

A Brownian Agent approach for modeling and simulating the population dynamics of the schistosomiasis contagion

Renato L. Cagnin, Ivan R. Guilherme, Filipe Marcel F. Gonçalves, and Alexandro Baldassin

Departamento de Estatística, Matemática Aplicada e Computação

Universidade Júlio de Mesquita Filho (UNESP)

Rio Claro, Brazil

rlcagnin@rc.unesp.br, ivan@rc.unesp.br, filipemfg@gmail.com, alex@rc.unesp.br

Abstract—Multiagent Simulations have been successfully employed in the studies of population behavior. We present a brownian agent approach for simulating the Schistosomiasis infection. Early results suggest that the proposed model describes relevant aspects of the infection conditions.

Keywords—Simulation; schistosomiasis; brownian agents; contagion.

I. INTRODUÇÃO

Sistemas Multiagentes têm sido adotados com êxito na simulação de diversos problemas [1]. Neste tipo de simulações, pressupõe-se que os agentes individuais que formam o sistema são dotados de certa autonomia e inteligência. Estes agentes interagem para que um propósito, ou um comportamento global seja atingido. Estas interações entre os diversos agentes influenciam a dinâmica do sistema como um todo.

As simulações Multiagentes (MABS) vêm sendo empregadas para o estudo de sistemas complexos como a modelagem de sistemas ecológicos, modelagem do comportamento de populações para a previsão de criminalidade, dinâmica de populações biológicas, dispersão de informações, formação de grupos, entre outros [2]. Uma outra importante utilização de MABS tem sido feita no contexto do contágio e disseminação de doenças, como por exemplo a malária [3].

Há diversas abordagens para a modelagem de MABS. Neste trabalho a modelagem utilizada é dos agentes brownianos. Um agente browniano é caracterizado por ser capaz de gerar um campo de informação local que também pode influenciá-lo ou a outros agentes. A vantagem no uso de agentes brownianos se deve à facilidade de modelagem de problemas que apresentam difusão de informação ao longo do tempo e espaço [4].

Neste trabalho é apresentado a utilização do modelo de agentes brownianos para a simulação do contágio da esquistossomose [5].

II. A ESQUISTOSSOMOSE

A esquistossomose é uma verminose debilitante que pode ser letal e é causada no ser humano pelo parasita platelminto adulto, do gênero *Schistosoma*. O ciclo da doença apresenta

dois hospedeiros: o caramujo do gênero *Biomphalaria* – hospedeiro intermediário, e o homem – hospedeiro definitivo. A esquistossomose ocorre em regiões onde existem córregos, açudes e baixo ou inexistente saneamento básico. No Brasil, é considerada ainda um grave problema de saúde pública, pois acomete milhões de pessoas, provocando anualmente um número expressivo de formas graves e até mesmo óbitos [6].

O ciclo da doença inicia-se quando um homem contaminado elimina ovos do verme ao excretar em uma região hídrica favorável ao desenvolvimento do parasita. Destes ovos eclodem larvas ciliadas – Miracídeos, que penetram na epiderme do caramujo e o contamina. Após um período de maturação no interior do molusco, estas larvas sofrem metamorfoses e são liberadas pela pele do caramujo, agora como larvas com cauda, denominadas Cercárias – a forma infectante da doença. As Cercárias buscam o hospedeiro definitivo e penetram na pele do homem. Agora sem a cauda, são carregados pela corrente sanguínea e, quando adultos, se alojam nas veias do intestino ou da bexiga do hospedeiro, causando assim a esquistossomose. Os vermes adultos se reproduzem, gerando novos ovos que serão expelidos pelo homem – fechando assim o ciclo da doença [6].

O combate à esquistossomose pode ser feito combinando estratégias de combate ao molusco *Biomphalaria* junto a medidas de melhoria de saneamento, saúde e educação, já que o ciclo de vida do parasita depende tanto das interações entre as larvas e os hospedeiros, quanto das condições para o desenvolvimento das larvas [6].

