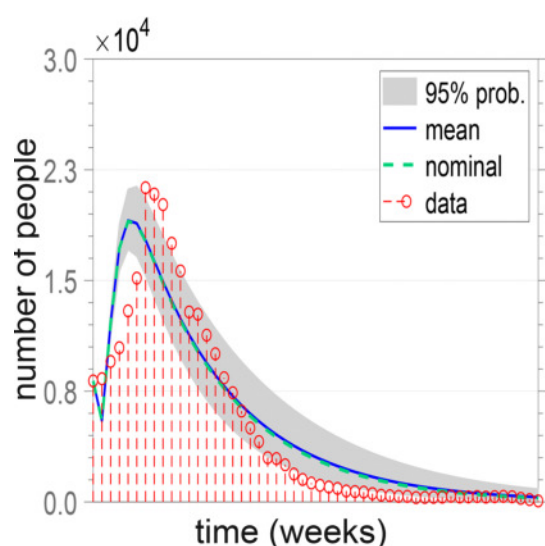


Quinta-feira, 28 de março de 2019

Programa

14:00 - 15:20 – **Americo Cunha (IME-UERJ)**

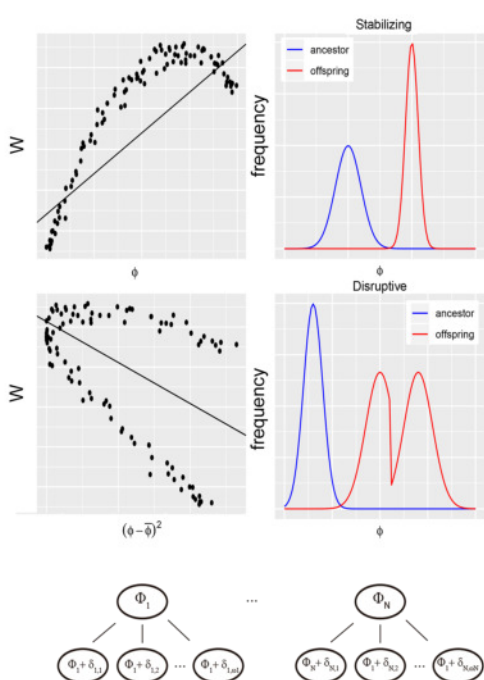
How to predict an epidemic of Zika virus? A challenge in nonlinear stochastic dynamics



Several instances of Zika virus epidemic have been reported around the world in the last 20 years, causing Zika fever to become a disease of international concern. In this context the use of mathematical models for epidemics is of great importance, since they are useful tools to study the underlying outbreak numbers and allow one to test the effectiveness of different strategies used to combat the associated diseases. This work deals with the development of an epidemic model to predict the evolution of Zika virus in Brazilian scenario and the posterior calibration of this predictive tool with respect to real data, from the recent outbreak of the disease, by solving an inverse problem. Model parameters variabilities are taken into account through a parametric probabilistic approach that employs an information-theoretic formalism (maximum entropy principle) to construct a consistent stochastic model and uses Monte Carlo simulation for propagating the uncertainties. This development gives rise to a realistic epidemic model, capable of making robust predictions about epidemic scenarios.

15:40 - 17:00 – **Claudio José Struchiner (FGV, IMS-UERJ)**

Competência vetorial: genômica populacional, decomposição de Price e diagramas causais



Doenças transmitidas por vetores continuam a representar sérios problemas de saúde pública. A aplicação de técnicas originadas da genética e biologia molecular, e as análises recentemente disponíveis sobre o genoma de mosquitos têm propiciado o desenvolvimento de métodos genéticos como uma alternativa complementar às estratégias existentes de controle. A aplicação racional de muitas destas propostas requer uma base teórica adicional obtida através de resultados quantitativos de base analítica ou numérica. O seminário discute as condições em que se torna possível o controle de doenças transmitidas por vetores, mais especificamente malária, dengue, zika e chikungunya, através da utilização de intervenções com base em procedimentos genéticos. Predições sobre a nova distribuição de genes ou bactérias que interfiram com a capacidade vetorial de insetos vetores deverão levar em consideração a atual distribuição natural de resistência a infecções por patógenos humanos nestes vetores. Estas predições refletem a natureza das forças evolutivas que mantêm a variação genética e a resistência à infecção por aquelas bactérias em populações de vetores que serão submetidas a um contínuo processo de seleção artificial imposto a partir de fontes externas representadas por estas estratégias de intervenção.

17:00 – Discussão e lanche

Local

Instituto de Matemática – UFRJ
Sala C-116 - Bloco C
Ilha do Fundão

Contatos

Americo Cunha (UERJ)	americo@ime.uerj.br
Augusto Q. Teixeira (IMPA)	augusto@impa.br
Evaldo M. F. Curado (CBPF)	evaldo@cbpf.br
Leandro P. R. Pimentel (UFRJ)	lprpimentel@gmail.com
Maria Eulália Vares (UFRJ)	eulalia@im.ufrj.br
Nuno Crokidakis (UFF)	nuno@mail.if.uff.br
Simon Griffiths (PUC-Rio)	simon@mat.puc-rio.br

Realização:



Apoio:



www.im.ufrj.br/~coloquiomea/