto na taxa de infecção.

Trabalhos anteriores exibem boa aproximação com os dados coletados em campo utilizando a equação logística com captura para descrever a dinâmica populacional da espécie *Anopheles darlingi* e considerando a interação entre mosquitos selvagens e transgênicos, porém sem levar em conta a zigosidade como apresentado em Wyse (2007), mas também a população de mosquitos transgênicos foi identificada como homocigota ou heterocigota, conforme apresentado em Wyse (2016). Neste trabalho, é apresentado um modelo que descreve espalhamento e a interação entre os mosquitos selvagens e transgênicos cuja formulação se dá a partir e modelos clássicos da dinâmica populacional e estudos preliminares pode ser visto em Oliveira (2016). O modelo constitui-se de um sistema de equações diferenciais parciais do tipo reação-difusão-quimiotaxia baseado em modelos anteriores que consideram a genética clássica mendelina ,assim como, Wyse (2016), Li (2012) e Li (2007)

2. FORMULAÇÃO DO MODELO

Consideramos que a população de mosquitos seja descrita pela equação logística com captura, que é um modelo clássico simples e bastante utilizado. A inclusão do termo de captura tornar o modelo mais realístico, uma vez que a equação logística admite que a população se estabilize em sua capacidade de suporte k e isso não condiz com a dinâmica populacional de mosquitos, pois, embora haja espaço físico e alimentos em abundância, observa-se que mesmo em períodos do ano com condições mais favoráveis à sua proliferação, a incidência de mosquitos se apresenta abaixo da capacidade máxima. Este termo garante justamente que a população de mosquitos se estabilize em um ponto de equilíbrio abaixo da capacidade de suporte. Supondo que a dinâmica populacional de mosquitos *Aedes aegypti* pode ser descrita por:

$$\frac{dN}{dt} = rN\left(1 - \frac{N}{k}\right) - \delta_2 N \quad (1)$$

onde N é o número total de mosquitos, $r = \epsilon - \delta_1$, sendo ϵ a taxa de emergência de mosquitos para a fase adulta e δ_1 a taxa de mortalidade por causas naturais; δ_2 é a taxa de mortalidade por predadores e inseticidas, independente da densidade, e k é capacidade de suporte. Reescrevendo a Eq. (1)

$$\frac{dN}{dt} = \epsilon N - \left(\frac{r}{k}\right) N^2 - (\delta_1 + \delta_2)N = \left(\frac{\epsilon}{N} - \frac{r}{k}\right) N^2 - \delta N, \quad (2)$$

com $\delta = \delta_1 + \delta_2$.

Supondo que a população total de mosquitos N é dividida, conforme as linhagens obtidas na Tabela 1, em seis subpopulações, isto é, $N = \sum_{i=1}^6 u_i$. Dessa forma a Eq. (2) pode ser escrita como:

$$\sum_{i=1}^6 \frac{du_i}{dt} = \left(\frac{\epsilon}{\sum_{i=1}^6 u_i} - \frac{r}{k} \right) \left(\sum_{i=1}^6 u_i \right)^2 - \delta \left(\sum_{i=1}^6 u_i \right), \quad (3)$$

ou, na forma equivalente,

$$\sum_{i=1}^6 \frac{du_i}{dt} = \left(\frac{\epsilon}{\sum_{i=1}^6 u_i} - \frac{r}{k} \right) \left(\sum_{i=1}^6 u_i^2 + 2 \sum_{i=1, j=1, i \neq j}^6 u_i u_j \right) - \delta \left(\sum_{i=1}^6 u_i \right). \quad (4)$$

Tabela 1- Linhagens obtidas do cruzamento entre selvagens e transgênicos do *Aedes aegypti*, com sua respectiva simbologia e frequência genotípica

Linhagem	Genótipo	Simbologia	Frequência genotípica
Selvagens	$Gr3^{+/+}$	u_1	a
Transgênicos heterozigotos	$Gr3^{ECFP/+}$	u_2	b
Transgênicos heterozigotos	$Gr3^{4/+}$	u_3	c
Transgênicos heteroalélicos	$Gr3^{ECFP/4}$	u_4	d
Transgênicos homozigotos	$Gr3^{ECFP/ECFP}$	u_5	e
Transgênicos homozigotos	$Gr3^{4/4}$	u_6	f

