



CENTRO FEDERAL DE EDUCAÇÃO TECNOLÓGICA DE MINAS GERAIS
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA AMBIENTAL
GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA AMBIENTAL E SANITÁRIA

USO DE AUTÔMATOS CELULARES E FERRAMENTAS DE GEOPROCESSAMENTO
EM UM MODELO COMPUTACIONAL DE PROPAGAÇÃO DE EPIDEMIAS E
CAPTURA DO *Aedes aegypti*

LARISSA LOPES LIMA

BELO HORIZONTE, 2016

LARISSA LOPES LIMA

USO DE AUTÔMATOS CELULARES E FERRAMENTAS DE GEOPROCESSAMENTO
EM UM MODELO COMPUTACIONAL DE PROPAGAÇÃO DE EPIDEMIAS E
CAPTURA DO *Aedes aegypti*

Trabalho de conclusão de curso
apresentado ao Centro Federal de
Educação Tecnológica de Minas Gerais
como requisito parcial para obtenção do
título de Engenheira Ambiental e
Sanitarista.

Orientador: Prof. Dr. Allbens Atman Picardi Faria

Coorientador: Prof. Dr. Carlos Wagner Gonçalves Andrade Coelho

BELO HORIZONTE, 2016



Serviço Público Federal – Ministério da Educação
Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais
**CURSO DE GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA DE ENGENHARIA
AMBIENTAL E SANITÁRIA**

**ATA DE DEFESA FINAL
TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO II**

Aos 23 dias do mês de novembro de 2016, no *campus* I do Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, reuniram-se os professores José Luis Acebal Fernandes, Rodrigo Tomás Nogueira Cardoso, Carlos Wagner Gonçalves Andrade Coelho (Co-Orientador) e Allbens Atman Picardi Faria (Orientador), para participarem da banca de avaliação do Trabalho de Conclusão de Curso intitulado “*Uso de Autômatos Celulares e Ferramentas de Geoprocessamento em um Modelo Computacional de Propagação de Epidemias e Captura do Aedes aegypti*” de autoria da aluna Larissa Lopes Lima, do curso de Engenharia de Ambiental e Sanitária. Uma vez avaliado, o trabalho foi declarado:

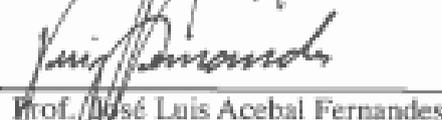
- Aprovado.
 Reprovado.

Belo Horizonte, 23 de novembro de 2016.

Banca Examinadora:


Prof. Orientador Allbens Atman Picardi Faria


Prof. Co-Orientador Carlos Wagner Gonçalves Andrade Coelho


Prof. José Luis Acebal Fernandes



Prof. Rodrigo Tomás Nogueira Cardoso

Lima, Larissa Lopes

S---

Uso de autômatos celulares e ferramentas de geoprocessamento em um modelo computacional de propagação de epidemias e captura do *Aedes aegypti* / Larissa Lopes
Lima - 2016

71f.; -- cm.

Orientador: Prof. Dr. Allbens Atman Picardi Faria

Coorientador: Prof. Dr. Carlos Wagner Gonçalves Andrade Coelho

Trabalho de conclusão de curso (Graduação) – Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, 2016

1. *Aedes aegypti*. 2. Autômato Celular. 3. Geoprocessamento. 4. Epidemias. I. Lima, Larissa Lopes. II. Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais. III. Uso de autômatos celulares e ferramentas de geoprocessamento em um modelo computacional de propagação de epidemias e captura do *Aedes aegypti*.

CDD -----

RESUMO

LIMA, L. L., *Uso de autômatos celulares e ferramentas de geoprocessamento em um modelo computacional de propagação de epidemias e captura do Aedes aegypti*. 2016. 71f. Monografia (Graduação em Engenharia Ambiental e Sanitária) – Departamento de Ciência e Tecnologia Ambiental, Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2016.

Dengue, chikungunya e infecção por zika são doenças transmitidas pelo mosquito *Aedes aegypti* e que, atualmente, geram preocupação com relação a seus efeitos na saúde pública. Este trabalho propõe simular computacionalmente a captura de *Ae. aegypti* por meio de um modelo probabilístico utilizando autômatos celulares e análise espacial do ambiente urbano por geoprocessamento, além de adaptar o algoritmo para o estudo da propagação das doenças transmitidas por este vetor. Humanos, mosquitos e armadilhas de captura são distribuídos em quarteirões e o modelo considera as características ambientais da área de estudo, sendo esses dados obtidos a partir da análise espacial de uma imagem de satélite. Um *software* de geoprocessamento foi utilizado para realizar a análise e caracterização da área. A adaptação do modelo considerou que as três doenças podem circular simultaneamente em uma mesma área, simulando a situação real, e diferentes parâmetros foram avaliados para testar a sensibilidade do programa. Os resultados obtidos na simulação computacional para captura dos mosquitos por armadilhas foram satisfatórios quando comparados com dados empíricos existentes na literatura, conseguindo reproduzir os mesmos comportamentos. O modelo demonstrou ser sensível à variação de parâmetros testada. Além disso, simulou o espalhamento da dengue, da chikungunya e da zika ao mesmo tempo, o que demonstra ser condizente com a realidade, mas mais testes são necessários para garantir maior confiabilidade. De tal forma, a simulação da disseminação das doenças transmitidas pelo *Ae. aegypti* e de sua captura por meio de armadilhas podem ser ferramentas úteis no suporte para a tomada de decisão nas políticas públicas de combate a este vetor e na prevenção de epidemias.

Palavras-Chave: *Aedes aegypti*. Autômato Celular. Geoprocessamento. Epidemias.

ABSTRACT

LIMA, L. L., *Use of cellular automata and geoprocessing tools in a computer model of the spreading of epidemics and capture of Aedes aegypti*. 2016. 71f. Monograph (Graduate) – Department of Environmental Science and Technology, Federal Center of Technological Education of Minas Gerais, Belo Horizonte, 2016.

Dengue, chikungunya and zika infection are diseases transmitted by the *Aedes aegypti* mosquito and currently cause much concern about their effects on public health. This study aims to computationally simulate the capture of *Ae. aegypti* by a probabilistic model using cellular automata and spatial analysis of the urban environment by geoprocessing, and adapt the algorithm for the study of diseases spreading by this vector. Humans, mosquitoes and capture traps are distributed in blocks and the model takes into account the environmental characteristics of the study area, obtained from the spatial analysis of a satellite image. A geoprocessing software was used to perform the area analysis and characterization. The adaptation of the model considered that the three diseases can circulate simultaneously in the same area, simulating the real life situation, and different parameters were evaluated in order to test the program's sensitivity. The results of the computer simulation for capture the mosquito traps were satisfactory when compared with existing empirical data in the literature, reproducing the same behavior. The model proved to be sensitive to variation of tested parameters. Moreover, it simulated the spreading of dengue fever, chikungunya and zika at the same time, so that it proved to be consistent with the real situation, but more tests are needed to ensure greater reliability. As such, the simulation of the spread of diseases with *Ae. aegypti* and its capture by traps can be useful tools to support decision-making in public policies to combat this vector and preventing epidemics.

Keywords: *Aedes aegypti*. Cellular Automata. Geoprocessing. Epidemics.

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1 - Ciclo evolutivo do <i>Ae. aegypti</i>	17
FIGURA 2 - Funcionamento do algoritmo do modelo computacional.	37
FIGURA 3 - Padrão de construção da “matriz cidade” utilizado pelo algoritmo.	38
FIGURA 4 - Vizinhança do sítio ocupado pelo mosquito.	40
FIGURA 5 - Funcionamento do algoritmo para a ação de picar.....	42
FIGURA 6 - Quarteirões utilizados por Resende et al. (2012) para instalação de armadilhas.	47
FIGURA 7 - Resultado obtido após classificação digital da imagem pelo ArcGIS®.....	48
FIGURA 8 - Resultado da distribuição de humanos na matriz cidade.....	50
FIGURA 9 - Resultados obtidos para a captura sem reprodução e com 97% de eficiência. ...	51
FIGURA 10 - Resultados obtidos para a captura sem reprodução e com 3% de eficiência. ...	52
FIGURA 11 - Resultados obtidos para a captura com reprodução e com 3% de eficiência. ...	53
FIGURA 12 – Porcentagem de humanos infectados.....	54
FIGURA 13 - Porcentagem de mosquitos infectados	55
FIGURA 14- Distribuição de diferentes tipos de doenças em humanos.....	57
FIGURA 15- Distribuição de diferentes tipos de doenças em mosquitos.....	57

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 - Valores de pixel atribuídos para cada classe. Valores definidos considerando-se que o vetor possui maior tendência a permanecer em locais mais favoráveis para sua reprodução.	36
TABELA 2 - Tempos de viremia, incubação e recuperação adotados na simulação computacional. Valores estabelecidos com base nos tempos médios apresentados na literatura (BRASIL, 2016a).	40
TABELA 3 - Distribuição das classes na área selecionada.	49
TABELA 4 – Número de mosquitos mortos obtidos na variação dos valores de PH e PM para densidades de 0,05 e 0,10 mosquitos por sítio.	58

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AC – Autômato Celular
CHIKV – Chikungunya Vírus
DENV – Dengue Vírus
MBA - Modelo Baseado em Agentes
PDI – Processamento Digital de Imagens
PH – Probabilidade de mosquito picar humano
PM – Probabilidade de morte do mosquito
SIG – Sistemas de Informações Geográficas
SIR – Suscetíveis – Infectados – Recuperados
SIS – Suscetíveis – Infectados – Suscetíveis
SR – Sensoriamento Remoto
ZIKV – Zika Vírus

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	OBJETIVOS	14
2.1	Objetivo geral	14
2.2	Objetivos específicos	14
3	REFERENCIAL TEÓRICO	15
3.1	Estudo de epidemias	15
3.2	<i>Aedes aegypti</i>	16
3.3	Doenças transmitidas pelo <i>Aedes aegypti</i>	18
3.3.1	<u>Dengue</u>	18
3.3.1.1	<i>Descrição da doença</i>	18
3.3.1.2	<i>Epidemiologia</i>	20
3.3.2	<u>Febre Chikungunya</u>	21
3.3.2.1	<i>Descrição da doença</i>	21
3.3.2.2	<i>Epidemiologia</i>	22
3.3.3	<u>Infecção por zika</u>	23
3.3.3.1	<i>Descrição da doença</i>	23
3.3.3.2	<i>Epidemiologia</i>	24
3.3.4	<u><i>Aedes aegypti</i> e as condições ambientais</u>	25
3.4	Geoprocessamento aplicado ao estudo de epidemias	26
3.4.1	<u>Sistemas de Informações Geográficas</u>	26
3.4.2	<u>Sensoriamento Remoto</u>	27
3.5	Ferramentas matemáticas e computacionais	28
3.5.1	<u>Autômatos celulares</u>	28
3.5.2	<u>Método de Monte Carlo</u>	30
3.5.3	<u>Caminhada aleatória</u>	30
3.5.4	<u>Uso de modelos computacionais no estudo de epidemias</u>	31
3.6	Relação entre o uso de geoprocessamento e modelos computacionais no estudo epidemiológico	33
4	METODOLOGIA	34
4.1	Aquisição, tratamento e análise de imagens	34
4.2	Algoritmos computacionais	36
4.2.1	<u>Construção da “matriz cidade” e distribuição dos humanos e mosquitos</u>	37

4.2.2	<u>Infecção de humanos e mosquitos</u>	39
4.2.2.1	<i>Tempos de incubação e viremia</i>	39
4.2.2.2	<i>Sorteio da ação do mosquito</i>	40
4.2.3	<u>Morte do mosquito</u>	43
4.2.4	<u>Aleatoriedade</u>	44
4.3	Simulações computacionais	44
4.3.1	<u>Captura dos mosquitos pelas armadilhas</u>	44
4.3.2	<u>Espalhamento de doenças</u>	45
4.3.3	<u>Avaliação da sensibilidade do modelo</u>	46
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	47
5.1	Resultados da etapa de aquisição, tratamento e análise de imagens	47
5.2	Resultados da simulação computacional	49
5.2.1	<u>Construção da “matriz cidade”</u>	49
5.2.2	<u>Captura dos mosquitos pelas armadilhas</u>	50
5.2.3	<u>Simulação da disseminação de doenças</u>	54
5.2.4	<u>Avaliação da sensibilidade do modelo</u>	58
6	CONCLUSÕES	60
7	PROPOSTA DE TRABALHOS FUTUROS	61
	REFERÊNCIAS	62

1 INTRODUÇÃO

Há, na história das epidemias, relatos sobre doenças contagiosas que atingiram populações e causaram diversos transtornos ao modo de vida geral (SCHIMIT, 2010). Dentre essas, é possível citar a peste bubônica, que atingiu a Europa no século XIV, e a gripe de 1918, também conhecida como gripe espanhola.

Atualmente, a epidemia dengue é um dos maiores problemas de saúde pública em áreas tropicais e subtropicais (WHO, 2012). A dengue é transmitida, principalmente, pelo mosquito *Aedes aegypti* e, junto com ela, emergem também outras duas doenças transmitidas pelo mesmo vetor e que ganharam destaque no cenário internacional: a febre chikungunya e a infecção por zika. As três doenças circulam atualmente no Brasil, fato que coloca a população e as autoridades em alerta (BRASIL, 2016a).

Uma ferramenta de monitoramento utilizada no controle da dengue é o uso de armadilhas que capturam as fêmeas grávidas de *Ae. aegypti* (FÁVARO et al., 2006; RESENDE, 2009). No caso de doenças como a dengue, devido aos complexos fatores inerentes a sua transmissão, os pesquisadores recorrem à modelagem matemática para maior compreensão dos processos e variáveis envolvidas, melhorando os programas de combate às doenças (MASSAHUD, 2011). Assim, modelos matemáticos e computacionais podem ser utilizados para simular a captura de vetores de doenças por meio de armadilhas (BARSANTE, 2012; OLIVEIRA, 2014; CORDEIRO, 2015), de forma a contribuir para o controle das mesmas.

Há vários estudos que buscam entender a propagação de doenças por meio de ferramentas matemáticas, associadas ou não a recursos computacionais (NEPOMUCENO, 2005; WHITE et al., 2007; ALVARENGA, 2008; MELOTTI, 2009; SCHIMIT, 2010; SANTOS, 2011.) O espalhamento de doenças é estudado para explicar como ocorre a propagação por meio das interações entre os indivíduos (MELOTTI, 2009). Os modelos epidemiológicos são ferramentas de auxílio na análise do espalhamento e comportamento das doenças infecciosas (MASSAHUD, 2011).

Além do estudo matemático e computacional das epidemias, outra abordagem interessante é utilizar ferramentas que estudam a distribuição de doenças no espaço geográfico. As técnicas de geoprocessamento permitem definir as regiões de proliferação de uma epidemia, orientando a tomada de decisão pelos órgãos competentes (FARIAS et al., 2008). O geoprocessamento pode ser associado a outras ferramentas computacionais que trabalham o espaço em uma grade de células, como os autômatos celulares, por exemplo.

Os autômatos celulares são modelos matemáticos que podem fornecer diversos recursos simples e suficientes para a representação espacial de epidemias (MASSAHUD, 2011). Ao associar recursos como autômatos celulares e geoprocessamento, este trabalho busca simular computacionalmente a captura do *Ae. aegypti* por meio de armadilhas e também a disseminação de algumas doenças transmitidas por este vetor, para permitir maior compreensão sobre como esses processos são influenciados pelo espaço urbano, contribuindo para a tomada de decisão por órgãos competentes.

2 OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

Simular a captura de *Aedes aegypti* utilizando um modelo probabilístico baseado em autômatos celulares e análise espacial por geoprocessamento e adaptar o modelo para o estudo da disseminação das doenças transmitidas por este vetor.

2.2 Objetivos específicos

- a) Simular, em um modelo computacional, a captura de mosquitos *Ae. aegypti* por meio de armadilhas espalhadas em um quarteirão;
- b) Utilizar ferramentas de geoprocessamento no tratamento de imagens da área e na obtenção de dados para o modelo;
- c) Simular computacionalmente a propagação de diferentes tipos de doenças transmitidas pelo *Ae. aegypti* sob diferentes condições iniciais; e
- d) Obter uma ferramenta para estimar a captura de mosquitos e o espalhamento de doenças transmitidas pelo *Ae. aegypti*.

3 REFERENCIAL TEÓRICO

3.1 Estudo de epidemias

Ao longo da história, foram várias as epidemias que assolaram a população em decorrência das condições sanitárias das cidades e da falta de conhecimento em relação às doenças infecciosas (REZENDE, 2009). Estas epidemias tornaram-se foco de estudo a partir da necessidade de encontrar uma solução para contê-las e, assim, reduzir significativamente o número de contaminações e mortes decorrentes das doenças.

A epidemiologia é voltada para a compreensão do processo saúde-doença em populações, fundamentando-se no raciocínio causal (WALDMAN, 1998) e tem origem nas observações de Hipócrates, o qual analisava as doenças como resultado da relação entre o homem e o ambiente, há mais de 2.500 anos (MASSAHUD, 2011). No entanto, foi no século XIX que a distribuição de doenças em grupos humanos específicos começou a ser medida em larga escala (BONITA et al., 2010).

Ainda no século XVII, John Graunt foi o primeiro a quantificar padrões de natalidade, mortalidade e ocorrência de doenças (WALDMAN, 1998). Almeida Filho (1986) destaca que John Snow é considerado o pai da epidemiologia e menciona a importância dos trabalhos de William Farr, contemporâneo de John Snow, que criou, em 1839, registros de morbidade e mortalidade para a Inglaterra e País de Gales. John Snow estudou duas grandes epidemias de cólera na Inglaterra no século XIX e contribuiu com a sistematização da metodologia epidemiológica ao descrever o comportamento da doença por meio de dados de mortalidade e ao estudar os óbitos de uma forma lógica (WALDMAN, 1998).

A partir do século XX, o foco da epidemiologia passou do estudo de fatores externos do adoecimento para a abordagem de relações causais mais analíticas e abstratas, envolvendo probabilidades (AYRES, 2009). Assim, ao longo da história, a epidemiologia desenvolveu vários métodos que permitem a identificação e o estudo sobre como os fatores que influenciam a ocorrência dos eventos relacionados ao processo de saúde-doença são distribuídos nas populações no tempo e no espaço (ORGANIZAÇÃO PANAMERICANA DE SAÚDE, 2002).

