
Universidade Federal de São Paulo

Instituto de Ciência e Tecnologia



Relatório de Modelagem Computacional
Projeto Final

Modelo de Propagação de Doenças

**Celso Gabriel Vieira Robeiro Lopes (123119),
Felipe Hikari Kawahama (112197), Lucas Eduardo
Nogueira Gonçalves (122055).**

Prof. Dr. Marcos Gonçalves Quiles

São José dos Campos
Julho, 2018

MODELO

1.1 INTRODUÇÃO AO CONCEITO DE PROPAGAÇÃO DE INFORMAÇÃO

A propagação é um termo usado em diferentes situações, tais como propagação de informação, de doenças, de boatos, entre outros. Um dos casos especiais é a propagação de doença, em que um determinado momento pode virar uma epidemia, criando uma transição na propagação. Porém, na literatura de redes complexas, o termo epidemia regularmente refere-se ao processo de propagação da doença ou qualquer outro elemento [...]

(COTACALLAPA, Moshe, 2015, p.29)

1.2 DEFINIÇÃO:

Seja P um conjunto, $S, I, R, S^* \subseteq P$, denotaremos $|P|$ como a quantidade de elementos no conjunto P , analogamente $|S|$ e $|I|$ a quantidade de elementos dos subconjuntos S e I . Além disso $|P| = |S| + |I| + |R| + |S^*|$.

Tome P como uma população e S as pessoas de P que são suscetíveis a uma certa doença e I como os infectados, R as pessoas que se recuperaram da doença e adquiriram imunidade e S^* apenas as que se recuperaram, mas não adquiriram imunidade.

1.3 MODELO: SUSCETÍVEL - INFECTADO - SUSCETIVEL* - MORTO (SIS*M)

O modelo SIS*M consiste em quatro parâmetros de probabilidade $(\beta, \gamma, \alpha, \mu)$. Onde β define se um indivíduo não infectado (suscetível) que possua alguma relação com um infectado será infectado depois de um período de tempo, γ define se o mesmo a chance de se recuperar e α a probabilidade dele voltar para estado anterior. Além disso definimos um parâmetro μ representando a probabilidade de morte de certo indivíduo, assim, não participando mais da dinâmica do sistema.

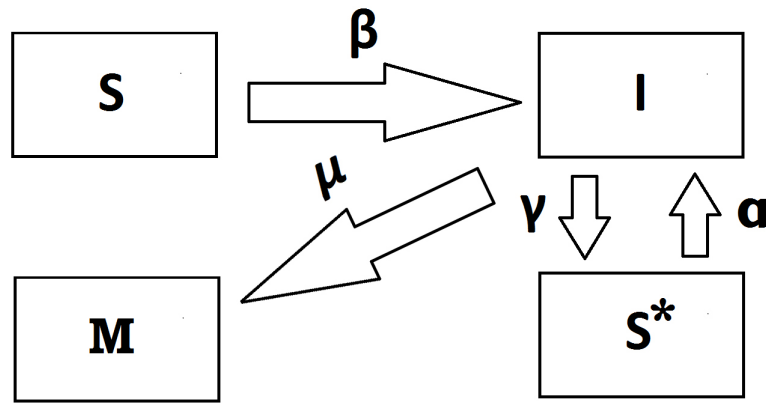


Figura 1: Representação esquemática do Modelo

1.4 FUNCIONAMENTO DA REDE

Para este trabalho, foi utilizado um modelo similar ao apresentado na simulação 4 do Projeto 4 entregue anteriormente, mas com algumas mudanças para deixar a rede mais próxima da realidade.

Na rede já mencionada utilizada no projeto anterior considerávamos: 4 classes, os Suscetíveis (S), os Infectados (I), Recuperados (R ou S*) e Mortos (M). A infecção se dava com um teste probabilístico de um indivíduo I com seus vizinhos que pertenciam a S ou R (os indivíduos R tinham uma probabilidade menor de se infectarem pois já pegaram a doença mas se recuperaram adquirindo imunidade à ela). Assim, para cada vértice infectado, testávamos se o seu vizinho S ou R se infectou a cada iteração. Além disso, existia a probabilidade do indivíduo em I se recuperar da doença, esse evento também era regido por um teste probabilístico. Por fim, se um indivíduo permanecesse doente por uma quantidade fixa de iterações (dias), ele morria para a doença e desconsiderávamos esse vértice da rede.

Para o projeto final, foram feitas as seguintes modificações:

- **Divisão da população em faixa etária:** Agora, cada nó possui um campo de idade que o classifica em uma determinada classe segundo sua idade. São essas:
 - Recém Nascidos: De 0 a 3 anos.
 - Crianças: De 4 a 15 anos.
 - Jovens: De 15 a 29 anos.
 - Adultos: De 30 a 59 anos.
 - Idosos: De 60 anos pra mais.

Dessa forma, cada classe possui um conjunto de parâmetros com valores diferentes, são estes: Probabilidade de infecção, probabilidade de recuperação, probabilidade de infecção sendo recuperado, probabilidade de morte pela doença (será explicado melhor no quarto item).

