

Desenvolvimento de Autômato Celular Probabilístico para Estudar a Transmissão e Espalhamento de Dengue

Thiago Rufim de Moraes Pessoa¹, Henrique Fabricio Gagliardi¹, Domingos Alves^{1,2}

¹Laboratório Interdisciplinar de Computação Científica (LICC-COC) – Faculdades COC – Rua Abrahão Issa Hallack, 980 – 14096-160 – Ribeirão Preto – SP – Brasil.

²Universidade Católica de Santos (UNISANTOS) – Dr. Carvalho de Mendonça, 144 – Vila Mathias – 114050-401 – Santos – SP – Brasil.

{thiagormp, henrique_gagliardi}@yahoo.com.br, quiron@coc.com.br

Abstract. Epidemic spread models are devised for a number of reasons. Epidemiologists want to create simple models where they can test the impact of specific parameters on an epidemic's overall behavior. Computer scientists however, might want to create a software package that accurately depicts the behavior of epidemics as seen in nature. The latter is the motivation for this work. We study the spreading of the Dengue epidemic, in a host population, based on a Probabilistic Cellular Automata Model. The transmission rules that define this model, allowed simulate spatial patterns for this epidemic how: the mobility of the vector and the host populations, and the vector population variation due the control strategies. These transmission rules allow us to compare these simulations with disease real data available in a city digital map.

Resumo. Modelos de espalhamento de epidemias são projetados por inúmeras razões. Os epidemiologistas desejam criar modelos simples em que possam testar o impacto de parâmetros específicos do comportamento de epidemias. Cientistas da computação, entretanto, querem criar um pacote de softwares que tratem da epidemia como observadas na natureza. Esta última é a motivação deste trabalho. Estudamos o espalhamento da epidemia de Dengue em uma população de hospedeiros, baseado em um modelo de autômato celular probabilístico. As regras de transição que definem esse modelo permitem simular padrões espaciais dessa epidemia como: a mobilidade (e/ou agregação) do vetor e dos hospedeiros, ou as variações na população de mosquitos devido as estratégias de controle adotadas. Estas regras de transição permitem comparar as simulações com os dados reais da doença disponibilizada em um mapa digital da cidade.

1. Modelo Compartmental de Transmissão da Dengue

A dengue é uma doença comum nas regiões tropicais do mundo e é causada por um arbovírus. A sua transmissão para as populações humanas (os hospedeiros), de todas as idades e de ambos os sexos, é realizada somente pela fêmea adulta do mosquito *Aedes aegypti* (o vetor). O ciclo epidemiológico inicia-se após um indivíduo infectante (apresenta o vírus no estágio de contágio) ser picado pelo vetor, neste momento o vetor torna-se infectado com o vírus da dengue, o mosquito nunca se recupera da infecção e deixa de infectar novos hospedeiros somente com sua morte. Para descrever a dinâmica de transmissão do vírus da dengue dentro da comunidade de hospedeiros, é necessário que ocorra uma interação com a população de mosquitos, classificamos os indivíduos tanto na população humana quanto na do vetor de maneira similar ao que foi concebido por Newton e Reitter [Newton e Reiter 1992]. Este modelo tem uma estrutura parecida com os modelos clássicos em epidemiologia de compartimentalização de uma população, em classes de indivíduos, de acordo com o status de doença de cada um [Anderson e May 1991]. Assim, a população pode ser modelada dividindo os indivíduos em sete compartimentos, tanto a população de hospedeiros (seres humanos) como a população de mosquito *Aedes aegypti*. A população de hospedeiros humanos com N_H indivíduos, em qualquer instante de tempo pode ser dividida nas seguintes classes: os indivíduos susceptíveis que podem ser infectados pelo vírus ($S_H(t)$), os indivíduos que foram expostos ao vírus ao serem picados, e ainda estão incubando o vírus e, portanto não infectam ($E_H(t)$), os infectantes ($I_H(t)$) e os indivíduos recuperados da infecção que adquirirão imunidade ao sorotipo ($R_H(t)$). Uma simplificação adotada aqui é a de considerar que a população total de hospedeiros

$$N_H = S_H + E_H + I_H + R_H \quad (1)$$

é mantida constante. Esta é uma hipótese realística desde que se queira modelar a infecção da população por um único sorotipo e que, portanto, não há mortalidade adicional causada pela doença (nesse caso a doença é benigna, e os indivíduos sintomáticos não são levados à morte [Yang 2003]). No caso da população de mosquitos adultos os N_V indivíduos também podem ser divididos em classes como: susceptíveis ($S_V(t)$) que não contém o vírus da dengue sendo inofensivo para a população de hospedeiros infectados, porém não infectantes ($E_V(t)$) e infectantes ($I_V(t)$). Particularmente, consideramos que os mosquitos, uma vez na classe dos infectantes permanecem nesse estado até a sua morte, já que o vírus não interfere no ciclo de vida do vetor [Yang 2003]. Diferentemente, da consideração feita sobre a população de hospedeiros, a população total de mosquitos

$$N_V = S_V + E_V + I_V \quad (2)$$

não é constante no tempo, pois o tempo de vida do mosquito varia de alguns dias a meses, muito menor do que a vida média de um ser humano. A manifestação da doença começa no exato momento que o mosquito infectado (I_V) pica um indivíduo que não tenha adquirido a doença e nem possua o vírus no seu corpo, indivíduo susceptível (S_H). A partir desse momento ele adquire a doença e passa para o estado de exposto (E_H), é neste estágio que a doença evolui ou para a forma assintomática ou para a forma clássica com os seus sintomas

