



Desenvolvimento de software de simulação Monte Carlo para auxiliar no estudo da propagação de doenças infecciosas

João Batista dos Santos-Filho¹, Tatiana Santos de Araujo Batista², José Carlos Rodrigues Oliveira³

¹Professor do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Sergipe, Campus São Cristóvão. e-mail: joaofilho9000@gmail.com

²Professora do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Sergipe, Campus Aracaju. e-mail: tatiana.araujo@ifs.edu.br

³Aluno do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Sergipe, Campus Lagarto. e-mail: jcro1986@yahoo.com.br

Resumo: Nesse trabalho foi desenvolvido um modelo para o estudo da propagação de doenças em plantas que incorpora também a distribuição espacial das plantações. O modelo é baseado em um conjunto de redes regulares conectadas entre si com uma topologia qualquer. Dentro de uma mesma rede um indivíduo se contamina por contato com seus primeiros vizinhos. Redes conectadas trocam indivíduos entre si, ou seja, o indivíduo em uma rede passa para a outra rede com uma probabilidade baseada nas distâncias entre as redes. Caso o número de indivíduos contaminados em uma rede atinja um determinado valor a rede é descontada das outras simulando um estado de quarentena. Os resultados mostraram que a eficácia da quarentena no controle de uma epidemia depende da sua instauração no início do evento epidêmico.

Palavras-chave: epidemiologia, modelo de contatos, simulação Monte Carlo

1. INTRODUÇÃO

Através da Epidemiologia todos os conhecimentos sobre fatores relacionados a doenças transmissíveis, envolvendo agente patogênico, hospedeiro, meio ambiente; relativos à história natural da doença e ao mecanismo de propagação da mesma, são agregados no sentido da busca de solução para o problema ou para obtenção de medidas preventivas aplicáveis (ROTHMAN, 2008). Para isto a epidemiologia toma como principais ferramentas, modelos estatísticos, análise matemática e simulação computacional (DAMMER 2003; MORENO, 2003). Os modelos são cuidadosamente elaborados a partir da observação do sistema real de forma que englobe suas principais características mantendo, contudo, a simplicidade necessária para a utilização das ferramentas computacionais disponíveis.

O estudo da propagação de doenças em plantações de café, por exemplo, podem ser facilmente modeladas através de uma rede quadrada, uma vez que as plantas se dispõem sob essa geometria. Onde cada pé de café é representado por uma variável de estado discreta que descrevem o estado do pé de café, por exemplo: estado do pé de café pode ser igual a: imune, infectado ou susceptível. Outros tipos de epidemia como as que atingem animais ou seres humanos são geralmente mais difíceis de modelar utilizando redes regulares como a quadrada devido a mobilidades dos indivíduos. Dessa forma se faz necessário a construção de redes complexas de indivíduos que incorpore a topologia dessa distribuição no espaço.

Neste trabalho, buscou-se analisar o comportamento propagação de doenças utilizando um modelo híbrido que considera redes regulares representando plantações em diferentes localidades conectadas entre si por um grafo que modela as distâncias espaciais entre as mesmas. Em cada rede a contaminação ocorre entre os primeiros vizinhos da rede. A contaminação passa de uma rede para outra pela mobilidade dos vetores de transmissão da infecção que podem ser pessoas ou animais em contato com indivíduos contaminados. Assim, neste modelo investigou-se a eficiência da medida preventiva da quarentena e da imunização no combate a difusão de uma epidemia, ou seja, analisamos o risco que uma determinada região possui de se contaminar considerando sua proximidade a uma região contaminada considerando medidas de combate como quarentena e imunização.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O modelo utilizado neste trabalho é composto por cinco redes bidimensionais interconectadas. Cada rede bidimensional possui condições de contorno periódicas e são compostas por N sítios regularmente espaçados. Cada sítio S_i descreve um indivíduo que em um determinado instante de tempo t pode estar susceptível a infecção, infectado ou removido (morto ou imune). Se um indivíduo é infectado no instante t , no instante posterior $t + t_s$, o mesmo passa à condição de removido e, portanto não mais volta a ser susceptível ou infectar outro susceptível. Cada indivíduo interage com seis primeiros vizinhos da rede. Nas redes bidimensionais a infecção se propaga através de contatos adequados entre vizinhos contaminados. Assumindo P como a probabilidade de um indivíduo se contaminar a partir do contato com outro indivíduo contaminado temos que a probabilidade de um indivíduo se contaminar através de n contatos com indivíduos contaminados é dada pela equação:

