



SENAI CIMATEC

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM MODELAGEM
COMPUTACIONAL E TECNOLOGIA INDUSTRIAL
Mestrado em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial

Dissertação de mestrado

**Um modelo para o estudo de epidemias: o efeito da
migração via transporte rodoviário na Bahia.**

Apresentada por: Lucas Miranda de Oliveira Moreira
Orientador: Marcelo Albano Moret Simões Gonçalves

Agosto de 2012

Lucas Miranda de Oliveira Moreira

Um modelo para o estudo de epidemias: o efeito da migração via transporte rodoviário na Bahia.

Dissertação de mestrado apresentada ao Programa de Pós-graduação em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial, Curso de Mestrado em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial do SENAI CIMATEC, como requisito final para a obtenção do título de **Mestre em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial**.

Área de conhecimento: Interdisciplinar

Orientador: Marcelo Albano Moret Simões Gonçalves
SENAI CIMATEC

Salvador
SENAI CIMATEC
2011

Nota sobre o estilo do PPGMCTI

Esta dissertação de mestrado foi elaborada considerando as normas de estilo (i.e. estéticas e estruturais) propostas aprovadas pelo colegiado do Programa de Pós-graduação em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial e estão disponíveis em formato eletrônico e em formato impresso somente para consulta.

Ressalta-se que o formato proposto considera diversos itens das normas da Associação Brasileira de Normas Técnicas (ABNT), entretanto opta-se, em alguns aspectos, seguir um estilo próprio elaborado e amadurecido pelos professores do programa de pós-graduação supracitado.

SENAI CIMATEC

Programa de Pós-graduação em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial

Mestrado em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial

A Banca Examinadora, constituída pelos professores abaixo listados, leram e recomendam a aprovação da Dissertação de mestrado, intitulada “Um modelo para o estudo de epidemias: o efeito da migração via transporte rodoviário na Bahia.”, apresentada no dia 16 de Agosto de 2012 , como requisito parcial para a obtenção do título de **Mestre em Modelagem Computacional e Tecnologia Industrial**.

Orientador:

Prof. Dr. Marcelo Albano Moret Simões Gonçalves
SENAI CIMATEC

Membro externo da Banca:

Prof. Dr. José Garcia Vivas Miranda
Universidade Federal da Bahia

Membro interno da Banca:

Prof. Dr. Hernane Borges de Barros Pereira
SENAI CIMATEC

Membro externo da Banca:

Prof. Dra. Florisneide Rodrigues Barreto
Universidade Federal da Bahia

A Zoraide Virginia Miranda de Oliveira e Tássia Lima Correia Miranda.

Agradecimentos

Salvador, Brasil
10 de Fevereiro de 2012

Lucas Miranda de Oliveira Moreira

Resumo

Segundo informações da Secretaria de Vigilância em Saúde, entre 2000 e 2010 a incidência de dengue no estado da Bahia apresentou ciclos de alta transmissão influenciados pela predominância dos diferentes sorotipos.

A investigação de possíveis fatores que sejam determinantes na presença constante de casos desta doença aponta para a locomoção de pessoas infectadas entre municípios e a conseqüente difusão do vírus no estado. Portanto, este trabalho propõe a utilização de estudos com Agentes Móveis e Redes Complexas na criação de um modelo computacional híbrido, capaz de avaliar o impacto da migração de indivíduos infectados via transporte rodoviário interurbano na difusão da doença no estado da Bahia.

Para tanto, fez-se necessário a utilização de modelagem icônica, matemática, diagramática e de representação gráfica, além da simulação computacional, na criação de um modelo computacional capaz de representar este sistema não-linear.

Os resultados encontrados indicam uma grande influência do fenômeno de migração na propagação da doença. A inserção deste fenômeno nas epidemias simuladas faz surgir um comportamento emergente que obedece a uma lei de potência.

Sendo assim, o modelo se mostra como ferramenta para o desenvolvimento de estudos que relacionem a migração de indivíduos e a difusão da Dengue, além de demonstrar a aplicação de modelos híbridos em estudos sobre epidemiologia.

Abstract

This thesis proposes use of Fuzzy Logic, Mobile Agents and Complex Network to create a computing model able to simulate the diffusion of Dengue in Bahia, Brazil. This model are represented by iconic, mathematical, diagrammatic and graphical representation modeling, and computer simulation in an attempt to represent this nonlinear system reliably.

Sumário

1	Introdução	1
2	Doenças e epidemias	4
3	Modelagem Computacional	7
3.1	Interdisciplinaridade e Multidisciplinaridade	7
3.2	O estudo de modelos	8
3.3	Modelos e Simulações	10
3.4	Modelos baseados em redes	12
4	Revisão da literatura especializada - Agentes de software	14
4.1	Sistemas Baseados em Agentes	15
4.2	Características de um Sistema Baseado em Agentes	16
4.3	Outros aspectos no uso de Agentes	17
4.4	Modelagem com Agentes	17
5	Trabalho experimental e desenvolvimento da pesquisa	19
5.1	O modelo matemático	20
5.2	Municípios e populações	23
5.3	A rede de transporte entre municípios	24
5.3.1	Montagem das das linhas de transporte	25
5.3.2	Frequência de ocorrência das linhas: Peso das arestas	29
5.3.3	Migração de indivíduos entre municípios	29
5.4	Ciclos de Execução	31
5.5	O Modelo computacional segundo o protocolo ODD	32
5.5.1	Visão Geral	32
5.5.2	Conceitos de design	33
5.5.3	Valores iniciais das variáveis	34
5.6	O Modelo computacional	35
6	Simulações e discussão de resultados	39
6.1	Simulação com municípios isolados	40
6.2	Simulação com migração entre municípios	42
6.3	Outras simulações	45
6.4	Discussão dos resultados	48
7	Considerações finais	50
	Referências	51

Lista de Tabelas

5.1	Métricas das redes de malha rodoviária, linhas de transporte e redes aleatórias de referência	28
-----	---	----

Lista de Figuras

1.1	Quantidade de casos de Dengue na Bahia entre 2003 e 2011	1
2.1	Mapa da relação entre as categorias de doenças. Fonte: (KEELING; PEJMAN, 2008) p2.	5
2.2	Mapa dos estados de um indivíduo infectado. Fonte: (KEELING; PEJMAN, 2008) p4.	6
3.1	Interdisciplinaridade.	8
3.2	multidisciplinaridade.	8
5.1	Representação diagramática do modelo computacional	19
5.2	Divisão das populações em componentes segundo segundo o modelo matemático de Pinho	20
5.3	Malha rodoviária do estado da Bahia.	25
5.4	ABERBA - Página para consulta das localidades atendidas por uma linha de transporte	25
5.5	Página de detalhes da linha 085. Mostra todas as localidades de parada obrigatória na rota definida pela linha	26
5.6	Rede criada a partir das linhas oficiais de transporte interurbano fornecidas pela AGERBA	28
5.7	Rede criada a partir das linhas oficiais de transporte interurbano fornecidas pela AGERBA	30
5.8	Fluxograma de execução do modelo	36
5.9	Diagrama de componente do modelo computacional desenvolvido	37
5.10	Tela do modelo computacional em execução.	38
6.1	Total de indivíduos infectados por dia de simulação em um município isolado.	41
6.2	Contagem de frequência de incidência em um município isolado.	42
6.3	Total de indivíduos infectados por dia, em um município, com efeito de migração.	43
6.4	Contagem da frequência de incidência em um município, com efeito de migração.	43
6.5	Total de indivíduos infectados por dia de simulação no estado, com efeito de migração.	44
6.6	Contagem da frequência de incidência no estado, com efeito de migração.	44
6.7	Número médio de casos por dia, referente à 50 simulações com migração no município de Barrocas	45
6.8	Contagem de frequência da média de casos por dia resultante de 50 simulações com migração no município de Barrocas	46
6.9	Número médio de casos por dia, referente à 50 simulações com migração na Bahia	46
6.10	Contagem de frequência da média de casos por dia resultante de 50 simulações com migração no estado da Bahia	47
6.11	Contagem de frequência da média de casos por dia resultante de 50 simulações com migração no estado da Bahia	47
6.12	Seqüência de telas do simulador durante uma simulação	48

6.13	Contagem de frequência da média de casos por dia no município de Camaçari dados reais (à esquerda) e dados de simulação (à direita)	48
6.14	Telas do modelo computacional em execução.	49

Lista de Siglas

ABS	Sistema Baseado em Agentes
AGERBA ...	Agência Estadual de Regulação de Serviços Públicos de Energia, Transportes e Comunicações da Bahia
CORBA	Common Object Request Broker Architecture
RPC	Remote Procedure Call
SBAM	Sistema Baseado em Agentes Móveis
SFR	Sistema Físico Real
SINAN	Sistema de Informação de Agravos de Notificação
SOC	Sistema Criticamente Auto-organizado (em inglês, Self-organized Criticality)
AS AM SBA	
SEI	

Introdução

Existem 1415 doenças conhecidas e estudadas, das quais 735 (cerca de 53%) são causadas por microorganismos, capazes de atingir o homem. No entanto, segundo a Organização Mundial da Saúde Animal (em francês, *Office International des Epizooties* - OIE), em relação à vida selvagem e animais criados para consumo, poucas doenças são conhecidas. Na pecuária, por exemplo, apenas 70 doenças são conhecidas e destas, 77% são transmitidas por microparasitas e de forma indireta (i.e. necessitam de vetores para ser transmitida) (KEELING; PEJMAN, 2008).

Neste sentido, a Dengue tem sido um problema de saúde nacional constante. Segundo informações da Secretaria de Vigilância em Saúde, entre 2000 e 2010 a incidência de dengue no estado da Bahia, assim como a região nordeste, teve um comportamento semelhante ao quadro geral nacional, com ciclos de alta transmissão influenciados pela predominância dos diferentes sorotipos (Figura 1.1).

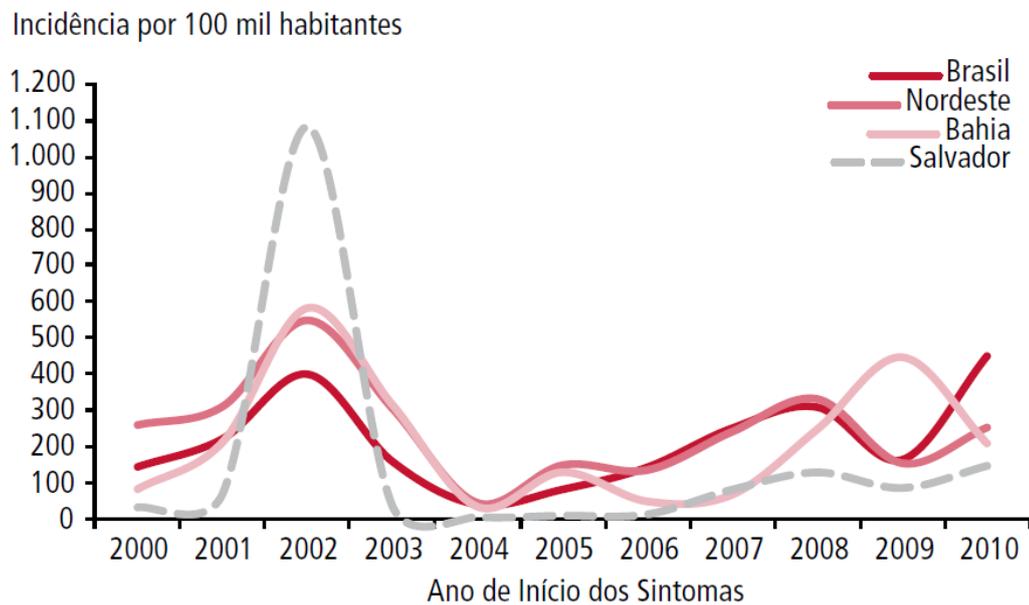


Figura 1.1: Incidência de casos prováveis de Dengue entre o ano 2000 e 2010

Estes dados apontam o pouco conhecimento existente com relação a doenças oriundas da vida silvestres e a gravidade que pode ser alcançada por uma destas doenças (e.g. Dengue) que, uma vez inserido em uma população, pode se espalhar e causar epidemias. Dessa forma, faz-se necessário a investigação de possíveis fatores que sejam determinantes no aumento de casos de doenças com estas características, com intuito de combater sua

propagação.

A análise dos dados das últimas epidemias de Dengue, na Bahia, sugere a locomoção de pessoas infectadas entre municípios como fator determinante para a difusão do vírus no estado, uma vez que os casos se espalham pelo estado de forma gradativa. Sendo assim, este trabalho propõe a avaliação do impacto da migração de indivíduos infectados na difusão da Dengue.

Para tanto, foram utilizados modelagem icônica, matemática, diagramática e de representação gráfica, bem como a aplicação de Agentes Móveis e Redes Complexas para a criação de um modelo computacional híbrido capaz de representar este sistema não-linear. Fez uso, também, do Modelo Matemático para Representação da Dinâmica da Dengue de (PINHO et al., 2010) atrelado a um algoritmo de migração intermunicipal desenvolvido durante o trabalho.

Esta proposta parte da idéia de que o estudo e compreensão da propagação de doenças possibilitam montar estratégias de contenção (e.g. barreiras sanitárias, controle vetorial, conscientização da população, etc.) que se configurem menos custosas e mais eficazes que o tratamento de pessoas infectadas. Portanto, este trabalho apresenta a utilização de agentes de software, que se comunicam através de uma rede, com o intuito de representar a propagação de uma epidemia de Dengue no estado da Bahia.

O modelo proposto nesse trabalho tem por base uma visão epidemiológica, segundo (KEELING; PEJMAN, 2008), da análise de doenças, veja detalhes no capítulo 2. Nesta visão destaca-se o interesse pelo padrão de comportamento da doença analisada, sua periodicidade e abrangência em uma população, além do tipo de transmissão (i.e. transmissão direta ou indireta). Busca-se, portanto, criar um conjunto de dados que represente, em uma série temporal, o comportamento de uma epidemia real de dengue no estado da Bahia (i.e. número total de infectados por dia para cada município).

Vale ressaltar que não foram levados em consideração outros meios de transporte, senão transporte rodoviário intermunicipal, ou dados que interfiram na propagação da doença (e.g. percentual de moradias atendidas por serviço de esgoto) além das constantes definidas no modelo matemático de (PINHO et al., 2010), uma vez que o número de variáveis a serem controladas inviabilizaria o desenvolvimento da pesquisa no tempo e escopo definidos.

Este documento apresenta 7 capítulos e está estruturado da seguinte forma:

- **Capítulo 1 - Introdução:** Contextualiza o âmbito, no qual a pesquisa proposta está inserida. Apresenta, portanto, a definição do problema, objetivos e justificativas

da pesquisa e como esta dissertação de mestrado está estruturada;

- **Capítulo 2 - Doenças e epidemias:** Apresenta a visão abordada pelo autor no que diz respeito à doenças, infecção por parte de indivíduos, agentes infecciosos e formas de propagação em uma população;
- **Capítulo 4 - Revisão da literatura especializada:** Discussão sobre agentes de software, redes complexas e como desenvolver modelos computacionais a partir desses recursos;
- **Capítulo 5 - Trabalho experimental e desenvolvimento da pesquisa:** Descreve os passos seguidos para criação do modelo, assim como apresentar o modelo proposto;
- **Capítulo 6 - Simulações e discussão de resultados:** Nesse capítulo serão discutidos os parâmetros utilizados nas simulações e analisados os dados resultados obtidos;
- **Capítulo 7 - Considerações Finais:** Apresenta as conclusões, contribuições e algumas sugestões de atividades de pesquisa a serem desenvolvidas no futuro.

Doenças e epidemias

A abordagem dada a doenças, neste trabalho, se restringe a modelos para representar ambientes e populações na tentativa de compreender a dinâmica de propagação de uma epidemia. Portanto, as formas de análise e categorias das doenças, além dos perfis de infecção dos indivíduos afetados são restritos aos conceitos de modelagem vistos no capítulo 3. E, segundo (KEELING; PEJMAN, 2008), esta é uma visão freqüentemente adotada em estudos voltados à compreensão de fenômenos epidêmicos.

Na visão da modelagem, uma doença pode apresentar três formas de análise (i.e. patofisiológica, etiológica e epidemiológica). A visão patofisiológica, defendida na medicina humana e veterinária, avalia as mudanças das funções mecânicas, físicas ou químico-biológicas dos indivíduos a partir de sintomas clínicos (e.g. secreções, dor, febre, entre outros). Por outro lado a visão etiológica dos microbiologistas busca encontrar a origem da doença e estudar as condições ambientais que propiciam a sobrevivência dos organismos causadores. A visão dos epidemiologistas se concentra em determinar a freqüência de ocorrência e distribuição da doença (i.e. a dinâmica de propagação) em uma população (KEELING; PEJMAN, 2008).

Além das diferentes visões, mantidas por diferentes áreas, a organização das doenças em categorias é um recurso indispensável para melhor compreensão do objeto estudado (i.e. doença). As diversas categorias de doença definidas no âmbito da modelagem (i.e. infecciosa, não infecciosa, correlacional, causada por microparasita, causada por macroparasita, de transmissão direta e de transmissão indireta), no entanto, não são auto excludentes. Uma doença pode apresentar características que permitam enquadrá-la em mais de uma categoria (Figura 2.2).

De acordo com os perfis de infecção, uma doença é considerada infecciosa quando existem casos confirmados de transmissão (i.e. é possível provar que um indivíduo infectado proporcionou o aparecimento da doença em outro). Doenças não infecciosas, por outro lado, surgem a partir de condições que predisõem uma pessoa a maior risco de desenvolver doenças (i.e. fatores de risco) como um dano ou fenômeno indesejado (e.g. constante exposição ao sol aumenta o risco de desenvolver câncer de pele, fumar pode causar câncer de pulmão). Doenças correlacionais surgem da existência de outra doença. A contaminação pelo Papilomavirus Humano ou HPV (do inglês, *human papillomavirus*) pode propiciar a aparição de câncer do colo uterino.

