

A Figura 1 mostra um exemplo da evolução temporal de $S(t)/N$, $I(t)/N$ e $R(t)/N$ por 200 passos de tempo, para uma distribuição uniforme de mosquitos com $M=4000$. Note que os infectados são, em regime permanente, cerca de 10% da população (um valor que obviamente está de acordo com a média correspondente ao caso de distribuição uniforme e $M=4000$ mostrado na Tabela 1).

A Tabela 1 revela que, para todas as distribuições, a quantidade de infectados cresce (lentamente) com o valor de M . Esse crescimento é esperado: quanto mais mosquitos, mais infecções devem ocorrer para uma dada distribuição espacial. Essa tabela revela também que as distribuições uniforme, aleatória e coluna têm médias próximas (em torno de 10%), mas a distribuição concentrada claramente leva a um menor número de infectados (em torno de 3%).

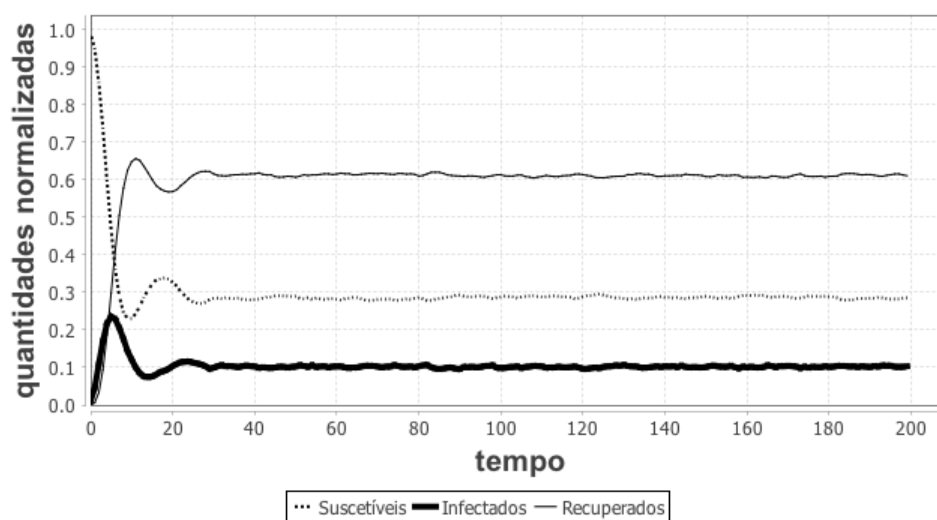


Figura 1. Exemplo de evolução temporal de $S(t)/N$, $I(t)/N$ e $R(t)/N$. A condição inicial é $S(0)/N=99\%$, $I(0)/N=1\%$ e $R(0)/N=0\%$. Valores dos parâmetros do ACP: $n=200$ ($N=40000$), $P_{cura}=60\%$, $P_{morte-I}=30\%$, $P_{morte-R}=10\%$, distribuição de vetores uniforme com $m_{uniforme}=0,1$ ($M=4000$).

Um trabalho teórico seminal sobre doenças transmitidas por vetores foi realizado por Ross (1908). Nesse trabalho, Ross apresentou o *teorema do mosquito*, no qual ele demonstra que a malária seria naturalmente erradicada de uma dada região se a quantidade de mosquitos nessa região ficasse abaixo de um valor crítico (Ross, 1908; Fine 1975). Esse trabalho, entretanto, não considera a dimensão espacial.

Inspirado nesse teorema, foram realizadas outras simulações para cada uma das quatro distribuições de vetores já descritas. O objetivo dessas simulações é determinar o valor de M abaixo do qual a doença não se torna endêmica em 10 simulações consecutivas; ou seja, o valor de M abaixo do qual o patógeno é naturalmente erradicado da população hospedeira em 10 simulações consecutivas. Obtiveram-se os seguintes valores: 1200 para a distribuição uniforme, 1000 para as distribuições aleatória e coluna,

e 300 para a distribuição concentrada. Esse resultado é bastante interessante. Apesar de a distribuição concentrada causar um menor número médio de infectados, essa distribuição é aquela que mantém a doença endêmica na população com uma menor quantidade de mosquitos. Por exemplo, se há 500 mosquitos no reticulado, a doença desaparece com o passar do tempo (ou seja, $I(t) \rightarrow 0$) se os mosquitos estão distribuídos de maneira uniforme, aleatória ou por coluna, mas ela permanece se os mosquitos ficam concentrados numa dada região do reticulado.

