

Análise epidemiológica da tuberculose em redes complexas

Diego Arthur Bispo Justino de Oliveira¹, João Victor Porfírio Antunes¹,
Alex Vidigal Bastos²

¹ Trabalho de contextualização e integração curricular II apresentado ao curso de Engenharia Mecatrônica como requisito parcial à obtenção do título de Bacharel de Ciência e Tecnologia.

²Universidade Federal de São João del-Rei (UFSJ) – Ouro Branco, MG – Brasil–2019

³DTECH – Departamento de Tecnologia
Universidade Federal de São João del-Rei (UFSJ) – Ouro Branco, MG – Brasil–2019

digo.arthur@hotmail.com, jvictorpa@outlook.com, alexvbh@ufsj.edu.br

Abstract. *The development of this research came from the interest to understand in more detail about the functioning of the spread of tuberculosis in order to have effective control and decrease the number of cases in the world today. This study aims to perform an analysis, simulation and data collection of tuberculosis dissemination from certain epidemiological models applied in Complex Networks. Results show that the Free Complex Scale Network is the one that provides the smallest growth in the number of infected, consequently, decrease of the spread of the disease.*

Resumo. *O desenvolvimento desta pesquisa surgiu a partir do interesse em entender mais detalhadamente sobre o funcionamento da disseminação da Tuberculose de forma a ter um controle efetivo e diminuir o número de casos atualmente no mundo. O presente estudo tem como objetivo realizar uma análise, simulação e obtenção de dados da disseminação da Tuberculose a partir de determinados modelos epidemiológicos aplicados em Redes Complexas. Resultados demonstram que a Rede Complexa Livre Escala é a que proporciona menor crescimento no número de infectados, consequentemente, diminuição da disseminação da doença.*

1. Introdução

A tuberculose é uma doença infecciosa e transmissível que afeta prioritariamente os pulmões, embora possa acometer outros órgãos e/ou sistemas caso não tenha devida atenção durante estágios iniciais. A contaminação é dada pelo agente *Mycobacterium tuberculosis*, também denominado de bacilo de Koch e sua transmissão é dada a partir da inalação de aerossóis oriundos das vias aéreas, pela fala, espirro ou tosse das pessoas já contaminadas. No mundo são notificados anualmente cerca de 6 milhões de novos casos, tendo mais de 1 milhão de óbitos. Já no Brasil são notificados anualmente 70 mil novos casos da doença, com 4,6 mil mortes, números que sustentam o país como um dos 22 países

priorizados pela Organização Mundial de Saúde (OMS), pois concentra 80% da carga mundial de Tuberculose. Embora seja uma doença curável e evitável, a maioria dos óbitos ocorrem nas regiões metropolitanas e em unidades hospitalares. A OMS classifica essa doença como infecciosa de agente único que mais mata, chegando a superar o vírus da imunodeficiência humana (HIV). A tuberculose ainda é considerada uma doença grave de saúde pública mundial, que atinge todas as faixas etárias; devido às suas complicações, principalmente quando associada a condições sociais e econômicas precárias e fragilidade do sistema imunológico ocasionado por outras doenças como HIV. Temos como exemplo uma pesquisa feita no Brasil em 2017 em que dos 74,8 mil novos casos de tuberculose registrados, 11,4% apresentaram resultado positivo também para o HIV, o que representa 8,5 mil pessoas infectadas pelas duas doenças (TB-HIV) [Saúde 2019]. Apesar dos tratamentos terem grande eficácia tanto para cura e também para decréscimo na proliferação, existem limitações por parte do paciente como interrupção do tratamento e uso incorreto do medicamento. Devido ao grande número de casos de Tuberculose pelo mundo e urgência para controle da disseminação desta doença, torna-se viável o estudo de como ocorre a disseminação da doença a partir das informações descritas utilizando-se as redes complexas.

As redes complexas apresentam algumas características que permitem avaliar o comportamento de problemas sociais através da análise dos mais diversos aspectos das redes e com os mais variados propósitos. Dado que a topologia e a evolução das redes do mundo real apresentam propriedades organizacionais bastante robustas e distintas das redes aleatórias, as redes complexas permitem estudar o comportamento da sociedade e a relação entre os indivíduos. Através das redes complexas, é possível entender mais detalhadamente sobre como ocorre a disseminação da Tuberculose, possibilitando obter meios de ter um controle efetivo, diminuindo o número de casos atualmente no mundo.

Neste artigo, nós propomos uma análise, simulação e obtenção de dados da disseminação da Tuberculose a partir de determinados modelos epidemiológicos aplicados em Redes Complexas. Modelamos diferentes redes complexas (Modelo de Livre Escala, Modelo de Mundo Pequeno, Modelo Aleatório e Modelo Modular), sendo que para cada rede complexa foram utilizados 2 (dois) modelos epidemiológicos de disseminação (SIR e o SEI). Para cada modelo foi realizada a modelagem dos algoritmos para as simulações, sendo definidos: a composição e formação dos grafos, a formação das redes específicas e a ideia de montagem do processo. Conforme a execução dos experimentos, foi verificado que dentre as 4(quatro) redes complexas utilizadas nos experimentos, 1(uma) delas obteve menor índice de infecção da Tuberculose.

Diferentemente de outras abordagens, a utilização dos modelos de disseminação em conjunto com os modelos de redes complexas permitiu uma análise das diversas possibilidades de disseminação da Tuberculose em uma sociedade e o quanto a mesma poderia afetar a comunidade baseado em quantidade de exposição, infecções, recuperações e mortes causadas pela doença, contribuindo para um conhecimento mais abrangente sobre a Tuberculose e principalmente para análises e simulações futuras de outras epidemias.

Esse trabalho está organizado da seguinte forma: a Seção 2 apresenta os modelos utilizados neste trabalho. A Seção 3 apresenta a metodologia. A Seção 4 apresenta os experimentos e os resultados. A Seção 5 apresenta os trabalhos relacionados e a Seção 6 conclui o documento.