Com relação aos agentes, as doenças podem ser categorizadas por serem causadas por

micro ou macro parasitas. Microparasitas são organismos unicelulares e de ação intracelular e de ciclo de vida curto (e.g. como vírus e bactérias). A facilidade de transmissão de doenças causadas por estes agentes é irrelevante à quantidade de agentes existentes. Por outro lado, uma doença causada por macroparasitas (i.e. uma relação simbiótica desarmônica) possui propagação diretamente proporcional à quantidade de agentes (e.g. verminoses) em um hospedeiro.

As categorias que tratam do modo de transmissão caracterizam doenças por serem de transmissão direta e indireta. O primeiro grupo é composto por agentes que são transmitidos por contato direto (e.g. contato sexual, uso de utensílios pessoais, secreções, entre outros) entre indivíduos (e.g. Sarampo e Aids). O segundo grupo é composto por doenças (e.g. Dengue, Malaria) cuja transmissão é caracterizada pela existência de duas ou mais transmissões diretas para que outro indivíduo da mesma população seja afetado. Neste grupo, os hospedeiros intermediários (i.e. vetores) são, em sua maioria, insetos ou mamíferos.

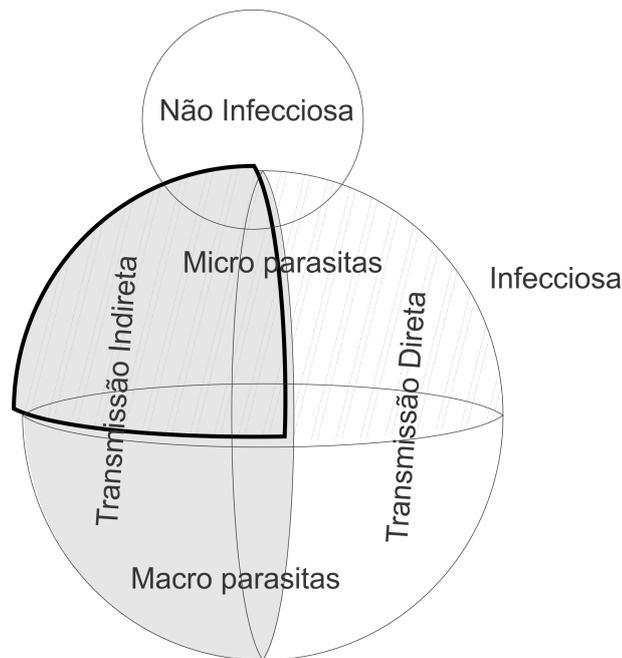


Figura 2.1: Mapa da relação entre as categorias de doenças. Fonte: (KEELING; PEJMAN, 2008) p2.

A visão epidemiológica adotada neste trabalho não busca se aprofundar em aspectos biológicos e patológicos senão utilizar uma terminologia e simbologia matemática unificada e abrangente de forma a não restringir a modelagem apresentada aqui a uma única doença. Essa simbologia S.E.I.R (ANDERSON; MAY, 1991) define os estados em que um indivíduo pode estar antes, durante e depois da presença de um agente infeccioso, sendo assim, determina as componentes de uma população de hospedeiros, são elas:

- **Suscetíveis:** Agrupa os indivíduos que ainda não entraram em contato com a doença. Símbolo S (do inglês, *Susceptible*).
- **Expostos:** Também definidos como Latentes, os indivíduos que integram essa componente são recém infectados e ainda estão com baixa possibilidade de transmissão. Símbolo E (do inglês, *Exposed*).
- **Infecciosos:** É formada por hospedeiros ditos Contagiosos. Indivíduos que podem apresentar sintomas ou não, porém são capazes de transmitir a doença. Símbolo I (do inglês, *Infectious*).
- **Removidos:** Os indivíduos dessa componente não se enquadram nas três anteriores. São assim nomeados por estar isolados ou ter adquirido imunidade. Símbolo R (do inglês, *Recovered*)

A divisão de uma população em componentes, segundo o estado infeccioso dos indivíduos, considera o total de pessoas como sendo constante, uma vez que o crescimento ou decréscimo populacional (i.e. diferença entre as taxas de natalidade e mortalidade), na maioria das vezes, varia numa escala muito pequena, durante o período de uma epidemia, para ser considerada. A figura 2.2 mostra um mapa dos estados de infecção em um indivíduo.

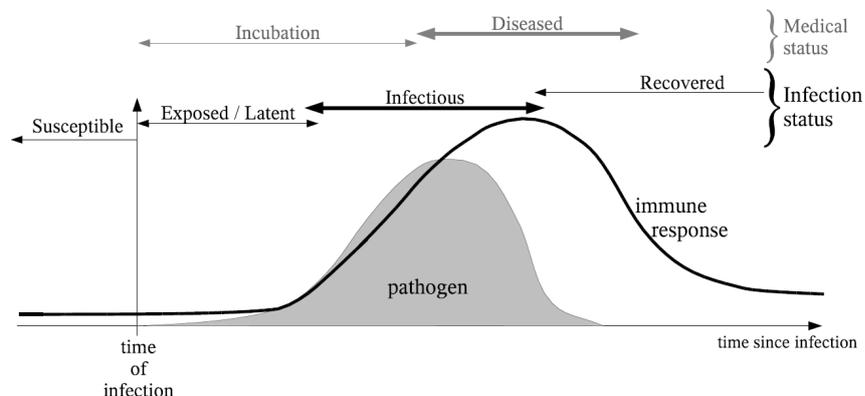


Figura 2.2: Mapa dos estados de um indivíduo infectado. Fonte: (KEELING; PEJMAN, 2008) p4.

O modelo proposto neste trabalho simula epidemias de Dengue nos municípios do estado da Bahia. Para tanto, foram definidas populações de agentes (i.e. mosquitos) e hospedeiros (i.e. humanos) que mantêm contato direto através das picadas de mosquito e assim compõem a transmissão indireta da doença (i.e. doença passada de um indivíduo para outro por meio de vetores).

Atualmente a dengue é considerada, em todo o mundo, como um grande problema de saúde pública. Esta doença infecciosa febril aguda é causada por um vírus da família *Flaviridae* e transmitida por um vetor (i.e. transmitida de forma indireta) que também é infectado pelo vírus. O agente causador da doença possui quatro sorotipos: DEN-1, DEN-2, DEN-3 e DEN-4. O que configura a existência de quatro tipos de Dengue.

Modelagem Computacional

A necessidade de estudar o comportamento e as características de um fenômeno físico induz à criação de uma representação, gráfica ou matemática, do mesmo. Portanto, criar um modelo que represente um fenômeno é representá-lo de forma conveniente para que seja possível estudar seu comportamento com o intuito de descrever ou prever.

3.1 Interdisciplinaridade e Multidisciplinaridade

A partir do século XV, com o renascimento, a ciência passou por grandes transformações. A perda de poder da igreja sobre a sociedade, culminou no fim de proibições relacionadas ao conhecimento. A descoberta do corpo humano a partir da dissecação de corpos é um bom exemplo, senão o melhor, para a questão. Nesse momento da história a filosofia e a teologia passam a dividir o campo do conhecimento com a ciência e sua pesquisa científica (POMBO, 2005).

Desde então, a ciência tem por função compreender o universo partindo do todo (i.e. macro) até a menor parte, o que na descoberta do corpo humano significou o estudo dos membros ao DNA. Partindo do século XV, e seu momento de fracionamento da ciência, chega-se ao século XXI com uma infinidade de disciplinas especializadas, tais como antropologia, psicologia, ciências sociais, química, física, anatomia, neurologia, cardiologia, biologia, microbiologia e muitas outras, cada uma responsável por uma parte específica da ciência. Como um esforço para reverter o movimento de fragmentação da ciência e a especialização do conhecimento surge, no século XX, um movimento disposto a combinar disciplinas de forma que seja resolver os problemas encontrados no mundo real, pouco fragmentado (POMBO, 2005).

Desse esforço nasce o conceito de combinação de áreas, tratado nesse trabalho sob a perspectiva de dois termos: multidisciplinaridade e interdisciplinaridade. O termo interdisciplinaridade (pesquisa científica ou tecnológica interdisciplinar) remete à convergência de duas ou mais áreas do conhecimento que, em conjunto, contribuem para o avanço da ciência ou tecnologia por meio da apropriação de métodos. Esse processo gera novos conhecimentos, ou novas disciplinas, e pode fazer surgir profissionais com perfis distintos dos existentes, além de levar à formação de base sólida e integrada ao mesmo tempo. No modelo interdisciplinar, as disciplinas envolvidas não pertencem necessariamente a uma mesma área de conhecimento (Figura 3.1).

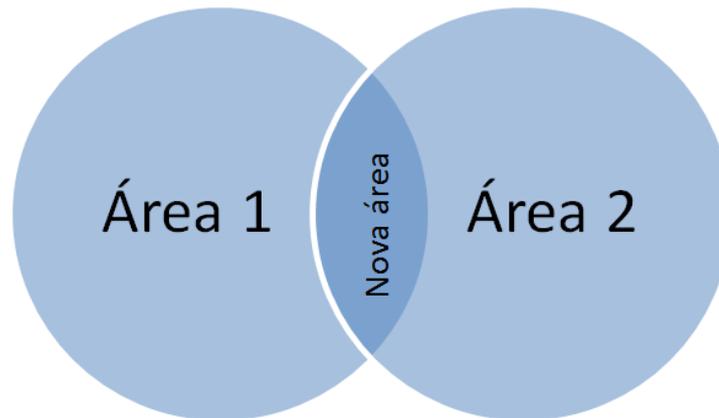


Figura 3.1: Interdisciplinaridade.

Por outro lado, estudos multidisciplinares agregam diversas áreas de conhecimento ao redor de um determinado tema e cada área, apesar do trabalho conjunto, mantém sua metodologia e independência, não necessitando do conhecimento das outras áreas (Figura 3.2).

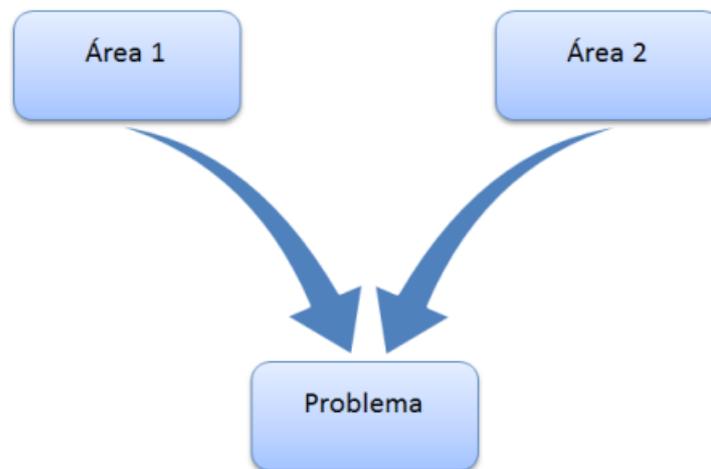


Figura 3.2: multidisciplinaridade.

3.2 O estudo de modelos

A ciência interdisciplinar se aplica de forma satisfatória ao estudo de um SFR (Sistema Físico Real) ou a parte dele, por meio de sua representação física ou simbólica. Essa representação, à qual chamamos modelo (VARENNE, 2009), tem a função de ressaltar características de um SFR de forma conveniente, a fim de possibilitar a descrição ou predição do seu comportamento. As representações por modelos são, de forma geral, mais simples que o sistema que lhe deu origem. Apesar do grande número de informações possíveis

de serem extraídas de um sistema, em muitos casos é possível chegar a uma análise satisfatória desse sistema com um número reduzido de informações (e.g. utilizar técnicas de análise estatística). Em termos gerais a representação de um SFR com modelos se enquadra em um dentre cinco tipos: Icônico, Diagramático, Analógico, Matemático e de representação gráfica.

Modelos Icônicos são assim chamados por representar um SFR a partir de ícones, palavra que deriva do grego <eikon> e remete à imagem ou à aparência. No modelo Icônico as representações geralmente apresentam modificação de escala e podem ser bidimensionais (e.g. mapas, fotografias, plantas) ou tridimensionais (e.g. estátuas e maquetes), afim de representar as propriedades mais importantes dos objetos assim como elas são originalmente ou como se supõe que sejam. Modelos Icônicos são visualmente parecidos com os objetos que representam, mas diferem no tamanho. Sua maior limitação se deve à representação restrita a três dimensões.

Modelos Analógicos obedecem aos princípios originais de operação e por isso são úteis para determinar resultados numéricos, avaliar desempenho, além da possibilidade de simular fenômenos para estudar problemas e situações adversas ao SFR. Alguns exemplos de modelos Analógicos são: embarcações teste e tanques de prova, modelos estruturais (e.g. barragens, portos, pontes, torres), aviões teste em túneis de vento e simuladores de vôo.

Modelos Matemáticos buscam representar de forma compacta e abstrata os princípios do problema original. Esse modelo usa equações matemáticas e técnicas de construção lógica na tentativa de definir soluções generalizadas para os problemas, o que leva a resultados numéricos e a relações explícitas entre os elementos envolvidos no SFR. Modelos Matemáticos dependem da habilidade matemática de quem o modela e a fidelidade com sua representação real depende das hipóteses levantadas, logo, comprovações experimentais se fazem necessárias.

No modelo Diagramático, o SFR tem sua estrutura e comportamento representados por meio de um conjunto de linhas e símbolos. O uso de modelos Diagramáticos pode ser considerado vantajoso, uma vez que a pouca semelhança entre o modelo e o seu equivalente real se deve à simplicidade do modelo composto basicamente por símbolos. A visualização e compreensão do sistema exige basicamente o conhecimento prévio na linguagem simbólica utilizada e pode dar margem a diferentes interpretações devido a isso. Modelos de circuitos elétricos são bons exemplos de modelos Diagramáticos.

Já em modelos de representações Gráficas, o auxílio à visualização, à comunicação e à previsão de projetos é um ponto forte. A rápida percepção do comportamento do modelo faz dos gráficos uma alternativa muito utilizada em situações em que se quer apresentar, de

forma visual, variações de valores e proporções consideradas. Uma Representação Gráfica pode ser apresentada de diversas formas (tipos de gráficos) cada uma capaz de fornecer valiosas informações a respeito de algum fenômeno físico, levantamento estatístico, etc.

A representação por modelos, seja qual for o tipo, tem por objetivo promover a compreensão de um dado SFR, pois elas permitem levantar e analisar hipóteses específicas no universo estudado. Um modelo possibilita a aplicação de diversas condições e cenários a baixo custo, a fim de configurar diferentes ambientes e permitir o estudo do comportamento do sistema em cada um dos deles. Modelos permitem, também, uma melhor descrição do problema abordado. De forma que são ferramentas bem difundidas no processo de treino e ensino.

Nesta dissertação foram utilizados modelos icônicos (i.e. mapas) para a ligação entre agentes de software, modelo matemático para a dinâmica de uma epidemia de Dengue, modelo diagramático para a explicação geral do funcionamento do software proposto e modelos de representação gráfica para apresentar os resultados obtidos.

3.3 Modelos e Simulações

Como será melhor explicado na Seção 4.4 a aplicação de modelos permite uma visão sistêmica de um dado SFR e, quase sempre, essa análise é feita por meio de simulações sob condições diversas. Simular, portanto, é submeter modelos e protótipos a ensaios, a fim de observar como eles se comportam. A partir do resultado das simulações é possível definir melhorias, padrões de qualidade e limites de segurança para o objeto do estudo. Tais simulações podem ser experimentações em laboratório ou formulações matemáticas.

Os principais tipos de simulações são icônica, analógica e matemática. Na simulação icônica, protótipos em escala modificada são submetidos a testes em ambientes controlados (e.g. análise do arraste aerodinâmico em carros e aviões com túneis de vento). A simulação analógica busca comparar algum sistema conhecido e de fácil manuseio ao sistema que se pretende estudar. Um exemplo é comparar atrito, velocidade e força (características de um sistema mecânico) com resistência, corrente e tensão, (características de um sistema elétrico) respectivamente. A simulação matemática se baseia no uso de equações para que, a partir de entradas, sejam encontradas saídas que descrevam o comportamento do sistema real (e.g. utilizar as equações de Torricelli para determinar a velocidade final de um corpo em movimento retilíneo uniformemente variado).

Simulações podem ser vistas como uma imitação passível de testes experimentais. Reprodução ou representação do funcionamento de um processo, fenômeno ou sistema relativamente complexo, por meio de outro, geralmente para fins científicos de observação,

análise e predição, ou para treinamento, diversão, etc (Dicionário Aurélio). Atualmente simulações são utilizadas para diversos fins, desde representações de fluxos de processos à operações militares. No entanto é preciso definir qual a melhor técnica de simulação para o problema estudado, e se tratando de simulações em computador, qual a técnica computacional mais apropriada.

Simulações computacionais baseadas simplesmente em algoritmos têm sido amplamente utilizadas, porém a utilização de arquiteturas de software mais avançadas (e.g. agentes de software) possibilita simular, de forma intuitiva, ambientes complexos, especialmente fenômenos naturais, uma vez que as regras de comportamento surgem da definição de regras simples nos componentes da simulação.

Simular o funcionamento de um sistema não-linear (i.e. representar as mudanças ocorridas em escalas inferiores e observar o efeito dessas mudanças em escalas maiores) exige um modelo de programação capaz de representar de forma clara a comunicação entre as escalas, uma vez que a resposta do sistema não é, necessariamente, proporcional à intensidade da perturbação aplicada. A definição precisa das regras de comportamento de cada elemento do sistema, em todas as suas camadas, não resulta em um comportamento geral previsível uma vez que existem outros aspectos que o torna dinâmico e imprevisível (e.g. a relação aleatória entre os seus componentes e a retro-alimentação do erro).

