

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics

MBI aplicado em redes complexas reais

Gustavo H. Tomanik¹

Departamento de Bioestatística, Instituto de Biociências, UNESP, Botucatu, SP

Andriana S. L. O. Campanharo²

Departamento de Bioestatística, Instituto de Biociências, UNESP, Botucatu, SP

1 Introdução

A modelagem de doenças infecciosas é uma ferramenta que tem sido usada para estudar os mecanismos pelos quais doenças são transmitidas, para prever o curso futuro de um surto e avaliar estratégias para controlar uma epidemia. Neste sentido, pesquisadores têm estudado modelos matemáticos e técnicas de computação capazes de descrever a transmissão direta de doenças (tais como gripe, HIV, varíola, etc.) entre indivíduos em diversos cenários [1, 5].

Estudos recentes têm mostrado que as redes complexas constituem um suporte natural para o estudo da propagação de epidemias [2]. Uma rede complexa é descrita por um conjunto de vértices (nós) e arestas (conexões, ligações ou *links*) e algum tipo de interação entre os mesmos. O estudo de redes complexas utiliza conceitos da *Teoria de Grafos*, da Mecânica Estatística, da Física Não-Linear e de Sistemas Complexos [5]. Na modelagem de uma doença infecciosa por meio de uma rede complexa, cada um de seus vértices constitui um indivíduo e suas arestas representam os contatos entre os mesmos. A topologia da rede pode ser formada por modelos clássicos utilizados na literatura ou por redes de contatos reais, obtidas a partir de bases de dados de acesso público e gratuito.

2 MBI

Os Modelos Baseados em Indivíduos (MBI's) em conjunto com a teoria de redes complexas têm sido crescentemente empregados na modelagem de processos infecciosos [1]. O MBI consiste de uma estrutura na qual ocorrem os relacionamentos entre um certo número de indivíduos, cujo comportamento é determinado por um conjunto de características. Sua ênfase é na interação entre os indivíduos, cujas características evoluem estocasticamente ao longo do tempo.

O modelo MBI é formado por uma população de indivíduos Suscetíveis (S), Infectados (I) e Recuperados (R), tendo como parâmetros β , γ e μ que representam as taxas de

¹gutomanik@gmail.com

²andriana@ibb.unesp.br

contato, recuperação e renovação dos indivíduos, respectivamente, que influenciam nas mudanças ao longo do tempo. Tal modelo é desenvolvido a partir das seguintes premissas epidemiológicas [1]:

- $S, I, R \rightarrow S$: ocorre a renovação dos indivíduos, ou seja, eles morrem e, para que a população permaneça de tamanho constante, um novo indivíduo suscetível nasce;
- $S \rightarrow I$: ocorre quando um indivíduo suscetível tem contato com um indivíduo infectado, adquirindo a doença e passando para o estado I;
- $I \rightarrow R$: ocorre a recuperação de um indivíduo infectado, tornando-se imune a uma nova infecção.

3 Conclusões

O presente trabalho apresenta a modelagem computacional da propagação de uma doença infecciosa utilizando a teoria de redes complexas, o modelo MBI e redes reais, tais como, redes de golfinhos e zebras, disponibilizadas gratuitamente pelo Konect [4]. De modo geral, a evolução de uma dada doença foi investigada utilizando tais redes, variando-se a topologia da rede de contatos e as regras de mudança de estado dos mesmos. Por fim, foram feitas comparações entre os resultados obtidos com tais redes e com as redes sintéticas produzidas pelos modelos de Watts & Strogatz [6] e Barabási & Albert [2].

Agradecimentos

Os autores agradecem o apoio financeiro concedido pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), processo: 15/22293-5

Referências

- [1] A. C. L. Almeida. *Modelos Matemáticos de Propagação de Epidemias Baseados em Redes Sociais e Detecção de Clusters de Doenças*. Tese de Doutorado em Engenharia Elétrica, UFMG, 2011.
- [2] A. L. Barabási. *Linked - A Nova Ciência das Redes*. Leopardo Editora, São Paulo, 2009.
- [3] *Konect*. Disponível em : <<http://konect.uni-koblenz.de/networks/>>. Acesso em : 8 de março de 2017.
- [4] M. E. J. Newman. *The spread of epidemic disease on networks*. Physical Review Letters, 2002. DOI: 10.1103/PhysRevE.66.016128.
- [5] D. J. Watts and S. H. Strogatz. *Collective Dynamics of "Small World" Networks*. Letters to Nature, 1998. DOI: 10.1038/30918.