(onde ocorre o aparecimento de febre, mialgias e artralgias) ou pode também ocorrer o aparecimento de sintomas mais graves como a dengue hemorrágica. Este hospedeiro permanecerá neste estado durante o período de incubação que dura por volta de 3 a 7 dias, após este período de tempo ele passará para o estado infectado (I_H), neste estado não ocorre o aparecimento de nenhum sintoma apenas ocorre a transmissão do vírus para o vetor (mosquito) caso se efetive um encontro entre este indivíduo e este esteja no estado de susceptível (S_V). O período de infectado (I_H) na população humana dura cerca de 3 a 7 dias e é chamado de período infeccioso (viremia). Após a chegada do indivíduo para o estado de recuperado (R_H) aparentemente apresenta imunidade permanente ao vírus [Gubler 1986]. Entretanto, essa imunidade por longo período é observada quando somente um tipo de vírus esta circulando na população de hospedeiros. Nunca houve um caso de uma re-infecção pelo mesmo sorotipo. A população de vetores comporta-se de maneira similar, todo vetor que atinge a fase adulta é susceptível (S_V) até que entre em contato com algum indivíduo que esteja no estado infectado (I_H). Ao efetuar a picada o vetor passa para o estado conhecido de exposto (E_V), este período corresponde ao tempo que o vírus leva para alojar-se nas glândulas salivares e efetivar a transmissão, este é o período de incubação extrínseco que varia de 7 a 10 dias [Newton e Reiter 1992]. Ao tornar-se efetivamente um transmissor da doença ele permanece infectado até a sua morte no estado de infectante (I_V)

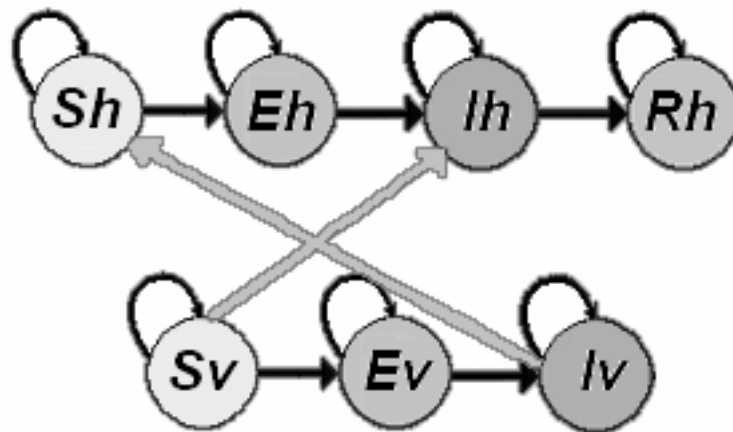


Figura 1: Modelo esquemático da transmissão da dengue representando os estágios da doença para as duas populações, onde cada seta clara representa uma interação entre as populações (picadas dos mosquitos). Como descrito no texto cada grupo populacional é dividido em compartimentos de acordo com seu estado.

A figura 1 mostra de forma esquemática a transmissão desta doença entre os compartimentos discutidos anteriormente, (nos quais são divididas as duas populações interagentes: humanos e mosquitos). As setas mais claras representam os contatos (picadas) entre os vetores e a população de humanos, e as setas (em cada população) em preto, representam a transição de estados dentro de cada população (de humanos ou mosquitos) em cada instante de tempo. Como a transição de um estado para outro depende de um período de tempo, qualquer componente deste sistema pode permanecer no mesmo estado até que este tempo passe, representado na figura 1 como as setas circulares.

A evolução temporal dessa epidemia, envolvendo todas as interações entre as populações e nelas mesmas, podem ser descrita por um conjunto de equações diferenciais [Newton e Reiter 1992]:

$$\frac{d}{dt} S_H(t) = \mu_H - [\eta_H(W3) + \mu_H] S_H(t) \quad (3)$$

$$\frac{d}{dt} E_H(t) = \eta_H(W3)S_H(t) - (\gamma_H + \mu_H)E_H(t) \quad (4)$$

$$\frac{d}{dt} I_H(t) = \gamma_H E_H(t) - (\sigma_H + \mu_H)I_H(t) \quad (5)$$

$$\frac{d}{dt} R_H(t) = \sigma_H I_H(t) - \mu_H R_H(t) \quad (6)$$

As equações descritas acima modelam a variação do número de indivíduos, em cada estágio (ou compartimento), para a população de hospedeiros em um determinado instante de tempo. A equação 3 caracteriza a variação temporal dos susceptíveis (S_H), onde o parâmetro μ_H é a taxa de mortalidade dos hospedeiros, η_H é a força de ataque (o quão os vetores são agressivos) e juntamente com a população de vetor $W3$, que está sendo considerada constante, temos a taxa de contato ($W3\eta_H$) entre os mosquitos infectante ($W3$) e hospedeiros susceptíveis (S_H), a quantidade de indivíduos que são picados pelos vetores. O parâmetro γ_H nas equações 4 e 5 representa o período de incubação do vírus no ser humano (passagem de exposto (E_H) para infectado (I_H)), e σ_H é o período de viremia (período infeccioso) que é a passagem do estado de infectado (I_H) para o recuperado (R_H), representado na figura 1, respectivamente. O comportamento destas equações pode ser visto no gráfico abaixo.