A arquitetura de software baseada em agentes se mostra eficiente em simulações de SFR por conta de três características. Primeiramente, os agentes são autônomos e independentes, portanto seu estado é alterado por suas regras internas, tendo ou não interação com outros agentes ou com o ambiente. Em segundo, lugar a comunicação do agente com o ambiente ou com outros agentes é assíncrona, sendo assim, o sistema é atualizado homogeneamente, sem priorizar alguma de suas partes. Por fim, um agente, por ser parte de um modelo e possuir regras de ação e reação, pode se comportar como as parte um SFR.

Um sistema criticamente auto-organizado (SOC) (em inglês, *Self-Organized Criticality*) é um sistema sensível às menores perturbações causadas nas camadas inferiores. Quando uma dessas reações alcança um determinado limite o sistema atinge seu estado crítico. Exemplo da pilha de areia. Dentre as características de um SOC podemos citar o comportamento não linear e emergência de padrões. A não linearidade de um sistema é percebida quando a reação deste sistema à pequenas perturbações não gera resultados similares em todos os casos. O processo de formação de padrões complexos a partir de interações simples determina como um sistema evolui ao longo de gerações, sendo este um processo diacrônico (i.e. que ocorrendo através do tempo) (e.g. comportamento dos jogadores de poker que tendem a dobrar a aposta mesmo não havendo uma regra que determine isso), ou sincrônico (i.e. que ocorre simultaneamente em escalas diversas) (e.g. as interações puramente elétricas entre neurônios produzirem raciocínio lógico).

As pequenas perturbações (i.e. o comportamento de uma unidade do sistema) são ditas micro-comportamentos, enquanto a ocorrência do caos é dita macro-comportamento do sistema. O caos implica o surgimento de novas características que não foram previamente programadas e que dependem do comportamento do sistema como um todo e o afetam na mesma escala. Como resposta a esse estado, as unidades formadoras do sistema reagem aplicando restrições a seus parâmetros e conseqüentemente alterando seu comportamento. Esse fenômeno é conhecido como *back-propagation*, propagação inversa. Portanto, esse modelo de comunicação em camadas permite a simulação de modelos dinâmicos não-lineares (MARCENAC, 1998).

3.4 Modelos baseados em redes

A representação utilizada para o estudo de um SFR pode dar margem à criação de diversas estruturas físicas e/ou virtuais, como foi visto na Seção . Uma Rede é uma abstração utilizada para modelar sistemas naturais em que as propriedades de um elemento podem ser representadas por conexões estabelecidas com outros elementos do mesmo sistema ((GEORGOULIS; ISKE; LEVESLEY, 2009)). O estudo de Redes Complexas se baseia na Teoria das redes, que é uma forma . Redes podem ser definidas a partir de três elementos (Vértices, Regras e Ligações). Dado um grupo de elementos (i.e. Vértices) constituintes de um sistema qualquer, devemos definir Regras que determinem as possíveis Ligações entre seus elementos.

As redes podem ser divididas em quatro grande grupos Rede Sociais (i.e. grupo de pessoas ligadas por algum tipo de interação ou relacionamento humano), Rede de Informação (i.e. informações ligadas por algum tipo de associação ou vínculo), Rede Tecnológicas (i.e. coisas construídas pelo homem que possuam conexão física) e Redes Biológicas (i.e. entidades biológicas ligadas por alguma interação)

As ligações entre os componentes de uma rede, entretanto, dependem da característica dos elementos que se quer estudar e refletem propriedades intrínsecas a estes elementos. Dessa forma, pessoas podem estar relacionadas por conexões de amizade ou devido ao compartilhamento de alguma opinião, enquanto aeroportos estarão ligados se existir uma rota de vôo que passe por eles.

De maneira geral, as redes são representadas matematica e computacionalmente a partir de uma matriz de adjacência. Nessa matriz, cada nó é representado por um índice de linha (i.e. i) e um índice de coluna (i.e. j), e o valor dos elementos a_{ij} indica a existência e o tipo de ligação entre os nós. Tais ligações podem ser simples (i.e. os valores 1 e 0 são definidos para representar a existência ou não de ligações entre os vértices) ou podem

possuir peso (i.e. o elemento a_{ij} pode guardar um valor maior ou igual a zero), além de poder representar redes unidirecionais (i.e. existe um dado valor para o elemento a_{ij} e 0 para o elemento a_{ji}), bidirecionais (i.e. existe um valor diferente de 0 em ambos) e redes sem direção (representado por uma matriz simétrica) (BARABÁSI; ALBERT, 1999).

A partir dessa definição é possível criar estruturas robustas para representar diversos sistemas reais e extrair métricas capazes de descrever tais sistemas nos termos das Redes. Neste trabalho, algumas dessas métricas foram utilizadas para demonstrar a diferença entre as redes (i.e. malha rodoviária original e rede das linhas de transporte), são elas:

- **Número de nós (#):** Quantidade de vértices em uma rede. Neste trabalho os nós determinam os municípios do estado da Bahia.
- **Coefficiente de Aglomeração (C):** Índice definido pela conectividade entre vizinhos comuns a um nó de referência. É usualmente calculado como sendo a razão entre o número real de conexões entre os vizinhos comuns ao nó de referência e o número total de conexões possíveis entre estes vizinhos.
- **Caminho Mínimo Médio (L):** O caminho mínimo entre dois nós i e j é o menor número de arestas que separam estes nós. A média entre os caminhos mínimos de todos nós da rede é o Caminho Mínimo Médio.
- **Grau Médio (Z):** O número de conexões que um dado nó estabelece com outros nós da rede determina o grau deste nó. Logo, a média entre os graus de todos os nós da rede define uma característica da rede, o grau médio desta.

Os resultados dos cálculos das métricas das redes utilizadas no trabalho são apresentadas na Seção 5.3.1 (Tabela 5.1). Nesta tabela são apresentados, também, dados referentes às redes aleatórias criadas para, a partir da comparação entre essas métricas, estimar a topologia das redes estudadas.

Revisão da literatura especializada - Agentes de software

Com a evolução dos sistemas computacionais e a comunicação em rede, surge a necessidade de gerenciar tais sistemas de forma automática, uma vez que o controle puramente manual já não se mostrava eficiente (BRAUN; ROSSAK, 2005). Os novos conceitos de arquiteturas de sistemas surgiram gradativamente de acordo com as novas necessidades, constituindo dessa forma uma abordagem que contemplasse a construção de aplicações distribuídas. Assim, uma das principais motivações foi descentralizar tarefas. Para tanto, a arquitetura daria a possibilidade de interromper a execução de um processo, enviá-lo para outro local e então continuar sua execução no novo host (i.e. local na rede, dispositivo) (HENNING; VINOSKI, 1999).

Podemos citar algumas arquiteturas que evoluíram a partir dos modelos computacionais iniciais. Um exemplo é a cliente-servidor, na qual os processos normalmente se comunicam de forma síncrona através de troca de mensagens ou chamadas de procedimento remoto, RPC (do inglês, *Remote Procedure Call*). Podemos citar também a CORBA (do inglês, *Common Object Request Broker Architecture*), que possibilita o desenvolvimento de componentes de software capazes de serem executados em computadores diferentes e, ainda assim, realizarem tarefas complementares (HENNING; VINOSKI, 1999). Já a arquitetura REV (do inglês, *Remote Evaluation*) permite que um dispositivo cliente envie o código binário a ser executado no servidor, que então, encaminhará os resultados da execução.

Outros conceitos mais recentes de distribuição de processamento são as Mensagens Ativas (*Active Message*), as quais contemplam a distribuição de mensagens com códigos a serem executados em locais da rede e Objetos Remotos (*Remote Objects*), que encapsulam dados e métodos a serem transportados entre dispositivos (BRAUN; ROSSAK, 2005).

Essa movimentação de processos é possível graças a plataformas que implementam protocolos de comunicação específicos, capazes de promover um ambiente virtual propício à migração de processos, tais como as plataformas Voyager da ObjectSpace e Aglets da IBM (FUGGETTA; PICCO; VIGNA, 1998).

Nesse contexto, surge o paradigma dos Agentes Móveis (AM). Proposto na década de 80, esse conceito aparece de forma paralela em estudos das áreas de inteligência artificial e agentes de software (AS). A partir da evolução das arquiteturas citadas, chega-se a um conceito no qual tanto o código binário quanto os dados do programa podem, juntamente com contexto de execução, ser enviados para qualquer host compatível em uma rede.

Portanto, agentes móveis são programas que podem ser despachados de um computador de origem, viajar entre servidores em uma rede até que se tornem hábeis para completar sua tarefa (CHESS et al., 1995).

Um AM é capaz de interagir com outros, e com o ambiente no qual está inserido, a partir da troca de informações ou mensagens e é capaz de implementar características como autonomia, capacidade de aprendizagem, reatividade e cooperação.

O momento de migração e a escolha do host de destino é responsabilidade do agente, assim como a tarefa que será executada. Esses detalhes comportamentais devem ser previamente estudados e definidos pelo programador. Um AM pode também implementar mudanças de estado e tomar decisões a partir do estado em que se encontra, como por exemplo, enviar resultados ou migrar de volta para o host de origem ao final da execução da tarefa (BRAUN; ROSSAK, 2005).

4.1 Sistemas Baseados em Agentes

Um Sistema Baseado em Agentes ou ABS (em inglês, *Agent-Based System*) consiste em um software composto por elementos (i.e. agentes) que, com suas regras de comportamento, interagem entre si e com o meio. Quando esses agentes podem migrar entre dispositivos de uma rede, o sistema é considerado um Sistema Baseado em Agentes Móveis - SBAM ou MABS (em inglês, *Mobile Agent-Based System*) que, em termos gerais, consiste em uma arquitetura que provê mecanismos necessários para a comunicação e mobilidade do AS (UTO, 2003).

Os componentes básicos desses sistemas são o Agente (*Agent*) e a Agência (*Place*) (BRAUN; ROSSAK, 2005). O primeiro possui diversas características passíveis de modificação e que, além de identificá-lo, são úteis durante seu ciclo de vida, são elas:

- **Identifier:** Número que identifica unicamente um agente;
- **State:** Informa em qual dos possíveis estados o agente se encontra;
- **Interface:** Conjunto de funções e regras que definem o comportamento do agente e são utilizadas para interagir com o ambiente e com outros agentes;
- **Home:** Identificação do responsável pelas ações do agente. O endereço do host que o disparou;

O componente Agência é o ambiente virtual de execução do agente. Por ela o agente poderá ter acesso a informações do host, bem como se comunicar com outros agentes. Na

maioria das plataformas, uma agência é responsável pelo processo de envio e recebimento de agentes de software, dando mobilidade a eles. Nela ainda, é possível armazenar informações sobre a passagem dos agentes, a fim de gerar estatísticas para posterior análise e tomadas de decisão (GENCO, 2008). Algumas das ações mais comuns de uma agência são:

- **Deactivate:** A execução do agente é interrompida, porém seu contexto de execução (i.e. estado do agente) é preservado.
- **Activate/Create:** A execução do agente é iniciada ou retomada. Uma agência pode criá-los dinamicamente a partir de, por exemplo, uma ordem enviada por algum software na rede. Caso o agente tenha passado pelo processo de desativação ele será reativado a partir do estado em que estava no momento da desativação.
- **Dispose:** O agente é destruído e os recursos alocados para sua execução (i.e. memória, processador, periféricos, etc) são liberados.
- **Transference/Dispatch:** Permite a mobilidade dos agentes durante sua execução;

4.2 Características de um Sistema Baseado em Agentes

O uso de agentes é apontado, muitas vezes, como melhor solução para aplicações que necessitam coletar informações ou desenvolver atividades em muitos locais de uma rede (GENCO, 2008). Algumas características encontradas em um SBAM são o principal motivo disso. São elas:

- **Menor tráfego na rede:** Aplicações para análise e gerenciamento de redes comumente coletam muita informação, concentram todos esses dados em um servidor e por meio de alguma análise geram uma quantidade consideravelmente menor de dados como resultado. Em um SBAM, as informações são processadas no local em que são coletadas e apenas os resultados irão trafegar pela rede.
- **Assincronismo:** Em uma aplicação que requer uma conexão estabelecida por um longo período ou várias conexões isoladas a dependência de uma resposta do servidor ou do cliente pode comprometer o resultado da atividade. Com a utilização de AM não há conexões estabelecidas. O cliente aguarda pela resposta de forma assíncrona. Esse tipo de comunicação se mostra muito funcional em dispositivos móveis (e.g. celular, smartphone, handheld, tablet, etc.) ou com que possuam conexão lenta.
- **Paralelismo:** O envio de agentes a hosts distintos de uma rede possibilita o processamento paralelo, uma vez que a tarefa que será executada pode ser dividida e

cada parte resultante submetida a um dos agentes. Seguindo o mesmo raciocínio é possível implementar um Sistema Tolerante a Falhas, ou seja, uma mesma tarefa é assumida por mais de um agente. Estes irão executá-la em locais diferentes e um possível erro de execução em um dos agente será absorvido por uma execução bem sucedida de outro.

- **Flexibilidade:** Servidores comumente oferecem um conjunto de serviços fixos a que chamamos de interface pública. No entanto, o surgimento de uma nova demanda exige que essa interface seja adaptada (e.g. implantar um novo serviço). Com a utilização de AM, tais necessidades podem ser absorvidas de forma simples. Cada cliente pode manter sua própria interface com os servidores, e dessa forma novas versões dos agentes implantados resolvem o problema sem que os serviços sejam interrompidos.

4.3 Outros aspectos no uso de Agentes

Ao modelar um SBAM, alguns detalhes, principalmente no que diz respeito a segurança e robustez, devem ser observados. Os agentes requerem de cada dispositivo nos quais serão executados (ou de cada *thread*, sendo ele um SBA) a disponibilidade de recursos e o controle de acesso a esses recursos. Caso não haja tal controle, é possível que agentes maléficos (i.e. vírus, cavalos de tróia, etc) sejam implantados e passem a atuar de forma maléfica, consumindo recursos (i.e. processamento, memória, espaço em disco, etc.) de forma a comprometer o funcionamento geral do sistema.

Outro ponto a ser observado é o gerenciamento dos AS, uma vez que o desenvolvimento de sistemas maiores e mais complexos acarreta em um número muito grande de agentes. O controle de acesso às informações armazenadas pelos AM e ao estado em que se encontra a tarefa que ele executa são alguns dos motivos que evidenciam a necessidade de gerenciar cada agente. Dificuldades com essas costumam ser o centro das atenções durante a elaboração de um SBA.

4.4 Modelagem com Agentes

A partir do estudo de eventos regidos por leis de escala temporal e espacial (e.g. fenômenos naturais), notou-se que pequenos distúrbios aleatórios como flocos de neve podem ser a razão de algum acontecimento caótico (e.g. uma avalanche). Atualmente, simulações computacionais são utilizadas para estudos que vão de modelos econômicos a procedimentos militares. No entanto, como é possível definir a técnicas de simulação mais adequada a um determinado propósito? A bibliografia não restringe o uso de técnicas de simulação a

um problema ou área específica, porém, o uso de SBA para modelar fenômenos naturais (e.g. terremotos, vulcões, incêndios) tem se mostrado muito eficiente (GIROUX *et al.*, 1996).

A importância da utilização de Agentes Móveis em simulações deve-se principalmente a três características. Primeiramente, sua capacidade de transportar informações de forma autônoma, o que possibilita maior interação entre locais distintos de um sistema (e.g. uma rede corporativa). Segundo, a execução de tarefas em paralelo, o que torna possível manter, ao mesmo tempo, agentes em estados diferentes. E, por fim, a atividade social, a interação entre agentes e deles com o meio (GIROUX *et al.*, 1996).

A teoria de redes sociais complexas é capaz de descrever diversos sistemas, e desde sua criação vem sendo aplicada na análise de problemas matemáticos e computacionais. O estudo de problemas existentes em sistemas naturais e a dinâmica de eventos em uma sociedade podem ser tratados sobre a perspectiva de Redes Sociais Complexas ou Teoria das Redes, uma vez que indivíduos podem se deslocar livremente, interagir e transportar dados (i.e. vírus, informação, opinião, etc.) (BARABÁSI; ALBERT, 1999).

Trabalho experimental e desenvolvimento da pesquisa

A Figura 5.1 apresenta o diagrama que explica de forma simplificada o modelo proposto neste trabalho, cujo objetivo é representar o estado da Bahia com seus 417 municípios interligados por linhas de transporte rodoviário intermunicipal e simular computacionalmente uma epidemia de Dengue no estado na tentativa de demonstrar, com base no modelo proposto por (PINHO et al., 2010), o efeito da migração de pessoas entre os municípios em uma epidemia.

