



**III Workshop
Modelagem Matemática Aplicada ao
Controle da Dengue
no Brasil**

8 a 10 de maio de 2013
Palácio Itaboraí, Petrópolis, RJ

CADERNO DE RESUMOS

Table of Contents

Modeling of a mosquito population. Estimation of the adult population from the larvae data.....	4
Uso do modelo de bitstring para estudo da resistência do Aedes Aegypti em decorrência do controle químico.....	4
Automatização da análise de mapas de kernel para longas séries temporais.....	5
Avaliação da coleta massal com armadilhas BG-Sentinel® para o controle de vetores da dengue em Manaus.....	6
Bitstring model for resistance in Aedes aegypti.....	7
Estimação de abundância de Aedes aegypti através de um modelo hierárquico de inferência.....	9
Estudo do Modelo de Ising e sua aplicação em Epidemiologia.....	9
Modelando e simulando experimentos de captura de mosquitos.....	10
Gerenciando Dados Abertos para Projetos de Pesquisa em Saúde Pública.....	11
Caracterização de paisagens urbanas heterogêneas de interesse para a vigilância e controle da dengue na Ilha do Governador, Rio de Janeiro.....	11
Desenvolvimento de uma interface gráfica para modelagem e simulação da Dengue...	13
Estimativas de Deslocamentos Populacionais em Escala Intra-Urbana com Aplicação para a Modelagem Computacional da Dinâmica de Doenças de Transmissão Vetorial em Cidades: O caso da Dengue.....	14
DengueME – Módulo Epidemiológico.....	16
Modelagem Multiescala em Epidemiologia.....	17

DengueME: Módulo Entomológico.....	18
Simulação de modelos epidemiológicos de múltiplos sorotipos.....	19
Análise espaço-temporal das epidemias de dengue no Rio de Janeiro através do número de reprodução.....	20
As Contribuições da Unioeste junto ao Projeto PRONEX.....	21
Stochastic Dynamical Approach for Dengue Spreading.....	22
Modelo Temporal e Espaço-Temporal para a Propagação da Dengue.....	23
Avaliação da frequência da inseminação cruzada entre <i>Aedes aegypti</i> e <i>Ae. albopictus</i> em condições laboratório e avaliação de seu efeito através de modelos matemáticos ..	24
Influência da qualidade do criadouro sobre a história de vida de populações de <i>Aedes aegypti</i> e <i>Aedes albopictus</i> (Diptera: Culicidae).....	25
DengueME na Prática.....	26
Reproduction numbers on a metapopulation: uniform local and global.....	27

Modeling of a mosquito population. Estimation of the adult population from the larvae data

Abderrahman Iggidr

Université de Metz, ISGMP, Bâtiment A, Ile du Saulcy, 57045 METZ

Anopheles arabiensis is the target of a sterile insect technique (SIT) program in Sudan. Success will depend in part upon reasonable estimates of the adult population in order to plan the sizes of releases. It is difficult to obtain good estimates of adult population sizes for this mosquito because of the low density of the populations and also because the temporal and spatial distribution of *Anopheles arabiensis* is very dynamic. We have developed a compartmental model capable of predicting the range of adult populations of *Anopheles arabiensis* in two study sites in the North of Sudan. We have provided a software that is “user friendly” and that is able to give an estimate of the whole male and female population using only the larvae data (the only available and relatively easy data to collect).

Uso do modelo de *bitstring* para estudo da resistência do *Aedes Aegypti* em decorrência do controle químico

Alisson Luiz da Silva Lemos ¹, Crysttian Arantes Paixão ², Iraziet da Cunha Charret ¹

¹ Universidade Federal de Lavras – UFLA, Lavras, Brasil, ² Escola de Matemática Aplicada – Fundação Getúlio Vargas, Rio de Janeiro, Brasil

A dengue é uma doença transmitida por mosquitos do gênero *Aedes*, sendo a espécie *Aedes Aegypti* o principal vetor do vírus. Geralmente, a ocorrência de epidemias de dengue está diretamente relacionada com a presença e a densidade de seus vetores. Estudos sobre a dinâmica populacional do *A. Aegypti* são fundamentais na elaboração de estratégias de

controle desse inseto. O controle químico, com uso de inseticidas, é uma das metodologias mais adotadas. Alguns fatores evolutivos, como mutação e seleção natural, podem alterar a composição gênica das populações. O próprio inseticida não produz uma mudança genética; seu uso continuado, entretanto, pode selecionar os indivíduos resistentes em uma população de vetores. A resistência é definida pela Organização Mundial da Saúde como a habilidade de uma população de insetos tolerar uma dose de inseticida que, em condições normais, causaria sua morte. Também pode ser relacionada a um processo de evolução acelerada de uma população que responde a uma intensa pressão seletiva, com a consequente sobrevivência dos indivíduos que possuem alelos que conferem resistência. Nesse trabalho são apresentados os primeiros resultados que simulam o comportamento da resistência do vetor ao controle químico, utilizando um modelo computacional modificado baseado na técnica de *bitstring*. O modelo considera o ciclo de vida do vetor, o tamanho da população, o nível de resistência do indivíduo ao inseticida, além de outros parâmetros como eficácia e número de aplicações do inseticida. No modelo, cada indivíduo é representado por uma tira de bits contendo todas as informações que serão utilizadas durante a simulação. Em trabalhos futuros a intenção é acrescentar modelos de séries temporais de temperatura, humidade e precipitação e analisar a influência desses fatores no número de casos de dengue e o comportamento da resistência.