As linhagens obtidas pelos cruzamentos entre mosquitos selvagens $Gr3^{+/+}$, transgênicos homozigotos $Gr3^{4/4}$ e transgênicos homozigotos $Gr3^{ECFP/ECFP}$, listadas na tabela 1 e obtidos no trabalho de McMenemy (2014) et. al. estão de acordo com a genética clássica mendeliana. Para a construção do nosso modelo matemático, vamos considerar que a geração da população de mosquitos obedece a lei de Hardy–Weinberg, que afirma que “se não existissem fatores evolutivos atuando sobre uma população, as frequências genéticas e genotípicas permaneceriam inalteradas, atingindo um equilíbrio estável” Shelford (1952). Para uma população satisfazer a lei de equilíbrio de Hardy–Weinberg.

Denotando a frequência genotípica de índice ij resultante do cruzamento $u_i \times u_j$, podemos resumir o conjunto de todas as frequências obtidas dos respectivos cruzamentos na tabela abaixo:

A proporção de geração da população u_i proveniente dos cruzamentos são obtidas calculando os respectivos quadros de Punnet resultando em:

- $a_{11} = b_{15} = c_{16} = d_{56} = e_{55} = f_{66} = 1$;
- $a_{12} = a_{13} = b_{12} = b_{14} = b_{22} = b_{25} = b_{35} = c_{13} = c_{14} = e_{25} = c_{26} = d_{26} = c_{33} = d_{35} = c_{36} = f_{36} = d_{44} = d_{45} = e_{45} = d_{46} = f_{46} = 0,5$;
- $a_{22} = e_{22} = a_{23} = b_{23} = c_{23} = d_{23} = b_{23} + c_{24} = d_{24} = e_{24} = a_{33} = f_{33} = b_{34} = c_{34} = d_{34} = f_{34} + e_{44} = f_{44} = 0,25$;

Tabela 2- Frequências genótípicas obtidas dos cruzamentos

u_1	u_2	u_3	u_4	u_5	u_6	\times
a_{11}	a_{12}, b_{12}	a_{13}, c_{13}	b_{14}, c_{14}	b_{15}	c_{16}	u_1
	a_{22}, b_{22}, e_{22}	$a_{23}, b_{23}, c_{23}, d_{23}$	$b_{24}, c_{24}, d_{24}, e_{24}$	b_{25}, e_{25}	c_{26}, d_{26}	u_2
		a_{33}, c_{33}, f_{33}	$b_{34}, c_{34}, d_{34}, f_{34}$	b_{35}, d_{35}	c_{36}, f_{36}	u_3
			d_{44}, e_{44}, f_{44}	d_{45}, e_{45}	d_{46}, f_{46}	u_4
				e_{55}	d_{56}	u_5
					f_{66}	u_6

Dessa forma a Eq. 4 pode ser escrita como

$$\begin{aligned}
 \sum_{i=1}^6 \frac{du_i}{dt} = & \left(\frac{\epsilon}{\sum_{i=1}^6 u_i} - \frac{r}{k} \right) [a_{11}u_1^2 + (a_{22} + b_{22} + e_{22})u_2^2 + (a_{33} + c_{33} + f_{33})u_3^2 \\
 & + (d_{44} + e_{44} + f_{44})u_4^2 + e_{55}u_5^2 + f_{66}u_6^2 + 2(a_{12} + b_{12})u_1u_2 + 2(a_{13} + c_{13})u_1u_3 \\
 & + 2(b_{14} + c_{14})u_1u_4 + 2b_{15}u_1u_5 + 2c_{16}u_1u_6 + 2(a_{23} + b_{23} + c_{23} + d_{23})u_2u_3 \\
 & + 2(b_{24} + c_{24} + d_{24} + e_{24})u_2u_4 + 2(b_{25} + e_{25})u_2u_5 + 2(c_{26} + d_{26})u_2u_6 \\
 & + 2(b_{34} + c_{34} + d_{34} + f_{34})u_3u_4 + 2(b_{35} + d_{35})u_3u_5 + 2(c_{36} + f_{36})u_3u_6 \\
 & + 2(d_{45} + e_{45})u_4u_5 + 2(d_{46} + f_{46})u_4u_6 + 2d_{56}u_5u_6] - \delta(\sum_{i=1}^6 u_i)
 \end{aligned} \tag{5}$$

