

LETICIA S. RODRIGUES

Simulação baseada em agentes da propagação do vírus da dengue

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à Escola Politécnica da Universidade de São Paulo para obtenção do título de Engenharia da Computação.

São Paulo
2018

LETICIA S. RODRIGUES

Simulação baseada em agentes da propagação do vírus da dengue

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à Escola Politécnica da Universidade de São Paulo para obtenção do título de Engenharia da Computação.

Área de concentração:

Engenharia de Computação

Orientador:

Prof. Dr. Jaime Simão Sichman

São Paulo
2018

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, gostaria de agradecer a Deus pela oportunidade e privilégio de estar encerrando mais um ciclo em minha jornada. Sem Ele nada disso teria sentido.

Agradeço também aos meus pais Iracino e Tânia e aos meus irmãos Alice e Obede por todos os anos de apoio. Foram muitos os desafios vividos em família, logo essa conquista pertence a todos nós.

Agradeço à Escola Politécnica da USP pela excelente formação e a todo corpo docente que fez parte da minha formação como engenheira. Com vários de vocês aprendi lições que ultrapassam os limites técnicos e que levarei para a vida toda.

Em especial, gostaria de agradecer ao meu orientador, professor Jaime Simão Sichman, por todo o tempo dedicado em me auxiliar na elaboração desse projeto. Também ao professor Luiz Fernando Lopez por sua contribuição e auxílio em um domínio que até então não me era familiar.

Por fim, agradeço também ao instituto ISMART, que tem me acompanhado e ajudado por grande parte da minha jornada estudantil. Com vocês conheci e vivi coisas que dificilmente seriam possíveis de outra maneira, consegui ver o mundo com outros olhos e correr atrás dos meus sonhos. Sua contribuição no meu desenvolvimento é de valor inestimável.

RESUMO

Este trabalho tem como objetivo estudar a propagação do vírus da dengue, que vem a ser um dos principais problemas de saúde pública em nosso país. Para tal, utilizou-se a metodologia de simulação baseada em multiagentes (MABS). O modelo de agentes se inspira na ideia de compartimentos, largamente utilizada nos modelos clássicos de epidemiologia. O modelo foi implementado na plataforma GAMA onde pode-se comparar suas saídas com aquelas produzidas pelos modelos clássicos baseados em equações diferenciais ordinárias. Embora adotando algumas hipóteses simplificadoras, o modelo pode servir no futuro como base para o desenvolvimento de modelos mais refinados.

Palavras-chave: Dengue. Modelos epidemiológicos. Simulação baseada em modelos multiagentes. Plataforma GAMA.

ABSTRACT

The present project aims at studying the propagation of dengue virus, which is one of the main public health problems in Brazil. For such, multi-agent-based simulation (MABS) was used. The agents model is inspired by the idea of compartments, broadly used in the classic models of epidemiology. The model was implemented in GAMA platform. Results were compared with the ones produced by the classic model, based in ordinary differential equations. Despite simplifying assumptions, the model can serve as basis for future development of more refined models.

Keywords: Dengue. Epidemiological models. Multi-agent-based simulation. GAMA platform.

LISTA DE FIGURAS

1	Probabilidade de ocorrência da dengue no mundo em 2010	3
2	Compartimentos do modelo SIR	5
3	Sistema ODE da propagação do vírus da dengue	6
4	Exemplo da plataforma GAMA em execução	10
5	Compartimentos representativos do vírus da dengue considerado no modelo	15
6	Exemplo de mapa durante a simulação	19
7	Exemplo de simulação ODE	20
8	Exemplo de simulação ABM	20
9	Resultado da simulação ODE com alta taxa de mosquitos infectados . .	22
10	Média e desvio padrão de 20 simulações com alta taxa de mosquitos infectados	22
11	Resultado da simulação ODE com média taxa de mosquitos infectados	23
12	Média e desvio padrão de 20 simulações com média taxa de mosquitos infectados	23
13	Resultado da simulação ODE com baixa taxa de mosquitos infectados .	25
14	Média e desvio padrão de 20 simulações com baixa taxa de mosquitos infectados	25

LISTA DE TABELAS

1	Parâmetros do modelo e seus significados biológicos	7
2	Parâmetros do modelo, seus significados biológicos e valores	16
3	Variáveis de entrada dos modelos para o agente Humano	21
4	Variáveis de entrada dos modelos para o agente Mosquito	21

LISTA DE ABREVIações

ABM *Agent-based model*

FMUSP Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo

GIS Sistema de Informação Geográfica

MABS *Multi-agente-based simulation*

MAS *Multi-agente systems*

ODE *Ordinary Differential Equations*

OMS Organização Mundial da Saúde

Sinan Sistema de Informação de Agravos de Notificação

SUCEN Superintendência de Controle de Endemias

SUMÁRIO

1	Introdução	1
1.1	Objetivo	1
1.2	Motivação	1
1.3	Justificativa	1
1.4	Organização do trabalho	2
2	Aspectos conceituais	3
2.1	Mosquito <i>Aedes aegypti</i> e vírus da dengue	3
2.2	Modelos epidemiológicos	4
2.3	Modelos de Simulação	7
2.3.1	Macro-simulação	8
2.3.2	Micro-simulação (MABS)	8
3	Tecnologias utilizadas	10
3.1	Plataforma GAMA	10
3.2	R e RStudio	11
4	Metodologia	13
5	Projeto e Implementação	15
5.1	Projeto	15
5.1.1	Modelo Matemático	15
5.1.2	Agentes <i>Mosquito</i>	16
5.1.3	Agentes <i>Humano</i>	17

5.1.4	Ciclo de simulação	18
5.2	Implementação	19
6	Testes e Avaliações	21
6.1	Teste 1: Alta taxa de mosquitos infectados	21
6.2	Teste 2: Média taxa de mosquitos infectados	22
6.3	Teste 3: Baixa taxa de mosquitos infectados	24
7	Conclusões	26
	Referências	27

1 INTRODUÇÃO

1.1 Objetivo

O objetivo principal desse projeto é estudar a propagação do vírus da dengue. Para tal, propõe-se utilizar a metodologia de simulação baseada em multiagentes (MABS)¹.

1.2 Motivação

MABS já foram usados para estudos de propagação de doenças por meio de vetores em algumas regiões do mundo. Em (PHILIPPON et al., 2016), por exemplo, os autores criaram um modulo que busca traçar relações entre a dispersão do vírus da dengue e rotas comerciais na Ásia. Já em (AMOUROUX; DESVAUX; DROGOUL, 2008), detalha-se um outro modelo que encapsula características relevantes do norte do Vietnã para descrever a transmissão do H1N5. Dessa forma, essa abordagem parece adaptada para o estudo da dengue. Embora nem todos os trabalhos tenham como foco esse vírus, eles possuem informações úteis para a criação de um modelo realista.

1.3 Justificativa

A dengue está longe de ser um problema isolado. A OMC estima que 40% da população mundial esteja exposta ao vírus (SINGHI; KISSOON; BANSAL, 2007). No Brasil, o primeiro caso registrado ocorreu em 1923 no Rio de Janeiro (PONTES; RUFFINO-NETTO, 1994) e o número de casos varia de ano a ano em cada região. Em 2017, por exemplo, o número de casos no Estado de São Paulo entre janeiro e agosto foi de 4.044, enquanto que em 2018 o número subiu para 8.979 no mesmo período, segundo dados do Sinan. O aumento vai na contramão de vários outros estados brasileiros, onde a tendência é de queda.

¹Do inglês Multi-Agent-Based Simulation.

Diante desse contexto, governos têm se mobilizado na aplicação de medidas que podem conter a proliferação do vírus, atuando tanto no combate ao mosquito adulto quanto das larvas, assim como na prevenção contra picadas, vacinações e conscientização da população. No entanto, a dificuldade está no fato em que ações de uma região não podem ser simplesmente copiadas em outras. Algumas estratégias usadas na Ásia não seriam aplicáveis na América, ao mesmo tempo que uma mesma ação não teria o mesmo impacto em uma área rural e urbana (PHILIPPON et al., 2016). É portanto imprescindível existência de ferramentas e técnicas que possibilitem estimar o impacto que dada ação terá em um dado ambiente. Nesse contexto, modelos epidemiológicos vem sendo desenvolvidos para auxiliar na compreensão dos mecanismos de propagação e de ressurgimento do vírus, servindo portanto como apoio para tomada de decisão.

