

II Workshop

Modelagem Matemática Aplicada ao Controle da Dengue no Brasil

Promovido pela Rede PRONEX de Modelagem em Dengue

www.dengue.mat.br

PROGRAMAÇÃO

11 a 13 de abril de 2012

INPE, São José dos Campos, SP



Motivação

O objetivo do CNPq-PRONEX é criar uma rede de profissionais interessados em gerar modelos passíveis de serem validados com dados reais de campo que possam orientar autoridades quanto aos principais parâmetros necessários em coletas de dados mais aprofundadas assim como subsidiar tomadas de decisão. Esta rede tem, por um lado, o objetivo de produzir investigações de reconhecida qualidade internacional em epidemiologia matemática, com especificidade em dengue; e por outro lado, gerar sistemas de informações voltados a subsidiar as autoridades da área de saúde na tomada de decisões. Também é nosso objetivo criar um fórum de discussão e colaboração que favoreça a troca de ideias, especialidades, formação de recursos humanos em grupos ainda não consolidados, assim como a interação de grupos que favoreça soluções interdisciplinares para os problemas colocados.

Com este propósito, esta oficina de trabalho visa discutir, compartilhar, trocar ideias, encaminhar os vários projetos em andamento e identificar parcerias e intercâmbios que a rede possa estimular e favorecer.

Neste workshop, uma tarefa importante será avaliar as etapas em que nos encontramos nos objetivos propostos originalmente e definirmos os planos de trabalho para finalizá-los no próximo ano.

Os objetivos propostos no projeto original são:

- Avaliação de alternativas de uso de armadilhas para monitorar e subsidiar a implantação de estratégias de controle da população de *Aedes aegypti*.
- Desenvolver novas tecnologias para a análise automática de dados e detecção de epidemias, incluindo um aplicativo georreferenciado para entrada rápida de dados de armadilhas e identificação de áreas prioritárias para controle.
- Propor e avaliar conceitualmente, estratégias inovadoras para o controle de transmissão da dengue.
- Desenho e Análise de Ensaio Vacinais, e estratégias de vacinação, considerando diferentes características vacinais.



Programação

Dia 11/04 – Quarta-feira

Objetivo do dia: Atualização nas atividades dos Grupos

8:30 – 9:00	Recepção, entrega de materiais
9:00 – 9:15	Representante do INPE
9:15 – 9:45	O Projeto, seus objetivos e realizações até agora <i>Cláudia Codeço (Fiocruz)</i>
9:45 – 10:15	Atualizando o problema de dengue <i>Claudio Struchiner (Fiocruz)</i>
10:15 – 10:45	<i>Café</i>
10:45 – 11:30	Modelando controle biológico da Dengue por Wolbachia <i>Moacyr Silva (FGV)</i>
11:30 – 12:15	Modelos matemáticos de dinâmica da dengue <i>Iraziel Charret (UFLA)</i>
12:15 – 14:00	<i>Almoço</i>
14:00 – 14:45	Modelos de Dinâmica Populacional do <i>Aedes aegypti</i> <i>Tiago Carneiro (UFOP)</i>
14:45 – 15:30	SIGDengue Cascavel <i>Rogério Rizzi e André Brun (Unioeste)</i>
15:30 – 16:00	<i>Café</i>
16:00 – 17:00	Modelando vacinação para dengue <i>Eduardo Massad (USP)</i>



Dia 12/04 – Quinta-feira

Objetivo do dia: Grupos temáticos e apresentação de posters. Hoje, precisamos identificar o que falta fazer, estreitar parcerias, resolver problemas, e definir planos para os próximos 12 meses, visando o alcance dos objetivos propostos.

8:30 – 10:00	GT Sistemas de Informação Coord: <i>Flávio Coelho (FGV)</i> Temas: Finalização dos SIGs, Organização da Informação, Ontologias	GT Modelagem Dengue Coord: <i>Claudia Codeço (Fiocruz)</i> Temas: Organização dos modelos implementandos, coerência, consistência de pressupostos
10:00 – 10:45	<i>Café e Visita aos Posters (Grupo A)</i>	
10:45 – 11:30	GT Sistemas de Informação (continuação)	GT Modelagem Dengue (continuação)
11:30 – 12:15	<i>Visita aos Posters (Grupo B)</i>	
12:15 – 14:00	<i>Almoço</i>	
14:00 – 16:15*	GT Early Warning Coord: <i>Jair Koiller (FGV)</i> Temas: Indicador Composto de risco (Oswaldo Cruz e Jean Barrado) Indicadores baseados em Internet	GT Estratégias de Controle Coord: <i>Max Souza (UFF) e Helio Schechtman (Fiocruz)</i> Temas: Definição, consolidação, comparação das políticas de controle implementadas
16:15 – 17:00	<i>Visita aos Posters (Grupo C)</i>	

* pausa para o café da tarde de forma livre, entre 15 e 15:30.



Dia 13/04 – Sexta-feira

Objetivo do dia: Relatoria dos Grupos temáticos, consolidação de metas para o próximo ano e reunião de coordenadores (orçamento, relatórios, prestação de contas).

8:30 – 9:15	Palestra: Atividades de modelagem em Dengue na UFBA <i>Suani Pinho (UFBA)</i>
9:20 – 9:40	Relatoria GT Early Warning
9:40 – 10:00	Relatoria GT Modelagem
10:00 – 10:30	<i>Café</i>
10:30 – 10:50	Relatoria GT Modelagem de Controle
10:50 – 11:10	Relatoria GT Sistemas de Informação
11:10 – 12:00	Encerramento da manhã
12:00 – 14:00	<i>Almoço</i>
14:00 – 15:00	Reunião dos Representantes de Grupo