2. Background

Nesta Seção serão apresentados os modelos de redes complexas e os modelos de comportamento de disseminação (epidêmicos) utilizados no desenvolvimento deste trabalho.

2.1. Redes Complexas

O termo redes complexas refere-se a um grafo que apresenta uma estrutura topográfica não trivial, composto por um conjunto de vértices (nós) que são interligados por meio de arestas [Barabasi 2003]. A partir das redes complexas é possível realizar estudos dos mais variados possíveis, por exemplo: podemos fazer um estudo de relacionamento entre professores e alunos da UFSJ, neste caso tanto os alunos quanto os professores seriam os vértices e a comunicação entre eles seriam as arestas do grafo, ou modelar toda a estrutura física de uma grande rede de computadores, tal como a Internet. Nesse caso, os computadores conectados à Internet referem-se aos vértices da rede enquanto que os cabos e meios de transmissão representam as arestas do grafo. Outras analogias podem ser também utilizadas, tais como o conteúdo de páginas *World Wide Web* (WEB), relações sociais entre grupos de pessoas, redes organizacionais ou de negócios entre companhias, redes neurais, redes metabólicas, cadeia alimentar, entre outras.

Essas redes podem ser estáticas, quando não há variação no número de vértices, arestas ou mesmo na configuração das ligações; ou dinâmicas, sendo que, neste caso, é possível modelar o seu crescimento pela análise da variação de sua estrutura no tempo. Apesar das redes reais serem dinâmicas, pode ser feita uma análise estática da mesma em um intervalo de tempo em que não há variações ou são irrelevantes para o estudo. Matematicamente, uma rede complexa $R = (N, L)$ é formada por um conjunto de N vértices, $N = \{n_1, n_2, \dots, n_N\}$ e um conjunto de L arestas, $L = \{l_1, l_2, \dots, l_M\}$. As arestas podem ser direcionadas quando o sentido da ligação é considerado, e não direcionadas quando o sentido da ligação não é considerado. Se as arestas possuem intensidade, a cada aresta é associado um peso, e neste caso, a rede é representada por $R = (N, L, W)$, onde $W = \{w_1, w_2, \dots, w_M\}$ constitui um conjunto de pesos das L arestas [Rodrigues 2007].

2.2. Modelos de Redes Complexas

2.2.1. Modelo de Livre Escala - *Barabási–Albert* - BA

A rede de livre escala, estudada pelo Albert-László Barabási, se caracteriza inicialmente por ligações aleatórias dinâmicas, e que com o decorrer do tempo, vértices mais conhecidos ou com influência ganham mais ligações se tornando os chamados *Hubs*, conforme Figura 1. Esse tipo de rede é um exemplo real do sistema WWW, ele cresce exponencialmente no tempo pela adição de novas páginas da web ou a literatura de pesquisa cresce constantemente com a publicação de novos artigos. Na teoria, as ligações de redes são feitas de formas aleatórias e independe do número de ligações, mas na realidade há uma preferência em se conectar com graus maiores. Páginas da Web incluirão *hyperlinks* para documentos com alto grau, pois serão mais fáceis de serem encontrados, por exemplo [Albert and Barabási 2002].

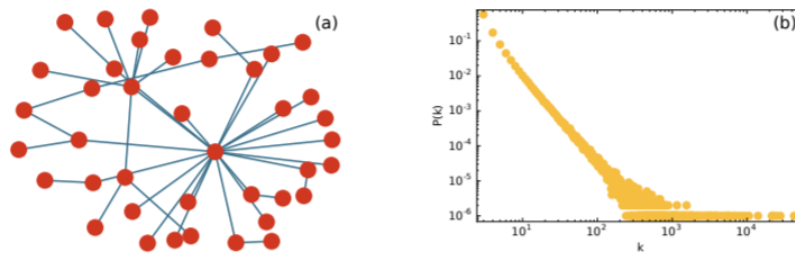


Figura 1. (a) Exemplo de uma rede livre de escala gerada pelo o modelo BA. (b) Distribuição das conexões para uma rede BA com $N = 1000000$ e $m=4$, sendo m o número de arestas que um novo vértice possui quando é inserido no grafo.

Fonte: [Bagnato 2008].

2.2.2. Modelo de Mundo Pequeno - *Watts & Strogatz*

O modelo de Watts & Strogatz faz a combinação de dois casos extremos de acordo com a Figura 13, em que as redes podem ser extremamente regulares, sendo $\beta = 0$, ou completamente aleatórias (característica do modelo mundo pequeno) em que poderiam ser altamente agrupadas, como as redes regulares, mas com características de pequeno caminho, como os grafos aleatórios, sendo $\beta = 1$. Combinando estes dois casos, o modelo de Watts & Strogatz apresenta estrutura intermediária em que as características complementares dos dois tipos de redes aparecem combinadas. Em uma das versões do modelo de Watts e Strogatz toma-se como ponto de partida uma rede regular (unidimensional) de N vértices dispostos ao longo de um anel, com ligações locais entre cada vértice e seus K vértices mais próximos, sendo os $2K$ vizinhos mais próximos que o antecedem e os $2K$ que lhe sucedem ao longo do anel. Exemplos reais se aplicam a uma comunidade no bairro em que estão interligados entre si, mas que podem ter contato com pessoas mais distantes entre os locais conhecidos [Wang and Chen 2003].

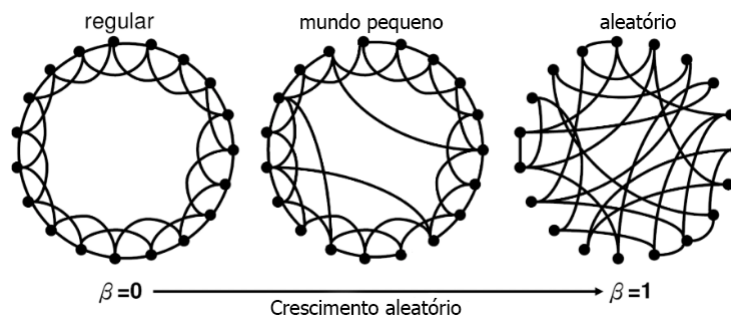


Figura 2. Rede mundo pequeno de 19 vértices construída seguindo o modelo de WattsStrogatz.