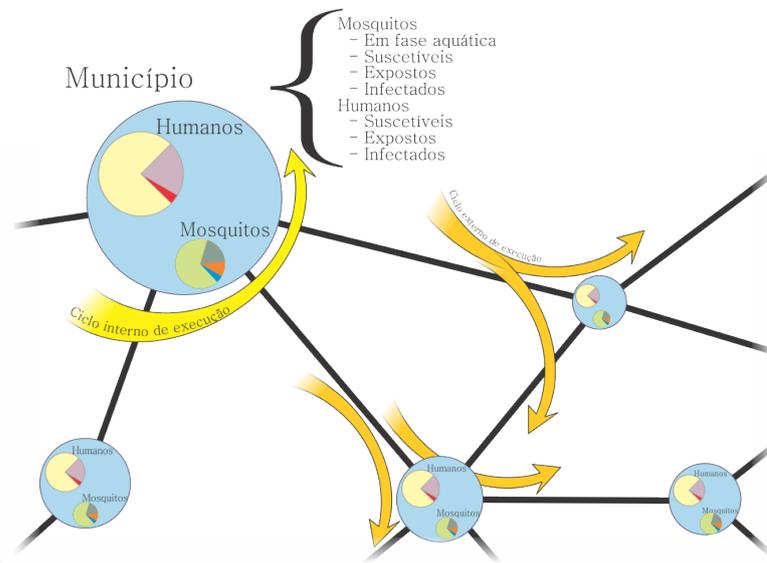


Figura 5.1: Representação diagramática do modelo computacional

Para a proposta apresentada neste trabalho a quantidade de indivíduos infectados varia, em cada município, segundo o modelo matemático (i.e. sistema de equações diferenciais) proposto por (PINHO et al., 2010). O uso das informações sobre as linhas de transporte rodoviário extraídos de (AGERBA, 2011a) e (AGERBA, 2011b), representa a migração de indivíduos entre municípios, portanto possibilita ao modelo proposto simular a propagação da doença no estado.

Observe no diagrama da Figura 5.1 os elementos que compõem o modelo computacional aqui proposto (i.e. Modelo matemático da dinâmica da Dengue, Municípios e suas populações, Rede de transporte que liga os municípios e os Ciclos de execução do modelo). Dessa forma, cada município no modelo é apresentado como um agente e a comunicação com os outros agentes é o que faz sua natureza matemática e preditiva apresentar características emergentes e padrões de comportamento coletivo.

A estrutura geral e os detalhes da comunicação entre os agentes serão apresentadas nas próximas seções. As componentes do modelo serão detalhadas segundo o funcionamento e a maneira como se combinaram para que o objetivo principal do trabalho fosse alcançado.

5.1 O modelo matemático

O modelo matemático apresentado nesse trabalho utiliza um sistema de equações diferenciais não lineares (Equação 5.1), para determinar a evolução epidêmica da dengue em uma população. Este modelo é baseado no trabalho de Yang (POMBO, 2009), que descreve a população de mosquitos (M) em quatro componentes: fase aquática (A), suscetível (Ms), exposto (Me) e infeccioso (Mi), sendo que as três últimas fases são relacionadas a mosquitos fêmeas em fase adulta. A população humana, H, é dividida em quatro componentes: suscetível (Hs), exposto (He) e infeccioso (Hi) e recuperado (Hr). Porém o tamanho total da população é assumido quase constante, por conta do intervalo de tempo, de algumas semanas, considerado nas simulações, sofrendo interferência de uma taxa de mortalidade, m_h , muito pequena (Figura 5.2).

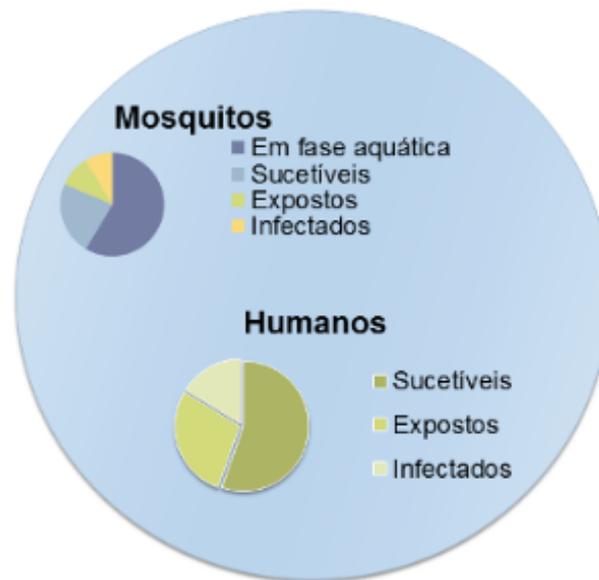


Figura 5.2: Divisão das populações em componentes segundo o modelo matemático de Pinho

Os parâmetros entomológicos utilizados no sistema são a taxa de ovoposição intrínseca, d ; as taxas de mortalidade de mosquitos na fase aquática, m_a ; e de fêmeas adultas, m_m ; e a taxa per capita da emergência da população aquática para fêmeas adultas, g_m . Os parâmetros restantes são o número de criadouros, C ; a fração de mosquitos fêmeas encontrada no conjunto total de os ovos, k , sendo $0 < k < 1$; e os métodos de combate na fase aquática, ca ; e terrestre, cm - modelados como uma taxa de mortalidade extra. Esta lista apresenta todas as constantes utilizadas no modelo e seu significado:

- δ (**S**): Taxa de ovoposição média de uma fêmea adulta do mosquito. Varia entre 0 e 11.2 por dia.
- μ_m (**Mm**): Taxa de mortalidade média entre mosquitos adultos. Varia entre 0.02 e 0.09 por dia para temperaturas entre 10.54°C e 33.41°C.
- μ_a (**Ma**): Taxa de mortalidade média entre mosquitos em fase aquática. Varia entre 0.01 e 0.47 por dia para temperaturas entre 10°C e 40.6°C.
- γ_m (**Ym**): Taxa de transição do mosquito em fase aquática para fase adulta. Varia entre 0 e 0.19 por dia para temperaturas entre 10°C e 40.6°C.
- θ_m (**Om**): Taxa de incubação extrínseca. Varia entre 0.02 e 0.2 por dia para temperaturas entre 11°C e 36°C.
- α_h (**Xh**): Taxa de recuperação humana. Varia entre 0.083 e 0.25 por dia.
- μ_h (**Mh**): Taxa de mortalidade humana. Varia entre 0.0143 e 0.0167 por ano.
- θ_h (**Oh**): Taxa de incubação intrínseca. Varia entre 0.083 e 0.17 por dia.
- k (**k**): Fração de mosquitos fêmeas encontrados em todos os ovos. Varia entre 0 e 1;
- C (**Cc**): Criadouros de mosquito. Pode ser definido como qualquer valor positivo.
- b (**b**): Média de picadas por mosquitos. Varia entre 0 e 1 por dia.
- β_m (**Bm**): Taxa de contato efetivo entre humanos e mosquitos. O valor referente a mosquitos é 0.75.
- β_h (**Bh**): Taxa de contato efetivo entre humanos e mosquitos. O valor referente a humanos é 0.75.
- c_a (**ca**): Taxa de controle epidêmico (mortalidade extra para mosquitos em fase aquática). Varia entre 0 e 1.
- c_a (**ca**): Taxa de controle epidêmico (mortalidade extra para mosquitos em fase adulta). Varia entre 0 e 1.

As variáveis

$$\begin{aligned}
\frac{dA}{dt} &= k\delta(t)\left(1 - \frac{A}{C}\right)M - (\gamma_m(t) + \mu_a(t) + c_a(t))A, \\
\frac{dM_s}{dt} &= \gamma_m(t)A - \frac{b\beta_m M_s H_i}{H} - (\mu_m(t) + c_m(t))M_s, \\
\frac{dM_e}{dt} &= \frac{b\beta_m M_s H_i}{H} - (\theta_m(t)M_e + (\mu_m(t) + c_m(t))M_e), \\
\frac{dM_i}{dt} &= c_m(t)M_e - (\mu_m(t) + c_m(t))M_i, \\
\frac{dH_s}{dt} &= \mu_h(H - H_s) - \frac{b\beta_h H_s M_i}{H}, \\
\frac{dH_e}{dt} &= \frac{b\beta_h H_s M_i}{H} - (\theta_h + \mu_h)H_e, \\
\frac{dH_i}{dt} &= \theta_h H_e - (\alpha_h + \mu_h)H_i.
\end{aligned} \tag{5.1}$$

As variáveis abaixo são os valores modificados durante a execução do modelo...

- **População de vetores em fase aquática:** Armazena a quantidade total de mosquitos em fase aquática de um município. Essa variável é representada por A no modelo matemático e por A_m no modelo computacional.
- **População de mosquitos suscetíveis:** Armazena a quantidade de mosquitos no estado Suscetível do ciclo de infecção em um município. Essa variável é representada por M_s no modelo matemático e por M_s no modelo computacional.
- **População de mosquitos expostos:** Armazena a quantidade de mosquitos no estado Exposto do ciclo de infecção em um município. Essa variável é representada por M_e no modelo matemático e por M_e no modelo computacional.
- **População de mosquitos infectados:** Armazena a quantidade de mosquitos no estado Infectado do ciclo de infecção em um município. Essa variável é representada por M_i no modelo matemático e por M_i no modelo computacional.
- **População total de mosquitos:** Armazena a quantidade total de mosquitos em um município. Essa variável é representada por M no modelo matemático e por M no modelo computacional.
- **População de humanos suscetíveis:** Armazena a quantidade de humanos no estado Suscetível do ciclo de infecção em um município. Essa variável é representada por H_s no modelo matemático e por H_s no modelo computacional.
- **População de humanos expostos:** Armazena a quantidade de humanos no estado Exposto do ciclo de infecção em um município. Essa variável é representada por H_e no modelo matemático e por H_e no modelo computacional.
- **População de humanos infectados:** Armazena a quantidade de humanos no estado Infectado do ciclo de infecção em um município. Essa variável é representada por H_i no modelo matemático e por H_i no modelo computacional.
- **População total de humanos:** Armazena a quantidade total de humanos em um município. Essa variável é representada por H no modelo matemático e por H no modelo computacional.

A passagem de indivíduos da fase suscetível para exposto, nas duas populações, depende da taxa média de picadas de mosquitos, das probabilidades de transmissão e do número de indivíduos suscetíveis e infectados de cada espécie. A taxa média de picadas, b , é o número médio de picadas que um mosquito dá por dia e a probabilidade de transmissão

é a capacidade de uma picada tornar infectado o mosquito bm , ou o humano bh .

Sendo b/H a definição do número de picadas recebidas por um humano de cada mosquito, a taxa de infecção para cada humano suscetível é dada por $(b*bh/H)M_i$ e a taxa de infecção para cada mosquito suscetível é dada por $(b*bm/H)M_i$. O modelo assume que um indivíduo exposto (infectado, mas não infeccioso) se torna infeccioso a uma taxa de q_h e q_m respectivamente. Dessa forma, os períodos de replicação do vírus são definidos pelas quantidades $1/q_h$ em mosquitos (período extrínseco) e $1/q_m$ em humanos (período intrínseco). Segundo (FOCKS et al., 1993), o período extrínseco mantém relação direta com a temperatura, definida pela redução da taxa q_m que aumenta a taxa de replicação do vírus e intensifica a eficiência do vetor por conta do aumento do número de refeições diárias (DIBO et al., 2008).

Ao se tornar infectado um mosquito poderá transmitir a doença durante toda sua vida, pois ele não se descontamina, porém o período de infecção de um humano é definido por $1/ah$, sendo ah a taxa de recuperação per capita entre humanos. Por fim, o controle da doença, definido como uma taxa de mortalidade extra para mosquitos em fase aquática e mosquitos adultos, é representado respectivamente por ca e cm . Uma vez que $H_r = H - H_s - H_i$ é suficiente considerar o sistema como uma relação entre a população de mosquitos na fase aquática (A), população de mosquitos suscetíveis (M_s), população de mosquitos expostos (M_e), população de mosquitos infectados (M_i), população de humanos suscetíveis (H_s) e população de humanos infectados (H_i).

5.2 Municípios e populações

A representação do estado da Bahia neste trabalho se deu através de um grafo no qual cada vértice representa um município e as arestas representa o conjunto de linhas de transporte interurbano divulgadas oficialmente pela AGERBA. No entanto, cada vértice possui características próprias e é manipulado separadamente na simulação computacional.

Cada município apresenta um conjunto de características próprias definidas inicialmente e que são mantidas durante a execução. Essas características são armazenadas nas variáveis de controle local e se divide em dois grupos: variáveis locais para controle da epidemia e variáveis locais para controle de execução. O primeiro grupo de variáveis foi extraído do modelo proposto por (PINHO et al., 2010) e armazena valores relativos às componentes da população de mosquitos (i.e. Em fase aquática " A ", Suscetíveis " M_s ", Expostos " M_e " e Infecciosos " M_i ") e às componentes da população de humanos (i.e. Suscetíveis " M_s ", Expostos " M_e " e Infecciosos " M_i ") de cada município, elas são melhor descritas na Seção 5.1.

O segundo grupo de variáveis armazena informações necessárias ao controle de execução do modelo, o que significa que esse grupo se encarrega de manter todas as informações utilizadas pelo modelo enquanto software. As variáveis do controle de execução também pertencem ao município, logo cada município possui esse conjunto de variáveis, são elas:

- **Conjunto de vizinhos:** É um vetor¹ utilizado para armazenar, em cada município, todos os vizinhos que este possui.
- **Nome, Latitude e Longitude:** Informações reais do município armazenadas para melhor representação visual no sistema.

5.3 A rede de transporte entre municípios

A rede utilizada no modelo foi criada a partir de dados sobre municípios e linhas de transporte disponibilizadas no site da Agência Estadual de Regulação de Serviços Públicos de Energia, Transportes e Comunicações da Bahia - AGERBA (AGERBA, 2011a). No site do órgão foi possível obter informações sobre os pólos regionais de atuação da agência (i.e. subdivisões do estado da Bahia, definidas pela AGERBA, para a atuação da agência no âmbito de suas atribuições) e a lista dos municípios pertencentes a cada polo. De posse dos dados de cada polo deu-se início à criação de uma rede, com 417 vértices, para representar os municípios baianos e suas ligações via linhas de transporte.

Apesar de contemplar todos os 417 municípios do estado da Bahia e ter o transporte rodoviário interurbano como base para a conexão das arestas, a rede aqui apresentada não faz uso unicamente da malha rodoviária do estado para definir suas arestas. Para montar a rede foram utilizados dados sobre linhas oficiais de transporte interurbano rodoviário retiradas do próprio site da AGERBA, com a intenção de mapear o fluxo de transporte do estado.

A Figura 5.3 mostra a rede de municípios interligados por rodovias estaduais *Ba* e rodovias federais *Br* que passam pelo estado.

Porém, a utilização das informações da AGERBA proporcionou a criação de um mapa rodoviário diferente do original, uma vez que é regido também pelas linhas de transporte e não unicamente pela existência das rodovias. A esse novo conjunto de ligações entre municípios demos o nome de rede de transporte intermunicipal, uma vez que o processo para a montagem da rede foi baseado no fluxo de transporte rodoviário intermunicipal do estado.

¹Neste caso, o termo Vetor é uma estrutura lógica de armazenamento da linguagem de programação C++. Maiores detalhes em (ECKEL, 1998)

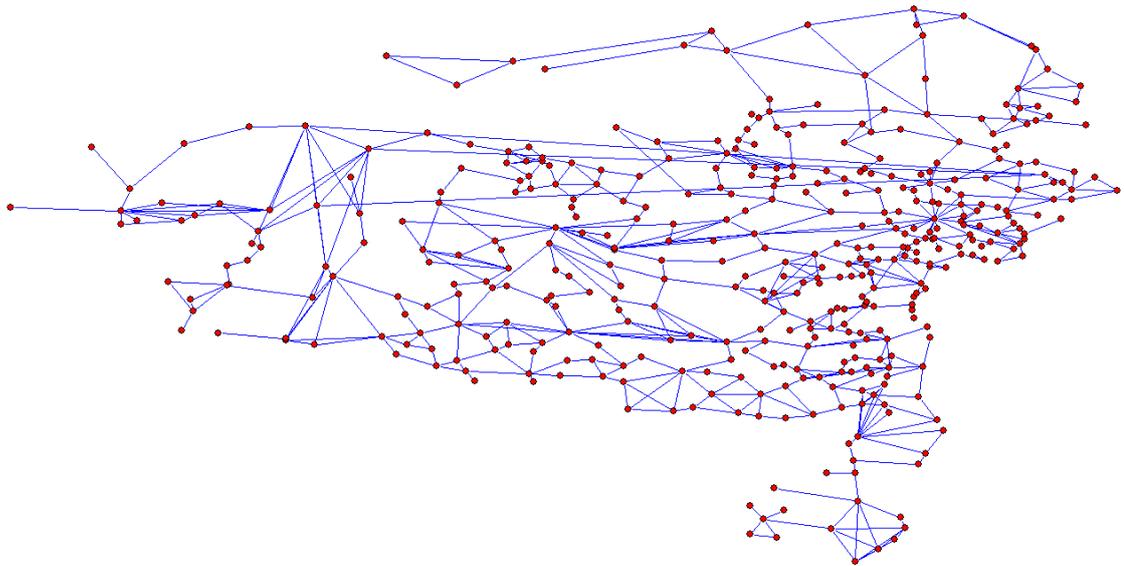


Figura 5.3: Malha rodoviária do estado da Bahia.

Tal lógica utiliza as linhas disponíveis para consulta no site da AGERBA para criar uma série de arestas, partindo do município (vértice) de origem e chegando ao de destino, além de ligar cada uma das cidades apresentada pela agência como parada obrigatória da linha.

5.3.1 Montagem das das linhas de transporte

O início da extração das informações necessárias à criação da rede se deu a partir da página para consulta de linhas de transporte do site da agência ([AGERBA, 2011b](#)) (Figura 5.4). Na página de consulta é possível escolher dentre as 1297 linhas oficiais encontradas no site e ter acesso aos detalhes dessa linha.

LOCALIDADES ATENDIDAS POR LINHAS

Esta consulta permite listar quais as localidades atendidas por determinada linha no transporte rodoviário intermunicipal de passageiros.