- **Relações Ponderadas:** As relações entre os indivíduos da população são ponderadas, ou seja, cada aresta da rede possui um peso entre 0 e 1 que representa a probabilidade de contato entre os dois indivíduos que essa aresta liga. Dessa forma, antes de realizar o teste probabilístico que determina se um vértice saudável se infecta, primeiro deve-se verificar se essa pessoa entrou em contato com um vizinho infectado.
- **Nascimento de novos vértices:** Após um ano, adicionamos uma quantidade referente a taxa de natalidade da população de novos vértices a rede, que representaria o nascimento de bebês. Primeiramente, escolhemos 2 vértices adultos aleatoriamente na rede para serem os pais desse novo indivíduo e a ligação entre eles receberá um peso maior que o normal (de 0,8 a 1) e posteriormente, escolhemos mais 8 vértices (para manter a rede com grau médio 10 aproximadamente) aleatórios para o recém nascido se ligar. Este sempre começa saudável independente do estado dos pais.
- **Probabilidade de Morte & Recuperação:** Enquanto que no projeto anterior, a probabilidade de recuperação e os dias até a morte do indivíduo infectado eram fixos, nesta simulação, foi incluída uma probabilidade de morte, que testa se um indivíduo infectado morreu pela doença ou não a cada iteração. Tanto esta quanto a probabilidade de recuperação, agora são definidas por funções lineares que dependem da quantidade de iterações que um indivíduo permanece infectado. Assim, a probabilidade de recuperação é inversamente proporcional com a quantidade de dias doentes e a probabilidade de morte do indivíduo é proporcional. Lembrando que a probabilidade de cada indivíduo é definida pela sua faixa etária.
- **Morte Natural:** Como forma de compensar o nascimento de novos vértices, foi considerado também a morte por causas naturais dos indivíduos da rede. Dessa forma, a cada ano são selecionados aleatoriamente uma quantidade de idosos referente a um parâmetro dado de taxa de mortalidade, para serem desligados da rede. Assim, todas suas relações são removidas da rede.

1.5 TOPOLOGIA UTILIZADA

Utilizamos na simulação uma rede modularizada. Nessas redes, temos blocos de subgrafos separados, mas ainda conectados por alguns vértices de modo que todo nó consiga, através de algum caminho, se relacionar com o outro. Neste trabalho vamos utilizar sub-redes Barabási-Albert em cada módulo. A rede foi gerada inicialmente com 1000 vértices e um grau médio 10.

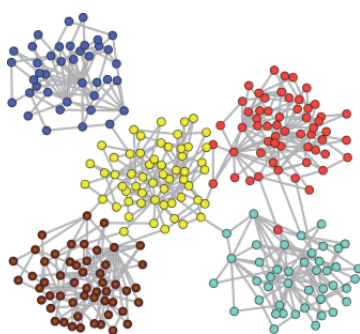


Figura 2: Exemplo de uma rede modular.

MATERIAIS E OBJETIVOS

2.1 MATERIAIS

O código para a simulação foi feito na linguagem C, no software Code::Blocks. Enquanto que para gerar os gráficos da próxima seção, foram utilizados os dados provenientes da simulação do código em C que foram impressos em um arquivo .txt para gerar os gráficos nos software R e Microsoft Excel.

Nesse último projeto, para uma melhor aproximação com a realidade foram utilizadas redes modulares para a propagação das informações. As mesmas foram geradas a partir de um código livre em C++, disponível em [goo.gl/malagdP](https://github.com/malagdP), onde era necessário apenas inserir os parâmetros (condições) de preferência.

2.2 OBJETIVOS

Modelar a dinâmica simplificada de uma população em escala local com indivíduos infectados por uma determinada doença, utilizando uma rede modularizada com ligações ponderadas e criação e remoção de novos vértices (representando nascimento e morte de indivíduos, respectivamente). Analisar o comportamento da população infectada em relação ao tempo assim como os efeitos dessa doença na taxa de mortalidade da população, dado um parâmetro fixo de mortes por ano.

RESULTADOS E DISCUSSÕES

3.1 SIMULAÇÃO 1

Parâmetros:

- População Inicial: 1000;
 - Quantidade de recém nascidos inicial: 100,
 - Quantidade de crianças inicial: 150,
 - Quantidade de jovens inicial: 200,
 - Quantidade de adultos inicial: 400,
 - Quantidade de idosos inicial: 150,
- Iterações: 10 anos;
- Quantidade inicial de infectados: 100;
- Nascimento: 14 recém nascidos por 1000 habitantes;
- Morte: 8 idosos a cada 1000 habitantes

Probabilidades para cada população:

- Recém Nascidos
 - Probabilidade de infecção: 0.75,
 - Probabilidade de recuperação: 0.30,
 - Probabilidade de infecção com imunidade: 0.60,
 - Probabilidade de morte: 0.90,
- Crianças
 - Probabilidade de infecção: 0.65,
 - Probabilidade de recuperação: 0.50,
 - Probabilidade de infecção com imunidade: 0.50,
 - Probabilidade de morte: 0.50,

- Jovens:
 - Probabilidade de infecção: 0.40,
 - Probabilidade de recuperação: 0.80,
 - Probabilidade de infecção com imunidade: 0.25,
 - Probabilidade de morte: 0.25,
- Adultos
 - Probabilidade de infecção: 0.40,
 - Probabilidade de recuperação: 0.60,
 - Probabilidade de infecção com imunidade: 0.30,
 - Probabilidade de morte: 0.30,
- Idosos
 - Probabilidade de infecção: 0.80,
 - Probabilidade de recuperação: 0.20,
 - Probabilidade de infecção com imunidade: 0.65,
 - Probabilidade de morte: 0.90,