III. AGENTES BROWNIANOS

A modelagem do problema ocorrerá a partir da técnica de agentes brownianos. Um Agente Browniano é caracterizado por um conjunto de variáveis de estado u_i^k , onde $i=1,\dots,N$ se refere a um agente i individual e k indica suas diferentes variáveis de estado [4]. Na modelagem dos agentes utilizados na simulação serão adotadas duas observáveis: espaço (Eq. 1) e velocidade (Eq. 2), presentes em todos os agentes pois assume-se que todo agente apresenta mobilidade no espaço, e duas internas: a informação e energia. A variável de informação interna (Eq. 3) permite caracterizar a natureza dos agentes vetores (homem e caramujos), no caso do problema em questão, caracterizar o fato do agente estar ou não infectado. A

energia interna do agente (Eq. 4), permite definir quão ativo um agente estará num dado estágio da simulação. No caso do problema proposto, isso é o equivalente à reserva metabólica dos indivíduos das diferentes populações de parasitas. Os parasitas (Miracídios e Cercárias) sobrevivem temporariamente consumindo sua reserva de nutrientes.

$$u_i^1 = \vec{r}_i, \quad (1) \quad u_i^2 = d \frac{d\vec{r}_i}{dt} = \vec{v}_i, \quad (2)$$

$$u_i^3 = \theta_i, \quad (3) \quad u_i^4 = e_i. \quad (4)$$

O comportamento individual de cada agente apresenta um comportamento determinístico, baseado em fatores que influenciam o meio sobre o qual está inserido. No caso das populações biológicas, este se apresenta na forma das restrições associadas ao recurso hídrico (lagoas, rios e açudes); já no caso de populações humanas, refere-se às necessidades biológicas que levam o indivíduo humano à um ambiente de possível contágio. Nos agentes são especificados uma componente estocástica para permitir representar a livre busca pelo ambiente geográfico, ou seja, cada agente poderá se deslocar aleatoriamente em torno de uma posição média, simulando o andar errante em busca de recursos, como por exemplo, alimentos. Dessa forma, a dinâmica das variáveis poderá ser influenciada por fatores estocásticos e determinísticos.

O modelo do ambiente para o problema corresponde a um ambiente geográfico, onde os recursos hídricos, essencial na dinâmica do contágio, são modelados na forma de potenciais atrativos determinísticos para os agentes miracídios, cercárias e caramujos. Dessa forma, o recurso hídrico pode ser modelado a partir de uma função matemática que descreve uma área de influência para os agentes citados. Para caracterizar os ambientes lacustres, esses recursos são representados por geometria circular ou elíptica.

De acordo com o modelo do agente e do ambiente, é possível determinar a variação da velocidade individual do agente (Eq. 5) e também o consumo de energia (Eq. 6) de cada um dos agentes.

$$d \frac{u_i^k}{dt} = f_i^k + F_i^{stoch}, \quad (5) \quad d \frac{u_i^4}{dt} = -m_i(t), \quad (6)$$

onde f_i^k , representam as influências determinísticas (recursos hídricos e campo de informação, discutido a seguir) sobre o agente, F_i^{stoch} , as influências estocásticas e m_i , a taxa metabólica do agente.

O consumo de energia será aplicado somente em agentes da população de parasitas (Miracídios e Cercárias), pois assume-se que o tempo de vida dos agentes da população de parasitas é muito menor que o tempo de vida da população de vetores. Dessa forma, o número de agentes do tipo vetores permanece constante ao longo de cada simulação.

A informação interna do agente está presente somente nos agentes caramujos e humanos, e varia somente de acordo com as condições propícias ao contágio, esta variável contribui para a construção de áreas locais de influência em determinadas regiões do ambiente, denominadas de campo de informação.

No modelo, a interação entre os agentes das diferentes populações será modelada por um campo de informação. O campo de informação é construído a partir da contribuição individual de cada agente segundo o valor de sua informação interna atual. Dessa forma, quanto maior o número de agentes concentrados numa dada região do espaço, maior será o efeito deste campo sobre os demais agentes que compõem o sistema. Admite-se que somente os vetores não contaminados poderão se contaminar e produzirão regiões em que terão maiores chances de contágios para as populações de parasitas. Ou seja, um agente vetor já contaminado não influencia mais o campo de informações acessível aos agentes do tipo parasita. Para simular a necessidade da busca de um hospedeiro, os agentes parasitas sentem a influência do campo, caracterizada como uma força determinística que os atrai até o(s) agente(s) vetores. Por outro lado, os agentes vetores são os geradores do campo de informações contribuindo com o valor do seu estado num dado ponto do espaço.

