

Guilherme Klein da Silva Biencourt

*Modelagem e simulação de comportamento
epidemiológico baseado em Sistemas Multiagentes*

Florianópolis

2010

Guilherme Klein da Silva Biencourt

***Modelagem e simulação de comportamento
epidemiológico baseado em Sistemas Multiagentes***

Trabalho de conclusão de curso apresentado
para obtenção do título em Bacharel em Ciências da Computação.

Orientador: Ricardo Azambuja Silveira

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA
CENTRO TECNOLÓGICO
DEPARTAMENTO DE INFORMÁTICA E ESTATÍSTICA
CURSO DE BACHAREL EM CIÊNCIAS DA COMPUTAÇÃO

Florianópolis

2010

Trabalho de Conclusão de Curso sob o título Modelagem e simulação de comportamento epidemiológico baseado em Sistemas Multiagentes, defendido por Guilherme Klein da Silva Bitencourt e aprovada em de de 2010, em Florianópolis, Estado de Santa Catarina, pela banca examinadora constituída pelos professores:

Dr. Ricardo Azambuja Silveira
Orientador

Dr. Mauro Roisenberg
Universidade Federal de Santa Catarina

Dra. Luciana de Oliveira Rech
Universidade Federal de Santa Catarina

Agradecimentos

Agradeço especialmente aos meus pais Anita Maria Klein da Silva e Visnoni de Bitencourt e a minha namorada Vanessa pelo apoio ao longo desses anos.

Aos meus colegas de laboratório Amanda Costa Corrêa, Ronaldo Campos, Abner Rodrigues, Thiago Gelaim e Rafaela Lunardi Comarella pela ajuda na formulação do meu TCC.

Ao meu orientador Ricardo Azambuja Silveira e aos professores Mauro Roisenberg e Luciana de Oliveira Rech por terem aceitado o convite para participar da banca examinadora.

Sumário

Lista de Figuras

Lista de Abreviaturas e Siglas

Resumo

Abstract

1	Introdução	p. 7
1.1	Motivação	p. 7
1.2	Objetivos	p. 8
1.3	Objetivos Específicos	p. 8
1.4	Organização do Trabalho	p. 8
2	Fundamentação Teórica	p. 10
2.1	Comportamento epidemiológicos e modelos matemáticos	p. 10
2.1.1	SIR Model	p. 10
2.1.2	O Modelo de Kermack-McKendrick	p. 11
2.1.3	SEIR Model	p. 13
2.1.4	Modelo Baseado em Agentes	p. 14
2.2	Agentes	p. 15
2.2.1	Agentes Reativos Simples	p. 16
2.2.2	Agentes com Aprendizagem	p. 17
2.2.3	Sistemas Multiagentes	p. 18

3 Metodologia	p. 19
3.1 NetLogo	p. 20
3.2 Vírus H1N1	p. 21
3.2.1 Estratégias de Controle	p. 22
4 Desenvolvimento	p. 23
4.1 Modelo Proposto	p. 23
4.2 Características do SMA	p. 24
4.2.1 Ambiente	p. 24
4.2.2 Agentes	p. 24
4.3 Cenários Simulados	p. 26
4.4 Validação	p. 27
4.4.1 Resultados Obtidos	p. 29
4.5 Simulações e resultados utilizando estratégias de controle	p. 30
5 Considerações Finais	p. 35
5.0.1 Contribuições	p. 35
5.0.2 Trabalhos Futuros	p. 36
Referências Bibliográficas	p. 37
Apêndice A – Código Fonte	p. 39

Lista de Figuras

1	Modelo SIR	p. 11
2	Modelo SEIR	p. 13
3	Modelo Baseado em Agentes. Fonte Khalil(2010)	p. 14
4	Modelo Geral de Agente. Fonte: Russell e Norvig (2004)	p. 16
5	Modelo de Agente Reativo Simples. Fonte: Russell e Norvig (2004)	p. 17
6	Modelo de Agente com Aprendizagem. Fonte: Russell e Norvig (2004)	p. 17
7	Modelo Proposto	p. 24
8	Ambiente do SMA criado no NetLogo	p. 25
9	Ciclo de Ações dos Agentes	p. 25
10	Modelo SEIR	p. 28
11	Simulação - Cenário 1	p. 28
12	Gráfico Mathematica	p. 29
13	Gráfico Cenário 1	p. 30
14	Gráfico Cenário 2	p. 31
15	Gráfico de Imunidade - Cenário 2	p. 32
16	Gráfico Cenário 3	p. 32
17	Gráfico de Imunidade do Cenário 3	p. 32
18	Gráfico Cenário 4	p. 33
19	Gráfico Cenário 5	p. 33
20	Gráfico Cenário 6	p. 33
21	Gráfico de Imunidade do Cenário 6	p. 34

Lista de Abreviaturas e Siglas

- **ME** - Modelos Epidemiológicos;
- **WHO** - *World Health Organization*;
- **SIR** - *Epidemiological Model Susceptible, Infected and Recovered*;
- **SEIR** - *Epidemiological Model Susceptible, Exposed, Infected and Recovered*;
- **SMA** - Sistema Multiagentes;
- **PI** - Período de Incubação;
- **PT** - Período de Transmissão;
- **RO** - *Basic Reproduction Number*;
- **TRH** - Período de Recuperação do Hospedeiro;
- **TL** - Taxa de Letalidade;

Resumo

Os modelos epidemiológicos são ferramentas importantes para a análise e compreensão de epidemias na população humana, que ajudam a levantar e testar estratégias de controle que auxiliam no combate a essas doenças. Os modelos matemáticos são bastante utilizados para esse propósito e possuem um alto grau de precisão porém são de difícil implementação, por utilizarem equações diferenciais e terem alta dependência de dados.

Partindo-se desse pensamento, esse trabalho propôs a criação de um modelo epidemiológico computacional, baseado na abordagem de Sistemas Multiagentes(SMA), que demonstrou ser capaz de gerar resultados próximos a modelagem matemática, além de possuir uma implementação mais simples, flexível e compreensível, utilizando ferramentas adequadas.

Palavras-chave: Sistemas Multiagentes, modelos epidemiológicos, modelos matemáticos.

Abstract

The epidemiological models are important tools for the analysis and understanding of epidemics in human populations, which help to raise and test control strategies that assist in combating these diseases. Mathematical models are widely used for this purpose and have a high degree of accuracy, but are difficult to implement, because they use differential equations and their high dependence on data.

Starting from this thought, this paper proposed the creation of an epidemiological model computational approach based on Multiagent Systems (MAS), which has been shown to generate results close to the mathematical model, also has a simpler implementation, flexible and understandable using appropriate tools.

Keywords: Multiagents Systems, epidemiological models, mathematical models.

1 *Introdução*

Na ausência de sistemas de detecção confiável de epidemias, os modelos e sistemas computacionais tornaram-se uma importante ferramenta de informação para os responsáveis pela saúde pública e para o público em geral. Esses modelos podem ajudar na criação de um visão global do comportamento dos surtos de doenças infecciosas através da análise da propagação dessas em uma determinada população. Uma das abordagens mais utilizadas, em larga escala nos últimos anos, para a criação de modelos é a de Sistemas Multiagentes(SMA), os quais são uma poderosa técnica de modelagem e simulação de aplicações para problemas do mundo real (TIMPKA et al., 2009).

1.1 *Motivação*

Os modelos matemáticos epidemiológicos - tais como *Epidemiological Model Susceptible, Infected and Recovered*(SIR) e *Epidemiological Model Susceptible, Exposed, Infected and Recovered* (SEIR) - são bastante utilizados para a análise e compreensão de epidemias, com o objetivo de examinar os efeitos sobre a população ao se utilizar diferentes estratégias de combate à doenças (HETHCOTE, 2000). Assim, através dos estudos realizados nesse trabalho, pretende-se analisar a eficácia da utilização de SMA, em comparação com modelos matemáticos, como ferramenta para implementação de modelos epidemiológicos, bem como examinar o uso de diferentes estratégias de controle no combate a epidemias, para ilustrar o uso deste modelo.

Utilizando-se a abordagem de SMA, o conhecimento pode ser representado de forma mais simples, usando as características das doenças como parâmetros do modelo, tais como: taxa de contágio, período de incubação, tempo de duração da doença, letalidade, entre outros. Outra vantagem de usar-se essa técnica é deixar o modelo genérico, servindo como base para um futuro desenvolvimento de um modelo mais robusto.

Devido a capacidade de simular a interação social entre indivíduos, facilidade de imple-

mentação e por não ser altamente dependente dos dados escolheu-se o uso de um SMA ao invés de um modelo matemático, pois a construção desse leva tempo, sua modelagem é complexa (utiliza várias equações diferenciais) e é altamente dependente dos dados. Outra característica importante dos SMA é a capacidade de criar-se diferentes situações para o uso de estratégias de controle, apenas alterando-se o valor de algumas variáveis, enquanto nos modelos matemáticos é necessário mudar suas equações, tornando essa tarefa mais custosa. Assim acredita-se que a abordagem de SMA pode ser uma boa alternativa em detrimento dos modelos matemáticos para simulação de epidemias.

1.2 Objetivos

Esse trabalho tem como objetivo principal avaliar a eficácia da utilização de modelos computacionais baseados em SMA para análise de comportamento epidemiológico.

1.3 Objetivos Específicos

- Caracterizar o comportamento epidemiológicos e seus principais modelos representativos.
- Caracterizar as principais estratégias de controle epidemiológicos.
- Analisar o comportamento de doenças epidemiológicas baseado nos modelos existentes;
- Caracterizar a utilização de SMA para a construção de modelos computacionais;
- Construir um modelo computacional baseado em SMA para a caracterização do comportamento epidemiológico de uma doença;
- Validar o modelo computacional proposto baseado nos modelos matemáticos existentes.

1.4 Organização do Trabalho

Capítulo 2 apresenta quatro modelos epidemiológicos: SIR, SEIR, Kermack-McKendrick e o SMA proposto por (KHALIL et al., 2010); uma descrição de agentes e SMA.

Capítulo 3 descreve a metodologia de trabalho, cita algumas características da ferramenta NetLogo, quais as características do vírus H1N1 e apresenta uma breve descrição das estratégias de controle adotadas no modelo.

Capítulo 4 descreve o modelo proposto, suas características, sua validação e os resultados obtidos.

Capítulo 5 conclui a monografia e sugere trabalhos futuros, como pesquisas futuras e melhorias que possam ser feitas ao que foi desenvolvido.

2 *Fundamentação Teórica*

2.1 Comportamento epidemiológicos e modelos matemáticos

Através de modelos epidemiológicos, podemos construir a dinâmica evolutiva da disseminação de certas doenças em uma população, isso pode ser feito através do conhecimento dos mecanismos de funcionamento dessas doenças, como o ciclo de transmissão, período de incubação, período infeccioso, transmissão da doença, entre outros. A grande motivação de estudos sobre epidemias é a determinação de ocorrência dessas na população humana, procurando por formas de intervenção e controle. Assim, por meio desses modelos, podemos levantar e testar hipóteses que auxiliem o entendimento da disseminação dessas epidemias entre os humanos.

