

MODELAGEM DE ESPALHAMENTO DA DENGUE ATRAVÉS DE AUTÔMATOS CELULARES

Bruno Eduardo Soares¹, Rogério Luís Rizzi²

^{1,2}Universidade Estadual do Oeste do Paraná

{¹bruno_soares_90, ²rogeriorizzi@hotmail.com}@hotmail.com

O objetivo deste trabalho foi compreender e implementar métodos de propagação de doenças de modelagem compartimental, com enfoque no modelo da dengue. Foram construídos quatro modelos: SIR [White et al., 2007], SIRS, SIRC e o modelo da dengue [Yang e Ferreira, 2008], desconsiderando dinâmica vital. Os modelos são ditos compartimentais por separarem os indivíduos em diferentes compartimentos, de acordo com a situação de cada um em relação à doença. Utilizou-se a linguagem Java para a implementação, o que resultou em problemas quanto a eficiência computacional, perda na precisão e perda na conservatividade. O primeiro problema foi resolvido utilizando uma abordagem com várias *threads* (fluxos de execução) para resolução dos cálculos. O segundo e terceiro problemas foram resolvidos por uma apropriada discretização ao final das iterações.

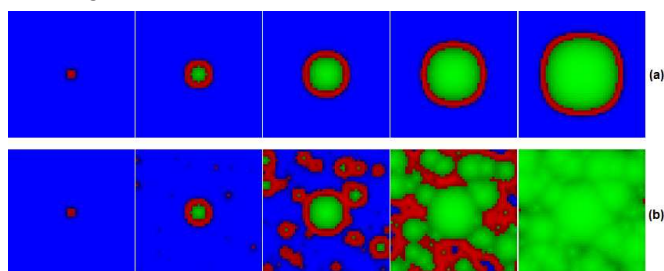


Figura 1: Propagação no modelo SIR concêntrica (a) e em RMP (b)

As diferentes populações e a interação entre os indivíduos, para cada modelo, foram modeladas através de autômatos celulares

(ACs), que são sistemas determinísticos, espacialmente e temporalmente discretos, caracterizados pela interação local de seus componentes e por uma forma de evolução paralela. A Figura 1 exemplifica uma propagação utilizando o modelo SIR (1a) sem contatos em longa distância e (1b) com contatos em longa distância (Redes de mundo Pequeno - RMP).

Os indivíduos suscetíveis são representados na cor azul, os infectados na cor vermelha e os removidos/recuperados na cor verde. Na Figura 1a nota-se que o espalhamento é concêntrico, por só haver contato entre células vizinhas. Já na Figura 1b isso não ocorre, devido às ligações de longa distância. Mesmo utilizando apenas 2% de ligações não locais, a forma com que a doença se espalhou por RMP é diferente, infectando os indivíduos de forma mais rápida, a notar pelo maior número de infectados e removidos a partir do segundo quadro.

O modelo de [Yang e Ferreira, 2008] separa os indivíduos em três classes de população, sendo elas a população de humanos, mosquitos na fase alada e mosquitos na fase aquática (Figura 2).

Em sua construção, não foi utilizado dinâmica vital e, conseqüentemente, desconsiderou-se a população de mosquitos