3.2 *Aedes aegypti*

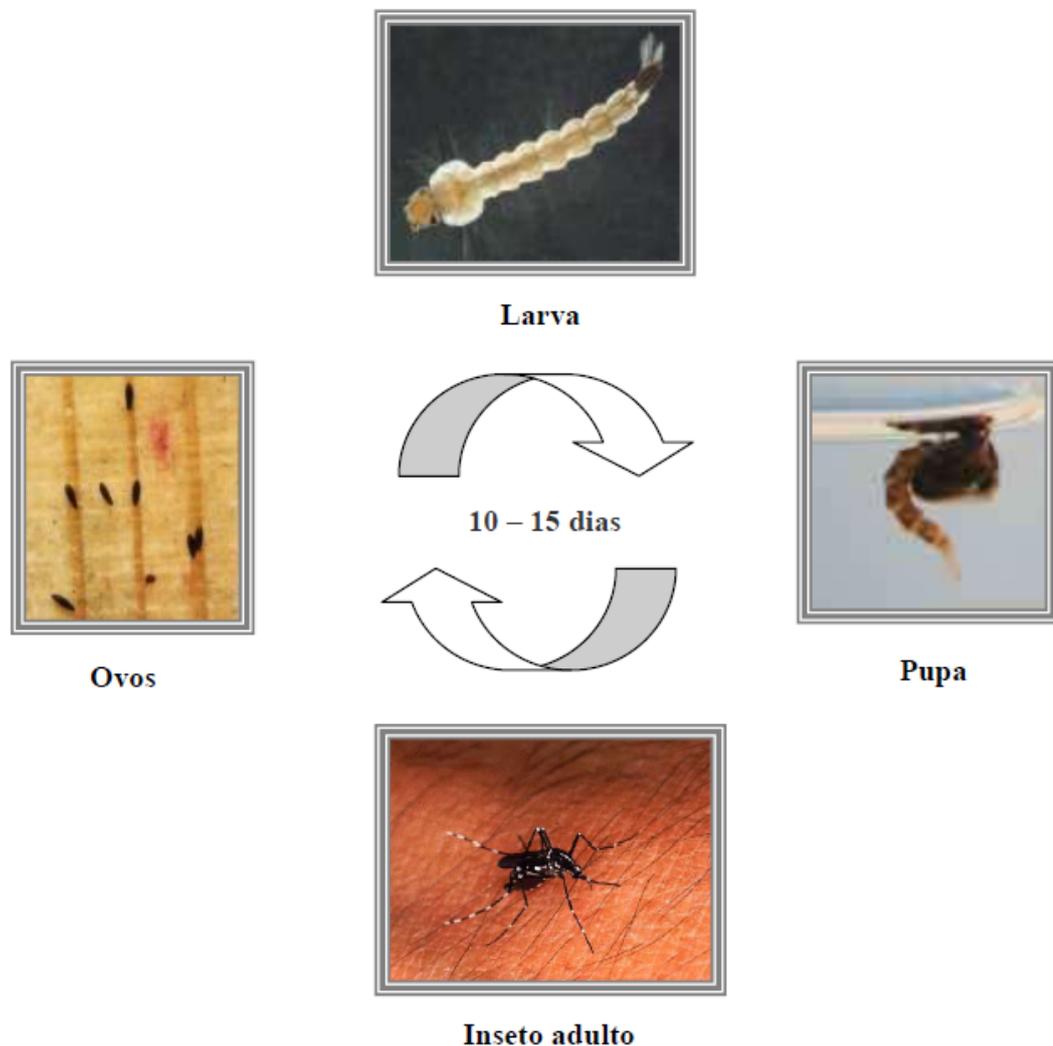
Existem, no mundo, mais de 3.500 espécies e subespécies de mosquitos que podem ser encontradas em locais onde haja água parada, uma condição necessária ao desenvolvimento de seus estágios imaturos (GUEDES, 2012). O *Aedes (Stegomyia) aegypti* (Linnaeus, 1762) pertence à família Culicidae (GAMA et al., 2007), que representa um grupo de artrópodes de grande importância médica e veterinária.

Nas Américas, o *Ae. aegypti*, espécie originária da África Subsaariana, onde se domesticou e adaptou ao ambiente urbano, é o único transmissor do vírus da dengue com importância epidemiológica (BARRETO e TEIXEIRA, 2008). Também é responsável pela transmissão da febre chikungunya, zika e febre amarela urbana, sendo esta última erradicada no Brasil desde 1942, de acordo com o Ministério da Saúde (BRASIL, 2016a). A provável origem deste mosquito é reforçada pela ampla presença de espécies do mesmo gênero em regiões africanas (DONALÍSIO e GLASSER, 2002).

O *Ae. aegypti* possui cor escura e apresenta escamas brancas pelo corpo. É um mosquito diurno que tem preferência pelas primeiras horas da manhã e, ao entardecer, quando a temperatura e a umidade exercem influência maior em relação a luz solar (NUNES, 2011). Encontra-se na região tropical ou subtropical, sendo raramente encontrado fora das latitudes 45° Norte e 35° Sul (RESENDE, 2009). De acordo com a Organização Panamericana de Saúde (1995), embora o *Ae aegypti* não seja normalmente encontrado acima de uma altitude de 1000 metros, há casos registrados de sua presença em regiões que ultrapassam essa altitude na Índia e na Colômbia.

As fases do ciclo de vida do *Ae. aegypti* são quatro: ovo, larva, pupa e mosquito adulto (FIGURA 1), sendo também quatro os estágios larvais (NUNES, 2011). Segundo Resende (2009), a resistência dos ovos deste vetor à dessecação constitui um dos grandes obstáculos para seu controle, pois permite que os mesmos sejam transportados por grandes distâncias em ambientes secos, e o contato com a água o é principal estímulo para eclosão.

Os mosquitos adultos possuem asas, alimentam-se de seivas de flores e frutos como fonte de carboidratos e as fêmeas necessitam de alimentação sanguínea para maturação dos ovos, característica que torna esses mosquitos vetores de doenças (GUEDES, 2012). As fêmeas, diretamente envolvidas na transmissão do vírus, necessitam de proteínas para o desenvolvimento dos ovos, obtendo-as por meio de repastos sanguíneos (DEGENER, 2014). Caso a fêmea esteja infectada quando realizar a postura de ovos, existe a possibilidade de que haja a transmissão vertical, em que as larvas já nascem portadoras da doença (BRASIL, 2016a).

FIGURA 1 - Ciclo evolutivo do *Ae. aegypti*

Fonte: Guedes (2012).

A fêmea do *Ae. aegypti*, uma vez infectada, permanece até o fim de sua vida, mesmo após repetidos repastos (DONALÍSIO e GLASSER, 2002). Estas põem os ovos na superfície da água preferencialmente limpa, ou próximo a ela, como tanques de água, vasos de flores, pneus velhos, baldes e outros recipientes comumente encontrados no entorno de habitações (NUNES, 2011). No verão, as altas temperaturas e grande quantidade de chuvas criam melhores condições de reprodução do *Ae. aegypti* (água parada, lixo mal acondicionado, vasos de plantas, caixas de água, calhas e outros) (FIGUEIREDO, 2009).

3.3 Doenças transmitidas pelo *Aedes aegypti*

Dentre as doenças transmitidas pelo *Ae. aegypti*, destacam-se a dengue, a febre chikungunya e a infecção por zika, as quais geram, atualmente, preocupação com relação aos seus efeitos na saúde pública. As características dessas doenças serão relatadas a seguir. O mosquito transmite, ainda, a febre amarela, mas esta não será abordada neste trabalho.

3.3.1 Dengue

3.3.1.1 *Descrição da doença*

A dengue é uma arbovirose que acomete milhares de pessoas no mundo, embora muitos sejam os esforços para combatê-la (GUEDES, 2012). O agente etiológico da dengue é um vírus que pertence ao grupo das arboviroses, da família Flaviviridae, gênero *Flavivirus*, e possui quatro diferentes sorotipos identificados até o momento: DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4 (NUNES, 2011). O isolamento do vírus da dengue ocorreu na década de 1940, por Kimura, em 1943, e Hotta, em 1944, tendo-se denominado a cepa de Mochizuki (BARRETO e TEIXEIRA, 2008).

No Brasil, é possível encontrar os quatro tipos (sorotipos) da doença (DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4) (BRASIL, 2016a). Para os quatro sorotipos, não há imunidade cruzada, o que significa que a infecção por um sorotipo só confere imunidade para aquele mesmo sorotipo (TAUIL, 2001). O vírus é transmitido durante a hematofagia¹, por meio da saliva de mosquitos *Aedes (Stegomyia) spp.* infectados (DEGENER, 2014).

A forma clássica da doença pode ser assintomática ou sintomática. Esta última caracteriza-se por febre alta, dor de cabeça, dor atrás dos olhos, dores musculares e articulares e manchas na pele (RESENDE, 2009). A febre hemorrágica pode ocorrer com ou sem síndrome do choque da dengue, podendo levar o paciente à morte (PINHO, 2013). É caracterizada por febre alta, propensão à hemorragia, trombocitopenia² e permeabilidade vascular aumentada, fator que leva à perda do plasma sanguíneo (DEGENER, 2014).

No homem, o período de incubação é variável de 3 a 14 dias, com uma média de 4 a 7 dias (GONÇALVES, 2010). O período de incubação no mosquito dura entre 8 e 10 dias e o período de viremia no homem dura entre 6 e 7 dias, com início após a incubação (BRASIL, 2016a).

¹ Hematofagia: ato de alimentar-se de sangue.

² Trombocitopenia: redução na quantidade de plaquetas no sangue.

Entre o terceiro e o sétimo dia do início da doença, é possível que ocorram sinais e sintomas importantes e frequentes. Alguns desses são: vômitos, dor abdominal intensa e contínua, hepatomegalia³ dolorosa, desconforto respiratório, sonolência ou irritabilidade excessiva, hipotermia, sangramento de mucosas, diminuição da sudorese e derrames cavitários⁴ (BRASIL, 2013).

Quanto à ocorrência da dengue, ela está inserida no ambiente urbano, local onde o mosquito transmissor encontra condições que são favoráveis para sua reprodução (SÃO PAULO, 2014). Os motivos do ressurgimento da epidemia global de dengue não são totalmente entendidos, mas relacionam-se com mudanças demográficas e sociais (FIGUEIREDO, 2009) e com a degradação das condições de saneamento.

O crescimento urbano propicia incidência de indivíduos suscetíveis e infectados concentrados em áreas restritas (COSTA e NATAL, 1998). De acordo com Rocha (2011), a proliferação mais intensa do vetor da dengue ocorre, normalmente, em locais que possuem infraestrutura sanitária deficiente, com inadequado fornecimento de água, que leva a população a armazenar água para consumo em locais que tendem a ser potenciais criadouros para o *Ae. aegypti*.

Outro mosquito que tem mostrado potencialidade de transmitir o vírus da dengue é o *Aedes albopictus* (BARRETO e TEIXEIRA, 2008). Este também é vetor da doença no continente asiático. Em regiões da Ásia, América do Sul e no oeste da África, o *Ae. albopictus* utiliza criadouros naturais e artificiais, sendo considerado um importante vetor (GONÇALVES, 2010). A primeira vez que o *Ae. albopictus* foi encontrado no Brasil ocorreu em 1986, nos estados de Minas Gerais e Rio de Janeiro, espalhando-se posteriormente para Espírito Santo e São Paulo (CONSOLI e OLIVEIRA, 1994).

O *Ae. albopictus* é tido como mais silvestre que o *Ae. aegypti* (GUEDES, 2012). Este primeiro vetor não é característico de ambientes domésticos, prefere os ocios de árvores para depositar seus ovos e possui hábitos antropofílicos⁵ diurnos e externo aos domicílios (BARRETO e TEIXEIRA, 2008). Pedrosa (2013) afirma que, embora as duas espécies apresentem semelhanças, o *Ae. albopictus* se dispersa com facilidade em ambientes rurais e silvestres, sendo normalmente encontrado em áreas com baixa densidade humana, locais estes onde o *Ae. aegypti* é raro.

³ Hepatomegalia: aumento no tamanho do fígado.

⁴ Derrames cavitários: acúmulo de líquido nas cavidades.

⁵ Antropofílico: vive nas proximidades do homem.

3.3.1.2 Epidemiologia

A dengue caracteriza-se como um sério problema de saúde pública a nível mundial, particularmente nos centros urbanos das áreas tropicais das Américas e da Ásia (CUNHA et al., 2008). Descrições do quadro clínico de epidemias compatíveis com essa doença estão registradas em uma enciclopédia chinesa datada de 610 d.C. (BARRETO e TEIXEIRA, 2008).

No decorrer dos três últimos séculos, ocorreram registros de dengue em várias partes do mundo, com pandemias e endemias isoladas, atingindo as Américas, a África, a Ásia, a Europa e a Austrália (TEIXEIRA, BARRETO e GUERRA, 1999). A Segunda Guerra Mundial favoreceu a circulação de vários sorotipos do vírus da dengue em uma mesma área geográfica, contribuindo para a ocorrência de febre hemorrágica grave (BARRETO e TEIXEIRA, 2008), devido à associação desta com a infecção sequencial por diferentes sorotipos do vírus da dengue.

Na região das Américas, o vírus da dengue esteve presente desde o século XIX até as primeiras décadas do século XX, quando houve um silêncio epidemiológico, reintroduzindo-se na década de 60 os sorotipos DENV-2 e DENV-3 (TEIXEIRA, BARRETO e GUERRA, 1999). Vários fatores influenciam o desenvolvimento da dengue na região das Américas, como o meio ambiente, a migração, o crescimento populacional, a falta de investimento em recursos básicos e a dispersão de diferentes sorotipos (NUNES, 2011). A partir de 1970, epidemias graves de dengue atingiram países da América Central e do norte da América do Sul (CUNHA et al., 2008).

Há relatos de casos de dengue no Brasil no intervalo de 1846 a 1853, em São Paulo e Rio de Janeiro, mas as primeiras citações na literatura são de 1916 e 1923, nas cidades de São Paulo e Niterói, respectivamente (BARRETO e TEIXEIRA, 2008). A primeira epidemia de dengue documentada no Brasil, clínica e laboratorialmente, ocorreu no ano de 1981, em Roraima, com uma ocorrência estimada em 12 mil pessoas infectadas pelos tipos DENV-1 e DENV-4 (SANTOS, 2009).

Desde 1986, a transmissão da dengue ocorre de forma continuada no Brasil, intercalando-se com a ocorrência de epidemias (BRASIL, 2016a). Houve agravamento do quadro epidemiológico com rápida dispersão do vírus em todo o território nacional durante a década de 1990 (SANTOS, 2009). No ano de 1996, o governo brasileiro propôs o Programa de Erradicação do *Aedes aegypti*. No entanto, este programa não atingiu seus objetivos de forma eficaz.

Em 2001, houve a inserção do DENV-3 no país, com rápida disseminação para oito estados (BRASIL, 2002). Mediante este fato, o Ministério da Saúde estabeleceu, em 2002, o Programa Nacional de Controle da Dengue. Entre os anos de 2001 e 2007, o Brasil apresentou 98,5% dos casos de dengue entre um grupo de países composto por Argentina, Brasil, Chile, Uruguai e Paraguai, apresentando também maior taxa de mortalidade (NUNES, 2011).

O maior surto no Brasil ocorreu, até então, em 2013, com aproximadamente 2 milhões de casos notificados (BRASIL, 2016a). Em 2015, o Ministério da saúde registrou 1.649.008 casos de dengue no país (BRASIL, 2016b). Somente no primeiro semestre de 2016 (até a segunda semana de agosto), o número de casos registrados foi de 1.426.005 (BRASIL, 2016c), ultrapassando os 1.350.406 registrados até a primeira semana de agosto de 2015 (BRASIL, 2015a).

3.3.2 Febre Chikungunya

3.3.2.1 *Descrição da doença*

A febre chikungunya é uma arbovirose causada pelo vírus Chikungunya (CHIKV), da família Togaviridae e do gênero *Alphavirus*, transmitida pela picada da fêmea do *Ae. aegypti* e do *Ae. albopictus* (BRASIL, 2016a). A distribuição global dos vetores da febre chikungunya é um dos fatores que contribui para a emergência e disseminação dessa arbovirose (AZEVEDO et al., 2015).

A doença caracteriza-se por quadros de febre associados à intensa dor articular, cefaleia⁶ e mialgia⁷, com poliartrite/artralgia simétrica⁸ que, geralmente, apresenta melhora após 10 dias, mas pode prolongar-se por meses após a manifestação febril (DONALÍSIO e FREITAS, 2015). A manifestação dos sintomas originou o nome chikungunya, termo que, no idioma africano Makonde, significa “aquele que se curva”, em decorrência da artralgia apresentada pelos doentes (BRASIL, 2015b). O fato de a dor nas articulações associada à infecção por chikungunya persistir por semanas ou meses origina impacto econômico e social (POWERS e LOGUE, 2007), visto que a dor pode interferir na produtividade e no desenvolvimento de atividades rotineiras.

⁶ Cefaleia: dor de cabeça.

⁷ Mialgia: dor muscular.

⁸ Poliartrite/artralgia simétrica: inflamação nas articulações do corpo, sendo a poliartrite a inflamação de 5 ou mais articulações.

De acordo com Donalísio e Freitas (2015), em comparação com a dengue, a chikungunya apresenta características como a maior proporção de casos sintomáticos, menor tempo de incubação intrínseca⁹, menor período de incubação extrínseca¹⁰ e maior período de viremia, fatos que amplificam sua disseminação e aumentam a possibilidade de epidemias grandes e explosivas. Segundo o Ministério da Saúde (BRASIL, 2016a), o período de incubação da chikungunya no homem é entre 2 e 10 dias e o período de viremia dura entre 5 e 6 dias, iniciando após a incubação.

3.3.2.2 *Epidemiologia*

O vírus Chikungunya foi descrito pela primeira vez no princípio da década de 1950, na região da atual Tanzânia (DONALÍSIO e FREITAS, 2015). A partir de então, surtos são relatados em vários países do mundo (BRASIL, 2015b).

Entre 1954 e 1986, o CHIKV foi motivo de epidemias em diversos países asiáticos (LIGON, 2006). Entre 1960 e 1990, o vírus foi isolado repetidamente durante surtos em países da África Central e do Sul e em países da África Ocidental (AZEVEDO et al., 2015).

A primeira emergência do CHIKV ocorreu com sua introdução na Índia e no sudeste asiático e a segunda ocorreu no Quênia, em 2004 (HONÓRIO et al., 2015). O vírus espalhou-se rapidamente pelas ilhas do sudoeste do Oceano Índico a partir de 2005 e vários casos foram registrados em países ocidentais não tropicais, como um surto na Itália em 2007 (AZEVEDO et al., 2015).

Ainda, segundo Azevedo et al. (2015), houve, em 2011, um surto com mais de 11.000 casos na República Democrática do Congo, fato que aumentou a preocupação com a dispersão e estabelecimento do vírus em outros países. Em 2013, houve uma grande epidemia de chikungunya em diversas ilhas do Caribe (BRASIL, 2015b).

No Brasil, mesmo durante o período de baixa pluviosidade, registrou-se transmissão autóctone¹¹ de chikungunya nos estados do Amapá e Bahia, oferecendo risco de propagação do vírus a todo território nacional (AZEVEDO et al., 2015). Em 2015, o Ministério da Saúde registrou 38.332 casos prováveis de febre chikungunya e, até a segunda semana de agosto de 2016, o número de casos registrados foi de 216.102 (BRASIL, 2016c).

⁹ Período de incubação intrínseco: período de incubação no humano.

¹⁰ Período de incubação extrínseco: período de incubação no vetor.

¹¹ Transmissão autóctone: transmissão que ocorre dentro do território do país.

3.3.3 Infecção por zika

3.3.3.1 *Descrição da doença*

O Zika vírus (ZIKV) é um flavivírus da mesma família da febre amarela, dengue, febre do Oeste do Nilo e encefalite japonesa (HAYES, 2009). O ZIKV é transmitido pelo *Ae. aegypti* e causa febre acompanhada por outros sintomas como cefaleia, exantema¹², mal estar, edema¹³ e dores articulares (VASCONCELOS, 2015).

Durante epidemias, os humanos são os hospedeiros primários¹⁴ para o vírus (HENNESSEY, FISCHER e STAPLES, 2016). A adaptação do ZIKV a um ciclo urbano ou periurbano envolvendo o *Ae. aegypti* e outros mosquitos do subgênero *Stegomyia* como vetores e seres humanos como hospedeiros deve ser um motivo de preocupação para a saúde pública (MUSSO et al., 2015).

Os sintomas da doença causada pelo ZIKV duram de 2 a 7 dias e esta pode ser confundida com dengue, chikungunya ou outras infecções virais em que há febre e erupções cutâneas (ECDC, 2015). Hennessey, Fischer e Staples (2016) afirmam que, quando sintomática, a zika é leve e caracterizada por febre, erupção cutânea, artralgia e conjuntivite não purulenta. O período de incubação em humanos não é conhecido, mas estima-se que seja de alguns dias (WHO, 2016).

