Autômatos Celulares Aplicados à Modelagem da Expansão da Esquistossomose

Danielle N. G. da Silva, Anderson M. da Silva, Bruno C. de Freitas, Elaine C. de Assis, Jones O. de Albuquerque, Silvana Bocanegra.
Departamento de Estatística e Informática, UFRPE
52171-900, Rua Dom Manuel de Medeiros S/N, Recife, PE
E-mail: danielle.nathalia@gmail.com, anderson@xiscanoe.org, bruno@xiscanoe.org, elaine@xiscanoe.org, jones.albuquerque@pq.cnpp.br, silvana@deinfo.ufrpe.br

Marco Antônio A. de Souza, Constança S. Barbosa
Centro de Pesquisas Aggeu Magalhães, Fundação Oswaldo Cruz. Departamento de Parasitologia.
Avenida Moraes Rego, s/n, cx. Postal 7472, Cidade Universitária, CEP: 59670-420, Recife, PE.
maandrades@cpqam.fiocruz.br; cbarbosa@cpqam.fiocruz.br

Resumo: Neste trabalho, autômatos celulares são utilizados para criação de modelos de expansão da esquistossomose, auxiliando no controle e na prevenção da doença. A modelagem inclui humanos e moluscos e considera os fundamentos de modelos SIR. Com o modelo foi possível identificar pontos de foco da expansão servindo como indicadores para ações corretivas no combate da Esquistossomose em Pernambuco. A modelagem foi implementada em Mathematica.

Palavras chaves: Autômatos Celulares, Esquistossomose, Epidemiologia.

1. Introdução

A expansão da esquistossomose pode ser analisada através de diagnóstico laboratorial e epidemiológico e controlada através de tratamentos quimioterápicos e preventivos para auxiliar no processo de contenção e cura da doença.

A Esquistossomose – nome científico Schistosoma mansoni – afeta localidades específicas e se mantém com o passar dos anos devido a seu ciclo de contaminação e ocorre pela escassez de promoção de mudanças ambientais, além de estratégias de informação, educação e comunicação nas comunidades.

Pernambuco apresenta as mais altas prevalências humanas para esquistossomose em áreas rurais da Zona da Mata, onde a manutenção da endemia está relacionada ao baixo desenvolvimento econômico da região. Hoje encontram-se focos de transmissão em municípios litorâneos determinados pelo movimento migratório de trabalhadores rurais (infectados pelo parasito) em busca de sobrevivência [1] .

Este trabalho descreve a criação de um modelo computacional utilizando autômatos celulares para simular a expansão da Esquistossomose. Foram utilizados parâmetros artificiais como instrumento de validação dos modelos. Dados reais serão utilizados para calibrá-los quanto à precisão das simulações. Para modelagem foi utilizado o software Mathematica que dispõe recursos facilitadores para trabalhos científicos [2].

2. Autômatos celulares

Autômatos celulares são modelos matemáticos discretos utilizados para simular o comportamento de sistemas naturais. Consistem numa malha de células com estados individuais que variam em espaços de tempo discretos de acordo com regras determinísticas, envolvendo os estados de suas vizinhanças.

As regras de transição dos estados podem ser generalizadas como uma função arbitrária que envolve o estado da célula e de suas vizinhas.
Considerando $a_i(t)$ o estado da célula na posição i, no espaço de tempo t, a sua transição seria definida da seguinte forma:

$$a_i^{(t+1)} = F(a_{i-r}^{(t)}, a_i^{(t)}, a_{i+r}^{(t)})$$

Onde F é uma função e r é uma variável que define a posição dos vizinhos à esquerda e à direita. Esta generalização se aplica a um conjunto de células dispostas de forma unidimensional. De maneira análoga podemos visualizar uma situação n-dimensional, onde i representa coordenadas.
Desta forma, é possível utilizar vários parâmetros de entrada para a função, com diversos vizinhos em posições variadas da malha. A definição da vizinhança

é livre e depende dos fatores relevantes relacionados à aplicação do modelo.