RESUMOS



LISTA DE AUTORES

Alyne Moraes Costa (alyne.moraes@ig.com.br)	8
Breno de Almeida Resende (breno.dealmeida@gmail.com)	10
Crysttian Arantes Paixão (crysttian@gmail.com).....	11
Diego R.V. Ribeiro (diego_robles17@hotmail.com).....	12
Eduardo Massad (edmassad@usp.br).....	14
Felipe da Cruz Rodrigues (felipefisicacr@gmail.com)	15
Flavio Justino (fjust5ino@ufv.br)	16
Igor Cavallini Johansen (igorcavallini@gmail.com).....	17
Leonardo Bacelar Lima Santos (santoslbl@gmail.com)	18
Líliam César de Castro Medeiros (lccastro@dpi.inpe.br).....	19
Rejane Cristina Dorn (recri30@yahoo.com.br)	20
Renato dos Santos Sanches (renato.dssanches@gmail.com)	22
Rogério Rizzi(rogeriorizzi@hotmail.com)	23
Rosana Áurea Tonetti Massahud (rosanamassahud@gmail.com)	24
Stella Olívia da Silva (stellaufla@gmail.com)	25
Suani T. R. Pinho (suani@ufba.br).....	27
Tiago Garcia de Senna Carneiro (tiago@iceb.ufop.br)	28



MINERAÇÃO DE TEXTO PARA UMA TERMINOLOGIA ESPECIALIZADA EM MODELOS MATEMÁTICOS APLICADOS A DENGUE

Alyne Moraes Costa (alyne.moraes@ig.com.br) ²
Cícera Henrique da Silva (chenrique@icict.fiocruz.br) ¹
Rosane Abdala Lins de Santana () ¹
Leonardo de Souza Melo () ¹
Maria Cristina Soares Guimarães (cguima@icict.fiocruz.br) ¹
Cláudia Torres Codeço (codeco@fiocruz.br) ²
Flávio Codeço Coelho (fccoelho@fgv.br) ³
Renato Rocha Souza (renato.souza@fgv.br) ³

¹ Instituto de Comunicação e Informação Científica e Tecnológica em Saúde (ICICT),
Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), Rio de Janeiro.

² Programa de Computação Científica (PROCC), Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ),
Rio de Janeiro.

³ Escola de Matemática Aplicada (EMAp), Fundação Getúlio Vargas (FGV), Rio de
Janeiro.

A dengue é uma doença infecciosa que constitui um dos grandes problemas de saúde pública no mundo. A disseminação mundial da dengue tornou-se possível com o processo de urbanização desordenado ocorrido no fim da II Guerra Mundial, facilitando a ocorrência de epidemias e dificultando as ações de controle sobre a doença. Estima-se que 2,5 milhões de pessoas vivem em áreas endêmicas da doença, particularmente em regiões tropicais onde a temperatura e a umidade são fatores que propiciam a proliferação do vetor. No Brasil, o cenário da dengue não é estimulante, desde a década de 80, a incidência da infecção vem aumentando com uma sucessão de epidemias e as iniciativas de combate ao vetor da doença ainda se apresentam ineficazes. Com esta preocupação, a Fiocruz criou a Rede Dengue com o objetivo de reunir todas as atividades voltadas para o enfrentamento da doença, visando colaborar com o Programa Nacional de Combate a Dengue e com os estados e municípios brasileiros no controle de epidemias. Uma das atividades ligadas a esta rede é a Rede Pronex de modelagem, que funciona como um fórum para a discussão de modelos matemáticos para a aplicação no controle da dengue, de forma a prevenir futuras situações de epidemias. O volume da literatura biomédica disponível na web está aumentando de tal forma, que se tornou difícil a tarefa de localizar e recuperar a informação desejada de forma eficiente. A recuperação da informação relevante a partir de textos completos pode ser resolvida através da utilização da técnica de mineração de texto, de forma a atuar como um instrumento para a construção de vocabulários controlados e apoiar na construção de ontologias. Estudos recentes apontam que a ontologia pode ser a solução para a recuperação da informação de grandes volumes textuais. Nesta perspectiva da utilização da mineração de texto para a recuperação da informação por meio de ontologias, que se apóia o desenvolvimento deste projeto. Trata-se de utilizar o texto científico como objeto capaz de



apontar a terminologia da área para a recuperação de informação, uma vez que não foi possível identificar nenhuma linguagem documentária específica para modelos matemáticos aplicados ao controle da dengue. A metodologia do projeto consiste em: seleção das bases de dados científicas utilizando o sistema de informação Dialog, a fim de identificar as bases que mais indexam sobre a temática da dengue e sobre modelos matemáticos; construção de estratégias de busca para ambas as temáticas; execução da busca e a seleção dos artigos completos de revisão na língua inglesa com maior índice de relevância de acordo com a indexação em cada base científica; extração e limpeza dos dados; mineração de texto através da utilização do software comercial *Vantagepoint* e por fim, a avaliação da terminologia obtida. As etapas já realizadas, ainda em caráter exploratório, permitiram identificar as palavras de maior relevância extraída de artigos de revisão sobre a área de dengue. Em seguida, será replicada a metodologia para os artigos de revisão sobre modelos matemáticos e espera-se obter, ao final da pesquisa, uma terminologia que possibilite a construção de uma ontologia na área de modelos matemáticos para o controle da dengue.

Palavras-chave: mineração de textos; terminologia; dengue; modelos matemáticos; cientometria.



AUTOMATIZAÇÃO DE ENTRADA DE DADOS E CONFEÇÃO DE MAPAS DE KERNEL NO TERRAVIEW PARA AUXÍLIO NA PARAMETRIZAÇÃO DE MODELOS DE DINÂMICA POPULACIONAL DO *Aedes aegypti*

Breno de Almeida Resende (breno.dealmeida@gmail.com)

Raquel Martins Lana (raquelmlana@gmail.com)

Tiago Garcia de Senna Carneiro (tiago@iceb.ufop.br)