Fonte: [Kaur 2017].

2.2.3. Modelo Aleatório - *Erdos & Renyi*

Esta rede estuda o princípio de uma estrutura em que as ligações são feitas de formas aleatórias, ou seja, há uma determinada quantidade de nós em que se ligam entre si com

valores probabilísticos. Esta rede é similar ao modelo do Mundo Pequeno descrito na Seção 2.2.2 em relação a distância de contato entre os nós. A formação possui ligações homogêneas ao longo do tempo sendo uma distribuição de grau de conectividade de Poisson [Albert and Barabási 2002]. A Figura 3 representa o Modelo Aleatório.

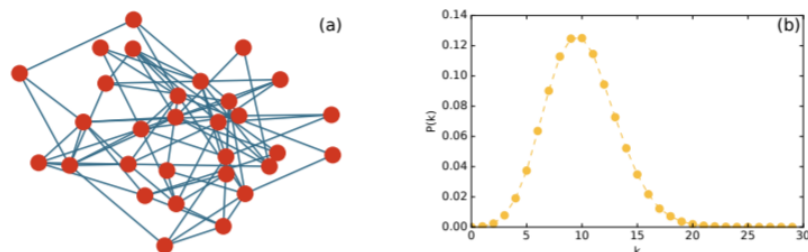


Figura 3. (a) Exemplo de um grafo aleatório de Erdos e Renyi (b) Distribuição das conexões para uma rede com $N= 50000$, $p= 0.0002$ e, consequentemente, $\langle k \rangle = 10$, sendo p o valor a probabilidade dos vértices se ligarem e $\langle k \rangle$ o grau de ligação de cada vértice.

Fonte: [Bagnato 2008].

2.2.4. Modelo Modular - *Girvan-Newman*

A estrutura de rede proposta por Girvan e Newman é uma formação caracterizada por ligações por comunidades, conforme Figura 4. As comunidades são definidas de acordo com a lei de potência dada por β . Todos os vértices da mesma comunidade são ligados entre si de forma aleatória até não existir mais conexões livres. As comunidades ligam-se entre si por meio de diferentes vértices determinados. Um dos exemplos reais aplicados a esse tipo de rede está ligado ao grupo de vivência de golfinhos [Bagnato 2008].

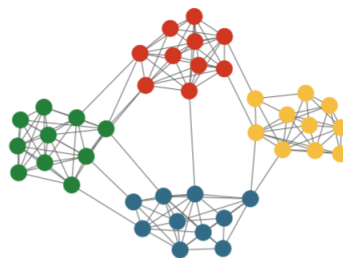


Figura 4. Um grafo simples com quatro comunidades indicadas pelas cores vermelha, verde, azul e amarela.

Fonte: [Bagnato 2008].

2.3. Modelos Epidêmicos

O estudo de doenças epidêmicas combina assuntos biológicos com sociais. As epidemias podem-se propagar rapidamente pela população ou não, estas podem persistir durante longos períodos de tempo na comunidade. Em casos extremos uma proliferação de uma epidemia pode afetar uma civilização por completo. A seguir, são apresentados (03) três modelos que são suficientemente realistas para que sua contribuição seja para representar a forma como ocorre a disseminação das doenças na civilização.

2.3.1. Modelo baseado em indivíduos - MBI

Um MBI consiste de uma estrutura na qual ocorrem relacionamentos entre um certo número de indivíduos, cujo comportamento é determinado por um conjunto de características. Esse tipo de modelo está sendo utilizado em conjunto com redes complexas cada vez mais na busca de melhor compreender disseminações de doenças infecciosas. O modelo MBI é formado por indivíduos Suscetíveis (S), Infectados (I) e Recuperados (R), tendo como parâmetros β , γ e μ que representam as taxas de contato, recuperação e renovação dos indivíduos, respectivamente. Sendo que os resultados para cada doença variam dependendo de cada variável implementada no modelo, sendo: Taxa de contato (β) = É o número médio de contatos de um indivíduo por unidade de tempo, onde há a transmissão da doença; Taxa de recuperação (γ) = Representa o tempo médio que um indivíduo permanece na classe “infectado” e Taxa de renovação ou mortalidade (μ) = Representa o número de indivíduos por unidade de tempo que morrem e, em mesma quantidade, nascem outros suscetíveis. Este modelo é desenvolvido a partir das seguintes informações, conforme [Pinto 2018]:

- S, I, R-S : ocorre a renovação dos indivíduos, ou seja, eles morrem e, para que a população permaneça de tamanho constante, um novo indivíduo suscetível nasce;
- S-I : ocorre quando um indivíduo suscetível tem contato com um indivíduo infectado, adquirindo a doença e passando para o estado I;
- I-R : ocorre a recuperação de um indivíduo infectado, tornando-se imune a uma nova infecção.

2.3.2. Modelo suscetível, infectado e recuperado - SIR

Kermack e Mckendrick foram os responsáveis por desenvolverem o modelo SIR em 1927. O presente modelo divide a população em três classes disjuntas: indivíduos que não estão infectados, mas podem se tornar, denominados suscetíveis (S); indivíduos já infectados e que podem infectar outros indivíduos, denominados infectados (I) e indivíduos que se recuperaram da infecção denominados recuperados (R). O modelo clássico SIR considera que a distribuição de indivíduos é espacial e temporalmente homogênea e o mesmo descreve a evolução temporal do tamanho de cada classe epidemiológica. Pode-se relacionar o modelo MBI ao SIR e conseqüentemente, as soluções dos mesmos podem apresentar comportamentos similares [Nepomuceno 2005].