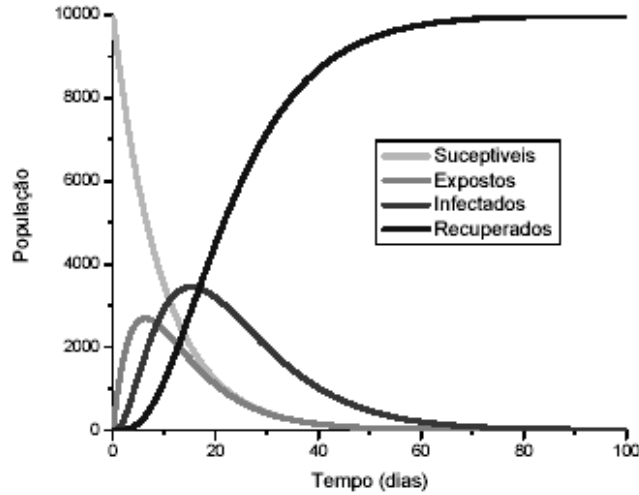


Figura 2: Gráfico mostra o comportamento das equações diferenciais em função do tempo para a população de hospedeiro com a população de vetores constante com $W3 = 100$, $\eta_H = 0.001$, $\mu_H = 0$, $\sigma_H^{-1} = 10$ e $\gamma_H^{-1} = 1/5$.

Podemos ver no gráfico da figura 2 que a doença atinge toda a população, pois no final da epidemia todos passaram para o estado de recuperado e o equilíbrio será este: toda a população ficará recuperada e não restará nenhum indivíduo nos outros estágios da doença mesmo que inicialmente toda a rede seja de susceptíveis (S_H). Ainda podemos perceber, nesta figura que a curva de expostos possui um comportamento similar a curva de infectados apenas se apresenta deslocada para a esquerda demonstrando a ordem de evolução da doença.

Como o intuito deste trabalho é a construção de um autômato celular probabilístico para a dengue, a seguir discutimos a construção efetiva do autômato com todas as regras de transição envolvidas.

2. Autômatos celulares

Os autômatos celulares foram introduzidos, em 1940, pelos matemáticos John Von Neumann e Stanislaw Ulam. Eles se constituem basicamente de uma rede de células (ou indivíduos), chamadas de sítio. Cada sítio possui uma vizinhança a ser determinada e de acordo com estes contatos ocorrerá a mudança de estado deste sítio. Conseqüentemente a junção de todos os sítios na rede nos dá uma idéia visual de como está ocorrendo a formação de padrões espaços-temporais e por isso são muito utilizados na simulação de sistemas biológicos (processos de reprodução), fenômenos físicos (difusão), sistemas sociais (formação de comunidades) e problemas de otimização em geral. De uma maneira geral, os autômatos celulares são sistemas dinâmicos discretos cujo comportamento é completamente especificado em termos de relações locais. Usualmente os sítios são arranjados em uma rede regular, de modo que cada um deles pode assumir um conjunto discreto de estados. Uma determinada célula interage com seus vizinhos mais próximos de acordo com um conjunto regras fixas e bem definidas. O tempo também é discreto e definido através da atualização da rede, basicamente cada atualização de rede é um passo de tempo. A aplicação recursiva das regras que definem um dado problema, introduzem uma dinâmica ao sistema e geram o comportamento exibido pelos autômatos celulares. As transições entre diferentes estados dependem do estado da célula em questão, do estado de sua vizinhança e de um conjunto regras que definem a dinâmica das transições. Portanto, para a construção de um autômato temos diversos fatores que o caracterizam, e que têm de ser especificados, a saber:

- geometria da rede: que pode ser unidimensional, bidimensional ou até mesmo tridimensional. Cada sítio pode possuir um determinado formato que pode ser triangular, quadrado, hexagonal, entre outros.

- vizinhança: cada sítio possui um determinado número de vizinhos de acordo com a geometria escolhida, para exemplificar em uma rede onde os sítios possuem uma geometria quadrada, temos num total de quatro vizinhos segundo a vizinhança de Von Newman, que apenas leva em consideração os vizinhos que possuem contato direto, ou temos um total de oito vizinhos segundo a vizinhança de Moore, onde são considerados todos os vizinhos que possuem algum contato mesmo que seja efetuado pelo vértice.

- condições de contorno periódicas: como existem elementos situados nos extremos da rede, eles não possuem uma vizinhança completa. Para contornar esse problema devemos fazer que todos os sítios adquiriram uma vizinhança de formato uniforme fazendo com que, por exemplo, o elemento de um extremo torne-se vizinho do sítio localizados no extremo oposto.

- regras de transição: a evolução espacial e temporal depende principalmente de como foram definidas as regras de transição. Tais regras, efetivamente definem o modelo para o problema específico que pretendemos trabalhar. Particularmente, no modelo que vamos especificar nas próximas seções, as regras de transição estão baseadas em dois tipos de interação entre indivíduos quando consideramos o espalhamento de epidemias: a interação local, que ocorre devido à influência que os vizinhos infectados exercem sobre os indivíduos susceptíveis do sistema e o espalhamento global, no qual todos os indivíduos têm igual probabilidade de entrar em contato entre si e desta forma tornar possível que a epidemia se espalhe por outras regiões da rede que naquele momento estavam distantes da onda local de infectados.