$$P(S) = 1 - (1 - P)^n \quad (1)$$

A doença se propaga de uma rede para as outras pela troca de indivíduos, ou seja, o indivíduo em uma rede passa para a outra rede com uma probabilidade baseada nas distâncias entre as redes. Nesse modelo as redes representam as plantações de uma propriedade particular. A probabilidade que uma plantação contaminada em uma propriedade contamine a de outra propriedade estará relacionada com o transporte de agentes contaminantes por vetores quaisquer. Para modelar essa situação testou-se a probabilidade de troca de indivíduos empírica dada pelas equações:

$$P_{troca} = \exp\left(-\frac{|\vec{R}_i - \vec{R}_j|}{R_0}\right) \quad (2)$$

Onde \vec{R}_i representa a localização espacial das redes. Neste trabalho assumimos que as redes estão dispostas sobre uma reta e todas estão conectadas inicialmente a uma unidade de distância de suas vizinhas mais próximas.

Quando uma das redes atinge um percentual de infectados que será representada por Q , esta é desconectada simulando um estado de quarentena. O parâmetro Q simula a dificuldade que há identificar os primeiros contaminados dentro de uma população. Com esse modelo estudou-se a probabilidade da infecção ser transmitida entre as redes quando um sítio da rede R_0 é infectado. Para realizar este estudo utilizou-se o método de simulação Monte Carlo.

A simulação computacional da propagação da infecção pelo sistema é feita utilizando o algoritmo Monte Carlo abaixo:

1. Seleciona-se um sítio S_i do sistema
2. Se o sítio i corresponde a um susceptível
3. Gera-se um número aleatório r e calcula-se $P(S)$
4. Se $P(S_i) > r$, altera-se então o estado do sítio para infectado;
5. Se $P(S_i) \leq r$ nada acontece ao referido sítio;
6. Volta-se ao item 1 até que todos os sítios tenham sido avaliados.
7. Escolhe dois sítios de duas redes distintas calcula-se a probabilidade P_{troca}
8. Se $P_{troca}(S_i) > r$, Troca-se os sítios das redes;
9. Se $P_{troca}(S_i) \leq r$ nada acontece ao referido sítio;
10. Volta-se ao item 7 até que todas as redes tenham sido testadas.

Neste trabalho foi utilizado redes de dimensões $L = 30$ a $L = 60$ nas quais foram realizadas 5000 amostras para cada configuração. Outros dois parâmetros incluídos na simulação são: a concentração inicial de indivíduos susceptível na rede.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na figura 1 está apresentada a tela inicial do programa desenvolvido para o estudo da simulação.

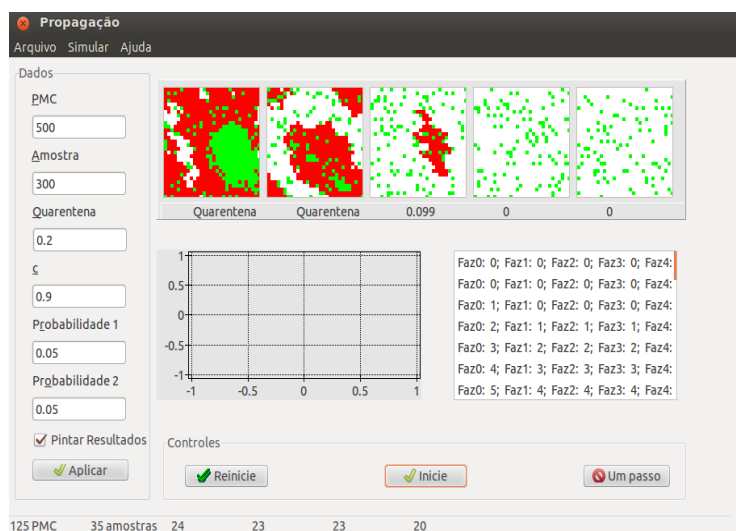


Figura 1- Janela do programa desenvolvido em execução.

Para o funcionamento do programa é necessário entrar com alguns parâmetros da simulação. No campo Quarentena deve ser informado um percentual máximo de indivíduos contaminado. Caso esse percentual seja atingido a rede passa a não propagar a doença para as redes vizinhas simulando um estado de quarentena. No campo C deve ser colocado o percentual inicial de indivíduos susceptíveis, no campo probabilidade 1 e probabilidade 2 deve ser colocado o valor de p

Na Figura1 observa-se também a representação gráfica da propagação da infecção, como os quadrados representando as redes bidimensionais interconectadas, os pontos brancos os indivíduos susceptíveis, os pontos verdes os indivíduos removidos e os em vermelho os infectados. A representação gráfica ajuda na compreensão do processo de propagação envolvido tendo uma finalidade didática. Contudo para ganho em velocidade de processamento essa representação gráfica pode ser desabilitada, dessa forma, o programa realiza a simulação em segundo plano avisando quando a mesma estiver terminada. O programa foi desenvolvido no Lazarus um software livre multiplataforma e foi executado no Linux para obtenção dos resultados aqui apresentados.

