

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO DE JANEIRO

DEPARTAMENTO DE CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO

AVALIAÇÃO DE DESEMPENHO (AD) - 2017/1

Simulação de Epidemias

Grupo:

Jéssica Genta DOS SANTOS

João Vitor de Oliveira

SILVA

Leonardo Neves DA SILVA

Tayssa Ribeiro VANDELLI

Professor:

Daniel SADC

25 de Julho de 2017

Conteúdo

1	Introdução	2
1.1	Descrição do problema	2
2	Documentação do Projeto	2
2.1	Modelos Utilizados	2
2.2	Funcionamento do simulador	3
2.2.1	Implementação da criatividade no simulador	4
3	Resultados	6
3.1	Modelo Multiplicativo	6
3.2	Modelo Aditivo	8
3.3	Criatividade	9
3.4	taxaMortalidade = 0.08, taxaNatalidade = 1.5, fatorDoenca = 1.2	9
3.5	taxaMortalidade = 0.08, taxaNatalidade = 0.7, fatorDoenca = 1.2	10
4	Considerações Finais	11

1 Introdução

O intuito deste trabalho é implementar um simulador de eventos discretos para analisar diferentes cenários de disseminação de epidemias, dados os parâmetros associados.

1.1 Descrição do problema

Assumimos um **grafo completo** utilizando os seguintes parâmetros: uma população finita N , uma taxa de infecção agregada (constante 'C') que representa o poder de ataque do agente externo, taxas de infecção exógena $\lambda=C/N$ e endógena γ e uma taxa de descontaminação μ . De acordo com os eventos, cada usuário pode assumir um dentre dois estados: infectado I ou suscetível S .

No estado suscetível, o indivíduo pode se tornar infectado por uma infecção exógena (agente externo) ou endógena (um vizinho contaminado). Já no estado infectado, o indivíduo pode infectar seus vizinhos, e também, depois de um tempo médio exponencial, se desinfetar com taxa $1/\mu$. As infecções exógenas chegam em um indivíduo com fluxo Poisson de taxa λ , enquanto o indivíduo infecta seus vizinhos com um fluxo Poisson de taxa γ .

2 Documentação do Projeto

2.1 Modelos Utilizados

Supondo que um indivíduo suscetível tenha d vizinhos infectados, o tempo para esse indivíduo ser infectado é uma distribuição exponencial, sendo a taxa da variável exponencial que caracteriza o tempo até a infecção dependente do modelo utilizado. Seguem os seguintes modelos desenvolvidos:

1. O modelo multiplicativo:

A taxa de infecção é calculada de acordo com a fórmula $\lambda\gamma^d$ e o tempo médio até um indivíduo ser infectado é $1/(\lambda\gamma^d)$.

2. Criatividade

(a) O modelo aditivo:

A taxa de infecção é calculada de acordo com a fórmula $\lambda + d\gamma$ e o tempo médio até um indivíduo ser infectado é $1/(\lambda + d\gamma)$.

(b) Taxa de natalidade:

Representa o nascimento de um indivíduo suscetível.

(c) Taxa de mortalidade:

Representa a morte de qualquer indivíduo (infectado ou suscetível), podendo ser pela doença ou qualquer outro fator externo (velhice, acidente, etc.). No caso do indivíduo ser infectado, há mais chances do mesmo ir a óbito.

2.2 Funcionamento do simulador

Usando os parâmetros descritos na seção 1.1, criamos uma função (*SimularSI*) que serve tanto para o modelo aditivo como para o multiplicativo dependendo dos argumentos de entrada. Dentro desta função definimos um vetor *Status* que indica se um indivíduo está suscetível ou infectado, com os respectivos valores 0 e 1. Em cada iteração é decidido qual evento irá acontecer (um indivíduo ser infectado ou descontaminado), sendo o número de iterações pré-definido e o tempo do evento guardado em um vetor chamado *tempoEventos*. Dentre os eventos possíveis, a taxa de infecção depende do modelo escolhido, se for multiplicativo é usada a seguinte taxa $\lambda\gamma^d$ e no aditivo é a taxa $\lambda + d\gamma$.