3. O autômato celular probabilístico para a disseminação de uma epidemia

Como foi dito na sessão anterior, para a construção de um autômato celular de uma maneira geral, é necessário estabelecer as regras de transição. Para construir um modelo de disseminação de epidemia, utilizamos uma rede bidimensional (rede quadrada) onde são definidos dois tipos de contatos: o contato local e o contato global [Alves, Hass e Caliri 2002]. Assim, modelamos que uma infecção pode ocorrer a partir da superposição entre estes contatos, definida pela probabilidade de um indivíduo susceptível tornar-se infectado [Alves, Hass e Caliri 2002]:

$$p_s = \Gamma p_g + \Lambda p_l \quad (7)$$

onde $0 \leq p_s \leq 1$. Ainda, nesta equação, Γ e Λ são parâmetros utilizados para se ajustar as interações de curta (formação de clusters) e longa distância (do tipo campo-médio) entre indivíduos de uma mesma população, tal que a condição $\Gamma + \Lambda = 1$ seja satisfeita. As probabilidades p_g e p_l são as probabilidades de espalhamento global e local, respectivamente. Particularmente, a influência global é causada pelo número total de indivíduos infectados que estão na rede, isto é, devido à presença ou mobilidade de qualquer indivíduo infectado na população, e pode ser descrita através da equação

$$p_g = \frac{\rho}{N} \sum_{ij} \sigma_{ij} \quad (8)$$

onde N é a população total da rede e $0 \leq \rho \leq 1$ é o parâmetro que limita o espalhamento global. Por sua vez, a influência local depende do número de vizinhos infectados, ou seja, um contato local ocorre a partir da vizinhança de uma determinada célula, que pode conter um ou mais indivíduos infectados e desta forma, pode tornar a célula em questão infectada (se estiver no estado susceptível à doença) se o número de vizinhos infectados for maior do que zero. Caso isto seja verdade, podemos calcular a probabilidade desta célula transitar para o estado infectado por meio da seguinte equação:

$$p_l = 1 - (1 - \lambda)^n \quad (9)$$

onde $\lambda \in [0,1]$ é a probabilidade de o indivíduo susceptível tornar-se infectado devido a um único vizinho infectado. Vale a pena ressaltar que essas regras de transição são gerais e são aplicáveis quando queremos simular a disseminação de epidemias em que existem contatos entre os indivíduos da população e mobilidade destes na rede [Alves, Hass e Caliri 2002] (uma epidemia de gripe, por exemplo). Particularmente, no caso da disseminação da Dengue temos que fazer algumas alterações para considerar a população de mosquitos interagindo com a população de humanos (os hospedeiros).

4. O modelo para a disseminação da Dengue

Para a dengue, levamos em conta a interação entre as populações de vetores (mosquitos *Aedes aegypti*), e a população de hospedeiros (população humana). Em nossa maneira de modelar esta interação será dada entre dois autômatos distintos, um autômato para a população de hospedeiro e outro para a população de vetores, como pode ser visto de maneira esquemática na figura 4. Com efeito, consideramos esta uma nova maneira de modelar em que além de se definir as regras de transição entre os estados nos autômatos celulares para cada população interagente (de humanos e de mosquitos) definimos regras de interação entre esses dois autômatos.

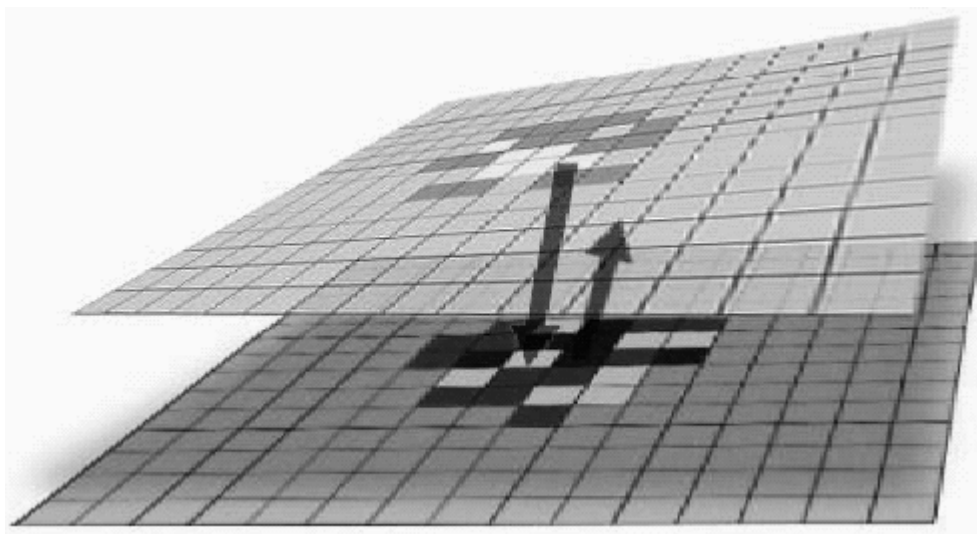


Figura 4: Representação esquemática da interação entre os autômatos de vetores e da população de hospedeiro. O autômato inferior representa os hospedeiros que seguem um determinado padrão de cores. As setas pretas são a interação entre os mesmos.