Departamento de Computação, Universidade Federal de Ouro Preto - UFOP

Estudos relacionados à transmissão de Dengue e à ecologia do vetor *Aedes aegypti* exigem coleta de dados em campo, como a captura por meio de armadilhas de do mosquito vetor em seus quatro estágios: ovo, larva, pupa e adulto. As armadilhas são distribuídas por toda área de estudo e seu conteúdo coletado, analisado e contabilizado em uma fina resolução temporal, em geral, semanalmente, por períodos de tempo que podem exceder uma década. Este processo dá origem a longas séries temporais de contagens associadas à posição geográfica de cada armadilha. Por outro lado, alguns modelos para a simulação da dinâmica espacial de populações de *Aedes aegypti* são parametrizados por Mapas de Kernel que sumarizam estas contagens e revelam o padrão espacial encontrado. O processamento de Mapas de Kernel para longas séries temporais é uma atividade extremamente trabalhosa e lenta. Ela implica na importação dos dados em um aplicativo de análise espacial, a remoção de dados falhos e a geração de um Mapa de Kernel para cada unidade de tempo amostrada. Por esta razão, este trabalho buscou desenvolver ferramentas que automatizassem esse processo. Foram desenvolvidos dois *plugins* para o sistema de informação geográfica TerraView. O primeiro realiza a importação dos dados e os associa a um mapa vetorial, no qual um ponto representa cada armadilha. O segundo remove dados com problemas e gera os vários mapas de kernel de forma automatizada. Futuramente, estes *plugins* serão fundamentais em um esforço maior denominado TerraME Dengue, uma extensão do framework de modelagem TerraME voltado ao desenvolvimento de modelos computacionais de apoio ao controle da Dengue.



MODELO DE BIT-STRING PARA ESTUDO DA PROPAGAÇÃO DA DENGUE

Crysttian Arantes Paixão (crysttian@gmail.com)

Iraziet Charret (Iraziet@dex.ufla.br)

Departamento de Ciências Exatas, Universidade Federal de Lavras - UFLA

Dengue é uma doença transmitida por mosquitos nas regiões tropicais e subtropicais do mundo. Com relação ao número de casos de infecção que ocorrem globalmente, ela é considerada como uma das mais importantes viroses para a população humana. Estima-se que 2.5 bilhões de pessoas habitem áreas de risco [1]. Uma das formas de se combater essa virose é através da realização do combate ao vetor. Neste trabalho é proposto um modelo computacional que simula o espalhamento da virose, incluindo o ciclo de vida do vetor, mosquito *Aedes aegypti*, da população humana e dos quatro tipos de vírus (DEN-1, DEN-2, DEN-3 e DEN-4) do gênero Flavivirus, usando um modelo modificado baseado na técnica de bit-string [2]. Neste modelo tentamos capturar as principais características do ciclo epidemiológico e as principais características do processo de infecção. Como se sabe, os mosquitos possuem quatro fases de desenvolvimento: fase de ovo, fase larval, fase de pupa e fase alada. Durante a simulação, a população de vetores é iniciada na fase de ovo com uma determinada quantidade de indivíduos alocada em uma área. Depois de transcorrido um certo intervalo de tempo, os ovos se transformam em larvas. Nesta fase é introduzida uma taxa de competição, baseada em informações experimentais. Decorrido mais um certo tempo, as larvas se transformam em pupas. Finalmente as pupas se transformam em mosquitos (machos e fêmeas), ainda não infectados. No modelo, cada indivíduo recebe uma tira de bits, que contem todas as informações que serão usadas durante a simulação. Na fase alada, os mosquitos podem visitar outras áreas e se reproduzir. E o ciclo novamente se inicia, com os mosquitos ovopositando ovos nos criadouros espalhados pela área modelada. Com relação ao processo de infecção, os mosquitos podem ser infectados por quatro diferentes tipos de vírus quando ocorre um encontro com um humano que já esteja infectado. Com o contato, o mosquito é infectado e passa a infectar a população de humanos e a disseminar a doença.

Referências

- [1] D. J. Gubler, Arch. Med. Res., 33, 2002.
- [2] T. J. P. Penna, J. Statistical Physics, 78 (5), 1995.



SIMULAÇÃO DE MONTE CARLO DE UM MODELO EPIDEMIOLÓGICO PARA DENGUE

Diego R.V. Ribeiro (diego_robles17@hotmail.com)

Reginaldo A. Zara (reginaldo.zara@unioeste.br)

Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Centro de Ciências Exatas e Tecnológicas,
Cascavel

A dengue é causada pela picada do mosquito (vetor) *Aedes aegypti* infectado pelo vírus em humanos (hospedeiros) suscetíveis, enquanto o mosquito adquire o vírus picando pessoas que estejam contaminadas. Uma vez recuperado da doença o indivíduo humano adquire imunidade permanente ao sorotipo com o qual foi infectado. Com isso, em relação a um determinado sorotipo, um indivíduo pode encontrar-se em um estado suscetível, infeccioso ou recuperado. Na modelagem epidemiológica as regras de transição entre os estados relativos à doença em humanos um definem um modelo SIR. Com relação ao mosquito, somente os estados suscetível e infeccioso são observados e a representação é feita através de modelos SI.

A partir destas observações modelos epidemiológicos foram adaptados e definidos sobre redes que representam a rede de contatos entre os indivíduos das populações. Para isso uma fração de indivíduos humanos ρ_H é aleatoriamente distribuída em uma rede, enquanto o restante ($\rho_V = 1 - \rho_H$) é associada a indivíduos vetores. Inicialmente todos os indivíduos são suscetíveis, exceto o elemento que ocupa a posição no centro da rede, o qual se encontra no estado infectado, considerado o foco inicial de infecção. A partir deste ponto, as regras dinâmicas do modelo são aplicadas por um tempo definido de antemão. Como a distribuição das populações de humanos e vetores é feita de maneira probabilística, com geração de configurações estatisticamente independentes, utilizou-se o método de Monte Carlo para as simulações. Considerando tempo de simulação suficientemente longo, ao final da simulação não restam indivíduos infectados no sistema. Neste trabalho a fração total de indivíduos humanos infectados foi avaliada em função da proporção de indivíduos humanos presentes na rede.

Na aplicação da dinâmica do espalhamento para modelo definido sobre rede de células triangulares podem ser observadas duas situações (ou fases) distintas de acordo com a proporção de indivíduos humanos no sistema: para grandes valores de ρ_H o processo infeccioso não se espalha pela rede (fase não epidêmica) enquanto que para valores $\rho_H \cong \rho_c$ o processo infeccioso espalha-se atingindo todo o sistema (fase epidêmica). Entre estas duas situações limites existe região de transição de fases, disparada por um valor mínimo de ρ_H . Do ponto de vista teoria da percolação, pode-se dizer que a fase



epidêmica corresponde à existência de um aglomerado de indivíduos infectados que percola o sistema, sendo o mínimo de ρ_H o limiar de percolação.