A zika vem sendo relacionada à casos da síndrome de Guillan-Barré¹⁵ (MUSSO et al., 2015). Foi reportada uma associação entre as doenças em julho de 2015 no Brasil (KINDHAUSER et al., 2016), embora estudos anteriores tenham relacionado as duas (OEHLER et al., 2014). Oehler et al. (2014) descrevem casos da síndrome que ocorreram após uma infecção por zika durante a circulação do ZIKV e de DENV-1 e DENV-3 na Polinésia Francesa em 2013.

Após o surto da doença em sua forma clássica no Brasil em 2015, casos neurológicos e de microcefalia começaram a surgir (BRITO, 2015). Em outubro de 2015, o Brasil reportou uma provável associação entre a infecção pelo ZIKV e a microcefalia (KINDHAUSER et al., 2016).

¹² Exantema: erupção cutânea.

¹³ Edema: acúmulo anormal de líquido nos tecidos

¹⁴ Hospedeiro primário: hospedeiro no qual se desenvolve a maior parte da doença.

¹⁵ Síndrome de Guillan-Barré: doença autoimune do sistema nervoso.

Devido ao aumento de casos de microcefalia, o Ministério da Saúde lançou, em 2015, o Plano Nacional de Enfrentamento à Microcefalia. O plano objetiva nortear profissionais da saúde para ações de prevenção da infecção pelo ZIKV em gestantes e mulheres em idade fértil e para assistência aos nascidos com microcefalia (BRASIL, 2015c).

Estudos recentes estabelecem uma relação entre a microcefalia e a infecção pelo ZIKV (MLAKAR et al., 2016). Em fevereiro de 2016, a Organização Mundial de Saúde declarou a zika associada à microcefalia e outras doenças neurológicas, constituindo uma emergência de saúde pública de preocupação internacional (KINDHAUSER et al., 2016). Em abril de 2016, o Centro de Controle e Prevenção de Doenças (Centers for Disease Control and Prevention) divulgou um comunicado confirmando que o ZIKV é responsável por alguns casos de microcefalia e outros defeitos cerebrais fetais (CDC, 2016).

3.3.3.2 Epidemiologia

O ZIKV foi isolado em 1947 em um macaco Rhesus na Floresta Zika, na Uganda (DICK et al., 1952). Desde seu isolamento, em 1947, estudos relataram a circulação do vírus em áreas tropicais da África Ocidental, África Central, Ásia e em várias ilhas do Pacífico desde 2007 (ECDC, 2015).

Um surto de zika foi relatado nas ilhas Yap, dos Estados Federados da Micronésia, em 2007, sendo observados sintomas como erupções cutâneas, conjuntivite, artralgia e artrite (DUFFY et al., 2009). Em 2013, uma grande epidemia de zika foi reportada na Polinésia Francesa, concomitantemente com uma epidemia de dengue causada por DENV-1 e DENV-3 (ZANLUCA et al., 2015).

Desde 2014, a circulação do ZIKV tem sido detectada nas Américas, sendo que as autoridades do Chile confirmaram, em fevereiro do mesmo ano, o primeiro caso de transmissão autóctone na Ilha de Páscoa e casos foram reportados até junho (ECDC, 2015). Em fevereiro de 2016, a transmissão do ZIKV foi reportada em mais de 20 países da América (KINDHAUSER et al., 2016).

Até a segunda semana de agosto de 2016, o Ministério da Saúde registrou 196.976 casos prováveis de infecção por zika no Brasil (BRASIL, 2016c). No entanto, ressalta-se que, como a doença ainda é relativamente recente no país, possui sintomas semelhantes ao de outras infecções, o teste não é realizado em todos os casos e nem todos os doentes procuram atendimento médico, há a possibilidade de este número ser subestimado.

Em 2015, o Ministério da Saúde registrou 3.174 casos suspeitos de microcefalia relacionados à infecção por zika, sendo estes identificados em 684 municípios, em 21 estados brasileiros (BRASIL, 2016a). Até a segunda semana de agosto de 2016, foram registrados 9.015 casos, sendo que 2.957 permaneciam em investigação, 1.835 foram confirmados para microcefalia ou outra alteração do sistema nervoso central e 4.223 foram descartados (BRASIL, 2016d).

3.3.4 *Aedes aegypti* e as condições ambientais

Nas últimas décadas, o Brasil passou por um intenso processo de urbanização. Tal processo ocorreu de forma rápida e a infraestrutura das cidades não foi capaz de suportar a demanda, de forma que parte da população vive em condições precárias de saneamento.

Tauil (2002) afirma que a necessidade de armazenar água para consumo em tonéis é um fator que gera condições favoráveis para a proliferação de mosquitos vetores. Aliada ao abastecimento de água, encontra-se a coleta de lixo, que, quando precária, contribui para a alojar água que servirá de criadouro para o *Ae. aegypti*.

Nas regiões mais desprovidas de estrutura urbana, os principais criadouros para o vetor da dengue são os recipientes destinados ao armazenamento de água para consumo e recipientes descartados que, por falta de coleta de lixo, ficam dispostos no peridomicílio¹⁶. Por outro lado, nas regiões de população com maior renda, os principais criadouros para o vetor são os objetos ornamentais, como vasos de plantas, ou tanques de armazenamento de água sem tampa (TEIXEIRA, BARRETO e GUERRA, 1999). Santos (2009) afirma que é no domicílio e peridomicílio que se encontram os principais criadouros do vetor da dengue.

A densidade e o grau de domiciliação dos vetores da dengue interferem na capacidade vetorial das populações do mosquito em regiões e momentos diferentes (DONALÍSIO e GLASSER, 2002). Conhecer a situação de saneamento domiciliar, com objetivo de identificar os fatores de risco relacionados à presença de criadouros, é uma questão indispensável ao planejar as ações de controle vetorial da dengue (SANTOS, 2009).

De acordo com Nunes (2011), as mudanças no clima possuem potencial de alterar a exposição das populações à doenças transmitidas por vetores. Há uma forte associação entre a incidência de dengue e as estações chuvosas, altas temperaturas, altitudes e ventos (DONALÍSIO e GLASSER, 2002).

¹⁶ Peridomicílio: região no entorno do domicílio.

No Brasil, há uma sazonalidade evidente de infecções pelos vírus da dengue, com predominância nos primeiros meses do ano, justificada pelo aumento da temperatura e umidade neste período (TEIXEIRA, BARRETO e GUERRA, 1999). Donalísio e Glasser (2002) afirmam que a influência da temperatura na transmissão da dengue interfere nas atividades de repasto sanguíneo das fêmeas dos mosquitos, em sua longevidade e no período de incubação extrínseco do vírus.

3.4 Geoprocessamento aplicado ao estudo de epidemias

Uma maneira de caracterizar o perfil epidemiológico de uma região é utilizando análises espaciais por meio de ferramentas que utilizam o espaço territorial para analisar os processos de saúde e de doenças na população (ROCHA, 2011). Dentre as ferramentas utilizadas, é possível citar os Sistemas de Informações Geográficas e o Sensoriamento Remoto, que serão detalhados a seguir.

3.4.1 Sistemas de Informações Geográficas

Os Sistemas de Informações Geográficas (SIGs) são formados por ferramentas que permitem obter, trabalhar e transmitir informações referentes ao espaço geográfico. Os SIGs são sistemas que tratam dados geográficos computacionalmente e recuperam informações com base em suas características alfanuméricas e através da localização espacial dos mesmos (CÂMARA et al., 2003). Câmara e Ortiz (1998) destacam três principais características dos SIGs:

- a) Integração de informações espaciais oriundas de dados cartográficos, de censo e cadastro urbano e rural, imagens de satélite, redes e modelos numéricos de terreno em uma única base de dados;
- b) Combinação de informações diversas por meio de algoritmos de manipulação, para realizar mapeamentos derivados; e
- c) Consulta, recuperação, visualização e plotagem do conteúdo da base de dados geocodificados.

A utilização de SIGs é capaz de contribuir de forma significativa em epidemiologia, melhorando as possibilidades de descrição e de análise espacial das doenças e suas relações com variáveis ambientais (LAGROTTA, 2006). Figueiredo (2009) afirma que o uso de SIGs em estudos na área da saúde apresenta a possibilidade de cruzar informações de diversas bases de dados, proporcionando o avanço das análises espaciais para os sistemas de vigilância à saúde.

Os SIGs permitem uma descrição espacial da situação de um evento de saúde em determinada área geográfica (ORGANIZAÇÃO PANAMERICANA DE SAÚDE, 2002). Esta ferramenta pode ser de grande auxílio no planejamento, monitoramento, avaliação e controle de epidemias.

Com relação à dengue, por exemplo, Farias et al. (2008) destacam que os Sistemas de Informações Geográficas são ferramentas de apoio ao controle da doença, visto que permitem apontar áreas de maior intensidade de transmissão, as mais vulneráveis ao vetor e planejar ações para controle da doença. A dengue é limitada no espaço e no tempo por fatores ambientais e, devido a este fato, os SIGs tornam-se úteis para a identificação de fatores ambientais que influenciam a determinação e delimitação da área de risco (FIGUEIREDO, 2009).

3.4.2 Sensoriamento Remoto

Sensoriamento Remoto (SR) é a tecnologia que permite a obtenção de dados e imagens da superfície terrestre utilizando a captação e o registro da energia que é refletida ou emitida pela superfície (FLORENZANO, 2011). O SR pode ser utilizado para extrair e obter informações geradas por geoprocessamento para simular parâmetros ambientais em meio computacional (APARÍCIO, 2001).

O Sensoriamento Remoto está relacionado à obtenção de informações sem contato físico com o sensor e o objeto analisado. Moraes (2002) ressalta que a obtenção de informações envolve a detecção, aquisição e análise da energia eletromagnética que é emitida ou refletida pelos objetos da superfície e captada por sensores remotos.

Os objetos da superfície refletem, absorvem e transmitem radiação eletromagnética em proporções relacionadas ao comprimento de onda, que varia de acordo com as características biofísicas e químicas e podem ser identificadas nas imagens e nos dados dos sensores (MORAES, 2002; FLORENZANO, 2011). A intensidade com que cada objeto reflete ou emite energia é conhecida como assinatura espectral e a avaliação desta energia permite a identificação do objeto por meio de sensores.

No entanto, alguns fatores podem atuar como obstáculo na aquisição de dados, como as nuvens, por exemplo, que escondem a superfície e prejudicam a qualidade da informação adquirida. Para a melhor compreensão das imagens, é necessário que o usuário utilize técnicas de Processamento Digital de Imagem (PDI).

A classificação de imagens, uma técnica de PDI, consiste em extrair as informações para reconhecer padrões e objetos homogêneos, atribuindo classes predeterminadas de acordo com características comuns e, desta forma, permite a identificação de áreas que possuem características semelhantes. A classificação de imagens de sensoriamento remoto possibilita maior e mais rápida aquisição de informações ambientais relevantes em estudos epidemiológicos que relacionam o ambiente à doença (RESENDES, 2010).

3.5 Ferramentas matemáticas e computacionais

3.5.1 Autômatos celulares

Os autômatos celulares (ACs) foram introduzidos a partir de um ponto de vista teórico por John Von Neumann, na década de 1940. O autômato de Von Neumann era constituído por um espaço bidimensional considerado infinito, mas com células em quantidade finita que iniciavam em um estado especial de repouso (MORAES, 2007). De acordo com Pascoal (2005), é de Von Neumann a ideia de autômato autorreprodutor, referente à capacidade de uma máquina de produzir uma autocópia que, por sua vez, tivesse a capacidade de criar novas cópias.

O matemático John Conway desenvolveu o Jogo da Vida no final dos anos 60. Este jogo consiste em um AC que representa sistemas complexos da evolução da vida através de regras matemáticas e no qual a evolução da vida é simulada em uma sociedade representada por um autômato bidimensional com estados binários, sendo a evolução simulada pelos estados iniciais (MORAES, 2007). A ideia básica do Jogo da Vida é iniciar com uma configuração simples de contadores célula a célula e, a seguir, observar as mudanças a partir das regras estabelecidas por Conway para nascimentos, mortes e sobreviventes (GARDNER, 1970).

ACs são modelos matemáticos simples discretizados no espaço, no tempo e no número de estados de cada sítio (ATMAN, 2002). O termo discreto significa que as variáveis de estado permanecem inalteradas ao longo dos intervalos de tempo, mudando os valores somente em momentos bem definidos conhecidos (PASCOAL, 2005).

Oliveira (1999) define ACs como sistemas distribuídos espacialmente com um grande número de componentes simples e idênticos e que possuem conectividade local. De acordo com Silva (2012), o AC é um modelo matemático discreto no tempo, nas variáveis dinâmicas e no espaço, modelado em uma grade regular de células e tem sua evolução proporcionada a partir de regras simples de dependência que variam de acordo com os estados. Todas as células do autômato seguem a mesma regra de atualização (BANDINI e PAVESI, 2004).

Um autômato celular caracteriza-se por tentar simular comportamentos complexos a partir de regras simples, em que o espaço é discretizado por uma grade de células (LIMA, 2007). Cada célula da grade muda de estado de acordo com uma determinada regra de atualização, que depende apenas do estado da célula e de um número finito de células vizinhas (BANDINI e PAVESI, 2004).

Lima (2007) explica o conjunto (L, S, N, f) de um autômato celular, onde L representa a discretização do espaço e S é o conjunto dos diferentes estados em que cada célula pode estar. A função f representa a regra de transição que definirá o próximo estado a partir da vizinhança N e do estado da célula. Neste conjunto, é estabelecido que:

- a) L é uma grade regular, d -dimensional, formada de células;
- b) S é um conjunto finito de estados;
- c) N , a vizinhança, é um conjunto finito, de tamanho $|N| = n$ e dimensão d , tal que para todo $c \in L \rightarrow N(c) \in L$; e
- d) $f: (S, N) \rightarrow S$ é uma função de transição.

De acordo com as regras básicas de evolução de um AC, não é possível inferir diretamente em suas propriedades. No entanto, seu comportamento pode sempre ser determinado por simulações explícitas em um computador, a partir das quais é possível obter dados numéricos e inferir resultados teóricos (WOLFRAM, 1984).

As regras de transição de um AC podem ser determinísticas ou probabilísticas (estocásticas). As regras determinísticas são caracterizadas por, dada uma configuração em um tempo t , o estado seguinte é sempre o mesmo no tempo $t+1$ (JUSTO, 2013). O número de regras determinísticas é dado por k^{k^z} , para k estados por sítio e z vizinhos (OLIVEIRA, 2014). Para as regras probabilísticas, o estado de cada sítio depende apenas do estado de seus vizinhos no passo de tempo anterior (ATMAN, 2002).

Em geral, modelos estocásticos trabalham com distribuições de probabilidade, enquanto os determinísticos utilizam médias globais (SANTOS, 2011). Processos estocásticos são entendidos como fenômenos que variam imprevisivelmente em algum grau com a passagem de tempo.

Atman (2002) também estabelece que um processo estocástico é determinado pela distribuição de probabilidades conjunta $P_l(n_0, n_1, \dots, n_l)$ na qual $y_t=n_0$ para $t=0$, $y_t=n_1$ para $t=1$ e assim sucessivamente. A probabilidade condicional $P_{l+1}(n_{l+1}|n_0, n_1, \dots, n_l)$ corresponde à probabilidade de que a variável estocástica y_n assumira o valor n_{l+1} em $t=l+1$, considerando que ela assumiu os valores n_0, \dots, n_l nos instantes t_0, \dots, t_l anteriores.

3.5.2 Método de Monte Carlo

O método de Monte Carlo consiste na geração de números aleatórios ou pseudoaleatórios. É uma técnica de simulação baseada no uso de um modelo matemático que envolve uma amostragem aleatória (CHENG, 1999).

Esta técnica é um recurso utilizado no desenvolvimento de modelos probabilísticos. Silva (2012) afirma que os números podem ser obtidos através de algum processo aleatório ou por meio de funções específicas, como geradores computacionais.

O método de Monte Carlo surgiu em Los Alamos, Novo México, no período da Segunda Guerra Mundial (NASCIMENTO, 2009). O nome “Monte Carlo” é uma referência à cidade de mesmo nome em Mônaco, famosa por suas casas de jogos, dado que o cassino, a roleta e o jogo de azar são caracterizados como dispositivos de produção de números aleatórios (SILVA, 2008; LOPES et al., 2010).

3.5.3 Caminhada aleatória

A primeira situação que faz referência à caminhada aleatória diz respeito à descoberta de Robert Brown, em 1828, a partir da observação de que pequenas partículas em uma solução possuem movimento irregular, fenômeno denominado movimento browniano (BENÍCIO, 2013). No século XVI, Pascal, Fermat e Bernoulli trabalhavam assuntos semelhantes, mas foi no início do século XX que a caminhada aleatória foi relacionada à processos estocásticos (SANTOS, 2008).

Salinas (1999) exemplifica que um indivíduo deslocando-se sobre uma reta a partir da origem e com passos de comprimento igual (l) para a direita, com uma probabilidade p , ou para a esquerda, com uma probabilidade $q=1-p$. Supondo que a quantidade de passos para a direita é representada por n_1 e para a esquerda por n_2 . Assim, o número total de passos é $N = n_1+n_2$. Sendo m uma grandeza que parametriza a distância percorrida, $m = n_1-n_2$.

A distância percorrida pelo caminhante é dada por $x = (n_1 - n_2)l = ml$ (SILVA e LIMA, 2007). De tal forma, o problema é fundamentado em encontrar a probabilidade $P_N(m)$ de o indivíduo ser encontrado na posição $x = ml$ após N passos (considerando m inteiro e $-N \leq m \leq N$). Benício (2013) afirma que, na caminhada aleatória simétrica unidimensional, após um determinado número de passos, o caminhante pouco se afasta da origem, sendo a região próxima ao ponto de partida o mais visitado e o mais provável de encontrar o caminhante.

3.5.4 Uso de modelos computacionais no estudo de epidemias

É crescente o número de trabalhos que relacionam ferramentas matemáticas e/ou computacionais a estudos epidemiológicos (NEPOMUCENO, 2005; WHITE et al., 2007; ALVARENGA, 2008; MELOTTI, 2009; SCHIMIT, 2010; ALMEIDA, 2011; SANTOS, 2011; OLIVEIRA, 2014). A modelagem de doenças infecciosas é fundamentada em hipóteses matemáticas que visam quantificar alguns aspectos da propagação de epidemias (ALVARENGA, 2008; MELOTTI, 2009). O primeiro trabalho relatado de aplicação de matemática a epidemias é de Daniel Bernoulli, cujo foco foi a varíola, em 1760, seguido por importantes trabalhos de William Farr, também da varíola, em 1840, e John Brownlee, na análise de dados epidemiológicos, em 1906 (NEPOMUCENO, 2005).

Vários modelos já foram elaborados para estudar a dinâmica de epidemias. Dentre eles, é possível citar o modelo SIR (Suscetíveis – Infectados – Recuperados), elaborado por Kermack e McKendric com o objetivo de modelar a variação temporal do número de pessoas infectadas por alguma doença contagiosa em uma população com número de indivíduos constante (SCHIMIT, 2010).

O modelo SIR permite o estudo da disseminação de uma doença em uma população e é, em sua forma clássica, representado por equações diferenciais ordinárias não lineares em tempo contínuo (MELOTTI, 2009). Neste modelo, indivíduos suscetíveis são os capazes de contrair a doença, os infectados são os contaminados e capazes de disseminar a doença e os recuperados são os que passaram pela doença e tornaram-se imunes (WHITE et al., 2007).

Um modelo derivado do SIR é o SIS (Suscetíveis – Infectados – Suscetíveis), no qual assume-se que o indivíduo, quando curado, não fica imune à doença e volta a ser suscetível (SCHIMIT, 2010). Demais modelos que dividem a população em compartimentos podem ser encontrados na literatura (NEPOMUCENO, 2005).