Dessa maneira, as regras para a interação são estabelecidas de maneira similar às apresentadas para as equações diferenciais e o espalhamento da epidemia na população de hospedeiros só irar ocorrer caso um vetor do outro autômato interagir com este hospedeiro (representado pelas setas pretas na figura 4). Em cada rede particular modelamos que o vetor terá uma probabilidade de espalhamento global Rom que adotaremos como sendo menor que a probabilidade de espalhamento global Roh da população de hospedeiros.

É importante destacar aqui que nesse modelo mais geral, por estarmos tratando de duas redes distintas que devem possuir um elo de ligação, a posição do sítio na rede acaba sendo o principal fator de ligação entre os autômatos. Assim, a posição geográfica do elemento na rede é o que determinará o seu elemento correspondente na outra rede. Para exemplificar o que acabamos de discutir, se o elemento estiver numa posição $[35,80]$ na rede dos vetores o seu correspondente será a área em volta do elemento $[35,80]$ na rede dos hospedeiros. Portanto, essa área será determinada pelo tamanho da vizinhança, correspondente ao raio determinado a partir do centro que será o indivíduo $[35,80]$, todos os indivíduos que estiverem dentro desse raio serão considerados para poder fazer o indivíduo alterar o seu status. Em adição, para que os indivíduos da população de hospedeiros alterem os seus estados será necessário que haja uma determinada *nuvem* de vetores infectantes (I_V) correspondentes. Assim, se houver uma determinada quantidade de vetores infectantes (I_V) os indivíduos susceptíveis passarão a ser expostos segundo uma probabilidade p_s (segundo a

equação 7) e passarão para infectados após um período de tempo determinístico (período de incubação) e os mesmos se recuperarão após um outro intervalo de tempo determinístico (período de viremia). A nuvem de vetores dependerá de seus vizinhos na sua rede e a probabilidade de espalhamento global (R_{om}) de algum outro vetor que poderá influenciar nesta transmissão (como um vetor que esteja sobrevoando um indivíduo longe de sua posição inicial), devido ao fator da sua mobilidade (p_g). Do mesmo modo temos que, para a transição de estado para os vetores, o mesmo deverá entrar em contato com um indivíduo infectado (I_H), caracterizados na figura 4 pela cor branca contida na rede dos hospedeiros, e depois de um período de tempo determinístico (tempo de exposição do mosquito) ocorrerá a mudança de estado para infectante (I_V), caracterizado na figura 4 pela cor cinza escura contida na rede de vetores.

O comportamento das duas populações pode ser representado através do gráfico abaixo.

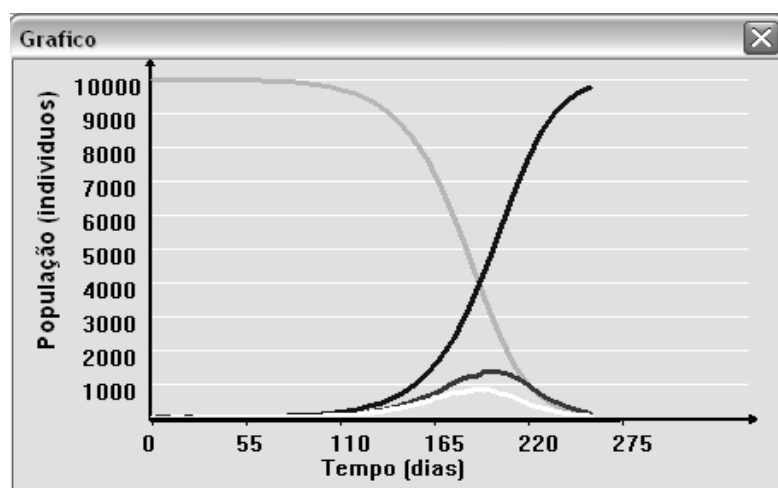


Figura 5: Gráfico obtido a partir do EpiCASim - Dengue, onde foi utilizados para a sua obtenção os parâmetros: Tamanho da rede: 100 X 100 indivíduos, Período de Incubação: 5 dias, Período infeccioso: 6 dias, Tempo de evolução do vetor: 8 dias, $R_{om} = 0.001$ e $R_{oh} = 0.01$. Cada curva representa um estado da doença segundo o esquema padrão de cores.

Com efeito, analisando o gráfico da figura 5, temos um comportamento semelhante ao modelo de equações diferenciais apresentados, visto na figura 2. Os parâmetros utilizados neste gráfico estão dentro do intervalo utilizado nas equações. Neste gráfico da figura 5 vemos tanto o comportamento para a população de humanos como a população dos vetores. A análise deste gráfico demonstra a proximidade do modelo da dengue baseado em equações diferenciais e no modelo utilizando autômato celulares. Este gráfico é apenas um resultado dos possíveis ao se estudar o desenvolvimento de epidemias utilizando-se o EpiCASim. A idéia mais geral que estamos desenvolvendo em nosso projeto, é mostrar que esse modelo é suficientemente robusto para reproduzir os resultados do modelo baseado em equações diferenciais e simular padrões espaços-temporais mais realísticos dessa epidemia.