2.3.3. Modelo suscetível, exposto e infectado - SEI

O modelo SEI a população é dividida em três classes sendo a primeira dos indivíduos que nunca tiveram contato com o bacilo da doença, denominados suscetíveis (S); a segunda classe é a dos indivíduos que possuem o bacilo mas não desenvolveram a doença, denominados expostos ou latentes (E) e, por fim, a classe dos indivíduos que desenvolveram a doença, denominados infectados (I). Os parâmetros μ , β , δ e ρ representam as taxas de mortalidade, infecção, infecção exógena e recaída, respectivamente. Analogamente ao modelo SIR, podemos relacionar o modelo SEI com o modelo MBI ao ponto de chegarmos a similaridades de comportamento [Pinto 2018].

3. Metodologia

Para a validação dos modelos de redes complexas e avaliação dos modelos baseados em indivíduos, foram implementados os algoritmos e realizadas as simulações de forma a possibilitar a análise e comparação entre as diferentes redes diante do comportamento dos modelos epidêmicos.

Para realizar uma abordagem científica no planejamento experimental, foram definidos os parâmetros das simulações e a forma da coleta dos dados, para posteriormente realizar a análise dos dados, refutando ou corroborando os modelos avaliados. A seguir uma descrição para cada fase realizada do planejamento experimental.

3.1. Planejamento Experimental

a) Reconhecimento e definição do problema: Análise epidemiológico da Tuberculose;

b) Escolha de fatores de interesse, níveis e intervalos: Na Tabela 1 foram definidos os parâmetros utilizados nas simulações;

c) Seleção da variável de resposta: Indivíduos Infectados, Indivíduos Susceptíveis, Indivíduos Expostos e Indivíduos Recuperados.

Parâmetros	Valor
Número de Vértices	2.000
Tempo da disseminação da doença simulada	400 meses
Tempo da simulação para Modelo de Livre Escala - SIR	23,6 segundos
Tempo da simulação para Modelo de Livre Escala - SEI	23,8 segundos
Tempo da simulação para Modelo de Mundo Pequeno - SIR	16,7 segundos
Tempo da simulação para Modelo de Mundo Pequeno - SEI	17,1 segundos
Tempo da simulação para Modelo Aleatório- SIR	19,8 segundos
Tempo da simulação para Modelo Aleatório - SEI	24,2 segundos
Tempo da simulação para Modelo Modular - SIR	17,7 segundos
Tempo da simulação para Modelo Modular - SEI	17,9 segundos

Tabela 1. Parâmetros da Simulação.

O planejamento de experimentos foi baseado nas definições do planejamento pré-experimental, sendo definidos os experimentos e as variáveis de respostas: **a) Fatores de interesse:** Menor índice de infectados; **b) Hipótese Nula (H0):** $H_0: T_1 = T_2 = 0 = T_3 = T_4 = T_5 = T_6 = T_7 = T_8 =$; **c) H1 (unilateral / bilateral):** $H_1: T_i \neq 0 \rightarrow$ (Hipótese Alternativa) \rightarrow para no mínimo um i ; **d) Nível de significância:** $\alpha = 0.05$. Nesse contexto, T_1 até T_8 representam a combinação entre os modelos de redes complexas e os modelos de disseminação e α a confiabilidade dos dados.

Para a comparação entre os modelos, cada experimento foi realizado 32 vezes para cada simulação conforme [Montgomery and Runger 2006], em que cada algoritmo é executado de acordo com os parâmetros descritos na Tabela 1.

4. Experimentos e Resultados

Para a aplicação do experimentos foram utilizados 4 redes complexas distintas (Modelo de Livre Escala, Modelo de Mundo Pequeno, Modelo Aleatório e Modelo Modular), sendo

que para cada rede complexa foram utilizados 2 modelos de comportamento de disseminação (epidêmicos), sendo os modelos SIR e SEI. Para cada modelo foi realizada a modelagem dos algoritmos para as simulações, sendo: a composição e formação dos grafos, a formação das redes específicas, a ideia de montagem do processo de disseminação e os gráficos gerados baseado nos dados obtidos.

Na definição dos modelos, a formação das redes baseia-se na teoria dos grafos, em que os vértices são as representações das pessoas; e as arestas, que são as ligações, representam as relações de contato entre as pessoas. A formação dos grafos nos algoritmos ocorrem através da formação matricial, demonstrada conforme a Tabela 2.

Vértices	Ligações	Ligações	Ligações	Ligações	Ligações
0	20	7	100	1500	750
1	35	66	89	1356	1450
...
500	82	89	565	777	1999
...
1999	500	899	1100	1300	1507

Tabela 2. Formação matricial dos algoritmos.

O tipo de ligação dos grafos ocorrem pela forma bidirecional, em que o contato é feito por ambos vértices. Não há autoligação e não há repetição de ligações como por exemplo, o vértice 3 não se liga a si mesmo, e não se liga ao vértice 200 duas vezes. Utilizamos um número de 2000 vértices (pessoas) e arestas (ligações) variando de acordo com a rede modelada.

4.1. Modelagem das Redes Complexas

4.1.1. Modelo de Livre Escala - *Barabási–Albert* - BA

A configuração desse modelo se dá da seguinte maneira: todos os 2000 vértices recebem de forma randômica valores de 0 à 100, como um índice de influência de ligação. Logo após, será selecionado os vértices de 0 à 1999 para que se liguem aos vértices de 0 à 1999 que apenas possuem o índice de influência maior que 80.

4.1.2. Modelo de Mundo Pequeno - *Watts & Strogatz*

Esta rede foi programada da seguinte forma: primeiro há uma ligação anelar, ou seja, os vértices de 0 à 1999 se ligam ao seu antecessor e ao seu posterior. Logo em seguida há uma ligação a 2 vértices posterior para todos os 2000 vértices. Depois as ligações internas são feitas aleatoriamente para todos, tendo um controle constante de 200 ligações.