Os espaços de tempo também são chamados de ciclos ou iterações, e representam uma lacuna real no tempo, sendo definidos de acordo com o modelo, assim como a vizinhança [3] [4].

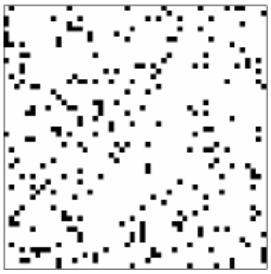

Figura 1: Exemplo de uma configuração de células de um autômato celular num determinado instante.

Na figura acima, pode-se perceber a existência de células brancas e pretas. A cor da célula é utilizada para evidenciar seu estado, gerando uma interpretação para quem visualiza o comportamento do autômato.

3. Ciclo da Esquistossomose

A esquistossomose é causada por vermes do gênero schistosoma que parasitam as veias do homem e de outros animais. A espécie presente nos países americanos, e no Brasil, é o Shistosoma mansoni, que usa a água como meio para infectar o homem.

O ciclo da esquistossomose começa quando as fezes contaminadas entram em contato com a água.

Os ovos germinam e liberam uma larva do shistosoma mansoni conhecida como miracídio. O miracídio penetra o caramujo (hospedeiro intermediário) onde se multiplica e se transforma em outra larva, a cercária. O caramujo libera as larvas na água e elas nadam em busca do hospedeiro definitivo, o homem. Quando penetra o corpo humano, a cercária migra para a corrente sanguínea ou linfática. As larvas se alimentam de sangue, crescem, acasalam e as fêmeas começam a liberar ovos no organismo do hospedeiro. Os principais sintomas são febre, dores musculares e de cabeça, calafrios, fraqueza, falta de apetite, diarréia, tonturas, palpitações, emagrecimento e aumento do fígado e do baço.

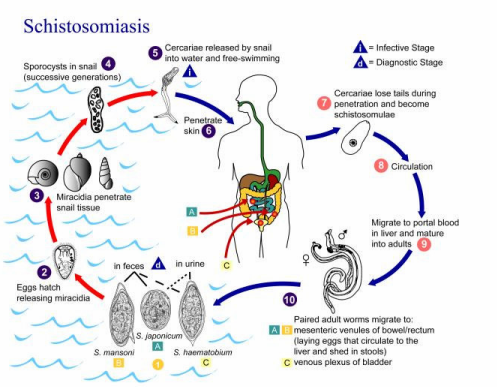

Figura 2: Ciclo da esquistossomose (imagem de domínio público).

4. Requisitos básicos para modelagem

Este trabalho aborda a criação de um modelo simplificado, com o objetivo de estudar uma mecânica de simulação e verificar a viabilidade de sua aplicação a um universo real com um determinado número de parâmetros.

Para a criação do modelo computacional que simulará a expansão da doença é necessário definir inicialmente a realidade a ser analisada, ou seja, o mundo. Considera-se o mundo como uma localização geográfica finita, que contém indivíduos, representados como parâmetros das células.

Defini-se também a vizinhança de uma célula. Para isto, é preciso antes construir a função de transição para verificar quais parâmetros serão utilizados. Neste modelo, a infecção é intra-celular, ou seja, dependerá apenas de fatores dentro de uma mesma célula.

Um fator importante no ciclo da doença é a existência de coleções de água em localidades do mundo, visto que este é um dos principais fatores de propagação para o ciclo da doença. As coleções de água são consideradas fixas e estáticas, pré-definidas inicialmente de forma aleatória. Uma abordagem mais precisa deve considerar as mudanças provocadas pelos índices pluviométricos.

Outros fatores de grande relevância para o estudo proposto são os estados dos indivíduos afetados pela doença. Os indivíduos podem assumir dois estados distintos:

I. Suscetível: Pessoa que possui suscetibilidade para ser infectada pela doença.
II. Infectado: Pessoa que se encontra infectada pela doença.

Para uma modelagem completa, faz-se necessário o uso de outro estado: Recuperado, pois os indivíduos infectados que se tratam e conseguem a cura adquirem

um grau de resistência à doença, interferindo de forma significativa na propagação em caso de reinfecção [5].