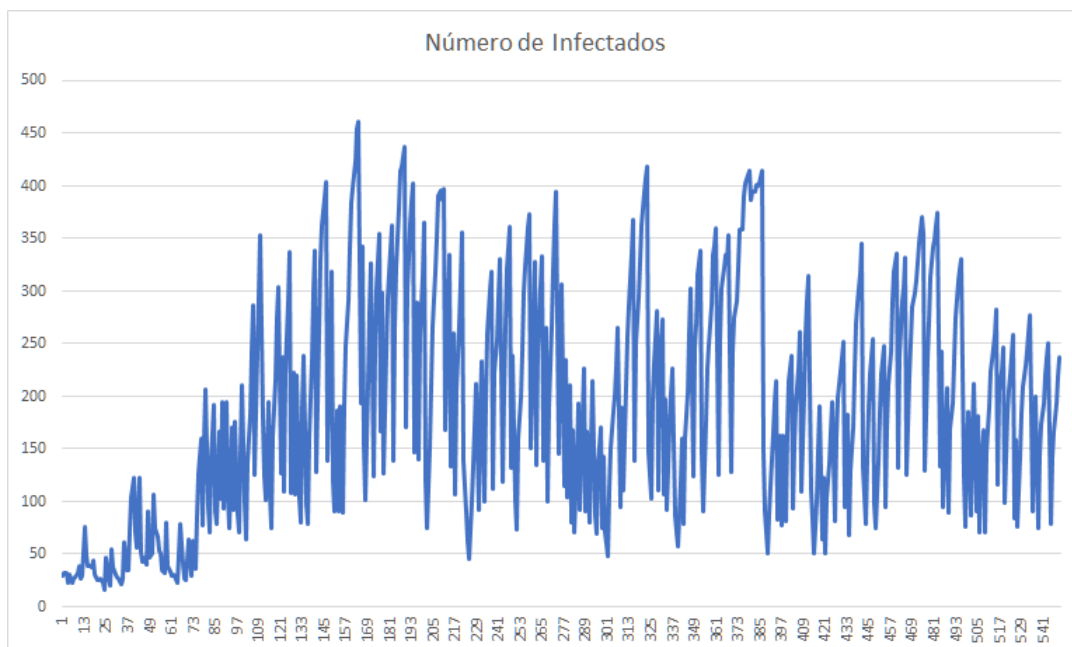


Figura 3: Número de infectados por tempo.

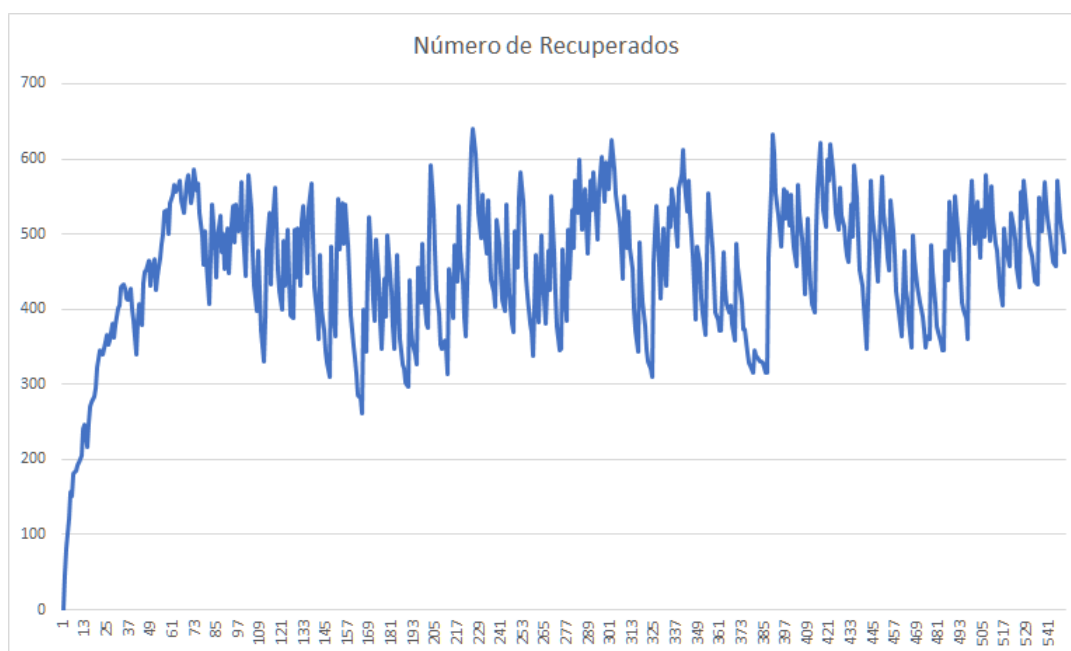


Figura 4: Número de recuperados por tempo.

