

# SISTEMA PARA SIMULAÇÃO E ANÁLISE COMPUTACIONAL DE MODELOS EPIDEMICOS

<sup>1</sup>Elaine Fernandes Ferreira, <sup>2</sup>Eduardo Rizzo, <sup>3</sup>Camila Christine de Souza e <sup>4</sup>Roosevelt da Silva

<sup>1,2,3,4</sup>Universidade do Vale do Paraíba – Faculdade de Ciência da Computação  
Av. Shishima Hifumi, 2911 CEP 12244-000 São José dos Campos – SP – Brasil,  
elaine\_fferreira@yahoo.com.br

**Resumo** – A possibilidade de utilizar simulações computacionais para prever a dinâmica de agentes patogênicos é interessante do ponto de vista preventivo, pela facilidade de avaliar a evolução do agente sob diversas influências, contribuindo na tomada de decisões previamente avaliadas *in silico*. O presente trabalho reporta um sistema desenvolvido (Epidemio 1.0), capaz de realizar simulações de epidemias progressivas, fornecer resultados da evolução de agentes patogênicos de forma gráfica e analisa-los de modo a decidir a ocorrência ou não de uma epidemia. O sistema foi desenvolvido utilizando a linguagem de programação *Java* e o sistema de banco de dados *MySQL 5.0*. O modelo SIR (Suscetíveis – Infectados - Recuperados) foi empregado como modelo epidemiológico, considerando somente a influência local para a mudança de estados de cada sítio da rede. Para simular a dinâmica da doença foi utilizado o método Monte Carlo. O sistema é importante para abordar estudos desta natureza devido sua praticidade na introdução dos parâmetros de entrada e pela facilidade de acompanhar a evolução das simulações em tempo real.

**Palavras-chave:** Epidemiologia, Simulações de Sistemas Biológicos, Método Monte Carlo.

**Área do Conhecimento:** Ciências Exatas e da Terra.

## Introdução

Epidemiologia é uma área da ciência que permite extrair diversas informações associadas à dinâmica de agentes patogênicos e a hospedeiros envolvidos num determinado meio. É possível identificar sua história natural e seu mecanismo de propagação de forma a estabelecer estratégias para que medidas preventivas sejam aplicadas com sucesso.

Existem basicamente dois tipos de epidemias: epidemias maciças e epidemias progressivas. A primeira é caracterizada pela exposição simultânea (ou quase simultânea) da população ao agente etiológico. Já as epidemias progressivas as infecções são transmitidas de pessoa a pessoa ou de animal a animal, de modo que os casos identificados não podem ser atribuídos a agentes transmitidos a partir de uma única fonte [1].

Entender o comportamento dinâmico de epidemias é de fundamental importância no que diz respeito à sua evolução, estabilidade e controle, embora seja difícil descrever a maior parte dos fenômenos naturais devido à quantidade de parâmetros envolvidos, efeitos de escala, e pela elevada subjetividade que geralmente não ocorre nos modelos matemáticos tradicionais determinísticos [2].

Em estudos epidemiológicos via simulações computacionais, é necessário representar as interações intrínsecas de uma população e seus elementos em um modelo capaz de determinar as

possíveis regras de transmissão a serem adotadas para que o espalhamento de uma epidemia ocorra efetivamente de acordo com o que se observa na natureza [3]. Há diversos tipos de sistemas definidos por redes de contato capazes de modelar uma particular epidemia. Uma delas é a tradicional rede regular envolvendo somente contatos locais, onde cada indivíduo tem um número e intensidade de contatos experimentados igualmente e localizados, isto é, as interações ocorrem somente entre os vizinhos na rede. Num outro tipo, redes não locais, cada indivíduo ou sítio da rede pode interagir com qualquer outro sítio (extremo a extremo) com a mesma probabilidade.

Há dois tipos de modelos que geralmente descrevem o tipo de epidemia a ser estudada. Eles são classificados por modelos tipo SIS e SIR, sendo que as letras S, I e R dos modelos denotam:

- S – susceptíveis
- I – infectados
- R – recuperados

Os modelos tipo SIS consideram apenas indivíduos cujo estado pode variar entre susceptível ou infectado. As doenças neste modelo não criam estados recuperados, visto que a recuperação de um indivíduo após uma infecção não resultará em mudança da susceptibilidade à doença [4]. Já os modelos tipo SIR consideram indivíduos que podem adquirir imunidade temporária ou completa e que por essa mesma razão podem pertencer definitivamente ou temporariamente ao um grupo de recuperados (R).