Automatização da análise de mapas de kernel para longas séries temporais

Breno de Almeida Resende (breno.dealmeida@gmail.com) , Raquel Martins Lana (raquelmlana@gmail.com) , Tiago Garcia de Senna Carneiro (tiago@iceb.ufop.br)

Departamento de Computação, Universidade Federal de Ouro Preto –UFOP

Estudos da dinâmica espaço-temporal do mosquito vetor da dengue, *Aedes aegypti*, tem se tornado um objeto de estudo mais comum com o aumento do monitoramento em alguns municípios do país. Os dados de coleta de mosquito têm sido utilizados para análises de padrão espacial, que muitas vezes são feitas por mapas de kernel. Algumas séries temporais de coleta de mosquito utilizadas nesses estudos costumam ser longas, uma vez que os dados estão na resolução semanal e atualmente, o banco de dados obtido pelo projeto PRONEX Dengue tem quatro anos de coleta, resultando em 209 semanas. Porém analisar e comparar

essa quantidade de mapas se torna impraticável. Fez-se então necessário a construção de um plugin para o sistema de informação geográfica TerraView. Esse plugin é capaz de percorrer e analisar esta quantidade massiva de mapas de kernel em intervalos definidos pelo usuário e gerar um único mapa resultante através de cálculos como média, desvio padrão, máximo, mínimo ou soma. Anteriormente a esse plugin, outros dois plugins foram desenvolvidos para facilitar o processo de importação dos dados e a geração dos mapas por semana. Buscando atender o maior número possível de usuários, uma versão em Linux dos três plugins já desenvolvidos serão disponibilizadas, além da versão para o TerraView 4.2.

Avaliação da coleta massal com armadilhas BG-Sentinel[®] para o controle de vetores da dengue em Manaus

C. M. Degener¹, T. F. A. Mingote¹, R. A. Roque², S. Rösner³, C. T. Codeço⁴, A. A. Nobre⁴, J.J. Ohly⁵, M. Geier⁶, Á. E. Eiras¹.

1 Laboratório de Ecologia Química de Insetos Vetores, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brasil. 2 Laboratório de Entomologia Aplicada, Universidade Nilton Lins, Manaus, Brasil. 3 Department of Science and Diagnostics, Forel Klinik, Ellikon an der Thur, Suíça. 4 Programa de Computação Científica, Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brasil. 5 Universidade Estadual de Amazonas, Manaus, Brasil. 6 Biogents AG, Regensburg, Alemanha.

O objetivo do presente trabalho foi avaliar a efetividade da técnica da coleta massal de *Aedes aegypti* (L.) com armadilhas BG-Sentinel[®] (BGS) por meio de experimento randomizado de conglomerados em uma área urbana em Manaus, Brasil.

Após o monitoramento pré-intervenção da abundância de adultos de *Ae. aegypti* pelas armadilhas BGS e MosquiTRAP[®] (MQT), em 12 conglomerados, seis conglomerados foram aleatoriamente designados para a intervenção (coleta massal), onde residências participantes receberam uma armadilha BGS cada. O monitoramento entomológico foi realizado quinzenalmente com armadilhas BGS e MQT durante os 16 meses de intervenção. Depois do

estudo, um questionário foi aplicado nas residências dos conglomerados tratados.

Os resultados do monitoramento com BGS sugerem que a coleta massal reduziu a abundância de fêmeas de *Ae. aegypti*. Até o início da época de seca, esse efeito era significativo. Considerando todo o período de intervenção o efeito foi marginalmente significativo. O monitoramento com MQT também detectou, que houve menos fêmeas nas áreas de coleta massal, mas a diferença entre áreas tratadas e áreas controle não foi significativo. O questionário mostrou que a maioria dos participantes ficaram satisfeitos com a armadilha e muitos participantes relataram, que perceberam um efeito das armadilhas sobre a redução de mosquitos na residência.

Os resultados não foram completamente conclusivos, mas há evidências que a armadilha BGS é uma ferramenta promissora, que poderia ser utilizada como um componente de programas de controle da dengue. Estudos adicionais com um número de amostras maior em combinação com outras formas de controle serão necessários para comprovar um efeito significativo da coleta massal com armadilhas BGS.

Palavras chave: BG-Sentinel, controle de dengue, coleta massal, Mosquitrap, *Aedes aegypti*.

Bitstring model for resistance in *Aedes aegypti*

Crysttian Arantes Paixão e Flávio Codeço Coelho

Escola de Matemática Aplicada – Emap, Fundação Getúlio Vargas

Among the numerous public health problems in the world, which the population is subjected, it stand out the Dengue fever. Dengue fever is a disease transmitted by mosquitoes in tropical and subtropical regions of the world, i.e., a considerable proportion of the population living in risk areas. The main vector of dengue is the mosquito hematophagous the genus *Aedes*, which deserves attention it belongs subgenus *aegypti*, *albopictus* and *polynesienses*. In Brazil, the majority of infestations is caused by *Aedes aegypti*, which is spread over a large part of the Brazilian territory. Because it is a viral disease that still has no definitive treatment, vector control is one way of trying to combat the disease. Different

forms of combat are used in an attempt to eliminate the vector: mechanical control, chemical and biological control. In mechanical control, the sites that vector uses to reproduce are eliminated to prevent the growth of vector population. In biological control, pathogens or predators are used to eliminate the vector. One of the most frequently used control is chemical control. In this control form, the vectors are subjected to insecticides of organic and inorganic origin. Because they are easily manipulated to make the control in large scale, this method has been used most often. The intensive use has caused the emergence the problems. One of the problems that deserve attention are the focus of this work is the emergence of insecticide resistant populations. This resistance decreases the efficiency of an insecticide and thus renders the control by its mean, inviable. The indiscriminate use of these products, generates a selection pressure on the vector population that have some genetic resistance to the active ingredient used, allowing the reproduction of resistance vector, generating populations with resistance. The objective of this study is describe the behavior of resistance in vector populations using individual-based models, which emphasizes the technique bitstring. In this model type, the most relevant characteristics of the individual are added in bit strips, which corresponds to an individual, and manipulated to simulate their behavior. In particular, the resistance is characterized by two bits which describes the resistance as dominant and recessive genes. Individuals are subject to a form of control using insecticide and populations are generated from the crossing of these individuals. Thus, with such a model, it becomes possible for parents to pass on the resistance characteristics to offspring, and one can observe the dynamics of resistance in the population over time for different control methodology settings.

Palavras-chave: Dengue fever, resistance, bitstring model, chemistry control.