Em seguida são elicitados os parâmetros com suas configurações utilizadas.

4.1 Mundo

Matriz de 10x10 células, contendo uma quantidade inicial de habitantes aleatória, respeitando a distribuição de 10% de infectados. Esta matriz representa uma área de 10.000m^2.

Há uma quantidade aleatória de coleções de água, tendo um percentual de 10% com moluscos infectados.

4.2 Célula

Área da matriz que representa uma região do mundo, com área de 100m^2. As células possuem parâmetros individuais:

4.2.1 Parâmetros da Célula

- Capacidade populacional: 9 pessoas;
- População susceptível;
- População infectável;
- Quantidade de coleções de água;
- Existência de moluscos infectados: sinalizador que contém 1 para indicar a presença e 0 para indicar a ausência;
- Ponto de acesso comum: sinalizador que indica com 1 se a região da célula é visitada com freqüência pela população.

Um fator relevante deste modelo é a simulação da movimentação humana, daí a existência do parâmetro "Ponto de acesso comum". Com isso espera-se que a população visite mais estes pontos, que apesar de fictícios, poderiam representar locais como áreas de lazer, açudes, ou centros comerciais.

Os estados das células são definidos pela junção dos parâmetros da mesma, formando um número de 6 dígitos, em que cada dígito será a representação de um parâmetro conforme descrito:

- 1° dígito = artifício para fixar quantidade de dígitos.
- 2° dígito = sinalizador (ou *flag*) para presença ou ausência de moluscos infectados.
- 3° dígito = população infectada.
- 4° dígito = população suscetível.
- 5° dígito = *flag* para presença de coleção de água.
- 6° dígito = *flag* ponto de acesso comum.

Por exemplo, uma célula com o valor "102511" indica uma região sem moluscos infectados, com 2 indivíduos infectados, 5 suscetíveis, com coleção de água, além de ser um ponto de acesso comum.

A representação dos estados é feita através da seguinte coloração:

- Branca: ausência de indivíduos suscetíveis, infectados, e de moluscos infectados;
- Tonalidades de cinza: presença de indivíduos suscetíveis, quanto mais escuro maior a densidade;
- Tonalidades de vermelho: presença de indivíduos infectados, quanto mais escuro maior a densidade;
- Amarela: presença de moluscos infectados, mas sem indivíduos infectados.

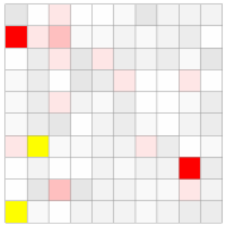

Figura 3: Coloração do modelo.

4.3 Tempo

A representação temporal de cada ciclo neste trabalho considerou as seguintes informações:

- Intervalo de tempo simulado: 10 dias;
- Horário crítico de infecção: 10 às 16h;
- Tempo necessário para movimentação a qualquer parte do espaço geográfico escolhido como mundo: menor que uma hora.

Com estas informações, ficou estabelecido que um ciclo representa um intervalo de 2 horas. Considerando o horário crítico de infecção, das 10 às 16h, teremos 3 ciclos de infecção por dia. Para contar os dias da simulação, a cada 12 ciclos é incrementada uma variável que acumulará os dias decorridos.

4.4 Probabilidade de Movimento Humano

Em cada ciclo, um indivíduo poderá ficar onde está, ir a um ponto acesso comum ou a um ponto qualquer. As probabilidades escolhidas foram:

- Permanecer na célula: 40%;
- Ir a um ponto de acesso comum: 30%;
- Ir a um ponto qualquer: 30%.

4.5 Probabilidade de Infecção

A probabilidade de infecção de um indivíduo após a penetração de uma cercária é de aproximadamente 30%. Este valor é utilizado para transição de um indivíduo suscetível para infectado caso os demais requisitos para infecção, descritos na seção Fase de Infecção, sejam atendidos.