No meio acadêmico, estudos visam propiciar ferramentas que atendam as necessidades de especialistas da área. Há dois objetivos principais que são desejados com o uso de modelos. O primeiro é compreender os mecanismos de propagação. O segundo é prever como a doença se comportará no futuro, permitindo inclusive o estudo de impactos de ações de prevenção em um modelo completo. A área de simulação baseadas em multiagentes (MABS) vem oferecendo sistematicamente sua contribuição no domínio, pois pode preencher vários dos requisitos desejados por epidemiologistas.

1.4 Organização do trabalho

Este documento está estruturado em 7 seções. Nesta Seção 1, foi apresentado o contexto do problema e objetivo do trabalho. Os principais aspectos conceituais são mostrados na Seção 2, onde detalham-se informações encontradas nos principais artigos estudados. Na Seção 3, são descritas as tecnologias utilizadas, bem como as principais ferramentas necessárias ao desenvolvimento do trabalho. Em seguida, na Seção 4, descreve-se a metodologia utilizada para a realização do trabalho. O projeto e implementação da ferramenta de simulação são descritos na Seção 5, seguido por uma descrição dos testes realizados e sua avaliação, objeto da Seção 6. Finalmente, na Seção 7 apresentam-se as conclusões do trabalho, bem como uma reflexão sobre os resultados obtidos e proposições de continuação do projeto.

2 ASPECTOS CONCEITUAIS

Conforme explicitado anteriormente, o modelo a ser construído visa representar de maneira simplificada os mecanismos de transmissão do vírus da dengue. Para isso, serão considerados alguns artigos de modelos epidemiológicos já publicados. Esta seção tem como objetivo fazer um levantamento das principais informações pesquisadas e que podem ser úteis ao desenvolvimento deste projeto.

2.1 Mosquito *Aedes aegypti* e vírus da dengue

O vírus da dengue necessita de um vetor biológico para ser transmitido. A doença é considerada tropical, pois sua proliferação é favorecida pelo clima quente e úmido, que são as condições ideais para reprodução do vetor. Ele está presente em diversas regiões do mundo, como África, Ásia e nas Américas. A OMS calcula que cerca de 40% da população mundial está exposta ao vírus, sendo o Brasil um dos países mais afetados (SINGHI; KISSOON; BANSAL, 2007). A probabilidade da ocorrência da doença ao redor do globo encontra-se representada na Figura 1.

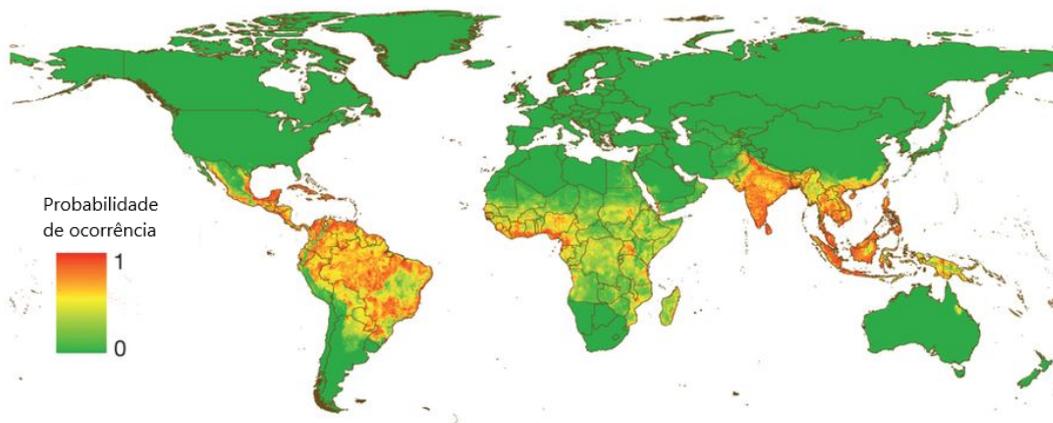


Figura 1 - Probabilidade de ocorrência da dengue no mundo em 2010

Fonte: (BHATT et al., 2013)

O principal vetor da dengue é o mosquito do gênero *Aedes* e a principal espécie envolvida na transmissão no Ocidente é o *Aedes Aegypti*. Sendo bem adaptado principalmente ao ambiente urbano (PONTES; RUFFINO-NETTO, 1994), ele tem um pouco menos de 1cm de comprimento e sua picada não causa reações de dor ou coceira. A

fêmea dessa espécie é a responsável pela transmissão do vírus, dado que o macho não se alimenta de sangue. O mosquito tem o hábito de picar nas primeiras horas da manhã e nas últimas horas da tarde e normalmente não se distancia muito de seu local de nascimento (SILVA; SCOPEL et al., 2008).

O mosquito, por sua vez, é infectado ao picar uma pessoa que possui o vírus. Dessa forma, o vírus não pode ser transmitido entre mosquitos ou entre seres humanos. Os sintomas incluem febre alta, dores de cabeça, dores musculares, entre outros, e podem evoluir para febre hemorrágica e síndrome do choque em casos mais graves, onde o paciente pode inclusive vir a óbito (PHILIPPON et al., 2016).

2.2 Modelos epidemiológicos

Durante os últimos anos, diversos modelos diferentes já foram utilizados a fim de descrever a propagação de doenças e tentar compreender como esses mecanismos funcionam. Nesse contexto, duas questões são recorrentes: como a doença se propaga e como ela reaparece em locais muitas vezes considerados não atingidos, meses após o surto anterior (AMOUROUX; DESVAUX; DROGOUL, 2008).

Cada um desses modelos possui alguma limitação em relação à fidelidade com que é capaz de representar a realidade. Existem modelos que representam o fenômeno em escala global e local.

Os modelos matemáticos clássicos, baseados em compartimentos, são exemplos de modelos de escala global. Esses modelos utilizam a ideia de *compartimentos* que representam os estados dos indivíduos. A mudança entre um compartimento e outro é dado por um sistema de equações diferenciais ordinárias (ODE). Em relação aos compartimentos, os tipos mais comuns e que serão utilizados nesse projeto são suscetível(S), exposto ou latente(E), infectado(I) e recuperado(R).

Indivíduos no estado S não são portadores da doença, mas podem ser infectados. No estado E, eles portam o vírus, mas ainda não o transmitem nem apresentam sintomas. Estes aparecem ao atingir o estado I, onde o indivíduo também pode transmitir a infecção. O estado R significa que ele está curado e imune a uma nova infecção. Uma

série de modelos diferentes são derivados à partir desse conceito, como por exemplo os modelos SIR, SEI, SEIR, SEIRS, entre outros. O fluxo nos compartimentos acontece na ordem em que as letras são apresentados no nome do modelo. Em tais modelos, é possível que um indivíduo fique permanentemente infectado, ou permanentemente imune depois de uma infecção ou mesmo que possa ser infectado mais de uma vez. Dessa forma, diversas doenças podem ser expressas tendo como base estes modelos epidemiológicos baseados em equações.

Para exemplificar, tomemos o modelo SIR. Ele termina no estado recuperado, ou seja, a infecção só é possível uma única vez durante o período de existência. A Figura 2 esquematiza os compartimentos desse modelo.



Figura 2 - Compartimentos do modelo SIR

O sistema ODE que representa esse modelo é o seguinte:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \\ N = S(t) + I(t) + R(t) \end{array} \right. \quad (2.1)$$

Biologicamente, β representa a taxa de transmissão e γ a taxa de recuperação. A transmissão da doença ocorre por meio da interação entre suscetíveis e infectados. Observa-se que nesse modelo apenas uma espécie é considerada.