Foi investigado também o tempo necessário para a extinção da epidemia como função da fração de indivíduos humanos no sistema (T_0) . Observa-se que, para a fase não percolante a infecção se extingue rapidamente devido a falta de vetores de transmissão enquanto para a fase percolante a infecção espalha-se como um surto agudo, atingindo, simultaneamente grande parte dos indivíduos e o processo infeccioso se extingue devido à falta de indivíduos suscetíveis. Este tempo passa por um máximo próximo ao limiar de percolação, sendo este aumento um fenômeno conhecido na teoria das transições de fase como retardamento crítico. O tempo T_0 pode ser associado à duração do processo infeccioso no sistema: quanto maior o valor T_0 maior é o tempo de permanência da infecção na população. Nestas simulações, os maiores tempos de permanência correspondem a frações de indivíduos humanos próximos ao limiar de percolação, garantindo uma relação ótima de humanos/vetores de forma que o processo infeccioso persista no sistema por mais tempo não exaurindo completamente a população de indivíduos suscetíveis nem se extinguindo rapidamente pela falta de vetores transmissores.



MODELOS DE CONTROLE DE DENGUE

Eduardo Massad (edmassad@usp.br)

Universidade de São Paulo - USP

Através de um estudo de sensibilidade dos indicadores R_0 , Capacidade Vetorial e Força de Infecção aos parâmetros taxa de picadas, capacidade de suporte do meio às formas imaturas, mortalidade larvária e mortalidade de formas aladas comparamos a eficácia relativa de quatro estratégias de controle de dengue. Para os três indicadores a estratégia que se mostrou mais eficaz é a de uso de adulticidas, seguido de repelentes, destruição de criadouros e de larvicidas.



SIMULAÇÃO COM AUTÔMATOS CELULARES PARA ESTUDO DE TRANSIÇÕES DE FASE EM SISTEMAS EPIDEMIOLÓGICOS

Felipe da Cruz Rodrigues (felipefiscacr@gmail.com)

Fabiano Ribeiro (fribeiro@dex.ufla.br)

Departamento de Ciências Exatas, Universidade Federal de Lavras - UFLA

Nesse trabalho foi feito um estudo de um modelo computacional de propagação de doenças. Em especial, um modelo de Autômatos celulares. Nesse modelo, verifica-se que a taxa de infecção da doença afeta a densidade de infectados numa população de autômatos. Verificam-se duas fases acessíveis ao sistema. Na primeira, associada a taxas de infecção menores que, em certo valor crítico, acontece uma eliminação completa e espontânea da doença. Já na segunda, associada a taxas de infecção maiores que esse valor crítico, acontece fixação da doença na população. Esse comportamento, caracterizado por uma transição de fase, é típico de sistemas estudados em Mecânica Estatística.



IS CLIMATE INDUCING DENGUE EPIDEMICS? AN APPROACH BASED ON NEURAL NETWORK AND STATISTICAL METHODS

Flavio Justino (fjustino@ufv.br)

Universidade Federal de Viçosa - UFV

The understanding of the relationship between meteorological variables and dengue is crucial for understanding the potential impacts that climate change may cause in the evolution of dengue. In this sense artificial neural network (RNA) technique has been used to simulate dengue cases in 5 municipalities of São Paulo. The results show that the use of climatic data leads to a decrease in the quality of dengue case simulation by the RNA, i.e. the meteorological variables reduces the “learning” capacity of the network.



A DENGUE NO CONTEXTO DAS MUDANÇAS AMBIENTAIS GLOBAIS

Igor Cavallini Johansen (igorcavallini@gmail.com)

Universidade Estadual de Campinas - UNICAMP

A dengue, enquanto doença multicausal, demanda para sua análise que se leve em consideração um conjunto de fatores que, correlacionados, podem deflagrar ocorrências endêmicas e epidêmicas da doença. Dentre esses fatores, um dos principais observados até então são as deficiências no saneamento ambiental (provimento de água encanada, esgotamento sanitário e coleta de resíduos sólidos). Entretanto, principalmente no médio e longo prazos, novas relações causais passarão possivelmente a se fazer importantes: é o caso das mudanças ambientais globais e seu impacto sobre a intensificação e ampliação das epidemias de dengue. A partir dos mais recentes avanços da bibliografia acerca da relação entre a dengue e as mudanças ambientais globais, busca-se verificar quais seriam os possíveis reflexos dessa relação no crescimento do número de casos confirmados da doença no Brasil em cenários futuros. Para tanto, levam-se em consideração algumas características do país como clima tropical; histórico de dengue nas três últimas décadas; sorotipos circulantes; assim como as condições sócio-ambientais das cidades brasileiras, estas que apresentam a prevalência de importantes gargalos no que diz respeito ao provimento de saneamento ambiental.



REDES COMPLEXAS DE BASE TERRITORIALIZADA

Leonardo Bacelar Lima Santos (santoslbl@gmail.com)¹
Antônio Miguel Vieira Monteiro (miguel@dpi.inpe.br)²

¹Aluno de pós graduação – INPE

²Pesquisador da Divisão de Processamento de Imagens (DPI) – INPE

Redes Complexas são grafos, conjuntos de vértices conectados uns aos outros por arestas, cujas propriedades topológicas não são necessariamente nem regulares, como em autômatos celulares regulares, nem completamente aleatórias, como nos bem conhecidos grafos aleatórios. Podem ser consideradas como grafos não triviais, com um grande número de vértices, muito apropriados para representação de conhecimento, tratamento de dados e modelagem de sistemas complexos - sistemas formados por muitas partes, estas interrelacionadas possivelmente de forma não linear, apresentando comportamentos emergentes, autosimilares e multiescala. Exemplos de sistemas complexos podem ser encontrados especialmente em domínios biológicos, sociais e climáticos. Fenômenos de interação Clima-Ambiente-Saúde são exemplos nos quais Redes Complexas podem representar uma poderosa abordagem e metodologia. A incorporação de componentes espacialmente explícitas em tais dinâmicas implica na necessidade de revisitar as relação vértices-arestas, novas interpretações para índices topológicos tradicionais e o desenvolvimento de índices locais e globais para as chamadas Redes Complexas de Base TerritorIALIZADA. Este trabalho traz um breve panorama histórico datado sobre as contribuições à área desde a teoria dos grafos até os artigos do final do século XX que inauguraram a moderna Teoria de Redes Complexas; os principais artigos publicados com enfoque em Redes Complexas de Base TerritorIALIZADA e algumas das lacunas deixadas pela literatura que podem ser tratadas no doutoramento ao qual este trabalho se reporta.



