



**CLAYTON RAMOS DA SILVA**

**O USO DA MODELAGEM BASEADA EM AGENTES NO  
ESTUDO DE SISTEMAS COMPLEXOS E UMA  
APLICAÇÃO EM PROPAGAÇÃO DA LEISHMANIOSE  
VISCERAL**

**LAVRAS – MG  
2025**

**CLAYTON RAMOS DA SILVA**

**O USO DA MODELAGEM BASEADA EM AGENTES NO ESTUDO DE SISTEMAS  
COMPLEXOS E UMA APLICAÇÃO EM PROPAGAÇÃO DA LEISHMANIOSE  
VISCERAL**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Física, área de concentração Física, para a obtenção do título de Mestre.

Dra. Angélica Sousa da Mata  
Orientadora

Dr. Eric Fernandes de Mello Araujo  
Coorientador

Dra. Joziana Muniz de Paiva Barçante  
Coorientadora

**LAVRAS – MG  
2025**

**Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca  
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Silva, Clayton Ramos da.

O uso da modelagem baseada em agentes no estudo de sistemas complexos e uma aplicação em propagação da leishmaniose visceral / Clayton Ramos da Silva. – Lavras : UFLA, 2025.

54 p. : il.

Dissertação(mestrado acadêmico)–Universidade Federal de Lavras, 2024.

Orientadora: Dra. Angélica Sousa da Mata.

Bibliografia.

1. Modelagem baseada em agentes. 2. Modelagem computacional. 3. Dinâmica de leishmaniose visceral. I. Mata, Angélica Sousa da. II. Araújo, Eric Fernandes de Mello. III.

**CLAYTON RAMOS DA SILVA**

**O USO DA MODELAGEM BASEADA EM AGENTES NO ESTUDO DE SISTEMAS  
COMPLEXOS E UMA APLICAÇÃO EM PROPAGAÇÃO DA LEISHMANIOSE  
VISCERAL**

**THE USE OF AGENT-BASED MODELING IN THE STUDY OF COMPLEX  
SYSTEMS AND AN APPLICATION TO THE SPREAD OF VISCERAL  
LEISHMANIASIS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Física, área de concentração Física, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 09 de julho de 2024.

Dra. Angélica Sousa da Mata DFI-UFLA  
Dr. Gabriel Gomides Piva PUC-RJ  
Dra. Joziana M. de P. Barçante DME - UFLA  
Dr. Rodrigo Santos Búfalo DFI-UFLA

Dra. Angélica Sousa da Mata  
Orientadora

Dr. Eric Fernandes de Mello Araujo  
Coorientador

Dra. Joziana Muniz de Paiva Barçante  
Coorientadora

**LAVRAS – MG  
2025**

*Aos amores de minha vida: Ss. Trindade, Maria, Emanuela, “mainha”, “painho” e amigos  
Dedico*

## AGRADECIMENTOS

A realização deste trabalho foi um processo enriquecedor e desafiador, que não teria sido possível sem o apoio de muitas pessoas. Gostaria de expressar minha gratidão a todos que contribuíram de alguma forma para a conclusão deste trabalho.

Primeiramente, a Deus que me sustentou e amparou com todo seu Amor, e a Santíssima Virgem Maria, que tanto intercede por mim. Depois, à minha família, namorada e amigos que me auxiliaram dando muito apoio nos momentos que precisei.

Agradeço à minha orientadora, Angélica Sousa da Mata, por sua orientação, paciência e dedicação ao longo de todo o percurso. Sobretudo, quando a vontade de largar tudo “falava alto”. Sua expertise, conselhos e paciência foram fundamentais para o desenvolvimento desta pesquisa. Esse agradecimento é extensivo aos meus coorientadores, professores Eric e Joziana.

Aos demais professores e servidores do Departamento de Física (DFI-UFLA), pelo ambiente acolhedor e pelas oportunidades de aprendizado proporcionadas durante meu mestrado. E ao programa de Pós-Graduação em Física.

Agradeço também à minha família, especialmente aos meus pais Miron e Dera e à minha namorada Emanuela, por todo o amor, suporte e compreensão. Sem vocês, esta jornada não teria sido possível.

À Universidade Federal de Lavras (Ufla) cuja contribuição acadêmica e técnica, foram inestimáveis para a realização deste trabalho.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

Agradeço à FAPEMIG pelo financiamento concedido à realização deste projeto.

A todos, o meu sincero muito obrigado.

*Por vezes sentimos que aquilo que fazemos não é senão uma gota de água no mar. Mas o mar seria menor se lhe faltasse uma gota.  
(Madre Teresa de Calcutá)*

## RESUMO

Modelagem baseada em agentes (MBA) é uma metodologia que nos permite uma avançada maneira de fazer ciência utilizando experimentos feitos em computadores. Essa metodologia foi uma das pioneiras para se estudar sistemas complexos. Esses sistemas são formados por um conjunto de elementos (indivíduos) que interagem entre si através de regras simples de interação dando origem a comportamentos emergentes coletivos que não podem ser previstos quando se investiga apenas as propriedades de cada indivíduo isoladamente. Assim sendo, o objetivo deste trabalho é apresentar, de maneira didática, através de exemplos computacionais usando a interface do Netlogo, o que é a modelagem baseada em agentes e como podemos utilizá-la em diferentes contextos relacionados à sistemas complexos de modo geral. Vamos mostrar que não é necessário muito conhecimento como pré-requisito para começar a usar a modelagem baseada em agentes, mas ao mesmo tempo, uma vez compreendida algumas técnicas básicas de simulação computacional, não há limite para o que pode ser implementado. No final, apresentamos uma aplicação através da construção de um modelo da dinâmica da leishmaniose visceral, simulando a propagação da doença. Este modelo permite explorar como diferentes fatores, como a interação entre humanos, vetores (insetos flebotomíneos) e reservatórios animais, influenciam a propagação da leishmaniose visceral. A simulação possibilita a análise de cenários variados e a avaliação da eficácia de diferentes intervenções de controle, fornecendo *insights* que podem servir para a compreensão de estratégias de saúde pública mais eficazes e assertivas.

**Palavras-chave:** Modelagem baseada em agentes; sistemas complexos; propagação de epidemias; leishmaniose visceral.



## ABSTRACT

Agent-based modeling (ABM) is a methodology that allows us an advanced way of doing science using experiments carried out on computers. This methodology was one of the pioneers for studying complex systems. These systems are formed by a set of elements (individuals) that interact with each other through simple interaction rules, giving rise to collective emergent behaviors that cannot be predicted when investigating only the properties of each individual singly. Therefore, the objective of this work is to present, in a didactic way, what agent-based modeling is and how we can use it in different contexts related to complex systems in general, through computational examples using the Netlogo interface. We will show that not much knowledge is needed as a prerequisite to start using agent-based modeling, but at the same time, once you understand some basic computer simulation techniques, there is no limit to what can be implemented. In the end, we present an application through the construction of a model of the dynamics of visceral leishmaniasis, simulating the spread of the disease. This model allows us to explore how different factors, such as the interaction between humans, vectors (sandflies insects) and animal reservoirs, influence the spread of visceral leishmaniasis. Simulation enables the analysis of varied scenarios and the evaluation of the effectiveness of different control interventions, providing insights that can serve to understand more effective and assertive public health strategies.