O primeiro modelo SIR (Suscetíveis – Infectados - Recuperados) foi desenvolvido por Kermack e McKendrick [5], cujas equações que representam o modelo são descritas abaixo:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -aSI + c(I + R) \\ \frac{dI}{dt} = -aSI - bI - c \\ \frac{dR}{dt} = bI - cR \end{cases} \quad (1)$$

sendo  $a$  o coeficiente de transmissão,  $b$  o coeficiente de recuperação e  $c$  o coeficiente de mortalidade e de natalidade. Os indivíduos considerados recuperados são imunes, e os infectados são automaticamente infectantes.

Modelos baseados em autômatos celulares podem ser empregados para estudar o avanço de uma epidemia em um modelo tipo SIR [6]. Tais modelos podem incorporar tanto interações locais como não locais. A interação local ocorre devido à influência exercida pelos vizinhos infectados sobre os indivíduos susceptíveis do sistema, e as interações globais, que têm igual probabilidade de entrar em contato entre si, ocorrem a fim de possibilitar a disseminação da epidemia por outras regiões da rede, distantes da onda local de infectados. Dessa maneira, a probabilidade de um indivíduo tornar-se infectado pode ser modelada como uma função envolvendo fatores globais e locais,

$$p_S = \Gamma p_G + \Lambda p_L \quad (2)$$

onde  $0 \leq p_S \leq 1$  e  $\Gamma$  e  $\Lambda$  são respectivamente parâmetros utilizados para se ajustar as interações globais (longa distância – tipo campo médio) e locais (formação de clusters) [7] entre indivíduos de uma mesma população, tal que  $\Gamma + \Lambda = 1$ . Assim, para descrever a evolução temporal e espacial de um processo, a função probabilidade formal, variando de sítio a sítio, deve ser descrita em função de parâmetros similares aos relacionados na expressão abaixo:

$$p_i = p_i(\sigma_{i,j} J_{i,j}, \xi_{i,j}, \mu) \quad (3)$$

onde  $i$  e  $j$  rotulam sítios da rede;  $J_{i,j}$  descreve o tipo de interação entre os sítios  $i$  e  $j$  (em geral  $J_{ij} \neq J_{ji}$ ) isto é, descreve como o sítio  $j$  influencia o sítio  $i$  (a soma sobre  $j$  determinando a influência de todos os vizinhos  $j$ 's relevantes); o fator  $\sigma_{i,j}$  pode assumir valores 1, se sua conectividade existe (por exemplo se os vizinhos são susceptíveis) e 0, quando não há conectividade (vizinhos imunes); o termo  $\xi_i$  representa características específicas do sítio  $i$ , como grau de susceptibilidade e, finalmente,  $\mu$  descreve a ação global sobre o sistema. Neste trabalho em especial, o modelo para a difusão epidêmica considera apenas a

influência de fatores locais, isto é,  $\Gamma$  igual a zero na Eq.2. A probabilidade de um indivíduo se tornar infectado e doente é dependente apenas dos contatos entre primeiros vizinhos. Assim, se um sítio vazio (susceptível) possui  $n$  vizinhos contaminados (primeiros vizinhos), e se sua chance de contágio para cada vizinho contaminado for  $\lambda$ , então a probabilidade  $p_L$  dele se transformar em um enfermo (através de  $n$  contatos efetivos) é dada por:

$$p_L = 1 - (1 - \lambda)^n \quad (2)$$

onde  $\lambda \in [0,1]$ , representa a probabilidade de contaminação por indivíduo infectado, isto é através de um único contato efetivo com um primeiro vizinho contaminado. O mecanismo pelo qual os agentes infectantes se propagam é tratado essencialmente de forma estocástica, sendo a chance por unidade de tempo de um indivíduo da população de susceptíveis se contagiar dependente somente da configuração vizinha de indivíduos infectados. A evolução temporal do sistema é determinada pelo método Monte Carlo.

A primeira versão deste sistema desenvolvido foi direcionada a estudos de epidemias do tipo progressivas. Em particular, um modelo para a doença da tuberculose foi considerado visando principalmente avaliar a plataforma do sistema desenvolvido, sem destacar em si a dinâmica da doença.

## Materiais e Métodos

O sistema Epidemio 1.0 foi construído utilizando o conceito de orientação a objeto por meio da linguagem Java e o Banco de Dados MySQL 5.0. Para a criação do sistema foi analisado diversas epidemias de modo que a arquitetura final do sistema fosse devidamente preparada para receber as variáveis comumente esperadas para os estudos.

Para a concepção do sistema foi necessário classificá-lo em dois módulos:

O primeiro trata-se basicamente da execução propriamente dos algoritmos de Simulações dos Modelos Epidêmicos e da exibição gráfica da dinâmica de uma epidemia para uma população de  $n$  indivíduos. Este módulo exige a implementação de modelos matemáticos de epidemias, o método Método de Monte Carlo e a Análise de Vizinhança.