2.1.1 SIR Model

O SIR é um modelo epidemiológico, bastante utilizado para a simulação de doenças, que calcula o número teórico de pessoas infectadas com uma doença contagiosa em uma população fechada (número fixo de indivíduos) ao longo do tempo t . O nome desta classe de modelos deriva do fato de que elas envolvem equações que relacionam o número de pessoas suscetíveis (Susceptible) $S(t)$, o número de pessoas infectadas (Infectious) $I(t)$, e o número de pessoas que se recuperaram (Recovered) $R(t)$. Para uma determinada doença em uma população específica, essas funções podem ser trabalhadas, a fim de prever possíveis surtos e torná-los sob controle. (WEISSTEIN, 2010)

Analisando as funções, percebe-se que o modelo é dinâmico, no qual cada uma delas altera seu valor em função de t . A importância deste aspecto dinâmico é mais evidente em uma doença endêmica, com um período curto das infecções. Estas doenças tendem a ocorrer em surtos cíclicos devido à variação no número de suscetíveis $S(t)$ ao longo do tempo. Durante uma epidemia, o número de indivíduos suscetíveis cai rapidamente à medida que mais deles estão infectados e, portanto, estão no estado infeccioso ou recuperado. A doença não poderá evoluir novamente até que o número de suscetíveis aumente, como resultado de novos nascimentos no

estado S.

Cada membro da população, normalmente, passa do estado suscetível para infeccioso, e desse para recuperado. Isso é mostrado na figura 1, no qual as caixas representam os diferentes estados e as setas as transições entre os estados. A transição de S para I, depende de β , onde β é a probabilidade de um indivíduo suscetível contrair a doença quando em contato com um infectado, e a transição de I para R, depende de ν , que é a taxa de recuperação. Se a duração da infecção é denotada por D , então $\nu = 1/D$, uma vez que a recuperação de um indivíduo será em D unidades de tempo.

É importante ressaltar que a permanência de cada indivíduo em um dos estados (S, I ou R) é uma variável aleatória com distribuição exponencial. Distribuições mais complexas e realistas podem ser igualmente utilizadas com algumas modificações.

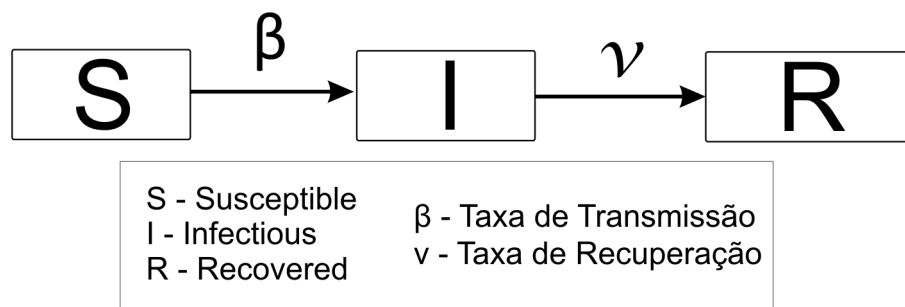


Figura 1: Modelo SIR

2.1.2 O Modelo de Kermack-McKendrick

O modelo Kermack-McKendrick é um modelo SIR utilizado para calcular o número de pessoas infectadas com uma doença contagiosa em uma população fechada. Ele assume que o tamanho da população é fixo, nascimentos e mortes (natural ou causada pela doença) são desconsiderados, o período de incubação do agente infeccioso é instantâneo e que a população é completamente homogênea, sem idade, sem estrutura espacial e estrutura social. Esse modelo foi proposto para explicar a rápida ascensão e queda no número de pacientes infectados observados em epidemias como a peste (Londres 1665-1666, Bombay 1906) e a cólera (Londres 1865) (WEISSTEIN, 2009).

O modelo consiste em um sistema de três equações diferenciais ordinárias não lineares:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (2.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \quad (2.2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (2.3)$$

Onde t é o tempo, $S(t)$ o número de pessoas suscetíveis, $I(t)$ o número de pessoas infectadas, $R(t)$ o número de pessoas que se recuperaram e desenvolveram imunidade à infecção, β a taxa de infecção e γ a taxa de recuperação. Fica evidente que a equação 2.4 é verdadeira, já que o modelo assume um tamanho (N) fixo para a população.

$$S(t) + I(t) + R(t) = N \quad (2.4)$$

O valor chave que rege a evolução temporal destas equações é chamado de R_0 ("basic reproduction number"),

$$R_0 = \frac{\beta S}{\gamma} \quad (2.5)$$

A notação R_0 não possui nenhuma relação com R , R_0 é definido como o número de infecções secundárias, causadas por uma infecção primária única, em outras palavras, ele determina o número de infecções causadas por uma única pessoa infectada antes de sua morte ou sua recuperação. Portanto quanto maior o seu valor, maior será o número de novas infecções.

Segundo (WEISSTEIN, 2009), quando $R_0 < 1$, cada pessoa que contrai a doença pode infectar menos que uma pessoa antes de morrer ou recuperar-se, de modo que o surto irá se esgotar ($dI/dt < 0$). Quando $R_0 > 1$, cada pessoa que adquire a doença irá infectar mais de uma pessoa, assim a epidemia vai se espalhar ($dI/dt > 0$). A fórmula 2.5 acima, aplica-se somente ao modelo básico de Kermack McKendrick, para outros modelos SIR que tenham diferentes fórmulas para dI/dt , a fórmula para R_0 também será diferente.

O modelo Kermack-McKendrick foi trazido de volta à proeminência depois de décadas de negligência. Versões mais complexas do modelo Kermack-McKendrick que refletem melhor a biologia real de uma determinada doença são frequentemente utilizados pelos estudiosos.

2.1.3 SEIR Model

Como pode ser visto na figura 2, o modelo SEIR é uma extensão do modelo SIR. Nesse não existe um período de incubação(latência) da doença, um indivíduo saudável ao entrar em contato com um infectado contrai os sintomas imediatamente. Já no modelo SEIR há um estado E(Exposed) que representa o estado de latência(período de incubação), os indivíduos nesse estado estão com o agente infeccioso em seu organismo, porém ainda não contraíram os sintomas (WIKIPEDIA, 2010).

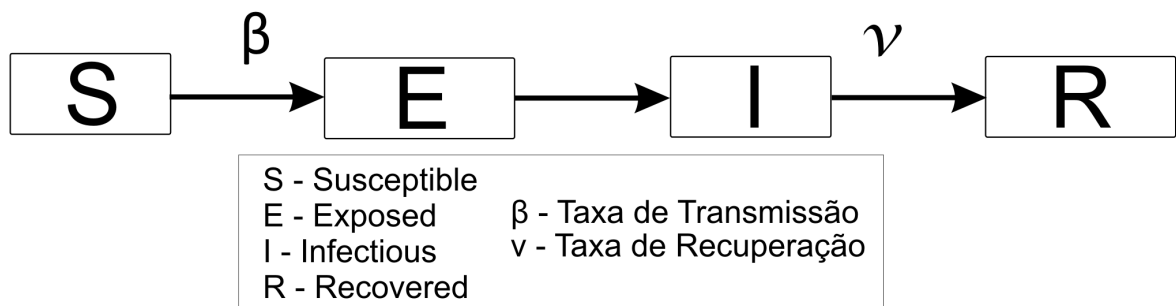


Figura 2: Modelo SEIR

Nesse modelo a população(N) está dividida em quatro estados: *susceptible*(S), *exposed*(E), *infectious*(I) e *recovered*(R). A proporção de indivíduos em cada estado é representada respectivamente pelas equações: 2.6, 2.7, 2.8, 2.9, portanto $N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$.

$$\frac{dS}{dt} = B - \beta SI - \mu S \quad (2.6)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - (\epsilon + \mu)E \quad (2.7)$$

$$\frac{dI}{dt} = \epsilon E - (\gamma + \mu)I \quad (2.8)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \quad (2.9)$$

Onde β representa a taxa de infecção, γ a taxa de recuperação, μ taxa média de mortes e B taxa média de nascimentos na população

Como pôde ser observado, os modelos matemáticos são complexos, possuem equações diferenciais difíceis de serem criadas e analisadas e sua implementação computacional é custosa.

Por esses motivos escolheu-se utilizar uma abordagem de SMA para representar comportamentos epidemiológicos, como uma alternativa mais viável em relação aos modelos matemáticos já existentes.

2.1.4 Modelo Baseado em Agentes

No trabalho realizado por (KHALIL et al., 2010), com o título *An Agent-Based Modeling for Pandemic Influenza in Egypt*, foi proposto um modelo multiagentes, para simular a propagação do vírus H1N1, em uma grande comunidade no Egito. Esse modelo é uma extensão do modelo SIR, ao qual foram adicionadas novas classes (ver figura 3), para representar de forma mais realística os estados dos agentes. Ele também permite a injeção de diferentes tipos de estratégias de controle (vacinação, distanciamento social, sensibilização sobre a doença e período de quarentena) para mitigar o surto da doença em diferentes cenários.

Os autores escolheram utilizar um SMA em detrimento de outra abordagem devido à capacidade desses representarem fatores espaciais e temporais (como a dinâmica das interações entre os indivíduos ao longo dos dias e o processo biológico de transmissão da pandemia) que elevam os resultados da modelagem a um nível mais realista e natural.

Como pode ser observado na figura 3, os agentes estão agrupados em nove classes distintas. São elas: (S) Agentes que não estão em contato com o vírus e são suscetíveis a infecção; (C) Agentes que estão em contato direto com outros agentes infectados; (E) Agentes infectados que estão no período de incubação do vírus; (I) Agentes infectados que estão no período de contágio; (Q) Agentes infectados em quarentena; (NQ) Agentes infectados que não estão em quarentena; (D) Agentes mortos; (R) Agentes curados; (M) Agentes imunizados. O símbolo \otimes indica que a transação depende de uma probabilidade.

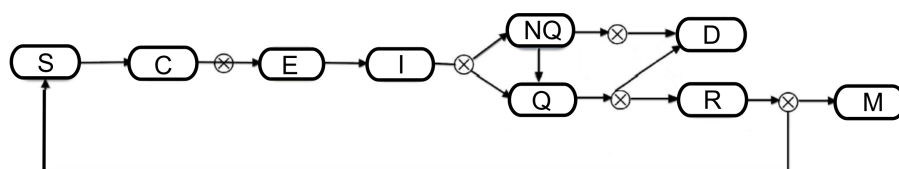


Figura 3: Modelo Baseado em Agentes. Fonte Khalil(2010)

Os resultados obtidos (tabela 2), foram resultantes da simulação de cinco cenários de pandemia da gripe em uma população fechada com 1.000 agentes, e, inicialmente, contendo três agentes infectados. Os cenários são mostrados na Tabela 1, o primeiro é o único a não adotar nenhuma estratégia de controle da doença, para os demais as estratégias foram adotadas entre o 8º e 12º dia da simulação.