**Keywords:** Agent-based modeling; complex systems; spread of epidemics; visceral leishmaniasis.

## **INDICADORES DE IMPACTO**

Este trabalho apresenta impactos significativos, sobretudo na dimensão social, uma vez que a simulação da propagação da doença e a avaliação de intervenções de controle oferecem subsídios para estratégias mais eficazes de saúde pública, beneficiando diretamente populações vulneráveis em áreas endêmicas. Em termos tecnológicos, a aplicação da modelagem baseada em agentes (MBA) demonstra como ferramentas computacionais acessíveis podem ser empregadas para abordar problemas complexos, promovendo a disseminação do conhecimento científico. Há também relevância acerca da extensão universitária na área da saúde, com foco principal nos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) relativos à saúde pública e saneamento. Não obstante, salienta-se que esses impactos não foram concretos e diretos, mas em potencial, dado que o foco principal da pesquisa esteve voltado para o desenvolvimento teórico e metodológico, sem uma aplicação prática imediata junto a comunidades ou grupos específicos.

## **IMPACT INDICATORS**

This study presents significant impacts, particularly in the social dimension, as the simulation of disease spread and the evaluation of control interventions provide insights for more effective public health strategies, directly benefiting vulnerable populations in endemic areas. Technologically, the application of agent-based modeling (ABM) demonstrates how accessible computational tools can be used to address complex problems, fostering the dissemination of scientific knowledge. The research also emphasizes the relevance of university extension in the health sector, primarily focusing on the Sustainable Development Goals (SDGs) related to public health and sanitation. Nonetheless, it should be noted that these impacts were not concrete and direct but rather potential, as the research primarily focused on theoretical and methodological development without immediate practical application in specific communities or groups.

## LISTA DE FIGURAS

Figura 2.1 – Gráfico para solução numérica do Modelo Lotka-Volterra. . . . .	16
Figura 2.2 – Gráfico para experimento do Modelo Lotka-Volterra em NetLogo . . . . .	17
Figura 2.3 – Modelo fogo na floresta com uma densidade inicial de árvores de 60%. O fogo começa a se alastrar e, nas imagens sequenciais da esquerda para a direita, temos, respectivamente, 15%, 32%, 50% e 70% da floresta tomada pelo fogo. . . . .	18
Figura 2.4 – (a) Configuração inicial do modelo de segregação, começando com 80% da rede ocupada e com um valor de 40% de <i>similar-wanted</i> . (b) Evolução do modelo em $t = 5$ passos de tempo e, (c) estado final do modelo em $t = 15$ quando o número final de agentes insatisfeitos chega a zero. . . . .	20
Figura 2.5 – À esquerda, a porcentagem de vizinhos similares ao longo do tempo e à direita a quantidade de agentes insatisfeitos diminuindo com o tempo, à medida em que a segregação aumenta, como mostrado na figura anterior. .	21
Figura 2.6 – (a) Configuração inicial do modelo, começando com 500 pessoas e demais parâmetros conforme pré-definidos na simulação. (b) Evolução do modelo em $t = 100$ passos de tempo e, (c) estado do modelo em $t = 200$ quando o número de agentes pobres já é notadamente alto, contrariamente pouquíssimas pessoas ricas e de classe média. . . . .	22
Figura 2.7 – (a) Variação do índice de Gini ao longo do tempo. Note que quando mais perto de um, mais desigual é a distribuição de riqueza. (b) Curva de Lorenz.	23
Figura 2.8 – (a) A quantidade da população nas três classes em função do tempo. Vermelho representa a classe baixa, verde, a classe média e azul a classe alta. (b) Histograma das classes. . . . .	24
Figura 2.9 – Fluxograma representando a transição entre os estados do modelo SIR. . .	26
Figura 2.10 – Evolução temporal da quantidade de indivíduos SIR para a taxa de reprodução $R_0 > 1$ . . . . .	27
Figura 2.11 – Modelo SEIR determinístico [para $\beta = 0.2$ ; $\sigma = 0.1$ ; $\gamma = 0.05$ ] . . . . .	29
Figura 2.12 – Modelo SEIRS determinístico [para $\beta = 0.2$ ; $\sigma = 0.1$ ; $\gamma = 0.05$ ; $\xi = 0.02$ ] . . . . .	30

Figura 2.13 – Modelo <i>Virus</i> do Netlogo considerando uma população inicial de 150 indivíduos, sendo 10 deles já infectados inicialmente. Da esquerda para a direita: $t = 0$ , $t = 80$ e $t = 240$ passos de tempo. . . . .	31
Figura 2.14 – Número de pessoas suscetíveis, infectadas e imunizadas ao longo do tempo. . . . .	31
Figura 2.15 – <i>Status</i> de endemicidade da leishmaniose cutânea em todo o mundo. . . . .	34
Figura 2.16 – <i>Status</i> de endemicidade da leishmaniose visceral em todo o mundo . . . . .	34
Figura 3.1 – Interface do NetLogo. . . . .	37
Figura 3.2 – Exemplos do NetLogo: (a) Modelo presa-predador, (b) modelo de difusão em uma rede direcionada, (c) modelo de agregação de células hexadecimais, (d) e modelo de espalhamento de um vírus em uma rede. . . . .	39
Figura 4.1 – Diagrama de classes para o modelo. . . . .	41
Figura 4.2 – Instantâneo do mundo da simulação em <i>NetLogo</i> em dois instantes de tempo diferentes, nos quais se observa inicialmente nenhum humano infectado e poucos e, posteriormente, humanos recuperados. . . . .	44
Figura 4.3 – Gráfico gerado em uma execução da simulação até 1080 <i>ticks</i> para as diferentes populações: humanos (à esquerda), cães (à direita) e flebotomíneos (abaixo). . . . .	45