Há também a probabilidade de infecção dos moluscos que ilustra a possibilidade de um indivíduo infectado contaminar uma região. Este valor é definido como 60%.

4.6 Probabilidade de Cura por Tratamento

Entende-se cura como extinção do quadro de infecção de um indivíduo.

Para simular a cura por tratamento foi definido o percentual de 40%. Fatores como quantidade de dias para observação da doença e para cura completa após tratamento devem ser observados na construção de um modelo mais preciso.

4.7 Probabilidade de Cura por Morte

Além da interpretação comum de cura, o modelo considera a cura por morte.
É pequena a possibilidade de o indivíduo infectado agravar a doença e ainda assim não se tratar, chegando ao óbito. Contudo, ela existe. O modelo considera a probabilidade de 10%.

5. Regras do Modelo

A modificação dos estados das células ocorre por fases, seqüências de instruções que avaliam os fatores relevantes para a transição. Estas regras compõem a função de transição do modelo genérico de autômato celular apresentado no início deste trabalho.

5.1 Fase de Movimento

A movimentação ocorre quando o número de ciclos no dia estiver entre 3 e 11, de acordo com as probabilidades de movimento. Nos ciclos 12, 1 e 2 não há nenhum tipo de movimentação, o que representa os indivíduos dormindo durante a transição de um dia.

5.2 Fase de Infecção

Se um indivíduo suscetível está em uma célula com incidência de coleções de água, e nesta célula há incidência de molusco infectado, ele poderá ser infectado de acordo com o parâmetro Probabilidade de Infecção.

Em outra possibilidade, quando um indivíduo infectado está em uma célula com incidência de coleções de água, esta célula passará a ter a existência de moluscos infectados, de acordo com uma probabilidade de infecção dos moluscos.

Estas regras só ocorrem se o ciclo corrente estiver entre 6 e 8, a fase crítica de infecção.

5.3 Fase de Cura

Na cura por tratamento, dada no 12° ciclo em cada célula, para cada indivíduo infectado. O modelo deixa infectado ou torna suscetível, de acordo com o parâmetro Probabilidade de Cura por Tratamento.

Da mesma forma, a cura por morte deixa infectado ou decrementa a população de indivíduos infectados – morte do indivíduo – de acordo com o parâmetro Probabilidade de Cura por Morte.

6. Algoritmo

A estrutura principal do algoritmo consiste em:

1. Partir de uma configuração inicial aleatória;
2. Definir número total de ciclos a iterar;
3. Aplicar as regras de movimentação, infecção e cura no decorrer desses ciclos, respeitando as restrições da modelagem, e acrescentar cada configuração pós-iteração a um vetor.
4. Exibir, a partir da situação inicial, cada configuração armazenada no vetor.

7. Análise de Resultados

Consideremos a situação inicial representada pela figura abaixo:

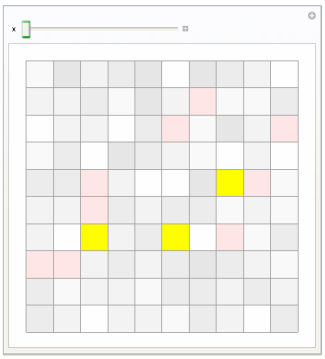

Figura 4. Situação inicial da simulação.

População Saudável antes: 408.
População Infectada antes: 9.
Localidades com presença de molusco antes: 3.

Considerando um intervalo de 120 ciclos, equivalente a 10 dias, o modelo obteve a seguinte evolução após 3 dias:

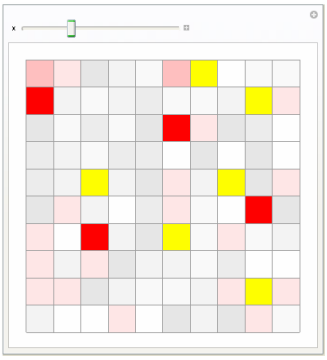

Figura 5. Expansão em seu terceiro dia.