Separando a Eq. (5) a fim de preservar a dinâmica do modelo logístico com captura e considerando a genética que rege cada uma das seis variedades de mosquitos, obtemos o seguinte sistema de equação diferenciais:

$$\left\{ \begin{aligned}
 \frac{du_1}{dt} &= g(\mathbf{u})(a_{11}u_1^2 + \sum_{j=2}^3 (a_{jj}u_j^2 + 2a_{1j}u_1u_j) + 2a_{23}u_2u_3) - \delta u_1 \\
 \frac{du_2}{dt} &= g(\mathbf{u})(b_{22}u_2^2 + 2 \sum_{j=2, j \neq 3}^5 b_{1j}u_1u_j + 2 \sum_{j=3}^5 b_{2j}u_2u_j + 2 \sum_{j=4}^5 b_{3j}u_3u_j) - \delta u_2 \\
 \frac{du_3}{dt} &= g(\mathbf{u})(c_{33}u_3^2 + 2 \sum_{j=3, j \neq 5}^6 c_{1j}u_1u_j + 2 \sum_{j=3, j \neq 5}^6 c_{2j}u_2u_j + 2 \sum_{j=4, j \neq 5}^6 c_{3j}u_3u_j) - \delta u_3 \\
 \frac{du_4}{dt} &= g(\mathbf{u})(d_{44}u_4^2 + 2 \sum_{j=3, j \neq 5}^6 d_{2j}u_2u_j + 2 \sum_{j=4}^5 d_{3j}u_3u_j + 2 \sum_{j=5}^6 d_{4j}u_4u_j + 2d_{56}u_5u_6) - \delta u_4 \\
 \frac{du_5}{dt} &= g(\mathbf{u})(\sum_{j=2, j \neq 3}^5 e_{jj}u_j^2 + 2 \sum_{j=4}^5 e_{2j}u_2u_j + 2e_{45}u_4u_5) - \delta u_5 \\
 \frac{du_6}{dt} &= g(\mathbf{u})(\sum_{j=3, j \neq 5}^6 f_{jj}u_j^2 + 2 \sum_{j=4, j \neq 5}^6 f_{3j}u_3u_j + 2f_{46}u_4u_6) - \delta u_6,
 \end{aligned} \right.$$

(6)

onde $\mathbf{u} = (u_1, \dots, u_6)$,

$$g(\mathbf{u}) = \frac{\epsilon}{\sum_{i=1}^6 u_i} - \frac{r}{k}. \quad (7)$$

2.1 Modelagem da dinâmica e Espalhamento de Mosquito Selvagens e Transgênicos

O sistema de equações descrito em (6) descreve a evolução temporal de cada uma das seis espécies, representando os termos de reação do modelo. Assumindo que o processo de difusão se baseia no modelo quimiotático proposto por Keller–Segel, Murray (2002), temos que a dinâmica e o espalhamento de cada população de mosquitos u_1, u_2, u_3, u_4, u_5 e u_6 é descrita pelo seguinte sistema de equações:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{\partial u_1}{\partial t} = D \frac{\partial^2 u_1}{\partial x^2} - \chi_1 \frac{\partial}{\partial x} \left(u_1 \frac{\partial v}{\partial x} \right) + g(\mathbf{u}) (a_{11} u_1^2 + \sum_{j=2}^3 (a_{jj} u_j^2 + 2a_{1j} u_1 u_j) + 2a_{23} u_2 u_3) - \delta u_1 \\ \frac{\partial u_2}{\partial t} = D \frac{\partial^2 u_2}{\partial x^2} - \chi_2 \frac{\partial}{\partial x} \left(u_2 \frac{\partial v}{\partial x} \right) + g(\mathbf{u}) (b_{22} u_2^2 + 2 \sum_{j=2, j \neq 3}^5 b_{1j} u_1 u_j + 2 \sum_{j=3}^5 b_{2j} u_2 u_j \\ + 2 \sum_{j=4}^5 b_{2j} u_3 u_j) - \delta u_2 \\ \frac{\partial u_3}{\partial t} = D \frac{\partial^2 u_3}{\partial x^2} - \chi_3 \frac{\partial}{\partial x} \left(u_3 \frac{\partial v}{\partial x} \right) + g(\mathbf{u}) (c_{33} u_3^2 + 2 \sum_{j=3, j \neq 5}^6 c_{1j} u_1 u_j + 2 \sum_{j=3, j \neq 5}^6 c_{2j} u_2 u_j \\ + 2 \sum_{j=4, j \neq 5}^6 c_{2j} u_3 u_j) - \delta u_3 \\ \frac{\partial u_4}{\partial t} = D \frac{\partial^2 u_4}{\partial x^2} - \chi_4 \frac{\partial}{\partial x} \left(u_4 \frac{\partial v}{\partial x} \right) + g(\mathbf{u}) (d_{44} u_4^2 + 2 \sum_{j=3, j \neq 5}^6 d_{2j} u_2 u_j + 2 \sum_{j=4}^5 d_{3j} u_3 u_j \\ + 2 \sum_{j=5}^6 d_{4j} u_4 u_j + 2d_{56} u_5 u_6) - \delta u_4 \\ \frac{\partial u_5}{\partial t} = D \frac{\partial^2 u_5}{\partial x^2} - \chi_5 \frac{\partial}{\partial x} \left(u_5 \frac{\partial v}{\partial x} \right) + g(\mathbf{u}) \left(\sum_{j=2, j \neq 3}^5 e_{jj} u_j^2 + 2 \sum_{j=4}^5 e_{2j} u_2 u_j + 2e_{45} u_4 u_5 \right) - \delta u_5 \\ \frac{\partial u_6}{\partial t} = D \frac{\partial^2 u_6}{\partial x^2} - \chi_6 \frac{\partial}{\partial x} \left(u_6 \frac{\partial v}{\partial x} \right) + g(\mathbf{u}) \left(\sum_{j=3, j \neq 5}^6 f_{jj} u_j^2 + 2 \sum_{j=4, j \neq 5}^6 f_{3j} u_3 u_j + 2f_{46} u_4 u_6 \right) - \delta u_6 \\ \frac{\partial v}{\partial t} = D_v \frac{\partial^2 v}{\partial x^2} + \rho u_i - \beta v, \end{array} \right. \quad (8)$$