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b>	<b>12</b>
<b>2</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO</b>	<b>14</b>
<b>2.1</b>	<b>Como usar MBA em sistemas complexos</b>	<b>14</b>
<b>2.1.1</b>	<b>Modelos Ecológicos</b>	<b>14</b>
<b>2.1.1.1</b>	<b>Modelo Presa-Predador</b>	<b>14</b>
<b>2.1.1.2</b>	<b>Modelo: fogo na floresta</b>	<b>17</b>
<b>2.1.2</b>	<b>Modelos socioeconômicos</b>	<b>19</b>
<b>2.1.2.1</b>	<b>Segregação</b>	<b>20</b>
<b>2.1.2.2</b>	<b>Distribuição de riqueza</b>	<b>21</b>
<b>2.1.3</b>	<b>Modelos epidêmicos</b>	<b>24</b>
<b>2.1.3.1</b>	<b>Modelo epidêmico SIR (Suscetível-Infetado-Recuperado)</b>	<b>24</b>
<b>2.1.3.2</b>	<b>Modelo epidêmico SEIR (Suscetível-Infetado-Recuperado)</b>	<b>28</b>
<b>2.1.3.3</b>	<b>Vírus se espalhando na população</b>	<b>30</b>
<b>2.2</b>	<b>Leishmaniose visceral</b>	<b>32</b>
<b>3</b>	<b>METODOLOGIA</b>	<b>36</b>
<b>3.1</b>	<b>NetLogo como ferramenta para MBA</b>	<b>36</b>
<b>3.1.1</b>	<b>Funcionamento e interface</b>	<b>37</b>
<b>4</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÕES</b>	<b>40</b>
<b>4.1</b>	<b>Modelo matemático-computacional</b>	<b>40</b>
<b>4.2</b>	<b>Simulação da dinâmica da leishmaniose visceral</b>	<b>43</b>
<b>5</b>	<b>CONSIDERAÇÕES FINAIS E PERSPECTIVAS</b>	<b>48</b>
	<b>REFERÊNCIAS</b>	<b>50</b>
	<b>APENDICE A – Código da Simulação em NetLogo</b>	<b>54</b>

## 1 INTRODUÇÃO

Modelagem baseada em agentes (MBA) é uma metodologia que nos permite uma maneira avançada de fazer ciência utilizando experimentos feitos em computadores (BANKES, 2002). Essa metodologia foi uma das pioneiras para se estudar sistemas complexos (BOCCARA, 2010; WILENSKY; RAND, 2015). Esses sistemas são formados por um conjunto de elementos (indivíduos) que interagem entre si através de regras simples de interação dando origem a comportamentos emergentes coletivos que não podem ser previstos quando se investiga apenas as propriedades de cada indivíduo isoladamente (KWAPIEŃ; DROŹDŹ, 2012).

O mundo tem se tornado mais interconectado e complexo e nossas habilidades para compreender fenômenos reais também têm evoluído. Com o avanço da computação e da modelagem, além de termos acesso a uma explosão de novos dados, também conseguimos analisar e modelar de maneira mais pragmática, sistemas sociais, tecnológicos, biológicos, econômicos, políticos, etc. (HASSANIEN et al., 2015; KUTZ, 2013). Além disso, conseguimos, através da análise de dados responder perguntas que até então não era possível. Quais as melhores estratégias para se prevenir durante uma pandemia? Como as agências de saúde podem interferir na mobilidade e ações da população para evitar um surto epidêmico? Como a biodiversidade de um ecossistema é mantida a partir da interação de diversas espécies que competem e/ou colaboram entre si? Como as instituições políticas afetam as decisões individuais, considerando que alguns desses indivíduos conseguem manipular estas próprias instituições? Como podemos utilizar a inteligência artificial para auxiliar na interação de redes sociais? (WILENSKY; RAND, 2015).

Para tentar responder essas e outras questões, é necessário um conjunto de pesquisadores multidisciplinares, como físicos, biólogos, cientistas da computação, engenheiros, sociólogos, urbanistas, cientistas sociais, etc. Nesse contexto, a modelagem baseada em agentes surge como uma ferramenta versátil que permite a integração de diversas áreas de pesquisa, pois sua utilização não requer um conhecimento prévio extremamente avançado em simulações computacionais (PATLOLLA et al., 2006; MACAL; NORTH, 2009; CONTE; PAOLUCCI, 2014).

Assim sendo, um dos objetivos deste trabalho é apresentar, de maneira didática e interativa, através de exemplos computacionais usando a interfaces do Netlogo (WILENSKY, 1999), o que é a modelagem baseada em agentes e como podemos utilizá-la em diferentes contextos

relacionados à sistemas complexos de modo geral. Vamos mostrar que, de fato não é necessário muito conhecimento como pré-requisito para começar a usar a modelagem baseada em agentes, mas ao mesmo tempo, uma vez compreendida algumas técnicas básicas de simulação computacional, não há limite para o que pode ser implementado.

Por fim, também apresentamos uma aplicação através da construção de um modelo da dinâmica da leishmaniose visceral, simulando a propagação da doença. Este modelo permite explorar como diferentes fatores, como a interação entre humanos, vetores (mosquitos flebótomos) e reservatórios animais, influenciam a propagação da leishmaniose visceral. A simulação possibilita a análise de cenários variados e a avaliação da eficácia de diferentes intervenções de controle, fornecendo insights que podem servir para a compreensão de estratégias de saúde pública mais eficazes e assertivas.

Esse texto está dividido da seguinte maneira: no capítulo 2, apresentamos o referencial teórico explicando como usar MBA aplicado em sistemas complexos bem como alguns exemplos conhecidos da literatura. No final do capítulo, fazemos também uma breve revisão sobre o contexto da leishmaniose visceral. No capítulo 3, apresentamos a metodologia utilizada que consiste, basicamente, na utilização do software NetLogo. No capítulo 4, apresentamos uma aplicação da MBA através de um modelo que criamos para investigar a propagação da leishmaniose visceral em um cenário simplificado. Por fim, no capítulo 5, apresentamos nossas considerações finais.



## **2 REFERENCIAL TEÓRICO**

### **2.1 Como usar MBA em sistemas complexos**

Nossa necessidade de estudar sistemas cada vez mais complexos é uma consequência natural do crescimento do conhecimento humano. À medida que aumentamos nosso conhecimento, desenvolvemos ferramentas mais sofisticadas que, conseqüentemente, nos permite elaborar e responder novas perguntas. Foi exatamente isso que ocorreu com o avanço da computação, nos permitindo modelar, simular e investigar mais minuciosamente problemas complexos. Para ilustrar o poder da modelagem baseada em agentes, nesta seção, vamos ilustrar alguns exemplos em diversas áreas do conhecimento.

#### **2.1.1 Modelos Ecológicos**

Um modelo ecológico é uma representação matemática simplificada de um ecossistema altamente complexo do mundo real. Os modelos ecológicos permitem aos pesquisadores realizar experimentos computacionais em grande escala, o que seria completamente inviável em sistemas reais. Tais modelos também permitem a simulação de processos ecológicos de longa duração, possibilitando a predição de fenômenos diversos ao longo do tempo. Esses modelos têm aplicações em muitas áreas como gestão de recursos naturais, agricultura, conservação da vida selvagem, etc. (JØRGENSEN; BENDORICCHIO, 2001). A seguir, mostraremos dois exemplos de modelos ecológicos: presa-predador e fogo na floresta.