Cenário	Estratégia de controle	% da População utilizando a estratégia
1	nenhuma	100
2	sensibilização sobre a doença	50
3	vacinação	50
4	distanciamento social	50
5	quarentena	50

Tabela 1: Cenários utilizados na simulação. Fonte Khalil(2010)

Cenário	Número de infectados	Dia do ápice da doença
1	608	10°
2	67	12°
3	320	9°
4	614	10°
5	614	10°

Tabela 2: Resultados das simulações dos cinco cenários distintos. Fonte Khalil(2010)

Analisando os resultados, os autores, concluíram que existem estratégias de controle que não afetam a propagação da pandemia, quando aplicadas no momento do surto, tais como: o distanciamento social e a quarentena. E que a combinação de boas estratégias de controle podem ser eficazes para diminuir o dano da doença causada à população.

Tanto o modelo implementado nesse trabalho quanto o modelo proposto por (KHALIL et al., 2010) são SMA baseados nos modelos matemáticos SEIR e SIR respectivamente. Ambos adotam algumas estratégias de controle e simulam a interação diária dos agentes. O modelo correlato adota uma configuração heterogênea da população com diferentes tipos sociais (pai, irmão, criança, colega de trabalho, vizinho, amigo) e dados demográficos reais da população do Egito, enquanto o modelo proposto utiliza uma população homogênea, sem tipos sociais e sem dados demográficos reais, com a intenção de deixar o modelo mais genérico. Além disso, esse modelo possui menos estados, o que pode significar um tempo de simulação menor.

2.2 Agentes

O termo **agente** é utilizado para descrever uma entidade capaz de **perceber, pensar e agir** em um determinado **ambiente** de forma autônoma. Segundo (BRADSHAW, 1997): *"Um agente é uma entidade de software que funciona de forma contínua e autônoma em um ambiente em particular, geralmente habitado por outros agentes, e que seja capaz de intervir no seu ambiente de forma flexível e inteligente, sem requerer intervenção humana constante."*

Outra definição de agente é dado por (RUSSELL; NORVIG, 2004) : *"Um agente é tudo*

que pode ser considerado capaz de perceber seu ambiente por meio de sensores e de agir sobre esse ambiente por intermédio de atuadores."

Entenda-se sensores e atuadores como os meios através dos quais os agentes recebem suas percepções e agem sobre o ambiente, respectivamente. Essa idéia poder ser vista de forma mais clara na figura 4.

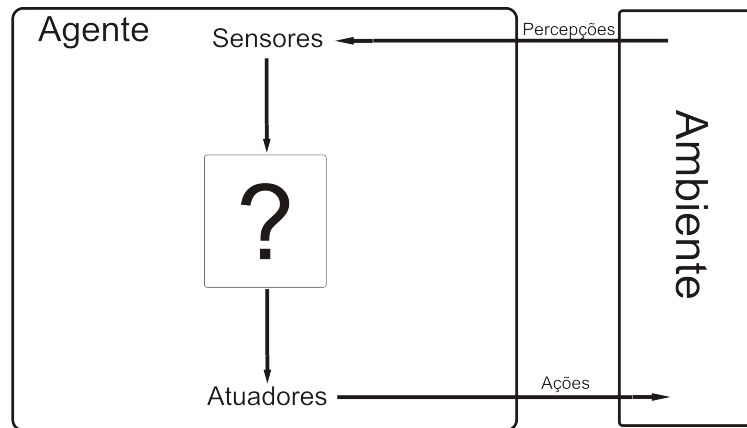


Figura 4: Modelo Geral de Agente. Fonte: Russell e Norvig (2004)

Já um **agente racional** é um agente que busca sempre alcançar o melhor resultado possível ou, quando há incerteza, o melhor resultado esperado. Uma definição mais formal:

"Para cada seqüência de percepções possível, um agente racional deve selecionar uma ação que se espera venha a maximizar sua medida de desempenho, dada a evidência fornecida pela seqüência de percepções e por qualquer conhecimento interno do agente" (RUSSELL; NORVIG, 2004).

Dentre as arquiteturas de agentes existentes, podemos destacar duas que representam os extremos em relação a complexidade de implementação: Agentes Reativos Simples e Agentes com Aprendizagem.

2.2.1 Agentes Reativos Simples

São o tipo mais simples de agentes, pois escolhem as ações com base na percepção atual, desconsiderando o restante do histórico das percepções. Por serem simples, possuem pouca ou nenhuma inteligência, o que os torna úteis para problemas não muito complexos que exijam muitos agentes interagindo entre si. A arquitetura desses agentes é demonstrada na figura 5.

Esse tipo de arquitetura de agentes é a mais usual em SMA que simulam fenômenos biológicos, por ser uma abordagem simples, e por permitir a criação de um modelo com milhares

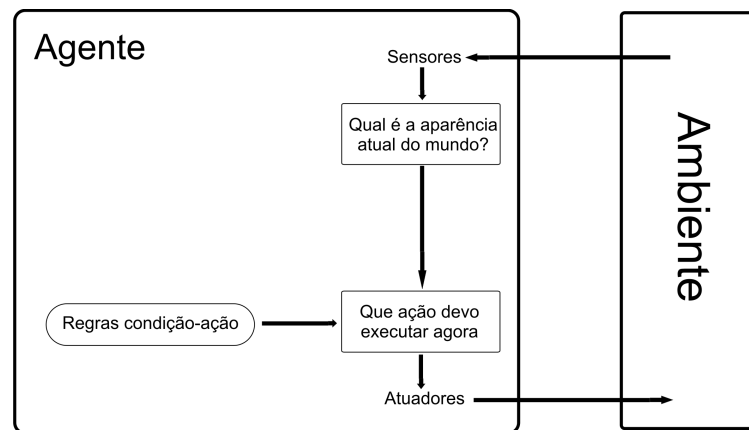


Figura 5: Modelo de Agente Reativo Simples. Fonte: Russell e Norvig (2004)

de agentes interagindo ao mesmo tempo de forma autônoma, de forma a tornar a sua simulação viável, por esses motivos ela foi utilizada no modelo proposto neste trabalho.

2.2.2 Agentes com Aprendizagem

São agentes com a capacidade de aprender, adaptando-se a ambientes, inicialmente desconhecidos, e de forma mais competente do que se tivessem apenas algum conhecimento prévio sobre o ambiente (figura 6).

Segundo (RUSSELL; NORVIG, 2004) o aprendizado em agentes inteligentes pode ser resumido como: *“Um processo de modificação de cada componente do agente, a fim de levar os componentes a um acordo mais íntimo com as informações de realimentação disponíveis, melhorando assim o desempenho global do agente”*.

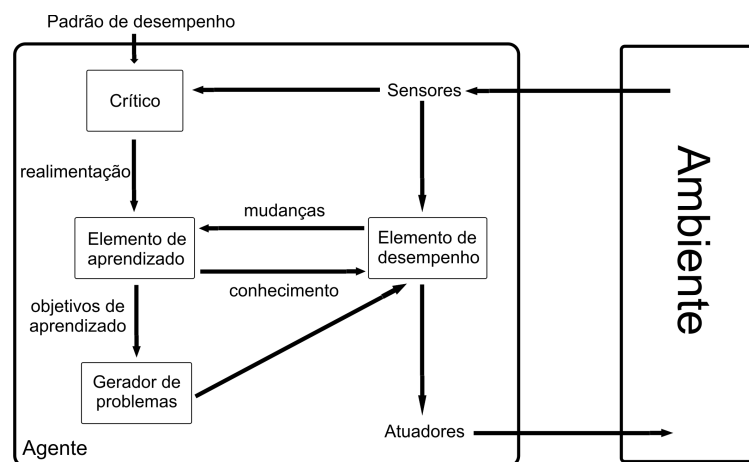


Figura 6: Modelo de Agente com Aprendizagem. Fonte: Russell e Norvig (2004)

Esse tipo de arquitetura de agentes é mais utilizada em cenários que exijam agentes capazes de raciocinar, tomar decisões inteligentes e adaptarem-se ao ambiente, como em jogos

computacionais e simulações de modelos sociológicos.

2.2.3 Sistemas Multiagentes

Os SMA caracterizam-se pela existência de agentes autônomos, heterogêneos e potencialmente independentes, interagindo de forma cooperada e coordenada para solucionar um determinado problema. Estes agentes são aptos a se adaptarem ao meio ambiente, reagir a ele e provocar mudanças neste meio com o intuito de alcançar seus objetivos (WOOLDRIDGE, 2009). Esses sistemas podem ser divididos em SMA Reativos e SMA Cognitivos, o primeiro utiliza um grande número de agentes simples para a resolução de um determinado problema, já o segundo possui poucos agentes que realizam tarefas mais complexas do que os Reativos.

O SMA criado nessa trabalho é constituído de agentes reativos simples, onde cada um interage independentemente, de forma autônoma, não levando em conta suas ações passadas nem sua localização geográfica no ambiente. A utilização de um SMA em detrimento de outra abordagem é mais viável devido a sua menor complexidade (fácil implementação e simulação) e maior flexibilidade (fácil adaptação para a reutilização em outros modelos epidemiológicos). Outro fator importante é a capacidade dos SMA simularem de forma realista o dinamismo das interações entre os indivíduos ao longo dos dias, tornando o modelo mais realista.

3 *Metodologia*

Uma pesquisa pode ser classificada quanto à natureza, a forma de abordagem, aos objetivos e aos procedimentos técnicos. Quanto à natureza, o presente trabalho trata-se de uma pesquisa aplicada, já que de acordo com (SILVA, 2004), a pesquisa aplicada “objetiva gerar conhecimentos para aplicação prática dirigida à solução de problemas específicos, envolvendo verdades e interesses locais.

Quanto a forma de abordagem, trata-se de uma pesquisa quantitativa e qualitativa. Em (SILVA, 2004), a pesquisa quantitativa é descrita como: "considera que tudo pode ser quantificável, o que significa traduzir em números opiniões e informações para classificá-los e analisá-los. Requer o uso de recursos e de técnicas estatísticas." Já a qualitativa é descrita como: "considera que há uma relação dinâmica entre o mundo real e o sujeito, isto é, um vínculo indissociável entre o mundo objetivo e a subjetividade do sujeito que não pode ser traduzido em números. A interpretação dos fenômenos e a atribuição de significados são básicos no processo de pesquisa qualitativa."

Quanto aos objetivos, pode-se classificar como pesquisa exploratória, que “visa proporcionar maior familiaridade com o problema com vistas a torná-lo explícito ou a construir hipóteses. [...] Assume, em geral, as formas de Pesquisas Bibliográficas e Estudos de caso.” (SILVA, 2004).