Para cada indivíduo é calculado o tempo de um possível evento. Se suscetível será calculado o tempo exponencial para ser infectado com tempo médio $1/taxaInfeccao$, e se infectado será calculado o tempo exponencial para ser desinfectado com tempo médio $1/\mu$. Dentre os tempos calculados é selecionado o menor e este representa o próximo evento a ocorrer, logo o vetor de *Status* é atualizado. Realizamos então, o cálculo da média de indivíduos infectados com três fatores: a quantidade de pessoas infectadas que é coletada a cada iteração, o tempo dos eventos que ocorreram e o tempo total decorrido do sistema após o término de todas as iterações. Com isso, calculamos a probabilidade de um indivíduo qualquer estar infectado dividindo pelo tamanho N da população (juntamente com o intervalo de confiança associado).

2.2.1 Implementação da criatividade no simulador

Todos os itens de criatividade que acrescentamos podem ser usados com o modelo multiplicativo ou com o modelo aditivo.

1. Taxa de natalidade:

Um evento deste tipo adiciona uma pessoa suscetível a população. É calculado o tempo de um indivíduo nascer de forma exponencial com tempo médio $1/taxaNatalidade$. O tempo desse evento é guardado no vetor *tempoEventos*.

2. Taxa de mortalidade:

Um evento deste tipo retira uma pessoa da população. No caso do indivíduo ser suscetível, o mesmo morre com tempo exponencial médio $1/taxaMortalidade$. Já para indivíduos infectados, o tempo exponencial tem média $1/(taxaMortalidade \times fatorDoenca)$, onde *fatorDoenca* é um número maior do que 1 que torna os indivíduos infectados mais propensos à morte. O tempo desse evento é guardado no vetor *tempoEventos*.

Obs.: Nesse código implementamos $C = 10$ para criarmos um gráfico similar ao pedido, pois com $C = 1$ não alcançamos o resultado desejado. Chegamos a essa conclusão após analisarmos o código do Vilc.

```

end
% Considerando um grafo completo
d = sum(Status);

% escolha do modelo
if(strcmp(modelo, 'm'))
    % modelo multiplicativo
    taxaInfeccao = lambda*(gamma^d);
else
    % modelo aditivo
    taxaInfeccao = lambda + (gamma*d);
end

% tempo de cada evento
tempoEventos = zeros(N,1);
% tempo das mortes
tempoMortes = zeros(N,1);

for j=1:length(Status)
    if (Status(j) == 0 ) % individuo suscetivel
        % gerar n-d numeros com taxa de infeccao
        tempo = exprnd(1/taxaInfeccao);
        tempoEventos(j) = tempo;
    else

```

Figura 1: Trecho da função de simulação (SimularSI)

3 Resultados

Em todos os resultados utilizamos 10^4 iterações.