##### **2.1.1.1 Modelo Presa-Predador**

Um exemplo clássico de interação entre espécies é o modelo do tipo presa-predador, que pode ser descrito, de maneira simplificada, pela interação entre duas espécies, como lobos e ovelhas, por exemplo. Basicamente, tal sistema pode ser descrito da seguinte forma: os lobos se alimentam das ovelhas que, por sua vez, buscam alimentos como a grama. Quando as ovelhas têm uma oferta abundante de alimentos, elas se reproduzem mais. Isso atrai mais lobos que começam a caçar as ovelhas. Então a população de ovelhas diminui, o que gera, posteriormente,

uma diminuição na população de lobos, pois também ficam sem alimento. Com menos lobos, as ovelhas se reproduzem mais e a sequência recomeça, gerando uma biodiversidade cíclica resultante da interação desse ecossistema (MURRAY, 2002).

Essa dinâmica pode ser entendida através das equações de Lotka-Volterra, que formam um par de equações diferenciais não-lineares de primeira ordem, frequentemente utilizadas para descrever a dinâmica de populações em sistemas ecológicos onde duas espécies interagem, uma como predadora e a outra como presa. Este modelo foi desenvolvido de forma independente por Alfred J. Lotka em 1925 e Vito Volterra em 1926 (MURRAY, 2002).

As equações de Lotka-Volterra são expressas da seguinte forma:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \alpha x - \beta xy \\ \frac{dy}{dt} = \delta xy - \gamma y \end{cases} \quad (2.1)$$

Onde:

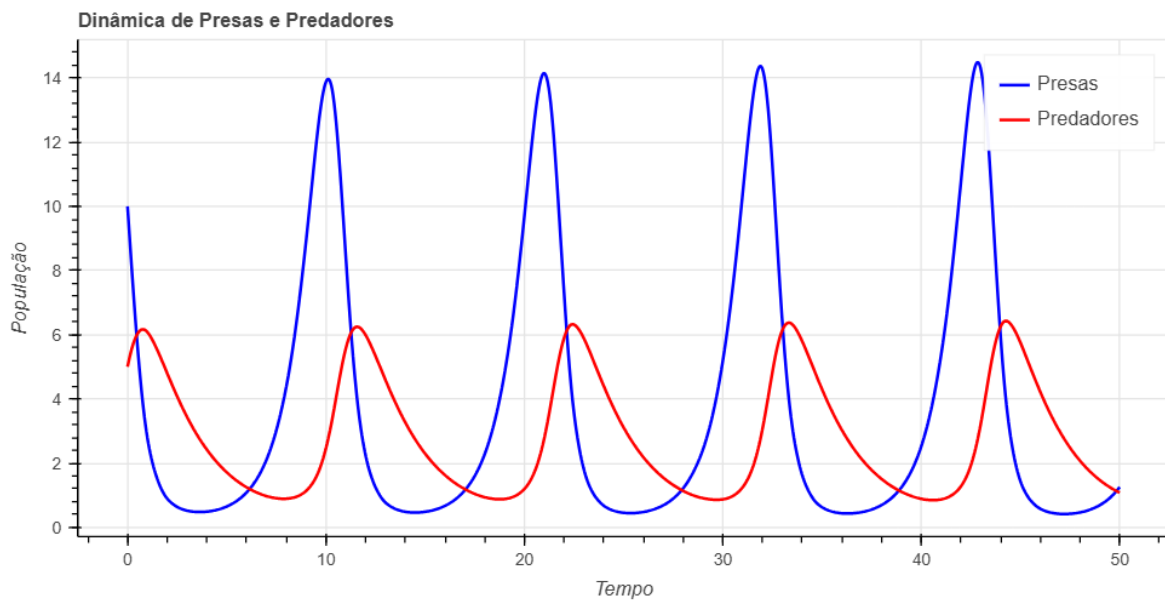
- $x$  representa a população de presas.
- $y$  representa a população de predadores.
- $\alpha$  é a taxa de crescimento natural das presas na ausência de predadores.
- $\beta$  é a taxa de predação, que representa a taxa de sucesso do predador em capturar a presa.
- $\delta$  é a taxa de reprodução do predador per capita com base na quantidade de presas capturadas.
- $\gamma$  é a taxa de mortalidade natural dos predadores na ausência de presas.

A seguir, temos um exemplo resolvido numericamente pelo método de Runge-Kutta de quarta ordem, utilizando a biblioteca *SciPy* do *Python*. O gráfico da Figura 2.1 representa os resultados. Para tal solução, foram utilizados os seguintes parâmetros:

- $\alpha = 1.1$ : Esta taxa de crescimento natural das presas indica que, na ausência de predadores, a população de presas cresce exponencialmente.
- $\beta = 0.4$ : Esta taxa de predação indica que 40% das interações entre presas e predadores resultam na captura de uma presa.

- $\delta = 0.1$ : Esta taxa de reprodução dos predadores indica que para cada presa capturada, a população de predadores aumenta em 10%.
- $\gamma = 0.4$ : Esta taxa de mortalidade dos predadores indica que, na ausência de presas, a população de predadores decresce exponencialmente.

Figura 2.1 – Gráfico para solução numérica do Modelo Lotka-Volterra.



Fonte: Do autor (2024).