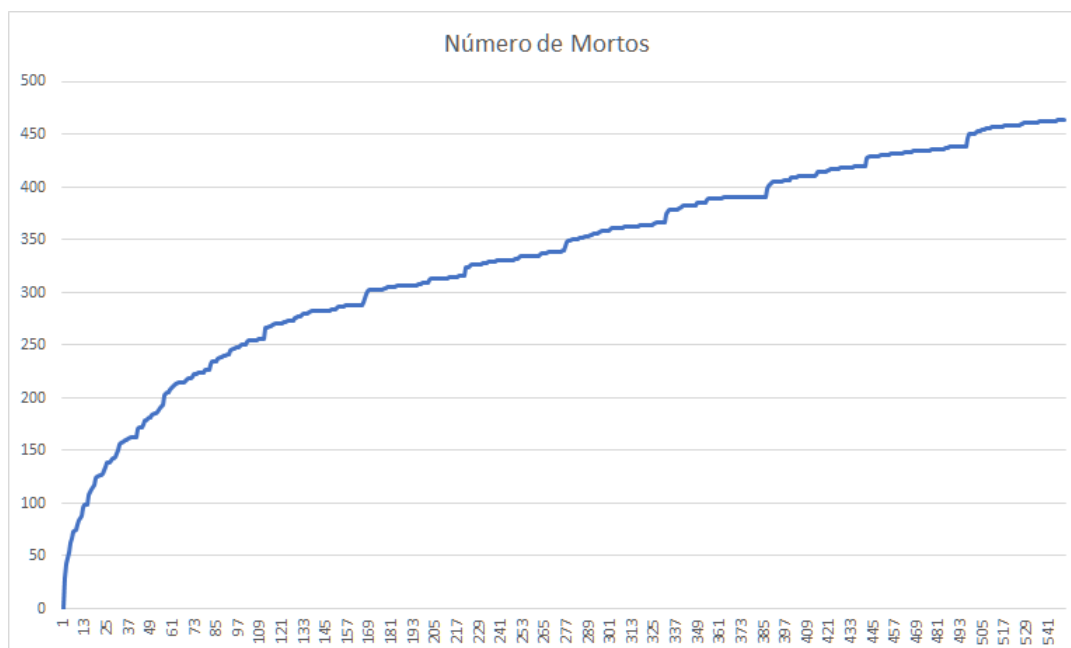


Figura 5: Número de mortos por tempo.

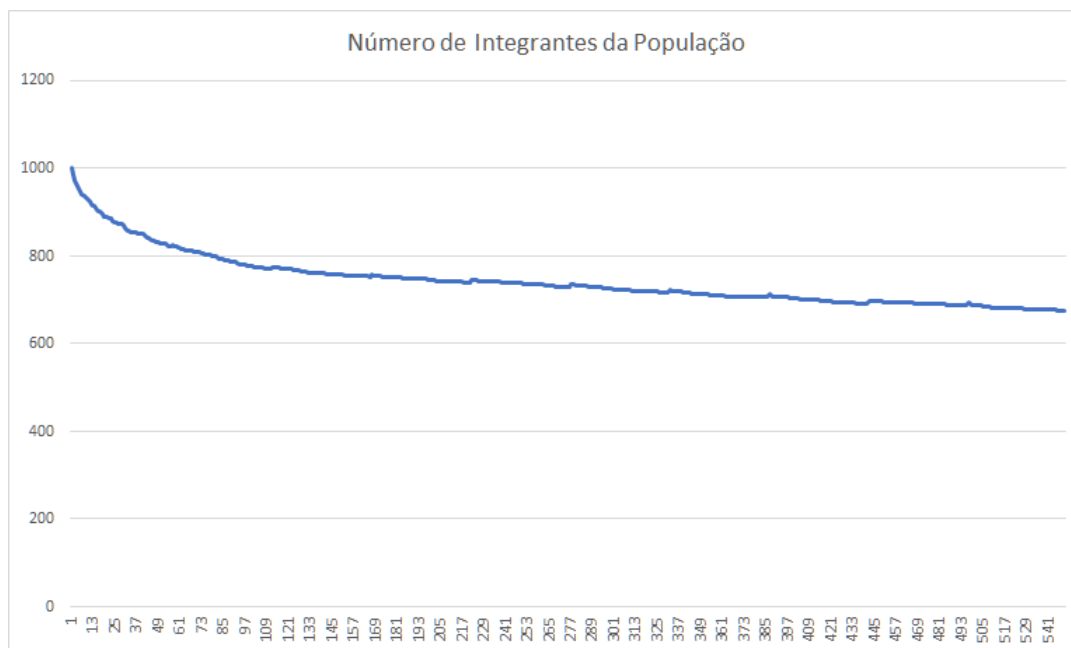


Figura 6: Número de vértices vivos por tempo.

Os resultados foram consistentes com o esperado, o número de infectados e recuperados varia bastante (pode ser explicado pelos valores relativamente altos adotados pelos parâmetros). Além disso, a população tende a decrescer, já que inicialmente, há 100 infectados, e a cada iteração (equivalente a semanas) testamos a probabilidade de morte dos infectados, mas a entrada de novos vértices na rede é feita apenas a cada ano. Logo, naturalmente, haverá mais mortes que nascimentos, causando um decrescimento na população.

3.2 SIMULAÇÃO 2

Para essa simulação, consideramos os mesmo parâmetros que a simulação 1, mas começamos com apenas 1 infectado e a simulação durou aproximadamente 33 anos.