Uma fração considerável de modelos como o SIR e o SIS é desenvolvida por meio de equações diferenciais (SANTOS, 2011). Dentre as desvantagens dos modelos que utilizam equações diferenciais, White et al. (2007) citam que estes não são eficientes na simulação de: processos individuais de contatos; efeitos do comportamento individual; aspectos espaciais da epidemia e; efeitos da mistura de padrões dos indivíduos.

Como alternativa às equações diferenciais, o comportamento de uma infecção em uma população pode ser avaliado por meio de modelos baseados em autômatos celulares. Assim, os autômatos celulares podem ser utilizados como um recurso quando as equações diferenciais não são suficientes para suprir a demanda do modelo.

É possível criar, a partir de autômatos celulares, regras que mostram a evolução da doença em um organismo ou população sem a necessidade de resolver equações (MELOTTI, 2009). No estudo de disseminação de epidemias, pode-se definir regras para os autômatos celulares que determinarão como ocorrerá a evolução da doença em uma população ou no organismo de um indivíduo (OLIVEIRA, 2014). O uso de autômatos celulares auxilia no desenvolvimento de estratégias para prevenir o espalhamento ou na adoção de métodos de erradicação de uma doença já instalada, bem como na descoberta do número mínimo de indivíduos que deve ser vacinado para evitar uma epidemia (SASSO et al., 2004).

Mediante a necessidade de utilizar populações heterogêneas em estudos epidemiológicos, surgiu outra abordagem que divide a população heterogênea em subpopulações homogêneas (SANTOS, 2011). Esta tem como base o Modelo Baseado em Agentes (MBA).

No MBA, o número de indivíduos suscetíveis possui uma flutuação que é característica de modelos estocásticos, tendo como base que existe uma probabilidade não nula de que possa acontecer erradicação da doença (NEPOMUCENO, 2005). A diferença entre os modelos clássicos e o MBA é que, neste último, a população não é mais representada por uma variável contínua e os indivíduos carregam o número de informações necessários para o estudo, permitindo contabilizar a diferença entre eles e considerar as diferenças individuais (MASSAHUD, 2011).

3.6 Relação entre o uso de geoprocessamento e modelos computacionais no estudo epidemiológico

Atualmente, é cada vez mais comum relacionar ferramentas computacionais de diferentes áreas com um objetivo em comum. Dentre estas novas relações interdisciplinares, ressalta-se a interessante junção de modelos computacionais e ferramentas de geoprocessamento para estudar o comportamento de epidemias.

Peres e Polidori (2009) destacam que, além da dinâmica dos autômatos celulares de capturar processos oriundos da vizinhança espacial, há compatibilidade natural com as grades de células utilizadas em SIGs. Em SIGs, os modelos dinâmicos visam realizar a simulação numérica de processos dependentes do tempo (PEDROSA e CAMARA, 2007).

O uso de SIGs é recorrente no estudo da dinâmica urbana, sendo também conciliado com autômatos celulares. Vários modelos que relacionam o uso de autômatos celulares a essa dinâmica são citados por Peres e Polidori (2009). Representar o espaço como uma matriz de células e aplicar equações matemáticas a cada uma destas células, simultaneamente, é uma maneira de desenvolver modelos de simulação da dinâmica espacial (PEDROSA e CAMARA, 2007).

Ao trabalharem o espaço e o tempo, modelos baseados em autômatos celulares e ferramentas de geoprocessamento podem ser aliados no desenvolvimento de pesquisas voltadas para a compreensão de determinados fenômenos. Como espaço urbano está relacionado à presença de vetores de diversas doenças, o uso de modelos computacionais atrelados aos SIGs mostra-se cada vez mais promissor como uma ferramenta de estudos epidemiológicos.

4 METODOLOGIA

A metodologia adotada para o desenvolvimento deste trabalho foi dividida em três etapas. A primeira delas foi a aquisição, tratamento e análise de imagens por meio de geoprocessamento. O produto desta primeira etapa consistiu em dados que foram utilizados como entrada no modelo computacional, o qual é descrito na segunda etapa. A última parte da metodologia diz respeito às diferentes simulações realizadas. Todas as etapas são descritas abaixo.

4.1 Aquisição, tratamento e análise de imagens

Primeiramente, realizou-se a identificação da área utilizada por Resende et al. (2012) que corresponde ao local em que foram instaladas as armadilhas de captura de mosquitos (MosquiTRAP®). A MosquiTRAP® (Ecovec SA, Belo Horizonte) é uma armadilha utilizada para a captura e o monitoramento, principalmente, de *Ae. aegypti* grávidas, atraindo os mosquitos por meio de estímulos visuais e olfativos (DEGENER, 2014).

A MosquiTRAP® é formada por duas unidades plásticas de cor preta e possui diâmetro de 11cm (FÁVARO et al., 2006). A parte inferior possui o fundo vedado e é preenchida com, aproximadamente, 300mL de água e a parte superior é aberta para o acesso dos mosquitos, que são capturados por meio de um cartão adesivo que possui um liberador do atraente de oviposição sintético (DEGENER, 2014).

No trabalho de Resende et al. (2012), foram selecionados alguns quarteirões na Regional Oeste de Belo Horizonte, Minas Gerais, para avaliar a influência da densidade de armadilhas por quarteirão na captura do *Ae. aegypti*. A Regional Oeste é um dos nove Distritos Sanitários delimitados pela prefeitura da cidade. Desde 1996, o município de Belo Horizonte apresenta sucessivas epidemias de dengue, acompanhadas de uma progressiva infestação e dispersão de *Ae. aegypti* na cidade (CORRÊA, FRANÇA e BOGUTCHI, 2005).

Neste trabalho, selecionou-se um dos quarteirões de forma aleatória, dentre os utilizados por Resende et al. (2012), para simular a propagação do *Ae. aegypti* e também a captura do mosquito pelas armadilhas. A mesma área foi utilizada em todas as simulações realizadas.

A identificação dos quarteirões ocorreu por meio do sistema de dados da Prefeitura de Belo Horizonte denominado Plantas On Line® (SPOL, PBH). Neste sistema, foi possível localizar os quarteirões a partir da numeração e identificar visualmente por meio de plantas baixas.

Identificados, os quarteirões foram delimitados por meio do *software* Google Earth® (Google) e exportados em formato compatível para posterior uso no *software* ArcGIS® (ESRI Inc., Redlands, CA, USA). Com auxílio do *software* ArcGIS®, a imagem da área foi georreferenciada e, por meio da ferramenta de classificação digital de imagens, extraiu-se um valor de classe para cada pixel da mesma.

O método de classificação adotado foi a supervisionada, em que as classes são definidas pelo usuário. Na classificação, ambientes semelhantes são agrupados pelo *software* em uma mesma classe, visto que possuem uma assinatura espectral semelhante.

Foram definidas cinco classes, selecionando-se amostras das mesmas na imagem e utilizando o *software* para detecção das áreas semelhantes. As classes definidas foram: vegetação, casas, prédios, pavimentação e solo exposto. A escolha das classes foi realizada tendo como base a análise visual da imagem de satélite, observando-se os elementos presentes na área.

Considerou-se como vegetação toda a área verde do quarteirão, incluindo as árvores presentes na calçada. As casas e os prédios foram identificados por meio da assinatura espectral do telhado e a área pavimentada foi considerada como todo solo impermeabilizado. Adotou-se como solo exposto toda área sem vegetação e não impermeabilizada, como quintais, lotes vagos e locais de acúmulo de lixo, o que contribui para o armazenamento de água parada. Por meio desses dados, construiu-se uma matriz ambiente de ruído congelado. Assim, a matriz ambiente possui o valor extraído de cada pixel para a área de estudo.

O termo “ruído congelado” origina-se da expressão “*quenched noise*” e diz respeito a uma caminhada aleatória com tendência, obedecendo regras probabilísticas a cada passo (OLIVEIRA, 2014). Esta tendência pode ser relacionada a uma determinada probabilidade atribuída a cada célula do espaço, de acordo com suas propriedades. De tal forma, o ruído congelado permite realizar a interação entre o modelo computacional e a entrada de dados provenientes dos programas de geoprocessamento. A partir dele, o valor extraído da classificação das imagens da área de estudo interfere na probabilidade referente a cada passo do mosquito na caminhada aleatória.

O valor de cada pixel indica a afinidade do mosquito com a área. Se um ambiente for favorável para o vetor, ele tende a permanecer naquela posição por mais tempo. Este valor representa determinada probabilidade para cada posição e tal probabilidade é considerada pelo algoritmo no sorteio da direção do voo do mosquito.

Neste trabalho, os ambientes considerados favoráveis ao vetor da dengue foram aqueles em que há proximidade da vegetação inserida no meio urbano, como árvores, presentes no peridomicílio, e locais de acúmulo de lixo e água parada. A TABELA 1 mostra os valores atribuídos a cada classe. Quanto mais próximo de 10, mais favorável é o ambiente.

TABELA 1 - Valores de pixel atribuídos para cada classe. Valores definidos considerando-se que o vetor possui maior tendência a permanecer em locais mais favoráveis para sua reprodução.

Classe	Valor
Vegetação	10
Solo exposto	6
Casas	4
Prédios	2
Pavimentação	1

A imagem de satélite teve toda sua área classificada pelo *software*. Foram delimitados polígonos no entorno dos bairros selecionados e estes foram utilizados como molde para recortar apenas a área de interesse. Assim, foi possível extrair um arquivo de dados de cada bairro individualmente, o que permitiu realizar a simulação a nível de uma quadra.

4.2 Algoritmos computacionais

Antes de iniciar a modelagem, definiu-se uma padronização da área utilizada. Cada bairro é representado por uma matriz de tamanho 60x60, totalizando 3600 sítios com dimensões de 1,5m de comprimento por 1,5m de largura cada, aproximadamente. Para isso, construiu-se um algoritmo auxiliar que agrupa os pixels em cada sítio por meio das coordenadas geográficas. O algoritmo auxiliar também calculou o valor médio atribuído aos pixels da matriz ambiente, tornando-o o *fitness* do sítio, e imprimiu os dados em um arquivo de texto que foi, posteriormente, utilizado como entrada do modelo.

O modelo computacional utilizado na simulação consiste em um híbrido do método de Monte Carlo e autômatos celulares em linguagem de programação C. O algoritmo é uma adaptação do utilizado por Oliveira (2014) para estudo da leishmaniose, no qual o programa considerava os cachorros presentes nas residências, de forma que foi necessário adaptá-lo para simular a propagação das doenças transmitidas pelo *Ae. aegypti* e sua captura por armadilhas.

O funcionamento geral do modelo é apresentado na FIGURA 2.

FIGURA 2 – Funcionamento geral do modelo computacional.

```

Recebe o número de armadilhas do usuário.

Sorteia aleatoriamente a posição das armadilhas.

Sorteia aleatoriamente o número de humanos.

Constrói a matriz cidade e distribui humanos aleatoriamente
nas casas.

Infecta aleatoriamente um número de humanos definido pelo
usuário.

Lê a matriz ambiente (fitness).

Sorteia aleatoriamente posição do mosquito.

Laço temporal (t<T?)
    Laço do número de mosquitos (n<N?)
        Sorteia aleatoriamente ação do mosquito
        (picar/voar/reproduzir)
        Verifica se o mosquito entra na armadilha.
        Verifica se o mosquito morre.
        Atualiza estados do mosquito.

    Fecha laço do número de mosquitos.

    Laço do número de humanos (h<H?)
        Atualiza estados do humano.

    Fecha laço do número de humanos.

Fecha laço temporal.

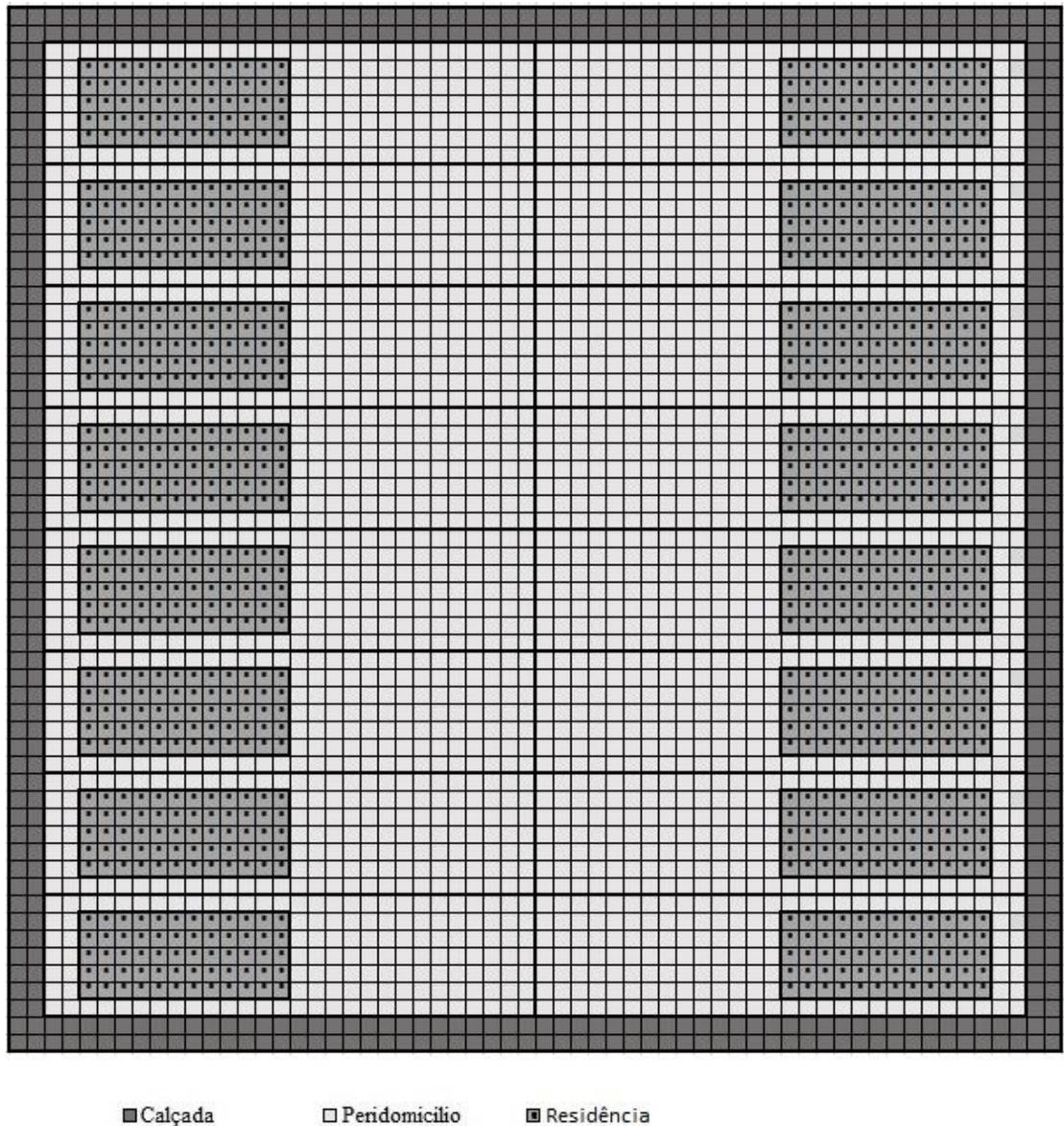
Faz a estatística dos dados.

```

4.2.1 Construção da “matriz cidade” e distribuição dos humanos e mosquitos

O programa considera a escala espacial de um quarteirão para as simulações. O algoritmo, inicialmente, constrói uma matriz denominada “matriz cidade”, em duas dimensões, com tamanho 60x60. A “matriz cidade” consiste em uma padronização da urbanização do quarteirão, delimitando as residências e seus peridomicílios e a calçada (FIGURA 3). Ao todo, 16 residências são alocadas em 16 lotes, sendo este valor baseado na análise dos quarteirões da imagem de satélite utilizada.

FIGURA 3 - Padrão de construção da “matriz cidade” pelo algoritmo.



Em seguida, a população é distribuída de maneira aleatória no interior das residências. O número total de humanos também é aleatório, variando entre 50 a 80. Para este cálculo, considerou-se que cada residência possui, em média, 3 a 5 habitantes. A posição dos indivíduos é fixa nos sítios em que foram distribuídos inicialmente, de modo que não há movimentação de humanos.

Um número inicial de infecções por um tipo de vírus transmitido pelo *Ae. Aegypti* (DENV-1, DENV-2, DENV-3, DENV-4, CHIKV ou ZIKV) é determinado inicialmente pelo usuário ou de forma aleatória pelo programa. A escolha varia de acordo com os testes realizados, conforme será explicado nos próximos itens.

Após a construção da matriz cidade e distribuição dos humanos, é realizada a distribuição de armadilhas, a qual é realizada de forma aleatória apenas no peridomicílio das residências, apresentado na FIGURA 3. Fávaro et al. (2006) demonstraram que as armadilhas são capazes de capturar, aproximadamente, cinco vezes mais fêmeas de *Ae. aegypti* se instaladas no peridomicílio, quando comparado ao interior do domicílio.

A seguir, o programa faz a leitura do arquivo que contém o *fitness* de cada sítio, proveniente dos resultados do processamento de imagens e do agrupamento dos pixels da matriz cidade, e os mosquitos são distribuídos de forma aleatória. Ao contrário dos humanos, os mosquitos movimentam-se entre os sítios a cada passo temporal, com condição periódica de contorno. Cada passo do modelo é equivalente a um minuto.

4.2.2 Infecção de humanos e mosquitos

A parte do modelo que trata da infecção dos humanos e mosquitos ao longo do tempo de simulação é relatada a seguir. Inicialmente, há uma descrição sobre os tempos considerados no programa, necessária para a compreensão da dinâmica da infecção, a qual é descrita na sequência.

4.2.2.1 *Tempos de incubação e viremia*

Para tornar a simulação mais próxima da realidade, o algoritmo considera os tempos de incubação e viremia das doenças no mosquito e no humano. Desta forma, o vírus só é transmitido para o mosquito se o humano estiver em viremia e o mosquito só o transmite para o humano se também estiver em viremia.

Como os períodos de incubação e viremia são próximos para todas as doenças simuladas, adotou-se um tempo médio geral, conforme TABELA 2. Assim, o comportamento da dengue, chikungunya e zika é o mesmo em todas as simulações.

O programa considera que os humanos infectados recebem imunidade por toda a vida apenas para os tipos de vírus pelos quais foram infectados, permanecendo suscetíveis aos demais. Por exemplo, um indivíduo infectado por DENV-3 recebe imunidade para este vírus, mas ainda é suscetível aos outros (DENV-1, DENV-1, DENV-4, CHIKV e ZIKV). Este fato representa a não existência de imunidade cruzada entre os quatro tipos de vírus da dengue e as outras duas infecções.

TABELA 2 - Tempos de viremia, incubação e recuperação adotados na simulação computacional. Valores estabelecidos com base nos tempos médios apresentados na literatura (BRASIL, 2016a).

Período	Humano	Mosquito
Incubação	duração de 5 dias (após picada)	duração de 10 dias (após infecção)
Viremia	duração de 7 dias (após incubação)	por toda a vida (após incubação)
Recuperação	após viremia	não recupera

Para o vetor, considerou-se que um mesmo mosquito pode contrair mais de um tipo de vírus e que permanece infectado pelo resto da vida para todos os tipos que contraiu, após passado o período de incubação, disseminando-os para os humanos que picar. A probabilidade que o mosquito possui de picar o humano (PH) é definida pelo usuário e varia de acordo com a simulação realizada.

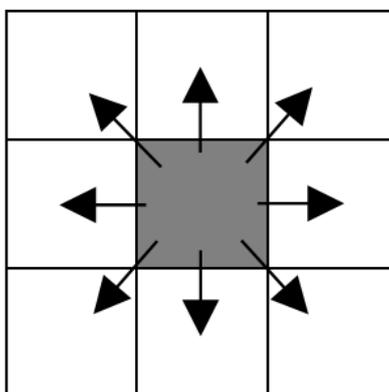
4.2.2.2 Sorteio da ação do mosquito

A ação do mosquito é sorteada aleatoriamente a cada passo temporal. O mosquito pode voar, picar ou reproduzir naquele passo de tempo. As ações são descritas a seguir.

a) Voar:

Ao voar, o *Ae. aegypti* tem a possibilidade de ocupar oito diferentes posições na vizinhança do sítio em que se encontra, além da possibilidade de permanecer na posição atual (FIGURA 4).