4. EpiCASim – Dengue: um simulador para visualização de epidemias de dengue

O EpiCASim (Epidemic Celular Automato Simulator) é um software genérico que vem sendo desenvolvido junto ao grupo de Modelagem Teórica e Computacional em Biologia e Medicina do Laboratório Interdisciplinar de Computação Científica (LIICC – Faculdades COC), cujo o propósito é simular epidemias e possibilita a simulação de diversos modelos: SIR, SIRS, SITS, etc. Foi acoplado a este software um módulo desenvolvido para o modelo da dengue, modelo que foi descrito nas secções anteriores.

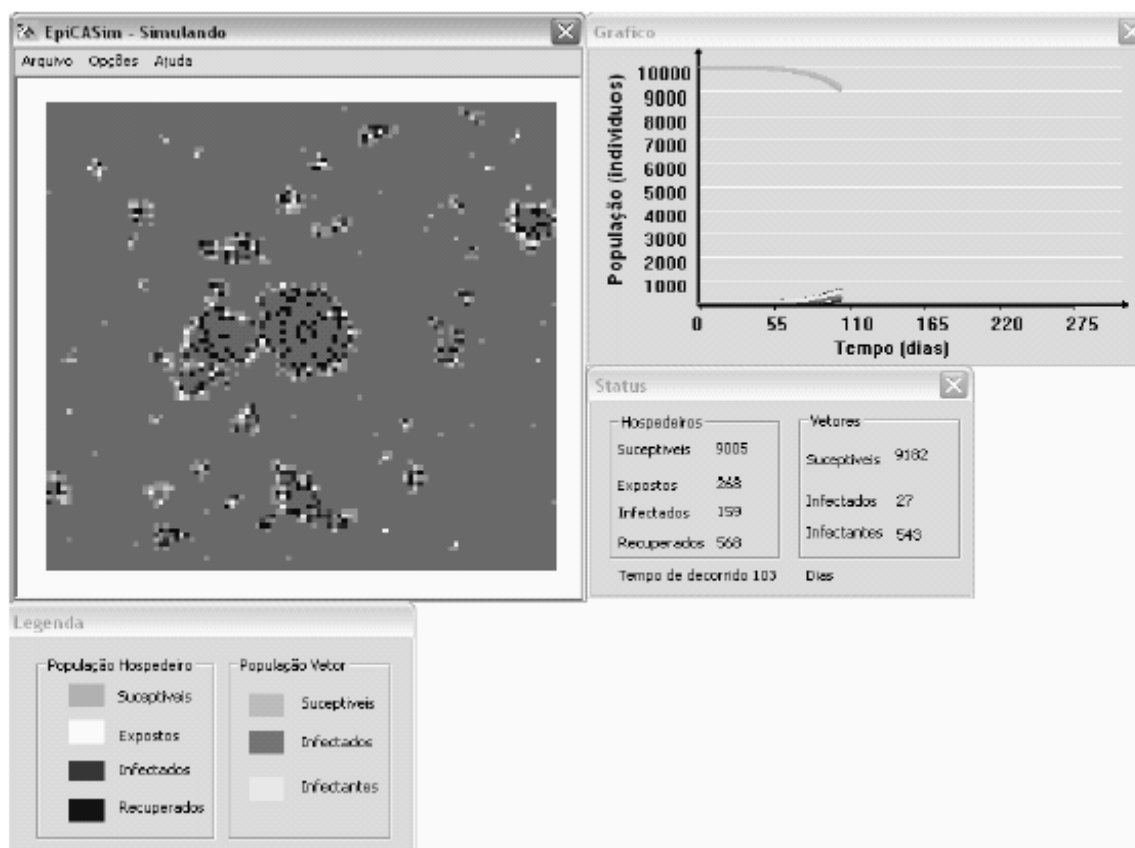


Figura 6: Vista do programa EpiCASim, onde são mostrados todos os módulos já desenvolvidos.

Como pode ser visto na figura 6, esse simulador apresenta quatro janelas independentes (principal, gráfico, status e a legenda) que estão divididas em módulos de acordo com a funcionalidade. O simulador foi dividido em diversos módulos para facilitar ao usuário o estudo dos modelos embutidos. De uma maneira geral, os quatros módulos que compõe esse simulador são:

1. O módulo de especificação que apresenta ao usuário a possibilidade de configurar os parâmetros desse modelo, como por exemplo, ajustar o tamanho da rede a ser simulada.
2. O módulo de simulação contém um temporizador, possibilitando que a atualização da rede e da animação por ela gerada não atrapalhe a operabilidade do sistema, além de possibilitar ao usuário a configuração deste temporizador, afim de que ele consiga acompanhar o desenvolvimento da simulação, possibilitando o seu entendimento.
3. O módulo de visualização permite ao usuário visualizar a dinâmica do sistema simulado em andamento por meio de uma animação gerada na parte central da janela principal do simulador. Nesta janela, o autômato celular pode ser visualizado de acordo com uma rede de indivíduos, representando cada estado possível através de uma coloração diferente, deste

modo é possível acompanhar a evolução da epidemia. Como a dengue depende de duas populações distintas (humanos e mosquitos) é necessária a sobreposição de dois autômatos no centro da janela, um para cada população sendo possível visualizar tanto os dois autômatos juntos (figura 6) como individualmente através de uma configuração do sistema.

