Modelagem de Epidemias no Ambiente Terraview: Um Estudo Numérico-Computacional

André Specian Cardoso[1], Claudia Brandelero Rizzi[2], Rogério Luis Rizzi[2]

UNIOESTE - Universidade Estadual do Oeste do Paraná
[1]Acadêmico de Bacharelado em Ciência da Computação da UNIOESTE
[2]Professor(a) do Centro de Ciências Exatas e Tecnológicas
Rua Universitária, 2069. Jardim Universitário, Cascavel – PR.

andrespecian@hotmail.com, claudia_rizzi@hotmail.com,
rogeriorizzi@hotmail.com

Resumo. *Este trabalho apresenta alguns dos resultados obtidos através de uma pesquisa numérico-computacional através da qual se desenvolveu a modelagem e a simulação de epidemias, empregando-se modelos compartimentais e o ambiente TerraView. Os testes realizados foram executados a partir do modelo SIR (Suscetíveis, Infectados, Removidos) e do modelo SIRS (Suscetíveis, Infectados, Removidos, Suscetíveis). Cada um desses modelos manipula os indivíduos de acordo com o seu estado compartimental atual considerando uma representação geográfica dos municípios de Cascavel - PR e Rio de Janeiro - RJ. Os resultados obtidos estão condizentes com os disponíveis na literatura, constatando que o ambiente TerraView é relevante à realização de simulações de epidemias.*

1. Introdução

A epidemiologia é o estudo da frequência, da distribuição e dos determinantes dos estados ou eventos relacionados à saúde em específicas populações e aplicação desses estudos no controle dos problemas de saúde. A epidemiologia visa, dentre outros objetivos, identificar e entender o agente causal e fatores relacionados aos agravos da saúde; identificar e explicar os padrões de distribuição geográfica das doenças; estabelecer estratégias de controle e medidas preventivas e subsidiar os processos de planejamento, gestão e avaliação de políticas públicas em saúde [1].

Do ponto de vista individual, o percurso de uma doença é descrito pelo que se passa entre o momento em que o indivíduo começa a ter sintomas da doença e o momento em que estes acabam. Do ponto de vista epidemiológico, porém, é muito mais importante à distribuição no tempo e no espaço dos contactos infecciosos obtidos pelo indivíduo infectado com outros indivíduos e a forma como isso se repercute na propagação da infecção pela população [2]. Neste contexto, estudos, pesquisas e ações em epidemiologia, a exemplo do presente trabalho, se justificam.

Alguns modelos de doenças infecciosas geradas por microparasitas podem apresentar uma estrutura compartimental, baseada na divisão da população de hospedeiros em categorias, entre as quais os hospedeiros fluem com taxas que, em geral, dependem das características próprias da doença e dos vetores de transmissão. No estudo da dinâmica da transmissão, os indivíduos que compõem a população hospedeira, são divididos em estados ou classes, sendo que as mais comuns são suscetíveis (*S*), latentes (*E*), infectados (*I*) e removidos (*R*), das quais decorrem os modelos SIR, SIRS, SIS, dentre outras combinações [3]. Este trabalho apresenta um estudo experimental através do qual modelar e analisar o espalhamento de epidemias utilizando os modelos SIR e SIRS.

Optou-se por estes modelos visto sua simplicidade e devido ao fato de que se tratam de modelos dos quais derivam os demais modelos. Com relação à quantidade de indivíduos utilizados nos experimentos (população) definiu-se que será a soma das quantidades de indivíduos dessas classes [4], [5]. Quanto à modelagem e ao acompanhamento da distribuição no tempo e no espaço dos contactos infecciosos entre os indivíduos que participam da simulação, optou-se por utilizar o TerraView [6].

Trata-se de um aplicativo construído sobre a biblioteca de geoprocessamento TerraLib cujo principal objetivo é disponibilizar um visualizador de dados geográficos com recursos de consulta a análise destes dados. O TerraView manipula dados vetoriais (pontos, linhas e polígonos) e matriciais (grades e imagens), ambos armazenados em SGBD relacionais ou georelacionais, a exemplo do PostgreSQL, utilizado pelo grupo de pesquisa ao qual este projeto está vinculado.