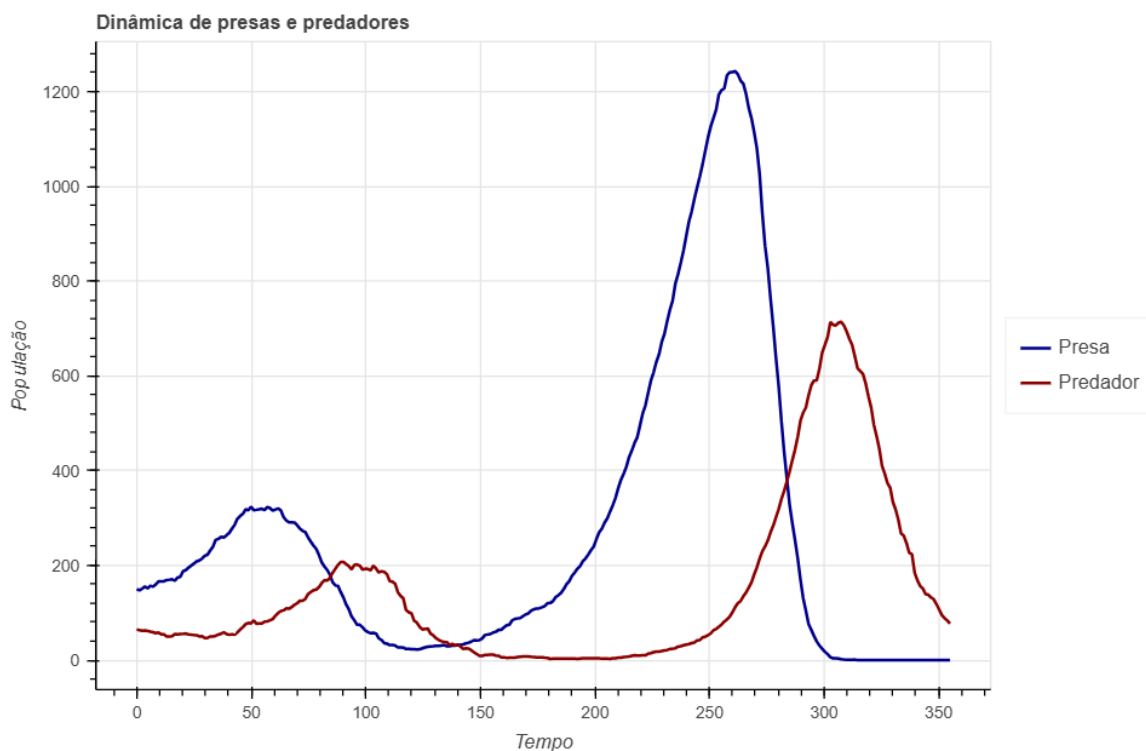
A dinâmica do modelo é complexa e pode gerar comportamentos oscilatórios das populações de presas e predadores. Em termos gerais, o aumento da população de presas fornece mais alimento para os predadores, o que permite que a população de predadores cresça. No entanto, à medida que a população de predadores cresce, eles consomem mais presas, o que eventualmente reduz a população de presas. Com menos presas disponíveis, a população de predadores também começa a diminuir devido à falta de alimento. Este ciclo pode continuar indefinidamente, resultando em oscilações periódicas das populações de presas e predadores.

O gráfico representado na Figura 2.1 ilustra a dinâmica de presas e predadores ao longo do tempo. As oscilações periódicas típicas das populações podem ser observadas.

No entanto, ao se estudar um sistema de equações diferenciais, o modelo é representado por uma evolução determinística, como mostramos anteriormente. Ao realizar uma simulação deste modelo, usando MBA, introduzimos uma estocasticidade na dinâmica, como podemos

observar na figura 2.2. A quantidade de ovelhas e lobos oscila com o tempo, porém de maneira mais ruidosa. Essa dinâmica foi obtida utilizando o modelo *Wolf Sheep Predation* do NetLogo (WILENSKY, 1997c). Para gerar os dados da figura 2.2, iniciamos a simulação com 150 ovelhas e 65 lobos e colocamos uma taxa de reprodução de 4% para ovelhas e 5% para lobos.

Figura 2.2 – Gráfico para experimento do Modelo Lotka-Volterra em NetLogo



Fonte: Do autor (2024).

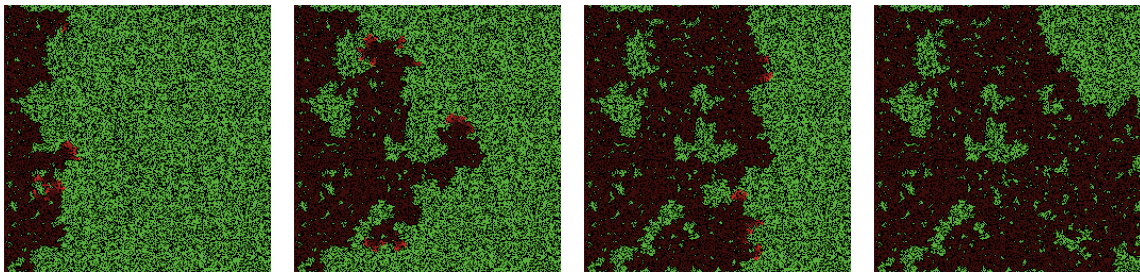
### 2.1.1.2 Modelo: fogo na floresta

O modelo do Netlogo denominado “*Forest fire*” (WILENSKY, 1997a), exemplificado na Figura 2.3, pode ser usado para simular um incêndio em uma floresta. Nele, podemos alterar a densidade das árvores e observar como este parâmetro pode influenciar na propagação do fogo. Quanto mais densa a vegetação, mais rápido o fogo pode se espalhar, pois há mais material combustível disponível. Por outro lado, áreas com menor densidade de árvores podem conter mais facilmente o avanço do incêndio. A pergunta principal a ser feita quando estudamos este

modelo é: se começamos com algumas árvores queimadas em uma borda da floresta, qual é a probabilidade do fogo se espalhar por toda parte até atingir o outro lado da floresta?

Um dos primeiros trabalhos sobre esse tipo de modelo, foi realizado por Per Bak e colaboradores (BAK; TANG; WIESENFELD, 1987), no qual foi demonstrado que a propagação do fogo dependia de um parâmetro crítico (STAUFFER; ADLER; AHARONY, 1994), a densidade de árvores na floresta. Como este parâmetro surge naturalmente em sistemas reais, esse fenômeno ficou conhecido como “criticalidade auto-organizada” e, posteriormente, foi demonstrado em outros contextos, como, por exemplo, em avalanches em pilhas de areia (EVESQUE, 1991).

Figura 2.3 – Modelo fogo na floresta com uma densidade inicial de árvores de 60%. O fogo começa a se alastrar e, nas imagens sequenciais da esquerda para a direita, temos, respectivamente, 15%, 32%, 50% e 70% da floresta tomada pelo fogo.



Fonte: Do autor (2024).

Nesta versão do modelo apresentado no Netlogo (WILENSKY, 1997a), os *patches* podem ter quatro estados distintos: (1) verde, indicando uma árvore não queimada, (2) vermelho, indicando uma árvore em chamas, (3) marrom, indicando uma árvore queimada, ou (4) preto, indicando um espaço vazio, isto é, sem árvores (veja figura 2.3). No início do modelo, a borda da esquerda fica toda vermelha, indicando o início do incêndio e o fogo pode se espalhar para qualquer árvore vizinha que não esteja queimada ou em chamas, seja à direita, à esquerda, abaixo ou acima. O espalhamento continua até que o fogo não consiga mais se propagar, seja porque não há mais árvores a serem queimadas (pontos pretos) ou porque todas já foram queimadas. Portanto, o único parâmetro de controle neste modelo é a densidade de árvores na floresta. Este parâmetro funciona como uma probabilidade que determina se o incêndio vai continuar ou não. Como a densidade é probabilística e não determinística, mesmo executando o modelo várias vezes com a mesma densidade inicial, obteremos resultados diferentes. O ponto crítico deste modelo é uma densidade de árvores de aproximadamente 59%. Abaixo desse valor, o fogo não consegue se espalhar muito; acima deste valor, o incêndio pode alcançar a outra borda da

floresta. Ou seja, o modelo exibe uma transição de fase determinada por este ponto crítico e um comportamento não linear, onde pequenas mudanças no parâmetro de controle podem resultar em mudanças significativas nos resultados finais da simulação (BAK; TANG; WIESENFELD, 1987; CHEN; BAK; JENSEN, 1990).