FIGURA 4 - Vizinhança do sítio ocupado pelo mosquito.



O voo do mosquito é orientado por meio de uma aleatoriedade relacionada ao *fitness* de cada sítio da vizinhança. O valor do *fitness* de cada sítio no entorno do qual o mosquito está é somado ao valor do *fitness* atual. Um valor fracionário sorteado aleatoriamente (entre 0 e 1) é multiplicado pela soma, resultando em um valor q . O algoritmo percorre os sítios no entorno da posição atual verificando se q é maior que um valor s , sendo $s = (\text{soma dos } \textit{fitness} \text{ dos sítios} - \textit{fitness} \text{ do sítio atual})$. Se $q > s$, o mosquito voa para aquele sítio, caso contrário, a soma passa a ser o atual valor de s e o laço é incrementado, percorrendo o próximo sítio. Assim, calcula-se o peso de cada *fitness* e faz-se um sorteio de probabilidade.

b) Picar:

A FIGURA 5 representa o que acontece quando a ação do mosquito é picar um humano. Primeiramente, o algoritmo sorteia um número aleatório fracionário (entre 0 e 1) para comparar com a probabilidade de mosquito picar o humano. Cria-se, para o humano, vetores de imunidade, de incubação e de viremia nos quais cada posição representa uma infecção. Se o humano for infectado com um tipo de vírus, seu vetor imunidade para a posição daquela doença é preenchido. Após uma posição do vetor imunidade ser preenchida, ela não pode mais ser zerada, de forma que o humano não pode ser novamente infectado por aquele vírus, assegurando a memória genética do indivíduo.

Caso o mosquito não esteja em viremia, o programa verifica se o humano está em viremia para algum tipo. Se sim, os vírus são transmitidos para o mosquito, que entra em período de incubação para os mesmos. Caso nenhum dos dois esteja em viremia, nenhuma transmissão acontece.

Quando o humano é infectado por um vírus, seu vetor de incubação para a posição daquela doença é preenchido. A posição do vetor de incubação para aquele vírus é zerada após o término do período de infecção e a mesma posição é preenchida no vetor de viremia. Da mesma forma, a posição é zerada após o término do período de viremia para aquela posição. Assim, um mesmo indivíduo pode contrair diferentes tipos de vírus em um mesmo período, conforme já comprovado pela literatura (NAYAR et al., 2007; CHAHAR et al., 2009; CHANG et al., 2010; FIGUEIREDO et al., 2011; COLOMBO et al., 2013; DUPONT-ROUZEYROL et al., 2015; VILLAMIL-GÓMEZ et al., 2015).

De tal forma, o algoritmo verifica se o mosquito está em viremia para algum tipo de vírus. Em caso positivo, verifica se o humano já foi infectado por qualquer tipo de vírus e, em caso negativo, infecta-o. Neste caso, como o humano ainda não foi infectado com nenhum tipo de vírus, ele é infectado com todos os tipos para os quais o mosquito está em viremia.

Se o humano estiver infectado ou tiver qualquer posição da memória genética preenchida, o vetor imunidade é analisado para verificar se ele é suscetível a algum tipo dos quais o mosquito está em viremia. Caso seja suscetível, o humano é infectado com aqueles vírus.

FIGURA 5 - Funcionamento do algoritmo para a ação de picar.

```

Sorteia um número aleatório entre 0 e 1
Número aleatório > probabilidade de picar humano?
Há humano no sítio em que o mosquito está?
  Mosquito pica humano.
  Mosquito está em viremia?
    O humano está sadio?
      Humano torna-se infectado com todos os tipos
      de vírus para os quais o mosquito está em
      viremia.
    O humano está infectado?
      O humano é suscetível a algum vírus dos
      quais o mosquito está em viremia?
        Humano torna-se infectado com os tipos
        de vírus para os quais o mosquito está
        em viremia e ele não possui imunidade.
      O humano está em viremia?
        Mosquito ainda não foi infectado com
        algum tipo de vírus para os quais o
        humano está em viremia?
          Mosquito torna-se infectado para
          os tipos de vírus que o humano
          está em viremia e que ainda não
          foi infectado.
    Mosquito sem viremia?
      O humano está em viremia?
        Mosquito ainda não foi infectado com
        algum tipo de vírus para os quais o
        humano está em viremia?
          Mosquito torna-se infectado para
          os tipos de vírus que o humano
          está em viremia e que ainda não
          foi infectado.
      Humano sem viremia?
        Nenhuma transmissão ocorre.

```

Por exemplo, se o mosquito está em viremia para DENV-2 e ZIKV, o programa verifica se o humano possui imunidade para algum desses dois tipos de infecção. Se o humano só possuir imunidade para DENV-2, ele é infectado apenas com ZIKV e, se possuir imunidade apenas para o ZIKV, só é infectado com DENV-2.

Se o humano não possuir imunidade para nenhum dos dois tipos, é infectado com ambos e, se possuir imunidade para os dois, não é infectado. O mesmo acontece na situação contrária, de transmissão do indivíduo para o vetor, caso o humano esteja infectado. Porém, nesta situação, o que é verificado não é a imunidade do mosquito, mas seus vetores de incubação e viremia.

Se o humano estiver em viremia para alguma infecção, o algoritmo verifica se o mosquito já foi infectado com aquele tipo e, em caso negativo, infecta-o. Desta maneira, no ato de hematofagia, o mosquito transmite os vírus para o humano e o humano transmite para o mosquito. As respectivas posições do vetor incubação de ambos são preenchidas com o tipo de vírus no momento da transmissão, assim como a respectiva posição do vetor imunidade do humano.

Toda vez que o mosquito pica um humano, considera-se que seu tempo de vida aumenta de acordo com a Equação 1. O aumento simula a maior possibilidade de morte do mosquito durante o processo de hematofagia, visto que a proximidade com o indivíduo implica maiores chances de que o mosquito seja morto pelo mesmo.

$$\text{tempo de vida} = (\text{tempo de vida}) + 0,25 * (\text{passo de tempo}) \quad (1)$$

c) Reproduzir:

Na reprodução, o algoritmo verifica se o *fitness* do sítio no qual o mosquito está é maior que 6 (ambiente considerado favorável para reprodução) e se o mosquito picou algum humano, visto que a hematofagia é necessária para a reprodução. Em caso positivo para os dois, o programa percorre os sítios, aloca novos mosquitos nas posições que continham mosquitos mortos e, assim, o nascimento ocorre de forma a manter o número de mosquitos constante.

4.2.3 Morte do mosquito

Depois que o mosquito executa a ação sorteada, é verificado seu estado de vida. O mosquito morre quando o resultado da Equação 2 é maior que a probabilidade de morte. A equação que representa a morte é uma exponencial dada por:

$$\text{morte} = 1.0 - \exp[-1 * (\text{tempo de vida})/t] \quad (2)$$

A variável “t” representa o tempo de vida médio dos mosquitos, sendo de, aproximadamente, 42 dias. Este tempo foi adotado com base no tempo de vida do mosquito apresentado na literatura, o qual é entre 6 e 8 semanas (BRASIL, 2016a). Caso o mosquito morra, o contador do número de mortes é incrementado. A probabilidade de morte do mosquito é definida pelo usuário e varia de acordo com a simulação realizada.

4.2.4 Aleatoriedade

Para proporcionar a aleatoriedade no modelo, utilizou-se um gerador congruencial de números aleatórios baseado em uma rotina computacional do tipo $S_{n+1} = S_n * A + B$, em que $A = 843314861$ e $B = 453816693$ (STAUFFER et al., 1993). S é um número inteiro positivo, S_{n+1} é o próximo número da sequência e A e B são denominados números mágicos e relacionam-se com a capacidade de números inteiros que podem ser fornecidos pelo computador.

Por meio da aleatoriedade é possível obter diferentes amostras a partir de diferentes sementes iniciais para gerar os números aleatórios. As amostras correspondem às simulações executadas com os mesmos parâmetros, porém com números aleatórios diferentes, o que proporciona resultados diferentes e permite realizar estatísticas. O último passo do programa é realizar a média das amostras geradas e calcular o desvio padrão.

4.3 Simulações computacionais

4.3.1 Captura dos mosquitos pelas armadilhas

As simulações foram realizadas com o mesmo número de armadilhas utilizadas por Resende et al. (2012) por quarteirão: 1, 2, 4, 8, 16, 32 e 64. Para cada número de armadilha, realizou-se dois tipos de simulação: com reprodução e sem reprodução. Na simulação sem reprodução, o número de mosquitos no ambiente foi declinante devido à morte dos mesmos, enquanto na simulação com reprodução este número foi mantido constante, de forma que cada vez que um mosquito morre, nasce outro. Foram utilizadas diferentes densidades de mosquitos para cada tipo de simulação.

O tempo considerado para análise da captura pelas armadilhas foi o mesmo utilizado por Resende et al. (2012), o qual é igual a quatro semanas. Para a simulação, considerou-se que cada iteração é equivalente a um minuto, de forma que os dados de captura utilizados foram os referentes ao passo de tempo 40.320 (4 semanas). Nestas simulações, adotou-se a probabilidade de morte do mosquito (PM) de 30% e a probabilidade de mosquito picar humano (PH) de 80%.

Para ser capturado, o mosquito deve estar no mesmo sítio no qual uma armadilha foi alocada. Inicialmente, considerou-se que o mosquito era capturado quando voava para um sítio que continha uma armadilha, a qual capturava com 97% de eficiência. No entanto, após a análise dos primeiros resultados, realizou-se um segundo teste que considerou uma probabilidade de 3% para o mosquito ser capturado caso voasse para um sítio que continha uma armadilha.

O valor de 3% foi adotado após considerar que a armadilha não ocupa toda a área do sítio, mas apenas uma porcentagem. Para o cálculo da porcentagem, ponderou-se que, embora a armadilha tenha 5,5cm de raio, os mosquitos são capturados quando estão a um raio de até 15cm do centro desta. A área obtida a partir deste raio foi dividida pela área total do sítio e multiplicada por 97% de eficiência de captura.

De tal maneira, acrescentou-se a possibilidade de que o mosquito voe para um sítio com armadilha e não seja capturado. Foram realizadas 30 amostras para cada simulação executada em cada caso, de forma que os resultados obtidos correspondem a um valor médio. O número de sítios considerado foi de 3.600, o mesmo adotado para todas as simulações com o modelo.

4.3.2 Espalhamento de doenças

Para verificar a disseminação das doenças transmitidas pelo *Ae. aegypti*, realizou-se simulações com reprodução, com diferentes números iniciais de infecções, densidades constantes de 0,05 e 0,10 mosquitos por sítio e nenhuma armadilha no sistema. Os valores de PH e PM foram mantidos constantes (PH = 80% e PM = 30%) e os valores iniciais de infecção variaram de 1 até 10, sendo definidos pelo usuário para o controle dos resultados gerados. Embora o usuário defina o número de infecções iniciais, o algoritmo sorteia o tipo de infecção. A infecção pode ser DENV-1, DENV-2, DENV-3, DENV-4, CHIKV ou ZIKV e a probabilidade de sorteio é igual para os seis vírus.

Para infectar, o programa sorteia uma posição com humano e atribui a ele a doença sorteada. Um mesmo humano não pode ser sorteado duas vezes, mas não há restrição quanto à infecção, de forma que um mesmo tipo pode ser sorteado mais de uma vez. Se apenas um humano for infectado, somente um tipo de doença pode ser simulado. Caso mais humanos sejam infectados, há a possibilidade de mais de uma doença ser simulada ao mesmo tempo, de acordo com o sorteio aleatório.

No sorteio das infecções, ou seja, no início do programa, apenas os humanos são infectados. Desta forma, os mosquitos contraem a infecção ao picar os humanos, disseminando-as quando entram em período de viremia. Para que os humanos infectados inicialmente possam transferir as infecções ao serem picados, define-se que eles estão em período de viremia na primeira semana simulada pelo programa.

Realizou-se 5 amostras para cada valor inicial de infecção, permitindo obter um resultado médio. O tempo de simulação foi de 38 semanas e nenhuma armadilha foi alocada nestas simulações. Ressalta-se que, embora um mesmo humano não possa ser sorteado duas vezes na distribuição inicial de infecções, ele pode contrair mais de uma infecção quando esta é transmitida pelo mosquito, conforme descrito anteriormente.

4.3.3 Avaliação da sensibilidade do modelo

Considerou-se diferentes probabilidades de mosquito picar humano, caso ambos estivessem em um mesmo sítio, e de morte do mosquito, de forma a avaliar a sensibilidade do modelo. Nesta simulação, diferentes valores foram combinados para a probabilidade de mosquito picar humano (PH) e para a probabilidade de morte do mosquito (PM).

As simulações foram realizadas sem nenhuma armadilha e o sorteio do número de infecções foi aleatório. Para isso, o algoritmo sorteia um determinado número de infecções variando entre 1 e 10, sorteia aleatoriamente um humano para infectar e o tipo de infecção. Os sorteios do humano e do tipo de infecção obedecem às mesmas regras descritas no espalhamento de doenças.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados obtidos neste trabalho foram divididos em dois momentos diferentes. Primeiramente, são apresentados os resultados oriundos da extração de dados da imagem de satélite por meio de geoprocessamento e, em sequência, são apresentados os resultados provenientes do modelo computacional. A discussão é realizada ao longo da apresentação dos resultados.

5.1 Resultados da etapa de aquisição, tratamento e análise de imagens.

A delimitação dos quarteirões utilizados por Resende et al. (2012) (destacados em vermelho) é apresentada na FIGURA 6. Esta imagem foi classificada por meio do *software* ArcGIS®, de acordo com as classes anteriormente apresentadas na TABELA 1. O resultado é apresentado na FIGURA 7.

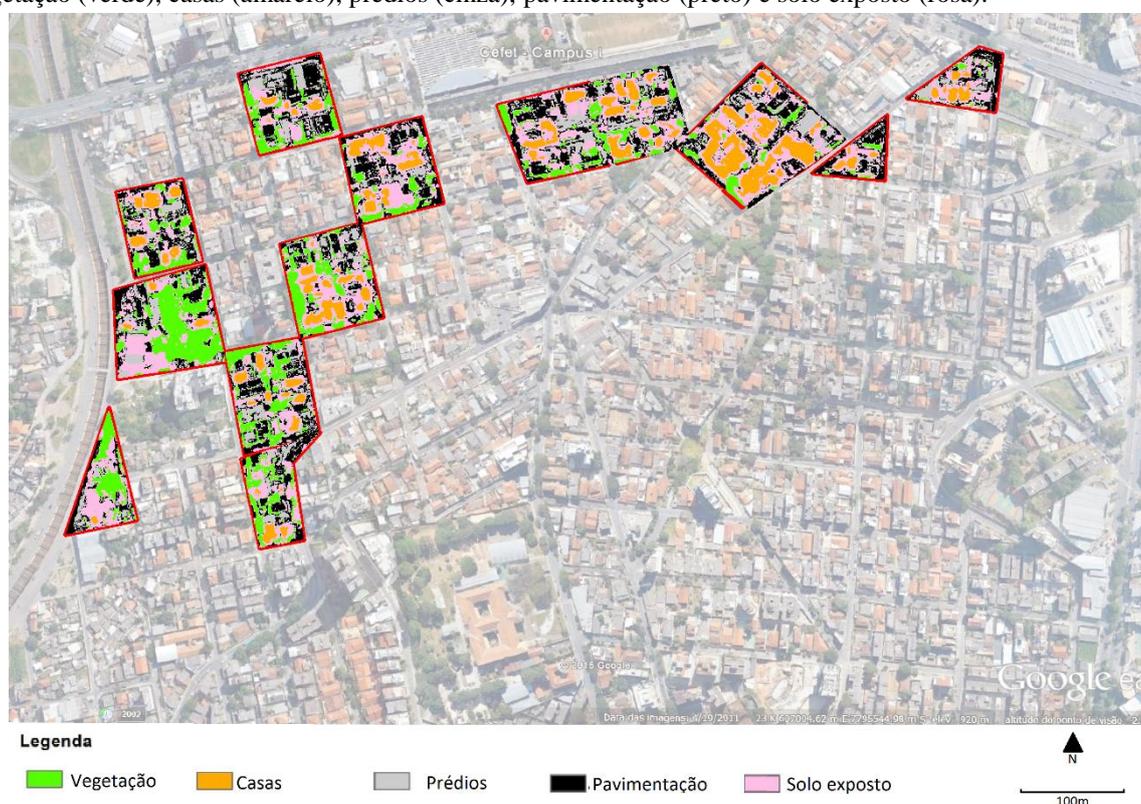
FIGURA 6 - Quarteirões utilizados por Resende et al. (2012) para instalação das armadilhas.



Fonte: editado de Google Earth®.

Uma interpretação visual da FIGURA 6 permite inferir que a distribuição da vegetação nos bairros não é homogênea, de modo que alguns bairros possuem maior presença de áreas verdes que outros. Nota-se que a presença da vegetação, dentre os bairros selecionados, é maior nas proximidades do Ribeirão Arrudas, localizado à esquerda da FIGURA 6. A presença de urbanização e a distribuição de casas e prédios apresenta-se de forma homogênea para os bairros selecionados, exceto para aqueles às margens do Ribeirão Arrudas.

FIGURA 7 - Resultado obtido após classificação digital da imagem de satélite pelo *software* ArcGIS®. As classes são: vegetação (verde), casas (amarelo), prédios (cinza), pavimentação (preto) e solo exposto (rosa).



Na FIGURA 7, observa-se que a identificação da vegetação foi, em grande parte, satisfatória, correspondendo à apresentada na FIGURA 6, assim como a identificação das casas e de solo exposto. Porém, a identificação dos prédios confundiu-se com a classificação das áreas pavimentadas. Esse fato é justificado pela semelhança entre as assinaturas espectrais dos dois objetos.

Outro fator que interferiu na classificação foi a presença de sombra na imagem de satélite (FIGURA 6). No entanto, a classificação foi, no total, considerada satisfatória para atender aos objetivos deste trabalho.

Ainda, calculou-se as áreas atribuídas a cada classe nos quarteirões selecionados. O resultado é apresentado na TABELA 3, na qual percebe-se a maior presença de áreas de solo exposto (28,37%) e áreas pavimentadas (25,15%). Embora a região seja urbanizada, há quarteirões com maior quantidade de solo exposto, principalmente nas proximidades do Ribeirão Arrudas, conforme apresentado na FIGURA 6.

TABELA 3 - Distribuição das classes na área selecionada.