Optou-se também por utilizar o TerraME, um ambiente para construção de modelos espaciais dinâmicos, integrado a um banco de dados celular multitemporal [7]. Além disso, o TerraME viabiliza o conceito de Ambientes Aninhados, ou seja, a manipulação, em um mesmo modelo, de um ambiente com diferentes comportamentos no espaço e tempo, diferentes escalas temporais e espaciais, diferentes relações de vizinhança, múltiplas abordagens de modelagem (agentes computacionais, autômatos celulares, modelos de simulação, etc.). Assim, o TerraME é uma ferramenta interessante para modelagens que tenham como objetivo entender diferentes aspectos da realidade, possibilitando testar diferentes hipóteses, e combinar diferentes abordagens.

Por suas características e facilidades, optou-se por utilizar o editor Crimson para implementar a programação dos modelos de epidemias em linguagem LUA bem como manipular os dados contidos nos mapas gerados pelo TerraView e TerraME [8], [6], [7].

Levando em conta essas considerações, este trabalho consiste na apresentação dos resultados obtidos através da modelagem e a simulação de epidemias, empregando-se os modelos compartimentais SIR e SIRS e o ambiente TerraView. Esta proposta está inserida no projeto PRONEX-Dengue (Programa de Apoio a Núcleos de Excelência), que tem ações desenvolvidas em âmbito nacional, com financiamento do CNPq, cujo principal objetivo é desenvolver modelos matemáticos para aplicação no controle da Dengue. Nas próximas seções são apresentadas outras informações referentes ao desenvolvimento e resultados obtidos com as implementações realizadas.

2. Modelos SIR e SIRS

O modelo SIR é um modelo bastante utilizado em modelagem da dinâmica de transmissão de doenças infecciosas, como por exemplo, rubéola, varicela, sarampo e caxumba. Na dinâmica desses tipos de doenças, um indivíduo pode passar de um estágio de suscetibilidade para um estado de infecção e consequentemente para o estado recuperado. A partir daí, assume-se que esta imunidade é para o resto da vida e, portanto, o ciclo de suscetibilidade não continua neste indivíduo.

O modelo SIRS é uma extensão do modelo SIR, no qual se deve levar em conta que o indivíduo perde a sua imunidade após certo período de tempo, voltando a ser suscetível a determinada doença, a exemplo da gripe. Com isso o ciclo dessa doença pode-se repetir várias vezes.

3. Utilizando o ambiente TerraView

Para ajudar na implementação de ambos os modelos, utilizou-se o TerraView (Figura 1) para dividir o mapa que representa o município de Cascavel, no Paraná, em várias células. Cada célula representa um indivíduo ou uma porção de indivíduos. Trabalhou-se com a idéia de vizinhança de Moore.