No caso da dengue, há duas espécies envolvidas e a infecção ocorre apenas entre espécies diferentes. Em (PHILIPPON et al., 2016), os autores consideram o modelo SEIRS para humanos e SEI para o mosquito, enquanto que em (BURATTINI et al., 2008) e (AMAKU et al., 2014) consideram-se os modelos SIR e SEI respectivamente. Como exemplo a Figura 3 apresenta a formulação matemática do sistema ODE, utilizado por (AMAKU et al., 2014) e que também inclui os ovos do mosquito com modelo SI em seu sistema. O significado biológico dos parâmetros utilizados podem ser vistos

na Tabela 1.

$$\begin{aligned} \frac{dS_H}{dt} &= -abI_M \frac{S_H}{N_H} - \mu_H S_H + r_H N_H \left(1 - \frac{N_H}{\kappa_H}\right), \\ \frac{dI_H}{dt} &= abI_M \frac{S_H}{N_H} - (\mu_H + \alpha_H + \gamma_H) I_H, \\ \frac{dR_H}{dt} &= \gamma_H I_H - \mu_H R_H, \\ \frac{dS_M}{dt} &= pc_S(t) S_E - \mu_M S_M - acS_M \frac{I_H}{N_H}, \\ \frac{dL_M}{dt} &= acS_M \frac{I_H}{N_H} - \gamma_M L_M - \mu_M L_M, \\ \frac{dI_M}{dt} &= \gamma_M L_M - \mu_M I_M + pc_S(t) I_E, \\ \frac{dS_E}{dt} &= [r_M S_M + (1 - g)r_M (I_M + L_M)] \left(1 - \frac{(S_E + I_E)}{\kappa_E}\right) - \mu_E S_E - pc_S(t) S_E, \\ \frac{dI_E}{dt} &= [gr_M (I_M + L_M)] \left(1 - \frac{(S_E + I_E)}{\kappa_E}\right) - \mu_E I_E - pc_S(t) I_E, \\ N_H &= S_H + I_H + R_H, \\ N_M &= S_M + L_M + I_M, \\ N_E &= S_E + I_E, \end{aligned}$$

Figura 3 - Sistema ODE da propagação do vírus da dengue

Fonte: (AMAKU et al., 2014)

As variáveis das equações são as densidades das populações em cada um dos estados possíveis. Vale notar que o modelo supõe que os indivíduos estão uniformemente distribuídos.

Também há modelos que descrevem as espécies envolvidas indivíduo por indivíduo, permitindo assim que a heterogeneidade das populações sejam levadas em conta. Em alguns modelos, eles são representados por meio de matrizes onde as colunas representam diferentes características. Outros baseiam-se na definição de agentes e técnicas de micro-simulação. Uma dessas técnicas será detalhada na sessão 2.3.2.

Além do desafio de criar modelos que sejam simplificações da realidade e ao mesmo tempo capazes de representá-la, outros problemas precisam ser considera-

Parâmetro	Significado
a	Taxa média de picada por dia
b	Frações de picadas infecciosas
μ_H	Taxa de mortalidade natural humana
r_H	Taxa de natalidade humana
κ_H	Capacidade de carga humana
α_H	Taxa de mortalidade por dengue em humanos
γ_H	Taxa de recuperação humana
p	Taxa de eclosão de ovos suscetíveis
γ_M	Taxa de latência dos mosquitos
μ_M	Taxa de mortalidade natural nos mosquitos
r_M	Taxa de oviposição
g	Proporção de ovos infectados
κ_E	Capacidade de carga dos ovos
μ_E	Taxa de mortalidade natural dos ovos
c	Susceptibilidade à dengue do mosquito <i>Aedes aegypti</i>
c_s	Fator climático

Fonte: (AMAKU et al., 2014)

Tabela 1 - Parâmetros do modelo e seus significados biológicos

dos. O primeiro é em relação aos dados necessários para calibrá-los. Os autores de (PHILIPPON et al., 2016) expõem esse problema. A maior parte dos países onde a dengue é um problema de saúde pública não são países desenvolvidos, sendo que uma porcentagem significativa de suas populações vive em áreas rurais, sem acesso a hospitais. Assim sendo, muitos casos não são notificados nem registrados. Em (AMOUREUX; DESVAUX; DROGOUL, 2008), outra questão levantada é sobre como validar os modelos. Os dois autores optaram por uma consulta a um especialista na área de epidemiologia. Esse profissional pode validar se as interações entre os agentes e resultados de simulações são condizentes com a realidade. Esse assunto também será tratado na sessão 2.3.2.

2.3 Modelos de Simulação

Dentro do domínio da epidemiologia, dois modelos de simulação foram identificados nas leituras: macro e micro-simulação. Cada um deles possui características próprias e serão detalhados nos itens a seguir.

2.3.1 Macro-simulação

Macro-simulações têm como característica a representação da estrutura de um sistema em seu nível global. Esses modelos geralmente são descritos por meio de equações matemáticas e, dessa forma, seu resultado é determinístico.

A consequência imediata disso é que características dos indivíduos e de suas interações não são consideradas. Temos portanto uma visão geral do que ocorre no sistema.

Os modelos matemáticos clássicos determinísticos vistos na Seção 2.2 se inserem dentro desta classe de modelos. Como todo o sistema é representado por um sistema de equações, fatores como a localização dos indivíduos e informações como idade, sexo, entre outros, não podem ser manipuladas. Segundo (PHILIPPON et al., 2016), isso é algo a se manter em mente ao utilizar tais modelos, já que essas características são relevantes para algumas doenças.

Ainda assim, representar o sistema apenas em seu nível macro possui suas vantagens. Esses simulações geralmente são mais simples que as micro-simulações, e como são determinísticas só precisam ser realizadas uma única vez. Em (BURATTINI et al., 2008) o modelo clássico, baseado em macro-simulação, foi utilizado no estudo de condições para uma epidemia de dengue, contextualizado em Singapura. o trabalho concluiu que não é necessário extinguir os vetores para impedir tal fenômeno.

2.3.2 Micro-simulação (MABS)

Em contraste com a macro-simulação, na micro-simulação cada indivíduo é representado separadamente. Nosso foco será em um tipo de micro-simulação específico: simulação baseada em multiagentes (MABS) (SICHTMAN, 2015). Tal técnica provem da união de duas áreas de estudo distintas: computação baseada em agentes e simulação computacional.

Um sistema multiagente (MAS)¹ geralmente representa um sistema complexo que possui características como não-linearidade e múltiplos níveis de abstração. Fenô-

¹Do inglês Multi-Agent System.

menos sociais e biológicos são exemplos de sistemas complexos. Um MAS possui agentes que *percebem* um ambiente e *agem* nele. Esses agentes tem níveis de complexidade diversos: de agentes simples, meramente reativos, até agentes deliberativos que possuem algumas capacidades cognitivas.

Em um mesmo modelo, diversos tipos de agentes podem ser criados e estes interagem entre si de acordo com as regras definidas durante a implementação. Cada um deles age de maneira autônoma, ou seja, não há necessidade de uma entidade global que os controle.

Em sistemas desse tipo, não há um algoritmo pré-definido que possa prever o comportamento global do sistema. Dessa forma, são as interações dos agentes em nível individual que *farão emergir* uma estrutura global. Para isso, no entanto, é necessário que a simulação seja realizada uma série de vezes, já que ela é não determinística. É a partir da distribuição desses vários resultados que será possível concluir algo sobre o comportamento global do sistema.

MABS possuem um desafio particular nos processos de verificação e validação, já que a relação entre suas entradas e saídas não pode ser explicitamente definida. Usualmente são usadas condições de borda e valores de *threshold* para ver se o resultado corresponde à realidade. Ao se depararem com essa questão, certos autores, como os de (AMOUROUX; DESVAUX; DROGOUL, 2008) e (PHILIPPON et al., 2016), optaram por consultar um especialista na área de epidemiologia a fim de validarem seus modelos. Esse profissional pode dizer se as interações entre os agentes e resultados de simulações são condizentes com a realidade.

Há uma série de ferramentas que podem ser usadas para MABS. A primeira a ser criada foi Swarm², programada Objective-C. Posteriormente, surgiu uma versão desta ferramenta em Java, chamada Repast³. Ainda podem-se citar outras ferramentas como Mason⁴, NetLogo⁵ e Cormas⁶. A ferramenta utilizada nesse projeto é a plataforma GAMA, detalhada a seguir.

²<http://www.swarm.org>.

³<https://repast.github.io>.

⁴<https://cs.gmu.edu/eclab/projects/mason>.