Para consultar as localidades, informe a linha desejada:

[Início](#) | [Voltar](#) | [Encerrar](#)

Agência Estadual de Regulação de Serviços Públicos de Energia,
Transportes e Comunicações da Bahia

Figura 5.4: ABERBA - Página para consulta das localidades atendidas por uma linha de transporte

Para cada linha disponível na página de consulta existe uma página de detalhes (Figura

5.5), que pode ser acessada a partir do botão *Consultar* da página de consulta e contém as informações que foram utilizadas para criar o conjunto de arestas da rede.

LOCALIDADES QUE FAZEM SEÇÃO NA LINHA: 085 - SALVADOR - FEIRA DE SANTANA	
ORDEM	LOCALIDADES
1	SALVADOR
2	ENTRONC BR324 / BA093
3	COVA DE DEFUNTO (POV CANDEIAS)
4	ENT SÃO SEBASTIÃO DO PASSÉ
5	ENT SANTO AMARO
6	ENT CONCEIÇÃO DO JACUÍPE
7	ENT ALIANÇA (AMÉLIA RODRIGUES)
8	ENT ITAPETINGUI
9	AMÉLIA RODRIGUES
10	POSTO SÃO LUIZ
11	ENTRONC BR101/BR324
12	FEIRA DE SANTANA

[Horários e Frequência](#)

Figura 5.5: Página de detalhes da linha 085. Mostra todas as localidades de parada obrigatória na rota definida pela linha

Para cada linha selecionada é possível consultar os seguintes dados:

- **Número de identificação da linha:** Identificador alfanumérico da linha de transporte.
- **Nome de identificação da linha:** O nome da linha. Na maioria das linhas é composto apenas pelos nomes dos municípios de origem e destino.
- **Município de origem, município de destino e municípios de parada obrigatória:** Apresentação estruturada (i.e. em forma de lista) de todos os municípios, paradas obrigatórias, envolvidos no trajeto. O primeiro da nome da lista é do município de origem e o último o nome do município de destino.

Porém, para que fosse possível identificar os municípios alcançados por cada uma delas para montar as arestas da rede foi necessário um tratamento nos dados extraídos do site. De todas as informações contidas nas páginas foi necessário extrair apenas os nomes dos 417 municípios, possibilitando assim o processamento automático desses dados. O processamento textual aplicado consistiu na retirada de indicadores irrelevantes como abreviações (e.g. Ent (indicando Entroncamento), Dist (indicando Distrito), Faz (indicando fazenda), etc) e repetições desnecessárias (e.g. linha que vai de Santo Amaro para Itapema (pov Santo Amaro)).

A linha 095, por exemplo, foi retirada do site com a seguinte seqüência de municípios:

- Feira de Santana

- Amélia Rodrigues
- ent Santo Amaro
- Santo Amaro
- ent Acupe (dist Santo Amaro)
- Acupe (dist Santo Amaro)
- Itapema (pov Santo Amaro)
- Saubara
- Cabuçu (dist Saubara)
- Bom Jesus dos Pobres (dist Saubara)

Após a retirada das abreviações a mesma linha passou a ter os valores:

- Feira de Santana
- Amélia Rodrigues
- Santo Amaro
- Santo Amaro
- Acupe (Santo Amaro)
- Acupe (Santo Amaro)
- Itapema (Santo Amaro)
- Saubara
- Cabuçu (Saubara)
- Bom Jesus dos Pobres (Saubara)

Por fim, a remoção das repetições resumiu os dados da linha a quatro municípios, dando origem a quatro arestas que interligam os municípios de Feira de Santana (origem), Amélia Rodrigues, Santo Amaro e Saubara (destino).

De posse destas informações, foi possível montar uma rede com os 417 vértices inicialmente definidos (i.e. todos os municípios do estado da Bahia) e um conjunto de arestas formado a partir das linhas. A criação da rede foi orientada pela seguinte pergunta: Quais municípios são parada obrigatória para uma linha de transporte oficial definida

pela AGERBA? Respondendo a pergunta para cada uma das 1297 linhas encontradas no site da agência foi possível identificar todas as ligações existentes e montar a rede (Figura 5.6).

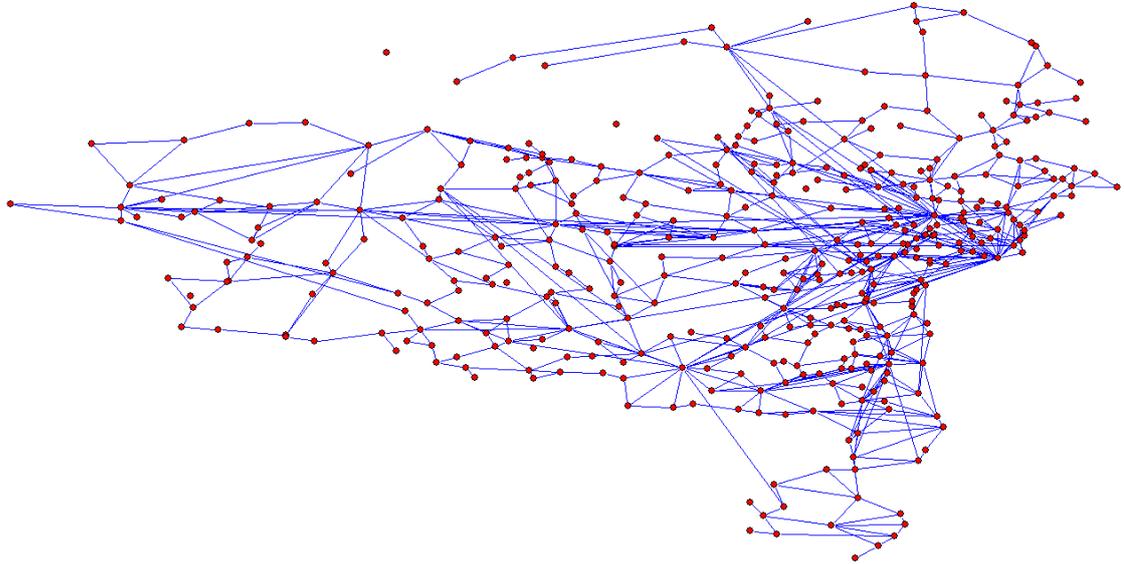


Figura 5.6: Rede criada a partir das linhas oficiais de transporte interurbano fornecidas pela AGERBA

Para demonstrar a diferença entre as rede da malha rodoviária e a rede gerada a partir das linhas de transporte foram calculadas algumas das métricas para as duas redes (i.e. Coeficiente de Aglomeração (C), Caminho Mínimo Médio (L) e Grau Médio (Z)) (WATTS, 2003). Estes valores estão listados na Tabela 5.1, nas linhas 1 e 3 respectivamente, nas linhas 2 e 4 são apresentadas métricas de redes aleatórias correspondentes (i.e. mesma quantidade de nós e grau médio).

Esses resultados mostram como a pergunta utilizada para montar as ligações de uma rede, a partir dos mesmos vértices, define suas características enquanto objeto de estudo, podendo inclusive gerar redes de topologias diferentes.

Tabela 5.1: Métricas das redes de malha rodoviária, linhas de transporte e redes aleatórias de referência

Nome	#	C	L	Z
Malha Rodoviária	417	0.28659	10.48925	3.33333
Aleatória M.R.	417	0.00774	5.01490	3.3285372
Linhas de Transporte	409	0.34034	5.33335	4.1613692
Aleatória L.T.	409	0.00989	4.39223	4.0831296

Segundo o modelo apresentado por Watts e Strogatz em 1998 é possível estimar a topologia de uma rede (i.e. Aleatória ou Mundo Pequeno) a partir da comparação entre o

Coefficiente de Aglomeração e o Caminho Mínimo Médio desta rede e uma rede aleatória criada a partir do mesmo grau médio e com a mesma quantidade de vértices da rede estudada (WATTS, 2003). Uma rede será enquadrada na topologia Mundo Pequeno caso possua o valor do Caminho Mínimo Médio (L) semelhante e Coeficiente de Aglomeração (C) muito maior que o da rede aleatória. Não há, na literatura, a definição da proporção entre os valores de Coeficiente de Aglomeração para definir que um valor é “muito maior” que outro. Porém, é consenso que uma variação de mais de 10 vezes é suficiente para ser considerado “muito maior”.

Sendo assim, a rede oriunda das linhas de transporte pode ser enquadrada na topologia Mundo Pequeno. Em relação à rede da malha rodoviária apresenta uma diferença no Caminho Mínimo Médio maior que a esperada. Portanto, a afirmação da topologia desta rede requer a utilização de outras técnicas (e.g. TODO), o que não se faz necessário diante do escopo definido para este trabalho.

5.3.2 *Frequência de ocorrência das linhas: Peso das arestas*

Além das informações sobre a linha selecionada a página de detalhes dá acesso, através do link *Horários e Frequência*, à outras informações sobre a ocorrência da linha, o que possibilitou enriquecer a rede montada (Figura 5.7).

A página de frequência apresenta, além dos dias e horários de partida e chegada, informações já contidas na página de detalhes (i.e. Número da linha, Nome da linha, Município de origem e Município de destino), porém em forma de tabela (Figura 5.7).

O quadro de horários foi utilizado para calcular o peso das arestas, uma vez que feita a contagem das ocorrências semanais de uma linha, o valor resultante é definido como o peso das aresta por onde a linha passa. Portanto, a partir da contagem de todas as linhas que ligam dois municípios, o peso desta aresta será a soma das ocorrências destas linhas. Sejam dois municípios A e B quaisquer e supondo que existam apenas duas linhas que façam a ligação entre eles e que a primeira linha tenha uma frequência semanal f_a e a segunda tenha uma frequência semanal f_b o peso da aresta que liga os vértices que representam estes municípios é a soma $f_a + f_b$.

5.3.3 *Migração de indivíduos entre municípios*

Para a utilização do sistema de equações no modelo proposto foi necessário uma interferência em seu funcionamento. A cada interação do sistema, o que representa um dia, o

Linhas e Horários

Consulta ao Sistema de Transporte Intermunicipal de Passageiros

QUADRO DE HORÁRIOS:
PARAÍSO TRANSPORTES URBANOS LTDA

Linhas: 064		Nome da Linha: ALAGOINHAS - ARAMARI													
Apostila: 1210		Vigência: 2 / 4 / 2004													
ALAGOINHAS							ARAMARI								
DIAS E HORÁRIOS DE PARTIDA							DIAS E HORÁRIOS DE PARTIDA								
SEG	TER	QUA	QUI	SEX	SAB	DOM	SEG	TER	QUA	QUI	SEX	SAB	DOM		
05:40	05:40	05:40	05:40	05:40	05:40	07:00	06:20	06:20	06:20	06:20	06:20	06:20	06:20	07:30	
06:20	06:20	06:20	06:20	06:20	06:20	08:00	07:00	07:00	07:00	07:00	07:00	07:00	07:00	08:30	
07:00	07:00	07:00	07:00	07:00	07:00	12:30	07:40	07:40	07:40	07:40	07:40	07:40	07:40	13:30	
07:40	07:40	07:40	07:40	07:40	07:40	14:00	08:20	08:20	08:20	08:20	08:20	08:20	08:20	14:30	
08:20	08:20	08:20	08:20	08:20	08:20	16:00	09:00	09:00	09:00	09:00	09:00	09:00	09:00	16:30	
09:00	09:00	09:00	09:00	09:00	09:00	17:00	09:40	09:40	09:40	09:40	09:40	09:40	09:40	18:00	
09:40	09:40	09:40	09:40	09:40	09:40	-	10:20	10:20	10:20	10:20	10:20	10:20	10:20	-	
10:20	10:20	10:20	10:20	10:20	10:20	-	11:00	11:00	11:00	11:00	11:00	11:00	11:00	-	
11:00	11:00	11:00	11:00	11:00	11:00	-	11:40	11:40	11:40	11:40	11:40	11:40	11:40	-	
11:40	11:40	11:40	11:40	11:40	11:40	-	12:20	12:20	12:20	12:20	12:20	12:20	12:20	-	
12:20	12:20	12:20	12:20	12:20	12:20	-	13:00	13:00	13:00	13:00	13:00	13:00	13:00	-	
13:00	13:00	13:00	13:00	13:00	13:00	-	13:40	13:40	13:40	13:40	13:40	13:40	13:40	-	
13:40	13:40	13:40	13:40	13:40	13:40	-	14:20	14:20	14:20	14:20	14:20	14:20	14:20	-	
14:20	14:20	14:20	14:20	14:20	14:20	-	15:00	15:00	15:00	15:00	15:00	15:00	15:00	-	
15:00	15:00	15:00	15:00	15:00	15:00	-	15:40	15:40	15:40	15:40	15:40	15:40	15:40	-	
15:40	15:40	15:40	15:40	15:40	15:40	-	16:20	16:20	16:20	16:20	16:20	16:20	16:20	-	
16:20	16:20	16:20	16:20	16:20	16:20	-	17:00	17:00	17:00	17:00	17:00	17:00	17:00	-	
17:30	17:30	17:30	17:30	17:30	17:30	-	18:20	18:20	18:20	18:20	18:20	18:20	18:20	-	
18:20	18:20	18:20	18:20	18:20	18:20	-	19:00	19:00	19:00	19:00	19:00	19:00	19:00	-	

Início | Voltar | Encerrar
« voltar ao topo »

Figura 5.7: Rede criada a partir das linhas oficiais de transporte interurbano fornecidas pela AGERBA

montante das populações sofre uma interferência externa ao modelo matemático, as populações sofrem migração. Essa alteração no fluxo normal da evolução epidêmica se deve à consideração da importância do transporte rodoviário no processo epidêmico. O objetivo central proposto neste trabalho é demonstrar as diferenças existentes nas simulações epidêmicas de um município quando a migração de indivíduos é considerada. Vale ressaltar que para observar tal fenômeno foi preciso ampliar o ambiente estudado, as observações feitas em um município deram lugar a mensurações em âmbito estadual, englobando, portanto, outras variáveis e dando margem à perturbações devido ao ajuste de novas variáveis.

A migração da população entre duas cidades é definida pela frequência f de linhas de transporte existentes entre elas. Para definir a taxa de migração semanal T_s é feito um cálculo baseado no número médio N_p de passageiros em um ônibus, logo $T_s = f \cdot N_p$. Dessa forma, sabe-se que dadas duas cidades, C_a e C_b , onde a migração semanal é 100 haverá a passagem de 100 indivíduos de C_a para C_b e 100 indivíduos de C_b para C_a .

No entanto, sabe-se que cada indivíduo movido entre as cidades pertence a um dos quatro componentes da população desse município (i.e. H_s, H_e, H_i, H_r). Dessa forma, cada componente compreende um percentual de indivíduos definido pelo número de indivíduos da componente dividido pelo total da população, sendo assim uma faixa a qual este indivíduo pertence. Desse modo, entre 0 e H_s/H estão delimitados os indivíduos suscetíveis; entre H_s/H e $(H_e+H_s)/H$, os indivíduos expostos; entre $(H_e+H_s)/H$ e $(H_e+H_s+H_i)/H$,

os indivíduos infectados; e finalmente entre $(H_e+H_s+H_i)/H$ e 1, os indivíduos recuperados. Sendo assim, a escolha da componente que terá seu montante reduzido é definida pela probabilidade, p , do indivíduo sorteado pertencer a essa parte da população. Logo, sorteando-se um número aleatório entre 0 e 1 verifica-se a qual faixa da população este número corresponde, o montante dessa faixa é reduzido em 1 unidade em C_a e aumentado em C_b , o que é repetido para cada indivíduo migrado.

Observa-se, portanto, que apesar da existência de 100 indivíduos a serem migrados entre dois municípios quaisquer o sorteio aleatório permite que o número total de indivíduos migrados, de cada componente, varie. Sendo assim a migração pode modificar um dos componentes da população, logo o total. No exemplo citado acima, sendo 5 o número hipotético de indivíduos infectados de C_a para C_b e não há garantia de que haverá a migração da mesma quantidade de indivíduos infectados de C_b para C_a .

5.4 Ciclos de Execução

O modelo proposto possui duas grandes etapas de execução que são intercaladas adequadamente com o objetivo de gerar, a partir de simulações, uma série temporal com as informações sobre as todas componentes da população de humanos e da população de vetores para cada município. Esses valores são utilizados para gerar os gráficos que descrevem um município no que diz respeito ao quadro de infecção deste. A análise e discussão dos valores encontrados nas simulações é feita na Capítulos 6.

As etapas de execução foram divididas de acordo com os recursos utilizados para as simulações (i.e. modelo matemático de Pinho, visto na Seção 5.1, e os dados das linhas de transporte da AGERBA, apresentados nas sessões 5.2 e 5.3).

Primeiramente foram avaliadas as constantes encontradas no sistema de equações proposto por Pinho que, em seu trabalho (PINHO et al., 2010), utilizava valores descritos em unidades por dia. Esse sistema de equações é resolvido no modelo computacional com o uso do método Runge-Kutta, veja (ATKINSON; HAN; STEWART, 2011), que define iterações sequenciais sobre o sistema uma vez definidos os valores iniciais das variáveis.

Cada iteração do método é considerada um dia e tem os valores das variáveis armazenados para posterior análise. Este procedimento é chamado de ciclo interno de execução, ou execução local, que, segundo Pinho, é suficiente para simular uma epidemia de Dengue em um município.

Este trabalho propõe, como objetivo principal, que a migração de pessoas entre os municípios de um estado possui uma considerável implicação no quadro geral de uma epide-

mia de Dengue no estado. A avaliação desta hipótese exigiu a montagem de uma rede, descrita na Seção 5.3, a partir das linhas de transporte rodoviário intermunicipal da Bahia.