TERRAME-DENGUE: AN INDIVIDUAL-BASED APPROACH TO HELP UNDERSTANDING THE VULNERABILITY OF URBAN ENVIRONMENTS TO DENGUE TRANSMISSION

Líliam César de Castro Medeiros (lccastro@dpi.inpe.br)

Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais - INPE

We will present an agent based model to understand the dynamics of dengue fever in urban environments (still in development). The model is not designed to predict epidemics, but rather as a tool to explore various scenarios of the disease dissemination. Knowledge gained on different scenarios can help in the formulation of custom intervention plans. In this approach, humans and mosquitoes are agents that are individually monitored during all the iterations. The coexistence of two or more serotypes is also considered, as well as the human mobility. Real geographical data and census information are used as input of the model.



PREVISÃO DO NÚMERO BÁSICO DE REPRODUÇÃO ATRAVÉS DE DADOS REAIS DE EPIDEMIAS DE DENGUE NO RIO DE JANEIRO

Rejane Cristina Dorn (recris30@yahoo.com.br)¹
Suani Tavares Rubim de Pinho (suani@ufba.br)¹,
Cláudia Pio Ferreira (pio@ibb.unesp.br)²
L. Esteva (lesteva@lya.fcencias.unam.mx)³

¹ Instituto de Física, Universidade Federal da Bahia, 40210-340, Salvador, Brasil.

² Depto de Bioestatística, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista, 18618-000, Botucatu, SP, Brasil.

³ Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, 04510, México, DF, Mexico.

Dengue é uma arbovirose transmitida pelo mosquito *aedes aegypti* e hoje é a principal doença emergente no mundo, estando em expansão desde a década de 50, com sua propagação facilitada pelo avanço dos sistemas de transporte, pela produção de descartáveis e sua ocupação no meio ambiente e pelo crescimento da população global, associada com a urbanização descontrolada (1). Já o desenvolvimento do vetor é favorecido por condições climáticas (temperatura, pluviosidade e altitude) e socioeconômicas. A dinâmica de transmissão da doença é determinada pela interação do meio ambiente, da população hospedeira e do vetor existentes em um mesmo habitat (1). Há quatro tipos de sorotipos distintos de dengue, conhecidos como DENV1, DENV2, DENV3 e DENV4. O hospedeiro adquire imunidade após a infecção por um desses sorotipos podendo, entretanto, ser infectado com outro tipo de sorotipo. Como não há vacinas contra a doença, a única medida de controle é através do vetor. As medidas preventivas são direcionadas ao criadouro e ao mosquito e são feitas campanhas contra o vetor, mas pouco se conhece sobre o impacto dessas medidas na propagação da virose no país (2).

Os modelos matemáticos e computacionais podem auxiliar a descrever a dinâmica de transmissão da dengue. Um parâmetro importante nesses modelos é o número básico de reprodução, representado por R_0 , que descreve o número de casos secundários causados em uma população inteiramente suscetível por um único caso. Se $R_0 < 1$, não há epidemia, ou seja, a infecção não consegue se estabelecer na população hospedeira. Ou seja, o valor de R_0 é um bom indicador do risco de uma epidemia e a estimativa de seu valor é importante para o controle da infecção (3).

Nesse trabalho, propomos estimar R_0 de dados reais de dengue da cidade do Rio de Janeiro, nos anos 2002 e 2007 através do método proposto por Pinho et. al (4), que faz uma relação entre R_0 e a taxa de infecção, usando parâmetros entomológicos do mosquito, baseados na temperatura média do Rio de Janeiro, como taxa de mortalidade e taxa de incubação extrínica e parâmetros relacionados aos indivíduos, como mortalidade humana, período de incubação da doença e período de recuperação. A força de infecção da epidemia de dengue é obtida dos casos reais, através da inclinação da reta do número de novos casos pelo número de casos acumulados por semana.



Em 2002, no Rio de Janeiro houve a mais grave epidemia de dengue, com a entrada em 2001 do sorotipo DENV3 (5), contando com 145.799 casos. Apesar de também circularem o sorotipo 1 e 2, o predomínio foi o do sorotipo 3. Considerando nenhum controle sobre os mosquitos, obtivemos $\lambda = 0,396 \pm 0,070$ semanas⁻¹, o que resulta em $R_0 = 2,7$, valor próximo do obtido em Salvador, no mesmo ano, por Pinho et. al (4), $\lambda = 0.38 \pm 0,02$ semanas⁻¹ e $R_0 = 2,65$.

Após 2002, houve uma queda da incidência, retornando uma tendência de crescimento a partir de 2005 (6). Em 2007 há números significativos de casos da doença, com predominância do sorotipo DENV3 e menor incidência do DENV1 e DENV2, onde obtivemos $R_0 = 1,47$ com $\lambda = 0,115 \pm 0,09$ semanas⁻¹.

No ano de 2008, há uma inversão da predominância do sorotipo, com números maiores de infectados para o sorotipo DENV2, sem registros de DENV1. Nesse caso, pretendemos fazer um estudo para obter o número básico de reprodução considerando em seu cálculo mais de um sorotipo, baseado no trabalho de Esteva et. al (7).

Em um trabalho futuro, pretendemos estimar o efetivo número de reprodução, $R(t)$, definido como o número de casos secundários a partir de um único infectado com sintomas no início de uma semana t . Além disso, pretendemos analisar como a variação de temperatura em relação aos parâmetros entomológicos afetam as epidemias de dengue, usando o modelo matemático proposto por Pinho et. al (4).