4.1.3. Modelo Aleatório - *Erdos & Renyi*

Esta rede se dá com uma formação aleatória entre todos os 2000 vértices. A formação foi dividida em duas etapas: primeiro os vértices de 0 à 999 se ligam de forma randômica entre os 2000, logo depois as ligações ocorrem entre os vértices de 1000 à 1999 entre todos os vértices, também de forma randômica.

4.1.4. Modelo Modular - *Girvan-Newman*

Esta rede se caracteriza pelo a sua formação de vizinhança, conjunto ou módulos. Ela foi feita da seguinte maneira: dividida em 4 módulos, o primeiro formado pelos os vértices de 0 à 499, segundo 500 à 999, terceiro de 1000 à 1499 e o quarto de 1500 à 1999. As ligações dentro de cada módulo são aleatórias. Só existem 2 vértices que interligam os módulos, fazendo uma espécie de ponte, de contato.

4.2. Modelagem dos processos de Disseminação

4.2.1. Modelagem e Resultado do processo de disseminação - SIR

SIR é um processo de disseminação que possui índices como Suscetíveis, Infectados e Recuperados. A ideia de um Índice Morte foi implementado para se aproximar de um caso mais real (MBI), sendo: S - são as pessoas (vértices) que estão propensas a serem infectadas; I - são as pessoas (vértices) infectadas pela Tuberculose e podem infectar os Suscetíveis e R - são as pessoas que se recuperam da doença. O algoritmo responsável pelo processo SIR é apresentado nos Algoritmos 1, 2 e 3.

Algoritmo 1 Algoritmo Morte

```
1: enquanto contador:=0 até 0.07*gr->numeroInfectados faça
2:   verificandoVerticeEncontrado:=0
3:   enquanto verificandoVerticeEncontrado==0 faça
4:     verticeSorteado:=rand()%2000
5:     enquanto contador2=0 até gr->numeroInfectados faça
6:       se verticeSorteado==gr->vetInfectados[contador2] então
7:         verificandoVerticeEncontrado:=1
8:         se verticeSorteado!=gr->vetInfectados[contador2] então
9:           verificandoVerticeEncontrado:=0
10:        fim se
11:      fim se
12:    fim enquanto
13:  fim enquanto
14:  gr->indiceInfeccao[verticeSorteado]:=0
15: fim enquanto
```

Algoritmo 2 Algoritmo Infectado

```
1: enquanto verificandoVerticeEncontrado==0 faça
2:   verticeSorteado:=rand()%2000
3:   enquanto contador2=0 até gr->numeroInfectados faça
4:     se verticeSorteado==gr->vetInfectados[Contador2] então
5:       verificandoVerticeEncontrado:=1
6:       se verticeSorteado!=gr->vetInfectados[Contador2] então
7:         verificandoVerticeEncontrado:=0
8:       fim se
9:     fim se
10:   fim enquanto
11: fim enquanto
12: enquanto contador:=0 até gr->grau[verticeSorteado] faça
13:   se numeroVizinhosInfeccionados<15 então
14:     se gr->indiceInfeccao[gr->aresta[verticeSorteado] [Contador]]==0 então
15:       gr->indiceInfeccao[gr->aresta[verticeSorteado] [Contador]]:=1
16:       gr->indiceInfeccionados[gr->numeroInfectados]=gr->arestas[verticeSorteado][contador]
17:       gr->numeroInfectados++
18:       numeroVizinhosInfeccionados++;
19:     fim se
20:   fim se
21: fim enquanto
```

No Algoritmo 1 (Algoritmo da Morte) entre as linhas 1-15 7% do vetor de infectados vão receber o índice 0 (Suscetível). Os vértices são selecionados de forma randômica fazendo a verificação de índice 1 (Infectados). O índice de 7%, linha 1 (0.07), foi baseado em [Castelo Filho et al. 2004].

No Algoritmo 2 (Algoritmo Infectado) entre as linhas 1-11 é realizada a infecção, uma pessoa (vértice) é selecionado de forma aleatória. Entre as linhas 12-21 a pessoa selecionada infectará 15 outras que possuem contato. O índice 0 (Suscetível) passa para 1 (Infectado). O número de pessoas que uma pessoa(vértice) infectada pode infectar que é o valor de 15, está contido em [Saúde 2019].

Algoritmo 3 Algoritmo Recuperado

```

1: se Tempo %24==0 então
2:   enquanto contador:=0 até gr->numeroInfectados faça
3:     chanceSorteadaRecuperacao :=rand()%100
4:     se chanceSorteadaRecuperacao>=0 && chanceSorteadaRecuperacao<=60 então
5:       gr->vetInfeccionados[contador]=gr->vetInfeccionados[gr->numeroInfectados-1]
6:       gr->vetInfeccionados[gr->numeroInfectados-1]=0;
7:       gr->indiceInfeccao[gr->vetInfeccionados[Contador]]=2;
8:       numeroInfectados--;
9:     fim se
10:   fim enquanto
11: fim se

```

No Algoritmo 3 (Algoritmo Recuperado) entre as linhas 1-11 ocorre a recuperação da pessoa (vértice) com uma taxa de chance de 60%, linha 4, a cada 24 meses. O índice de infecção do vértice muda de 1(Infectado) para 2 (Recuperado). Ao final a quantidade de infectados é subtraído. O valor da taxa de recuperação que é de 60% está contido em [Castelo Filho et al. 2004].

A Figura 5 apresenta o número de indivíduos suscetíveis ao longo do tempo dos 4 tipos de redes diante do modelo epidêmico SIR. Quantidade de indivíduos suscetíveis na rede Barabasi não teve grande diminuição, já as outras redes houve uma queda considerável. Na Figura 6 apresenta o número de indivíduos infectados ao longo do tempo dos 4 tipos de redes diante do modelo epidêmico SIR. O aumento de infectados é considerável e similar nas redes Aleatória e *WattsTrogatz*, já as as redes Barabasi e Modular não houve grande aumento.