Esta rede é utilizada na segunda etapa de execução do modelo proposto. Esta etapa, chamada de ciclo externo de execução ou execução global, é regida por um algoritmo de migração, apresentado na Seção 5.3.3, desenvolvido para efetuar a de troca de indivíduos entre os municípios. Este procedimento é efetuado a cada 7 execuções do ciclo interno, uma vez que os dados retirados do site da AGERBA geram valores semanais para as linha de transporte.

Os indivíduos que migram de uma cidade para outra são selecionados de forma aleatória pelo algoritmo e podem estar em qualquer etapa da infecção, o que implica na atualização das componentes da população humana, porém não provoca alteração no número total de indivíduos dos município envolvidos na troca.

Os valores das componentes de cada população são armazenados a cada ciclo interno ou externo e dessa forma a série temporal é montada com os dados da epidemia do estado com um todo.

A união desses dois ciclos de execução completa a lógica utilizada para aplicar o efeito de migração no modelo matemático de Pinho e os resultados obtidos com a intervenção são discutidos no Capítulo 6.

5.5 O Modelo computacional segundo o protocolo ODD

O modelo proposto nesse trabalho é organizado e apresentado nesta Seção de acordo com o protocolo ODD (do inglês Overview, Design concepts, and Details) proposto por GRIMM em (GRIMM et al., 2006). Esse protocolo é amplamente utilizado para a descrição e documentação de modelos sociais baseados em indivíduos e agentes, portanto é adequado ao modelo proposto neste trabalho. Foi levado em consideração, também, as atualizações feitas posteriormente no protocolo que são descritas em (GRIMM et al., 2010).

5.5.1 Visão Geral

- **Propósito:** Demonstrar o efeito causado pela migração de indivíduos entre municípios durante uma epidemia. Foi analisada uma epidemia de Dengue, simulada a partir do modelo matemático de (PINHO et al., 2010), no estado da Bahia.
- **Entidades, Variáveis e Escalas:** As variáveis do modelo se dividem em dois

grandes grupos, as variáveis de controle epidêmico local, melhor descritas na Seção 5.2 e variáveis de controle epidêmico globais, apresentadas na Seção 5.1.

- **Processo geral e comportamento:** O processo geral é composto por dois ciclos de execução. No primeiro ciclo, que pode ser chamado de ciclo local cada município sofre atualização nas componentes e no total da população (i.e. o percentual de indivíduos suscetíveis, expostos, infecciosos e total é alterado segundo o modelo matemático descrito na Seção 5.1). No segundo ciclo de execução, ou execução global, o algoritmo de migração é aplicado ao modelo para que ocorra a troca de indivíduos entre os municípios, o que ocasiona nova atualização das componentes, porém não provoca alteração no número total de indivíduos de cada município. Estes ciclos são melhores descritos na Seção 6.

5.5.2 *Conceitos de design*

Além do comportamento individual e coletivo descritos nos ciclos de execução é válido detalhar as definições do espaço e do tempo considerados no modelo uma vez que os conceitos de Objetivos e Adaptação propostos pelo protocolo ODD não se mostraram necessários.

No trabalho de (PINHO et al., 2010) as constantes apresentadas utilizam unidades de medidas diárias (e.g. taxa de mortalidade de mosquitos em fase aquática μ_a , taxa de transição da fase aquática para fêmeas adultas γ_m e período de incubação do vírus no mosquito θ_m), portanto a resolução o sistema de equações, feita através do algoritmo Runge-Kutta, considera cada iteração como um dia.

Por outro lado, as informações retiradas do site da AGERBA sobre a frequência diária das linhas de transporte foram contabilizadas semanalmente. Uma vez que o período de incubação do vírus varia, segundo (POMBO, 2009), entre 5 e 12 dias em humanos a migração de indivíduos entre os municípios ocorre a cada 7 dias para que a permanência de um indivíduo em estado de infecção exposto ou infectado tenha maior efeito na população (i.e. maior chance de infectar outros indivíduos).

A utilização de dados de migração de indivíduos por dia foi descartada em detrimento da utilização dos dados de migração semanal, uma vez que as simulações com as duas frequências se distancia do objetivo principal deste trabalho. Cada município apresentado no modelo representa um município real do estado da Bahia. Portanto, o modelo não considera a migração de indivíduos externos ao estado ou outros aspectos que interfiram na dinâmica da epidemia além dos listados nas sessões 5.1 e 6.

5.5.3 Valores iniciais das variáveis

As variáveis do modelo foram divididas em três grupos. Para cada um deles foram definidos valores iniciais com base em uma fonte de informação. O primeiro grupo utiliza valores indicados por (PINHO et al., 2010) como sendo adequados para gerar resultados semelhantes aos de epidemias reais no estado da Bahia. Estes valores são exibidos na lista abaixo:

- δ (**S**): Taxa de ovoposição média. Valor inicial 6.98 por dia.
- μ_m (**Mm**): Taxa de mortalidade de mosquitos adultos. Valor inicial 0.0302 por dia.
- μ_a (**Ma**): Taxa de mortalidade média entre mosquitos em fase aquática. Valor inicial 0.068 por dia.
- γ_m (**Ym**): Taxa de transição do mosquito em fase aquática para fase adulta. Valor inicial 0.1 por dia.
- θ_m (**Om**): Taxa de incubação extrínseca. Valor inicial 0.0957 por dia.
- α_h (**Xh**): Taxa de recuperação humana. Valor inicial 0.125 por dia.
- μ_h (**Mh**): Taxa de mortalidade humana. Valor inicial 0.00001 por ano.
- θ_h (**Oh**): Taxa de incubação intrínseca. Valor inicial 0.17 por dia.
- k (**k**): Fração de mosquitos fêmeas encontrados em todos os ovos. Valor inicial 0.9;
- C (**Cc**): Criadouros de mosquito. Pode ser definido como qualquer Valor inicial 500.
- b (**b**): Média de picadas por mosquitos. Valor inicial 0.09 por dia.
- β_m (**Bm**): Taxa de contato efetivo entre humanos e mosquitos. Valor inicial 0.75.
- β_h (**Bh**): Taxa de contato efetivo entre humanos e mosquitos. Valor inicial 0.75.
- c_a (**ca**): Taxa de controle epidêmico (mortalidade extra para mosquitos em fase aquática). Valor inicial 0.
- c_m (**cm**): Taxa de controle epidêmico (mortalidade extra para mosquitos em fase adulta). Valor inicial 0.

Para os valores iniciais do segundo grupo de variáveis foram utilizados dados reais, extraídos dos resultados do CENSO de 2010 disponível no site do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE, 2011). Esses valores são exclusivos de cada município, veja a lista abaixo.

- A (**A**): Mosquitos em fase aquática. Valor inicial de 10% da população total de mosquitos.
- M_s (**Ms**): Mosquitos suscetíveis. Valor inicial de 30% da população do município.
- M_e (**Me**): Mosquitos expostos. Valor inicial 0.
- M_i (**Mi**): Mosquitos infectados. Valor inicial de 0.3% da população total de mosquitos.
- H_s (**Hs**): Humanos suscetíveis. Total de indivíduos no município.
- H_e (**He**): Humanos expostos. Valor inicial 0.
- H_i (**Hi**): Humanos infectados. Valor inicial 0.

Por fim, a indicação dos municípios que possuem mosquitos infectados inicialmente foi feita com valores julgados adequados para os resultados desejados, foi escolhido o município de Salvador para dar início à disseminação epidêmica no Estado. Estes valores não são arbitrários, a interface do software (Figura 5.10) possibilita a definição de uma lista de municípios que estarão infectados no início das simulações, os que não colocados nesta lista terão a variável M_i iniciadas com 0, e nesse caso só serão infectados a partir da chegada de indivíduos, oriundos da migração, portadores do vírus.

5.6 O Modelo computacional

O fluxograma apresentado na Figura 5.8 representa os componente do sistema. Nele é ilustrada, de maneira geral, como as informações discutidas neste capítulo são utilizadas como dados necessários ao funcionamento do software. Em princípio são lidos os dados dos municípios (i.e. Latitude, Longitude, Nome e População, Lista de arestas entre municípios e o peso de cada aresta) que serão utilizados para a montagem da rede utilizada pelo software.

Em seguida são lidos os dados da interface gráfica (i.e. População Base, Número de municípios, Tamanho do passo, quantidade de iterações, Lista de municípios infectados e as componentes da população de mosquitos) com os quais são fornecidos os valores iniciais das variáveis necessárias ao controle da execução. Por fim o modelo processa os ciclos de execução e gera dados, em série temporal, que serão utilizados para análise.

Para executar segundo o diagrama apresentado na Figura 5.8 o modelo conta com três classes principais: Process, World e MainWindow. A comunicação e disposição hierárquica dessas classes podem ser vistas na Figura 5.9 e a função exercida por elas compõe o

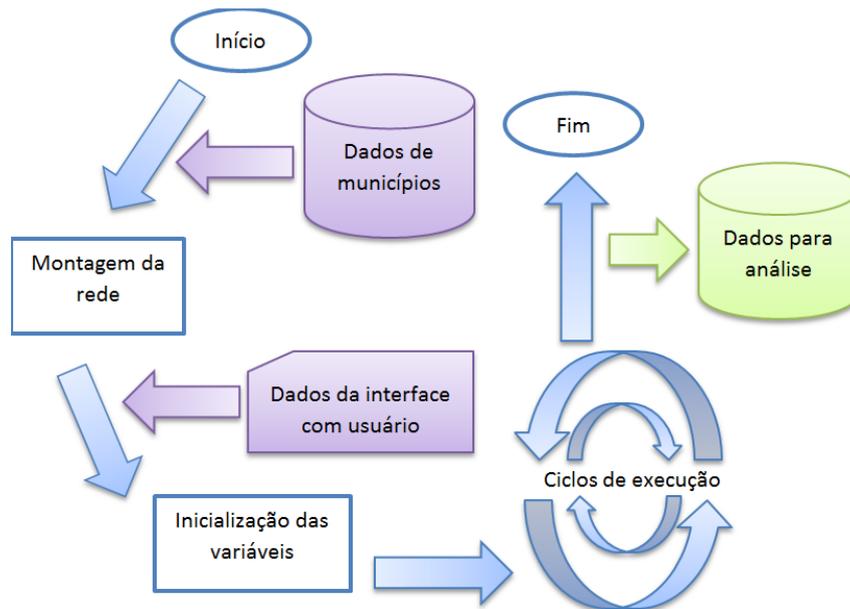


Figura 5.8: Fluxograma de execução do modelo

modelo enquanto software. A classe *Process* configura o ambiente geral da simulação, nela são armazenadas informações gerais utilizadas pelo modelo matemático (e.g. taxa de ovoposição intrínseca, taxas de mortalidade de mosquitos na fase aquática, taxa per capita da emergência da população aquática para fêmeas adultas, entre outros) que serão comuns a todos os municípios. Além desses dados, são definidos nessa classe as funções responsáveis por carregar os dados da rede utilizada (i.e. `loadVerticesFile`, `loadEdgesFile` e `loadComponents`) e funções responsáveis pela execução da simulação e armazenamento dos resultados (i.e. `startingWorlds`, `startSimulation`, `createWorldElements`, `runge4`).

A classe *World* representa o componente “mundo” do sistema e representa um ambiente para a simulação, o que neste trabalho, se trata de um município. Nela são armazenados dados específicos sobre cada município, tais como as populações de Mosquitos, de Humanos e suas componentes. Esta classe é responsável, também, por manter e atualizar as variáveis de cada mundo (i.e. município) durante a execução.

A classe *MainWindows* é a interface com o usuário do sistema. É esta classe que converte toda informação construída durante a execução em representação gráfica, permitindo dessa forma, que todo processo de infecção possa ser acompanhado pelo usuário. A Figura 5.10 apresenta a tela inicial do *software* desenvolvido. Nela pode ser vistos os municípios, representados por um quadrado, as linhas de transporte que os ligam e os campos para definição dos parâmetros. Os municípios aparecem inicialmente em azul (i.e. estão livres de infecção). Com o início da infecção o município aumenta seu tamanho e sofre variação na cor. Acima de 1 infectado ele se torna vermelho escuro, a partir daí, ganha um tom mais claro.

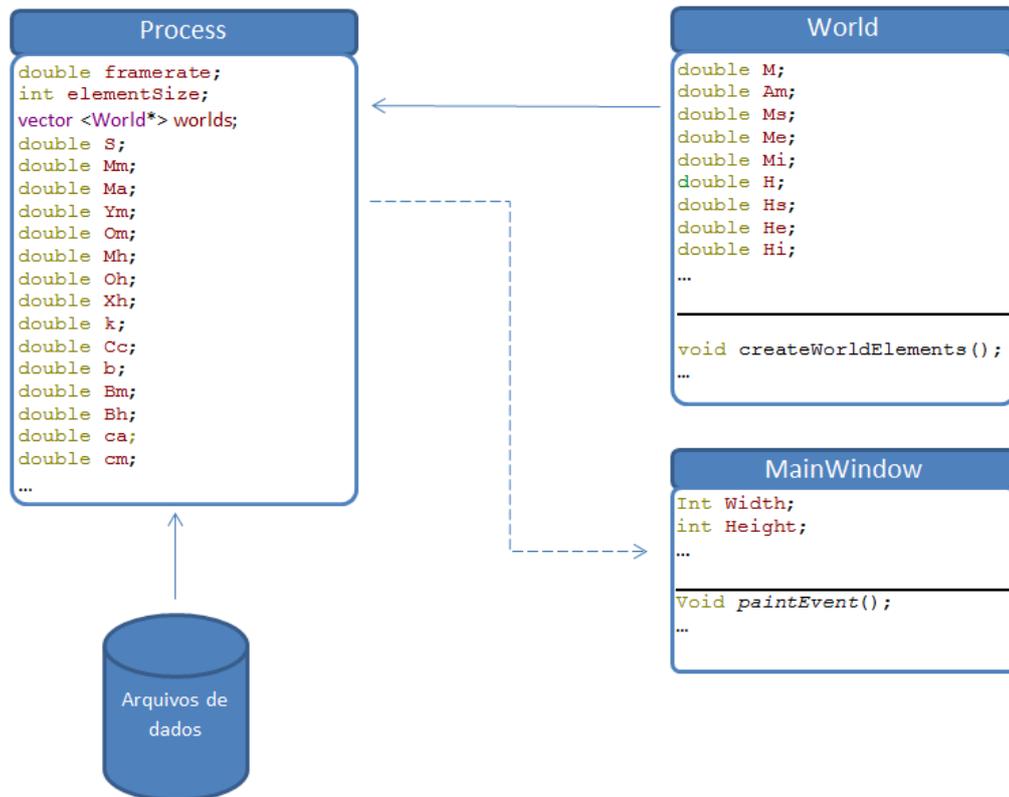


Figura 5.9: Diagrama de componente do modelo computacional desenvolvido

Durante a utilização do software o usuário pode definir três parâmetros de controle de execução, além dos valores entomológicos definidos na Seção 5.5.3. O primeiro, definido no campo “Municípios inicialmente infectados”, pode receber o índice de um ou mais municípios que irão conter a cota de mosquitos inicialmente infectados. O Segundo parâmetro, campo “Semente (rand3)”, define qual a semente inicial do algoritmo para seleção de números aleatórios, a partir desta o valor acrescido de 1 a cada nova simulação. O terceiro parâmetro, campo Número de simulações, define quantas vezes o modelo será executado.

O resultado das simulações são armazenados em dois arquivos do tipo valores separados por vírgula, ou arquivo CSV (do inglês, *comma-separated values*). Enquanto um arquivo (i.e. result.csv) armazena a série temporal (i.e. número de indivíduos infectados por dia, para cada município) de uma ou mais simulações o outro arquivo (i.e. average-Result) armazena o valor médio para cada dia de execução, considerando o número total de simulações.

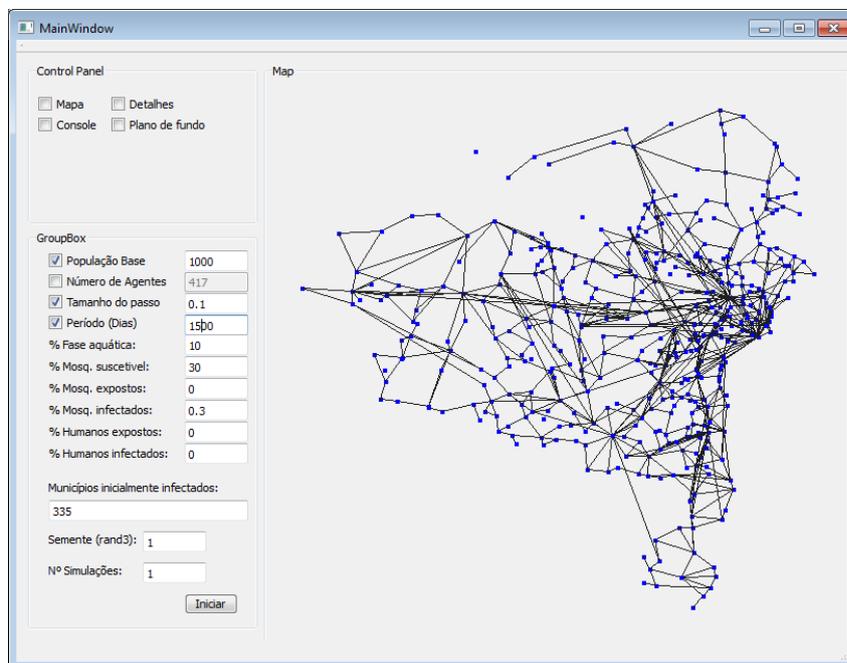


Figura 5.10: Tela do modelo computacional em execução.