onde $g(\mathbf{u}) \in \mathbb{R}^+$, como definido em (7). As condições iniciais são dadas por

$$u(x, 0) = \bar{u}(x), \quad x \in \Omega \quad (9)$$

$$v(x, 0) = \bar{v}(x), \quad x \in \Omega \quad (10)$$

e condições de contorno do tipo Neumann dadas por:

$$u_x(0, t) = 0, \quad v_x(0, t) = 0, \quad t > 0, \quad (11)$$

$$u_x(L, t) = 0, \quad v_x(L, t) = 0, \quad t > 0, \quad (12)$$

As descrições das variáveis do modelo são dadas por:

- $u_i(x, t)$: concentração de mosquitos selvagens e transgênicos em (x, t) , onde x é posição, t é tempo e i variando de 1 a 6 a fim de caracterizar cada uma das linhagens obtidas;
- χ_j : é uma constante, onde j está variando de 1 a 6;
- D : é o coeficiente de difusão de mosquitos;
- v : é atrator químico, nesse caso o CO_2 emitido pelos humanos;
- D_v : é o coeficiente de difusão do atrator v .

Esse modelo matemático descreve a interação e espalhamento de mosquitos selvagens e transgênicos, sendo descrito por um sistema de equações diferenciais parciais do tipo reação-difusão-convecção onde os termos de reação são baseados na formulação dinâmica proposta anteriormente Wyse (2016). O termo de difusão-convecção é baseado do modelo quimiotático de Keller-Segel, já que a quimiotaxia é um fenômeno convectivo. O modelo é formado por um sistema de seis equações não-lineares acopladas. Devido a complexidade do sistema, encontrar uma solução analítica geral para o problema é extremamente difícil. Nesse sentido, torna-se indispensável o desenvolvimento de técnicas numéricas para a obtenção da solução aproximada do problema.

3. SIMULAÇÕES NUMÉRICAS

Experimento 1 Neste experimento vamos simular o comportamento das populações de mosquitos selvagens e transgênicos ao longo do tempo. Para isso, consideramos a população composta inicialmente de 66,66% mosquitos selvagens (u_1); 18,33% de mosquitos homozigotos do tipo $Gr3^{ECFP/ECFP}$ (u_5) e 15% de mosquitos homozigotos do tipo $Gr3^{4/4}$ (u_6) e para as demais populações condições iniciais nulas.