Estimação de abundância de *Aedes aegypti* através de um modelo hierárquico de inferência

Daniel A M Villela; Cláudia T. Codeço; Felipe Figueiredo; Rafael M Freitas e Claudio Struchiner

Programa de Computação Científica, Fundação Oswaldo Cruz

Métodos de marcação e captura são muito utilizados para estimação de parâmetros que descrevem a população de espécies, como por exemplo abundância de espécies. Neste trabalho, o objetivo é utilização de dados de marcação e captura de *Aedes aegypti* em uma área geográfica delimitada para estimação de abundância populacional e outros fatores. É apresentado um modelo hierárquico e espacial, formulado de forma a proceder a uma inferência bayesiana. Os resultados preliminares são apresentados. Algumas dificuldades também são apresentadas como a questão de estimação com dados esparsos.

Estudo do Modelo de Ising e sua aplicação em Epidemiologia

Felipe da Cruz Rodrigues; Fabiano Ribeiro Lemes e Iraziet Charret

Universidade Federal de Lavras

Neste trabalho, vamos apresentar nossos estudos matemáticos e computacionais do modelo de Ising e de suas aplicações em epidemiologia. O modelo de Ising considera que sítios de uma rede são ocupados por agentes/indivíduos/átomos que interagem apenas com seus primeiros vizinhos. Esse modelo tem importância significativa em Física Estatística, pois é capaz de prever transições de fase em sistemas magnéticos. No presente trabalho, vamos apresentar resultados de simulações computacionais desse modelo, determinação de pontos e expoentes críticos universais, análises de escala, entre outros. Mostraremos também como esse modelo pode ajudar na compreensão de dinâmicas epidemiológicas.

Modelando e simulando experimentos de captura de mosquitos

Felipe Figueiredo¹; Danielle Castro¹; Claudio Struchiner¹; Daniel Villela¹; Rafael Freitas² e Cláudia Codeço¹.

¹Programa de Computação Científica – FIOCRUZ, Av. Brasil 4365, Manguinhos, CEP: 21.045-900, Rio de Janeiro, RJ. ²Fundação Oswaldo Cruz – IOC - , Av. Brasil 4365, Manguinhos, CEP: 21.045-900, Rio de Janeiro, RJ.

A maior parte dos projetos que planejam intervenções em populações selvagens de animais depende de estimativas razoáveis do tamanho populacional no campo. As técnicas clássicas de Marcação-Soltura-Recaptura (MRR em inglês) são tipicamente usadas para mamíferos, pássaros e peixes, e o estado-da-arte desses modelos hoje envolvem interpretar a taxa de retorno dos indivíduos marcados como o produto entre a probabilidade de captura e a taxa de sobrevivência. Devido a seu tamanho corporal diminuto, os mosquitos impõe um problema particularmente difícil para as esses modelos. Mostrarei algumas de nossas tentativas em adaptar as premissas dos modelos clássicos MRR, e um modelo computacional de base individual que está sendo utilizado para aferir a eficiência do experimento de campo e validar as análises baseadas nos modelos matemáticos.

Gerenciando Dados Abertos para Projetos de Pesquisa em Saúde Pública

Flávio Codeço Coelho

Escola de Matemática Aplicada – FGV

O gerenciamento de dados é de extrema relevância em projetos científicos. Particularmente na área de Saúde Pública, a necessidade de obter e integrar, múltiplas fontes heterogêneas de dados, coloca à comunidade um desafio de cataloga fontes confiáveis de dados juntamente com uma documentação adequada sobre a acessibilidade dos mesmos. Nesta apresentação, vamos discutir a solução proposta pelo Pronex Dengue Modelagem, bem como demonstrar a sua aplicabilidade e benefício para a comunidade de modeladores em Saúde Pública.

Caracterização de paisagens urbanas heterogêneas de interesse para a vigilância e controle da dengue na Ilha do Governador, Rio de Janeiro

Izabel Cristina dos Reis¹, Antônio Miguel Vieira Monteiro², Raquel Martins Lana¹, Líliam César de Castro Medeiros³, Raian Vargas Maretto², Leonardo Bacelar Lima Santos², Flávio Codeço Coelho⁴, Tiago Garcia de Senna Carneiro⁵, Tiago França Melo Lima⁵, Claudia Torres Codeço¹

¹Fundação Oswaldo Cruz – Rio de Janeiro; ² Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais – São José dos Campos; ³UNESP – São José dos Campos; ⁴Fundação Getúlio Vargas – Rio de Janeiro, ⁵ Universidade Federal de Ouro Preto – Minas Gerais

A dengue é atualmente considerada a mais importante arbovirose transmitida por mosquitos ao homem em função de sua morbidade e mortalidade. Os estudos atuais têm apontado para a necessidade de extrapolar o olhar para além dos domicílios com o objetivo

de buscar fatores que auxiliem na compreensão da dinâmica e transmissão da doença nos territórios urbanos. Com isso, o objetivo principal desse trabalho é a estratificação do meio urbano em suporte à definição de amostragens geográficas para novos experimentos entomológicos e epidemiológicos orientados para a vigilância da dengue, baseado no conceito de Padrões Elementares da Paisagem Urbana (PPU), em vista que a cidade é composta de um mosaico de PPU's interligados onde cada PPU representa uma micro-área que sustenta um conjunto similar de características. A área de estudo foi a Ilha do Governador situada na cidade do Rio de Janeiro. Os resultados apresentam: (a) um sistema de classificação para uso e cobertura do solo urbano, baseado no sistema de classificação da FAO, adaptado para a questão da dengue; (b) uma tipologia com sete (07) PPU's suficientes para a diferenciação em escala intra-urbana com morfologias urbanas distintas, analisando-se a densidade, a forma, o tamanho e a porcentagem de cada classe da paisagem urbana; (c) a definição de micro-áreas baseada em células de 100x100m; (d) um classificador estrutural que incorporou todos os elementos chaves e valores importantes para a determinação dos PPU; (e) classificação do conjunto de micro-áreas de 100x100m de acordo com a tipologia estabelecida. Os 07 padrões de paisagem urbana para a dengue na Ilha do Governador foram: 1) Área densamente habitada com habitações do tipo unifamiliar justapostas sem presença de quintais ou jardins, 2) Área densamente habitada com habitações do tipo unifamiliar espaçadas entre si com presença de pequenos quintais e jardins, 3) Área densamente habitada com habitações do tipo multifamiliar (prédios), 4) Área com presença de cemitério podendo ter a presença de área residencial/serviço com habitações do tipo unifamiliar, 5) Área de vegetação tanto arbustiva quanto rasteira podendo ter a presença de área residencial/serviço com habitações do tipo unifamiliar, 6) Área com presença do Aeroporto Internacional Tom Jobim (Galeão) podendo ter a presença de área residencial/serviço com habitações do tipo unifamiliar, 7) Imóveis do tipo não residencial podendo ter a presença de área residencial/serviço.