IV. O PROCESSO DE SIMULAÇÃO

Um simulador com uma interface Web foi desenvolvida. Na interface são informados os parâmetros de entrada agrupados em três categorias: dados de um cenário geográfico (dimensões da região geográfica, escala, números e localizações de recursos hídricos), dados demográficos das populações (tamanho da população de humanos e de caramujos e sua distribuição no espaço geográfico), dados sobre o tempo (duração da simulação).

Durante a simulação uma lista de todos os agentes é mantida em memória e será modificada segundo os passos a seguir:

1. Atualização dos campos de informação: a lista de agentes é percorrida para cada agente da classes de vetores (Humanos ou caramujos), o campo associado é atualizado, ou seja, o valor associado à novas posições dos agentes vetores é alterado de acordo com os eventos que ocorreram;

2. Proliferação e contaminação: a contaminação ocorre da seguinte forma: se o agente for do tipo miracídio ou cercária, e houver um humano ou caramujo respectivamente, em um determinado raio, esses agentes são contaminados. Uma vez contaminados, tais agentes não são curados. Já a proliferação se dá a seguir: todo agente do tipo humano, que se encontra contaminado, gera um novo agente miracídio, que será adicionado ao final da lista de agentes, o mesmo ocorre com os agentes caramujos que estão contaminados, contudo o novo agente criado é um agente cercária.

3. Atualização das posições dos agentes: a posição, velocidade e energia de todos os agentes no sistema são atualizados. Caso a energia de um determinado agente se esgote, o respectivo agente é removido da simulação.

A simulação consiste na execução das fases 1, 2 e 3, nessa ordem, para um número pré-determinado de passos de simulação, o algoritmo para o processo de simulação é apresentado na Figura 1.

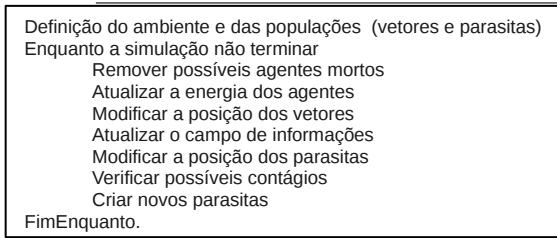


Figura 1: Algoritmo para o processo de simulação.

Por serem agentes Brownianos, os agentes do tipo Parasitas modificam sua dinâmica ao serem influenciados pelo campo de informações gerado pela população de agentes da classe Vetores. Se estes agentes conseguirem atingir agentes da classe Vetores, o contágio ocorrerá, mudando o atributo “estado” do agente Vetor, o que desencadeará a criação de novos agentes do tipo Parasitas.

V. RESULTADOS

Uma série de simulações foram executadas tendo como objetivo verificar a dinâmica do contágio das populações. Para isso, serão analisadas a influencia das localizações dos recursos hídricos e a influência da população de humanos e de caramujos, pois como já discutido, o ciclo de contágio da doença é complexo e envolve a interação de diferentes populações.

Dessa forma, um conjunto inicial de simulações apresentará mudanças na localização e dimensão dos recursos hídricos do ambiente mantendo inalteradas populações de vetores, que nos demais conjuntos serão modificadas, mantendo o ambiente inalterado.

Todas as simulações foram executadas no tempo máximo de 500 passos. A velocidade média da propagação do contágio era calculada ao término de cada simulação. Ao todo, 30 simulações foram realizadas para cada conjunto de parâmetros testado. As simulações são iniciadas com as diversas populações de agentes dispostas ao longo do espaço geográfico. Os agentes do tipo humanos estarão dispostos aleatoriamente, simulando uma ocupação desordenada, geralmente característica em regiões de baixo saneamento. As demais populações que dependem do recurso hídrico, são alocadas ao longo das dimensões desses recursos.