A quantidade total das seis populações de mosquitos obtidas ao final de um período de tempo de 1 mês foi de $N^* = 8618$ mosquitos, estabilizando no ponto de equilíbrio não trivial. A quantidade de cada espécie de mosquito foi de 3833 mosquitos selvagens (u_1), 2104 heterozigotos do tipo $Gr3^{ECFP/+}$ (u_2), 1721 heterozigotos do tipo $Gr3^{4/+}$ (u_3), 473 mosquitos heteroalélicos (u_4), 292 mosquitos transgênicos homozigotos do tipo $Gr3^{ECFP/ECFP}$ (u_5) e 196 mosquitos transgênicos homozigotos do tipo $Gr3^{4/4}$ (u_6), correspondendo respectivamente a 44%, 24%, 20%, 5%, 3% e 2% da população total. Para essas condições iniciais, a modificação genética apresenta eficácia no sentido de reduzir a capacidade de detecção de CO_2 em 10% da população, visto que apenas homozigotos e heteroalélicos apresentaram essa característica segundo os testes realizados em McMEninam (2014).

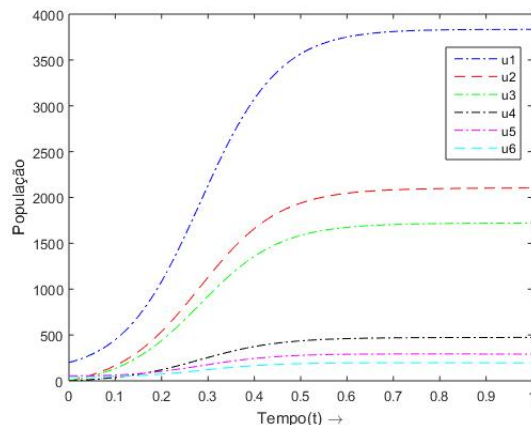


Figura 1- Dinâmica populacional de mosquitos selvagens e transgênicos com condições iniciais $u_1(0) = 200$, $u_2(0) = u_3(0) = u_4(0) = 0$, $u_5(0) = 55$, $u_6(0) = 45$

Experimento 2 Nesta simulação vamos considerar a dinâmica e o espalhamento de mosquitos selvagens na ausência de CO_2 . Para isso, as seguintes condições iniciais

$$u_1(x, 0) = \begin{cases} \text{sen} \left(\pi \left(\frac{x-9,5}{10,5-9,5} \right) \right) & \text{se } 9,5 \leq x \leq 10,5, \\ 0, & \text{se } 0 < x < 9,5 \text{ e } 10,5 < x < 20, \end{cases} \quad (13)$$

$$u_2(x, 0) = u_3(x, 0) = u_4(x, 0) = u_5(x, 0) = u_6(x, 0) = 0 \text{ e } v(x, 0) = 0. \quad (14)$$

Neste caso o problema (8) se reduz a um problema de reação–difusão de uma única população (selvagens) e, como pode ser visto nas Figuras (2)(a) e (2)(b), seu comportamento mostra um espalhamento simétrico em torno da posição $x = 10$ com a dinâmica crescente característica do termo de reação, que permite um crescimento populacional até um patamar.

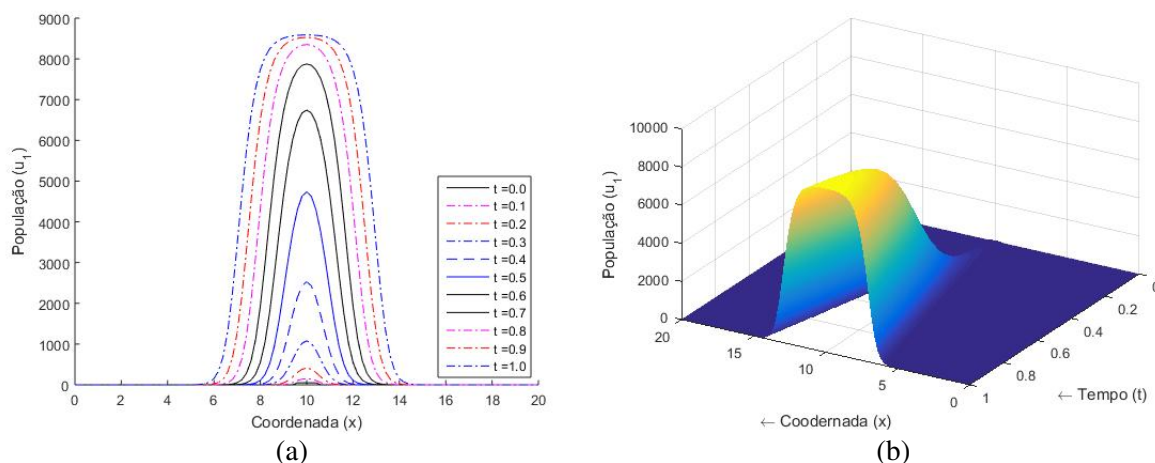


Figura 2- Dinâmica e espalhamento da população de mosquitos selvagens na ausência de CO_2 e com condições iniciais (13) e (14)