Podemos também, incluir outras características no modelo, como uma probabilidade de propagação do fogo, que pode representar diversos fatores, como a influência do vento. O efeito do vento sobre um incêndio pode aumentar a probabilidade de propagação do fogo em uma direção específica. No entanto, essa é apenas uma simplificação, já que o vento também causa efeitos locais como turbulência (BAK; CHEN; TANG, 1990).

Essas simulações são úteis para entender como a densidade das árvores afeta a propagação do fogo e para desenvolver estratégias de manejo florestal que visam reduzir o risco e impacto de incêndios florestais. Apesar de ser um modelo simplificado, ele pode servir como ponto de partida para modelos mais complexos que descrevem situações realistas, como o grande incêndio ocorrido em fevereiro de 2024 em Valparaíso, no Chile<sup>1</sup>. Esse incêndio iniciou-se em áreas florestais e, devido a vários fatores, incluindo o vento e a geografia local, afetou comunidades inteiras, resultando na morte de mais de 130 pessoas. Além de ser interessante em si mesmo, o modelo de propagação de fogo na floresta é relevante para descrever outros fenômenos naturais, como a disseminação de doenças, percolação de petróleo em rochas ou difusão de informações em uma população (NEWMAN; GIRVAN; FARMER, 2002).

### **2.1.2 Modelos socioeconômicos**

Os modelos socioeconômicos podem ser vistos como ferramentas para compreender e prever o comportamento de sistemas sociais e econômicos interconectados. Esses modelos consideram as interações dinâmicas entre diversos agentes, como indivíduos, empresas e instituições, bem como os efeitos dessas interações no desenvolvimento de padrões emergentes e na evolução do sistema como um todo. Ao capturar a complexidade e a não linearidade das relações socioeconômicas, esses modelos permitem a análise de fenômenos como desigualdade econômica, crescimento sustentável e impacto de políticas públicas, oferecendo uma visão

---

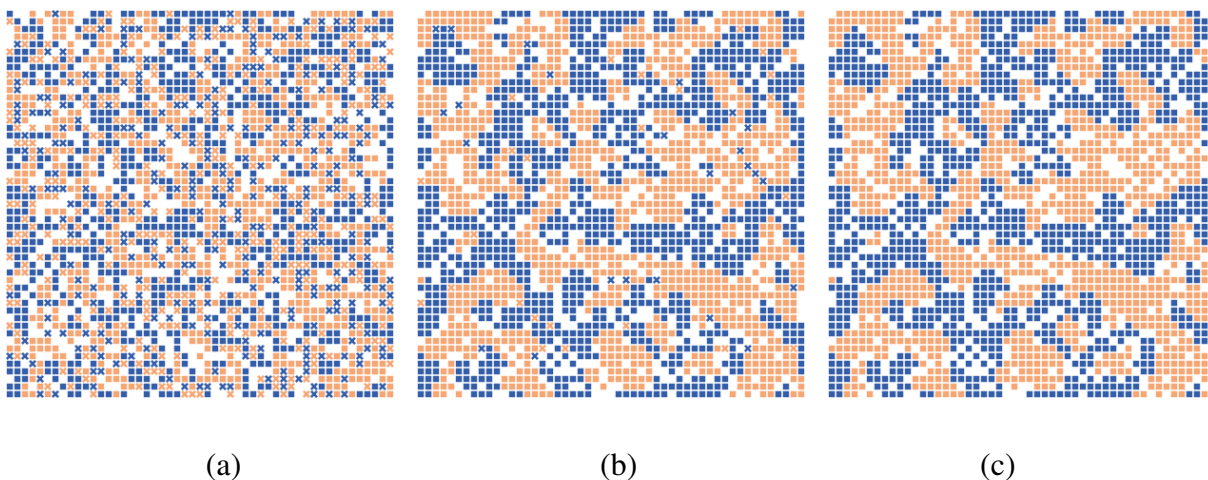
<sup>1</sup> <https://noticias.uol.com.br/ultimas-noticias/rfi/2024/02/04/incendios-no-chile-paisenfrenta-maior-tragedia-em-mais-de-uma-decada-diz-presidente.htm>

aprofundada das estruturas subjacentes e das dinâmicas que moldam a sociedade e a economia. A seguir, apresentamos alguns exemplos.

### 2.1.2.1 Segregação

Um modelo simples chamado *Segregation* do Netlogo (WILENSKY, 1997b) pode ser usado para estudar o fenômeno de segregação nas sociedades atuais. Este exemplo simula o comportamento de dois tipos de agentes em uma vizinhança, inspirado na teoria do economista Thomas Schelling sobre sistemas sociais (SCHELLING, 1971). Os agentes são representados pelas cores laranja e azul (veja figura 2.4(a)) e eles têm preferências de viver perto de outros da mesma cor. A simulação demonstra como essas preferências individuais se propagam pela vizinhança, resultando em padrões de segregação. Embora bastante simplificado, o modelo permite a adição de novas regras, novos agentes e novos tipos de interação, enriquecendo assim a dinâmica e tornando-a mais realista.

Figura 2.4 – (a) Configuração inicial do modelo de segregação, começando com 80% da rede ocupada e com um valor de 40% de *similar-wanted*. (b) Evolução do modelo em  $t = 5$  passos de tempo e, (c) estado final do modelo em  $t = 15$  quando o número final de agentes insatisfeitos chega a zero.

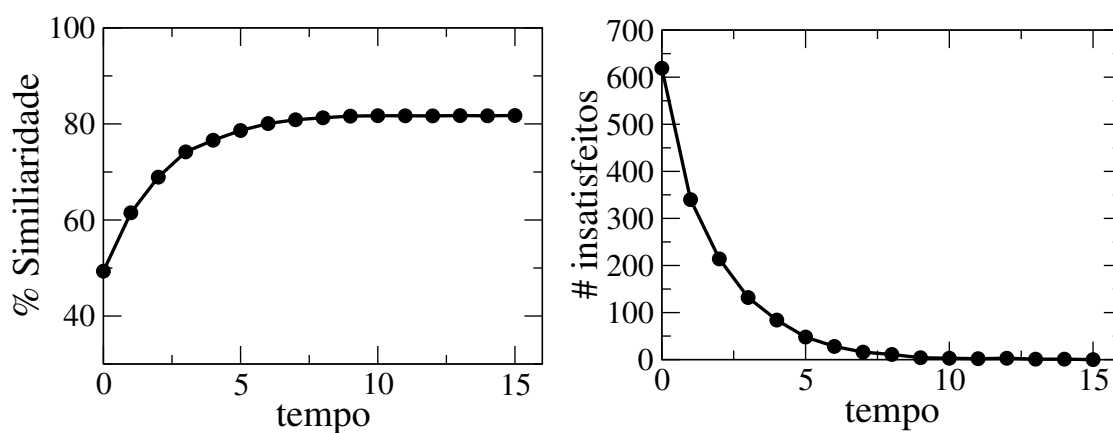


Fonte: Do autor (2024).