3.1 Modelo Multiplicativo

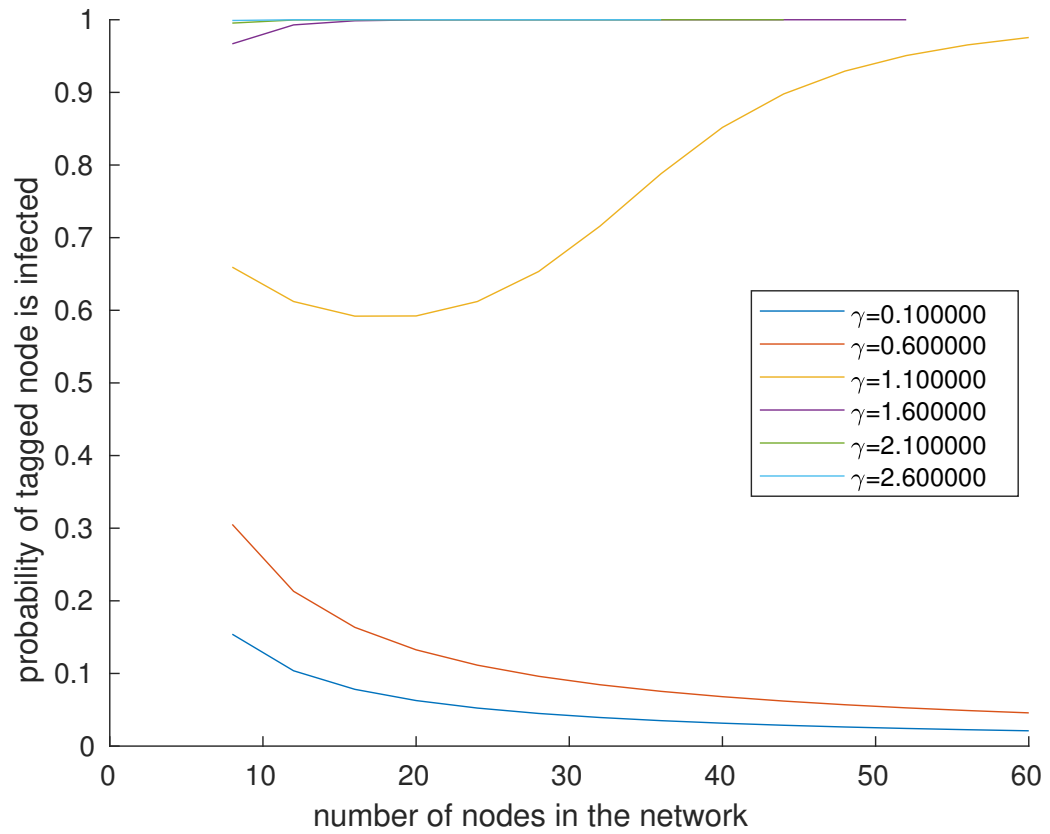


Figura 2: Modelo multiplicativo - Gráfico gerado pelo código original (Vilc)