Experimento 3 Neste experimento vamos simular a dinâmica e espalhamento de mosquitos selvagens na presença de CO_2 , considerando ambos, mosquitos e CO_2 distribuídos em uma

mesma região conforme as condições iniciais (15) - (17). Para isso, utilizaremos descrição do Experimento (2) e a atração quimiotática dada por $\chi_1 = 1, 0$.

$$u_1(x, 0) = \begin{cases} \text{sen} \left(\pi \left(\frac{x-9,5}{10,5-9,5} \right) \right) & \text{se } 9,5 \leq x \leq 10,5, \\ 0, & \text{se } 0 < x < 9,5 \text{ e } 9,5 < x < 20, \end{cases} \quad (15)$$

$$v(x, 0) = \begin{cases} \text{sen} \left(\pi \left(\frac{x-9,5}{10,5-9,5} \right) \right) & \text{se } 9,5 \leq x \leq 10,5, \\ 0, & \text{se } 0 < x < 9,5 \text{ e } 10,5 < x < 20, \end{cases} \quad (16)$$

$$u_2(x, 0) = u_3(x, 0) = u_4(x, 0) = u_5(x, 0) = u_6(x, 0) = 0. \quad (17)$$

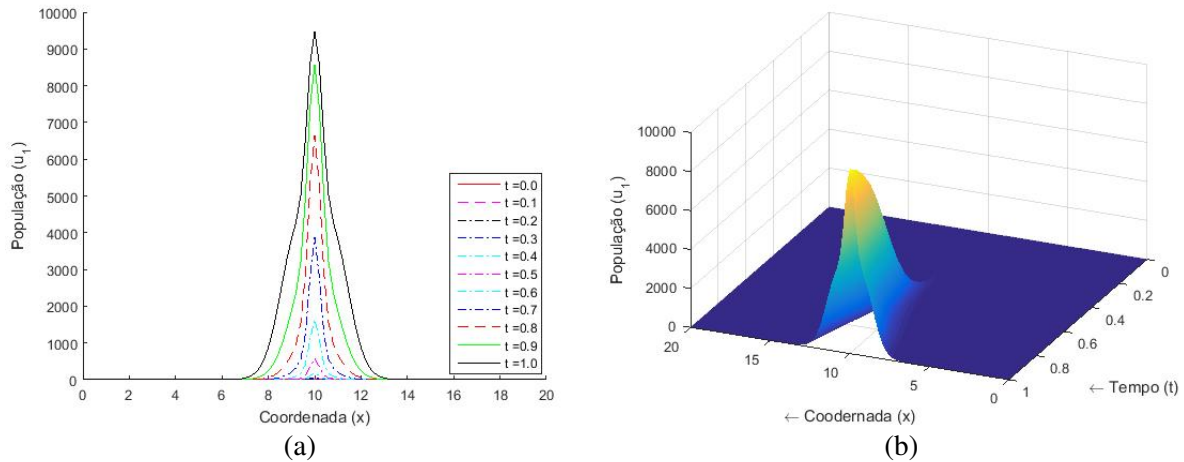


Figura 3- Dinâmica e espalhamento da população de mosquitos selvagens considerando a distribuição inicial de CO_2 na mesma região do foco de mosquitos, com condições iniciais (15), (16) e (17)

Observe nas Figuras (3)(a) e (3)(b), que o espalhamento se mantém simétrico em relação a posição $x = 10$, porém houve uma maior concentração nesta posição, com espalhamento reduzido em relação ao Experimento (2). Esse acontecimento ocorreu devido o fato que CO_2 está distribuído na mesma região da população de mosquitos (vide condições iniciais (15), (16) e (17)) e com coeficiente de difusão menor do que o de mosquitos. É pertinente chamar atenção, pois embora pareça haver descontinuidade da derivada no ponto $x = 10$, trata-se apenas de uma questão gráfica.