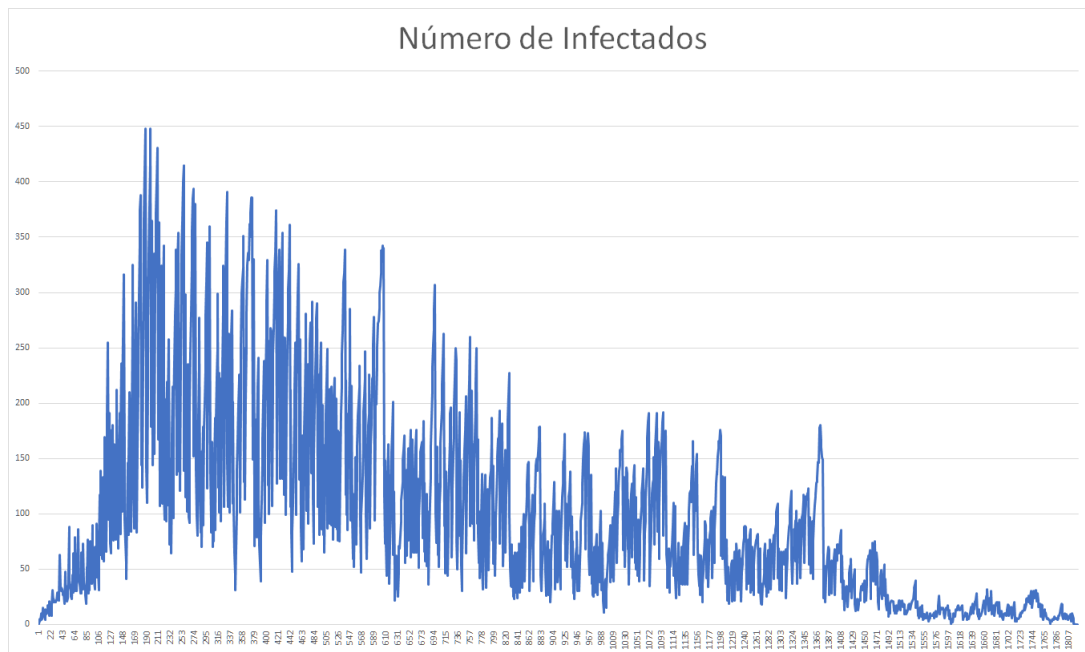


Figura 7: Número de infectados por tempo.

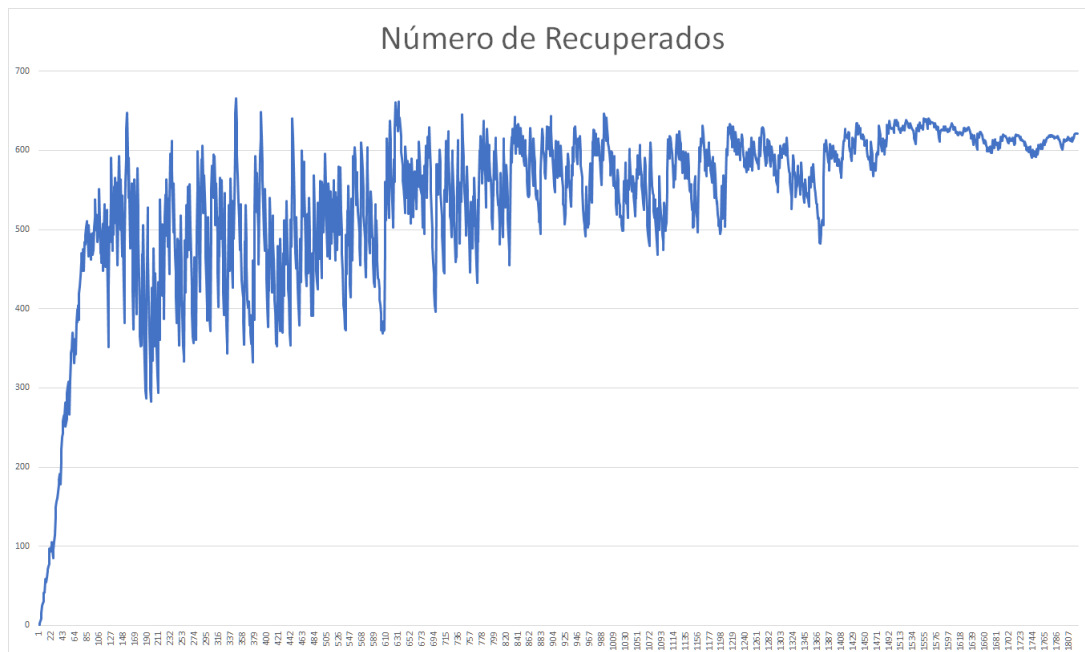


Figura 8: Número de recuperados por tempo.