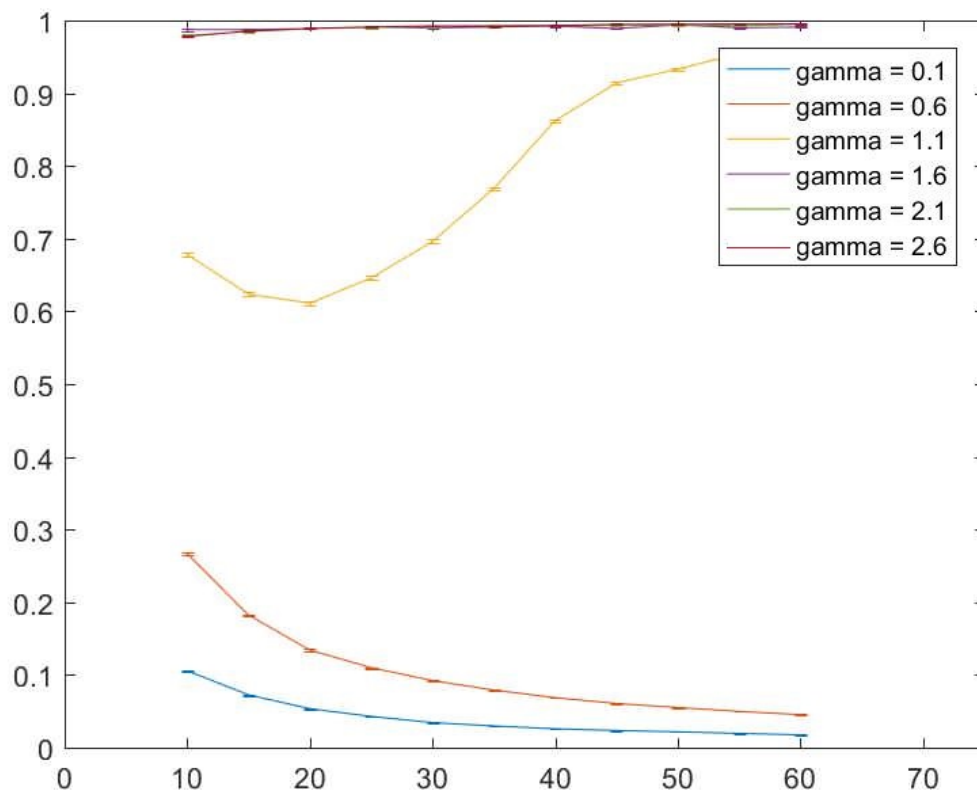


Figura 3: Modelo multiplicativo – Réplica do gráfico gerado pelo nosso simulador

O gráfico obtido pelo simulador se mostrou semelhante ao obtido pela solução exata do caso base, gerada pelo código do Vilc.

3.2 Modelo Aditivo

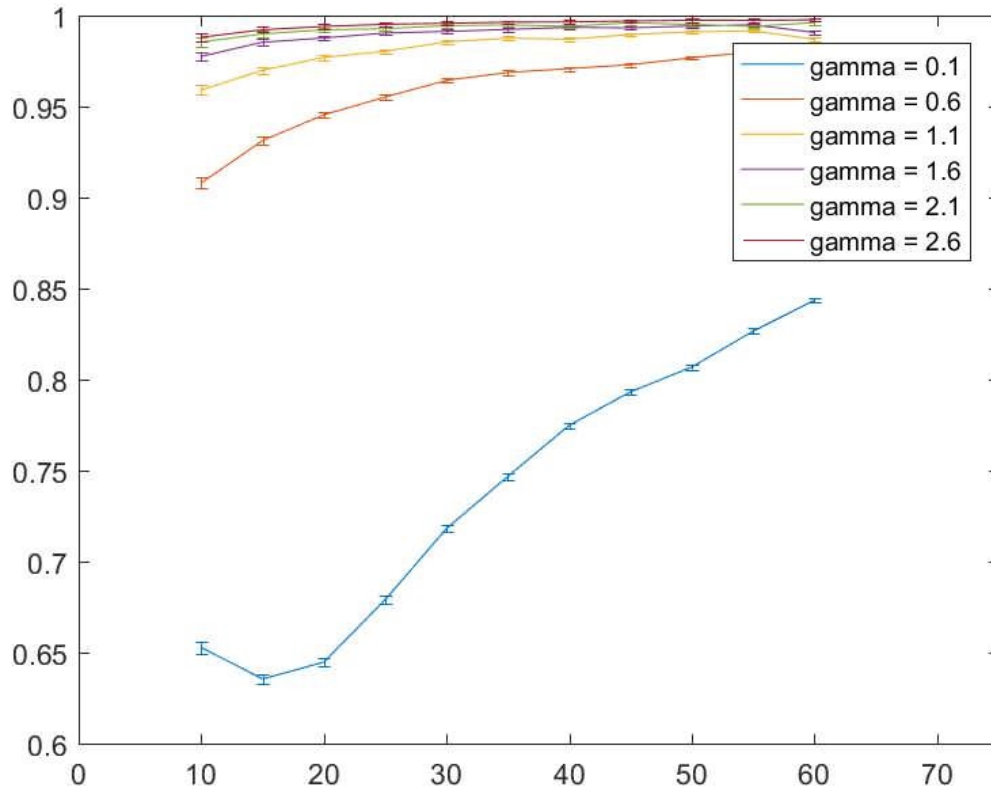


Figura 4: Simulação - Modelo aditivo

A simulação para este caso mostrou-se um tanto distinta ao caso multiplicativo, onde há maior predominância de indivíduos infectados em geral. Isso faz sentido pelos valores utilizados, onde γ não acaba sendo um número pequeno (alguns até menos do que 1) elevado a uma potência de números pequenos, e sim é multiplicado por d (que é sempre um inteiro entre 0 e o número de indivíduos da população). No caso em que $\gamma \geq 1.6$, ambos os casos mostram uma maior predominância de infectados (ambas as taxas tornam-se números notavelmente superiores a μ).