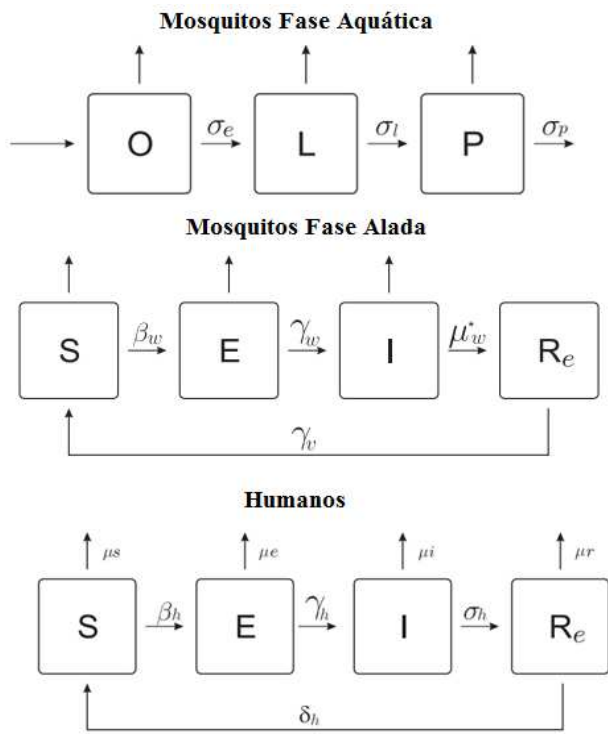


Figura 2: Representação compartimental do modelo da dengue

na fase aquática, objetivando evitar a geração de novos mosquitos, mantendo assim a conservatividade do modelo. Se essa população não fosse zerada, novos mosquitos iriam surgir sem que outros deixassem de existir, e a conservatividade do modelo iria ser prejudicada. A Figura 3 ilustra um espalhamento da dengue, utilizando 200 iterações.

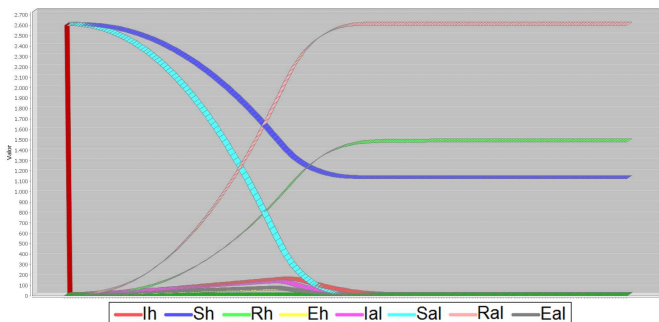


Figura 3: Trajetórias das soluções para os distintos estados das populações humana (Ih, Sh, Rh e Eh) e de

As linhas na vertical representam a população de mosquitos na fase aquática, que tá fixada em zero. Pode-se notar que, conforme a população de suscetíveis alados decresce (linha azul clara), a população de removidos alados cresce (linha rosa clara), da mesma forma que acontece com os indivíduos da população humana. Enquanto a população humana de indivíduos suscetíveis decresce (linha azul escura), a população de removidos humanos aumenta (linha verde clara). As linhas cinza e amarela representam os indivíduos latentes (possuem a doença, mas não são capazes de transmiti-la), das populações de mosquitos alados e humanos, respectivamente, que estão próximas uma da outra. As linhas vermelha e rosa escuro representam os indivíduos infectados, para as populações de humanos e mosquitos alados, respectivamente.

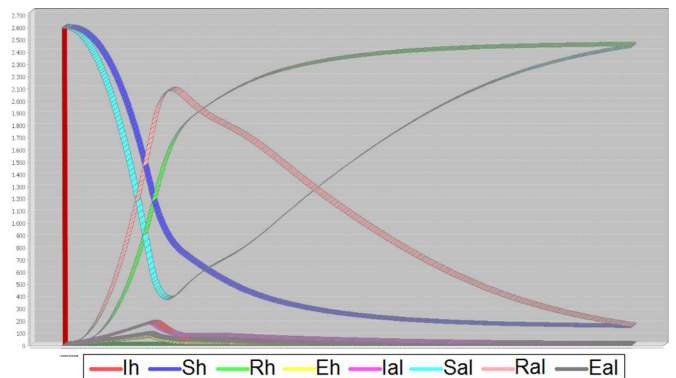


Figura 4: Trajetórias das soluções para os distintos

A Figura 4 mostra outro exemplo de espalhamento da dengue, utilizando os mesmos parâmetros, para 500 iterações, apenas alterando a taxa de renovação de mosquitos para 0.02. Nota-se que, mesmo com uma baixíssima taxa de renovação de mosquitos, o comportamento da propagação muda bastante em relação à situação em que

essa taxa é zerada. Até as iterações de número 50-80, o comportamento de ambos os gráficos (Figura 3 e Figura 4) é praticamente o mesmo. Porém, quando se usa taxa de renovação, nota-se que o número de indivíduos suscetíveis da população humana demora muito mais tempo para se estabilizar, após decrescer consideravelmente em relação ao exemplo anterior. Consequentemente, o número de removidos humanos cresce na mesma proporção. O número de mosquitos suscetíveis decresce até o momento em que a infecção está "em alta" e, logo depois que essa começa a decrescer, o número de suscetíveis alados volta a aumentar, lentamente (devido à baixa taxa de renovação), diminuindo o número de mosquitos removidos na mesma proporção.