Percebe-se que o número de focos de molusco infectado cresceu consideravelmente, bem como o número de infectados. Após o sexto dia, a configuração chegou ao seguinte estado:

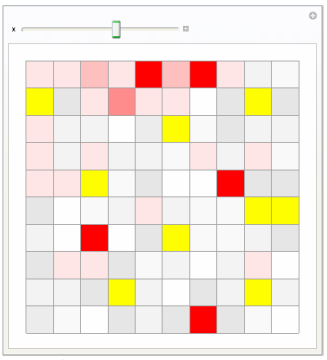

Figura 6. Expansão em seu sexto dia.

O número de infectados continua a crescer, sinal de que as regras implementadas propiciam a expansão em detrimento da cura. Analisando os pontos de acesso comum, é possível perceber que há locais com molusco que são pontos de acesso comum, e que exatamente neles a evolução da doença é maior. A configuração final ilustra toda a simulação da expansão:

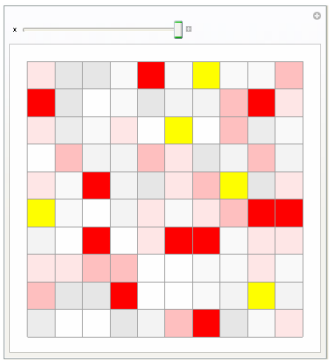

Figura 7. Situação final do teste: após 10 dias.

As estatísticas finais foram:

População Saudável depois: 352.
População Infectada depois: 62.
Localidades com presença de molusco depois: 16.
Mortes: 3.

O gráfico a seguir exibe a evolução do número de infectados (cor clara) e do número de áreas com molusco infectado (cor escura):

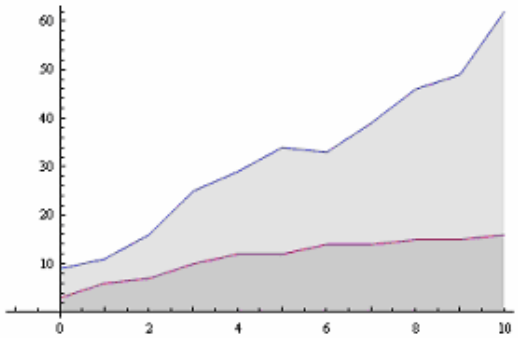

Figura 8: Evolução de infectados.

Devido às regras de cura implementadas existe uma queda do número de pessoas infectadas entre o quarto e o sétimo dia.

5. Conclusões

O uso de ferramentas computacionais para o estudo epidemiológico auxilia os estudos evolutivo-regressivos de doenças, como a Esquistossomose, contribuindo nas análises e nas medidas de controle de doenças.

O modelo abordado neste trabalho conseguiu criar uma mecânica para armazenar várias informações referentes ao ambiente e permaneceu com um tempo de processamento aceitável, contudo atuou sobre um contexto fictício.

O armazenamento dos parâmetros dentro dos valores das próprias células eliminou a necessidade de utilizar matrizes auxiliares, contribuindo para o desempenho do sistema.

6. Trabalhos Futuros

- Implementação dos índices pluviométricos, para tornar dinâmicas as coleções de água.

- Considerar taxas de infecção das regiões, importando dados de coleta que contém quantidades de moluscos sadios e infectados.

- Implementar a dinâmica de vida dos moluscos, com natalidade, mortalidade e mobilidade.

- Enfatizar a exibição dos locais propagadores da doença, e não dos locais onde há indivíduos infectados.

7. Referências Bibliográficas

[1] BARBOSA, C. S.; FAVRE, T. C.; AMARAL, R. S.; PIERI, O. S. Schistossoma mansoni Esquistossomose - Uma visão multidiciplinar, Cap. 33: Epidemiologia e Controle da Esquistossomose Mansoni.

[2] Wolfram, S. Wolfram Research. http://www.wolfram.com/.

[3] Wolfram, Stephen. Cellular Automata. 1983. Wolfram Institute.

[4] Wolfram, S. A New Kind of Science. Wolfram Media (2002).

[5] Anderson, Roy e May, Robert. Infectious Diseases of Humans, 1992. Oxford University Press.