Palavras – chaves: dengue, Paisagens urbanas, mineração de padrões espaciais, sensoriamento remoto.

Desenvolvimento de uma interface gráfica para modelagem e simulação da Dengue

Leandro G Silva e Tiago F M Lima

Universidade Federal de Ouro Preto

Modelagem e simulação da dinâmica da dengue tem sido tema de diversos estudos em busca da redução dos casos da doença abaixo dos limiares epidêmicos. A disponibilização de métodos matemáticos e computacionais para os modeladores em dengue na forma de aplicativos GUI (Graphical User Interface) é essencial no que diz respeito a agilidade nas pesquisas e tomada de decisão em políticas públicas. Isso reduzirá o esforço dos pesquisadores e/ou servidores que não precisarão entrar em contato com linhas de código que, para muitos dos usuários finais, pode ser muito complicado. GUIs são de fácil utilização já que fazem uso de elementos gráficos como ícones e outros indicadores visuais para interação com dispositivos digitais. Neste sentido, o objetivo deste trabalho é desenvolver uma interface gráfica para a ferramenta DengueME (Dengue Modelling Environment). O DengueME permite ao usuário modelar e simular a dinâmica populacional do mosquito vetor da dengue, *Aedes aegypti*, os mecanismos de controle e intervenção e transmissão da doença. Tanto a ferramenta quanto sua interface gráfica ainda estão em fase de prototipação. O desenvolvimento desta ferramenta tem como base a plataforma de modelagem e simulação TerraME. A implementação da GUI está sendo feita utilizando o Qt creator 2.4.1, baseado no Qt 4.7.4, um software gratuito mantido pela Digia Oyj para auxiliar no desenvolvimento de GUIs em C++. Inicialmente foram identificados os dados de entrada para cada um dos modelos, o que possibilitou construir as interfaces gráficas através das quais os usuários poderão fornecer os parâmetros para cada modelo. As GUIs foram desenvolvidas em uma aplicação única, englobando os modelos já citados. Nessa versão já observamos uma melhora significativa na usabilidade para usuários pouco experientes em programação pelo fato de este ser um software intuitivo, não havendo a necessidade de contato direto com linhas de código pelo o usuário, devendo este, apenas, inserir os dados na interface gráfica e fazer uso dos ícones para realizar a execução. O proximo passo para o desenvolvimento da GUI para a ferramenta DengueME é o teste de usuários para que possamos identificar as falhas e

produzir uma versão estável para disponibilização pública. Além disso, é intenção preparar o ambiente para a incorporação de novos modelos.

Estimativas de Deslocamentos Populacionais em Escala Intra-Urbana com Aplicação para a Modelagem Computacional da Dinâmica de Doenças de Transmissão Vetorial em Cidades: O caso da Dengue

Leonardo B. L. Santos^{1,2}, Flávio C. Coelho³ e Antônio Miguel Vieira Monteiro²

1. CEMADEN/MCTI Centro Nacional de Monitoramento e Alertas de Desastres Naturais, 2. INPE – Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais, 3. EMAP/FGV-RJ Escola de Matemática Aplicada da FGV - RJ

O atributo das cidades relativo ao deslocamento de pessoas e bens no espaço urbano, utilizando para isto veículos, vias e toda a infra-estrutura urbana estabelece o conceito de Mobilidade Urbana nos anos recentes. É um conceito mais amplo, que abandona a forma fragmentada de tratar os elementos de circulação nas cidades e, passa a ter um olhar para administração da circulação de pessoas e não de seus veículos.

Doenças como a Dengue são eminentemente urbanas. Desta forma, uma visão de Mobilidade centrada na circulação das pessoas, permite pensar na apropriação dos dados mais recentes de pesquisas OD (Origem-Destino) como uma base empírica para explorar possibilidades de estimativa de deslocamentos populacionais em escala intra-urbana. Nossa hipótese neste trabalho é que estes dados, tradicionalmente orientados para a montagem das matrizes OD com aplicação para o planejamento de transportes podem ser estruturados na forma de diferentes tipos de (complexas) redes que representam uma estimativa empírica para a circulação de pessoas.

Os dados de OD se referem ao início e fim de uma viagem com um objetivo específico, desconsiderando pontos intermediários e são coletados por regiões da cidade e de forma

amostral. A pesquisa OD, embora simplifique as questões associadas à mobilidade urbana e seja ainda orientada centralmente para responder as demandas da engenharia de tráfego (como eficiência dos modos de transporte), retêm informações sobre padrões de circulação de grupos populacionais.

Considerando a Dengue, estudos entomológicos mostram caudas longas na distribuição dos horários médios de repasto do *Aedes aegypti*, seu principal vetor no Brasil; apontam também para o transporte de mosquitos e ovos em transportes coletivos, e, por outro lado, a sobreposição dos turnos de trabalho com os períodos de repasto, no caso das regiões metropolitanas, grandes e médias cidades no Brasil, trazem mais complexidades ao estabelecimento de padrões de circulação com fácil associação às dinâmicas envolvidas na transmissão.

Este dados de OD, sobre os quais os padrões de circulação podem ser estimados, podem ser explorados como uma base empírica potencial para o estudo da dinâmica epidemiológica de doenças como a Dengue, quando considerando, em particular, os estudos dos processos de espalhamento viral através do homem em circulação pelos seus territórios de vida na cidade. Para desenvolver estas idéias a pesquisa OD para a Região Metropolitana do Rio de Janeiro (RMRJ) foi utilizada. O conjunto de 485 Zonas de Tráfego (ZT) em que foi dividida a região metropolitana, foi utilizado como base para o estabelecimento de redes de circulação. O centro geométrico das ZT, em uma simplificação para tratar dados agregados, gerou o conjunto base de vértices da rede, e as arestas de ligação surgem de acordo com o número de viagens (fluxo) entre as ZT. Com a rede estabelecida, são analisadas propriedades geográficas das ZT e propriedades topológicas das redes geradas. Os resultados mostram consistência entre os dados empíricos e um modelo gravitacional simples tomado para o fluxo em função de distâncias menores que a distância mediana encontrada para todas as viagens. São encontrados para as redes de circulação geradas comportamentos complexos de redes livres de escala, hierárquicos e efeitos de pequeno mundo. Estas características da rede encontrada têm influência direta na estrutura de contato entre os grupos populacionais em deslocamento na cidade e sua exposição ao vetor e, conseqüentemente, impactam a dinâmica epidemiológica.