⁵<https://ccl.northwestern.edu/netlogo>.

⁶<http://cormas.cirad.fr/indexeng.htm>.

3 TECNOLOGIAS UTILIZADAS

3.1 Plataforma GAMA

GAMA é um ambiente de modelização e simulação baseadas em agentes (GRIGNARD et al., 2013). Atualmente em sua versão 1.8, ela já foi utilizada em diversos domínios distintos, como transporte, meio ambiente, organização urbana e epidemiologia, que é o domínio de interesse deste projeto.

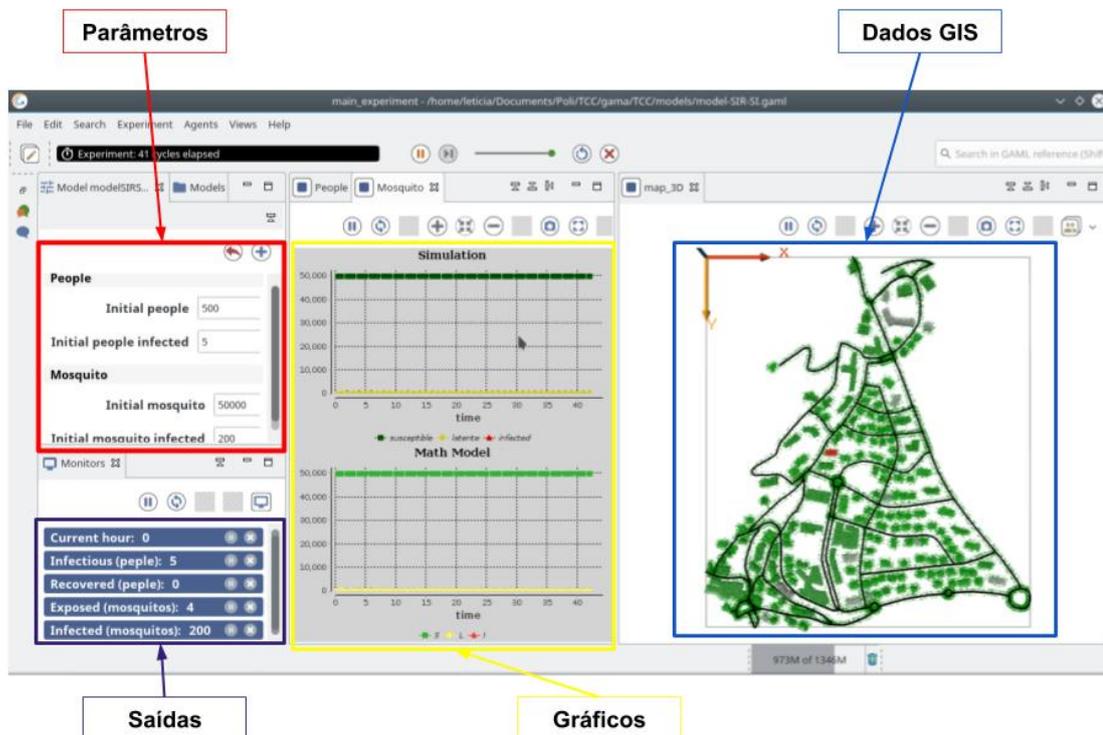


Figura 4 - Exemplo da plataforma GAMA em execução

Segundo (AMOUROUX; DESVAUX; DROGOUL, 2008), os usuários de ferramentas de MABS possuem algumas necessidades específicas. Entre elas estão a representação de um ambiente heterogêneo e em diversos níveis de abstração, a possibilidade de interagir tanto no nível individual como global e possibilidade de fornecer parâmetros para testar hipóteses. O uso dessa plataforma apresenta diversas vantagens nesse sentido, já que pode satisfazer esses desejos. Primeiramente, sua interface e linguagem (GAML) são relativamente simples e fáceis de manipular. Muitas ações que são comuns à muitos sistemas de diferentes domínios, como se mover por um mapa,

se comunicar, achar agentes nas proximidades, selecionar um número de agentes aleatoriamente, entre outras, já fazem parte do software, facilitando assim desenvolvimento inclusive para pessoas não familiarizadas com linguagens de programação.

Além disso, os resultados podem ser visualizados em uma série de maneiras diferentes. O modo mais interativo acontece através de mapas, onde pode-se ver o deslocamento do agente, características do ambiente, entre outros, sendo que o desenvolvedor é quem define o que deseja observar entre todos os dados que podem ser extraídos. Também é possível ter como saída gráficos ou simplesmente monitores onde os valores correntes são mostrados. Um exemplo da plataforma em execução é mostrado na Figura 4. Todos esses dados podem ser salvos em arquivos .txt ou .csv, por exemplo, ou em .xml para simulações por linha de comando (*headless mode*).

Outra vantagem da ferramenta é a alta capacidade de parametrizar os modelos. Qualquer uma das variáveis de inicialização pode ser definida no momento de iniciar a simulação, independente do modo em que elas serão lançadas. Isso facilita fazer comparações, pois pode-se facilmente fazer a mesma simulação usando parâmetros diferentes. Isso é especialmente útil para o uso do modelo por pessoas que não o conhecem em detalhes, pois bastaria colocar as entradas desejadas sem necessidade de alterar nenhuma linha do código.

Soma-se a isso tudo a facilidade de integrar diversos dados simultaneamente dentro do ambiente. É possível estabelecer conexões com bancos de dados, fazer chamadas ao ambiente R para cálculos estatísticos (descrito na Seção 3.2) e integrar diretamente dados no formato GIS¹. Essa integração com GIS, inclusive, é um dos grandes diferenciais da plataforma, sendo que cada estrutura geográfica também é vista como um agente.

3.2 R e RStudio

RStudio² é um software de código aberto que oferece um ambiente para análises estatísticas e técnicas para desenhos gráficos escritos na linguagem R (R Core Team,

¹Do inglês Geographical Information System.

²<https://www.rstudio.com/>.

2015). Ela possui uma grande variedade de métodos estatísticos como modelos lineares e não-lineares, classificação, *clustering*, análises clássicas, entre outros.

Além de todas essas técnicas, R é facilmente e largamente extensível com a integração de novas bibliotecas, chamadas de *packages*. Elas são instaladas de maneira simples e sua documentação também pode ser acessada diretamente dentro de seu ambiente, o RStudio.

Para entrada de dados dentro do ambiente, as opções também são múltiplas. É possível estabelecer conexões com banco de dados, entrar com arquivos .csv, .txt, .xml e até a partir de URLs. Lidar com esses dados também é realizado de maneira bem simples, já que existem diversas funções para manipular listas e matrizes.

Outro ponto forte do R é a facilidade com que se pode plotar gráficos de qualidade. Como ela foi construída já com o foco estatístico, uma grande atenção foi dada à representação dos resultados, de maneira que o usuário tem total controle sobre como eles são apresentados.

Nesse projeto, o R foi utilizado para analisar os dados de saída das simulação. As funções de base eram suficientes para os objetivos desejados e foi necessária a instalação de apenas dois *packages* extras. O primeiro é o *XML* (LANG; TEAM, 2018) que foi utilizado principalmente para leitura dos arquivos que estavam em formato .xml. O segundo é o *ggplot2* (WICKHAM, 2009) para formatação dos gráficos.

4 METODOLOGIA

Cinco etapas essenciais permearam o desenvolvimento do presente projeto: (i) reuniões de discussão de escopo e abordagem do problema, (ii) pesquisa bibliográfica para fundamentação teórica, (iii) reuniões de validação da abordagem, (iv) projeto, codificação e testes e, por fim, (v) avaliação de resultados. Tais eventos são descritos com mais detalhes nessa seção, clarificando como foi feita a organização dos esforços de trabalho.

Reuniões periódicas junto ao orientador do projeto serviram, em um momento inicial, à discussão do escopo do problema a ser resolvido. Com o avanço do projeto, os encontros eram usados como momentos de reflexão sobre qual abordagem tomar para melhor aproximar o modelo de propagação baseado em multiagentes à realidade. A autora era responsável por trazer novas ideias já parcialmente desenvolvidas e resultados preliminares, para que as discussões fossem frutíferas.