Referências

- [1] Gluber, D. J.: Dengue and Dengue Hemorrhagic Fever, *Clin. Microbiol.* 3, 480-496, (1998).
- [2] Yang, H. M.: Epidemiologia da Transmissão da Dengue, *Tend. Mat. Apl. Comput.*, 4, 387-389 (2003).
- [3] Wallinga, J., Lipsitch M.: How generation intervals shape the relationship between growth rates and reproductive number, *Proc. R. Soc. B* 274, 599-604 (2007).
- [4] Pinho, S. T. R. , Ferreira, C. P., Esteva, L., Barreto, F. R., Morato e Silva, V. C., Teixeira, M. G. L.: Modelling the dynamics of dengue real epidemics, *Phil. Trans. R. Soc. A* 368, 5679-5693 (2010).
- [5] Passos, M. N. P. P., Santos, L. M. J. G., Pereira, M. R. R., Casali, C. G., Fortes, B. P. M. D., Valencia, L. I., Alexandre, A. J., Medronho, R. A.: Diferenças clínicas observadas em pacientes com dengue causadas por diferentes sorotipos na epidemia de 2001/2002, ocorrida no município do Rio de Janeiro, *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* 37, 293-295, (2004).
- [6] Barreto, F. R., Teixeira, M. G. L.: Dengue no Brasil: situação epidemiológica e contribuições para uma agenda de pesquisa, *Estudos Avançados* 22, 53-72 (2008).
- [7] Esteva, L., Vargas, C. : Coexistence of different serotypes of dengue vírus, *Math. Biosc.* 46, 31-47 (2003).



ANÁLISE E MODELAGEM DE SÉRIES TEMPORAIS DE PRECIPITAÇÃO E TEMPERATURA MÉDIA NO MUNICÍPIO DE CASCAVEL-PR

Renato dos Santos Sanches (renato.dssanches@gmail.com)

Universidade Estadual do Oeste do Paraná – UNIOESTE

Analisar e modelar séries temporais de dados meteorológicos, que podem vir a ter relação com o desenvolvimento da dengue no município de Cascavel-PR. Os modelos utilizados foram modelos estocásticos autorregressivos integrados médias móveis sazonais (SARIMA), que possibilitam realizar previsões de valores futuros com base nas observações feitas durante um período no tempo.

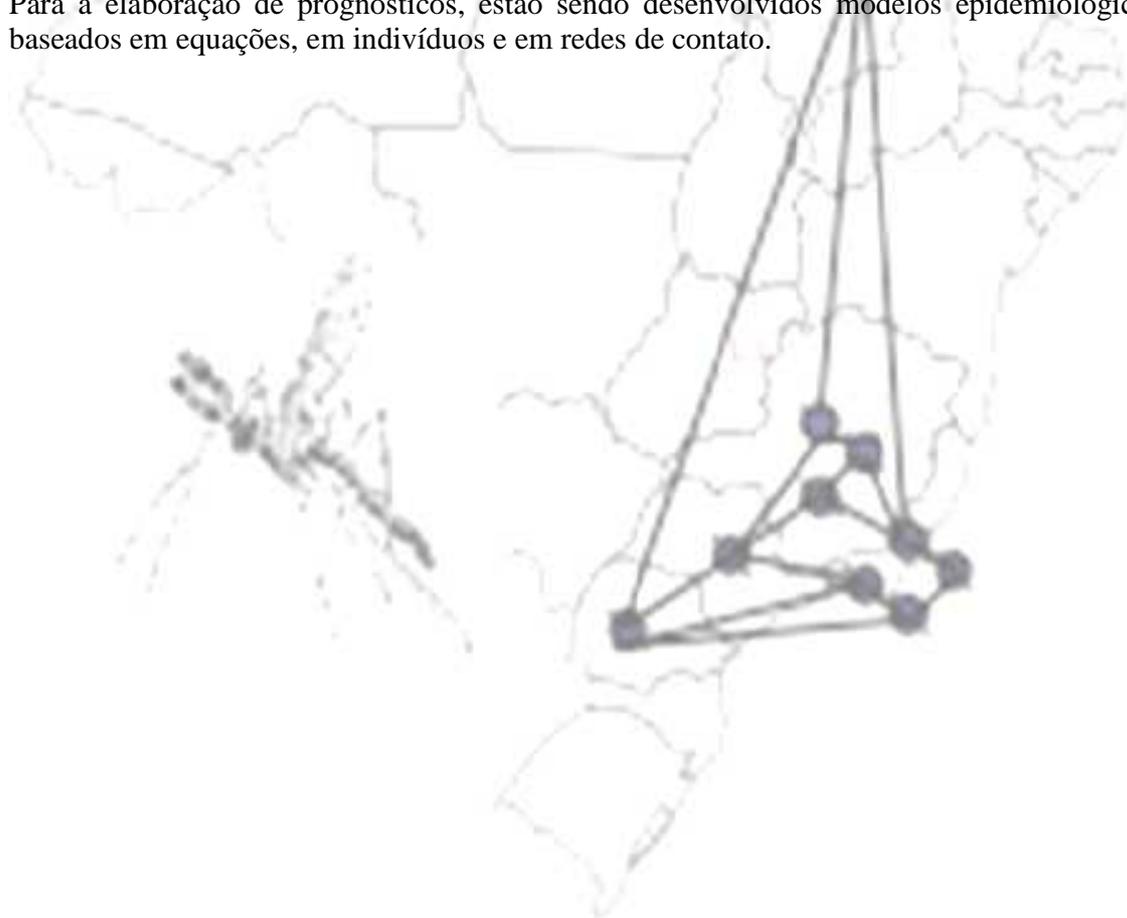


O ESTÁGIO ATUAL DOS TRÊS MÓDULOS DO SIGDENGUE: SISTEMA DE INFORMAÇÃO, LEVANTAMENTO E TRATAMENTO DE DADOS E SIMULAÇÃO COMPUTACIONAL

Rogério Rizzi(rogeriorizzi@hotmail.com)
Andre Brun (andrebrun@hotmail.com)

Universidade Estadual do Oeste do Paraná – UNIOESTE

O Sistema de Informação para Aquisição, Manipulação e Tratamento de Dados sobre a Dengue – SIGDENGUE está sendo desenvolvido e implementado com os objetivos de prover o registro dos dados relativos às operações de campo realizadas pelos agentes de saúde atuantes no controle e prevenção da dengue. Além disso, poderá armazenar e manipular informações estatísticas e georreferenciadas incluindo aquelas referentes às sublocalidades de dengue identificadas e monitoradas pelo competente Setor do Município. Para a elaboração de prognósticos, estão sendo desenvolvidos modelos epidemiológicos baseados em equações, em indivíduos e em redes de contato.