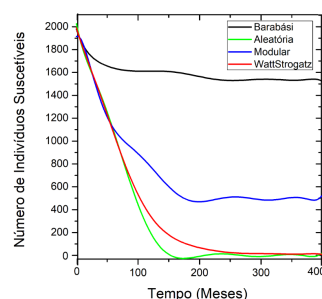


Figura 5. Resultados do processo de disseminação SIR para o parâmetro (Suscetível).

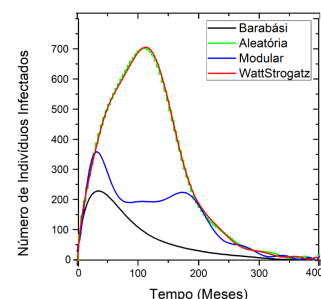


Figura 6. Resultados do processo de disseminação SIR para o parâmetro (Infectado).

A Figura 7 apresenta o número de indivíduos recuperados ao longo do tempo dos 4 tipos de redes diante do modelo epidêmico SIR. O aumento de recuperados na rede

Barabasi ocorre de forma branda, enquanto nas outras 3 redes o crescimento é abrangente.

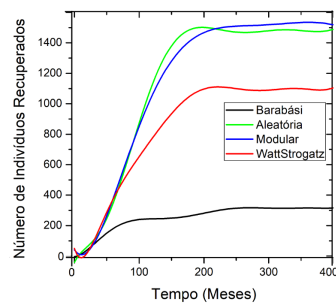


Figura 7. Gráfico dos resultados do processo de disseminação SIR para o parâmetro (Recuperado).

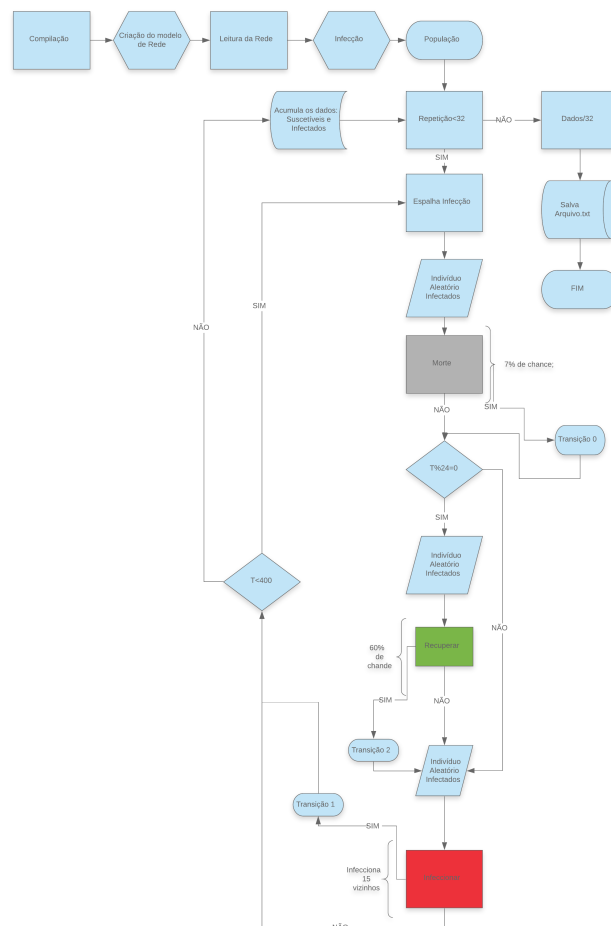


Figura 8. Fluxograma do processo de disseminação - SIR

4.2.2. Modelagem e Resultado do processo de disseminação - SEI

Para o modelo SEI, o processo de MORTE e INFECTADO é o mesmo executado para o modelo SIR que está representado pelos Algoritmos 1 e 2. Para o processo EXPOSTO é

apresentado pelo Algoritmo 4.

Algoritmo 4 Algoritmo Exposto

```
1: enquanto contador2:=0 até gr->numeroVertices faça
2:   verticeSorteado:=rand()%2000
3:   se gr->indiceInfeccao[verticeSorteado]==0 então
4:     contador2=gr->nroVertices;
5:   fim se
6: fim enquanto
7: enquanto contador:=0 até gr->grau[verticeSorteado] faça
8:   se gr->indiceInfeccao[gr->arestas[verticeSorteado][Contador]]==2 então
9:     gr->indiceInfeccao[verticeSorteado]=1;
10:    contador=gr->grau[verticeSorteado];
11:   fim se
12: fim enquanto
13: enquanto contador2=0 até gr->numeroVertices faça
14:   verticeSorteado:=rand()%2000
15:   se gr->indiceInfeccao[verticeSorteado]==1 então
16:     contador2=gr->nroVertices;
17:   fim se
18: fim enquanto
19: chanceSorteadaRecaida:=rand()%100
20: se chanceSorteadaRecaida>=0 && chanceSorteadaRecaida<=11 então
21:   gr->indiceInfeccao[verticeSorteado]=2;
22:   gr->vetInfeccionados[gr->numeroInfectados]=verticeSorteado;
23:   gr->numeroInfectados++;
24: fim se
```

Entre as linhas 1-6 é possível verificar se há exposição, uma pessoa (vértice) é selecionada de forma aleatória dentre os que possuem índice 0 (Suscetíveis). Entre as linhas 7-12 será verificado se há alguma pessoa (vértice) infectado, caso sim, o índiceInfeccao mudará para 1 (Exposto). Entre as linhas 14-19 é possível verificar se há recaída, uma pessoa (vértice) é selecionado de forma aleatória dentre os que possuem índiceInfeccao igual a 1. Entre as linhas 20-25 a chance aleatória de recaída é obtida pela função rand(). O valor 11 na linha 20 é uma taxa de chance de uma pessoa que foi exposta a doença (Tuberculose) mas que não se manifestou, e adquire esta chance de ficar infectada. Caso a recaída ocorra, a pessoa (vértice) recebe como índiceInfeccao de valor 2 (Infectado). A taxa de exposição a doença (Tuberculose) e não manifestação está em [Castelo Filho et al. 2004].