Experimento 4 Neste experimento vamos simular a dinâmica e espalhamento da população de mosquitos selvagens e transgênicos na ausência de CO_2 , Consideramos a uma distribuição inicial compostas de mesmas quantidades de mosquitos selvagens e transgênicos homocigotos sobre uma mesma região, as demais variedades de mosquitos foram consideradas inicialmente nulas. Para isso, tomamos as seguintes condições iniciais:

$$u_1(x, 0) = \begin{cases} \text{sen} \left(\pi \left(\frac{x-9,5}{10,5-9,5} \right) \right) & \text{se } 9,5 \leq x \leq 10,5, \\ 0, & \text{se } 0 < x < 9,5 \text{ e } 10,5 < x < 20. \end{cases} \quad (18)$$

$$u_5(x, 0) = \begin{cases} \text{sen} \left(\pi \left(\frac{x-9,5}{10,5-9,5} \right) \right) & \text{se } 9,5 \leq x \leq 10,5, \\ 0, & \text{se } 0 < x < 9,5 \text{ e } 10,5 < x < 20. \end{cases} \quad (19)$$

$$u_6(x, 0) = \begin{cases} \text{sen} \left(\pi \left(\frac{x-9,5}{10,5-9,5} \right) \right) & \text{se } 9,5 \leq x \leq 10,5, \\ 0, & \text{se } 0 < x < 9,5 \text{ e } 10,5 < x < 20. \end{cases} \quad (20)$$

$$u_2(x, 0) = u_3(x, 0) = u_4(x, 0) = 0 \text{ e } v(x, 0) = 0 \quad (21)$$

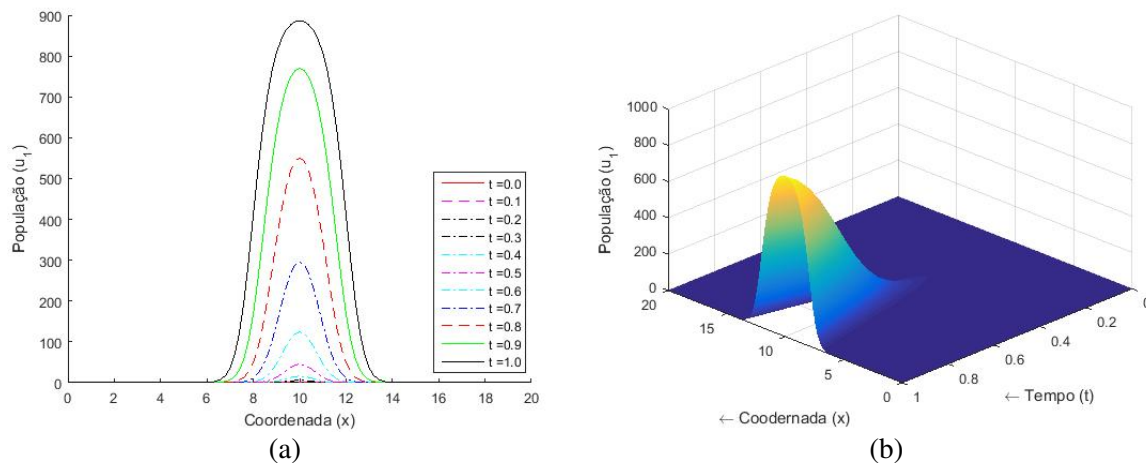


Figura 4- Dinâmica e espalhamento da população de mosquitos selvagens na ausência de CO_2 , com condições iniciais (18), (19), (20) e (21)

A Figura (4) mostra a dinâmica e espalhamento da população de mosquitos selvagens, este espalhamento se dá pelo processo de difusão-reação já que não há efeito quimiotático do CO_2 . Comparando a Figura (4) com a Figura (2) podemos perceber uma redução significativa da população de mosquitos selvagens, embora tenhamos acrescentado os mosquitos transgênicos ao invés de substituir parte da população inicial de mosquitos selvagens por estes modificados.