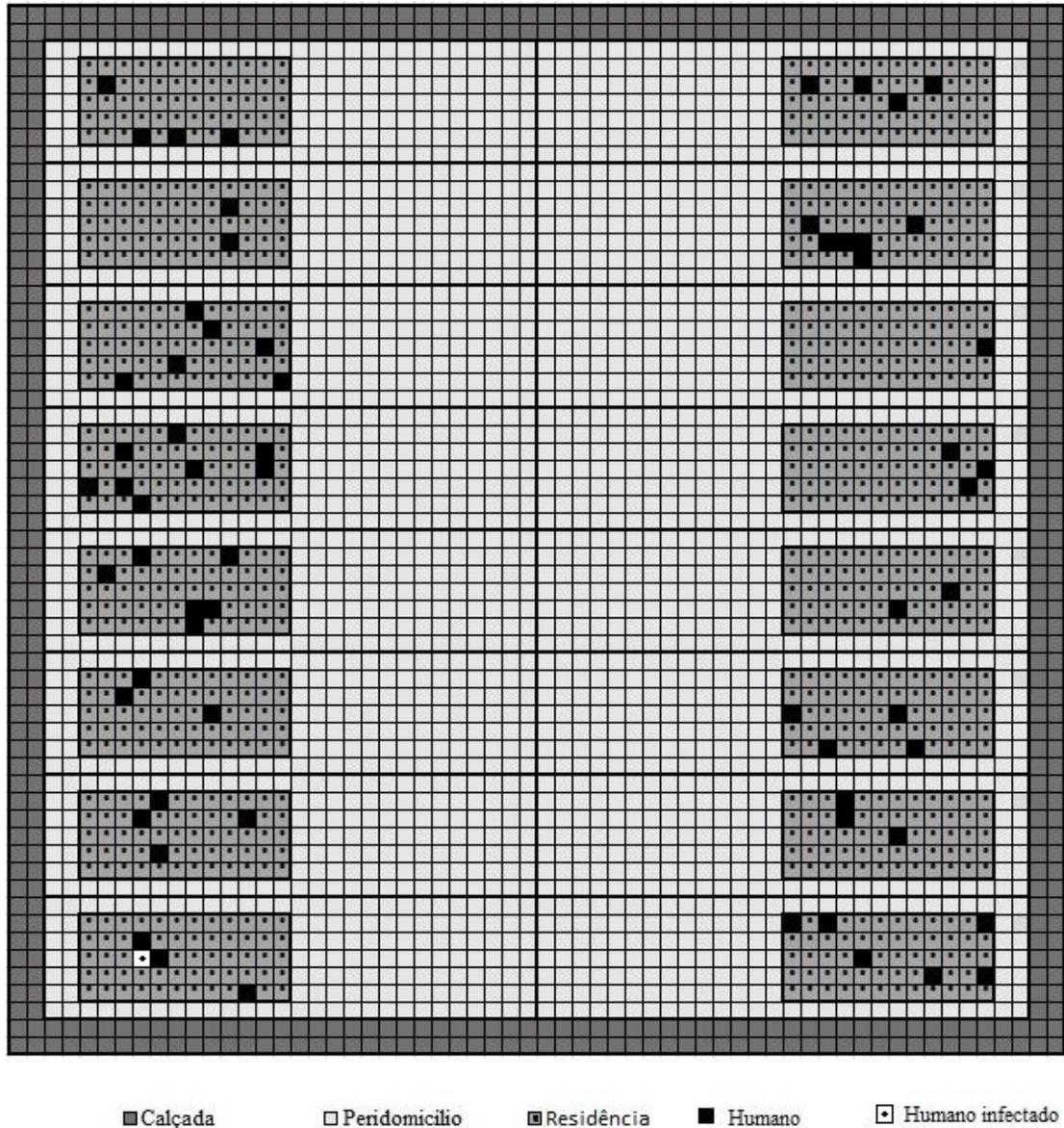
Classe	Área (m²)	Área (%)
Vegetação	19.259,20	17,61
Casas	12.187,50	11,14
Prédios	19.393,50	17,73
Pavimentação	27.507,90	25,15
Solo exposto	31.031,80	28,37
Total	109.379,90	100,00

5.2 Resultados da simulação computacional

5.2.1 Construção da “matriz cidade”

O modelo computacional demonstrou resultado satisfatório na construção da “matriz cidade”, alocando os indivíduos de forma aleatória no interior das residências, conforme padrão estabelecido na FIGURA 3. Na FIGURA 8 é apresentado o resultado de uma amostra gerada pelo programa em uma simulação que inicia com um apenas uma infecção. O número de humanos alocados em cada residência é razoável, considerando que o quarteirão da área de simulação é tipicamente residencial.

FIGURA 8 - Resultado da distribuição de humanos na matriz cidade considerando um indivíduo infectado.



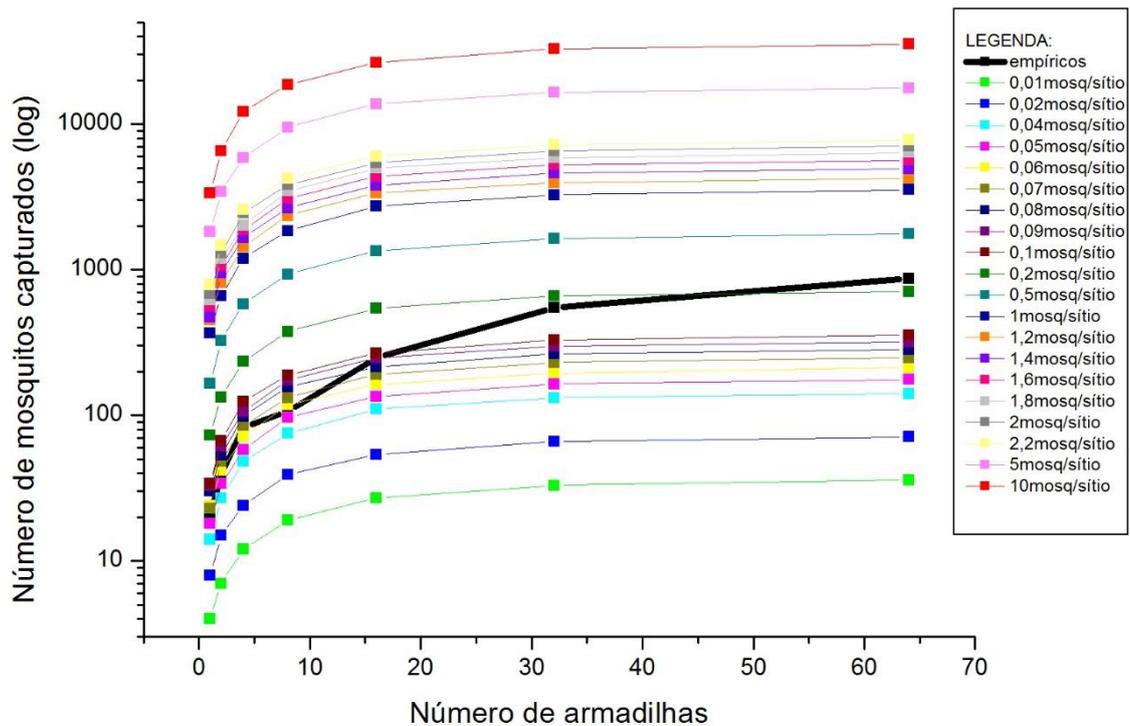
5.2.2 Captura dos mosquitos pelas armadilhas

a) Captura sem reprodução

Na simulação sem reprodução, o número de mosquitos no sistema foi decrescente com o passar do tempo. Desta forma, os mosquitos que morreram não foram substituídos. Os primeiros resultados obtidos para a simulação sem reprodução correspondem àqueles em que considerou-se que o mosquito tinha 97% de probabilidade de ser capturado quando voava para o sítio que continha uma armadilha. Para cada densidade inicial, obteve-se como resultado a média de 30 amostras.

Fez-se simulações com 20 diferentes densidades iniciais de mosquitos por sítio (0,01; 0,02; 0,04; 0,05; 0,06; 0,07; 0,08; 0,09; 0,1; 0,2; 0,5; 1; 1,2; 1,4; 1,6; 1,8; 2; 2,2; 5 e 10) para cada um dos valores iniciais de armadilhas (1, 2, 4, 8, 32 e 64). Os resultados são apresentados na FIGURA 9, a partir da qual percebe-se que as curvas de dados simulados tendem a atingir a saturação entre 8 e 16 armadilhas. Tais curvas cruzam com a curva de dados empíricos obtidos por Resende et al. (2012).

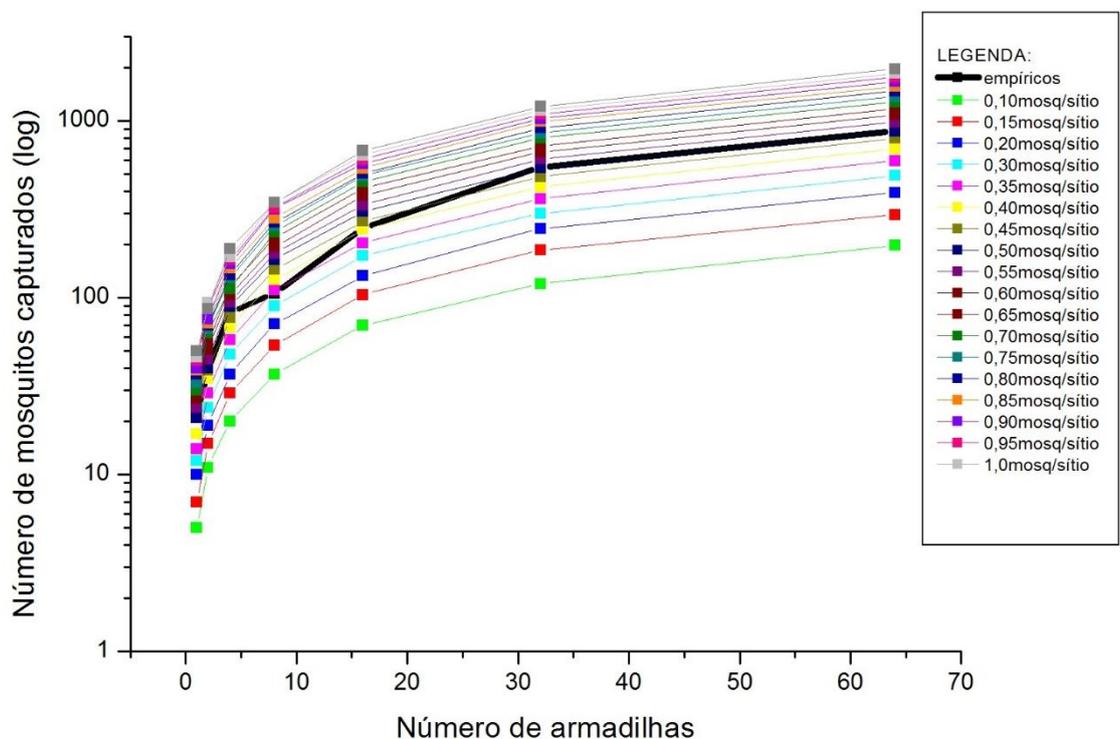
FIGURA 9 - Resultados obtidos para a captura de mosquitos sem reprodução e com 97% de possibilidade de captura caso o mosquito voe para o sítio com armadilha, variando-se a densidade inicial de mosquitos e o número de armadilhas distribuídas pelo quarteirão, em comparação com os resultados empíricos obtidos por Resende et al. (2012).



Posteriormente, considerou-se 3% de probabilidade de captura do mosquito caso ele voasse para um sítio com armadilha, na qual fez-se simulações com 18 diferentes densidades iniciais de mosquitos por sítio (0,10; 0,15; 0,20; 0,30; 0,35; 0,40; 0,45; 0,50; 0,55; 0,60; 0,65; 0,70; 0,75; 0,80; 0,85; 0,90; 0,95 e 1,0), para cada um dos valores iniciais de armadilhas (1, 2, 4, 8, 32 e 64). Da mesma forma, obteve-se como resultado a média de 30 amostras para cada densidade inicial.

Os resultados desta segunda simulação estão dispostos no gráfico da FIGURA 10, no qual são comparados com os resultados empíricos obtidos por Resende et al. (2012). As densidades que mais aproximam da curva de resultados empíricos são 0,45 e 0,50 mosquitos por sítio, o que equivale aos valores de 1.620 e 1.800 mosquitos, respectivamente, distribuídos inicialmente no sistema.

FIGURA 10 - Resultados obtidos para a captura de mosquitos sem reprodução e com 3% de possibilidade de captura caso o mosquito voe para o sítio com armadilha, variando-se a densidade inicial de mosquitos e o número de armadilhas distribuídas pelo quarteirão, em comparação com os resultados empíricos obtidos por Resende et al. (2012).



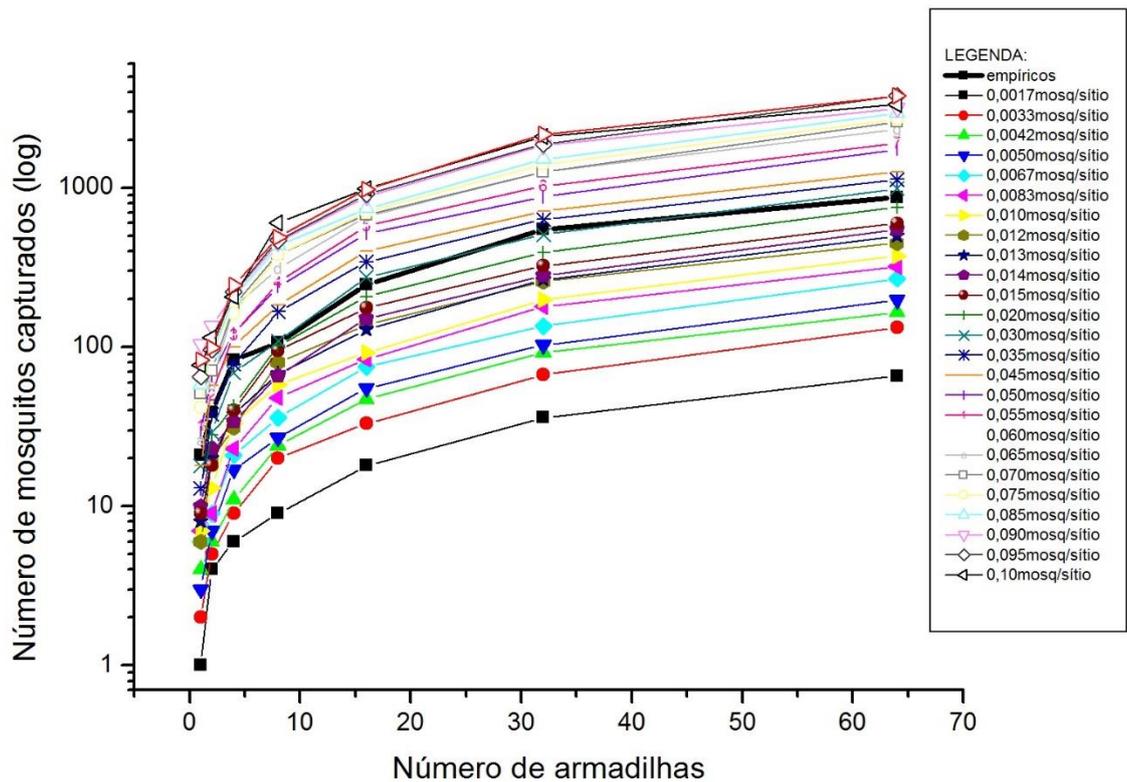
Ao comparar a FIGURA 9 com a FIGURA 10, percebe-se que, na primeira, como os mosquitos tinham 97% de probabilidade de captura ao voar para um sítio que continha uma armadilha, o ponto de saturação da curva foi alcançado com uma quantidade menor de armadilhas do que com 3% de probabilidade. Assim, a curva de dados empíricos cruza com várias curvas da FIGURA 9, enquanto as curvas da FIGURA 10 possuem um comportamento semelhante ao da curva de dados empíricos.

b) Captura com reprodução

Para a simulação com reprodução, o número de mosquitos no sistema foi sempre constante. Para cada mosquito morto, nascia um novo mosquito e a probabilidade de captura considerada caso um mosquito voasse para o sítio com armadilha foi de 3%.

Fez-se simulações com 26 diferentes densidades iniciais de mosquitos por sítio (0,0017; 0,0033; 0,0042; 0,0050; 0,0067; 0,0083; 0,010; 0,012; 0,013; 0,014; 0,015; 0,020; 0,030; 0,035; 0,045; 0,050; 0,055; 0,060; 0,065; 0,070; 0,075; 0,080; 0,085; 0,090; 0,095 e 0,10) para cada um dos valores iniciais de armadilhas (1, 2, 4, 8, 32 e 64). Os resultados obtidos na simulação com reprodução são apresentados na FIGURA 11 e são comparados com os mesmos dados empíricos apresentados por Resende et al. (2012) citados nas simulações sem reprodução. Nestas simulações, os valores que mais aproximam dos dados empíricos são as curvas de 0,030 e 0,035 mosquitos por sítio, o que corresponde 108 e 126 mosquitos, respectivamente, de forma constante no sistema.

FIGURA 11 - Resultados obtidos para a captura de mosquitos com reprodução, considerando a probabilidade de captura de 3% e variando-se a densidade inicial de mosquitos e o número de armadilhas distribuídas pelo quarteirão, em comparação com os resultados empíricos obtidos por Resende et al. (2012).



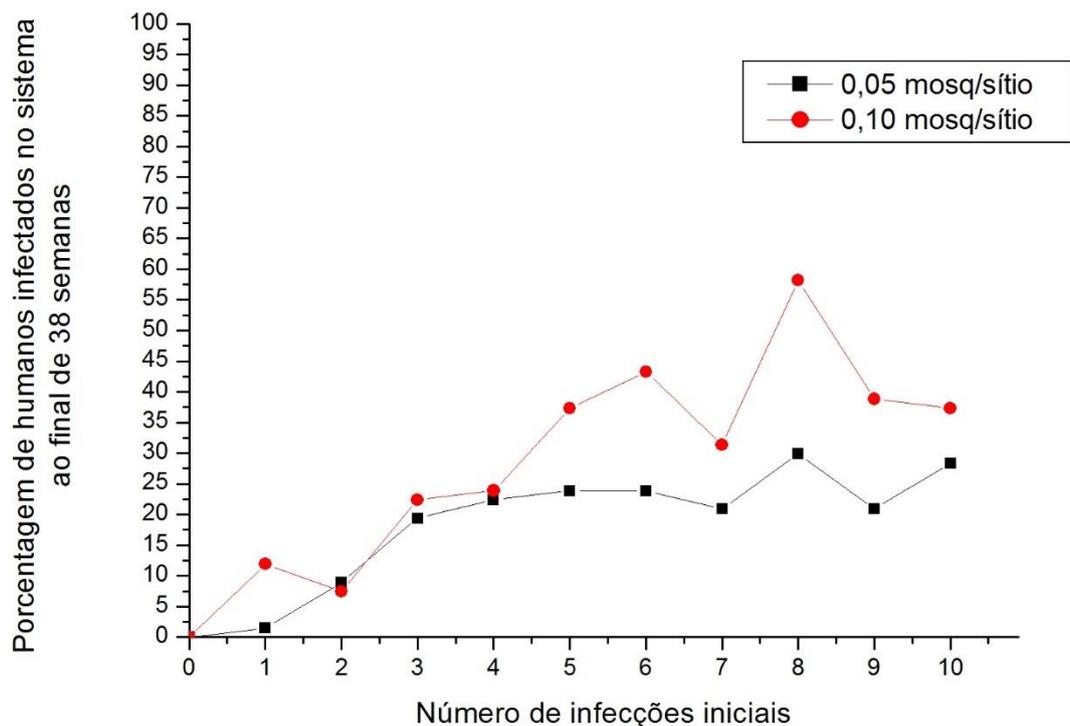
As curvas da FIGURA 11, assim como as da FIGURA 10, apresentaram um comportamento semelhante à curva de dados empíricos. Este fato está relacionado à probabilidade de captura do mosquito de apenas 3% e aparenta ser pouco dependente da reprodução dos mosquitos, visto que o comportamento das curvas foi semelhante para as simulações com e sem reprodução.

Assim, é possível inferir que o fato de simular com e sem reprodução não interferiu significativamente no formato das curvas, apenas na densidade de mosquitos. Ressalta-se que, em todos os três casos apresentados acima, o desvio padrão proveniente da estatística realizada com as 30 amostras foi considerado baixo, sendo, aproximadamente, entre 1% e 2% da média.