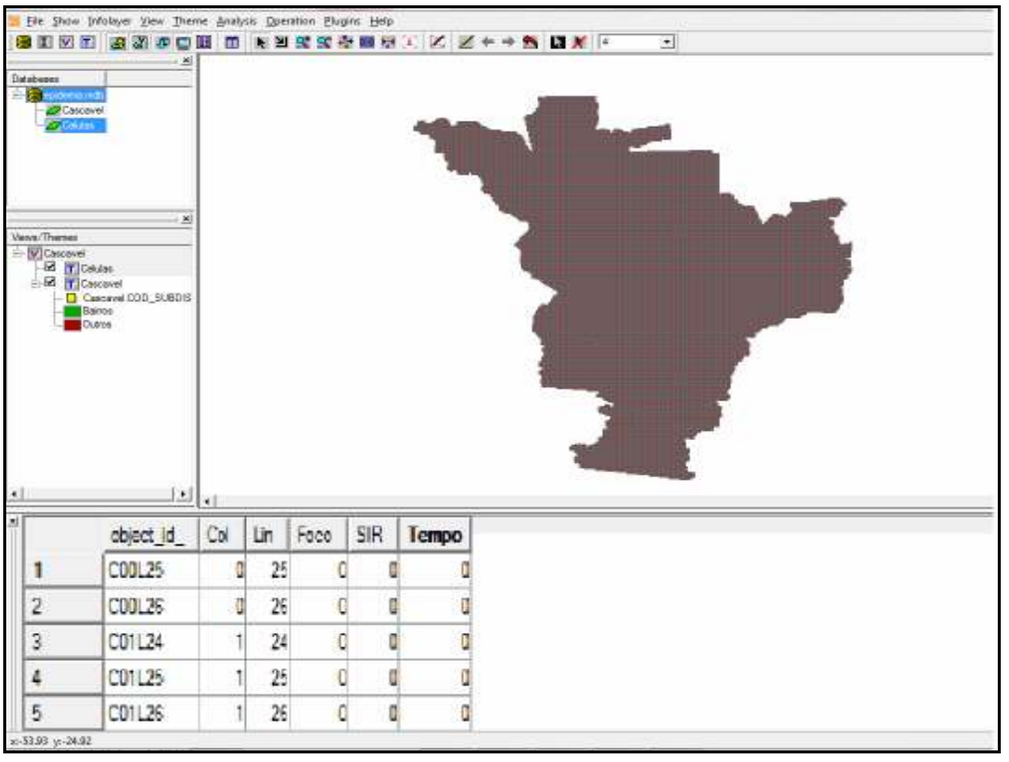

Figura 1. Ambiente do TerraView com a tabela das células.

Concluída a criação das células do mapa, definiram-se pontos indicando que ali estava situado um indivíduo infectado, que age como condição inicial (um foco) para iniciar o espalhamento da doença. Para isso, eram percorridas todas as células verificando se existia alguma célula que estivesse no estado infectado. Para cada célula infectada, verificava-se a existência de algum vizinho que estivesse no estado suscetível. Se esta situação se confirmava, calculava-se a probabilidade dessa célula vizinha se infectar. Caso existisse alguma célula infectada que estivesse nesse estado a um determinado tempo, ela estava sujeita a uma probabilidade de se curar, ou seja, de ficar imune até o final das iterações, no caso do modelo SIR, ou por um período de tempo determinado, no caso do modelo SIRS. No caso do modelo SIRS calculava-se também a probabilidade do indivíduo voltar ao estado suscetível. Os valores para as probabilidades e tempo utilizados em cada um dos modelos implementados são apresentados na seção 6.

Os dados utilizados para a geração dos modelos também foram criados a partir do TerraView (Figura 1). Nele foi criada uma tabela contendo o estado, que varia de acordo com o estado de cada indivíduo. Nessa tabela, o número 0 indica que o indivíduo está no estado suscetível, o número 1 indica o estado infectado, o número 2 indica o estado recuperado e o número 3 indica que o indivíduo está removido, no caso do modelo SIR. O modelo SIRS não possui o último estado.

Outro dado informado pela tabela é o tempo, que controla o período em que determinada célula está no estado infectado. O modelo SIRS controla também o tempo em que as células estão no estado recuperado. A coluna “foco” que indica se a célula é um foco ou não, é usada somente para inicializar a simulação.

4. Implementação

Para implementação dos modelos, basicamente, foi feita atualizações no estado de cada uma das células. Para isso, optou-se por aplicar a seguinte sistemática: informava-se a taxa de um indivíduo passar para o próximo estado. A partir desta informação, obtinha-se um valor randômico cuja função era contribuir na decisão quanto à mudança ou não de estado do indivíduo em questão. Quando esse número era menor que a porcentagem informada, o indivíduo passava para o próximo estado, caso contrário ele continuava no estado atual. Este ciclo se repetia até que não houvesse mais nenhuma célula infectada ou se alcançasse o número máximo de iterações.

No algoritmo 1 temos um pseudocódigo mostrando como é realizado o procedimento para avaliar se uma célula será ou não infectada.

```
Início do Programa
p = 0.3
para cada célula faça
        se a célula[i] estiver infectada então
                para cada célula vizinha suscetível faça
                        aux = random()
                        se aux < p então
                                célula[i] infectada
                        fim do se
                fim do para
        fim do se
fim do para
Fim do Programa
```

Algoritmo 1. Pseudocódigo para infecção.

Na figura 2 temos um diagrama de estados que ilustra a dinâmica utilizada no modelo SIRS.

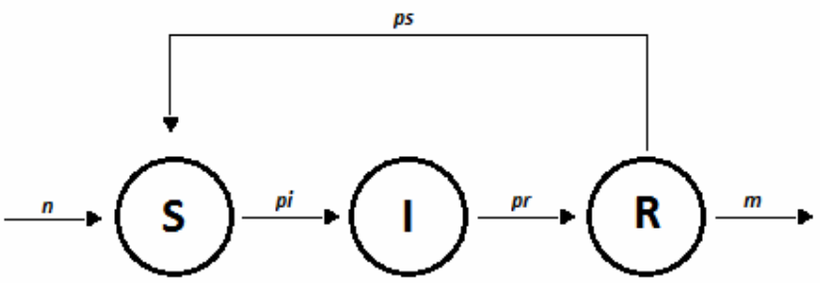

Figura 2. Diagrama de estados para o modelo SIRS.