4. Conclusões

Neste trabalho, propôs-se um modelo epidemiológico do tipo SIR para investigar como diferentes distribuições espaciais do vetor afetam a propagação de doenças por ele transmitidas. O modelo baseia-se num autômato celular probabilista, que é caracterizado pela geometria e pelas dimensões do seu reticulado, pelos estados possíveis, pela vizinhança de cada célula, pelas regras que governam as transições de estados, e pela maneira com que essas regras são aplicadas (com o passar do tempo) às células que compõem o reticulado. Aqui, o autômato possui um reticulado bidimensional com condição de contorno periódica, com cada célula, a cada instante, assumindo um de três estados e tendo como vizinhança as oito células ao seu redor. A evolução temporal dos estados das células se dá pela aplicação de regras probabilistas de maneira síncrona. Foram consideradas quatro maneiras de distribuir o vetor pelo reticulado.

As simulações numéricas mostraram que, para uma mesma quantidade M de vetores, o número de infectados é aproximadamente o mesmo para as distribuições uniforme, aleatória e coluna; já, para a distribuição concentrada, esse número é claramente menor. Entretanto, a distribuição concentrada é aquela que exige um menor valor de M para que a doença seja eliminada da população hospedeira. Portanto, este trabalho sugere que é fundamental eliminar os locais de grande concentração de vetores, pois esses podem ser os principais responsáveis por manter a doença endêmica na população.

Pretende-se dar continuidade a este trabalho considerando outras distribuições espaciais do vetor e que essas distribuições podem se modificar com o passar do tempo (em função, por exemplo, da variação da temperatura e da quantidade de chuvas).

5. Agradecimentos

LHAM agradece o suporte financeiro do CNPq.

Referências

- Ahmed, E., Agiza, H. N., and Hassan, S. Z. (1998), "On modeling Hepatitis B transmission using cellular automata", *Journal of Statistical Physics*, v. 92, n. 3, p. 707-712.
- Anderson, R. M. and May, R. M. (1991), *Infectious Diseases of Humans*, Oxford University Press.
- Doran, J. R. and Laffan, S. W. (2005), "Simulating the spatial dynamics of foot and mouth disease outbreaks in feral pigs and livestock in Queensland, Australia, using a

- susceptible-infected-recovered cellular automata model”, *Preventive Veterinary Medicine*, v. 70, n. 1-2, 133-152.
- Fine, P. E. (1975), “Ross's a priori pathometry - a perspective”, *Proceedings of the Royal Society of Medicine (London)*, v. 68, n. 9, p.547-551.
- Friis, R. H. (2009), *Epidemiology* 101, Jones & Bartlett Learning.
- Fuentes, M. A. and Kuperman, M. N. (1999), “Cellular automata and epidemiological models with spatial dependence”, *Physica A*, v. 267, n. 3-4, p. 471-486.
- Hethcote, H. W. (2000), “The mathematics of infectious diseases”, *SIAM Review*, v. 42, n. 4, p. 599-653.
- Johnson, C. (2009), *Numerical Solution of Partial Differential Equations by the Finite Element Method*, Dover.
- Kermack, W. O. and McKendrick, A. G. (1927), “A contribution to the mathematical theory of epidemics”, *Proceedings of the Royal Society A*, v. 115, n. 772, p. 700-721.
- Ministério da Saúde (2017a), “Prevenção e Combate: Dengue, Chikungunya e Zika” <http://combateaedes.saude.gov.br/pt/tira-duvidas>, acessado em março de 2017.
- Ministério da Saúde (2017b), “Monitoramento dos Casos de Dengue, Febre de Chikungunya e Febre pelo Vírus Zika até a Semana Epidemiológica 4, 2017”, *Boletim Epidemiológico*, v. 48, n. 5, p. 1-9.
- Ministério da Saúde (2017c), “Monitoramento dos Casos e Óbitos de Febre Amarela no Brasil”, *Informe n° 23/2017*, p. 1-5.
- Murray, J. D. (2011), *Mathematical Biology II: Spatial Models and Biomedical Applications*, Springer, 3rd edition.
- Ross, R. (1908), *Report on the Prevention of Malaria in Mauritius*, Waterlow and Sons.
- Schimit, P. H. T. and Monteiro, L. H. A. (2009), “On the basic reproduction number and the topological properties of the contact network: An epidemiological study in mainly locally connected cellular automata”. *Ecological Modelling*, v. 220, n. 7, p. 1034-1042.
- Silva, H. A. L. R. and Monteiro, L. H. A. (2014), “Self-sustained oscillations in epidemic models with infective immigrants”, *Ecological Complexity*, v. 17, p. 40-45.
- Slimi, R., El Yacoubi, S., Dumonteil, E., and Gourbiere, S. (2009), “A cellular automata model for Chagas disease”, *Applied Mathematical Modelling*, v. 33, n. 2, p. 1072-1085.
- Wolfram, S. (1994). *Cellular Automata and Complexity: Collected Papers*, Westview Press.
- Yang, F., Yang, Q., Liu, X., and Wang, P. (2015), “SIS evolutionary game model and multi-agent simulation of an infectious disease emergency”, *Technology and Health Care*, v. 23, n. s2, p. S603-S613.