5.2.3 Simulação da disseminação de doenças

Os resultados apresentados na FIGURA 12 são referentes à porcentagem média obtida de 5 amostras de cada valor inicial de infecção simulado. As probabilidades adotadas nessas simulações foram PH = 80% e PM = 30%, variando-se apenas o número inicial de infecções (entre 1 e 10), as densidades de mosquitos (0,05 e 0,10 mosquitos por sítio) e as sementes para gerar diferentes números aleatórios. O tempo de simulação correspondeu a 38 semanas e as simulações foram realizadas com reprodução, de forma que o número de mosquitos no sistema foi constante.

FIGURA 12 – Porcentagem de humanos infectados obtida por simulações de diferentes números iniciais de infecções (1 a 10) e diferentes densidades de mosquitos no sistema com reprodução. O total de infecções foi mensurado após 38 semanas e o resultado é uma média de 5 amostras diferentes para cada simulação. Os valores de PH e PM foram mantidos constantes (PH = 80% e PM = 30%).

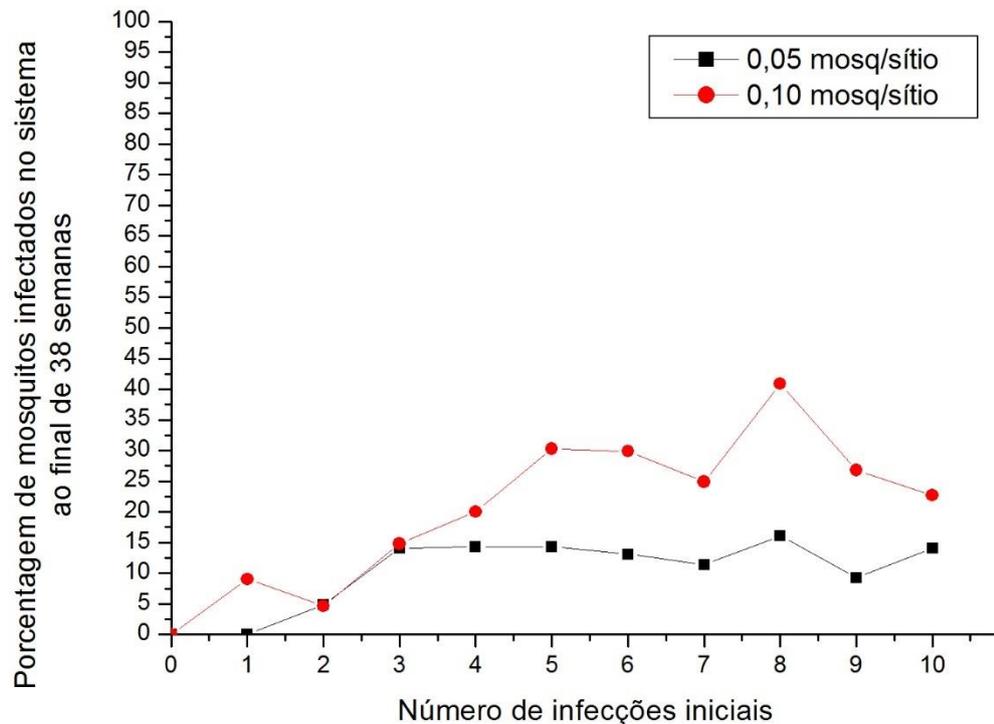


Percebe-se, pela FIGURA 12, que o número de infecções iniciais não teve influência muito elevada na porcentagem de humanos infectados para a densidade de 0,05 mosquitos por sítio. Para esta curva, entre 3 e 10 infecções, a porcentagem de humanos variou entre 20% e 30% do total, o que equivale a uma média de 16 humanos infectados.

No caso de 0,10 mosquitos por sítio, os valores obtidos foram um pouco mais elevados que os obtidos para 0,05 mosquitos por sítio, além de possuir maior variação da porcentagem de humanos infectados com relação às infecções iniciais. Tal fato pode ser relacionado à maior presença de mosquitos no sistema, que aumenta a possibilidade de maior infecção e circulação das doenças entre humanos e mosquitos.

No entanto, o desvio padrão encontrado para os resultados apresentados acima revelou-se alto, variando entre 3,5% e 65% da média. Este fato ressalta a necessidade de realização de um número maior de amostras para obtenção de maior confiabilidade nos resultados e nas inferências.

FIGURA 13 - Porcentagem de mosquitos infectados obtida por simulações de diferentes números iniciais de infecções (1 a 10) e diferentes densidades de mosquitos no sistema com reprodução. O total de infecções foi mensurado após 38 semanas e o resultado é uma média de 5 amostras diferentes para cada simulação. Os valores de PH e PM foram mantidos constantes (PH = 80% e PM = 30%).



Observa-se, na FIGURA 13, que as duas curvas de porcentagem de mosquitos infectados apresentam o mesmo comportamento das respectivas curvas de humanos infectados apresentadas na FIGURA 12. Tal fato indica que há uma relação entre o número de humanos infectados e o número de mosquitos infectados, como era esperado.

Da mesma forma que o resultado dos humanos, os dados apresentaram um desvio padrão elevado, variando entre 35% e 73% da média. Tal fato confirma a necessidade de realização de mais amostras para aumentar a confiabilidade dos resultados.

A partir dos resultados obtidos nestas simulações, também foi possível analisar a distribuição das diferentes infecções na população a partir da observação dos resultados gerados por cada amostra separadamente. A FIGURA 14 e a FIGURA 15 são um exemplo dos resultados obtidos para uma amostra com distribuição aleatória das doenças para 6 infecções iniciais, densidade de 0,10 mosquitos por sítio com reprodução, PH=80% e PM=30%, para humanos e mosquitos, respectivamente.

Neste caso, a distribuição aleatória de viremia para os humanos no início da simulação foi para os casos de DENV-4, CHIKV e ZIKV. Nenhum mosquito foi infectado por ZIKV, de forma que não houve transmissão de mosquitos para humanos nas semanas subsequentes. Poucos mosquitos foram infectados por CHIKV, transmitindo para alguns humanos, e a maioria dos mosquitos foi infectada por DENV-4, também transmitindo para alguns humanos.

Ainda, observa-se que, embora tenham sido distribuídas 6 infecções iniciais, nem todos os tipos de doenças manifestaram-se, o que demonstra a aleatoriedade do programa e é compatível com as condições definidas inicialmente. A distribuição inicial foi de 2 casos para DENV-4, 2 para CHIKV e 2 para ZIKV, o que justifica a sobreposição das curvas na primeira semana.

A dengue, analisada separadamente da chikungunya e da zika, possui, normalmente, um sorotipo predominante, que pode variar ao longo dos anos. No Brasil, em 2015, por exemplo, 93,8% dos casos de dengue enviados para análise foram identificados como sorotipo DENV-1 (BRASIL, 2016b), demonstrando a predominância deste. Nos resultados obtidos pelo modelo, nem todos os casos de infecções distribuídas inicialmente persistiram por mais de uma semana, de forma que apenas alguns casos sobressaíram, conforme apresentado na FIGURA 14 e na FIGURA 15, em concordância com a situação real.

Ressalta-se que o comportamento dos tipos de infecção é o mesmo. Assim, não há um fator que influencie o sorteio de qualquer tipo de dengue, chikungunya ou zika. Todos possuem os mesmos tempos de incubação e viremia e a mesma probabilidade de sorteio.

FIGURA 14- Distribuição de diferentes tipos de doenças em humanos em uma amostra gerada pelo modelo, para 6 infecções iniciais, 0,10 mosquitos por sítio, PH=80%, PM=30% e sistema com reprodução.

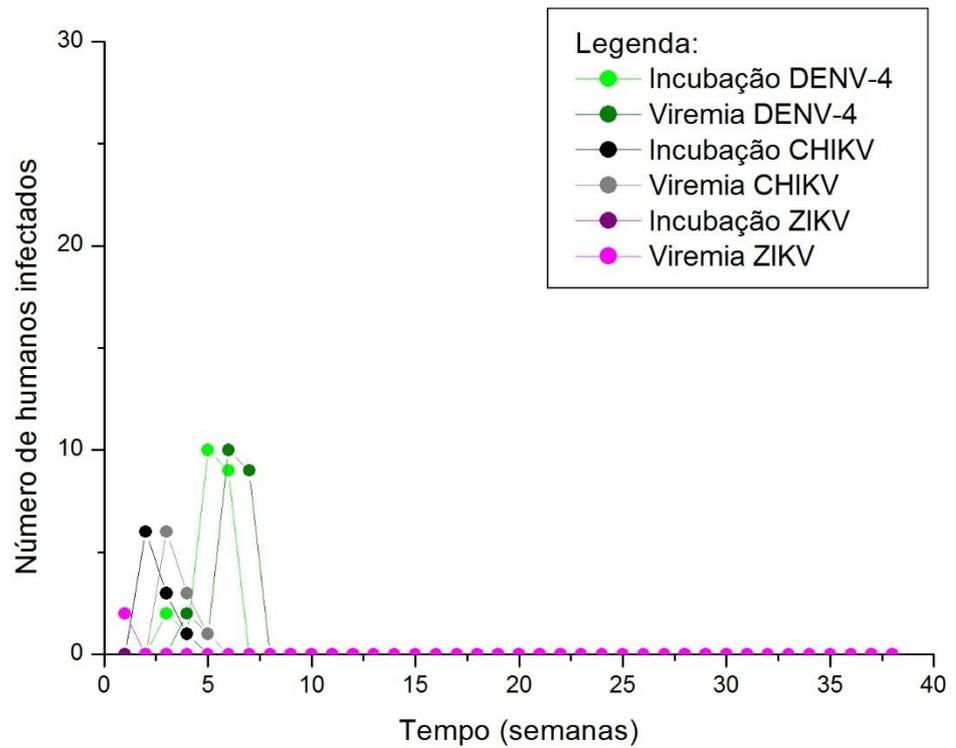
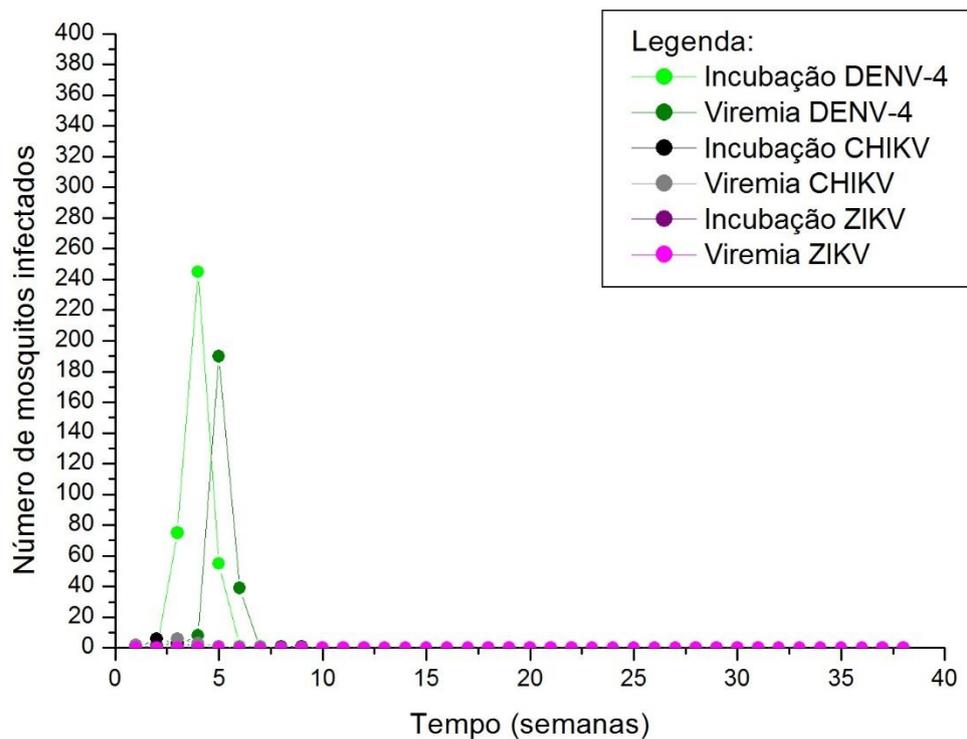


FIGURA 15- Distribuição de diferentes tipos de doenças em mosquitos em uma amostra gerada pelo modelo, para 6 infecções iniciais, 0,10 mosquitos por sítio, PH=80%, PM=30% e sistema com reprodução.



5.2.4 Avaliação da sensibilidade do modelo

As simulações para análise de sensibilidade foram realizadas para densidades de 0,05 e 0,10 mosquitos por sítio e o tempo de simulação foi de 38 semanas. Realizou-se dez amostras para cada dupla de valores de PH e PM, sendo gerada uma média desses valores.

Os resultados obtidos nas simulações de variação dos parâmetros PH (probabilidade de mosquito picar humano) e PM (probabilidade de morte) são apresentados de forma resumida na TABELA 4. Esses valores correspondem às médias de 10 amostras obtidas a partir de diferentes sementes de números aleatórios. O desvio padrão médio encontrado para os resultados foi entre 5% e 10% da média.

TABELA 4 – Número de mosquitos mortos obtidos na variação dos valores de PH e PM para densidades de 0,05 e 0,10 mosquitos por sítio.

Simulação	PH	PM	Densidade de mosquitos	
			0,05 mosq/sítio	0,10 mosq/sítio
A	90%	10%	562	1346
B	80%	50%	1947	4282
C	80%	30%	1105	2158
D	80%	10%	548	1108
E	50%	70%	1261	2251

Pela TABELA 4 é possível observar que o modelo apresenta sensibilidade à variação de PH e PM. Quanto maior a probabilidade de morte do mosquito, maior tende a ser o número de mosquitos mortos. No entanto, destaca-se o resultado obtido na simulação E, para PH=50% e PM=70%, que apresentou um valor menor que a simulação B, para PH=80% e PM=50%. Este fato é justificado pela diferença no valor de PH. Embora 70% de probabilidade de morte seja maior que 50%, este último apresentou maior valor de mosquitos mortos porque possui maior valor de PH.

Um teste estatístico ANOVA (com 95% de confiança) realizado para verificar a variância entre os valores encontrados para PH e PM demonstrou que as médias de PM (quando PH foi mantido constante) são significativamente diferentes para as duas densidades simuladas, de forma que, como esperado, este fator influencia o número de mosquitos mortos.

De acordo com a Equação 1, apresentada na metodologia, o tempo de vida de um mosquito é aumentado toda vez que ele pica um humano devido à proximidade com o mesmo no ato de hematofagia, o que pode fazer com que o humano mate o mosquito. De tal forma, um maior valor de PH tende a influenciar um maior o número de mortos. O teste ANOVA (com 95% de confiança) para as médias de PH para 0,10 mosquitos por sítio (quando PM foi mantido constante) demonstrou que essas são significativamente diferentes. Porém, para 0,05 mosquitos por sítio e PM mantido constante, as médias de PH demonstraram não ser significativamente diferentes.

Ao comparar as simulações A e D, percebe-se que a influência de PH não foi tão alta, o que pode estar relacionado ao baixo valor de PM adotado nessas duas simulações. Mais simulações e testes são necessários para melhor análise dos dados.

De maneira geral, o elevado número de mosquitos mortos está relacionado ao fato de que as simulações foram realizadas para 38 semanas, o que corresponde a 266 dias. Como o número de mosquitos no sistema foi mantido constante e o tempo médio de vida adotado foi de 42 dias, é possível utilizar tais fatos para justificar a alta renovação dos mosquitos e o alto número de mortes. A realização de testes com diferentes tempos de simulação pode contribuir para melhores inferências, assim como simulações com outros valores de PH e PM podem contribuir para melhores conclusões a respeito da interferência destes na morte dos mosquitos, sendo ambos recomendados para estudos futuros.

6 CONCLUSÕES

O modelo adaptado foi eficiente na simulação da captura de mosquitos por armadilhas, obtendo sucesso na reprodução dos resultados empíricos e demonstrando que pode ser utilizado como auxiliar em programas de combate às doenças transmitidas pelo *Ae. aegypti*. Além disso, o algoritmo conseguiu simular a propagação de doenças e mostrou bons resultados com relação à variação de parâmetros, mas ainda é necessário realizar mais testes para obter maior confiabilidade nos resultados.

O uso das ferramentas de geoprocessamento contribuiu para a obtenção de informações a respeito da área utilizada de forma rápida e eficiente, permitindo a análise do espaço urbano e a geração de dados que foram utilizados no modelo computacional. Ainda, os resultados demonstraram que é possível associar modelos baseados em autômatos celulares a geoprocessamento de forma satisfatória.

De maneira geral, os resultados obtidos podem contribuir para futuros estudos de propagação de doenças e auxiliar na prevenção e previsão de epidemias. Assim, constituem uma ferramenta auxiliar na tomada de decisão de órgãos responsáveis pela saúde pública.

7 PROPOSTA DE TRABALHOS FUTUROS

Para trabalhos futuros, sugere-se a continuidade de obtenção de diferentes amostras a partir da variação das probabilidades de mosquito picar o humano e de morte, de forma a verificar a real influência da alteração desses parâmetros no modelo. Ainda, sugere-se a simulação com outros valores iniciais de mosquito e de infecção, para avaliar como interferem nas simulações, além da variação do tempo de simulação.

Uma outra proposta de continuidade deste trabalho diz respeito à inclusão de dados meteorológicos (precipitação, temperatura e umidade) como entrada do modelo, permitindo simulações do *Ae. aegypti* para as diferentes estações do ano e avaliando a interferência da sazonalidade na transmissão das doenças, assim como a simulação com uma área urbana maior. Demais ferramentas de geoprocessamento podem ser utilizadas para a obtenção de informações do espaço urbano e para melhor representação de resultados.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, A. C. L. **Modelos matemáticos de propagação de epidemias baseados em redes sociais e detecção de clusters de doenças.** *Tese de Doutorado.* Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2011. 113 p.
- ALMEIDA FILHO, N. **Bases históricas da epidemiologia.** *Cadernos de Saúde Pública.* Rio de Janeiro, 1986, v. 2, n.3, pp. 304-311
- ALVARENGA, L. R. **Modelagem de epidemias através de modelos baseados em indivíduos.** Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Minas Gerais. Belo Horizonte, 2008. 140f.
- APARÍCIO, C. **Utilização de geoprocessamento e sensoriamento remoto orbital para análise espacial de paisagem com incidência de Leishmaniose.** Dissertação (Mestrado). Instituto de Biociências. Universidade de São Paulo. São Paulo, 2001. 104f.
- ATMAN, A. P. F., **Aspectos Fractais em Sistemas Complexos.** Tese (Doutorado). Universidade Federal de Minas Gerais. Belo Horizonte, 2002. 204f.
- AZEVEDO, R. S. S.; OLIVEIRA, C. S.; VASCONCELOS, P. F. C. Risco do chikungunya para o Brasil. **Rev. Saúde Pública.** 2015, vol.49, 6p.
- AYRES, J. R. C. M. **Desenvolvimento histórico da epidemiologia e do conceito de risco.** *Revista Med.* São Paulo, 2009, v.88. n.2, pp. 71-79.
- BANDINI, S.; PAVESI, G. **A model based on cellular automata for the simulation of the dynamics of plant populations.** University of Milano - Bicocca. 2004, 6f.
- BARRETO, M. L.; TEIXEIRA, M. G. Dengue no Brasil: situação epidemiológica e contribuições para uma agenda de pesquisa. **Estudos avançados.** 2008, vol.22, n.64, pp. 53-72.
- BARSANTE, L. S. **Dependência entre pluviosidade e população de fêmeas de *Aedes aegypti* grávidas descritas através de um sistema dinâmico não linear.** Dissertação (Mestrado). Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais. Belo Horizonte, 2012. 107f.

BENÍCIO, M. A. **Centralidade da caminhada aleatória em redes complexas**. Dissertação (Mestrado). Universidade Estadual de Ponta Grossa. Ponta Grossa, 2013. 130f.

BONITA, R. et al. **Epidemiologia Básica**. 2ª edição. São Paulo, Editora Santos. 2010. 213p.