Para ganho de conhecimento no contexto de aplicação do problema, foram estudados modelos de simulação de propagação de vírus pelo mosquito *Aedes Aegypti* disseminados na literatura. Tal pesquisa bibliográfica foi feita a partir da leitura de artigos científicos publicados providenciados pelo orientador, ou enviados pelo *expert* do projeto, ou também encontrados pela autora.

O campo de expertise do orientador relevante ao projeto é o de modelos de simulação de sistemas multiagentes. De maneira complementar, o Professor Luiz Fernando Lopez, da FMUSP, foi convidado para ser o *expert* em comportamento da disseminação da dengue no projeto. Aproveitando de sua valiosa contribuição, uma reunião de validação do modelo foi feita com sua presença, na qual a concepção inicial do sistema foi examinada. Contatos posteriores foram feitos via email.

Uma vez validado o modelo, foi realizada a etapa de projeto e codificação do mesmo na plataforma de simulação. Depois de vários ciclos de testes e aprimoramentos, definiu-se quais testes seriam realizados. Tal escolha levou em conta alguma característica que julgou-se relevante para efeito de comparação estatística das simu-

lações (no caso, a taxa de mosquitos infectados) e que poderia ser finalizada no tempo limitado de um trabalho de conclusão de curso.

A análise dos resultados foi feita por meio da comparação entre os resultados do modelo matemático e o modelo baseado em agentes. Dado que os resultados do último são não-determinísticos, foram realizadas 20 simulações para 3 casos de teste distintos, descritos na Seção 6.

5 PROJETO E IMPLEMENTAÇÃO

5.1 Projeto

5.1.1 Modelo Matemático

Apesar de o foco do projeto ser um modelo multiagente, um modelo matemático também foi desenvolvido para comparar os resultados. Esse modelo é baseado no modelo clássico de compartimentos.

O modelo utilizado por (AMAKU et al., 2014), citado na Seção 2.2, foi usado como base, onde foram adotadas algumas simplificações. A primeira, e principal, é não foram incluídos ovos nem quaisquer outras formas de vida do mosquito *Aedes Aegypti*. Outra diferença é que não foram consideradas taxas de natalidade ou mortalidade: em nossa simulação, a população é constante durante toda a simulação, tanto para mosquitos quanto para humanos. A Figura 5 mostra a esquematização dos compartimentos considerados.

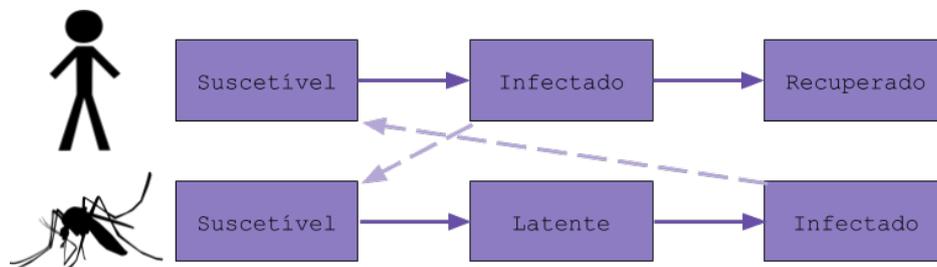


Figura 5 - Compartimentos representativos do vírus da dengue considerado no modelo

Pode-se observar que a passagem dos humanos do estado suscetível para infectado, e dos mosquitos de suscetível para latente, não dependem dos infectados da própria espécie, mas sim da outra. O sistema de equações 5.1 mostra o sistema ODE que foi implementado.

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_H}{dt} = -abS_H \frac{I_M}{N_H} \\ \frac{dI_H}{dt} = abS_H \frac{I_M}{N_H} - \gamma I_H \\ \frac{dR_H}{dt} = \gamma I_H \\ \frac{dS_M}{dt} = -acS_M \frac{I_H}{N_M} \\ \frac{dE_M}{dt} = acS_M \frac{I_H}{N_M} - \gamma E_M \\ \frac{dI_M}{dt} = \gamma E_M \\ N_H = S_H(t) + I_H(t) + R_H(t) \\ N_M = S_M(t) + E_M(t) + I_M(t) \end{array} \right. \quad (5.1)$$

Na Tabela 2, pode-se consultar os significados biológicos dos parâmetros e os valores usados na simulação. Esses valores foram obtidos de (AMAKU et al., 2014) e (BURATTINI et al., 2008).

Parâmetro	Significado	Valor
a	Taxa média de picada por dia	0,168
b	Frações de picadas infecciosas	0,6
γ_H	Taxa de recuperação humana	0,143
γ_M	Taxa de latência dos mosquitos	0,143
c	Susceptibilidade à dengue do mosquito <i>Aedes aegypti</i>	0,526

Fonte: (AMAKU et al., 2014)

Tabela 2 - Parâmetros do modelo, seus significados biológicos e valores
Fonte: (AMAKU et al., 2014) e (BURATTINI et al., 2008)

5.1.2 Agentes *Mosquito*

A cada ciclo de simulação, o agente *Mosquito* realiza algumas ações. Essas ações estão listadas a seguir.

Mover

Cada mosquito se move em uma direção aleatória, e percorre uma distância também aleatória a partir de sua localização corrente. Para corresponder ao fato de que um mosquito não se distancia muito de seu local de nascimento, sua posição sempre estará próxima do ponto de onde ele iniciou a simulação.

Mudar para estado latente

A mudança do estado susceptível para o estado latente só pode ocorrer se houverem humanos infectados nas proximidades do mosquito. Quanto maior for esse número, maior será a chance de isso ocorrer.

Seja ac a probabilidade de o mosquito picar um humano infectado e ser infectado e n o número de humanos infectados próximo ao mosquito. A probabilidade p de que ele mude do estado susceptível para o estado latente é dada por:

$$p = 1 - (1 - ac)^n$$

Isso é, a probabilidade complementar dele não ser infectado em todas as picadas que ele der em humanos infectados.

Mudar para estado infectado

A mudança do estado latente para o estado infectado depende apenas do parâmetro γ_M . Ou seja, a probabilidade p para que isso ocorra é:

$$p = \gamma_M$$

5.1.3 Agentes Humano

A cada ciclo de simulação, o agente *Humano* realiza algumas ações. Essas ações estão listadas a seguir.

Mover

O deslocamento dos humanos visa representar uma rotina bastante comum na realidade: o deslocamento entre residência e um outro destino, que pode ser escola, trabalho, entre outros. Assim cada humano tem uma residência e um destino e se move entre esses dois pontos.

Mudar para estado infectado

Analogamente ao agente mosquito, a mudança do estado susceptível para o estado infectado nos humanos só pode ocorrer se houverem mosquito infectados nas

proximidades do humano. Quanto maior for esse número, maior será a chance de isso ocorrer.

Seja ab a probabilidade do humano ser picado por um mosquito infectado e ser infectado e n o número de mosquitos infectados nas proximidades. A probabilidade p de que ele mude do estado suscetível para o estado infectado é dada por:

$$p = 1 - (1 - ab)^n$$

Isso é, a probabilidade complementar dele não ser infectado em todas as picadas de mosquitos infectados que ele receber.

Mudar para estado recuperado

A mudança do estado infectado para o estado recuperado depende apenas do parâmetro γ_H . Ou seja, a probabilidade p para que isso ocorra é:

$$p = \gamma_H$$

5.1.4 Ciclo de simulação

Tanto o modelo matemático quanto o modelo baseado em multiagentes foram desenvolvidos e simulados na plataforma GAMA.

No modelo baseado em agentes, a cada ciclo, todos os agentes realizam todas as suas ações específicas. Além disso, o agente humano também pode mudar seu destino (de residência para escola/trabalho ou vice-versa). Isso é feito pelo agente *imóvel*. Conforme dito na Seção 3.1, elementos geográficos também são agentes dentro da plataforma GAMA. Esse agente apenas verifica se há algum agente humano dentro de sua área e que o tenha como objetivo e determina a mudança de seu objetivo para o próximo ciclo.

Esse modelo foi realizado em duas versões diferentes. Na primeira, cada ciclo representava 1 minuto. Ela é interessante pela possibilidade de visualizar o movimento dos agentes no mapa, porém muito lenta. Foi feita então uma segunda versão onde cada ciclo tinha duração de 1 dia. Essa segunda versão foi a utilizada para os testes da Seção 6.