São apresentados também mecanismos para inserção dos dados de OD em modelos epidemiológicos, tomando como estudo de caso o projeto DengueME.

DengueME – Módulo Epidemiológico

Líliam César de Castro Medeiros¹, Raian Vargas Maretto², Antônio Miguel Vieira Monteiro², Leonardo Bacelar Lima Santos², Tiago França Melo Lima³, Claudia Torres Codeço⁴, Raquel Martins Lana⁴, Izabel Cristina dos Reis⁴, Flávio Codeço Coelho⁵, Tiago Garcia de Senna Carneiro³

¹ UNESP – São José dos Campos, ² Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais – São José dos Campos, ³ Universidade Federal de Ouro Preto, ⁴ Fundação Oswaldo Cruz – Rio de Janeiro; ⁵ Fundação Getúlio Vargas – Rio de Janeiro

O módulo epidemiológico em desenvolvimento para a plataforma *DengueME* foi inspirado no modelo desenvolvido por (Medeiros et al., 2011). Trata-se de um modelo baseado em agentes atuando em um espaço celular acoplado a um Sistema de Informações Geográficas, para simulação e análise de cenários da dinâmica espaço-temporal da difusão da dengue em ambientes urbanos reais. A modelagem baseada em agentes fornece um método para a simulação de sistemas complexos através da representação de entidades individuais e suas interações, e tem se mostrado uma técnica poderosa para descrever processos epidemiológicos estruturados envolvendo comportamento humano e interações locais (Macal & North, 2010; Roche et al., 2011).

No modelo apresentado, há dois tipos de agentes, que representam respectivamente, humanos e mosquitos. Suas relações são representadas pelas interações entre humanos, mosquitos, o sorotipo envolvido e o ambiente, onde são consideradas informações populacionais disponíveis. Neste modelo, as relações de vizinhança levam em conta tanto as relações de espaço absoluto utilizando a distância Euclideana, utilizadas principalmente na representação da mobilidade de mosquitos, quanto as relações de espaço relativo que utilizam as distâncias em redes de conexão, relativas à mobilidade humana.

Palavras-chave: dengue, modelagem baseada em agentes, mobilidade humana

REFERÊNCIAS

- MACAL, C. M., NORTH, M. J. (2010). Tutorial on agent-based modelling and simulation. *Journal of Simulation*, 4: 151–162.
- MEDEIROS, L. C. C., CASTILHO, C. A. R., BRAGA, C., SOUZA, W. V., REGIS, L., MONTEIRO, A. M. V. (2011). Modeling the Dynamic Transmission of Dengue Fever: Investigating Disease Persistence. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 5(1): e942. doi:10.1371/journal.pntd.0000942.
- ROCHE, B., DRAKE, J. M., ROHANI, P. (2011). An Agent-Based Model to study the epidemiological and evolutionary dynamics of Influenza viruses. Roche et al. *BMC Bioinformatics* 12: 87. Disponível em: <http://www.biomedcentral.com/1471-2105/12/87>. Acessado em 30 de março de 2013.

Modelagem Multiescala em Epidemiologia

Max Oliveira de Souza

Universidade Federal Fluminense

A dinâmica de sistemas epidemiológicos acontece em várias escalas, que podem ser bastante díspares. Nesta apresentação iremos explorar essa diferença de escalas estudando alguns problemas: a dinâmica efetiva em situações que a dinâmica hospedeiro-vetor possa ser separada; aplicação da separação de escalas a um modelo de Wolbachia, re-obtendo um resultado clássico de M. Turelli. Se o tempo permitir, mencionaremos também aplicações a dinâmicas estocásticas e em rede.

DengueME: Módulo Entomológico

Raquel M. Lana^{1,2}, Tiago G. S. Carneiro², Tiago F.M. Lima², Izabel C. Reis¹, Líliam C. C. Medeiros⁴, Raian V. Maretto³, Leonardo B.L. Santos³, Flávio C. Coelho⁵, Antonio M.V. Monteiro³, Cláudia T. Codeço¹

¹Fundação Oswaldo Cruz – Rio de Janeiro; ²Universidade Federal de Ouro Preto – Ouro Preto, João Monlevade; ³Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais – São José dos Campos; ⁴UNESP – São José dos Campos; ⁵Fundação Getúlio Vargas – Rio de Janeiro

A avaliação de políticas de intervenção no combate e prevenção a dengue é indispensável quando o objetivo é atingir a redução de casos da doença de forma rápida e prolongada. No entanto, estudos que permitam essa avaliação ainda são poucos devido à dificuldade de realizá-los, já que envolve medições em campo e cooperação da população, como uma grande quantidade de recursos humanos e altos custos. Com o objetivo de viabilizar estudos envolvendo estratégias de controle, dois tipos de modelos entomológicos foram desenvolvidos dentro da plataforma DengueME, sendo um modelo temporal e outro espaço-temporal. Os modelos em questão permitem simular o ciclo de vida do mosquito vetor da dengue, *Aedes aegypti*, e as estratégias de controle da dengue, que até o momento, em sua maioria, tem como alvo o vetor. O uso dessas ferramentas pode apoiar decisões em políticas públicas e a proposta de novos desenhos de intervenção de forma a sistematizar o serviço e torná-lo menos dispendioso, além de ajudar a entender o comportamento do vetor quando exposto a certos distúrbios.