A primeira variável (**p**) define qual é a probabilidade de um indivíduo se infectar e a segunda variável (aux) recebe um valor randômico entre 0 e 1 que é utilizado para verificar se a célula muda de estado ou não. As variáveis utilizadas no diagrama de estados são:

- **pi**: a probabilidade de infecção de cada indivíduo, porcentagem de um indivíduo suscetível (S) passar para o estado infectado (I)
- **pr:** a probabilidade de recuperação de cada indivíduo, porcentagem de um indivíduo infectado (I) passar para o estado recuperado (R).
- **ps:** a probabilidade de suscetibilidade de cada indivíduo, porcentagem de um indivíduo recuperado (R) voltar ao estado suscetível (S).
- **n**: a quantidade de nascimentos.
- **m**: a quantidades de removidos.

Neste modelo utilizado considerou-se que a quantidade de mortes e a quantidade de nascimentos são iguais, ou seja, a quantidade de indivíduos é fixo, pois neste modelo os indivíduos não morrem. Já no modelo SIR a quantidade de indivíduos pode ser alterado, pois neste modelo os indivíduos que não se curarem em um determinado período de tempo são definitivamente removidos, isto é, "morrem".

5. Ferramenta Crimson Editor

As implementações dos modelos foram feitas através do editor de código fonte Crimson, que está apresentado na figura 3, e que utiliza a linguagem LUA para fazer a conexão entre o TerraView e o TerraME.

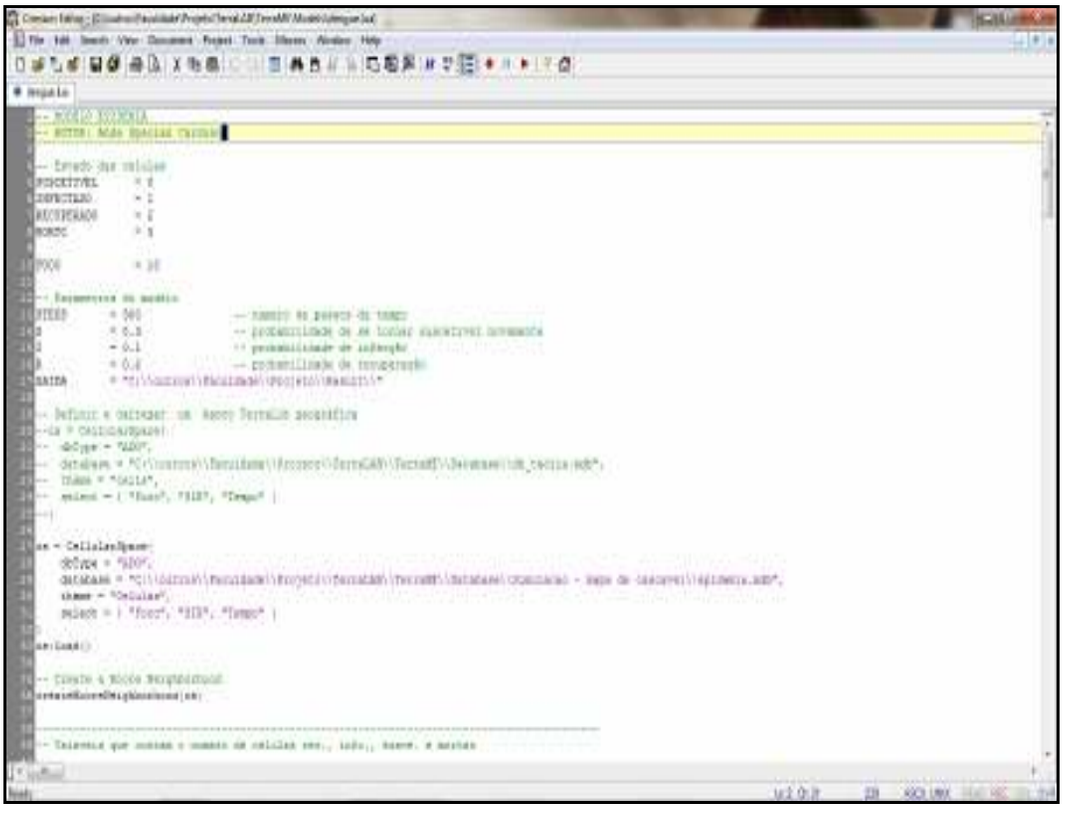

Figura 3. Editor Crimson, com trecho do código utilizado nos testes.