Quanto aos procedimentos técnicos, trata-se de um trabalho de estudo de caso, pesquisa experimental e pesquisa bibliográfica. Segundo (SILVA, 2004), estudo de caso é “quando envolve o estudo profundo e exaustivo de um ou poucos objetos de maneira que se permita o seu amplo e detalhado conhecimento”, pesquisa experimental é “quando se determina um objeto de estudo, seleciona-se as variáveis que seriam capazes de influenciá-lo, define-se as formas de controle e de observação dos efeitos que a variável produz no objeto” e pesquisa bibliográfica é “quando elaborada a partir de material já publicado, constituído principalmente de livros, artigos de periódicos e atualmente com material disponibilizado na Internet”.

É proposto nesse trabalho um modelo computacional baseado em SMA, com o objetivo de

avaliar sua eficácia na simulação de modelos epidemiológicos. Para a modelagem e simulação do modelo foi utilizado a ferramenta NetLogo, cujos critérios que levaram à tal escolha foram:

- a) Capacidade de modelar um SMA com milhares de agentes;
- b) Facilidade de uso;
- c) Familiaridade com a tecnologia;
- d) Ampla documentação;
- e) Popularidade;
- f) Plataforma de domínio público;

Já a epidemia escolhida, para ser utilizada como fonte de dados para implementar e validar o modelo, foi a Gripe A, causada pelo vírus H1N1. Essa doença foi escolhida pelos seguintes motivos:

- a) Trata-se de um novo tipo de Gripe;
- b) Interesse das autoridades públicas sobre a doença;
- c) Poucos estudos anteriores;
- d) Responsável pela pandemia de 2009;
- e) Muitas aparições na mídia;

3.1 NetLogo

A ferramenta NetLogo é um ambiente de modelagem programável para simular fenômenos naturais e sociais. Ela é particularmente adequada para modelar sistemas complexos de desenvolvimento ao longo do tempo. É possível dar instruções a centenas ou milhares de agentes que funcionam todos de forma independente. Isto torna possível explorar a conexão entre o comportamento ao nível micro dos indivíduos e os padrões ao nível macro que surgem da interação de muitos indivíduos. A ferramenta é executado na máquina virtual Java, por isso funciona em todas as principais plataformas (Mac, Windows, Linux) (WILENSKY, 1999).

A utilização do NetLogo foi escolhida devido a sua capacidade de modelar e simular um SMA com milhares de agentes de forma fácil e compreensível, por possuir uma interface de configuração dos parâmetros simples e intuitiva, e por permitir a visualização dos resultados de forma clara. Portanto ela é adequada para construir o modelo computacional proposto nesse trabalho.

Para a implementação do trabalho foi utilizada a última versão disponível, NetLogo 4.1.1.

3.2 Vírus H1N1

No ano de 2009, o mundo vivenciou a primeira pandemia da Gripe A (também chamada Gripe Suína, Gripe H1N1) causada pelo vírus Influenza A subtipo H1N1. De acordo com a Organização Mundial da Saúde, o número de mortes causadas pela Gripe A é superior a 18.000 desde o início do surto e o número de infectados passou dos 488.000 casos, espalhadas por mais de 214 países e territórios (WHO, 2010). No Brasil o número de casos confirmados superou os 27.000 e o número de mortes passou de 1.600, sendo as regiões sul e sudeste as mais afetadas (SAUDE, 2009).

O vírus influenza A subtipo H1N1 é um vírus RNA pertencente à família dos Ortomixovírus, que possui alta transmissibilidade e é o maior responsável pela gripe em humanos. O tipo do vírus é definido de acordo com o tipo de hemaglutinina (HA) e de neuraminidase (NA) que compõem sua estrutura, como esse influenza apresenta na sua composição duas glicoproteínas (uma HA e uma NA) ele é chamado de H1N1. Foi esse subtipo, que sofrendo mutações, deu origem ao vírus responsável pela Gripe A, que deixou o mundo em alerta no ano de 2009 (BENSEÑOR; LOTUFO, 2009).

A transmissão do H1N1 entre os seres humanos ocorre por meio do contato das mãos infectadas com a boca ou nariz e pela inalação de gotículas de secreção oriundas da tosse ou espirro (SAUDE, 2009). O vírus possui algumas características particulares como o período de incubação (PI), período de transmissão (PT), tempo de recuperação do hospedeiro (TRH) e taxa de letalidade (TL). Na tabela 3 abaixo são mostrados os valores para essas características, os quais serão usados como parâmetros do modelo implementado.

Característica	Intervalo de Valor
PI	2-7 dias
PT*	1-8 dias
TRH	5-14 dias
TL	2-9%

Tabela 3: Características do Vírus H1N1. Fonte: Who(2010) e Saude(2009)

* O PT inicia-se 1 dia antes do fim do PI e estende-se até 7 dias após.

Outro dado importante sobre o H1N1 é o seu valor de R_0 , que varia de acordo com a região geográfica. Segundo estudos realizados, a análise genética do vírus sugere um valor em torno de 1.2. Porém valores um pouco maiores foram encontrados analisando as estatísticas da doença em alguns países. No México seu valor está entre 1,4-1,6 (FRASER et al.,), no Japão 2,0-2,6 (NISHIURA et al., 2009) e na Nova Zelândia, aproximadamente, 1,96 (NISHIURA; WILSON;

BAKER, 2009). Para a implementação e validação do modelo, assumiu-se o valor 1,6 para R_0 , que representa um valor médio entre 1,2 e 2,0.

3.2.1 Estratégias de Controle

As estratégias de controle são bastante utilizadas pelos órgãos de saúde afim de combater-se a disseminação de doenças. Tais estratégias são fundamentais para evitar-se um surto inesperado, o que poderia causar um grande número de mortes e danos econômicos substanciais (WHO, 2010). No modelo proposto a vacinação e a quarentena serão adotadas como estratégias de controle, com o objetivo de analisar a eficácia desses meios no combate a gripe A.

As vacinas são substâncias capazes de imunizar pessoas contra doenças infecciosas causadas por bactérias ou vírus. Essas substâncias são culturas desses microrganismos que, mortos ou atenuados, perdem sua ação patogênica, mas conservam a propriedade de induzir o organismo a produzir anticorpos contra o agente agressor. Uma vez estimuladas por uma vacina, as células produtoras de anticorpos tornam-se sensíveis ao agente infeccioso e respondem a novas investidas com a produção de mais anticorpos, restabelecendo assim a resposta imunológica. As vacinas de vírus mortos (inativados), como a da gripe, precisam ser administradas em grandes quantidades e produzem resposta imunológica após algum período a partir da sua aplicação (BRITANNICA, 2010). Segundo (WHO, 2010), a eficácia da vacina contra a gripe A é superior a 90%, e o tempo que o organismo humano leva para ganhar imunidade após recebê-la está entre 14 e 21 dias.

A quarentena, por sua vez, caracteriza-se pelo isolamento voluntário ou obrigatório de um indivíduo infectado, pelo período máximo de incubação de uma determinada doença, para impedir que esse indivíduo transmita o vírus para outras pessoas saudáveis, afim de combater a propagação da epidemia (BRITANNICA, 2010).

4 *Desenvolvimento*

Para a realização desse trabalho foi implementado um modelo computacional, utilizando-se a abordagem de SMA, com a arquitetura de agentes reativos simples, com o objetivo de verificar a eficácia dessa abordagem nas simulações de comportamentos epidemiológicos. Foram simulados 6 cenários, sendo que o primeiro não adota estratégias de controle, o qual foi validado comparando-se os valores obtidos do modelo SIR. Os outros 5 cenários, que utilizam estratégias de controle (vacinação e/ou quarentena), foram simulados com o objetivo de obter-se uma análise da efetividade dessas medidas no combate a gripe A. Vale ressaltar que a simulação desses 5 cenários não foram validadas em pesquisa de campo, portanto elas mostram uma tendência do que pode ocorrer ao utilizar-se essas estratégias, não representando necessariamente o que ocorre na vida real, atendendo, portanto, aos aspectos computacionais do modelo adotado neste estudo.

4.1 **Modelo Proposto**

O modelo proposto tem como base o modelo SEIR, alguns aspectos do Modelo de Kermack-McKendrick, como a homogeneidade da população (sem idade e sem estrutura social), sem nascimentos e sem mortes de causa natural. Também foram utilizadas características do trabalho proposto por (KHALIL et al., 2010), como a utilização de vacinas e quarentena.

O SMA modelado, utiliza a arquitetura de agentes reativos simples, e cada agente pode estar em um dos 7 estados existentes, como pode ser visto na figura 7.

Os agentes estão inicialmente nos estados S e I, após o início da simulação, os agentes suscetíveis (S) podem ir para o estado E, V ou continuar no estado S. No estado V, se a vacina não falhar, os agentes recuperam-se e ficam imunes (R) após um período, ou migram para o estado E caso entrem em contato com alguém infectado antes de ganhar a imunidade. Caso falhe, o agente não ganhará a imunidade e poderá ser infectado posteriormente. Quando o agente estiver no estado I, ele pode ir para M, R ou Q, e quando estiver em Q pode passar

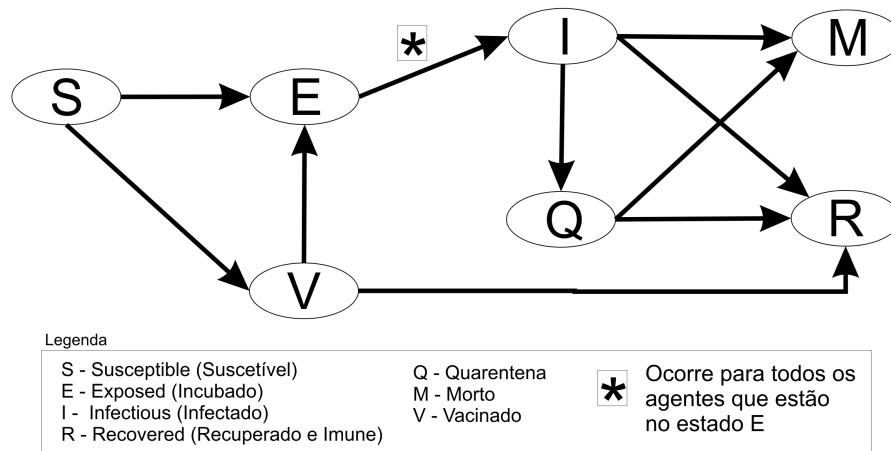


Figura 7: Modelo Proposto

para M ou R. A chance de uma determinada transição ocorrer, depende de valores configurados inicialmente no modelo, exceto a transição de E para I que sempre ocorre para todos os agentes do estado E.