Simulação de modelos epidemiológicos de múltiplos sorotipos

Reginaldo Aparecido Zara; Diego Robles Vieira Ribeiro; Gustavo Catarino da Costa e
Leandro Jorge Vieira da Maia

Universidade Estadual do Oeste do Paraná

A Dengue é uma infecção transmitida pela picada do mosquito (vetor) infectado pelo vírus *Aedes aegypti* em humanos (hospedeiros) suscetíveis. A doença não é infecciosa de pessoas para pessoas, ocorrendo somente pela picada do mosquito infectado (vetor), enquanto o mosquito adquire o vírus picando pessoas que estejam contaminadas. O vírus causador da enfermidade inclui quatro tipos imunológicos ou sorotipos: DEN-I, DEN-II, DEN-III e DEN-IV, sendo que infecção por um dos sorotipos confere proteção permanente para o mesmo sorotipo e imunidade parcial e temporária contra demais. Em relação à doença, um indivíduo hospedeiro pode encontrar-se em um estado suscetível, infeccioso ou recuperado (imune) para cada sorotipo. Neste trabalho são apresentadas simulações computacionais de um modelo probabilístico para simulação da propagação sequencial de múltiplos sorotipos, adequado para simulação da propagação da dengue em redes de contato considerando até quatro diferentes sorotipos. As populações de hospedeiros e vetores são espalhadas em uma rede homogênea onde cada elemento representa um indivíduo vetor ou hospedeiro. São apresentados e discutidos resultados de simulações para a modelagem dos múltiplos sorotipos da dengue, inseridos sequencialmente na rede, mas defasados entre si por um determinado intervalo de tempo, mantendo fixos os valores dos parâmetros da rede, as taxas de infecção e os tempos de permanência em cada estado. O comportamento do modelo é analisado para a situação na qual os sorotipos são inseridos sequencialmente de forma que concorrem entre si de forma indireta, devido à imunização parcial. Os resultados mostram que o tempo de inserção influencia para que um sorotipo cause ou não epidemia, devido à concorrência entre as infecções por cada um dos sorotipos e as respostas imunológicas que elas desencadeiam.

Análise espaço-temporal das epidemias de dengue no Rio de Janeiro

através do número de reprodução

R.C. Dorn¹, S.T.R.Pinho¹, C.P.Ferreira², Lourdes Esteva³ e Jair Koiller⁴

¹ Instituto de Física, Universidade Federal da Bahia, 40210-340, Salvador, Brasil. ² Depto de Bioestatística, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista, 18618-000, Botucatu, SP, Brasil. ³ Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, 04510, México, DF, Mexico. ⁴Fundação Getúlio Vargas, Rio de Janeiro, Brasil.

Os modelos matemático computacionais podem auxiliar a descrever a dinâmica de transmissão da dengue. Um parâmetro importante nesses modelos é o número básico de reprodução, representado por R_0 , que descreve o número médio de casos secundários causados em uma população inteiramente suscetível por um único caso. Se $R_0 > 1$, há epidemia, sendo bom indicador do risco de epidemia e importante para o controle da infecção. Nesse trabalho, propomos estimar R_0 de dados reais de dengue em várias áreas da cidade do Rio de Janeiro (a cidade é dividida em dez áreas), no ano de 2002, através do método proposto por Pinho et. al (Phil. Trans. R. Soc. A 368, 2010), que estabelece uma relação entre R_0 e a força de infecção (obtida a partir dos dados reais) para um modelo de propagação da dengue. Em 2002, no Rio de Janeiro houve a mais grave epidemia de dengue, com predominância do sorotipo DENV 3, contando com 145.799 casos. Considerando todos os casos notificados na cidade, obtivemos $R_0 = 2,7$ valor médio de R_0 das dez áreas. As regiões com maior R_0 são: região 1.0 (centro) com $R_0 = 3.8$, região 2.2 (Grande Tijuca) com $R_0 = 2.97$ e região 3.3 (Madureira e Adjacências) com $R_0 = 3.75$, enquanto as regiões de maior incidência são as regiões 1.0, 4.0 (Barra, Jacarepaguá), 5.3 (Santa Cruz, Sepetiba e Paciência). Obtivemos ainda o número básico de reprodução para a epidemia de 2007, com também predominância do sorotipo DEN3. Além disso, consideramos, para as epidemias de 2002 e 2007, o efetivo número de reprodução, $R(t)$, definido como o número de casos secundários a partir de um único infectado com sintomas no início de uma semana t . Finalmente, para a epidemia de 2008 com coexistência de dois sorotipos, obtivemos a força de infecção baseado nos dados reais e pretendemos confrontá-los com os resultados teóricos do trabalho de Esteva et. al (Math. Biosc. 46, 2003).

As Contribuições da Unioeste junto ao Projeto PRONEX

Rogério L Rizzi; André L Brun; Claudia B Rizzi; Edson A A Silva; Reginaldo A Zara;
Alexandre L B Silva; André L B Luchesi; Éder S. Ziomek; Gabriel S Silva; Gustavo C.
Costa; Renato S Sanches

Universidade Estadual do Oeste do Paraná

As realizações do Grupo de Pesquisa PRONEX/Dengue da UNIOESTE visam o desenvolvimento do *Sistema Computacional SIGDENGUE* para aquisição e tratamento de dados relativos às estratégias de controle e combate ao vetor da dengue. Nesse sentido as ações e atividades enfocam a especificação e implementação de três módulos do SIGDENGUE. O módulo “*Sistema de Informação*” integra dados e informações sobre atividades de campo e provê funcionalidades para dados relacionados à doença, como o acompanhamento dos casos suspeitos e confirmados, informações ambientais, pontos estratégicos, entre outras caracterizações. O módulo “*Geoestatística*” disponibiliza ferramentas que viabilizem o georreferenciamento e a visualização de pontos de interesse, bem como determinadas análises estatísticas. O módulo de “*Simulação*”, que opera com dados provenientes dos módulos anteriores, realiza modelagens computacionais de dinâmicas dos vetores e da população humana empregando métodos em equações diferenciais, redes de contato, autômatos celulares, agentes computacionais, entre outras abordagens. Objetiva construir cenários visando auxiliar o gestor da saúde pública no planejamento e na tomada de decisões relativas às medidas de controle e combate ao vetor, entre outras situações.

