
CADERNO DE RESUMOS

I Workshop da SBM de Mulheres na Matemática

Universidade Estadual de Maringá, Campus de
Maringá

02 a 04 de outubro de 2024

Referências:

1. Fall, M. M., Weth, T. *Critical domains for the first nonzero Neumann eigenvalue in Riemannian manifolds*. The Journal of Geometric Analysis, 29(4), 3221-3247 (2019).
2. Luzzini, P.; Provezano, L.; Stubbe, J. *The First Grushin Eigenvalue on Cartesian Product Domains*. Advances in Calculus of Variations. 2023.

6.5 MATEMÁTICA APLICADA

1. **Título:** A vector-host dengue fever model with antibody and viral load dynamics.

Autores: Débora O. Medeiros, M. Soledad Aronna e Paulo Amorim - FGV.

Resumo: Dengue fever is a viral infection transmitted from human to human by the *Aedes aegypti* mosquito. It is a significant public health concern in many parts of the world due to its increasing geographical spread and the resulting higher incidence of the disease. There are different modeling approaches in dengue epidemiological studies (Aguiar et al., 2022). We aim to study reinfections caused by different serotypes, a phenomenon called Antibody Dependent Enhancement (ADE), in which preexisting antibodies can enhance the new infection. To this end, we present an initial model that considers the microscopic dynamics (viral load and antibodies of a single serotype) in a system of macroscopic compartmental equations (Gulbudak, 2020). We implemented the model and the numerical results indicate that it represents the dynamics of dengue infections.

Referências:

1. Aguilar, M. et al. Mathematical models for dengue fever epidemiology: A 10-year systematic review. *Physics of Life Reviews*, v. 40, p. 65-92, 2022.
2. Gulbudak, H. An immuno-epidemiological vector-host model with within- vector viral kinetics. *Journal of Biological Systems*, v. 28, n. 02, p. 233-275, 2020.

2. **Título:** Explorando a Análise Topológica de Dados na Biologia.

Autora: Edmara Viana da Silva - USP.

Resumo: Este trabalho tem como objetivo explorar as aplicações da Análise Topológica de Dados (TDA) na biologia, com foco em dados de expressão gênica relacionados ao câncer. A TDA emprega conceitos de topologia algébrica para analisar dados complexos de maneira robusta, preservando suas propriedades estruturais essenciais. Uma das técnicas principais dessa abordagem é a homologia persistente, que permite identificar e acompanhar a evolução de padrões topológicos, como ciclos e componentes conectados, à medida que um parâmetro de filtração é ajustado.

Neste estudo, propomos desenvolver novas filtrações adaptadas especificamente à análise de dados biológicos, buscando melhorar a detecção de padrões que possam auxiliar na compreensão das dinâmicas associadas ao câncer. Ao aplicar filtrações, como Čech e Vietoris-Rips, pretendemos capturar diferentes aspectos da organização topológica dos dados, oferecendo uma visão mais profunda sobre sua estrutura interna. Embora a pesquisa ainda esteja em uma fase inicial, o projeto tem potencial para trazer contribuições significativas à biologia computacional, aprimorando a modelagem matemática de grandes volumes de dados biológicos.

Referências:

1. Abdullahi, Muhammad Sirajo et al. Persistent Homology Identifies Pathways Associated with Hepatocellular Carcinoma from Peripheral Blood Samples. *Mathematics*, v. 12, n. 5, p. 725, 2024.
2. Bukkuri, Anuraag; Andor, Noemi; Darcy, Isabel K. Applications of topological data analysis in oncology. *Frontiers in artificial intelligence*, v. 4, p. 659037, 2021.
3. Dey, Tamal Krishna; Wang, Yusu. *Computational topology for data analysis*. Cambridge University Press, 2022.
4. Loughrey, Ciara F. et al. The topology of data: opportunities for cancer research. *Bioinformatics*, v. 37, n. 19, p. 3091-3098, 2021.

3. **Título:** Aperfeiçoamento da Fatoração em Algoritmo de Criptografia Assimétrica: Uma Abordagem Híbrida Utilizando Redes Neurais e Métodos Tradicionais.

Autor: Felipe Jordão Silva - UEM, Campus de Maringá.

Resumo: O presente trabalho tem como objetivo apresentar uma abordagem alternativa para otimizar o processo de fatoração de chaves públicas que utilizam criptografia RSA, através de uma união de técnicas de aprendizado de máquina e métodos tradicionais de fatoração.

Este estudo propõe uma metodologia híbrida através da aplicação de um rede neural para prever fatores primos candidatos, complementada por um algoritmo de verificação de primalidade probabilístico. Uma comparação de desempenho entre métodos é realizada, avaliando eficácia e eficiência computacional. O experimento foi conduzido utilizando um conjunto de 1.000 chaves RSA com tamanhos variando de 512 a 2048 geradas aleatoriamente.

Nossos resultados demonstram que a abordagem proposta pode oferecer melhorias significativas no tempo de fatoração em comparação com métodos tradicionais (80.52%), especialmente para chaves de tamanho moderado, o desempenho demonstrado pelo