Existem apenas dois parâmetros neste modelo: o controle de densidade (*density*), que ajusta o número total de agentes, e o controle *similar-wanted*, que define a porcentagem de vizinhos da mesma cor que cada agente deseja ter. Por exemplo, podemos iniciar a dinâmica com 80% da rede ocupada, ou seja 20% da rede fica vazia (espaços para os agentes se loco-

moverem) e com um valor de *similar-wanted* de 40%, o que significa que cada agente deseja que, pelo menos 40% dos seus vizinhos sejam semelhantes a ele, isto é, tenha a mesma cor. Por isso, na configuração inicial, aparece alguns agentes representados por X, que significa que são os agentes insatisfeitos (veja figura 2.4(a)). Ao longo da dinâmica, os agentes insatisfeitos se movem para novos locais na tentativa de atingir o seu valor mínimo de *similar-wanted*, o que leva à mudanças na composição da vizinhança ao longo do tempo. A segregação aumenta à medida que agentes se agrupam com outros da mesma cor (veja figura 2.4(b) e (c)). A figura 2.5 mostra a evolução da porcentagem de vizinhos similares e o número de agentes insatisfeitos ao longo do tempo. Valores diferentes para *similar-wanted* e densidade inicial afetam o grau de segregação e o tempo necessário para o modelo convergir. Diversas extensões são propostas, como alterar o procedimento de busca de novos locais dos agentes, incorporar redes sociais ou modificar as regras de felicidade do agente.

Figura 2.5 – À esquerda, a porcentagem de vizinhos similares ao longo do tempo e à direita a quantidade de agentes insatisfeitos diminuindo com o tempo, à medida em que a segregação aumenta, como mostrado na figura anterior.



Fonte: Do autor (2024).

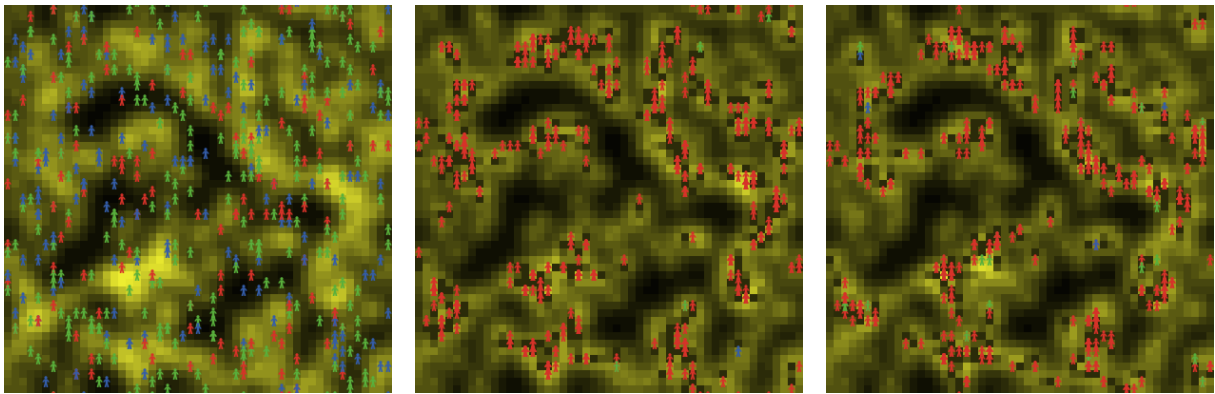
### 2.1.2.2 Distribuição de riqueza

Um outro exemplo significativo de modelagem baseada em agentes (MBA) que captura aspectos socioeconômicos importantes é o estudo da distribuição de riqueza e renda. Em modelos que exploram essa dinâmica, os agentes envolvidos interagem com distintas fontes de renda ou riqueza, seguindo regras definidas.



No modelo *Wealth Distribution* (WILENSKY, 1998), disponível na biblioteca de modelos NetLogo, simula-se a distribuição de riqueza na sociedade. A expressão “os ricos ficam mais ricos e os pobres ficam mais pobres” resume bem a desigualdade observada na distribuição de riqueza. Na simulação, essa desigualdade é representada pela lei de Pareto (NEWMAN, 2005), na qual há um grande número de pessoas “pobres” (cor vermelha na simulação), um número menor de pessoas na “classe média” (verdes) e muito menos pessoas “ricas” (azuis) - veja figura 2.6.

Figura 2.6 – (a) Configuração inicial do modelo, começando com 500 pessoas e demais parâmetros conforme pré-definidos na simulação. (b) Evolução do modelo em  $t = 100$  passos de tempo e, (c) estado do modelo em  $t = 200$  quando o número de agentes pobres já é notadamente alto, contrariamente pouquíssimas pessoas ricas e de classe média.



(a)

(b)

(c)

Fonte: Do autor (2024).

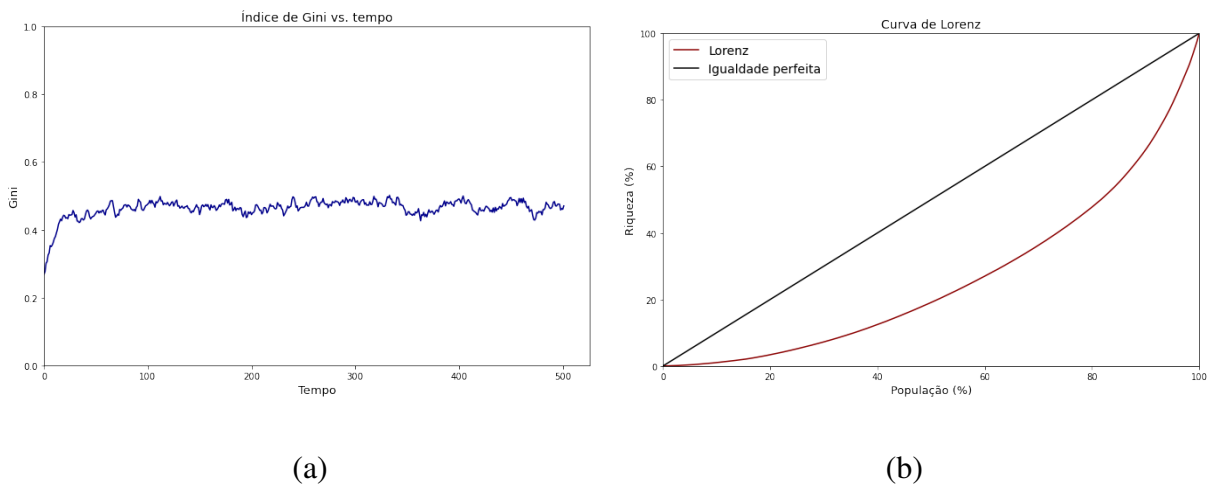
No modelo, cada *patch* possui uma quantidade variável de grãos, que podem crescer ao longo do tempo. As pessoas coletam grãos dessas células e os consomem para sobreviver. A quantidade de grãos acumulada por cada pessoa representa sua riqueza.