3.3 Criatividade

3.4 $\text{taxaMortalidade} = 0.08$, $\text{taxaNatalidade} = 1.5$, $\text{fatorDoenca} = 1.2$

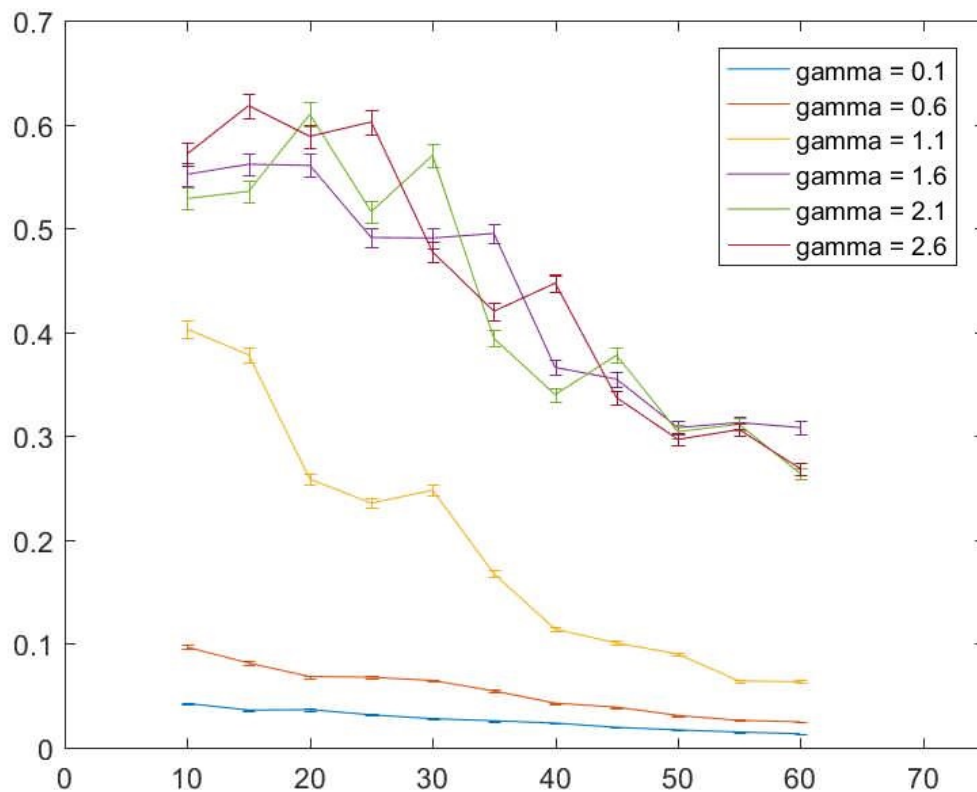


Figura 5: Simulação - Modelo multiplicativo com fatores de natalidade e mortalidade

Assim como diversos modelos de infectologia, foi adicionada uma taxa de natalidade e outra de mortalidade (sendo que há uma especial para indivíduos infectados). Foi usada o caso em que pessoas nascem a uma taxa razoável, e o resultado foi para os casos com população inicial menores (a mesma agora varia diferente dos cenários anteriores) há mais indivíduos infectados que suscetíveis. Para tornar em probabilidades, usamos o maior número de pessoas durante todas as iterações

executadas.