BRASIL, Ministério da Saúde. Portal da Saúde. 2016a. Disponível em <<http://portalsaude.saude.gov.br>>. Acesso em 10 de Outubro de 2016. 2016a.

BRASIL, Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Boletim Epidemiológico. Monitoramento dos casos de dengue, febre de chikungunya e febre pelo vírus Zika até a Semana Epidemiológica 52, 2015**. V. 47, n°3, 2016. 2016b.

BRASIL, Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Boletim Epidemiológico. Monitoramento dos casos de dengue, febre de chikungunya e febre pelo vírus Zika até a Semana Epidemiológica 32, 2016**. V. 47, n°33, 2016c.

BRASIL, Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Boletim Epidemiológico. Monitoramento dos casos de microcefalia no Brasil**. Semana Epidemiológica 32, 2016. n°39, 2016d.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Monitoramento dos casos de dengue e febre de chikungunya até a Semana Epidemiológica 30, 2015**. V. 46, n°24, 2015a.

BRASIL. Ministério da Saúde - **Boletim epidemiológico: Monitoramento dos casos de Dengue e Febre Chikungunya até a Semana Epidemiológica 28, 2015**. Vol. 46, n° 22-2015b.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Atenção à Saúde. **Plano Nacional de Enfretamento à Microcefalia**. Protocolo de atenção à saúde e resposta à ocorrência de microcefalia relacionada à infecção pelo vírus Zika. 1ª ed. Brasília, 2015c. 49p.

BRASIL, Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Diretoria Técnica de Gestão. **Dengue: Diagnóstico e manejo clínico: adulto e criança**. 4. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2013. 80 p.

BRASIL. Ministério da Saúde. Fundação Nacional da Saúde. Programa Nacional de Controle da Dengue. Brasília, 2002, 32f.

BRITO, C. Zika Virus: A new chapter in the history of medicine. **Acta Med Port**, 2015, v.28, n.6. pp.679-680.

CÂMARA, G. et al. **Introdução à Ciência da Geoinformação**. São José dos Campos: INPE, 2003.

CÂMARA, G.; ORTIZ, M. J. **Sistemas de informação geográfica para aplicações ambientais e cadastrais: uma visão geral**. In: Souza e Silva, M., ed. Cartografia, Sensoriamento e Geoprocessamento. 1998. Lavras: UFLA/SBEA, pp.59-88.

CDC – Centers for Disease Control and Prevention. **CDC Concludes Zika Causes Microcephaly and Other Birth Defects** (13 de Abril de 2016). Disponível em: <<http://www.cdc.gov/media/releases/2016/s0413-zika-microcephaly.html>>. Acesso em: 29 de Setembro de 2016.

CHANG, S. F. Concurrent Isolation of Chikungunya Virus and Dengue Virus from a Patient with Coinfection Resulting from a Trip to Singapore. **Journal of Clinical Microbiology**. 2010, v.48, n.12. pp.4586-4589.

CHAHAR, H. S. et al. Co-infections with Chikungunya Virus and Dengue Virus in Delhi, India. **Emerging Infectious Diseases**. 2009, v.15, n.7, pp. 1076-1080.

CHENG, L. Y. Aplicação do Método de Monte Carlo para as operações de números nebulosos. **4º SBAI - Simpósio Brasileiro de Automação Inteligente**, São Paulo, 1999, pp.308-313.

COLOMBO, T. E. et al. Co-infection of Dengue Virus by Serotypes 1 and 4 in Patient from Medium Sized City from Brazil. **Rev. Inst. Med. Trop.** São Paulo, 2013, v.55, n.4. pp.275-281.

CONSOLI, R. A. G. B.; OLIVEIRA, R. L. **Principais mosquitos de importância sanitária no Brasil**. Rio de Janeiro: Editora FIOCRUZ, 1994. 228p.

CORDEIRO, F. S. **Modelo preditivo para a população de mosquitos *Aedes aegypti* sob influência de variáveis climáticas: temperatura e pluviosidade**. Dissertação (Mestrado). Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais. Belo Horizonte, 2015. 64f.

CORREA, P. R. L.; FRANCA, E.; BOGUTCHI, T. F. Infestação pelo *Aedes aegypti* ocorrência da dengue em Belo Horizonte, Minas Gerais. **Rev. Saúde Pública**. 2005, v.39, n.1, pp. 33-40.

COSTA, A. I. P.; NATAL, D. Distribuição espacial da dengue e determinantes socioeconômicos em localidade urbana no Sudeste do Brasil. **Rev. Saúde Pública.** 1998, vol.32, n.3, pp. 232-236.

CUNHA, M. C. M. et al. Fatores associados à infecção pelo vírus do dengue no Município de Belo Horizonte, Estado de Minas Gerais, Brasil: características individuais e diferenças intra-urbanas. **Epidemiol. Serv. Saúde.** 2008, vol.17, n.3, pp. 217-230.

DEGENER, C. Marlen. **Avaliação das armadilhas MosquiTRAP, BG-Sentinel e BG-Mosquitito como possíveis ferramentas no controle de *Aedes aegypti*.** Tese (Doutorado). Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2014. 188f.

DICK G. W. A. Zika vírus: Isolations and serological specificity. **Trans R Soc Trop Med Hyg.** 1952, v.46, pp.509-520.

DONALÍSIO, M. R.; GLASSER, C. M. Vigilância entomológica e controle de vetores do dengue. **Rev. Bras. Epidemiol,** v. 3, n. 5, p.259-272, 2002.

DONALISIO, M. R.; FREITAS, A. R. R. Chikungunya no Brasil: um desafio emergente. **Rev. Bras. Epidemiol.** 2015, vol.18, n.1, pp. 283-285.

DUFFY, M. R. et al. Zika Virus outbreak on Yap Island, Federated States of Micronesia. **N Engl J Med.** 2009, v.360, n.24. pp.2536-2543.

DUPONT-ROUZEYROL, M. et al., Co-infection with Zika and Dengue Viruses in 2 Patients, New Caledonia, 2014. **Emerging Infectious Diseases.** 2015, v.21, n.2, pp.381-382.

ECDC – European Center for Disease Prevention and Control. **Microcephaly in Brazil potentially linked to the Zika virus epidemic.** Rapid Risk Assessment. Estolcolmo, 2015, 12p.

FARIAS, D. R. B. et al. Aplicação de geoprocessamento na espacialização dos casos de dengue no estado do RN. **II Simpósio Brasileiro de Ciências Geodésicas e Tecnologias da Geoinformação.** Recife - PE, 2008.

FÁVARO, E. A. et al. Physiological state of *Aedes (Stegomyia) aegypti* mosquitoes captured with MosquiTRAPs™ in Mirassol, São Paulo, Brazil. **Journal Of Vector Ecology.** 2006 v. 31, n. 2, p.285-291.

FIGUEIREDO, J. **Análise espaço-temporal dos casos de dengue no município de Ribeirão Preto (SP) pela técnica de Geoprocessamento**. Dissertação (Mestrado). Universidade de Ribeirão Preto. Ribeirão Preto, 2009. 124f.

FIGUEIREDO, R. M. P. et al. Co-infection of Dengue Virus by Serotypes 3 and 4 in Patients from Amazonas, Brazil. **Rev. Inst. Med. Trop.** São Paulo, 2011, v.53, n.6. pp.321-323.

FLORENZANO, T. G. **Iniciação em Sensoriamento Remoto**. 3 ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2011.

GAMA, R. A. et al. Evaluation of Sticky MosquiTRAP™ for Detecting *Aedes (Stegomyia) aegypti* (L.) (Diptera: Culicidae) during the Dry Season in Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil. **Neotropical Entomology**. 2007, v.35, n.2, pp.294-302.

GARDNER, M. Mathematical Games - The fantastic combinations of John Conway's new solitaire game "life". **Proceedings of the Scientific American**. 1970, v.223, pp. 120–123.

GONÇALVES, C. M. **O estudo da competência vetorial das populações de *Aedes aegypti* da cidade de Belo Horizonte**. Dissertação (Mestrado). Centro de Pesquisas René Rachou - Fundação Oswaldo Cruz. Belo Horizonte, 2010. 95f.

GUEDES, D. R. D. **Análise da Competência Vetorial para o Vírus Dengue em Populações Naturais de *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus* de Pernambuco**. Tese (Doutorado) - Curso de Saúde Pública, Centro de Pesquisas Aggeu Magalhães, Fundação Oswaldo Cruz, Recife, 2012. 101f.

HAYES, E. B. Zika Virus Outside Africa. **Emerging Infectious Diseases**, 2009, v.15, n.9, pp.1347–1350.

HENNESSEY, M., FISCHER, M; STAPLES, E. Zika Virus Spreads to New Areas – Region of the Americas, May 2015 – January 2016. **American Journal of Transplantation**, 2016, v.16, pp.1031-1034.

HONORIO, N. A. et al. Chikungunya: uma arbovirose em estabelecimento e expansão no Brasil. **Cad. Saúde Pública**. 2015, vol.31, n.5, pp. 906-908.

JUSTO, M. J. M. **Autômatos celulares caóticos aplicados na criptografia de criptoanálise**. Dissertação (Mestrado). Universidade de São Paulo. São Carlos, 2013. 121f.

KINDHAUSER, M. K., et al. Zika: the origin and spread of a mosquito-borne virus. **Bull World Health Organ**, 2016, v.94, pp.675-686.

LAGROTTA, M. T. F. **Geoprocessamento de indicadores entomológicos na identificação de áreas, imóveis e recipientes chaves no controle de *Aedes aegypti***. Dissertação (Mestrado). Escola Nacional de Saúde Pública - Fundação Oswaldo Cruz. Rio de Janeiro, 2006. 155f.

LIGON, B. L. Reemergence of an unusual disease: the chikungunya epidemic. **Elsevier Inc.** 2006, pp.99-104.

LIMA, E. B. **Modelos microscópicos para simulação do tráfego baseados em autômatos celulares**. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal Fluminense. Niterói, 2007. 127f.

LOPES, A. B. et al. **Aplicação da técnica de Simulação de Monte Carlo para análise quantitativa de risco em projetos de eventos**. Monografia (Trabalho de Conclusão de Curso). Universidade Anhembi Morumbi - São Paulo, 2010. 50f.

MASSAHUD, R. A. T. **Modelo de propagação de dengue usando autômatos celulares**. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Lavras. Lavras, 2011. 115f.

MELOTTI, G. **Aplicação de Autômatos Celulares em Sistemas Complexos: Um Estudo de Caso em Espalhamento de Epidemias**. Dissertação (Mestrado). Departamento de Engenharia Eletrônica - Universidade Federal de Minas Gerais. Belo Horizonte, 2009. 116f.

MLAKAR, J. et al. Zika Virus associated with microcephaly. **N. Engl. J Med.** 2016, v.374, n.10. pp. 951-958.

MORAES, A. L. S. **Um estudo sobre a aplicação de autômatos celulares na simulação de fenômenos ambientais e aspectos dinâmicos**. Monografia (Trabalho de Conclusão de Curso). Universidade Católica de Pelotas. Pelotas, 2007. 47f.

MORAES, E. C. **Fundamentos de Sensoriamento Remoto**. Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais - INPE. São José dos Campos, 2002. 23p.

MUSSO, D. et al. Zika virus: following the path of dengue and chikungunya?. **The Lancet.** 2015. v.386. pp.243-244.

NASCIMENTO, M. **O uso de simulação de Monte Carlo via cadeias de Markov no melhoramento genético.** Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Viçosa, 2009. 111f.

NAYAR, S. K. et al. Co-infection of Dengue Virus and Chikungunya Virus in Two Patients with acute Febrile Illness. **Med J Malaysia.** 2007, v.62, n.4, pp.335-336.

NEPOMUCENO, E. G. **Dinâmica, Modelagem e Controle de Epidemias.** Tese (Doutorado). Universidade Federal de Minas Gerais. Belo Horizonte, 2005. 167f.

NUNES, J. S. **Dengue: Etiologia, patogênese e suas implicações a nível global.** Dissertação (Mestrado) - Ciências da Saúde, Universidade da Beira Interior, Covilhã (Portugal), 2011. 50 f.

OHELER, E. Zika virus infection complicated by Guillain-Barré syndrome - case report, French Polynesia, December 2013. **Euro Surveill.** 2014, v.19, n.9.

OLIVEIRA, G. M. B. **Dinâmica e evolução de autômatos celulares unidimensionais.** Tese (Doutorado). Instituto Tecnológico da Aeronáutica. São José dos Campos, 1999. 192f.

OLIVEIRA, S. R. **Modelagem computacional da disseminação da Leishmaniose: Estudo de Caso no Bairro Itapoã, Belo Horizonte - MG, Brasil.** Dissertação (Mestrado). Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais. Belo Horizonte, 2014. 69f.

ORGANIZAÇÃO PANAMERICANA DE SAÚDE. **Dengue y dengue hemorrágico en las Américas: guías para su prevención y control.** Washington – DC (Estados Unidos), 1995, 110p.

ORGANIZAÇÃO PANAMERICANA DE SAÚDE. **Sistemas de Informação Geográfica em Saúde – Conceitos Básicos.** Fundação Nacional da Saúde, 2002. 124p.

PASCOAL, F. S. **Sociedade Artificial FIGHT4LIFE: Autômato Celular Modelando a Vida Artificial.** Relatório Final de Projeto de Iniciação Científica (PIBIC, CNPq, INPE) - Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais, 2005. 64f.

PEDROSA, B. M.; CAMARA, Gilberto. **Modelagem dinâmica e sistemas de informações geográficas.** Cap. 6. In: Geomática: Modelos e Aplicações Ambientais. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA. Brasília - DF, 2007. 593p.

PEDROSA, M. C. **Aspectos ecológicos da ocorrência de *Aedes (Stegomyia) aegypti* (Linnaeus, 1792) e *Aedes (Stegomyia) albopictus* (Skouse, 1984) em áreas verdes urbanas e residenciais.** Dissertação (Mestrado). Programa de Pós-Graduação em Ecologia de Biomas Tropicais. Universidade Federal de Ouro Preto. Ouro Preto, 2013. 85f.

PERES, O. M.; POLIDORI, M. C. **Modelos urbanos baseados em autômatos celulares: integrando o ambiente natural e o crescimento urbano.** Universidade Federal de Pelotas - UFPel. Pelotas. 2009, pp.1309-1318.

PINHO, A. C. O. **Diagnóstico e caracterização molecular do vírus dengue circulante na cidade de Salvador, Bahia, Brasil.** Dissertação (Mestrado). Universidade Federal da Bahia. Salvador, 2013. 76f.

POWERS, A. M.; LOGUE, C. H. Changing patterns of chikungunya virus: re-emergence of a zoonotic arbovirus. **Journal of General Virology**, 2007, v.88, pp. 2363-2377.

RESENDE, M. C. **Estudo multicêntrico do uso da armadilha MosquiTRAP para captura de *Aedes aegypti* e geração de índices de vigilância entomológica.** Tese (Doutorado) - Departamento de Parasitologia, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2009. 130f.

RESENDE, M. C. et al. Field optimisation of MosquiTRAP sampling for monitoring *Aedes aegypti* Linnaeus (Diptera: Culicidae). **Mem. Inst. Oswaldo Cruz**. 2012, v.107, n.3, pp. 294-302.

RESENDES, A. P. C. **Sensoriamento remoto e modelagem espacial nos estudos dos processos endêmicos-epidêmicos em áreas urbanas: o caso da dengue no município de Niterói - Estado do Rio de Janeiro.** Tese (Doutorado). Escola Nacional de Saúde Pública Sergio Arouca - ENSP. Rio de Janeiro, 2010. 126f.

REZENDE, J. M. **As grandes epidemias da história.** São Paulo: Editora Unifesp, 2009. p. 73-82..

ROCHA, R. C. **Epidemiologia da dengue na cidade de Rio Branco - Acre, Brasil, no período de 2000 a 2007.** Tese (Doutorado). Faculdade de Saúde Pública, Universidade de São Paulo. São Paulo, 2011. 200f.

SALINAS, S. R. A. **Introdução à Física Estatística.** Universidade de São Paulo, 2 ed. Universidade de São Paulo. 1999, 464p.

SANTOS, C. L. **Modelagem computacional da propagação da Leishmaniose**. Dissertação (Mestrado). Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais. Belo Horizonte, 2011. 74f.

SANTOS, M. C. **Busca Markoviana Super Difusiva: Origens e Relevância das Leis de Potência**. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal do Paraná. Curitiba, 2008. 122f.

SANTOS, S. L. **Abordagem ecossistêmica aplicada ao controle da dengue no nível local: um enfoque com base na reprodução social**. Tese (Doutorado). Centro de Pesquisas Aggeu Magalhães, Fundação Oswaldo Cruz. Recife, 2009. 231f.

SÃO PAULO – Secretaria de Estado de Saúde. **Dengue: Cartilha do Gestor Municipal**. 2014. 16f.

SASSO, J. B. et al. Epidemias e modelos epidemiológicos baseados em autômatos celulares: uma breve revisão. **Cad. de Pós-Graduação em Eng. Elétrica**. Mackenzie. São Paulo, 2004. v. 4, n. 1, pp.71-80.

SCHIMIT, P. H. T. **Modelagem e controle de propagação de epidemias usando autômatos celulares e teoria de jogos**. Tese (Doutorado). Universidade de São Paulo. São Paulo, 2010. 83f.

SILVA, F. S. G. **Aplicação de método de Monte Carlo para cálculos de dose em folículos tiroideanos**. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal Rural de Pernambuco. Recife, 2008. 67f.

SILVA, J. M.; LIMA, J. A. S. Quatro abordagens para o movimento browniano. **Revista Brasileira de Ensino de Física**. 2007, v. 29, n. 1, pp. 25-35.

SILVA, T. C. **Simulações computacionais aplicadas ao processo de evacuação de ambientes: uma análise comparativa de variantes geométricas via autômatos celulares bidimensionais**. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal do Paraná. Curitiba, 2012. 132f.

STAUFFER, D. et al. **Computer Simulation and Computer Algebra**. Springer-Verlag. Berlim, 1993. 287p.

TAUIL, P L. Aspectos críticos do controle do dengue no Brasil. **Cad. Saúde Pública**. Rio de Janeiro, 2002, v.18, n.3, pp. 867-871.

TAUIL, P. L. Urbanização e ecologia da Dengue. **Cad. Saúde Pública**. Rio de Janeiro. 2001, pp.99-102.

TEIXEIRA, M. G.; BARRETO M. L.; GUERRA, Z. Epidemiologia e Medidas de Prevenção do Dengue. **Informe Epidemiológico do Sus**, 1999, v. 4, n. 8, p.5-33.

VASCONCELOS, P. F. C. Doença pelo vírus Zika: um novo problema emergente nas Américas? **Rev Pan-Amaz Saude**. 2015, vol.6, n.2, pp. 9-10.

VILLAMIL-GÓMEZ, W. E, et al. Dengue, chikungunya and Zika co-infection in a patient from Colombia. **Journal of Infection and Public Health**, 2015. 3p.

WALDMAN, E. A. **Vigilância em Saúde Pública**. Faculdade de Saúde Pública, Universidade de São Paulo. São Paulo - SP, 1998. 267p.

WHITE, S. H. et al. Modeling epidemics using cellular automata. **Applied Mathematics and Computation**. 2007, v.186, p193-202.

WHO – World Health Organization. **Doença do Vírus Zika**. (02 de Julho de 2016). Disponível em: <<http://www.who.int/mediacentre/factsheets/zika/pt/>>. Acesso em 09 de Outubro de 2016.

WHO – World Health Organization. **Global strategy for dengue prevention and control 2012-2020**. 2012, 43p.

WOLFRAM, S. Cellular automata as models of complexity. **Nature**.1984, v.311. pp.419-425.

ZANLUCA, C. et al. First report of autochthonous transmission of Zika virus in Brazil. **Mem. Inst. Oswaldo Cruz**. 2015, v.110, n.4, pp.569-572.