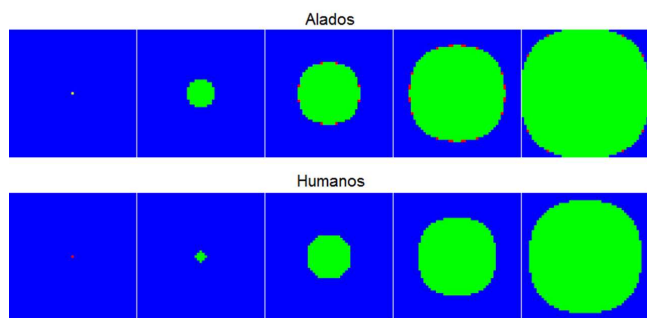


Figura 5: Espalhamento espacial da Dengue referente à Figura 3

As Figuras 5 e 6 mostram o espalhamento de forma espacial da doença, referente aos gráficos apresentados nas Figuras 3 e 4, respectivamente.

Em todas as situações o espalhamento da doença é dado de forma concêntrica, por haver apenas interação local entre os indivíduos. Ou seja, apenas os indivíduos de células adjacentes se relacionam. Pelas Figuras 5 e 6 percebe-se o espalhamento da doença

pelo número crescente de indivíduos recuperados. Embora em alguns quadros não apareçam indivíduos infectados, não significam que estes estão extintos. Ocorre que, para cada célula, a cor atribuída é a do compartimento referente ao maior número de indivíduos. Dessa forma, em alguns casos, sempre o número de indivíduos recuperados é maior que o de infectados, predominando assim a cor verde sobre a vermelha.

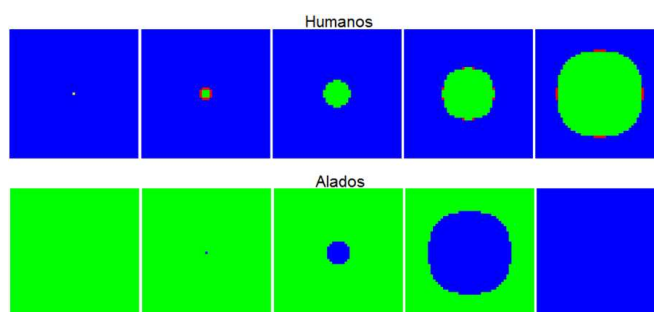


Figura 6: Espalhamento espacial da Dengue referente à Figura 4

Na Figura 6 nota-se que, após todos os indivíduos terem sido contaminados e recuperados da doença, estes voltam ao seu estado suscetível novamente. Verifica-se que os indivíduos renovados não são novamente contaminados com a doença. Isso ocorre pois este modelo possui apenas uma cepa da doença.

O modelo da dengue implementado, embora eficiente e conservativo, não representa apropriadamente o espalhamento da doença devido à inadequação de alguns parâmetros, que foram obtidos da literatura técnica disponível, principalmente de Yang e Ferreira (2008). Outros fatores inexistentes no modelo são a topologia, a demografia e os aspectos ambientais, que influenciam na reprodução dos

mosquitos e na propagação da doença. Espera-se futuramente calibrar o modelo, buscando os valores adequados de todas as variáveis e adicionar os fatores comentados acima, integrando este modelo ao SIGDENGUE.

Agradecimentos: Programa de Apoio a Núcleos e Excelência (Projeto No 0550030/2010 " 7, CNPq, PRONEX-Dengue).

Referências Principais

WHITE, S., DELREY, A. SÁNCHEZ, G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. **Proceedings of the Royal Society A**, Londres, v. 115, pp. 700-721, 1927.

YANG, H. M., FERREIRA, C. P. **Assessing the effects of vector control on dengue transmission**. Applied Mathematics and Computation, v. 198, pp. 401-413, 2008.