4. O módulo de análise: apresenta ao usuário uma janela contendo um gráfico, das populações de indivíduos divididos em classes epidemiológicas, que vai sendo gerado em tempo real simultaneamente à animação da dinâmica do sistema que está sendo simulado, possibilitando ao usuário acompanhar a evolução de cada estado em um gráfico particular e outra janela contendo os dados numéricos de cada estado epidemiológico em função do tempo decorrido.

Esses módulos do simulador foram desenvolvidos para a plataforma Win32 em C++ no compilador da Microsoft, Visual C++ e a biblioteca gráfica utilizada foi o OpenGL, por apresentar facilidades na sua utilização e também pode ser compatível no Linux, onde futuramente o EpiCASim também terá um versão. Foi escolhido desenvolver esses módulos do EpiCASim em C++ porque é uma linguagem de grande utilização atualmente, e possui diversas ferramentas no mercado, e é compatível com outros sistemas operacionais como o Linux e por ser uma linguagem rápida em comparação ao Java, da Sun.

4.1. Obtendo resultados

Ao iniciar uma nova simulação é preciso primeiramente configurar alguns parâmetros como para a população de humanos o período de incubação (passagem do estado exposto para o estado infectado) e o período infeccioso (passagem do estado de infectado para recuperado). Após a configuração destes parâmetros a simulação inicia-se automaticamente, o gráfico (figura 7) vai sendo gerado em tempo real, conforme a epidemia evolui.

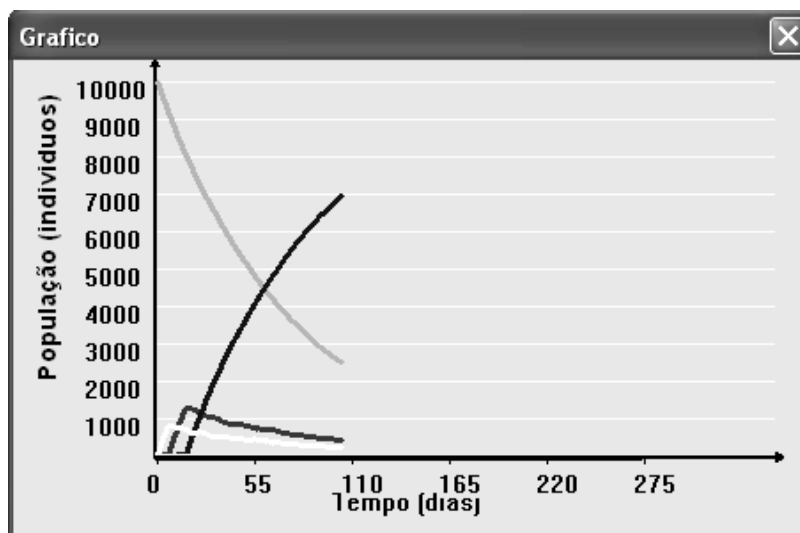


Figura 7: Gráfico gerado utilizando o EpiCASim, onde cada curva representa um determinado estado da população de hospedeiros. $R_0 = 0.001$ e 10% da rede infectada com vetores.

Ao comparar o gráfico acima (figura 7) com o gráfico da figura 2, gerado a partir de um sistema de equações diferenciais, pode-se observar um comportamento semelhante, onde ocorrem picos elevados e em um curto espaço de tempo para os estados de exposto e de infectando. Ou seja, no início da simulação, como toda a rede é formada por indivíduos

susceptíveis com apenas um indivíduo infectado, por isso ocorre um rápido alastramento da doença, os vetores não encontram praticamente nenhuma “barreira” já que eles encontram-se em grande número comparado com os hospedeiros. Com o passar do tempo os vetores encontram mais dificuldade para infectar um hospedeiro devido ao fato de que a rede é fixa e a população é constante e que cada indivíduo só pode ser infectado apenas uma vez, então as curvas de infectados e de expostos decaem quase com a mesma velocidade. Quando ocorre a variação da população de vetores infectada na rede tem-se uma variação nos picos de infectados devido ao fato de que quando se tem uma grande quantidade de vetores na rede a epidemia se espalha mais rapidamente e o mesmo é válido quando se obtém uma baixa população de vetores infectados na rede, a duração da epidemia é mais longa como pode se vista nos gráficos da figura 8.