Em relação ao modelo matemático, em cada ciclo um novo valor era calculado. Nesse modelo, cada ciclo também correspondia a 1 dia.

5.2 Implementação

Toda a implementação dos modelos foi feita na plataforma GAMA. A seguir apresentam-se 3 figuras que representam essas simulações. A Figura 6 é do modelo de agentes com ciclo de 1 minuto e mostra o mapa onde eles se locomovem. Esse mapa é um exemplo de GIS fornecido pela plataforma e seria substituído por uma mapa real em um modelo mais avançado. Humanos são representados pelos círculos maiores e os mosquitos pelos menores. O código de cores adotado é o seguinte: verde para suscetível, amarelo para latente, vermelho para infectado e azul para recuperado, válido para os dois tipos de agentes.



Figura 6 - Exemplo de mapa durante a simulação

As Figuras 7 e 8 correspondem aos gráficos de ciclos de 1 hora, para o modelo matemático e o modelo de agentes, respectivamente.

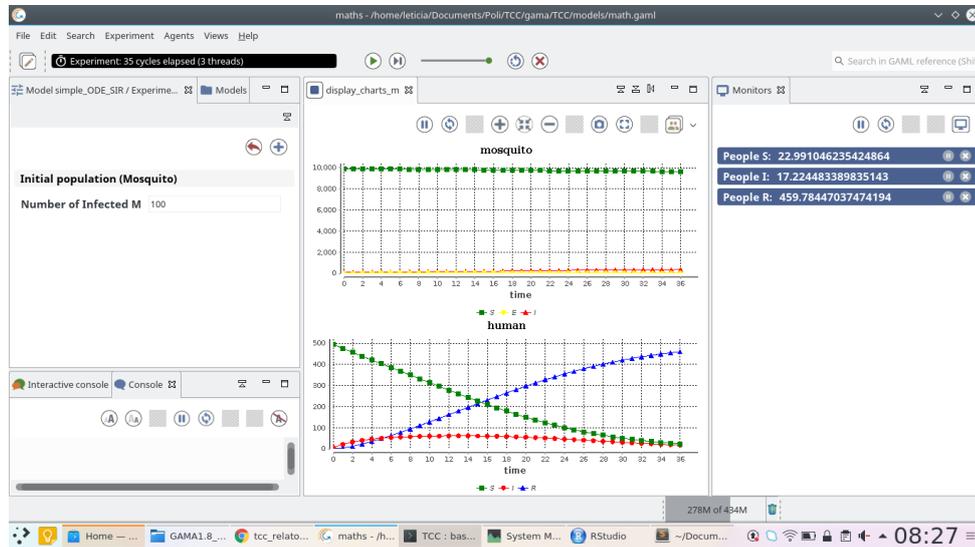


Figura 7 - Exemplo de simulação ODE

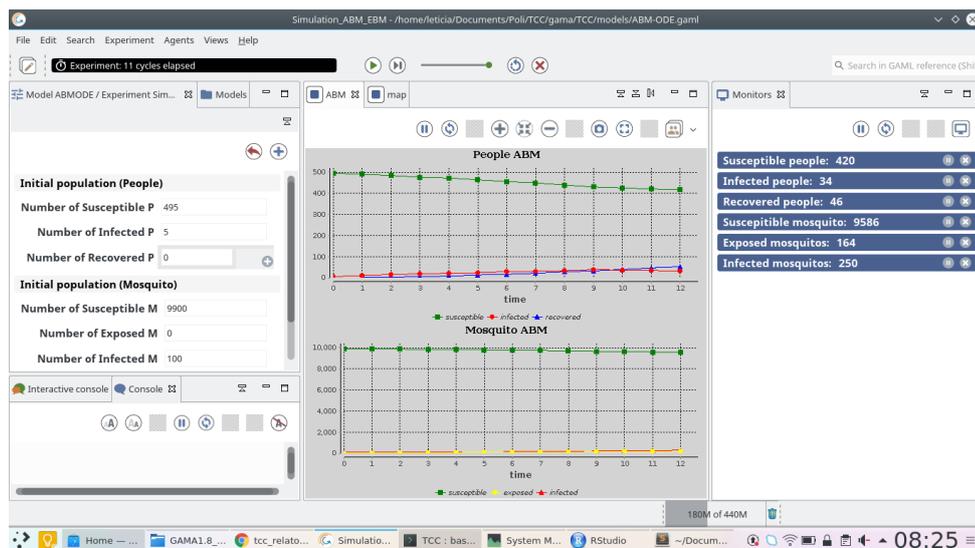


Figura 8 - Exemplo de simulação ABM

6 TESTES E AVALIAÇÕES

As simulações foram feitas no modelo matemático e no modelo baseado em agentes com ciclos de 1 dia. Foram feitos 3 testes, variando apenas o número inicial de agentes do tipo mosquito infectados no início da simulação. As Tabelas 3 e 4 mostram as quantidades iniciais de cada agente que foram usadas nas simulações.

Humano (Estado)	Quantidade inicial
Suscetível	495
Infectado	5
Recuperado	0

Tabela 3 - Variáveis de entrada dos modelos para o agente Humano

Mosquito (Estado)	Quantidade inicial		
	Teste 1	Teste 2	Teste 3
Suscetível	9000	9900	9990
Latente	0	0	0
Infectado	1000	100	10

Tabela 4 - Variáveis de entrada dos modelos para o agente Mosquito

As Seções seguintes mostram os resultados em cada um desses testes distintos. Apenas os gráficos referentes à população de humanos será considerado, pois estes são aqueles analisados para determinar se há ou não um alto número de casos de dengue; além disto, poderiam ser comparados com dados reais.

6.1 Teste 1: Alta taxa de mosquitos infectados

Nesse teste, 10% do total de mosquitos estava infectado desde o início. A Figura 9 mostra o resultado da simulação para o modelo matemático e na Figura 10 para a simulação baseada em multiagentes.

Podemos observar que nesse caso todas as curvas são semelhantes, indicando que todos os indivíduos foram infectados e posteriormente entraram no estado recuperado. O pico que acontece é característico de uma epidemia que ocorreu nos dois