No modelo SIR foi preciso informar a taxa de infecção, que representa o parâmetro que determina a porcentagem de uma célula passar do estado suscetível para o infectado, e a taxa de recuperação, que é outra porcentagem que determina se a célula passará do estado infectado para o estado recuperado.

No modelo SIRS além das taxas de infecção e recuperação, foi necessário informar a taxa de suscetibilidade, que é a probabilidade da célula sair do estado recuperado e voltar para o estado suscetível novamente.

6. Resultados

Para a geração do primeiro teste foi utilizado o mapa do Município de Cascavel - PR. Este mapa foi obtido junto ao Instituto Brasileiro de Geografia a Estatística (IBGE) e contém uma versão preliminar (a única atualmente disponível) dos dados divididos por setores censitários correspondentes ao censo de 2010. Trata-se de um mapa *shape*, um dos formatos que pode ser utilizado pelo TerraME. Esse mapa, ilustrado na figura 4, representa o estado inicial do modelo para a cidade de Cascavel. Nele os pontos circulados representam os indivíduos infectados inicialmente e os pontos verdes, os indivíduos suscetíveis.

Para os testes apresentados as taxas de um indivíduo se contaminar, se recuperar e de voltar a ser suscetível foram escolhidas aleatoriamente, com o intuito de mostrar como a escolha dessas taxas pode influenciar na execução dos moelos.

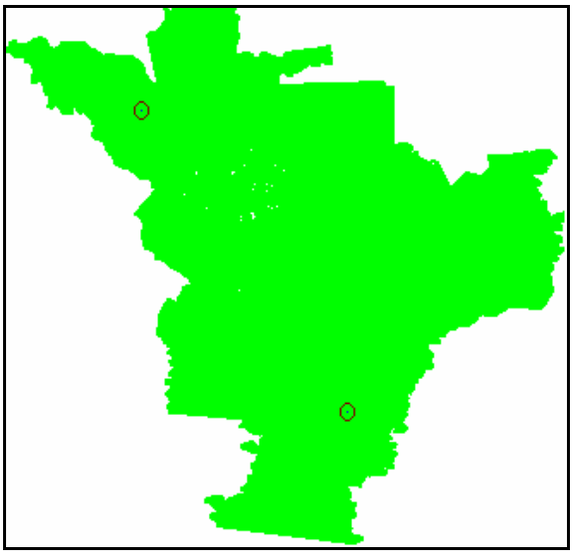

Figura 4. Uma representação para o mapa de Cascavel - PR, indicando o estado inicial utilizado para realizar as simulações computacionais.

A Figura 5-a mostra o resultado após executar o modelo SIR com uma taxa de infecção igual a 0.6 e uma taxa de recuperação igual a 0.3. A Figura 5-b é o resultado após executar o modelo SIRS com uma taxa de infecção igual a 0.3, taxa de recuperação igual a 0.8 e a taxa de suscetibilidade igual a 0.7, com o máximo de 300 passos de tempo. Os pontos amarelos são os indivíduos recuperados, os pontos pretos são os indivíduos removidos e os pontos vermelhos são os indivíduos infectados.