4. CONCLUSÕES

No modelo matemático proposto foram contemplados diferentes níveis de quimiotaxia, próprios a cada uma das populações, e representados pelo parâmetro χ_i ; nas simulações numéricas realizadas foi considerada uma redução em 50% na capacidade de detecção de CO_2 para fêmeas transgênicas homocigotas e heterocigotas e foi verificada uma atração ao fluxo de CO_2 menos intensa do que aquela observada nos selvagens e transgênicos heterocigotas. Esse comportamento obtido nas simulações está de acordo com as premissas adotadas na formulação do modelo matemático. Além disso, houve redução notável da população de mosquitos selvagens quando esta interagiu com populações transgênicas.

Agradecimentos

O primeiro autor agradece à Deus, CAPES, CEFET-MG, aos outros dois autores, familiares e amigos

REFERÊNCIAS

- FAPESP, 2018 Doenças transmitidas por mosquitos. Disponível em 2018 <http://agencia.fapesp.br/doencas-transmitidas-por-mosquitos-e-tema-do-ciencia-aberta/27918/>
- Fiocruz, 2018 OMS alerta para um dos "seres" mais mortais do mundo. Disponível em 2018 no site <http://www.canal.fiocruz.br/destaque/index.php?id=3212>
- Finep, 2018 A origem do mosquito. Disponível em 2018 <http://www.finep.gov.br/noticias/todas-noticias/5164-aedes-aegypti>
- LI, J., 2007. *Differential equations models for interacting wild and transgenic mosquito populations*, Journal of Biological Dynamics, v. 2, n. 4-5, pp. 241-258, 2007.

- LI, J., 2012. *Discrete-time models with mosquitoes carrying genetically-modified bacteria*, *Mathematical Biosciences*, v. 240, pp. 35-44.
- McMeniman, C. J., Corfas, R. A. B. J. Matthews, S. A. Ritchie and L. B. Vosshal, Multimodal Integration of Carbon Dioxide and Other Sensory Cues Drives Mosquito Attraction to Humans, *Cell*, 156(5):1060-1071, 2014. DOI: 10.1016/j.cell.2013.12.044.
- J. D. Murray. *Mathematical Biology I. An Introduction*. Springer, 2002.
- OLIVEIRA, M. F., AND ET AL., 2016. *A dinâmica de Mosquitos Selvagens e Transgênicos*, XIX Encontro Nacional de Modelagem Computacional e VII Encontro de Ciência e Tecnologia de Materiais
- OPAS, 2018 Perguntas e respostas sobre o controle vetorial do vírus zika. Disponível em 2018 <https://www.paho.org/hq/dmdocuments/2016/2016-cha-pergunt-respos-controle-vetorial-zika.pdf>
- SHELFORD, V., 1952, *Illinois Academy of Science Transactions*, Vol. 45, 1952”, *Transactions*, v. 45.
- WYSE, A. P., BEVILACQUA, L., RAFIKOV, M., 2016. *Modelagem da Interação entre Mosquitos Selvagens e Transgênicos*, *Proceeding Series of the Brazilian Society of Computacional and Applied Mathematica*, v. 4, n. 1.
- WYSE, A. P. P., *Controle Otimizado do vetor da malária para o modelo matemático sazonal*, 2007, Laboratório Nacional de Computação Científica and Other Sensory Cues Drives Mosquito Attraction to Humans, *Cell*, 156(5):1060-1071, 2014. DOI: 10.1016/j.cell.2013.12.044.
- WHO, 2016 WHO, “Vector-borne diseases” 2016. Disponível em 2016 no site <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs387/en/>.

ANTHROPOPHILIC BEHAVIOR STUDY OF WILD AND TRANSGENIC MOSQUITOES

Abstract. *The objective of this work is to propose a mathematical model to simulate the dispersion of mosquitoes and their control. In particular, the mosquito species selected for the study development was Aedes aegypti, due to its vector importance in the transmission of the arbovirus to humans. The alarming numbers reported by the World Health Organization highlight diseases such as dengue, yellow fever, chikungunya and zika virus, which has as the main vector Aedes aegypti. Innovations in vector control, such as the introduction of genetically modified mosquitoes, present a new perspective on vector control and, consequently, a reduction in the number of infections. In order to guarantee safety, economy, and efficiency, the evaluation of prevention and control measures can be studied before or during interventions through mathematical models and simulations. Therefore, we propose in this work a mathematical model described by a system of differential equations of the reaction-diffusion-chemotaxis type that describes the interaction dynamics between wild and transgenic mosquitoes.*

keywords : *mathematical model, transgenic mosquitoes, genetic modification, Aedes aegypti control.*