A Figura 9 apresenta o número de indivíduos suscetíveis ao longo do tempo dos 4 tipos de redes diante do modelo epidêmico SEI. A queda no número de pessoas suscetíveis é bem maior para as redes *WattStrogatz* e Aleatória, na Modular ocorre de forma não tão brusca, e Barabási é a rede que ocorreu menos queda. A Figura 10 apresenta o número de indivíduos exposto ao longo do tempo dos 4 tipos de redes diante do modelo epidêmico SEI. O aumento no número de exposto alcançou valores baixos e com valores bem similares dentre as redes.

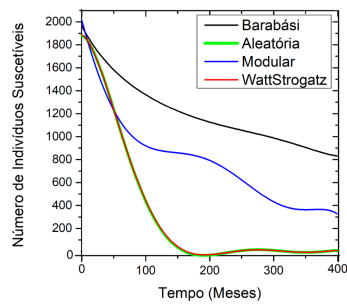


Figura 9. Resultados do processo de disseminação SEI para o parâmetro (Suscetível).

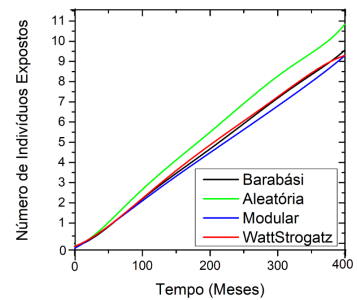


Figura 10. Resultados do processo de disseminação SEI para o parâmetro (Exposto).

A Figura 11 apresenta o número de indivíduos infectados ao longo do tempo dos 4 tipos de redes diante do modelo epidêmico SEI. Houve um aumento considerável nas redes *WattStrogatz* e *Aleatória*, a rede *Modular* cresceu de forma branda e a rede *Barabasi* foi a que teve menor crescimento dentre as outras. Já a Figura 12 apresenta o número de indivíduos infectados ao longo do tempo dos 4 tipos de redes diante dos modelos epidêmicos SEI e SIR. Aqui podemos concluir que a rede *Barabási* é a que atende melhor a análise Infecção x Tempo em questão da disseminação da Tuberculose.

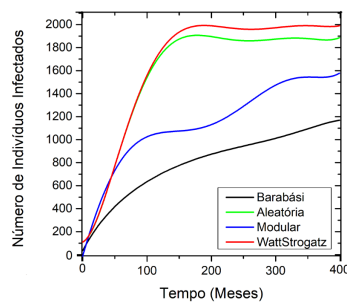


Figura 11. Resultados do processo de disseminação SEI para o parâmetro (Infectado).

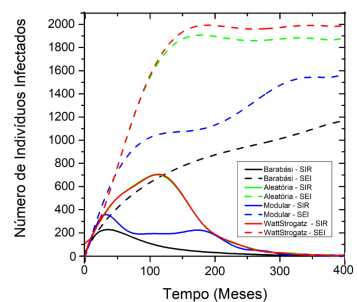


Figura 12. Resultados do processo de disseminação SIR e SEI com o parâmetro (Infectado).

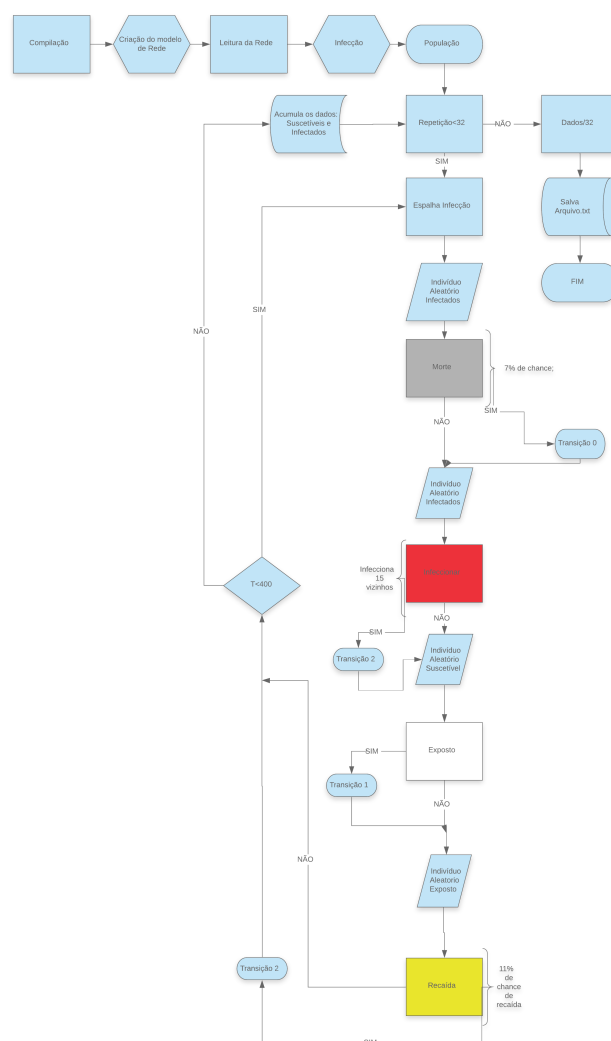


Figura 13. Fluxograma do processo de disseminação - SEI

5. Trabalhos Relacionados

Apresentamos nesta Seção os artigos que abordam aspectos relacionados a aplicação de redes complexas. Os artigos [Pinto 2018] e [Castelo Filho et al. 2004] contribuíram para a análise e dados sobre Tuberculose. [Pinto 2018] foi a base para o desenvolvimento do estudo da disseminação da Tuberculose em diferentes redes, utilizando-se de meios mais próximos das condições reais (MBI). A diferença se ocasiona no processo de eventos, nos parâmetros reais para a simulação e na demonstração e explicação dos algoritmos apresentados. Semelhante ao trabalho citado, aqui será utilizado de gráficos que demonstram as situações de disseminação nas redes ao longo do tempo. [Castelo Filho et al. 2004] foi utilizado para entender os dados relacionados a disseminação em particular ligada a Tuberculose, que serão implementados nos algoritmos.