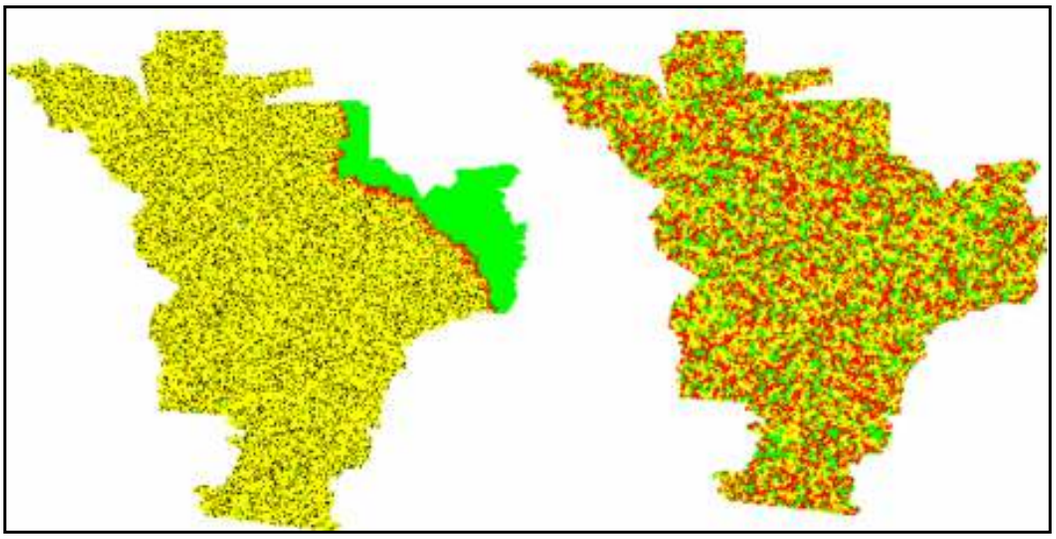

Figura 5. (a) Resultado após a execução do modelo SIR. (b) Resultado após a execução do modelo SIRS.

Para o segundo teste foi utilizado o mapa do Município do Rio de Janeiro (Figura 6), retirado do site http://www.gismaps.com.br/.Esse mapa representa o estado inicial do modelo, onde os pontos circulados representam os indivíduos infectados inicialmente e os pontos verdes, os indivíduos suscetíveis.

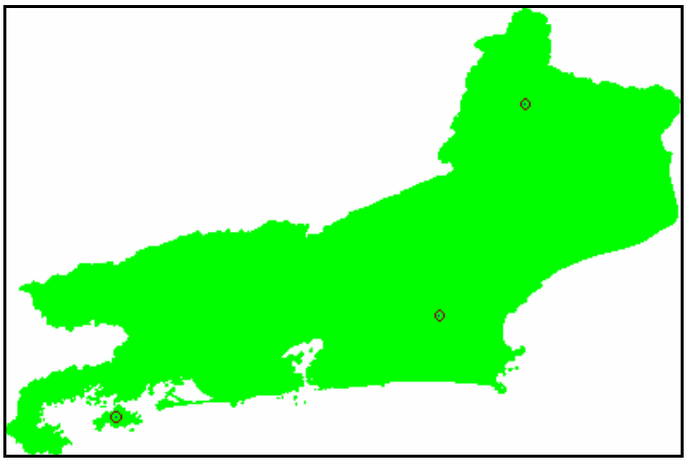

Figura 6. Uma representação para o mapa do Rio de Janeiro, utilizando como estado inicial para realizar as simulações computacionais.

A Figura 7-a mostra o resultado após executar o modelo SIR com uma taxa de infecção igual a 0.5 e uma taxa de recuperação igual a 0.5. A Figura 7-b é o resultado após executar o modelo SIRS com uma taxa de infecção igual a 0.5, taxa de recuperação igual a 0.2 e a taxa de suscetibilidade igual a 0.7, com no máximo 300 passos de tempo.

Os pontos amarelos são os indivíduos recuperados, os pontos pretos são os indivíduos removidos e os pontos vermelhos são os indivíduos infectados.

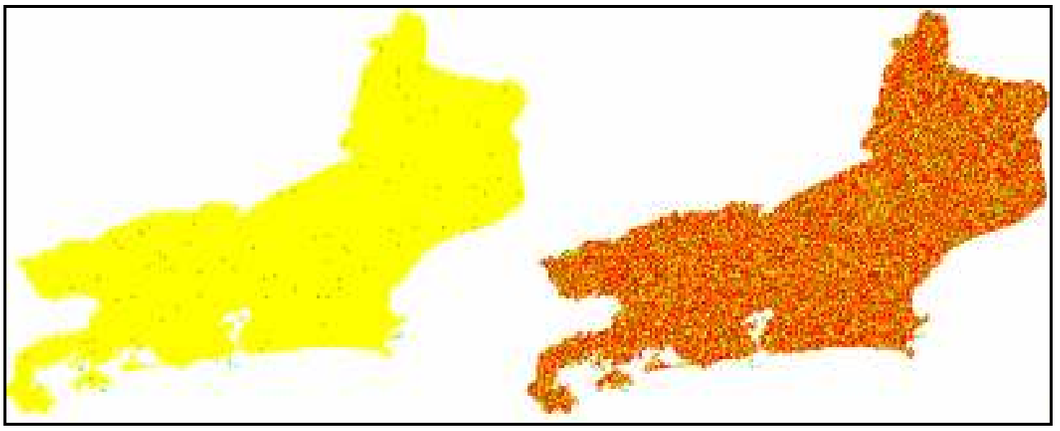

Figura 7. (a) Resultado após a execução do modelo SIR. (b) Resultado após a execução do modelo SIRS.