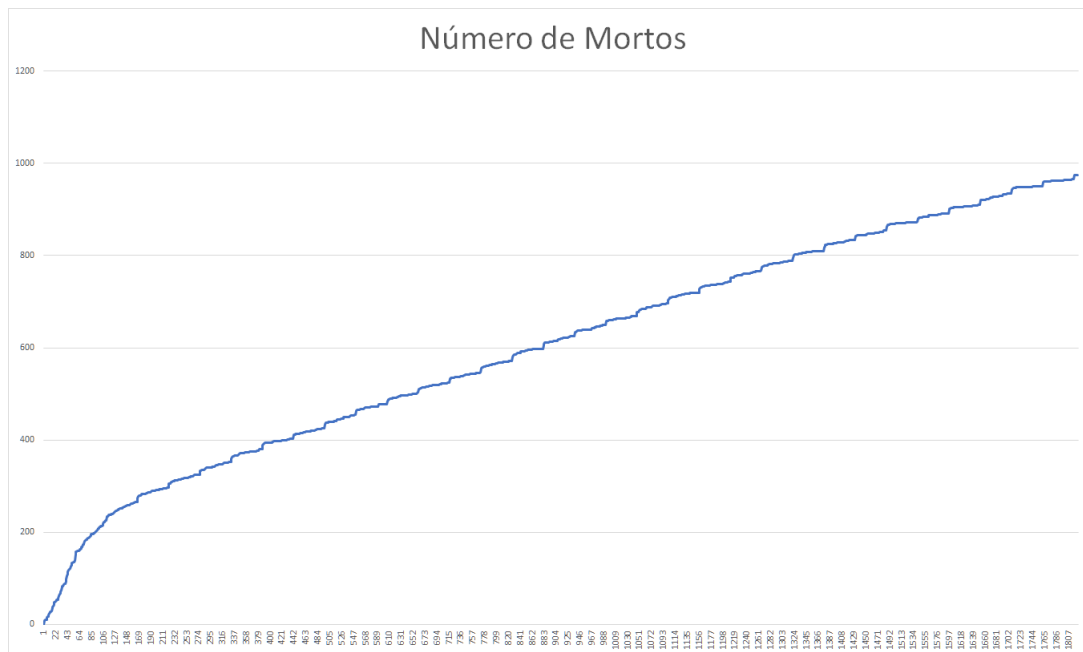


Figura 9: Número de mortos por tempo.

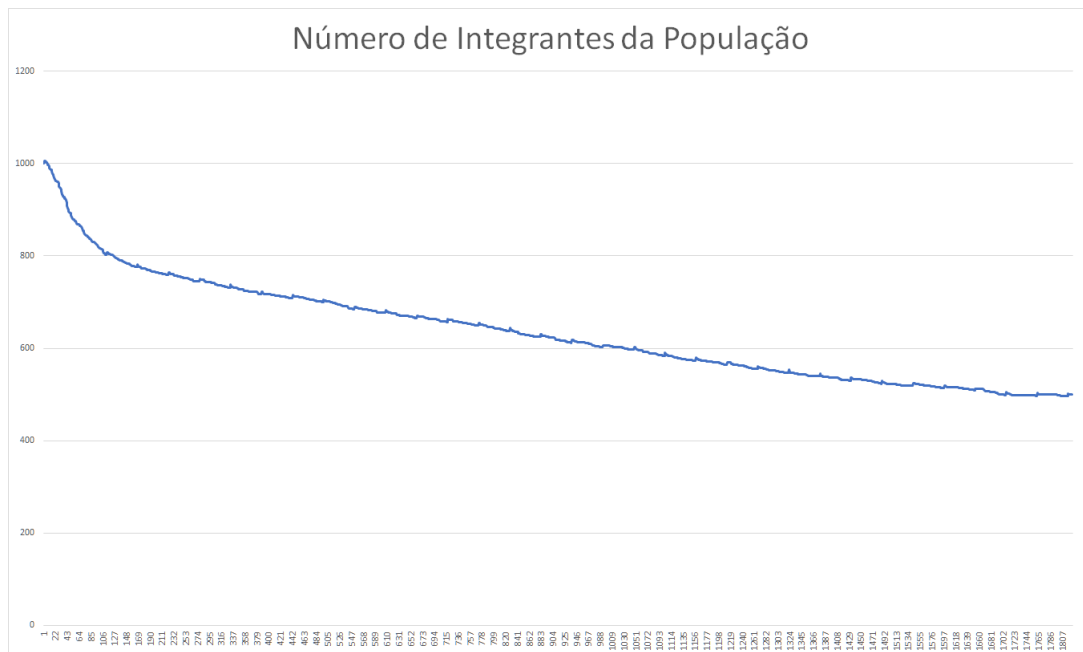


Figura 10: Número de vértices vivos por tempo.

Observando um comportamento interessante no números de infectados no decorrer da simulação, decidimos aumentar o tempo da mesma. Observando assim, que após cerca de 1800 semanas, não existiam mais vértices infectados, e a doença, fora erradicada. Mas cerca de metade da população inicial morreu com a doença. Assim, é interessante observar os efeitos de uma doença com esses parâmetros, ainda que começando com apenas um enfermo, em uma população.

3.3 SIMULAÇÃO 3

Parâmetros:

- População Inicial: 1000;
 - Quantidade de recém nascidos inicial: 100
 - Quantidade de crianças inicial: 150
 - Quantidade de jovens inicial: 200
 - Quantidade de adultos inicial: 400
 - Quantidade de idosos inicial: 150
- Iterações: 25 anos
- Quantidade inicial de infectados: 50
- Nascimento: 30 recém nascidos por 1000 habitantes
- Morte: 10 idosos a cada 1000 habitantes

Probabilidades para cada população:

- Recém Nascidos
 - Probabilidade de infecção: 0.50
 - Probabilidade de recuperação: 0.15
 - Probabilidade de infecção com imunidade: 0.40
 - Probabilidade de morte: 0.75
- Crianças
 - Probabilidade de infecção: 0.30
 - Probabilidade de recuperação: 0.40
 - Probabilidade de infecção com imunidade: 0.20
 - Probabilidade de morte: 0.50
- Jovens:
 - Probabilidade de infecção: 0.20
 - Probabilidade de recuperação: 0.50
 - Probabilidade de infecção com imunidade: 0.15
 - Probabilidade de morte: 0.30