Na simulação, os parâmetros de entrada de epidemia progressiva desta primeira versão são: número da população, número de infectados presentes no modelo, fatores socioeconômicos (implica em diferentes valores de  $\lambda$ ), quantidade de ciclos a serem analisados e tempo de vida da doença no organismo do indivíduo (número de

ciclos necessários para o indivíduo se tornar imune). Todos esses fatores podem influenciar na progressão ou recuo de uma epidemia e são considerados pelo sistema.

#### Arquitetura do Sistema

No modelo considerado, a dinâmica da população de indivíduos é governada pelas seguintes regras de interação:

- Qualquer indivíduo susceptível pode tornar-se infectado com uma probabilidade  $P_S$  (definida pela Eq.2).
- Indivíduos infectados tornam-se imunes depois de  $k$  ciclos.
- Uma vez na classe de indivíduos recuperados eles não participam do espalhamento da doença por um período determinado.

Baseado nestas regras, a arquitetura do atual sistema foi definida considerando os elementos abaixo:

1. Topologia da rede - vários tipos de contatos na rede foram considerados. Neste estudo somente primeiros vizinhos foram tratados.
2. Distribuição da população - três possíveis casos foram considerados:
  - 1) Aleatório - A população é distribuída de forma em que os infectados ou infectantes poderão assumir qualquer lugar na vizinhança.
  - 2) Centralizado: A população é distribuída de forma com que os infectados ou infectantes sejam centralizados na vizinhança, eliminando ao máximo os sítios vazios.
  - 3) Cada um dos cantos: A população é distribuída nos cantos da vizinhança.
3. Rede Bidimensional – cada sítio descreve um indivíduo.
4. Parâmetros avaliados na decisão dos estados: números de infectados, número de infectantes, número da população, tipo de distribuição (descrita no 2º item), fator de conectividade – 0 ou 1 (0 – não susceptível, 1 – susceptível), fator de influência (quanto um infectado ou um grupo de infectados podem influenciar um infectante – parâmetro  $\lambda$ ).

#### Geração das Configurações do Sistema

O sistema gera inicialmente uma população de indivíduos infectados, distribuídos aleatoriamente numa rede bidimensional de  $k$  sítios, onde cada sítio representa um indivíduo particular ou um

grupo de indivíduos. Cada novo estado de um sítio é alterado de acordo com o método Monte Carlo, onde cada passo é definido conforme o procedimento a seguir:

1º - Escolha-se um indivíduo  $i$  da rede aleatoriamente.

2º - Analisa-se se  $i$  é susceptível. Se for realiza-se a verificação de todos os indivíduos vizinhos e conta-se a quantidade de indivíduos infectados vizinhos (valor de  $n$  da Eq.2). Se  $n_i > 0$  o próximo passo é executado e caso contrário inicia-se novamente o passo 1.

3º - Calcula-se a probabilidade de infecção do sítio a partir da Eq.2, considerando  $\lambda=0.3$  (chance de um indivíduo com tuberculose contaminar uma pessoa saudável [8]).

4º - Sorteia-se um número randômico  $r_i$ .

5º - se  $p_L \geq r_i$ , altera-se então o estado do sítio  $i$  para infectado. Caso contrário o indivíduo continua como não infectado.

7º - Retorna-se ao primeiro passo até a quantidade de ciclos definidos previamente pelo usuário ser alcançada.

O segundo módulo trata-se da Análise das simulações relacionadas pelo Modelo Epidêmico considerado, onde é possível, baseado num banco de dados do tipo da epidemia estudada, avaliar os resultados da simulação, informando numericamente o status da epidemia. Os dados foram armazenados num banco de dados tipo MySQL 5.0 e depois gráfica dos usando a planilha do Excel.

#### Resultados e Discussão

Os resultados obtidos a partir do protótipo desenvolvido revelam pleno funcionamento da parte gráfica envolvendo a entrada dos parâmetros e da visualização da dinâmica das simulações (ver Fig.1). O sistema permite conferir através de um mapa bidimensional de três cores (vermelho doente, laranja infectado e azul saudável) a evolução ou recuo de uma particular epidemia.