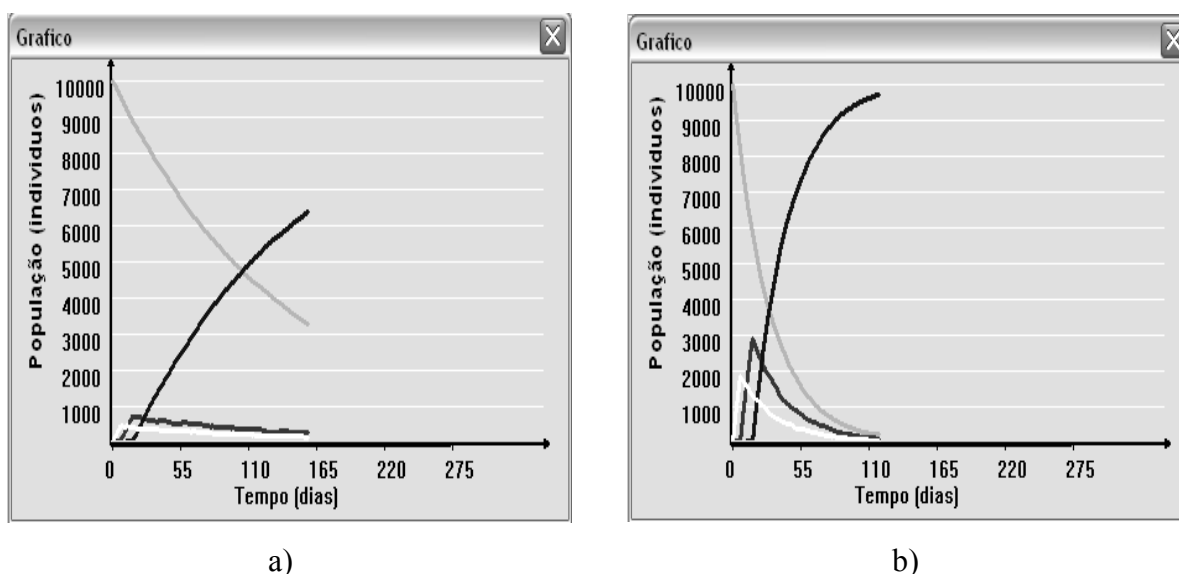


Figura 8: Gráfico gerado utilizando o EpiCASim, onde cada curva representa um determinado estado da população de hospedeiros. $R_{oh} = 0.001$. a) com 5% da rede infectada com vetores. b) com 30% da rede infectada com vetores..

Este gráfico foi obtido do mesmo modo que o gráfico da figura 7, todos os parâmetros foram os mesmos apenas ocorreu uma pequena variação na porcentagem inicial da população de vetores no estado infectante. Como foi dito anteriormente e pode ser visto na parte a da figura 8, com uma população de vetores menor o tempo de duração da epidemia é muito superior ao com uma população de 30% da rede de mosquito infectada (parte b da figura 8). Pode ser visto também uma variação no pico do número de infectados que é a razão pelo aumento no tempo de duração da epidemia, o tempo que a população de vetores levará para infectar a rede inteira, com uma população de 30% o pico da epidemia é mais alto e ocorre em um tempo menor comparado o que ocorre com apenas 5% da rede de mosquito infectada.

5. Perspectivas futuras

O próximo passo no desenvolvimento do software EpiCASim será a colocação de um novo módulo que fará a integração do modelo matemático com os dados geo-referenciados (dados reais) dispostos em mapas digitalizados de diversas cidades. Este módulo tornará possível simular epidemias virtuais em função dos dados reais, enfatizando um controle eficiente no combate aos vetores (mosquitos *Aedes aegypti*).



Figura 9: Versão demonstrativa do módulo de geo-referenciamento do EpiCASim, mostrando o mapa digitalizado com pontos de casos de dengue em um determinado bairro.

A figura 9 demonstra casos de dengue (representados por pontos) dispostos em um mapa digitalizado, cada ponto informa a localização do indivíduo bem como o seu atual estado epidemiológico (expostos, infectado ou recuperado). Na prática, o EpiCASim, como um todo apresenta aspectos a serem otimizados e revisados para poder se tornar um sistema mais robusto, já que a nossa meta é que este possa atuar como um sistema de apoio a decisão na área de epidemiologia, auxiliando no estudo e controle dos mais diversos tipos de moléstias.

6. Agradecimentos

O desenvolvimento deste trabalho tem o apoio financeiro da FAPESP, Proc. 03/02438-1, e se insere em projeto mais geral de pesquisa apoiado também pela FAPESP, Proc. 02/03564-8

7. Bibliografia:

- D. J. Gubler, Dengue, in The Arbovirus: epidemiology and ecology, vol. 2, T. P. Monath (ed.), CRC, Boca Raton, 1986.
- World Health Organization, Dengue hemorrhagic fever: diagnosis treatment and control, Geneva, 1986.
- Plano de Intensificação de Controle da Dengue, Ministério da Saúde, Fundação Nacional de Saúde - FUNASA, (julho de 2001).

- E. A. C. Newton and P. Reiter, A model of the transmission of dengue fever with an evaluation of the impact of ultra-low volume (ULV) insecticide applications on dengue epidemics, *Am. J. Trop. Med. Hyg.*, 47 (6), pp. 709 (1992).
- L. Esteva and C. Vargas, Analysis of a dengue disease transmission model, *Mathematical Bioscience*, 150, pp. 131, (1998).
- H. M. Yang, Epidemiologia da transmissão da dengue, em *TEMA - Seleta do XXV CNMAC*, (A. Sri Ranga, ed.), 2003, preprint.
- C. P. Ferreira e H. M. Yang, Estudo da transmissão da dengue entre indivíduos em interação com a população de mosquitos *Aedes aegypti*, em *TEMA - Seleta do XXV CNMAC*, (A. Sri Ranga, ed.), 2003, preprint.
- L. Esteva and C. Vargas, A model for dengue disease with variable human population, *J. Math. Biol.*, 38, pp. 220 (1999).
- R. M. Anderson e R. M. May, *Infectious Diseases of Humans* (Oxford University Press, Oxford, 1991).
- D. Alves, V. Hass and A. Caliri, The Predictive Power of R_0 in an Epidemic Probabilistic Model, aceito para publicação, *Journal of Biological Physics*, 2002.
- M. L. Martins et alli. Cellular automata model for citrus variegated chlorosis, *Phys. Rev. E*, 62, 7024, number 5, november (2000).
- J. D. Murray, *Mathematical biology*, Second Edition (Springer, 1993).