4.2 Características do SMA

4.2.1 Ambiente

O ambiente do SMA proposto, é um mundo bidimensional dividido em uma grade com 3621 "patches"(fragmentos de tamanho 1), figura 8, os quais são quadrados do "mundo"sobre os quais os agentes se movem de forma aleatória. As extremidades do mundo são interligadas, portanto os agentes podem se movimentar livremente pelo mundo.

4.2.2 Agentes

Cada um dos agentes utilizados no modelo, possui um ciclo de ações(figura 9) possíveis de serem realizadas a cada passo da simulação. Como esses agentes não possuem a capacidade de aprender, essas ações independem das anteriores, tornando viável a simulação do modelo com milhares de agentes, uma vez que não é preciso guardar informações sobre as ações tomadas.

Na tabela 4, estão listados os 11 atributos que cada agente possui, e seus respectivos valores. Os atributos booleanos são responsáveis por determinar em qual dos 7 estados o agente

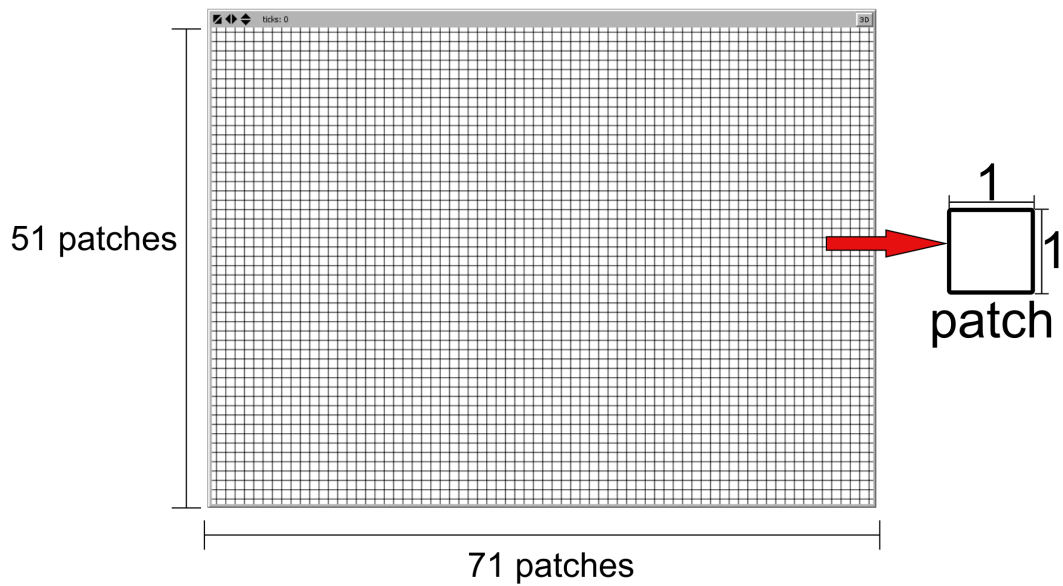


Figura 8: Ambiente do SMA criado no NetLogo

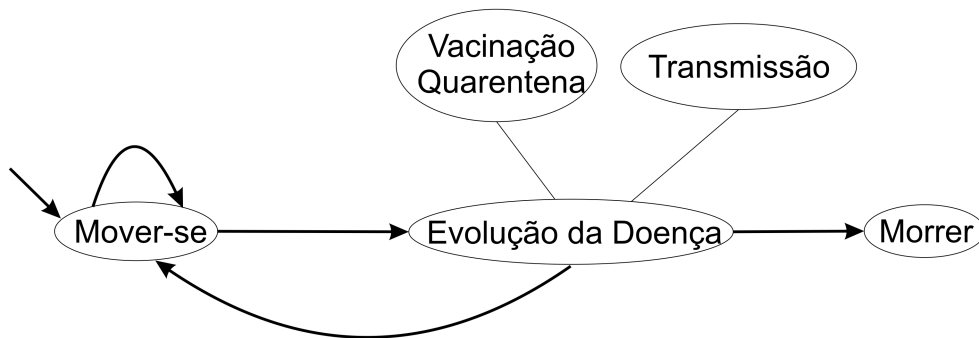


Figura 9: Ciclo de Ações dos Agentes

encontra-se. Já os atributos *tempo-espera-imunidade-vacinacao*, *duracao-infeccao*, *periodo-incubacao* determinam o tempo que o agente leva para ir do estado V para R, de I para M ou R, e de E para I, respectivamente. O período no qual um agente infectado pode transmitir a doença é determinado pelo *periodo-transmissao*.

O atributo *distancia* representa a distância máxima que um determinado agente pode "andar" em cada passo da simulação. Existem 5 valores diferentes, ver tabela 4, para esse atributo, se um agente, por exemplo, possui o valor 2.0, ele pode "andar" uma distância no intervalo entre 0 e 2 "patches". Cada um desses valores é configurado para um grupo de 400 agentes (totalizando 5 grupos de 400), e é calculado de forma aleatória para cada um. Esse parâmetro foi criado com a intenção de deixar o movimento dos agentes mais próximo da realidade.

Atributo	Valor
infectado?	TRUE ou FALSE
imune?	TRUE ou FALSE
incubado?	TRUE ou FALSE
quarentena?	TRUE ou FALSE
vacinado?	TRUE ou FALSE
vacina-falhou?	TRUE ou FALSE
distancia	0.5 ou 1.0 ou 1.7 ou 2.5 ou 3.5
tempo-espera-imunidade-vacinacao	entre 12 e 18 dias
duracao-infeccao	entre 5 e 14 dias
periodo-incubacao	entre 2 e 7 dias
periodo-transmissao	entre 3 e 8 dias

Tabela 4: Atributos dos agentes

Como foi dito no Capítulo 2, nos modelos matemáticos, o parâmetro R_0 é o parâmetro que representa o grau de disseminação da doença, quanto maior seu valor, maior o número de indivíduos infectados. No modelo proposto, a variável R_0 não é utilizada diretamente, portanto para representá-la, utiliza-se uma combinação entre o parâmetro raio de ação do vírus e o movimento dos agentes. Assim, diferentemente do modelo SEIR que utiliza valores determinísticos, o que resulta sempre no mesmo número de infecções, no SMA proposto, as infecções são causadas aleatoriamente dependendo da movimentação dos agentes e da proximidade dos saudáveis em relação aos infectados. Logo qualquer agente saudável que estiver a 0.1 (equivalente a $\frac{1}{10}$ do tamanho de um patch) de distância de um infectado será contaminado.

4.3 Cenários Simulados

Em todas as simulações foram utilizados 2000 agentes, sendo que 5% (100 agentes) estavam inicialmente infectados, e o restante suscetíveis a contrair a doença. O número de horas simuladas e o valor do raio de ação do vírus são os mesmos para todos os cenários, 2400 horas e 0.1 respectivamente.

Foram simulados 6 cenários distintos, conforme tabela 5, sendo que o primeiro foi utilizado para a validação do modelo através da comparação dos resultados obtidos do modelo SIR, e os demais para a análise das estratégias de controle da doença. A % da população vacinada é relativa aos agentes no estado saudável e a % em quarentena refere-se aos agentes infectados.

Cada cenário foi simulado 10 vezes, e o resultado apresentado de cada cenário é a média aritmética dos resultados obtidos ao final das 10 simulações. O objetivo de simular várias vezes o mesmo cenário, é de obter-se uma maior precisão dos resultados. Foram analisados os

Cenário	População Vacinada	Total de vacinas aplicadas	População em Quarentena
1	0%	0	0%
2	25%	475	0%
3	50%	950	0%
4	0%	0	25%
5	0%	0	50%
6	50%	950	50%

Tabela 5: Cenários simulados

seguintes aspectos:

- **Número total de agentes suscetíveis.**
- **Número total de agentes infectados.**
- **Total de óbitos.**
- **Total de agentes imunes com a vacinação**
- **Total de agentes imunes naturalmente (após se recuperar da doença).**
- **Análise da eficácia das estratégias de controle.**

4.4 Validação

Para se chegar a configuração do cenário 1 (ver tabela5), alguns parâmetros(*letalidade do vírus, vacinação e quarentena*) foram inicializados com o valor 0, tornando o modelo proposto (figura 7), um modelo SEIR, conforme a figura 10. Esse fato torna viável a comparação dos valores obtidos do modelo SIR Epidemic Dynamics (STRAIN, 2010) - o qual é uma implementação do modelo SIR utilizando-se o aplicativo Mathematica, que é bastante utilizado em simulações - com os dados resultantes da simulação do cenário 1, afim de validar o modelo proposto. Os parâmetros utilizados para a validação do modelo estão na tabela 6.

Parâmetros	Valor no Mathematica	Valor no Modelo Proposto
Inicial de infectados	5%	5%
Inicial de imunes	0%	0%
Duração da infecção	10 dias	5-14 dias
R0/Raio de ação do vírus	1,6	0.1
Letalidade do vírus	0%	0%
Dias simulados	100	100

Tabela 6: Parâmetros para validação

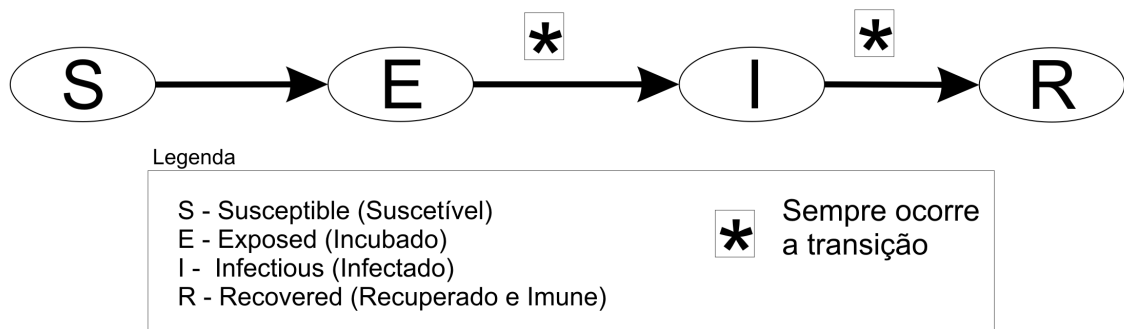


Figura 10: Modelo SEIR

Foram feitas 10 simulações do cenário 1, e como pode ser observado na tabela 7, os valores obtidos após as simulações estão bem próximos dos obtidos no Mathematica, indicando que os resultados alcançados com o modelo baseado em agentes assemelham-se com os obtidos do modelo matemático. A figura 11 mostra uma simulação desse cenário no NetLogo.