- Adultos
 - Probabilidade de infecção: 0.25
 - Probabilidade de recuperação: 0.35
 - Probabilidade de infecção com imunidade: 0.15
 - Probabilidade de morte: 0.35
- Idosos
 - Probabilidade de infecção: 0.55
 - Probabilidade de recuperação: 0.20
 - Probabilidade de infecção com imunidade: 0.40
 - Probabilidade de morte: 0.90

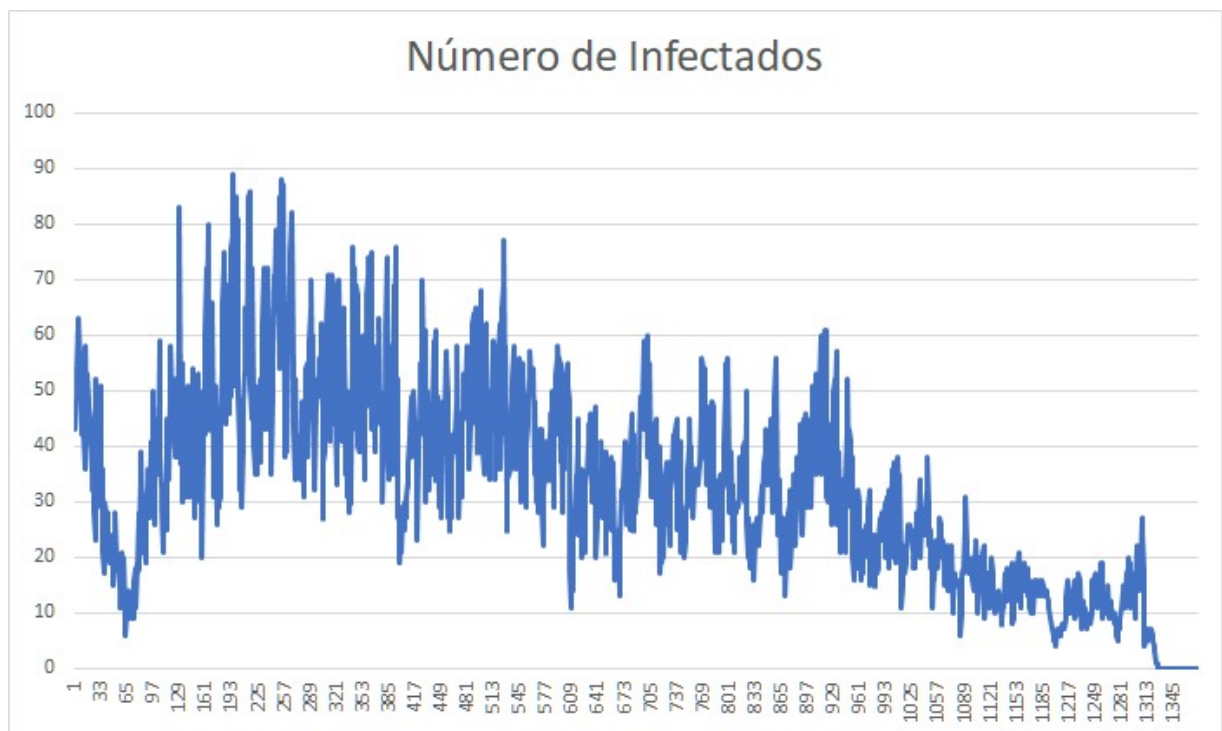


Figura 11: Número de infectados por tempo.



Figura 12: Número de recuperados por tempo.