[Rodrigues et al. 2019] apresentam uma metodologia de otimização que, dado um número k de vacinas, auxilia na escolha de um grupo de k indivíduos para a vacinação, a fim de conter o espalhamento de uma epidemia. A metodologia proposta foi construída usando o modelo epidemiológico SIR como função objetivo de um algoritmo genético.

Os resultados obtidos pela aplicação da metodologia a um conjunto de indivíduos modelados como uma rede complexa mostram que a imunização de indivíduos pelo algoritmo genético implementado causa uma redução no número de infectados durante a epidemia.

[Costa et al. 2018] diz que diversos serviços em Redes Veiculares Ad-Hoc (VANETs) requerem informações disseminadas entre os veículos para tomada de decisões. Neste artigo é apresentado um protocolo para disseminação de dados em cenários urbanos que considera métricas de redes complexas, denominado DDRX. Os resultados de simulações mostram que o DDRX oferece alta eficiência em termos de cobertura, número de transmissões e atraso em comparação ao protocolos amplamente conhecidos de disseminação de dados.

Segundo [Silva et al. 2015] a classificação e o ranqueamento de vértices é um tema muito estudado em redes complexas. Existem na literatura diversas métricas utilizadas na classificação de vértices em uma rede. Este trabalho visa comparar as diferentes métricas calculando o coeficiente de correlação entre elas. Resultados demonstram que as métricas Grau e *Hub* apresentam a maior correlação, ranqueando os vértices de maneira mais similar, enquanto as métricas *Hub* e *PageRank* obtiveram o menor coeficiente de correlação.

[Vieira et al. 2016] estudam o efeito da estrutura de comunidades na robustez de redes reais. Realizaram uma investigação comparativa entre o comportamento exibido por redes e suas comunidades correspondentes submetidas a ataques. Os resultados mostram o comportamento exibido nas redes completas e suas comunidades isoladas.

6. Conclusão

A disseminação da Tuberculose pode se dar de diversas formas tendo como parâmetros as características de cada comunidade estudada: contato e aglomeração de pessoas. A partir das redes complexas implementadas no presente trabalho, foi possível prever que a rede de Modelo de Livre Escala - *Barabási-Albert* - BA diante dos dois modelos epidemiológicos SIR e SEI apresentam a maior aproximação do objetivo proposto que é o menor índice de infecção ao longo do tempo. É possível notar uma discrepância do número de indivíduos infectados dentre os dois modelos epidemiológicos devido o SIR ter como parâmetro a recuperação que diminui o índice de infectados e o SEI ter a exposição que favorece o número de infectados. Como trabalho futuro pretende-se propor um novo modelo de disseminação de forma a equilibrar os diferentes parâmetros avaliados.

7. Agradecimentos

Esse trabalho foi realizado com apoio financeiro do CNPq, CAPES, FAPEMIG e DTECH/UFSJ.

Referências

- Albert, R. and Barabási, A.-L. (2002). Statistical mechanics of complex networks. *Reviews of modern physics*, 74(1):47.
- Bagnato, G. G. (2008). Análise estrutural de redes complexas modulares por meio de caminhada auto-excludentes. pages 1–333.

- Barabasi, A.-L. (2003). *Linked: How Everything Is Connected to Everything Else and What It Means for Business, Science, and Everyday Life*.
- Castelo Filho, A., Kritski, A. L., Barreto, Â. W., Lemos, A. C. M., Netto, A. R., Guimarães, C. A., Silva, C. L., Sant'Anna, C. d. C., Haddad, D. J., Lima, D. S., et al. (2004). II congresso brasileiro de tuberculose: diretrizes brasileiras para tuberculose 2004. *Jornal Brasileiro de Pneumologia*, 30:S57–S86.
- Costa, J., Rosário, D., de Souza, A. M., Villas, L. A., and Cerqueira, E. (2018). Protocolo para disseminação de dados em vanets baseado em métricas de redes complexas: Um estudo de caso com sistema de gerenciamento de tráfego. In *Anais do XXXVI Simpósio Brasileiro de Redes de Computadores e Sistemas Distribuídos*. SBRC.
- Kaur, A. (2017). The science behind socionet: “we are one!”. *mystory*.
- Montgomery, D. C. and Runger, G. C. (2006). *Applied Statistics and Probability for Engineers*, volume 4th. John Wiley and Sons Wiley.
- Nepomuceno, E. G. (2005). Dinâmica, modelagem e controle de epidemias. *UFMG. Tese de Doutorado*. http://www.cpdee.ufmg.br/defesas/D_534.
- Pinto, E. R. (2018). Estudo da dinâmica de epidemias em redes complexas.
- Rodrigues, F. A. (2007). *Caracterização, classificação e análise de redes complexas*. PhD thesis, INSTITUTO DE Física DE São CARLOS.
- Rodrigues, R., Vieira, V., and Xavier, C. (2019). Escolha de indivíduos a serem imunizados via algoritmo genético sobre o modelo sir em redes complexas.
- Saúde, B. M. (2019). Manual de recomendações para o controle da tuberculose no Brasil.
- Silva, J. G. R., Xavier, C. R., da Fonseca Vieira, V., and de Carvalho, I. A. (2015). Estudo comparativo de métricas de ranqueamento em redes complexas utilizando coeficientes de correlação. In Bastos Filho, C. J. A., Pozo, A. R., and Lopes, H. S., editors, *Anais do 12 Congresso Brasileiro de Inteligência Computacional*, pages 1–6, Curitiba, PR. ABRICOM.
- Vieira, V. d. F., do Carmo, V. E., Xavier, C. R., Evsukoff, A. G., and Ebecken, N. F. (2016). Investigação sobre robustez de comunidades em redes.
- Wang, X. F. and Chen, G. (2003). Complex networks: small-world, scale-free and beyond. *IEEE circuits and systems magazine*, 3(1):6–20.