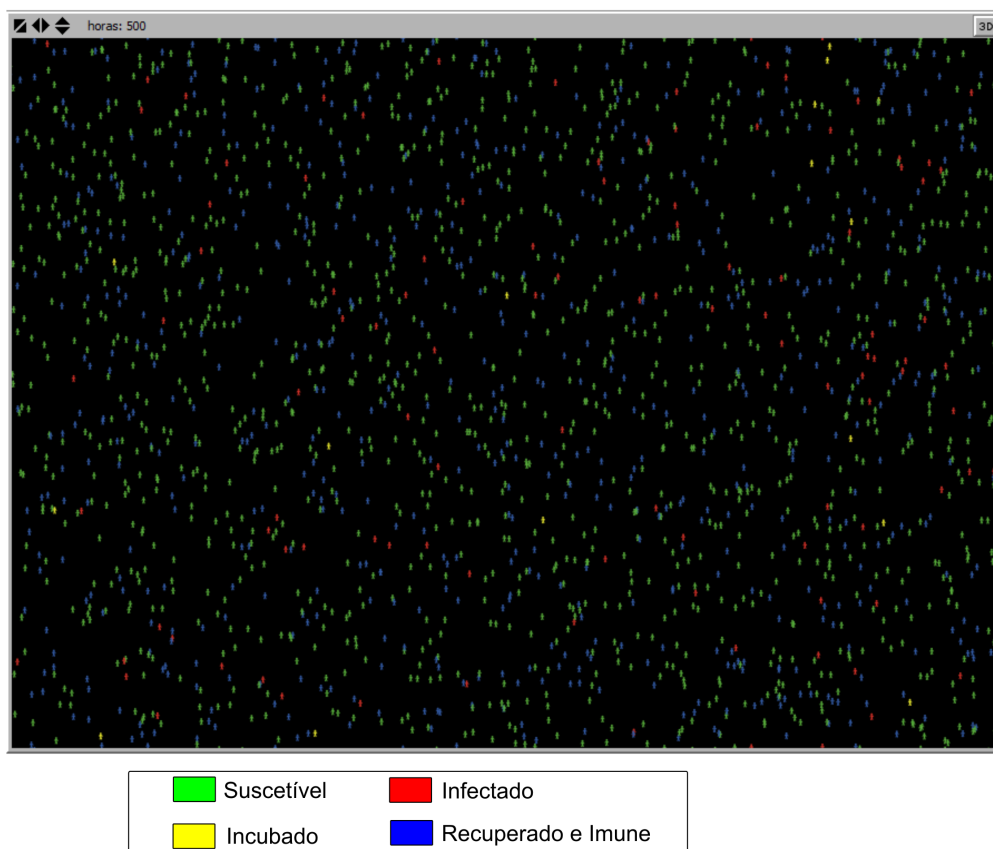


Figura 11: Simulação - Cenário 1

Valores Obtidos	Valor no Mathematica	Valor no Modelo Proposto
Infectados	1340(67%)	1343,2(67,16%)
Suscetíveis	660(33%)	656,8(32,84%)

Tabela 7: Resultados obtidos da validação

4.4.1 Resultados Obtidos

Analisando-se os dados obtidos, referentes ao modelo, tabela 7, verificou-se que, pelo modelo proposto 32,84% da população continuou suscetível, enquanto 67,16% se infectou e posteriormente ganhou imunidade. Além da comparação dos valores obtidos, também comparou-se os gráficos do Mathematica e do modelo. Para isso, foi escolhido um gráfico entre os 10 gerados, para fazer essa comparação, figuras 12 e 13. Apesar de uma pequena diferença na curva dos agentes infectados, os gráficos estão bem parecidos, fato que aponta para a validade do modelo.

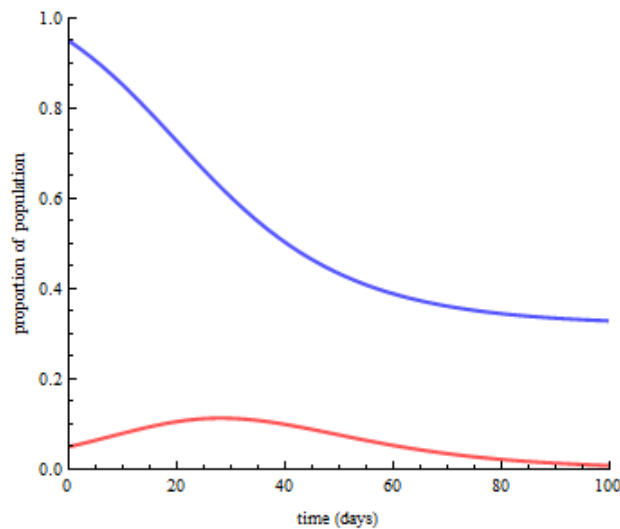


Figura 12: Gráfico Mathematica - Parâmetros: $R_0=1.6$; Duração infecção = 9.5; Imunizados inicialmente = 0%; Infectados inicialmente = 5%.

A pequena diferença entre os gráficos se deve ao fato de que o modelo proposto utiliza variáveis aleatórias (PI, PT, TRH), calculadas independentemente para cada agente, enquanto no modelo matemático SIR, são utilizados valores determinísticos para o mesmo propósito.

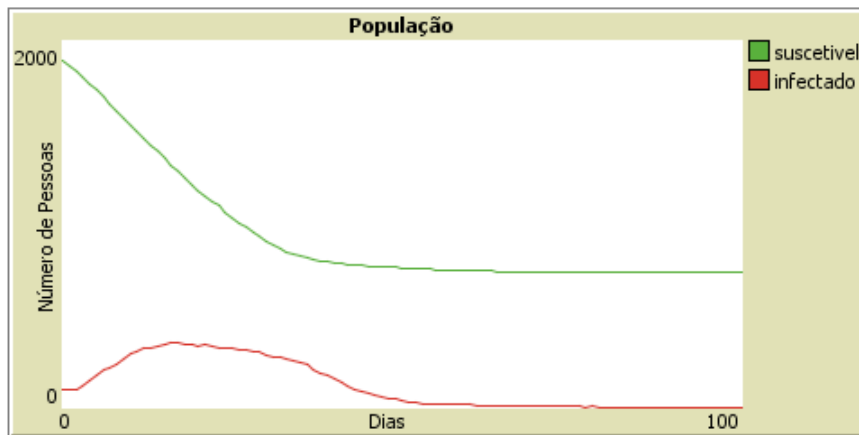


Figura 13: Gráfico Cenário 1

4.5 Simulações e resultados utilizando estratégias de controle

Para os 5 cenários (cenários 2, 3, 4, 5 e 6) que utilizam alguma estratégia de controle, o parâmetro *letalidade do vírus* foi configurado para 3%. Nos cenários 2, 3 e 6 que utilizam a vacinação, foi assumido que 5% da população é vacinada por dia e que sua eficácia é de 95%.

As análises feitas sobre os resultados obtidos das simulações dos cenários 2,3,4,5 e 6 terão como base de comparação o cenário 1, o qual não possui estratégias de controle nem mortes causadas pela epidemia. Na tabela 8 estão os valores obtidos.

Cenário	Suscetíveis	Infectados	Óbitos	Imunes com vacinação	Imunes naturalmente
1	656,8	1343,2	0	0	1343,2
2	597,7	1111	31,2	291,3	1079,8
3	364,8	1034,5	31,5	600,7	1003
4	1055,1	944,9	27,5	0	917,3
5	1564,7	435,3	13,5	0	421,7
6	786,1	386,7	10,8	827,2	375,9

Tabela 8: Resultados obtidos

Analisando-se os dados da tabela, conclui-se que, de acordo com esse modelo, a utilização da vacina, no 2º cenário, diminui em 11,6% o número de infecções. Quanto a imunização, 14,56% dos agentes ganharam imunidade após tomar a vacina e 53,99% imunizaram-se naturalmente, totalizando 68,55% da população imune ao término dos 100 dias. Em relação aos dados do cenário 3, conclui-se que a utilização da vacina diminui o número de infectados em 15,43%, 30,03% da população ganhou imunidade após tomar a vacina e 50,15% imunizaram-se naturalmente, totalizando 80,18% da população imune. Já comparando-se os cenários 2 e 3, houve um decréscimo de 6,88% no número de infectados, e um aumento de 105,97% no número de imunes pela vacinação em favor do 3º cenário.

Analisando-se a diferença entre os dados dos cenários 4 e 1, observou-se que a utilização da quarentena diminuiu em 19,91% o número de infectados e que 45,86% da população imunizou-se naturalmente após recuperar-se da doença. Já os dados do 5º cenário, mostra que a utilização da quarentena diminuiu em 67,59% o número de infecções e que 21,08% dos indivíduos ganharam imunidade natural. Em comparação com o cenário 4, houve um decréscimo de 53,93% no número de infectados.

No 6º cenário, no qual foi usado tanto a vacinação quanto a quarentena, observou-se que a utilização das duas estratégias de controle diminuíram em 71,21% o número de infecções. Em relação a imunização da população, 18,79% imunizaram-se naturalmente e 41,93 % ganharam imunidade após a vacinação, totalizando 60,72% da população imune ao termino dos 100 dias.

Quanto ao número de óbitos, observou-se uma diminuição a medida que mais estratégias de controle foram utilizadas em maior escala, já que a quantia de infectados também diminuiu. Já em relação ao número de suscetíveis, o cenário 5 foi o que obteve o maior valor, pois a utilização da quarentena diminuiu consideravelmente a quantia de infectados, entretanto não proporciona uma imunização induzida, como na utilização de vacinas, não aumentando substancialmente o número de imunes.

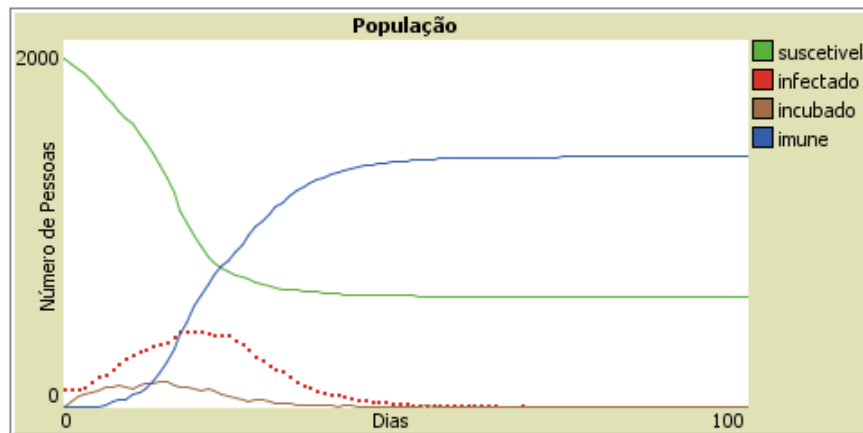


Figura 14: Gráfico Cenário 2

Analisando-se as figuras(14 e 15) gerados a partir da simulação do cenário 2, observa-se que o valor máximo da curva dos infectados ocorreu no 20º dia e o valor mínimo no 68º dia. Já a imunização da população, que se vacinou, atingiu o valor máximo no 24º e a imunidade natural no 60º dia. Já as figuras 16 e 17, mostram que o pico das infecções ocorreu por volta do dia 18 e que o número de infectados atingiu o valor mínimo no 50º dia, já a imunização da população, com vacinação, atingiu o valor máximo no dia 35 e a imunidade natural no 56º dia.