3.5 taxaMortalidade = 0.08, taxaNatalidade = 0.7, fatorDoenca = 1.2

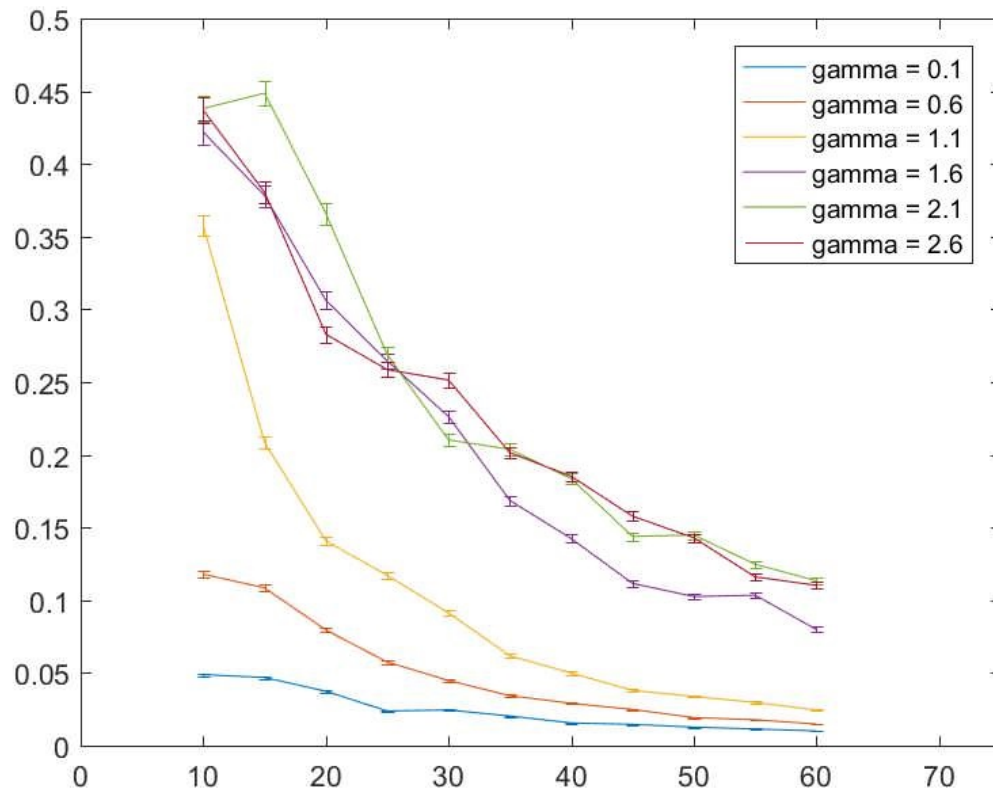


Figura 6: Simulação - Modelo multiplicativo com fatores de natalidade e mortalidade

Semelhante ao caso anterior, foi realizada uma simulação com mais estes 2 eventos. Percebe-se que com uma taxa de natalidade inferior, as probabilidades de se escolher um indivíduo infectado da população são menores, o que dá a ideia de que nascer muitas pessoas em meio a uma doença agrava o problema (mais contágio).

4 Considerações Finais

No presente trabalho foram usadas técnicas de simulação de eventos discretos para descrever a propagação de doenças em uma população (representada por um grafo completo em todos os casos). Foram encontradas dificuldades desde como construir a lógica do simulador (a ideia de calcular o tempo até o próximo evento, selecionar o evento de menor tempo dentre as amostras das variáveis aleatórias exponenciais em questão, atualizar *o vetor de Status*) e o entendimento dos gráficos a serem gerados pedidos no roteiro. Demoramos também um tempo notável para perceber o valor de C , o que nos fez duvidar até mesmo da corretude do nosso simulador. Para as contribuições extras, foram necessários diálogos entre os membros do grupo e uma breve busca bibliográfica, sendo que gostaríamos de ter feito até mais eventos dos que os adicionais desenvolvidos. No geral, foi uma experiência rica e colocou em prática conhecimentos vistos ao longo da disciplina, fora que a parte de pensar em contribuições gerou discussões lúdicas sobre como descrever determinadas doenças usando nosso simulador.

Referências

- [1] June Zhang and José MF Moura. *Diffusion in social networks as sis epidemics: Beyond full mixing and complete graphs*. IEEE Journal of Selected Topics in Signal Processing, 8(4):537–551, 2014.
- [2] Slides de simulação do professor Daniel Sadoc. Disponível em <http://www.dcc.ufrj.br/~sadic/ad20171/simulslides3.pdf>
- [3] J. Banasiak. *Notes on Mathematical Models in Biology*. University of KwaZulu-Natal, Durban. Disponível em <http://im0.p.lodz.pl/~jbanasiak/MB/wyklbiolmatang.pdf>.