Simulações e discussão de resultados

Este capítulo apresenta os resultados das simulações feitas no modelo. Em cada simulação a infecção do município teve início com a infecção de parte da população de mosquitos. Portanto, não há pessoas infectadas inicialmente. A partir das picadas dos mosquitos infectados os indivíduos passam ao estado Exposto (i.e. primeira etapa da infecção indireta) e em seguida ao estado Infectado, podendo assim transmitir o vírus outros vetores que, por sua vez, transmitirão o vírus à outros humanos. Esta sequência de acontecimentos consiste na propagação interna da epidemia (i.e. pessoas infectadas em um município), aqui chama de ciclo interno da infecção ou ciclo interno de execução, em termos de *software* (Seção).

O ciclo interno é repetido 7 vezes seguidas em cada município do modelo. Em seguida, ocorre um sorteio aleatório de indivíduos que irão migrar de um município para o outro. Estes indivíduos podem pertencer à qualquer uma das componentes da população de humanos (Seção 5.1) e a quantidade de indivíduos transferidos depende diretamente da quantidade de linhas entre os municípios (Seção 6). Essa mobilidade de pessoas entre os municípios e chamada aqui de ciclo externos de infecção ou ciclo externo de execução, para o modelo computacional, e ocorre segundo a probabilidade definida na Seção 5.3.3.

Existe, portanto, a chance de que um dos indivíduos infectados e/ou expostos sejam sorteados durante o ciclo externo e, à medida que aumenta o número de infectados dentro do município, aumenta essa chance. Dessa forma, o número de infectados em um outro município deixa de ser zero e, a partir deste ponto, o ciclo interno do município que recebeu o indivíduo infectado/exposto passa a surtir efeito (i.e. existe a chance ocorrer transmissão e espalhamento do vírus na população de mosquitos e, por fim, a infecção de outras pessoas).

A propagação ocorre dessa forma até atingir uma quantidade máxima de pessoas em cada cidade, e então, passa a retroceder tendendo o número de infectados à zero. Este “picos” de infecção ocorrem um determinado número de cidades e em momentos diferentes para cada uma delas. Essa dinâmica é regida pelos ciclos de execução e sorteios aleatórios intrínsecos. Esse conjunto de ações extrapola os resultados gerados pelo modelo de Pinho ao simular epidemias em escala estadual considerando o efeito da movimentação de pessoas entre as cidades (i.e. migração).

As simulações foram feitas com diferentes valores iniciais dos parâmetros, na tentativa de chegar a um ponto no qual fosse iniciada uma epidemia em um município, primeira-

mente, e em seguida em parte considerável do estado. Este ajuste foi necessário pois com um valor muito pequeno de infecção inicial os indivíduos chegam ao estado Recuperado sem que haja um aumento muito grande de casos por dia (i.e. não ocorre epidemia).

Partindo de um pequeno grupo de infectados, foi possível chegar a um conjunto de parâmetros iniciais que provocasse a ocorrência de casos em escala epidêmica. Para executar as simulações foram escolhidos o município de Salvador, como local inicial da infecção, e o município de Barrocas, por possuir 1.000 habitantes, para avaliar os dados das epidemias com e sem o efeito da migração. Os parâmetros utilizados foram definidos na Seção 5.5.3.

As infecções foram provocadas pelo percentual de mosquitos infectados inseridos inicialmente no sistema. Esse parâmetro foi escolhido por conta de duas observações no comportamento do modelo. A primeira é que a população de mosquitos alcança um valor máximo rapidamente (i.e. em torno de 1% do tempo de simulação), portanto é preciso interferir nas variáveis referentes quantidade de indivíduos nesta população (i.e. Mosquitos em fase aquática e em fase aérea). A segunda observação é que os gráficos apresentam menos ruído (i.e. efeito de borda) quando não há indivíduos inicialmente infectados.

Sendo assim, o percentual de mosquitos inicialmente infectados foi gradativamente aumentado para que fosse possível observar o comportamento do sistema segundo as características da curva epidêmica formada. Os valores iniciais utilizados foram aplicados a um único município isolado (i.e. Sem migração), com o número de infectados variando entre 0.1% e 2% da população total mosquitos e semente aleatória não controlada (i.e. semente utilizada pela função de geração de números aleatórios utiliza o horário do computador).

Em seguida a primeira simulação foi repetida, porém, aplicado o efeito de migração (i.e. ciclo externo de execução), o que provocou a propagação da Dengue em outros municípios. Por fim, um dos valores de infecção inicial foi escolhido (i.e. 0.3%) e com ele foram feitas 50 simulações com a semente aleatória diferente para cada simulação.

6.1 Simulação com municípios isolados

Nas primeiras simulações os gráficos se mostram similares, a diferença se resume ao tempo decorrido até o pico da epidemia. Na primeira simulação, iniciada com o parâmetro M_i correspondendo à 0.1% (i.e. 0.1% da população de mosquitos inicialmente infectada), o maior número de humanos infectados ocorreu com 670 dias com 69 indivíduos, com esse valor modificado para 0.3% o pico ocorre com 632 dias após o início. Para o valor de 0.5% encontra-se novamente 69 indivíduos, porém após 571 dias do início.

Mesmo com o crescimento do número de mosquitos inicialmente infectados não houve mudança de comportamento, senão a antecipação da ocorrência do valor máximo da infecção. Para 1%, por exemplo, tal fato ocorre em 498 dias, para 1.5% em 443 dias e para 2.0% em 411 dias, sempre mantendo o valor máximo de 69 pessoas infectadas ao mesmo tempo (Figura 6.1).

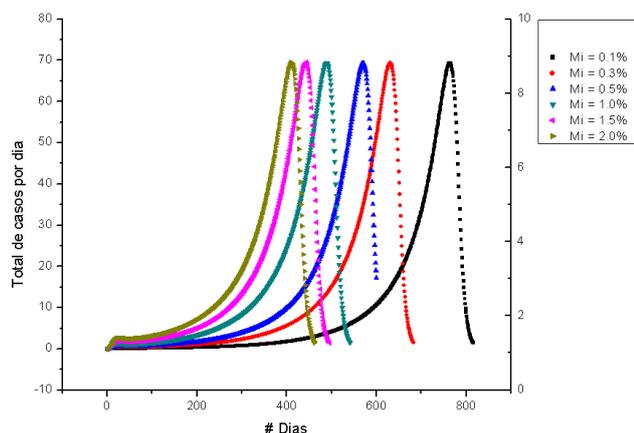


Figura 6.1: Total de indivíduos infectados por dia de simulação em um município isolado.

Simulações com os mesmos valores iniciais foram repetidas para outros municípios (i.e. uma simulação para cada município isolado) e todas apresentaram o mesmo comportamento, uma epidemia que abrangeu 0.07% da população total. Concluí-se portanto que essa quantidade máxima de indivíduos infectados se deve aos valores das constantes utilizadas na execução do modelo matemático.

A análise da contagem de frequência também se mostrou semelhante nas simulações isoladas. Assim como a observação do número de infectados por dia, o município apresentou uma contagem de frequência semelhante em todas as simulações. O resultado da contagem de frequência da simulação com outros municípios foi o mesmo (i.e. gráficos proporcionalmente semelhantes) (Figura 6.2).

Observa-se também que a difusão do vírus no estado é idêntica à do município que foi isolado, uma vez que não ocorre casos da doença em outro município além daquele selecionado para a simulação.

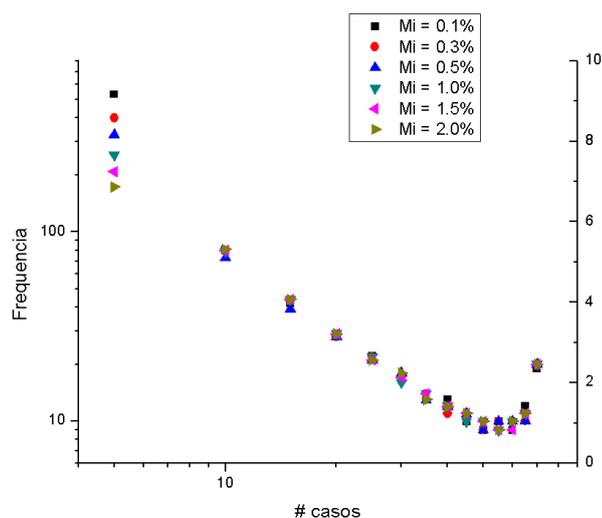


Figura 6.2: Contagem de frequência de incidência em um município isolado.

6.2 Simulação com migração entre municípios

A partir do segundo conjunto de simulação foi introduzido o efeito de migração entre municípios. Os valores iniciais utilizados nesta segunda fase foram os mesmos da primeira, para que as diferenças nos resultados ocorressem unicamente por influência do efeito de migração. Na Figura 6.3 são apresentados os números de indivíduos infectados por dia no município de Barrocas.

Assim como na simulação com o município isolado, a curva epidêmica tem início mais cedo ao passo que o percentual de mosquitos inicialmente infectados é maior. Contudo não há um valor fixo no número total de pessoas infectadas como anteriormente. Esse valor varia de 0.04% da população, alcançado na simulação com $M_i = 2\%$ até 0.2%, resultante da utilização de $M_i = 0.3\%$. O valor total de indivíduos infectados também não apresenta proporção direta com o percentual de infecção inicial (i.e. não cresce nem decresce à medida que ocorre o aumento da quantidade de mosquitos inicialmente infectados).

Nota-se, portanto, que o efeito causado pela migração afeta o comportamento do modelo matemático principalmente no que diz respeito ao total de casos. A variação do número inicial de mosquitos infectados resulta em picos epidêmicos diferentes daqueles ocorridos nos municípios isolados (i.e. picos de 0.07% da população).

Essa mudança no comportamento do modelo pode ser percebida também na contagem de frequência. A partir da Figura 6.4 é possível notar que as simulações não apresentam grande semelhança de resultados dentre os níveis iniciais de infecção, assim como visto na Figura 6.2, que é fruto de simulações em municípios isolados. Estes resultados são

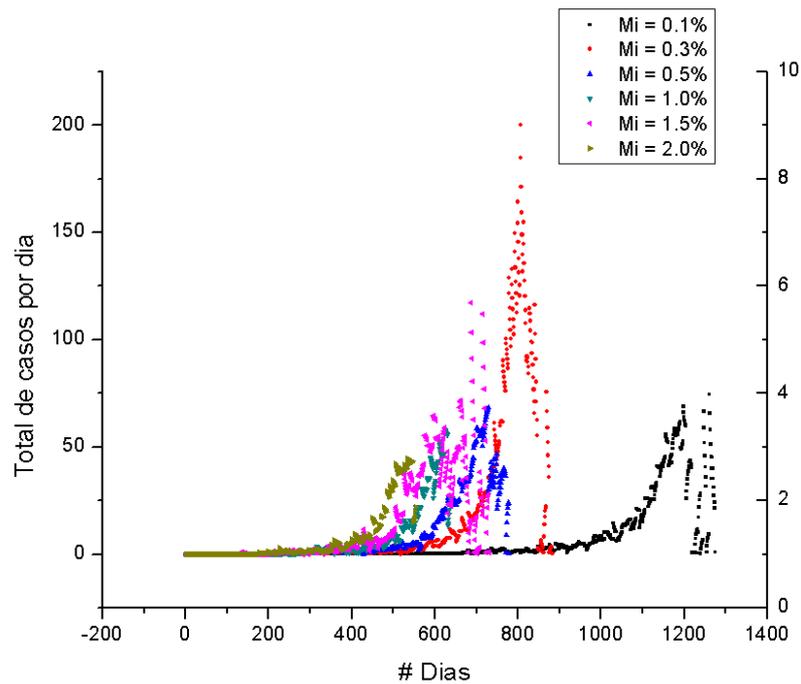


Figura 6.3: Total de indivíduos infectados por dia, em um município, com efeito de migração.

apresentas em planos com escalas distintas por conta da grande variação no número total de indivíduos infectados.

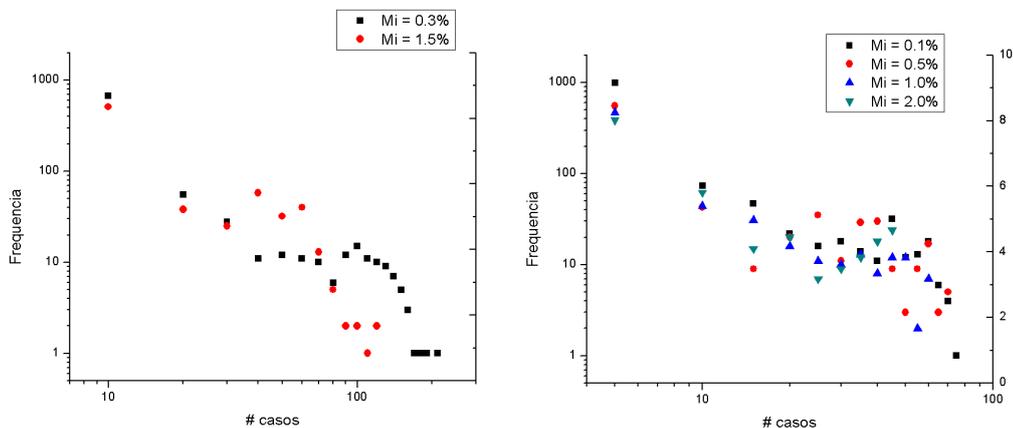


Figura 6.4: Contagem da frequência de incidência em um município, com efeito de migração.

Além das diferenças apresentadas no município de Barrocas, as novas simulações possibilitam analisar o comportamento do estado como um todo, uma vez que diversos municípios são infectados. À medida que o número de mosquitos inicialmente infectados aumenta ocorre a antecipação do pico epidêmico e a redução do número total de indivíduos infectados (Figura 6.5).

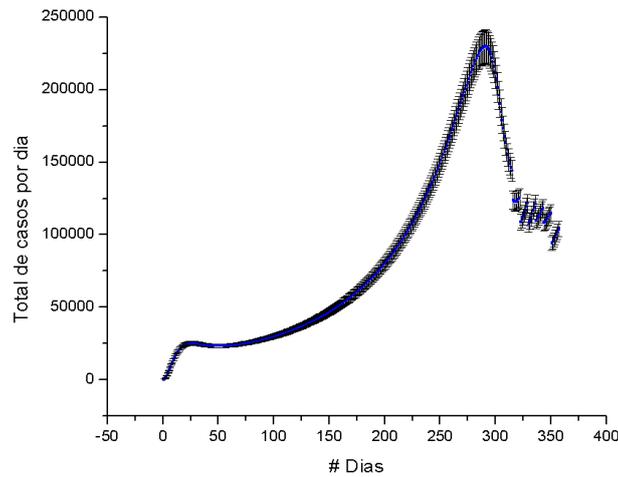


Figura 6.5: Total de indivíduos infectados por dia de simulação no estado, com efeito de migração.

O efeito da migração no estado, visto na contagem de casos no município (Figura 6.5), é melhor percebido ao analisar a contagem de frequência. A partir do gráfico apresentado na A Figura 6.6 nota-se o surgimento de um comportamento emergente (i.e. o estado apresenta um comportamento novo, resultante da combinação dos resultados de cada município).

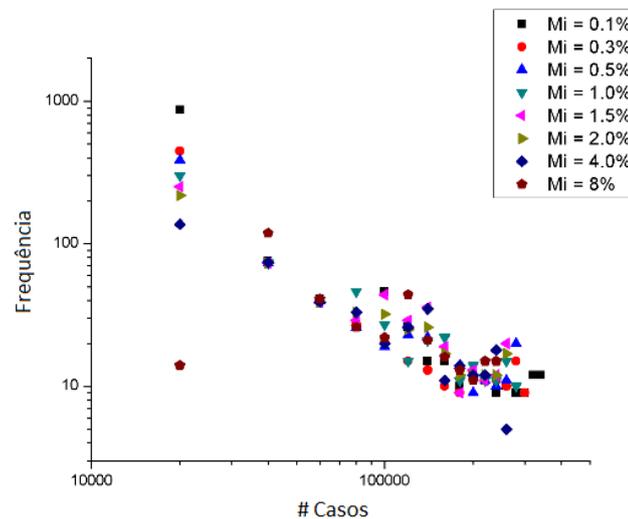


Figura 6.6: Contagem da frequência de incidência no estado, com efeito de migração.

6.3 Outras simulações

Posteriormente foram feitas uma série de simulações para demonstrar a robustez do modelo. Neste novo conjunto de simulações, o modelo foi executado 50 vezes com os mesmos parâmetros das simulações anteriores, porém, com a semente aleatória controlada. Foram utilizadas sementes seqüenciais, incrementadas de 1, na função rand3 (i.e. a primeira simulação utiliza a semente 1, a segunda 2 e assim por diante).

Na Figura 6.7 é apresentada a curva epidêmica média do município de Barrocas. Esses valores resultaram da média diária das 50 simulações feitas. Para tanto, a quantidade de indivíduos infectados de um dia de simulação e armazenada para o cálculo da média (i.e. o valor do dia 1 da simulação 1 é somado ao valor do dia 1 da simulação 2, e assim por diante, por fim a soma é dividida pela quantidade de simulações feitas).

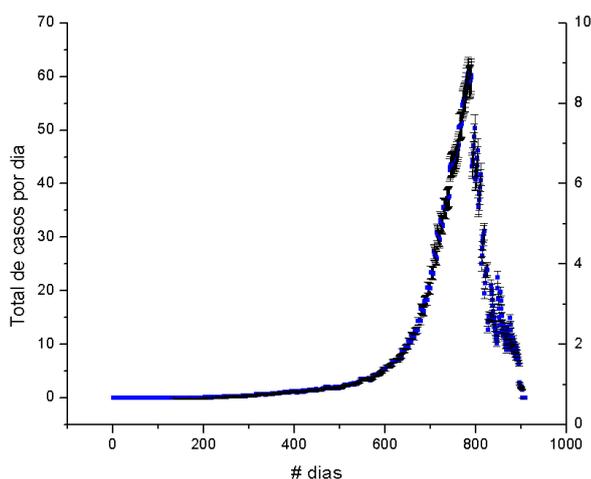


Figura 6.7: Número médio de casos por dia, referente à 50 simulações com migração no município de Barrocas

A Figura 6.8 apresenta a distribuição de frequência de todas as simulações para o município de Barrocas (i.e. frequência geral). Esse gráfico segue o mesmo princípio do gráfico apresentado na Figura 6.4. Porém, neste gráfico são apresentados os resultados das 50 simulações com mesmo índice de infecção inicial (0.3%) e sementes aleatórias seqüenciais enquanto no gráfico anterior os dados são referentes à simulações com índices de infecção inicial distintos (entre 0.1% e 2%).