O gráfico da figura 18 mostra que o pico de infectados ocorreu por volta do 16º dia, e que o encerramento da doença aconteceu juntamente com o ápice da imunidade natural, ambas no

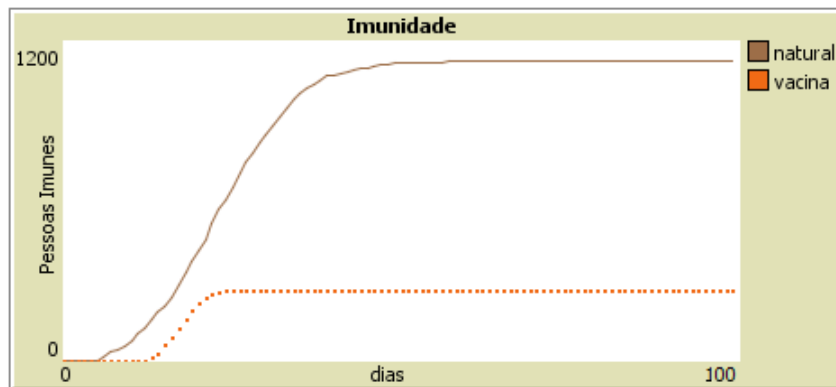


Figura 15: Gráfico de Imunidade - Cenário 2

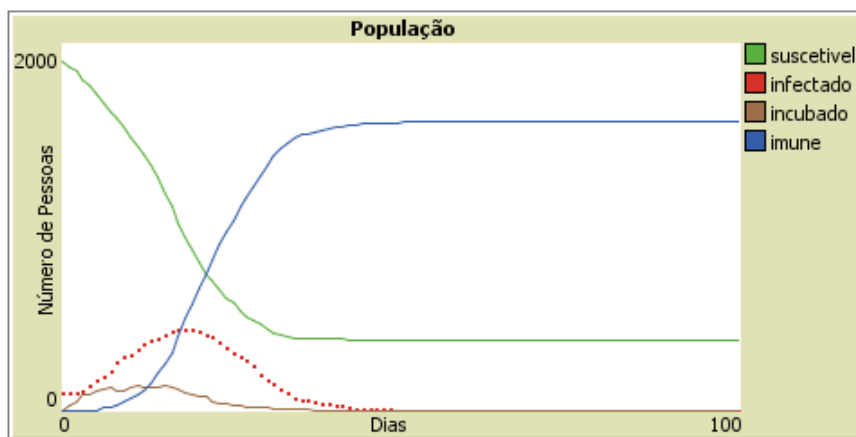


Figura 16: Gráfico Cenário 3

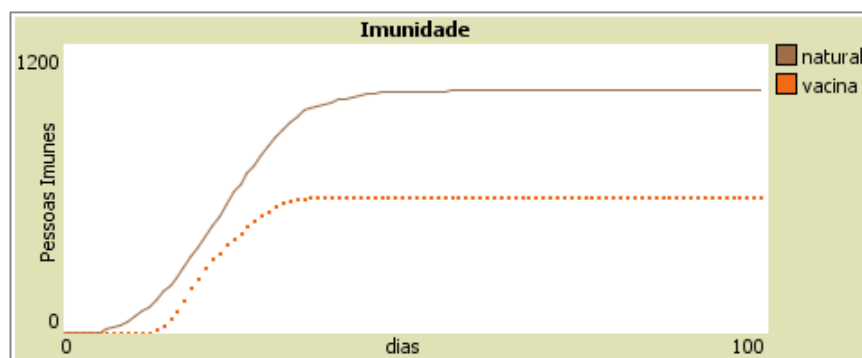


Figura 17: Gráfico de Imunidade do Cenário 3

78º dia. A figura 19 indica que o pico da doença ocorreu por volta do dia 10 e que o número de infectados atingiu o valor mínimo no dia 53, juntamente com o ápice da imunidade natural.

As figuras(20 e 21) do 6º cenário indicam que o pico da doença ocorreu por volta do dia 10 e que o número de infectados chegou a 0 no dia 44. A imunização da população, que tomou a vacina, atingiu seu valor máximo no 35º dia, e o ápice da imunidade natural ocorreu no 44º dia.

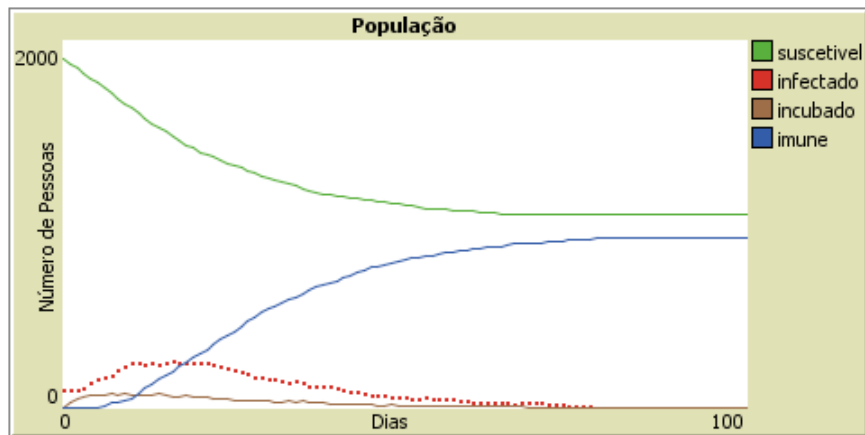


Figura 18: Gráfico Cenário 4

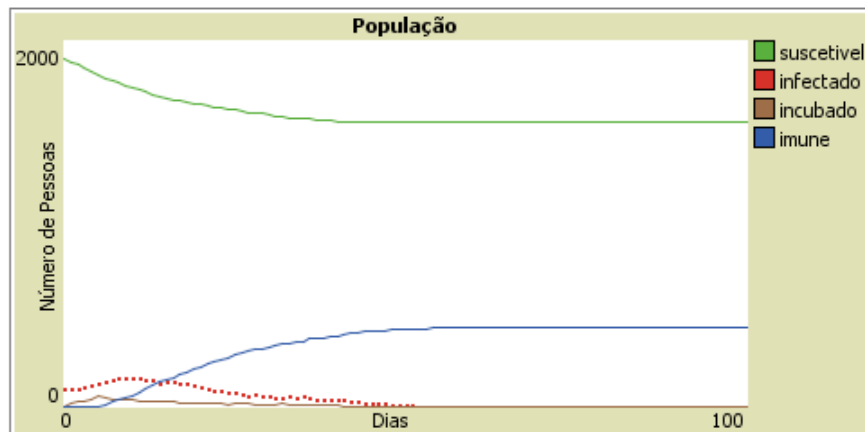


Figura 19: Gráfico Cenário 5

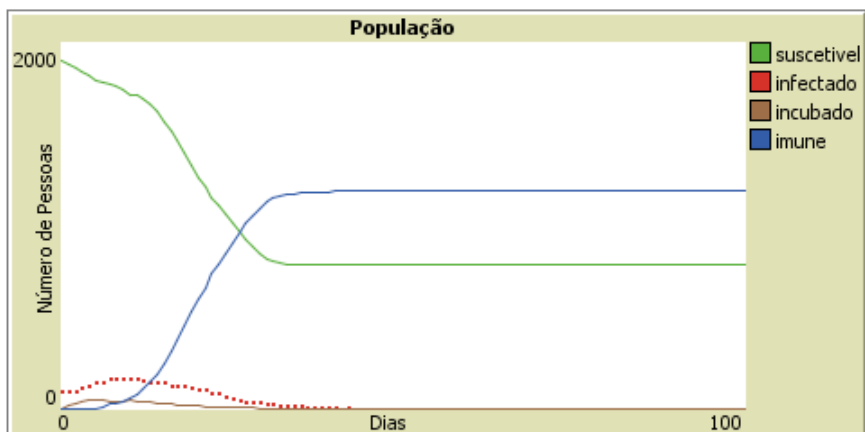


Figura 20: Gráfico Cenário 6

Levando-se em conta os dados obtidos em todos os cenários, o modelo mostra que a vacinação da população é mais eficaz quando aplicada antes do surto da doença, para que a população tenha tempo de adquirir a imunidade contra a gripe antes da sua propagação. Já a utilização da quarentena mostrou-se eficaz na diminuição do número de infectados, uma vez que, os indiví-

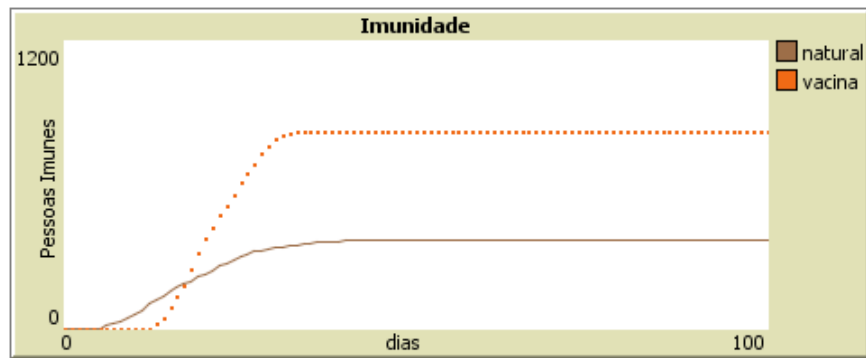


Figura 21: Gráfico de Imunidade do Cenário 6

duos que entram em quarentena não transmitem a doença para outros indivíduos saudáveis, o que baixa o número de novas infecções, fazendo com que a disseminação da doença encerre-se mais rapidamente. Portanto a vacinação e a quarentena podem prover um bom resultado na prevenção da gripe A.

Com a utilização do modelo baseado em agentes, verificou-se que é possível fazer inferências sobre epidemias, porém ainda é preciso validá-lo com pesquisas de campo, com dados reais, para obter-se uma validação mais completa, que possa efetivamente permitir a tomada de decisões baseadas no modelo. No entanto, a ferramenta pode ser usada para fins didáticos, para auxiliar a compreensão do fenômeno.

5 *Considerações Finais*

O presente trabalho teve como proposta avaliar a eficácia da utilização de modelos computacionais baseados em SMA para análise de comportamento epidemiológico comparativamente aos modelos matemáticos. Examinando-se os resultados obtidos, chega-se a conclusão que a utilização de um SMA para esse propósito é adequada, já que a simulação gerou resultados semelhantes ao modelo SIR, além de possuir uma fácil implementação e permitir a criação de diferentes cenários, tornando-o mais flexível que a modelagem matemática. Porém o modelo ainda precisa ser validado com pesquisas de campo, utilizando dados reais, para atingir uma validação mais precisa, afim de utilizá-lo como uma ferramenta para tomada de decisões.