Stochastic Dynamical Approach for Dengue Spreading

Suani T. R. Pinho^{*1}, David R. De Souza², Tânia Tomé², Florisneide R. Barreto³, Mário J. de Oliveira²

¹*Instituto de Física – Universidade Federal da Bahia*, ²*Instituto de Física – Universidade de São Paulo*,

³*Instituto de Saúde Coletiva – Universidade Federal da Bahia*

Dengue is a vector-borne infectious disease with very complex dynamics, whose spreading is a relevant problem of public health. Different techniques and approaches are used to model the dynamics and control of dengue, such as deterministic differential equations, cellular automata, and complex networks. In this work [1], we use a stochastic Markovian dynamics approach to describe the spreading of vector-transmitted diseases, such as dengue, and the threshold of the disease.

We consider a simpler model, assuming a susceptible-infectious-recovered (SIR) structure for humans and susceptible-infectious-susceptible (SIS) structure for mosquitoes; we neglect the exposed compartment, for which the humans and mosquitoes are infected but not infectious. In order to properly describe the human and mosquito populations, we consider two sub-lattices of the whole lattice, one for each population. As in other models, the human infection is caused by infected mosquitoes and vice versa, so that the SIS and SIR dynamics of the sub-lattices are interconnected.

After setting up the master equation, we develop a truncation scheme to solve the evolution equations from which we get the threshold of the disease and the reproductive ratio. We make an important connection between the basic reproductive ratio R_0 and the product of the conditional probability of occurrence of a susceptible individual given an infected neighboring mosquito, and the conditional probability of occurrence of a susceptible mosquito given an infected neighboring individual. This proposal of definition of R_0 in terms of conditional probabilities may be generalized for other diseases in the context of stochastic dynamics.

We set up the phase diagram, based on the vector parameters, for both one-site and pair

mean-field approximations. The threshold of the disease is also obtained by performing numerical simulations. Our results for one-site mean field approximation indicates that, for any probability rate of mosquitoes infection, there exists a finite value of vector control rate for which there is no dengue spreading. However, for pair mean-field approximation and numerical simulations, our model predicts a range of values of probability rates of mosquitoes infection for which the epidemic is impossible for any value of vector control rate.

[1] de Souza, D. R.; Tomé, T.; Pinho, S.T.R.; Barreto, F. B.; de Oliveira, M.J.; *Stochastic Dynamics of Dengue Epidemics*, Phys. Rev. E 87 (2013), 012709.

Modelo Temporal e Espaço-Temporal para a Propagação da Dengue

Sylvestre Aureliano Carvalho, Iraziet da Cunha Charret

Universidade Federal de Lavras

Neste trabalho são apresentados resultados para duas abordagens distintas, utilizando-se modelos compartimentais do tipo SEIR que descrevem a propagação da epidemia de Dengue. Na primeira abordagem são testados métodos de controle para o mosquito *Aedes aegypti*, formado por um sistema de equações diferenciais ordinárias (EDO's); na segunda é feita uma análise da influência da difusão das populações de mosquito e humana na propagação da epidemia, formado por um sistema de equações diferenciais parciais (EDP's) do tipo reação-difusão. Para a primeira abordagem foram consideradas duas formas de controle: o controle químico e o controle biológico. As formas de controle químico testadas consistem na inclusão de um parâmetro de mortalidade para a população de mosquitos que descreve a morte através do uso de larvicidas e inseticidas. Esse parâmetro é descrito através de funções que modelam a permanência dos agentes químicos no ambiente. Para modelar uma proposta de controle biológico foi introduzida a população de mosquitos *Aedes albopictus* que compete com a população de *Aedes aegypti* na fase larval. Esse controle foi modelado através

da inclusão de um parâmetro de competição para ambas as populações. Para ambos os casos, os sistemas de EDO's foram discretizados utilizando-se o método de Euler de primeira ordem e a implementação das rotinas numéricas foi feita usando-se a linguagem de programação C++. Para o estudo da influência da difusão na propagação da Dengue foi escolhido o método de ondas viajantes para tratar o sistema de EDP's. A análise dessas diferentes abordagens evidenciou alguns resultados que podem nortear futuras investigações na área de controle epidemiológico.

Palavras-chave: Dengue; Modelo SEIR; Equações Diferenciais Ordinárias; Equações Diferenciais Parciais; Métodos de Controle; Ondas Viajantes

Avaliação da frequência da inseminação cruzada entre *Aedes aegypti* e *Ae. albopictus* em condições laboratório e avaliação de seu efeito através de modelos matemáticos

Tamara Lima Câmara¹; Moacyr Silva²; Rafaela Bruno³; Nildimar Honório³; Cláudia Codeço¹ e Philip Lounibos⁴

¹ Programa de Computação Científica, Fiocruz, ² Escola de Matemática Aplicada, FGV, ³ Instituto Oswaldo Cruz, Fiocruz, ⁴ Universidade da Flórida

O dengue é atualmente considerado a mais importante arbovirose transmitida por mosquitos ao homem, tendo-se em conta tanto a sua morbidade quanto a mortalidade. Durante as duas últimas décadas, a incidência de dengue aumentou significativamente nas áreas endêmicas, particularmente na região das Américas, onde há cocirculação dos quatro sorotipos. A transmissão de todos os quatro sorotipos do vírus dengue dá-se através da picada de fêmeas infectadas de mosquitos do gênero *Aedes*, sendo o principal deles, o *Aedes (Stegomyia) aegypti*. Além dessa espécie, no sudeste do continente asiático, existe outro vetor primário do vírus dengue, o *Aedes (Stegomyia) albopictus*. A densidade populacional do *Ae. aegypti* e do *Ae. albopictus* pode ser diretamente influenciada por variáveis climáticas,

incluindo a pluviosidade, temperatura e umidade. Além disso, alguns outros fatores podem afetar a dinâmica populacional dessas espécies em áreas onde são consideradas simpátricas, como a inseminação cruzada entre machos e fêmeas. Esse fenômeno, conhecido como satirização, pode interferir na população desses vetores, uma vez que a fêmea inseminada por um macho heteroespecífico torna-se estéril. Nesse trabalho, verificamos a frequência de inseminação cruzada entre fêmeas de *Ae. aegypti* e machos de *Ae. albopictus* em condições de laboratório, bem como avaliamos a atividade locomotora de fêmeas de *Ae. aegypti* injetadas com glândulas acessórias de machos de *Ae. aegypti* e de *Ae. albopictus*. Um modelo matemático foi proposto para avaliar os efeitos da inseminação cruzada entre fêmeas de *Ae. aegypti* e machos de *Ae. albopictus* na dinâmica da população dessas espécies na natureza.