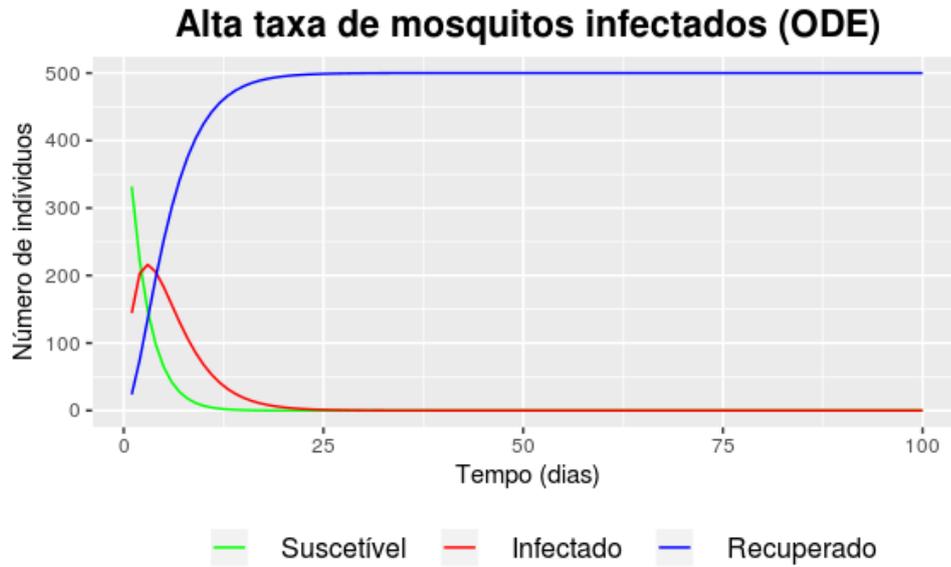


Figura 9 - Resultado da simulação ODE com alta taxa de mosquitos infectados

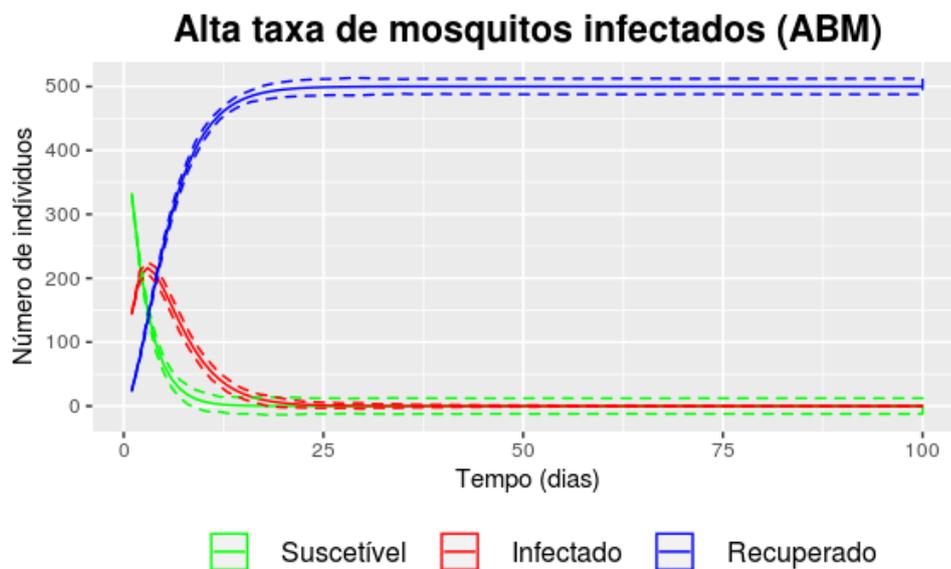


Figura 10 - Média e desvio padrão de 20 simulações com alta taxa de mosquitos infectados

modelos. Assim sendo, o comportamento epidêmico global dos dois modelos podem ser considerado equivalente.

6.2 Teste 2: Média taxa de mosquitos infectados

Nesse segundo teste, 1% do total de mosquitos estava infectado desde o início. A Figura 11 exhibe o resultado da simulação para o modelo matemático e na Figura 12

para a simulação baseada em multiagentes.

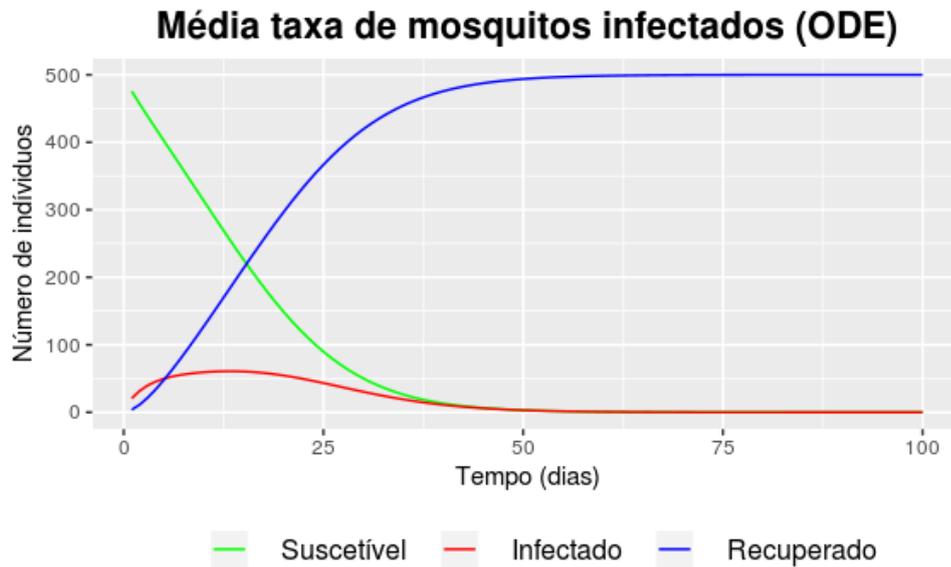


Figura 11 - Resultado da simulação ODE com média taxa de mosquitos infectados

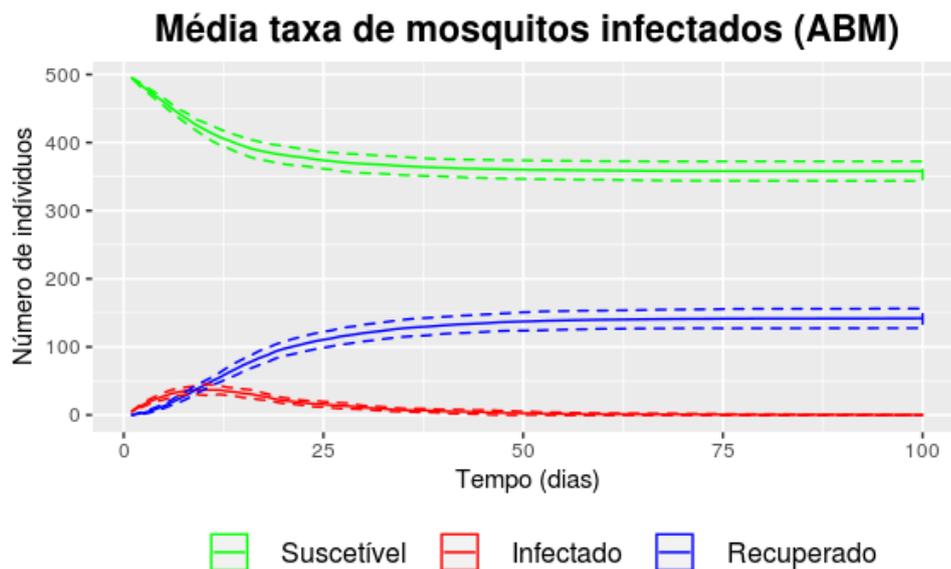


Figura 12 - Média e desvio padrão de 20 simulações com média taxa de mosquitos infectados

A principal diferença entre as curvas encontra-se no número de indivíduos suscetíveis e recuperados. Observa-se que todos os indivíduos passam do primeiro para o último estado no modelo ODE, mas não no modelo ABM. A hipótese é que isso tenha ocorrido justamente pelo comportamento de movimento dos agentes. Como eles se locomovem sempre dentro de uma mesma região, nem sempre vetores espalham a

doença para áreas não infectadas nem tampouco humanos contaminam mosquitos de outras regiões após certo intervalo transcorrido desde o início do experimento.

Essa hipótese está relacionada com a adotada por (PHILIPPON et al., 2016). No caso, foi observada uma correlação positiva entre o aumento do número de casos de dengue e o aumento de relações comerciais entre alguns países da Ásia. A hipótese é que os maiores deslocamentos humanos possibilitariam o vírus de atingir uma maior região. Dessa forma, ao limitarmos a área percorrida pelos agentes estaríamos limitando também a disseminação do vírus.

Além disso, comparando-se os resultados produzidos nesse teste pelo modelo baseado em multiagentes com aqueles produzidos no teste 1, observa-se que a quantidade final de humanos recuperados é menor quando o número inicial de mosquitos infectados também é menor, o que pode ser considerado o resultado esperado, pois menos pessoas foram infectadas.

Além disso, pode-se ver novamente uma equivalência entre as curvas que representam os infectados. Há um pequeno aumento no número de casos, que logo se estabiliza.

6.3 Teste 3: Baixa taxa de mosquitos infectados

Nesse o último teste, a quantidade de mosquitos que estavam infectados desde o início é de 0,1%. A Figura 13 descreve o resultado da simulação para o modelo matemático e na Figura 14 para a simulação baseada em multiagentes.

Como no caso anterior, o fato do movimento dos agentes estar limitado a uma região parece ter contido a proliferação da doença. Este efeito é ainda mais evidente neste teste, já que o número de humanos suscetíveis e recuperados tem pouquíssima variação durante a simulação. Além disso, as curvas dos humanos infectados também é semelhante, registrando poucos casos da doença, o que é de se esperar dado a pequena quantidade de mosquitos infectados presentes.