Quanto a eficácia na implementação e simulação do modelo, a ferramenta NetLogo mostrou-se bastante adequada, já que os resultados obtidos foram satisfatórios e o tempo gasto para simular o modelo foi pequeno. A ferramenta também proporciona uma facilidade na configuração dos parâmetros e na visualização dos resultados, através de gráficos e janelas. Quanto ao desempenho das simulações, todas levaram menos que 1 minuto, sendo que foram utilizados 2000 agentes, fato que demonstra uma boa "performance".

Comparando-se o modelo proposto com o modelo correlato (KHALIL et al., 2010), quanto ao desempenho das simulações, houve uma vantagem a favor do primeiro, já que no modelo correlato cada simulação leva em média 8 minutos para ser realizada, utilizando-se 1000 agentes. Essa diferença de desempenho ocorre, principalmente, porque esse modelo utiliza a linguagem Java para criar o SMA, ao invés de utilizar uma ferramenta específica, como o NetLogo. Outra diferença importante é que esse modelo é focado para simular a gripe A na população do Egito, enquanto no modelo proposto a gripe A é um caso de uso e não há um direcionamento para alguma população específica.

5.0.1 Contribuições

- Verificação da eficácia do NetLogo como ferramenta computacional para simulação de SMA utilizando-se agentes reativos simples;

- Proposta de uma abordagem alternativa aos modelos matemáticos, para representar comportamentos epidemiológicos;
- Modelagem e simulação de um SMA, capaz de representar o comportamento de uma epidemia em uma população;
- Análise sobre a utilização de estratégias de controle no combate a epidemia estudada.

5.0.2 Trabalhos Futuros

- Validar o modelo proposto quando são utilizadas estratégias de controle.
- Modificar o SMA para simular o comportamento de outras doenças.
- Comparar os resultados obtidos com outros modelos já existentes.

Referências Bibliográficas

- BENSEÑOR, I.; LOTUFO, P. *Como funciona a gripe por H1N1, ou gripe suína*. 2009. Disponível em: <<http://saude.hsw.uol.com.br/gripe-suina2.htm>>.
- BRADSHAW, J. *An Introduction to Software Agents*. [S.l.]: MIT Press Cambridge, MA, USA, 1997.
- BRITANNICA, E. *Vaccine*. 2010. Disponível em: <<http://www.britannica.com/EBchecked/topic/621274/vaccine>>.
- FRASER, C. et al. Pandemic potential of a strain of influenza A (H1N1): early findings. *Science*, AAAS.
- HETHCOTE, H. The mathematics of infectious diseases. *SIAM review*, JSTOR, v. 42, n. 4, p. 599–653, 2000.
- KHALIL, K. et al. An Agent-Based Modeling for Pandemic Influenza in Egypt. *Arxiv preprint arXiv:1001.5275*, 2010.
- NISHIURA, H. et al. Transmission potential of the new influenza A (H1N1) virus and its age-specificity in Japan. *Euro Surveill*, 2009.
- NISHIURA, H.; WILSON, N.; BAKER, M. Estimating the reproduction number of the novel influenza A virus (H1N1) in a Southern Hemisphere setting: preliminary estimate in New Zealand. *Journal of the New Zealand Medical Association*, 2009.
- RUSSELL, S.; NORVIG, P. *Inteligência Artificial*. [S.l.]: São Paulo: Editora Campus, 2004.
- SAUDE, M. da. *Informe epidemiológico Influenza Pandêmica (H1N1) 2009 - Edição 11*. 2009. Disponível em: <<http://portal.saude.gov.br>>.
- SILVA, D. Cassandra Ribeiro de O. e. *Metodologia e Organização do Projeto de Pesquisa (Guia Prático - 2004)*. 2004. Disponível em: <<http://www.professormanueljunior.com/geral/arquivos/MANUALOGIA.pdf>>.
- STRAIN, S. *SIR Epidemic Dynamics*. 2010. Disponível em: <<http://demonstrations.wolfram.com/SIREpidemicDynamics>>.
- TIMPKA, T. et al. Population-based simulations of influenza pandemics: validity and significance for public health policy. *Bulletin of the World Health Organization*, SciELO Public Health, v. 87, p. 305–311, 2009.
- WEISSTEIN, E. W. *Kermack-McKendrick Model*. 2009. Disponível em: <<http://mathworld.wolfram.com/Kermack-McKendrickModel.html>>.

WEISSTEIN, E. W. *SIR Model*. 2010. Disponível em: <<http://mathworld.wolfram.com/SIRModel.html>>.

WHO. *World Health Organization*. 2010. Disponível em: <<http://www.who.int/en>>.

WIKIPEDIA. *Epidemic model*. 2010. Disponível em: <<http://en.wikipedia.org/wiki/Epidemic-model>>.

WILENSKY, U. *NetLogo*. 1999. Disponível em: <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo>>.

WOOLDRIDGE, M. *An introduction to multiagent systems*. [S.l.]: Wiley, 2009.

APÊNDICE A – Código Fonte

```
breed [pessoas p]
```

```
pessoas-own [ infectado?  
             imune?  
             incubado?  
             quarentena?  
             vacinado?  
             vacina-falhou?  
             tempo-espera-imunidade-vacinacao  
             distancia  
             duracao-infeccao  
             periodo-incubacao  
             periodo-transmissao ]
```

```
globals [ numero-imunes-apos-doenca  
          numero-imunes-vacinacao  
          numero-mortos  
          numero-total-infeccoes  
          numero-total-vacinacoes  
          numero-suscetiveis  
          horas ]
```

```
to inicializar-dados  
  clear-all  
  set-default-shape pessoas "person"  
  iniciar-agentes  
  set numero-total-vacinacoes
```

```

        (count pessoas with [not infectado?] *
          (\%populacao-vacinado / 100))
    set \%vacinacoes-por-hora (\%vacinacao-por-dia / 24)
end

to iniciar-simulacao
    mover
    contagio
    evolucaoDoenca
    vacinacao
    imunidade-vacinacao
    morrer

    if horas mod 24 = 0 [ plotarPessoas ]

    set numero-suscetiveis (count pessoas with [(not infectado?)
        and (not incubado?) and (not imune?)]) ]
    set horas horas + 1
    tick
end

to iniciar-agentes
    let numinfectados round (numero-pessoas
        * \%inicial-infectados / 100)
    set numero-total-infeccoes numinfectados
    set numero-imunes-apos-doenca 0
    set numero-imunes-vacinacao 0

    create-pessoas numero-pessoas
    [ setxy random-xcor random-ycor
      set size 0.5
      set incubado? false
      set quarentena? false
      set vacinado? false
      set vacina-falhou? false

```

```

set imune? false
set color green
ifelse who mod 5 = 0
[set distancia 0.5]
  [ifelse who mod 5 = 1
    [set distancia 1]
    [ifelse who mod 5 = 2
      [set distancia 1.7]
      [ifelse who mod 5 = 3
        [set distancia 2.5]
        [set distancia 3.5]
      ]]]
]

set infectado? who < numinfectados
]

ask pessoas with [infectado?]
  [ set duracao-infeccao (120 + random 216)
    set periodo-incubacao 0
    set periodo-transmissao (72 + random 120)
    set color red
    quarentena ]
end

to mover
  ask-concurrent pessoas with [not quarentena?][
    if random 100 < 50 [ fd (random-float distancia)
      rt (random-float -180 + random-float 180)] ]
end

to contagio
  ask-concurrent pessoas with [(infectado? or incubado?)
    and (not quarentena?)] [
    if (periodo-incubacao <= 24) [
      if (periodo-transmissao > 0) [

```

```

ask-concurrent pessoas in-radius 0.1 with [
  (not infectado?) and (not imune?) and (not incubado?)] [
  set periodo-incubacao funcao-valor-incubacao
  set periodo-transmissao (72 + random 120)
  set incubado? true
  set color yellow ] ]
  set periodo-transmissao (periodo-transmissao - 1) ]]
end

to evolucaoDoenca
ask pessoas with [incubado?] [
  set periodo-incubacao (periodo-incubacao - 1)
  if periodo-incubacao = 0 [
    contrairDoenca]]
end

to morrer
ask-concurrent pessoas with [infectado?] [
  ifelse duracao-infeccao = 0 [
    ifelse random-float 100 < \%letalidade-virus
      [ set numero-mortos (numero-mortos + 1) die]
      [ set quarentena? false
        set numero-imunes-apos-doenca
          (numero-imunes-apos-doenca + 1)
        ficarImune ] ]
    [ set duracao-infeccao (duracao-infeccao - 1)] ]
end

to contrairDoenca
set numero-total-infeccoes (numero-total-infeccoes + 1)
set incubado? false
set infectado? true
set duracao-infeccao (120 + random 216)
set color red
quarentena

```

end

to ficarImune

```

set incubado? false
set infectado? false
set imune? true
set color blue

```

end

to-report funcao-valor-incubacao

```

ifelse random 100 <= 90 [
  report ( (random 2 + 2) * 24)]
[ ifelse random 100 <= 80 [
  report ((random 3 + 4) * 24)]
  [report 168] ]

```

end

to quarentena

```

if random 100 < \%quarentena
  [set quarentena? true]

```

end

to vacinacao

```

ask-concurrent pessoas with [(not vacinado?) and (not imune?)
  and (not incubado?) and (not infectado?)]
[if (random-float 100 < \%vacinacoes-por-hora) and
  (numero-total-vacinacoes > 0) [
  set numero-total-vacinacoes numero-total-vacinacoes - 1
  ifelse random 100 < \%eficacia-vacinacao
  [ set tempo-espera-imunidade-vacinacao ((12 + random 6) * 24)
    set vacinado? true]
  [ set vacinado? true
    set vacina-falhou? true] ]]

```

end

```

to imunidade-vacinacao
  ask-concurrent pessoas with [(vacinado?) and (not vacina-falhou?)] [
    set tempo-espera-imunidade-vacinacao
      (tempo-espera-imunidade-vacinacao - 1)
    if ((tempo-espera-imunidade-vacinacao = 0) and (not incubado?)
      and (not infectado?) and (not imune?))[
      set numero-imunes-vacinacao (numero-imunes-vacinacao + 1)
      ficarImune] ]
end

```

```

to plotarPessoas
  set-current-plot "População"

  set-current-plot-pen "saudavel"
  plot count pessoas with [(not infectado?) and
    (not incubado?) and (not imune?)]

  set-current-plot-pen "infectado"
  plot count pessoas with [infectado?]

  set-current-plot-pen "incubado"
  plot count pessoas with [incubado?]

  set-current-plot-pen "imune"
  plot count pessoas with [imune?]

  set-current-plot "Imunidade"

  set-current-plot-pen "vacina"
  plot numero-imunes-vacinacao

  set-current-plot-pen "natural"
  plot numero-imunes-apos-doenca

end

```