Analisando os resultados pode-se observar, tanto no modelo SIR como no modelo SIRS, que os diferentes valores entre a taxa de recuperação e a taxa de infecção são fatores muito importante para os modelos, pois essa diferença indicará como o espalhamento da doença ocorrerá.

No modelo SIR, quando a taxa de recuperação é muito menor que a taxa de infecção, o número de indivíduos encontrados no estado removido é bem maior do que quando a taxa de recuperação é próxima à taxa de infecção. Já no modelo SIRS, quando a taxa de recuperação é muito menor que a taxa de infecção, o número de indivíduos encontrados nos estados suscetível ou recuperado é bem menor, pois eles levam muito tempo para se recuperar e também porque os indivíduos que se recuperam são infectados mais facilmente.

7. Conclusões

Modelos computacionais baseados em indivíduos vêm sendo empregados para estudar a transmissão de doenças uma vez que esta abordagem pode tratar complexos fenômenos emergentes que resultam das interações entre seus elementos constituintes e destes com o meio ambiente. Assim, através de modelagem computacional podem ser efetuadas simulações que englobam variações geográficas, temporais, sociais, ecológicas, entre outras e visam compreender diversos cenários que representem distintas situações ecológicas ou epidemiológicas.

Assim, o principal objetivo deste trabalho foi o de modelar em um ambiente computacional e posteriormente analisar resultados de simulações de epidemias empregando os conceitos de modelagem compartimental.

Após alguns experimentos e testes, optou-se por adotar o ambiente TerraView, visto que possibilita a criação e manipulação de regiões georeferenciadas e os dados ali contidos. Os testes realizados foram executados a partir de dois tipos de modelos dinâmicos, o modelo SIR e o modelo SIRS.

Os conjuntos de parâmetros utilizados para realizar cada um dos testes foram retirados de outros trabalhos estudados assim como os resultados utilizados para comparar com os resultados obtidos. Apesar da modelagem realizada com o TerraView utilizar apenas um cálculo simples de probabilidade, e não toda uma sofisticada modelagem matemática para a propagação de epidemia, como frequentemente utilizada nos trabalhos estudados, os resultados foram muito satisfatórios, pois se comportaram de forma muito parecida com os modelos comparados.

Os resultados obtidos através do TerraView foram satisfatórios, pois esse ambiente tem uma ampla variedade de ferramentas disponíveis para criar e modelar, de forma bem simples, ambientes utilizados na geração de simulações epidemiológicas. Essas ferramentas ajudam a manipular não apenas um, mas vários mapas, agregando-os em um único, permitindo criar um mapa com várias camadas, onde cada uma dessas camadas pode ter uma influência diferente na modelagem.

Referências

[1] LAST, J.M. Um Dicionário de Epidemiologia. Lisboa. Departamento de Estudos e Planejamento em Saúde, 1995.

[2] RIZZI, C. B. et. al. Epidemio - Sistema Computacional Web Integrado Sobre Eventos Epidemiológicos. In: ECA - ENCONTRO DE COMPUTAÇÃO APLICADA, 2008. **Proceedings...** Cascavel, PR. 2008.

[3] HETHCOTE, H. W. **The mathematics of infectious diseases**. SIAM Review. Filadélfia. v. 42, p. 599–653, 2000.

[4] VYNNYCKY, E., WHITE, R.G. **An Introduction to Infectious Disease Modelling**. Oxford University Press, 2010.

[5] WHITE, S., DEL REY, A. M., SANCHEZ, G. R. **Modelling epidemics using cellular automata**. Applied Mathematics and Computation. V. 186, p.193–202. 2007.

[6] TERRAVIEW. **Projeto TerraView**. Disponível em <http://www.dpi.inpe.br/terraview/index.php>. Acesso em 22 ago. 2011.

[7] TerraME. **Modelagem multi-escala e multi-abordagem- ambiente TerraME**. Disponível em <http://marte.dpi.inpe.br/col/dpi.inpe.br/marte@80/2007/08.22.22.25/doc/08_10h50-AnaPaulaAguiar.pdf>. Acesso em 22 ago. 2011.

[8]. **Crimson Editor**. Disponível em <http://www.crimsoneditor.com/>. Acesso em 22 ago. 2011.