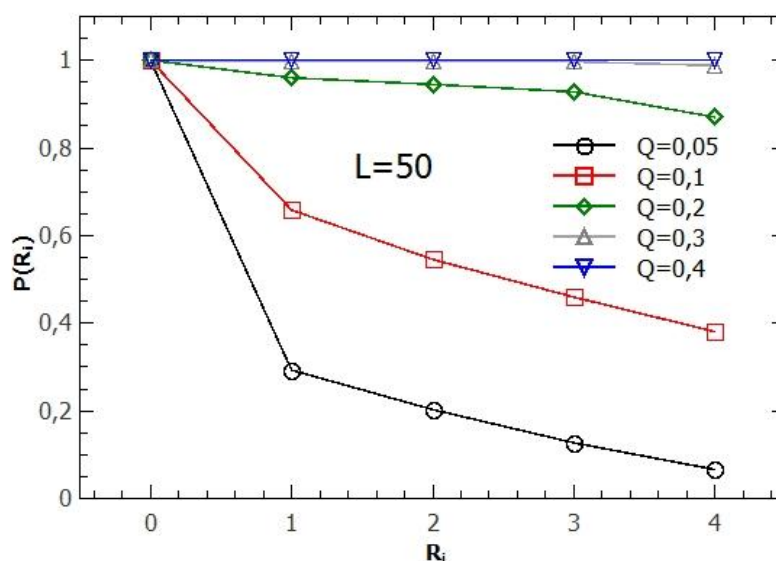


Figura 2: Probabilidade de contaminação $P(R_i)$ de contaminação das redes R_1 R_2 R_3 e R_4 considerando que a rede R_0 inicia com um sítio contaminado, para rede de tamanho $L = 50$, $c = 0,9$, $p = 0,05$ e diferentes valores de Q .

Na figura 2 está apresentada a probabilidade $P(R_i)$ de contaminação das redes R_1 , R_2 , R_3 e R_4 considerando que a rede R_0 inicia com um sítio contaminado. Foram traçadas as curvas para $C = 0,9$, $\rho = 0,05$, $L = 50$ e diferentes valores da condição de quarentena Q . Pode-se observar que a probabilidade decresce com o afastamento da R_0 de forma não linear. Contudo podemos observar que para uma doença com uma probabilidade $\rho = 0,05$ o estado de quarentena tem que ser instalado logo que os primeiros indivíduos são contaminados caso contrário há pouca probabilidade que a doença seja contida. Mesmo quando o estado de quarentena é determinado logo que os primeiros indivíduos contaminados são identificados ainda há grande probabilidade que as redes vizinhas se contaminem, contudo neste caso para as redes mais distantes a probabilidade decai consideravelmente.