MELHORIAS NA FERRAMENTA DE SIMULAÇÃO COMPUTACIONAL PARA DENGUE: IMPLEMENTAÇÃO DA DIMENSÃO ESPACIAL E CLIMÁTICA

Rosana Áurea Tonetti Massahud (rosanamassahud@gmail.com)
Carolina Cristina Bicalho (carolinabicalho@gmail.com)

Departamento de Ciências Exatas, Universidade Federal de Lavras - UFLA

A ferramenta FREEDI - Ferramenta eletrônica de Estudo de doenças infecciosas, baseada em agentes computacionais e autômatos celulares, implementa um modelo para simulação da propagação de epidemia de dengue. O *software* proposto está atualmente num processo de implementação e validação de melhorias para ser efetivamente usado por agentes das secretarias de saúde, como recurso auxiliar para ações e tomadas de decisão. No entanto, um problema das secretarias é a escassez de dados e informações relacionadas, principalmente no que se refere à distribuição geográfica dos casos da doença. Além disso, é importante que o modelo implementado na ferramenta considere os fatores climáticos na incidência de casos de dengue. Sabe-se que em certas condições climáticas, como aumento da temperatura, pluviosidade e umidade do ar, pode ocorrer o aumento do número de criadouros disponíveis e também o desenvolvimento do vetor. Há, no entanto, controvérsias quanto à influência que os fatores climáticos exercem na dinâmica comportamental das epidemias de dengue. Sendo assim, uma das melhorias incorporadas à ferramenta computacional se refere a um cadastro de marcadores, pontos de focos da doença, em um mapa, para que assim os padrões espaciais de distribuição da dengue sejam melhor visualizados. A tecnologia utilizada nesta implementação é o Google Maps e está atualmente em fase de testes de *performance*. Aliado a isto, é necessário desde já mapear o comportamento da doença no que se refere à interferência dos fatores climáticos na progressão da doença. Para este mapeamento, é proposto o uso da lógica *fuzzy*. A implementação e testes das melhorias está sendo realizada utilizando-se os dados de casos de dengue da cidade de Lavras, Minas Gerais, obtidos junto à Secretaria de Saúde, sendo os dados climáticos obtidos na estação climatológica da cidade. Espera-se com este estudo obter melhores condições para simulação computacional com a ferramenta, utilizando para isso, dados mais confiáveis e mais próximos da realidade, obtendo informações mais significativas da dinâmica comportamental da dengue em relação às suas variáveis espaciais e ambientais.

Palavras-chave: Dengue, Simulação computacional, modelagem espacial, *fuzzy*.



MODELAGEM DE PROPAGAÇÃO DA DENGUE COM O USO DE EQUAÇÕES DIFERENCIAIS E MODELOS TIPO SEIR

Stella Olívia da Silva (stellaufla@gmail.com)

Iraziet Charret (iraziet@dex.ufla.br)

Departamento de Ciências Exatas, Universidade Federal de Lavras – UFLA

Esse trabalho se baseou em um modelo proposto inicialmente por Yang e Ferreira (2008)[1]. Tal modelo consiste em um conjunto de equações diferenciais ordinárias (EDO) que descrevem a dinâmica da interação entre a população de humanos e de *Aedes aegypti* na presença de um sorotipo do vírus da Dengue. Nesse modelo, todas as fases de desenvolvimento do mosquito são consideradas. Além disso, temos a presença de uma EDO que representa a classe, tanto para humanos quanto para mosquitos, de indivíduos que possuem o vírus, mas ainda não são capazes de transmiti-lo, a chamada de classe dos 'expostos'. A presença dessa classe no conjunto de equações é o que caracteriza um modelo do tipo SEIR.

A capacidade de suporte ambiental também é levada em conta, e aparece na equação de ovos sendo considerada como o espaço existente para a deposição dos ovos. Nesse trabalho representamos sua redução através da eliminação dos criadouros retirados mecanicamente do ambiente, o chamado controle mecânico. Essa capacidade de suporte é representada pela a equação abaixo:

$$C' = C_i C_{fixo}$$

onde C_{fixo} representa a capacidade de suporte máxima de cada período do ano de acordo com as condições de chuva e temperatura (Favorável, Desfavorável e Intermediário). Já C_i representa a eficiência desse controle mecânico na redução dos criadouros do mosquito, adquirindo valores, por meio de um sorteio aleatório, no intervalo]0,1]. Quando C_i for próximo de zero significa que o controle foi bem efetivo, em contra partida quando recebe valores mais próximos de um, o controle naquele tempo não alterou em nada a capacidade de suporte do ambiente.

Outra forma de controlar a disseminação da dengue testada nesse trabalho foi a utilização de substâncias químicas que tem impacto nas populações de adulto e larva, os inseticidas e larvicidas respectivamente. Para representar esse controle foram criadas equações de decaimento exponencial que representam a duração desse controle no ambiente conforme a tabela abaixo.

Essas funções permitem que o controle químico permaneça no ambiente por um período de 15 dias, iniciando com um valor máximo e tendo esse valor, e consequentemente o seu impacto na população, reduzido a medida que o tempo passa.

Além desses dois tipos de controle que visam a diminuição do tamanho populacional de mosquitos, também foi considerada uma suposta campanha de vacinação.