Os fatores antes citados (distribuição e tamanho de recursos hídricos e densidade populacional) influenciam diretamente na propagação dessa informação ao longo do tempo e do espaço. Na Figura 2, é demonstrado que o tamanho das populações de vetores influencia na velocidade média de propagação do contágio. Assim como a distribuição e o tamanho dos recursos hídricos, influenciam diretamente na distribuição dos agentes caramujos e alteram o número de humanos localizados em suas proximidades. Isso significa que um maior número de humanos se tornam suscetíveis ao contágio.

Uma elevada ocupação de humanos permite que os caramujos sejam rapidamente contaminados (Fig. 2). O mesmo comportamento é observado com o número de caramujos. Em ambos os casos verifica-se que o aumento significativo de

indivíduos da população de parasitas aumenta a possibilidade de contágio a partir dos indivíduos vetores. O que aumenta a propagação da doença ao longo do espaço. Isso se deve pois os vetores contaminados, criam novos parasitas fechando o ciclo da doença. Este comportamento era esperado segundo as características do ciclo da doença como já discutido anteriormente.

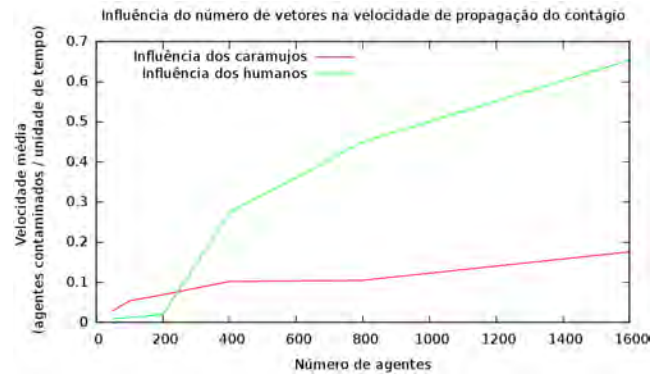


Figura 2: Influência da população de caramujos e humanos

VI. CONCLUSÕES

Uma abordagem multiagente foi utilizada para a modelagem e simulação da dinâmica das populações no contágio da esquistossomose. Em geral, os resultados obtidos a partir do simulador, demonstraram que o fator localidade é determinante para o contágio, e este fator é influenciado pela densidade populacional de vetores encontrados ao longo do espaço geográfico. O simulador foi submetido a uma série de testes verificando diversos parâmetros, e de forma geral, o simulador permitiu representar os aspectos relevantes para o demonstrar a dinâmica das populações no contágio da esquistossomose.

A validação do modelo com dados reais serão realizados em trabalhos futuros. Em decorrência da complexidade dos cenários reais, a simulação vai requerer a conexão com modelos de dados geográficos reais, e em decorrência do elevado número de agentes, implementar uma versão do simulador que utiliza o processamento paralelo.

REFERENCES

- [1] F. Bousquet and C. Le Page, *Multi-agent simulations and ecosystem management: a review*. Ecol. Model. 176. 2004. pp. 313–332.
- [2] V. Furtado, *Modelagem e Simulação Multiagente da Criminalidade*, Comp.Sci. 0002. Dec. 7, 2008.
- [3] C. Linard, N. Poncon, D. Fontenille and E. F. Lambin. *A multi-agent simulation to assess the risk of malaria re-emergence in southern France*, Ecological Modelling 220 (2009) pp. 160–174.
- [4] F. Schweitzer. *Brownian Agents and Active Particles: Collective Dynamics in the Natural and Social Sciences*, Ed. Springer-Verlag, 2003 Berlin.
- [5] H. Hu, P. Gong, B. Xu. *Spatially explicit agent-based modelling for schistosomiasis transmission: Human–environment interaction simulation and control strategy assessment*. Epidemics 2 (2010) 49–65
- [6] V. Schall, C. L. Massara, M. J. Enk, H. S. Barros. *Os Caminhos da Esquistossomose. Parte I Dentro do nosso corpo*. Centro de Pesquisas René Rachou/Fiocruz. 2007. (Série Esquistossomose, 8).
- [7] J. Shin, Y. Park. *Brownian agent-based technology forecasting*. Technological Forecasting & Social Change 76 (2009) 1078–1091.