Em seguida foram calculados os valores médios para o estado como um todo (i.e. a soma do valor médio diário de todos os municípios). É possível perceber, Figura 6.9, o declínio ameno da epidemia no estado como um todo, uma vez que as infecções iniciam em momentos diferentes.

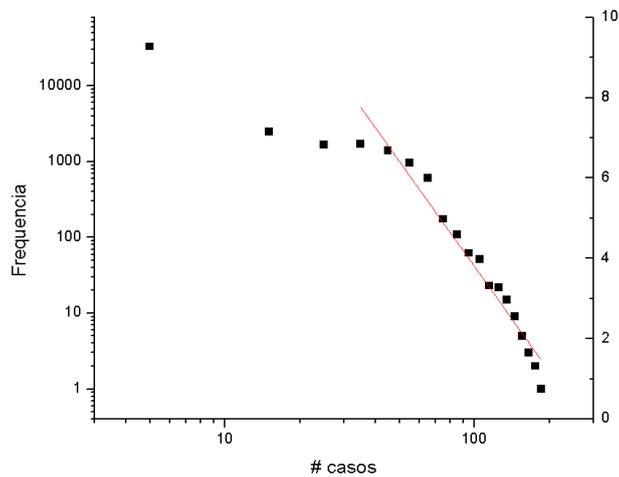


Figura 6.8: Contagem de frequência da média de casos por dia resultante de 50 simulações com migração no município de Barrocas

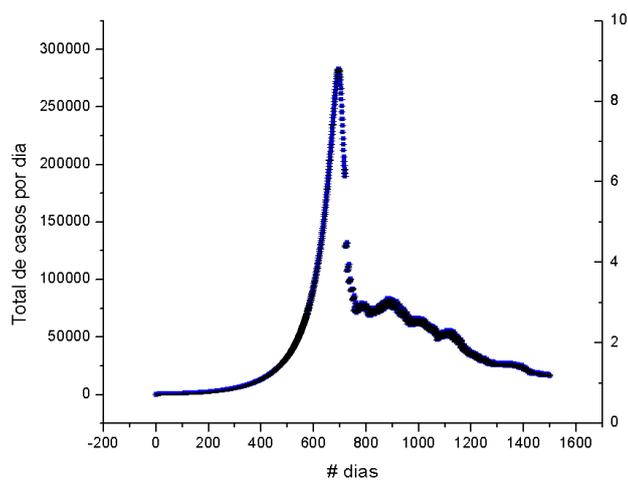


Figura 6.9: Número médio de casos por dia, referente à 50 simulações com migração na Bahia

A Figura 6.10 apresenta a contagem de frequência dos casos diários no estado da Bahia, para todas as 50 simulações. Essa distribuição apresenta um ajuste com inclinação de 1.53.

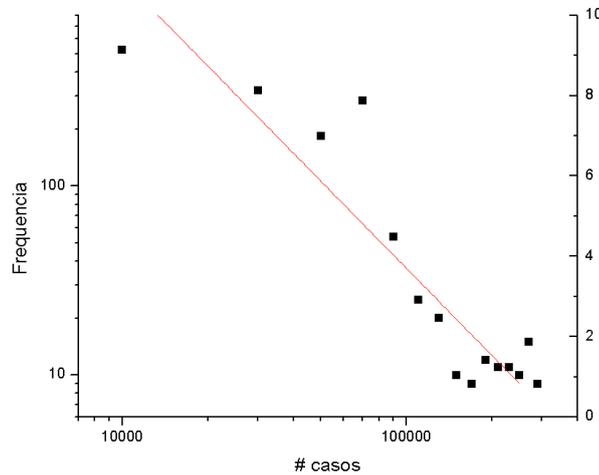


Figura 6.10: Contagem de frequência da média de casos por dia resultante de 50 simulações com migração no estado da Bahia

Na análise dos resultados referentes à Bahia é preciso considerar que as epidemias nos municípios ocorrem em tempos diferentes. A Figura 6.11 apresenta a comparação das curvas epidêmicas de alguns municípios e da Bahia.

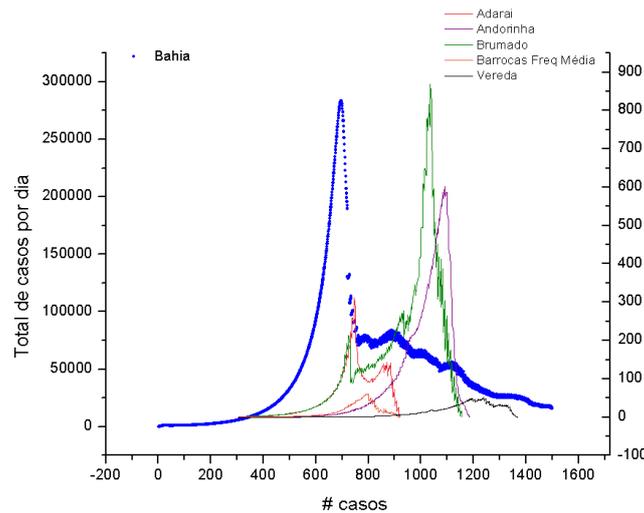


Figura 6.11: Contagem de frequência da média de casos por dia resultante de 50 simulações com migração no estado da Bahia

6.4 Discussão dos resultados

A infecção dos municípios ocorre gradativamente e se espalha através das linhas de transporte atingir um total de 351 municípios ao mesmo tempo. Essa quantidade ocorre em 732 dias após o início da simulação (Figura 6.12).

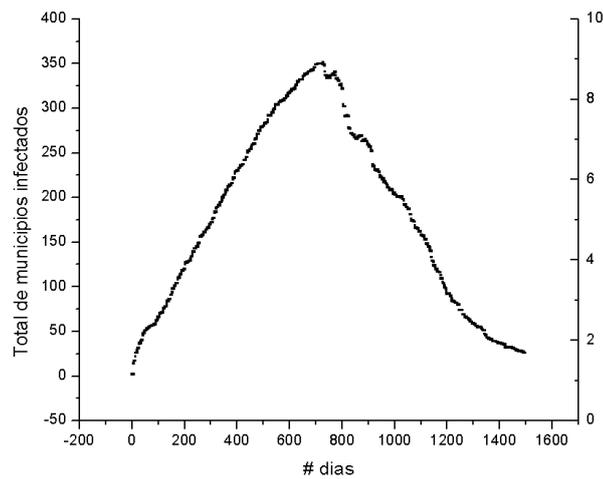


Figura 6.12: Seqüência de telas do simulador durante uma simulação

A partir das simulações feitas é possível afirmar que a migração de indivíduos entre os municípios é um fator modifica consideravelmente o comportamento do modelo matemático. Essa alteração aproxima os resultados gerados de resultados provenientes de dados reais. O gráfico de freqüência de casos ocorridos no município de Camaçari, Bahia, num intervalo de 10 anos, se aproxima do gráfico com dados resultantes de simulações em um período de 1500 dias, 4.1 anos, do mesmo município (Figura 6.13).

Outras análise quantitativas mostram que cada município, o pico epidêmico (i.e. quantidade de dias no qual ocorre o maior número de infectados) ocorre em um tempo distinto.

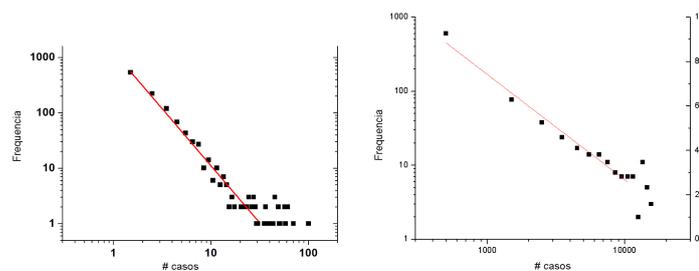


Figura 6.13: Contagem de freqüência da média de casos por dia no município de Camaçari dados reais (à esquerda) e dados de simulação (à direita)

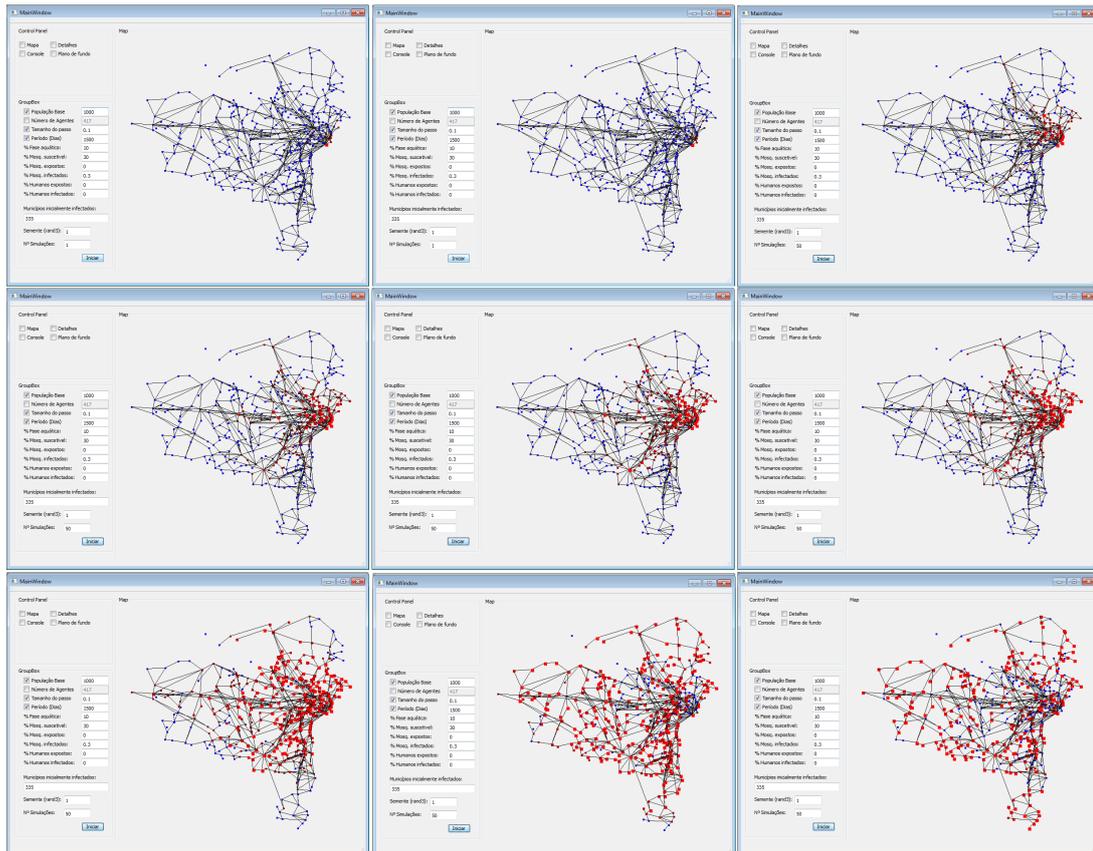


Figura 6.14: Telas do modelo computacional em execução.

Essa número varia 112 dias, no município de Cocos (1.7611 habitantes), até 1021 dias, em Juazeiro (174.567 habitantes).

Por fim, analisando todos os municípios, o valor médio do pico epidêmico é de 616 dias após o início da infecção. A epidemia mais tardia ocorre 1.269 dias após o início da propagação em Salvador, no município de Lajedão (3.409 habitantes). O município de Lajedão fica a 887 Km de Salvador, passando por 5 paradas obrigatórias das linhas de transporte.

A Figura 6.14 mostra uma seqüência de telas do software durante uma simulação. É possível perceber a variação de cor e tamanho à medida que a infecção se propaga.

Considerações finais

As análises dos resultados devem considerar que todas as simulações foram iniciadas a partir de um único município (i.e. Salvador). No entanto, os valores encontrados indicam que dentre diversos fatores reais que influenciam na difusão de Dengue em um município (e.g. saneamento básico, infra-estrutura, campanha de prevenção, entre outros) o fluxo de indivíduos é muito importante em uma escala maior.

Diante da validação da hipótese inicial desse trabalho (i.e. a influência do transporte interurbano e da migração de indivíduos entre municípios) é possível explorá-lo de forma a extrair informações que sejam úteis à estudos de áreas afins.

Algumas das possibilidades cogitadas, porém não exploradas neste trabalho, são: distribuição espacial da epidemia, classificação das linhas de transmissão segundo o potencial de transmissão, classificação dos municípios segundo seu potencial de difusão, entre outros.

Referências Bibliográficas

AGERBA. *Estrutura de Pólos Regionais*. Outubro 2011a. <http://www.agerba.ba.gov.br/estruturapolosregionais.htm>.

AGERBA. *Localidades atendidas por linhas*. Outubro 2011b. http://www.agerba.ba.gov.br/transporte/localidade_linha.asp.

ANDERSON, R. M.; MAY, R. M. *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*. New York: Oxford University Press, 1991.

ATKINSON, K.; HAN, W.; STEWART, D. E. *Numerical Solution of Ordinary Differential Equations*. Hoboken, New Jersey: John Wiley and Sons, 2011.

BARABÁSI, A.-L.; ALBERT, R. Emergence of scaling in random networks. *Science*, v. 286, n. 5439, p. 509–512, 1999.

BRAUN, P.; ROSSAK, W. *Mobile agents: basic concepts, mobility models, and the Tracy toolkit*. [S.l.]: Edgard Blücher, 2005.

CHESS, D. et al. Ieee personal communications. *IEEE Transactions on Software Engineering*, v. 2, n. 5, 1995.

DIBO, M. R.; CHIEROTTI, A. P.; FERRARI, M. S.; MENDONÇA, A. L.; NETO, F. C. Study of the relationship between aedes (stegomyia) aegypti egg and adult densities, dengue fever and climate in mirassol, state of são paulo, brazil. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, v. 103, n. 6, 2008.

ECKEL, B. *Thinking in C++ 2nd edition*. Englewood Cliffs, New Jersey: Prentice Hall, 1998.

FOCKS, D. A.; HAILE, D. G.; DANIELS, E.; MOUNT, G. A. Dynamic life table model for aedes aegypti (diptera: Culicidae): analysis of the literature and model development. *J Med Entomol*, v. 30, n. 6, p. 1003–1017, 1993.

FUGGETTA, A.; PICCO, G.; VIGNA, G. Understanding code mobility. *IEEE Transactions on Software Engineering*, v. 24, n. 24, p. 342–361, 1998.

GENCO, A. *Mobile agents: principles of operation and applications*. [S.l.]: WIT Press, 2008.

GEORGOULIS, E. H.; ISKE, A.; LEVESLEY, J. *Approximation Algorithms for Complex Systems*. Ambleside, UK: Springer, 2009.

- GIROUX, S.; MARCENAC, P.; CALDERONI, S.; GROSSER, D.; GRASSO, J. R. *A Report of a Case Study with Agents in Simulation*. London, UK: Practical Application Company, 1996.
- GRIMM, V. et al. A standard protocol for describing individual-based and agent-based models. *Ecological Modelling*, v. 198, p. 115–126, 2006.
- GRIMM, V. et al. The odd protocol: A review and first update. *Ecological Modelling*, v. 221, p. 2760–2768, 2010.
- HENNING, M.; VINOSKI, S. *Advanced CORBA Programming with C++*. Cidade: Addison-Wesley Professional, 1999.
- IBGE. *Estrutura de Pólos Regionais*. Outubro 2011. <http://www.ibge.gov.br/censo2010/index.php>.
- KEELING, M. J.; PEJMAN, R. *Modeling Infectious Diseases*. Princeton, New Jersey: Princeton University Press, 2008.
- MARCENAC, P. Modeling multiagent systems as self-organized critical systems. In: *Thirty-First Annual Hawaii International Conference on System Sciences*. Kohala Coast, Hawaii, USA: [s.n.], 1998. v. 31, p. 86–95.
- PINHO, S. T. R. et al. Modelling the dynamics of dengue real epidemics. *Royal Society A*, v. 278, n. 368, p. 5679–5693, 2010.
- POMBO, O. Interdisciplinaridade e integração dos saberes. *Liinc em Revista*, v. 1, n. 1, p. 3–15, 2005.
- POMBO, O. Assessing the effects of temperature on dengue transmission. *Yang, H. M. and Macoris, M. L. G. and Galvani, K. C. and Andrighetti, M. T. M. and Wanderley, D. M.*, v. 137, n. 137, p. 1179–1187, 2009.
- UTO, N. *Segurança de Sistemas de Agentes Móveis*. Dissertação (Dissertação) — Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Computação, Campinas, SP, 2003.
- VARENNE, F. Models and simulations in the historical emergence of the science of complexity. In: *M.A. Aziz-Alaoui and C. Bertelle (eds), From System Complexity to Emergent Properties*. Berlin, Springer: [s.n.], 2009. p. 3–21.
- WATTS, D. J. *Six Degrees: The Science of a Connected Age*. New York: W. W. Norton Company, 2003.

Um modelo para o estudo de epidemias: o efeito da migração via transporte rodoviário na Bahia.

Lucas Miranda de Oliveira Moreira

Salvador, Agosto de 2012.