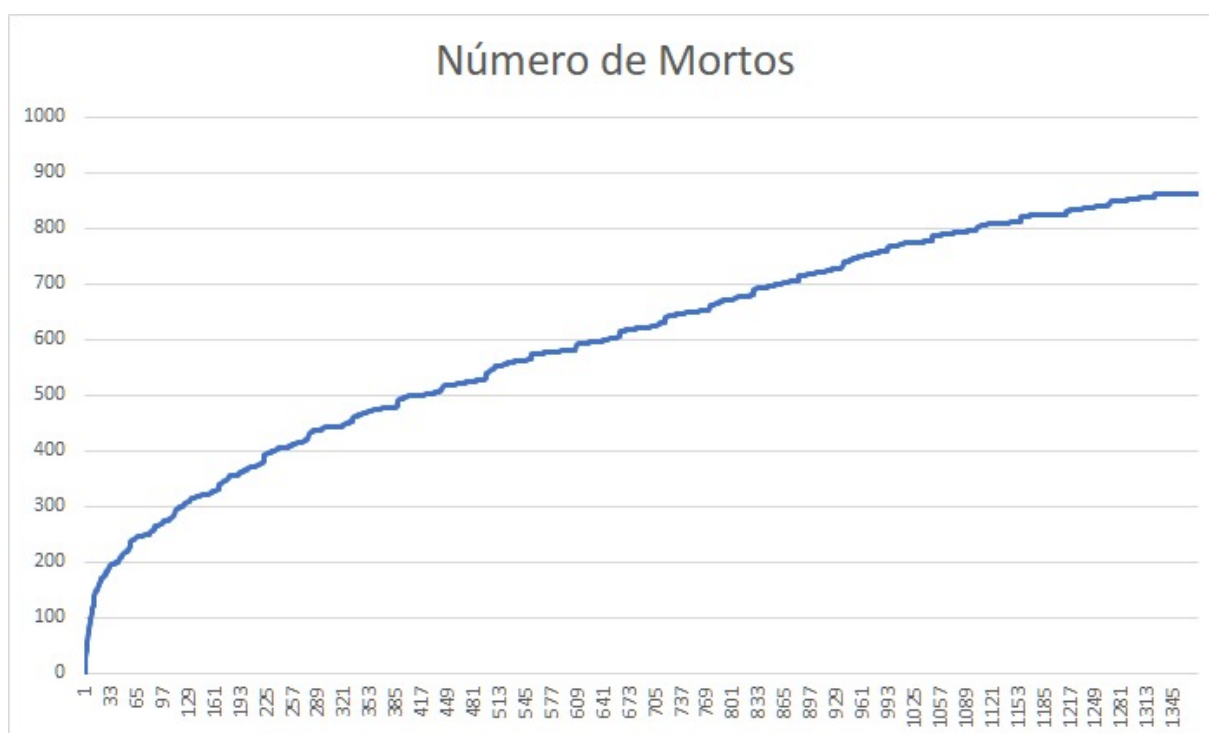


Figura 13: Número de mortos por tempo.

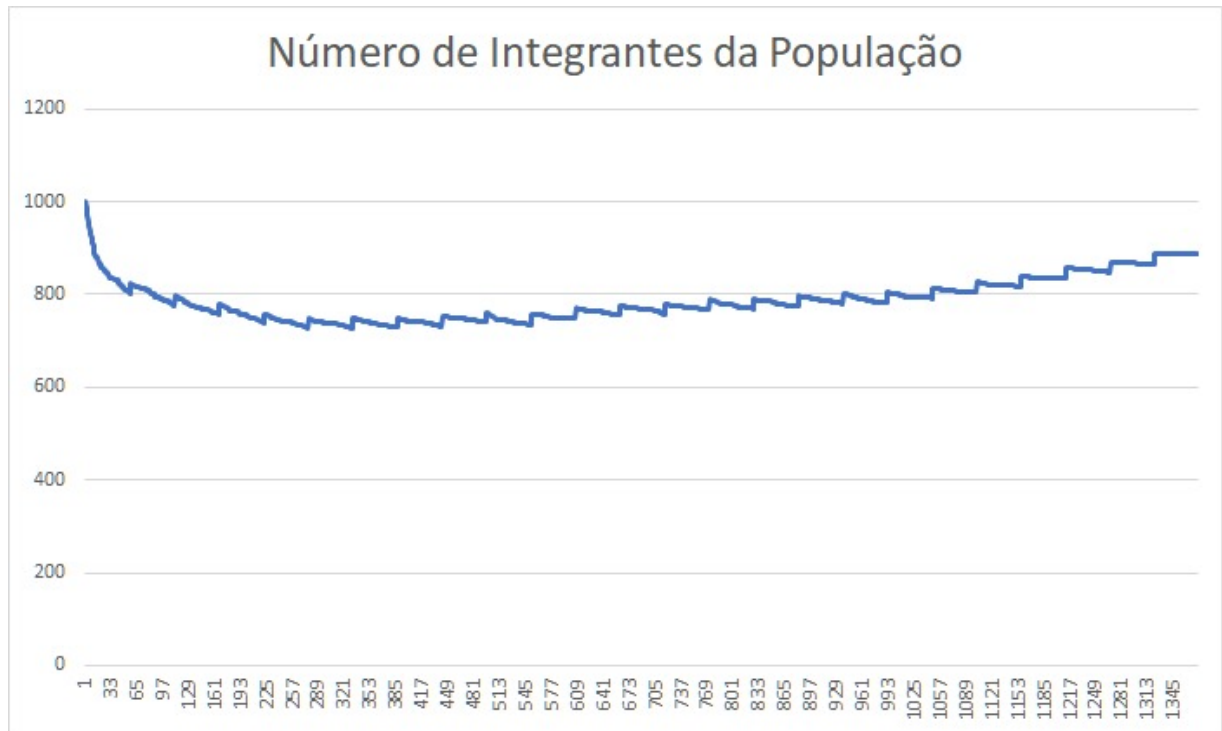


Figura 14: Número de vértices vivos por tempo.

Com parâmetros não tão radicais de probabilidade (se comparados com os da simulação anterior), temos um resultado similar, a diferença é que o número de infectados não oscila tanto (fica sempre entre 0 e 100) quanto as simulações anteriores. Com cerca de aproximadamente 25 anos de simulação, a doença é erradicada, mas antes mesmo disso, começamos a ter um certo crescimento novamente da população, já que o número de infectados gradualmente diminui, o número de mortos pela doença também, assim a variação da população se dá basicamente pela diferença entre a mortalidade natural e o nascimento de novos vértices.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] F. M. COTACALLAPA, *Modelos de Propagação de epidemias em redes complexas*, São Paulo, 2015, disponível em <http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/100/100132/tde-04052015-091411/publico/fmoshecorrigida.pdf>.
- [2] M. H. Ribeiro, *Modelos Matemáticos em Epidemiologia*, Rio Claro, 2012.