Nessa campanha, indivíduos são retirados do compartimento de suscetíveis e adicionados diretamente no compartimento de recuperados, assim não passam pelo estágio de infecção, o que significa que não contraíram a doença. Essa campanha teve ainda a inclusão de um termo que representa a eficiência da vacina, já que se sabe que não existe vacina com 100% de eficiência.

Para todos os tipos de controle acima foram considerado dois tipos de crescimento da população humana, com e sem crescimento exponencial, e apenas um sorotipo do vírus da dengue. Assim pudemos ver os efeitos desses controles quando existe uma diferença na taxa de crescimento da população humana.

Para os dois tipos de crescimento humano o controle mecânico foi efetivo na diminuição da população de mosquitos, mas não impediu que a dengue continuasse no sistema. O controle químico, representado nesse trabalho por inseticidas e larvicidas com duração de 15 dias, foi eficiente na eliminação da população de mosquitos infectados quando a população humana não crescia exponencialmente. Quando esse crescimento era do tipo exponencial esse inseticida não conseguiu exterminar os mosquitos infectados mesmo quando aplicado ao longo do ano inteiro.

Mesmo eliminando toda a população de infectados do sistema o controle químico não conseguiu eliminar os mosquitos suscetíveis e o aparecimento de indivíduos infectados no período em que esse controle não era aplicado, faz com que a dengue tenha novamente ciclos periódicos.

A campanha de vacinação teve algumas diferenças para cada tipo de crescimento. Quando consideramos o crescimento humano de forma exponencial a retirada de indivíduos foi proporcional ao total da população. A taxa de vacinação foi de 20%. Dessa forma fixamos a taxa de eficiência em 100% e variamos o tempo de duração da campanha. Para uma eficiência de 100% a campanha deveria ter a duração de 3 meses consecutivos para eliminar a dengue da população humana. Com o tempo de duração determinado, variamos a taxa de eficiência e encontramos que esta deve ser de pelo menos 80%. Quando o taxa de crescimento da população humana não gerou um crescimento exponencial, a campanha de vacinação foi feita durante um mês retirando um número fixo de 200 indivíduos do compartimento de suscetíveis com uma taxa de eficiência de 80%. Com esses parâmetros a campanha elimina a dengue por pelo menos 30 anos do sistema se for mantida por um período de 10 anos. Caso esse tempo não seja mantido a dengue reaparece bem antes no sistema.

Podemos notar que os modelos matemáticos são bastante úteis para a observação da dinâmica de doenças infecciosas como a Dengue, mas que ainda são necessárias pesquisas de campo a fim de entender melhor os mecanismos responsáveis pela geração dessas dinâmicas. Além disso, mais simulações devem ser feitas a fim de considerar um tempo maior de observação, a possibilidade do aparecimento dos outros sorotipos da doença e formas biológicas de eliminação do vetor.

Referências

[1] H. M. Yang, C. P. Ferreira, Assessing the effects of vector control on dengue transmission. *Applied Mathematics and Computation*, 198 (2008) 401-413.



ASPECTOS TEMPORAIS E ESPACIAIS DA DINÂMICA E DO CONTROLE DA DENGUE: CONEXÃO ENTRE MODELOS E DADOS REAIS

Suani T. R. Pinho (suani@ufba.br)

Instituto de Física, Universidade Federal da Bahia - UFBA

A complexidade envolvida na dinâmica das doenças transmissíveis faz da modelagem matemática uma importante ferramenta para sua compreensão. No caso das doenças de transmissão indireta, como a dengue, tal complexidade é potencializada pelo fatores climáticos devido a presença do vetor. Neste projeto, estudamos a dinâmica e o controle da dengue usando diferentes técnicas de modelagem: equações diferenciais ordinárias, autômatos celulares e dinâmica estocástica. Tais análises são baseadas em dados temporais, espaciais e espaço-temporais de dengue em centros urbanos brasileiros, particularmente da cidade de Salvador, bem como em dados climatológicos. Inspirados pelo sistema de monitoramento online *influenzanel*, iniciamos o sistema de monitoramento *denguenaweb*, com o plano piloto em Salvador, visando estabelecer um banco de dados espaço-temporais que poderá auxiliar o sistema de vigilância epidemiológica da dengue bem como fornecer dados espaço-temporais relevantes para o trabalho de pesquisa em modelagem da dengue. Esperamos que o trabalho de modelagem, por sua vez, possa contribuir principalmente para o controle do vetor nesta etapa, e, futuramente em estratégias de aplicação da vacina. Este projeto tem sido desenvolvido juntamente com pesquisadores do Instituto de Física da UFBA (José Miranda e Roberto Andrade), Instituto de Saúde Coletiva da UFBA (Florisneide Barreto, Glória Teixeira e Maurício Barreto), do Instituto de Biociências da UNESP de Botucatu (Claudia Ferreira), da Facultad de Ciências da Universidade Autónoma do Mexico (Lourdes Esteve), do Instituto de Física da USP (Tânia Tomé e Mario de Oliveira) e do Instituto Gulbenkian de Ciência (Gabriela Gomes).



A REDE DE PESQUISA PRONEX-DENGUE NA UFOP EM 2011

Tiago Garcia de Senna Carneiro (tiago@iceb.ufop.br)

Departamento de Computação, Universidade Federal de Ouro Preto - UFOP

Nesta palestra serão apresentados as iniciativas e avanços atingidos pela equipe do laboratório TerraLAB - UFOP no contexto do projeto PRONEX Dengue, durante o ano de 2011. Serão discutidos os resultados obtidos em experimentos que avaliaram diferentes alternativas para incorporação de dados pluviométricos e da variação da capacidade de suporte ambiental na simulação da dinâmica populacional de *Aedes aegypti*. Ainda dentro das atividades de modelagem, serão apresentados avanços no desenvolvimento de ferramenta para calibração e validação dos modelos de simulação. Como também, serão apresentados os avanços iniciais no desenvolvimento de ferramentas para automatização na organização dos dados coletados, associação desses dados geográficos e a análise espacial dos mesmos. Além disso, serão apresentadas novas parcerias que levarão a novos avanços nas pesquisas em andamento.