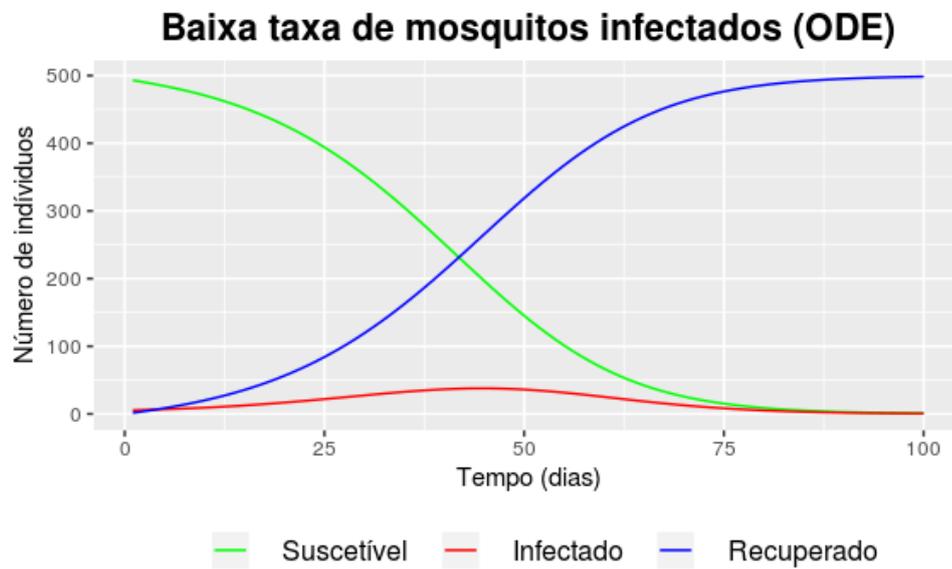


Figura 13 - Resultado da simulação ODE com baixa taxa de mosquitos infectados

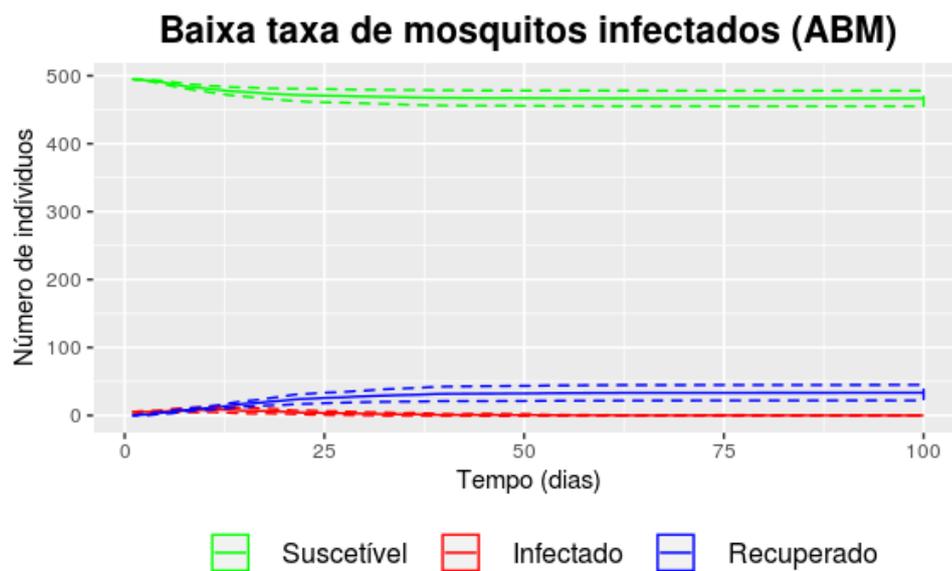


Figura 14 - Média e desvio padrão de 20 simulações com baixa taxa de mosquitos infectados

7 CONCLUSÕES

O presente projeto visa estudar a propagação do vírus da dengue usando uma abordagem de simulação baseada em multiagentes. Para tal, um modelo foi implementado, representando uma versão básica e simplificada de como o vírus se propaga.

A comparação entre o modelo clássico matemático e o modelo baseado em multiagentes mostrou que a segunda técnica pode levar o sistema a um comportamento global esperado, ao definir as interações entre os agentes no nível micro.

Essa conclusão é significativa, pois indica que modelos multiagentes podem representar a realidade ao menos tão bem quanto os modelos clássicos. Dado que a capacidade de representação deles é muito maior, podendo levar em conta a heterogeneidade da população, características do ambiente, entre outros, modelos mais detalhados têm grande chances de serem mais fiéis do que os matemáticos.

Mesmo sendo capaz de chegar a essa conclusão, o modelo corrente ainda é bem simplificado. Tomando em conta o estado atual e inspirando-se na bibliografia estudada, os seguintes itens são propostos para evolução do projeto.

- Inclusão de taxas de natalidade e mortalidade nos humanos e mosquitos;
- Inclusão de outras formas de vida do mosquito, como ovos e larvas;
- Utilização de dados GIS reais;
- Considerar variação da população de mosquitos devido à estação do ano.

Assim sendo, a partir da contribuição inicial dada por esse projeto, ainda há um vasto horizonte de pesquisa a ser desenvolvida neste campo a fim de obtermos um modelo que represente a propagação do vírus de maneira suficientemente fiel a realidade, e que possa servir de ferramenta de auxílio à decisão para mitigar a disseminação desta doença.

REFERÊNCIAS

- AMAKU, M. et al. A comparative analysis of the relative efficacy of vector-control strategies against dengue fever. **Bulletin of mathematical biology**, Springer, v. 76, n. 3, p. 697–717, 2014.
- AMOUREUX, E.; DESVAUX, S.; DROGOUL, A. Towards virtual epidemiology: an agent-based approach to the modeling of h5n1 propagation and persistence in north-vietnam. In: SPRINGER. **Pacific Rim International Conference on Multi-Agents**. [S.l.], 2008. p. 26–33.
- BHATT, S. et al. The global distribution and burden of dengue. **Nature**, Nature Publishing Group, v. 496, n. 7446, p. 504, 2013.
- BURATTINI, M. et al. Modelling the control strategies against dengue in singapore. **Epidemiology & Infection**, Cambridge University Press, v. 136, n. 3, p. 309–319, 2008.
- GRIGNARD, A. et al. Gama 1.6: Advancing the art of complex agent-based modeling and simulation. In: SPRINGER. **International Conference on Principles and Practice of Multi-Agent Systems**. [S.l.], 2013. p. 117–131.
- LANG, D. T.; TEAM the C. **XML: Tools for Parsing and Generating XML Within R and S-Plus**. [S.l.], 2018. R package version 3.98-1.16. Disponível em: <<https://CRAN.R-project.org/package=XML>>.
- PHILIPPON, D. et al. Exploring trade and health policies influence on dengue spread with an agent-based model. In: SPRINGER. **International Workshop on Multi-Agent Systems and Agent-Based Simulation**. [S.l.], 2016. p. 111–127.
- PONTES, R. J.; RUFFINO-NETTO, A. Dengue em localidade urbana da região sudeste do brasil: aspectos epidemiológicos. **Revista de Saúde Pública**, SciELO Public Health, v. 28, p. 218–227, 1994.
- R Core Team. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna, Austria, 2015. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>.
- SICHMAN, J. S. Operationalizing complex systems. In: FURTADO, P. A. M. S. e. M. H. T. e. B. A. (Ed.). **Modeling complex systems for public policies**. Brasília: IPEA, 2015. p. 85–123. Disponível em: <http://www.ipea.gov.br/portal/index.php?option=com_content&view=article&id=25858&Itemid=383>.
- SILVA, J. S.; SCOPEL, I. et al. A dengue no brasil e as políticas de combate ao aedes aegypti: da tentativa de erradicação às políticas de controle. **Hygeia: Revista Brasileira de Geografia Médica e da Saúde**, Associação Nacional de Pesquisa e Pós-Graduação em Geografia, Grupo de Trabalho de Geografia da Saúde, v. 4, n. 6, 2008.

SINGHI, S.; KISSOON, N.; BANSAL, A. Dengue and dengue hemorrhagic fever: management issues in an intensive care unit. **Jornal de pediatria**, SciELO Brasil, v. 83, n. 2, p. S22–S35, 2007.

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis**. Springer-Verlag New York, 2009. ISBN 978-0-387-98140-6. Disponível em: <<http://ggplot2.org>>.