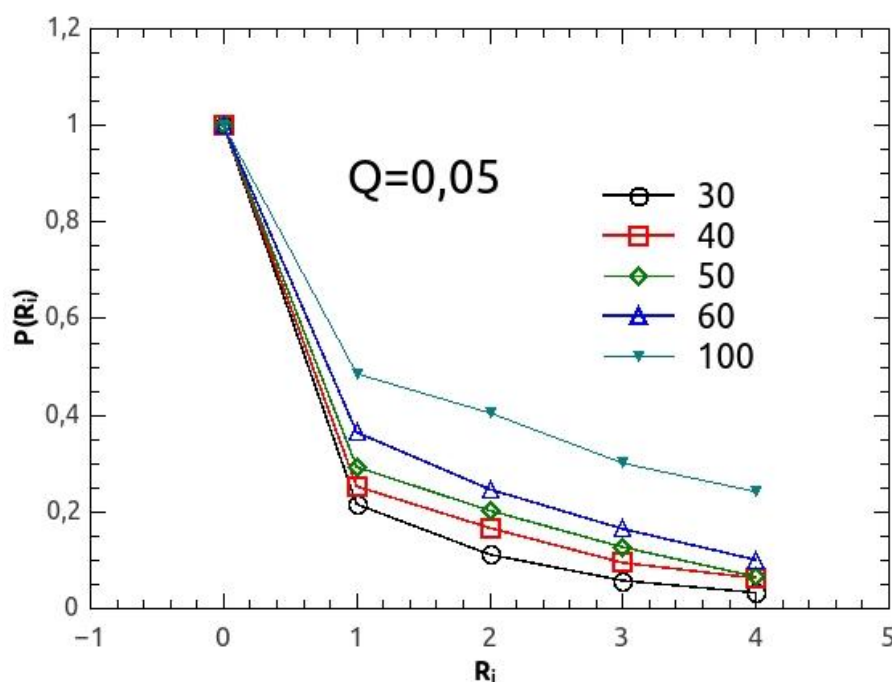


Figura 3: Probabilidade de contaminação da rede R_i considerando a rede R_0 contaminada para diferentes tamanhos de rede e condição de quarentena $Q = 0,05$.

Na Figura 3 está apresentado o resultado para diferentes valores de tamanho de rede L , e mesmo valor de quarentena $Q = 0,05$, nesta situação observou um aumento na probabilidade com o tamanho da rede isso ocorre devido o maior tempo que a rede leva para entrar na condição de quarentena já que essa condição depende do número total de sítios da rede.

A figura 4 mostra a probabilidade de contaminação das redes R_i considerando que a rede R_0 inicia com um sítio contaminado para a condição de quarentena $Q = 0,5$ e como função do tamanho da rede tamanho de rede L . Pode-se observar mais claramente nessa figura que a probabilidade aumenta com o tamanho da rede. Para a rede R_2 o aumento é praticamente linear.

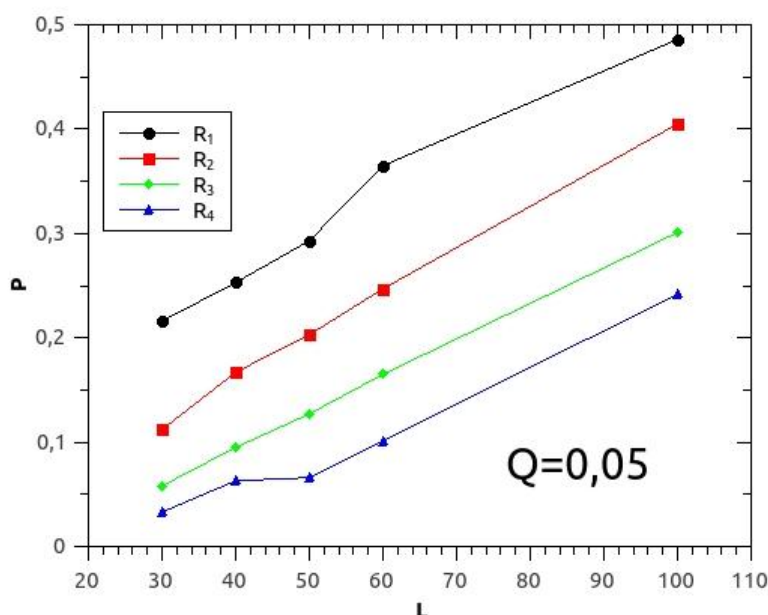


Figura 4: Probabilidade de contaminação para $Q = 0,5$ e diferentes valores de L .

Esse é um resultado importante, pois mostra que o número de indivíduo no sistema influencia na eficácia da quarentena como média de combate a propagação de uma epidemia.

6. CONCLUSÕES

Neste trabalho sugeriu-se e estudou-se um modelo numa tentativa de analisar a quarentena como medida de combate a uma epidemia. O modelo levou em consideração a dificuldade de se identificar os primeiros indivíduos contaminados através de um parâmetro Q . Dependendo desse parâmetro o método da quarentena pode tornar-se ineficiente. Observou-se que quanto maior o tamanho de uma população, ou seja, de uma rede L , menor é a probabilidade que a quarentena consiga conter a propagação de uma infecção.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao PIBIC/PROPEX/IFS.

REFERÊNCIAS

- K. J. ROTHMAN, S. GREENLAND, T. L. LASH Modern Epidemiology Lippincott Williams & Wilkins (2008).
- S. M. DAMMER e H. HINRICHSEN Epidemic spreading with immunization and mutations PHYSICAL REVIEW E 68, 016114 (2003).
- Y. MORENO, J. B. GOMEZ e A. F. PACHECO Epidemic incidence in correlated complex networks PHYSICAL REVIEW E 68, 035103 (2003).
- A. BARABÁSI Mobile phones demystify commuter rat race Nature (2008) |doi:10.1038/news.2008.874
- M. C. GONZÁLEZ¹, C. A. HIDALGO, E A. BARABÁSI Understanding individual human mobility patterns, Nature 453, 779-782 (5 June 2008).