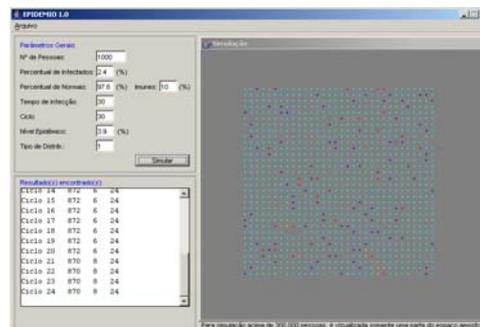
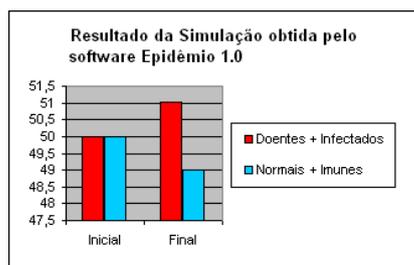


Fig. 1 - Interface gráfica do sistema Epidemio 1.0. Os campos do topo a esquerda da interface contem as caixas que permitem introduzir os parâmetros de entrada necessários para a simulação. A direita é mostrado a dinâmica das simulações identificadas através de um mapa bidimensional de três cores

(vermelho-doente, laranja-infectado e azul-saudável) que é atualizado a cada ciclo de passos Monte Carlo. Na base a esquerda são mostrados resultados numéricos envolvendo os parâmetros de análise das simulações até o passo corrente.

O sistema gera arquivos de saída contendo informações dos resultados iniciais e finais da simulação. Na Fig.2 é apresentado um gráfico obtido a partir de um arquivo gerado pelo sistema ao término da simulação, contendo o número de indivíduos doentes-infectados e normais no início e ao término das simulações.



**Fig.2** – Distribuição do número de indivíduos normais e doentes infectados no início e término das simulações.

Considerando  $\lambda=0.3$ , para uma população de 1000 indivíduos, após 30 ciclos não foi possível observar nenhuma ocorrência de epidemia a partir do modelo da tuberculose aqui considerado. Obviamente que o número de indivíduos e a quantidade de ciclos estipuladas acima foram usados somente como um teste preliminar, os quais posteriormente serão devidamente testados resultados da simulação possam ser comparados com dados reais fornecidos pela secretaria da saúde.

#### Pretensões Futuras

Pretende-se obter um sistema que seja robusto o suficiente para que estudos de diferentes modelos epidêmicos sejam facilmente realizados. Para isto, será necessário construir uma interface interativa capaz de ser modulada diretamente conforme os requisitos desejados pelo usuário. Além disso, os gráficos envolvendo as análises das simulações devem ser também obtidos diretamente do sistema.

Finalmente, o sistema deve também incorporar um banco de dados ou informações de diversas epidemias de modo que todas as decisões da dinâmica do modelo e das análises sejam feitas a partir das mesmas.

#### Conclusão

A partir do protótipo do sistema desenvolvido é possível avaliar graficamente a dinâmica de epidemias do tipo progressivas considerando somente a influência local para a propagação da

mesma. O sistema permite a decisão do usuário para a geração da distribuição populacional inicial do tipo aleatória ou centralizada e a introdução de parâmetros do modelo diretamente a partir da interface.

Embora não tenha sido possível ainda testar plenamente a dinâmica da tuberculose, epidemia aqui sugerida como teste preliminar do sistema desenvolvido, pode-se observar que a interface para visualizar a evolução temporal e espacial desta epidemia, isto é, sua dinâmica, satisfaz os objetivos iniciais pretendidos até o momento para este trabalho.

#### Referências

- [1] E. A. Waldman e S. L. D. Gotlieb. *Glossário de epidemiologia*. Informe Epidemiológico do SUS. 7: 5-27, 1992.
- [2] M. B. F. Leite. Heterogeneidade Populacional e Fatores Abióticos na Dinâmica de uma Epidemia. Tese de Doutorado, IMECC-UNICAMP, 1999.
- [3] H. F. Gagliardi e D. Alves. *Redes Complexas e Modelagem de Epidemias*. Anais do Congresso Nacional de Matemática Aplicada Computacional, 2005.
- [4] L. J. S. Allen. *An Introduction to Stochastic Processes with Applications to Biology*. Prentice Hall, Upper Saddle River, New Jersey, 2003.
- [5] W.O. Kermack e A.G. McKendrick. *A contribution to the mathematical theory of epidemics*. Proceedings of the Royal Society of London Series A **15**, 700 -721 (1927).
- [6] L.R. Emmendorfer e L.A.D. Rodrigues. *Um modelo de Autômatos Celulares para o Espalhamento Geográfico de Epidemias*. Tendências em Matemática Aplicada e Computacional **2**, 73-80 (2001).
- [7] R. M. Anderson and M. R. May. *Infectious Diseases of Humans*. Oxford University Press, Oxford, 1991.
- [8] Exemplo do contágio e da probabilidade de Infecção da doença Tuberculose. Disponível em: [http://www.pfizer.pt/saude/inf\\_doen\\_aerea.php](http://www.pfizer.pt/saude/inf_doen_aerea.php). Acesso em: 18.mai.2006.