Influência da qualidade do criadouro sobre a história de vida de populações de *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae)

Thais I. S. Riback¹; Cláudia T. Codeço¹; Nildimar A. Honório²; Wesley A. C. Godoy³

¹Programa de Computação Científica – FIOCRUZ, Av. Brasil 4365, Manguinhos, CEP: 21.045-900, Rio de Janeiro, RJ, riback@fiocruz.br, codeco@fiocruz.br; ²Instituto Oswaldo Cruz – FIOCRUZ, Lab. Transmissores de Hematozoários, Av. Brasil 4365, Manguinhos, CEP: 21.045-900, Rio de Janeiro, RJ, honorio@ioc.fiocruz.br; ³Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – USP, Depto. Entomologia e Acarologia, Av. Pádua Dias, 11, Piracicaba, SP, CEP: 13.418-900, wacgodoy@esalq.usp.br

A competição intra e interespecífica por recurso alimentar e espaço são fatores que causam efeito negativo para as formas imaturas de *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus*, uma vez que estas se desenvolvem em criadouros naturais e/ou artificiais que variam em tamanho, disponibilidade de alimento e densidade populacional, ao longo do tempo, com impacto na coexistência dessas espécies. O presente estudo teve como objetivo observar se a qualidade do criadouro influenciaria o tempo de desenvolvimento larval, sobrevivência e tamanho de adultos, e consequentemente, o *fitness* desses indivíduos. Foram realizados 9 experimentos de competição intra e interespecífica a partir da combinação entre 3 densidades populacionais

(1-3 larvas-1º ínstar) e 4 concentrações alimentares (0.001,0.002,0.004,0.008/mg/larva/dia). Ambas as espécies apresentaram atraso no desenvolvimento larval e menor longevidade de adultos para a menor concentração alimentar e com o aumento no número de competidores. *Aedes aegypti* apresentou menor sobrevivência em concentração alimentar baixa e alta competição interespecífica, resultando em adultos pequenos. *Aedes albopictus* apresentou aumento no comprimento de asa com o aumento das concentrações alimentares e as maiores sobrevivências para indivíduos desenvolvidos em condição de competição interespecífica e maiores concentrações alimentares. *Aedes aegypti* segue um padrão comportamental descrito anteriormente na literatura, fato não observado para *Ae. albopictus* quando consideramos a sobrevivência de adultos. Diferenças comportamentais indicam a necessidade de realização de estudos que abordem habilidades competitivas, no que diz respeito aos efeitos da qualidade de criadouros na sobrevivência de adultos, buscando avaliar se há um padrão específico para cada espécie, independente das condições iniciais de vida, ou se as espécies apresentam uma resposta plástica, ajustando seu comportamento às condições os quais foram submetidas.

Palavras-chave: *Aedes aegypti*; *Aedes albopictus*; competição intra e interespecífica.

DengueME na Prática

Tiago F.M. Lima², Raquel M. Lana^{1,2}, Tiago G. S. Carneiro², Izabel C. Reis¹, Líliam C. C. Medeiros⁴, Raian V. Maretto³, Leonardo B.L. Santos³, Flávio C. Coelho⁵, Antonio M.V. Monteiro³, Cláudia T. Codeço¹

¹Fundação Oswaldo Cruz – Rio de Janeiro; ²Universidade Federal de Ouro Preto – Ouro Preto, João Monlevade; ³Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais – São José dos Campos; ⁴UNESP – São José dos Campos; ⁵Fundação Getúlio Vargas – Rio de Janeiro

O DengueME é um framework para a modelagem e simulação da dengue. Ele está sendo desenvolvido sobre a plataforma TerraME (www.terrame.org). Em sua versão atual, ele oferece aos usuários um conjunto de modelos (entomológicos e epidemiológicos) que podem ser utilizados na construção de cenários e realização de simulações para apoiar o processo de

tomada de decisão em relação à avaliação de políticas públicas de intervenção no combate e prevenção da dengue. Os modelos foram implementados utilizando a linguagem de modelagem TerraML. No entanto, não é exigido dos usuários experiência em programação para utilizar o DengueME. A parametrização dos modelos, construção de cenários e simulação pode ser feita a partir de uma interface gráfica. Ela também oferece cenários de demonstração para modelos entomológicos e epidemiológicos. Nesta sessão, faremos uma apresentação e demonstração de uso do framework DengueME. Os participantes serão convidados a instalar previamente o software, para então utilizá-lo durante a sessão.

Reproduction numbers on a metapopulation: uniform local and global

Jair Koiller¹, G. Sallet², A. Iggidr², M. O.Souza³, M.L.F.Penna³ e M. Alvim¹

¹ Escola de Matemática Aplicada, FGV ² INRIA ³ Universidade Federal Fluminense

It is known that heterogeneity in the environment may increase the chance of a disease to invade a population. We study the effect of human circulation on the spread of a vector borne disease such as dengue. The underlying dynamics on a metapopulation is given by the Ross-MacDonald SIR (human)/SI (vector) model. Three concepts of reproduction numbers are defined: local (for each isolated subsystem), uniform mixing (disregarding movement and non-uniformities in the whole region), and network (coupling the patches via human circulation). The interrelations between the three concepts are obtained. Different types of models can be considered, according to biological contact assumptions. In destiny type models, the force of infection depends on mosquito density, relative to humans or area. In origin based models, the transmission is determined by habits of susceptible humans. Examples can be found where all the nodes have local reproduction ratio < 1 , and the uniform reproduction number is also < 1 , but the network reproduction number is > 1 , so the disease propagates among the patches. Although the mathematical proofs are elementary, the conceptual framework presented here may help decision makers to plan vector control policies and medical attention in case of an outbreak.