A simulação começa com uma distribuição de riqueza aproximadamente igual entre os indivíduos. À medida que a simulação avança, as pessoas se locomovem pelo cenário coletando o máximo de grãos possível. Cada pessoa se move na direção onde há maior abundância de grãos. Em cada *tick* (unidade de tempo na simulação), cada pessoa consome uma quantidade de grãos correspondente ao seu metabolismo. Além disso, cada pessoa tem uma expectativa de vida. Quando seu tempo de vida se esgota ou quando ela fica sem grãos, ela morre e gera um único descendente. Este descendente recebe uma quantidade aleatória de grãos, variando entre a quantidade de grãos da pessoa mais pobre e da pessoa mais rica, e possui um metabolismo

também aleatório, sem herança de riqueza. A simulação permite observar como as pessoas se movem para áreas com maior concentração de grãos e como essa movimentação impacta a distribuição de riqueza.

Para analisar a equidade ou desigualdade na distribuição da riqueza, o modelo utiliza ferramentas como a Curva de Lorenz e o índice de Gini (veja figura 2.7. A Curva de Lorenz mostra a relação entre a porcentagem da população e a porcentagem de riqueza que essa população possui, enquanto o índice de Gini é uma medida numérica da desigualdade. Numericamente, varia de zero a um. O valor zero representa a situação de igualdade, ou seja, todos têm a mesma renda enquanto o valor um está no extremo oposto, isto é, uma só pessoa detém toda a riqueza (MUROLO, 2004).

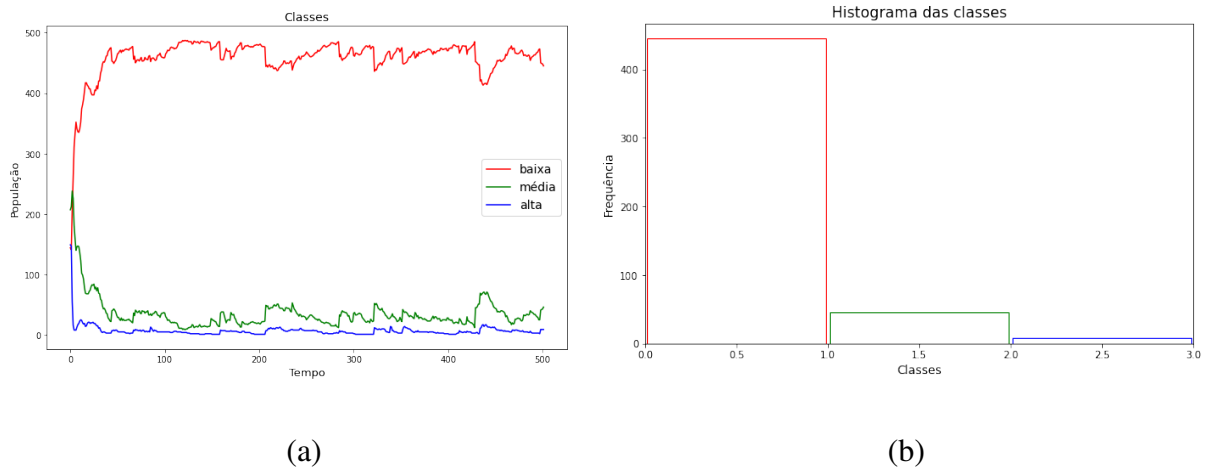
Figura 2.7 – (a) Variação do índice de Gini ao longo do tempo. Note que quando mais perto de um, mais desigual é a distribuição de riqueza. (b) Curva de Lorenz.



Fonte: Do autor (2024).

Os controles do modelo permitem ajustar diversos parâmetros, como a densidade inicial de grãos, o número de pessoas, a expectativa de vida, entre outros. Como pode ser observado na Figura 2.8, há também outros gráficos gerados na simulação que enriquecem o entendimento do fenômeno. Portanto, com a simulação, é possível realizar várias observações e experimentos, como analisar como a distribuição de riqueza evolui ao longo do tempo e como diferentes configurações afetam essa distribuição.

Figura 2.8 – (a) A quantidade da população nas três classes em função do tempo. Vermelho representa a classe baixa, verde, a classe média e azul a classe alta. (b) Histograma das classes.



Fonte: Do autor (2024).

### 2.1.3 Modelos epidêmicos

Por fim, temos alguns modelos que aplicam princípios da física e da matemática para investigar o comportamento emergente em sistemas compostos por muitos agentes que interagem entre si. Esses modelos ajudam a entender como propriedades macroscópicas surgem a partir de interações microscópicas, revelando padrões e transições de fase, por exemplo. É o caso dos modelos epidêmicos que, a grosso modo, são controlados por parâmetros de infecção e cura dos agentes envolvidos na dinâmica. Dependendo dos valores de tais parâmetros, a epidemia pode cessar rapidamente ou, senão, pode se espalhar por toda a rede de contatos. Nesta seção, vamos mostrar os modelos SIR e SEIR que serviram de base para a construção do nosso modelo de propagação da leishmaniose visceral.

#### 2.1.3.1 Modelo epidêmico SIR (Suscetível-Infectado-Recuperado)

O modelo SIR (Suscetível-Infectado-Recuperado) é o modelo matemático aplicado à propagação de doenças infecciosas mais básico. Esse modelo foi formulado pelo médico William Ogilvy Kermack e o bioquímico Anderson Gray McKendrick, que se basearam na pesquisa de Ronald Ross (médico) e Hilda Hudson (matemática). Kermack e McKendrick publicaram sua teoria em três artigos publicados em 1927, 1932 e 1933, respectivamente, consolidando

o início da epidemiologia moderna (KERMACK; MCKENDRICK, 1927; KERMACK; MCKENDRICK, 1932; KERMACK; MCKENDRICK, 1933).

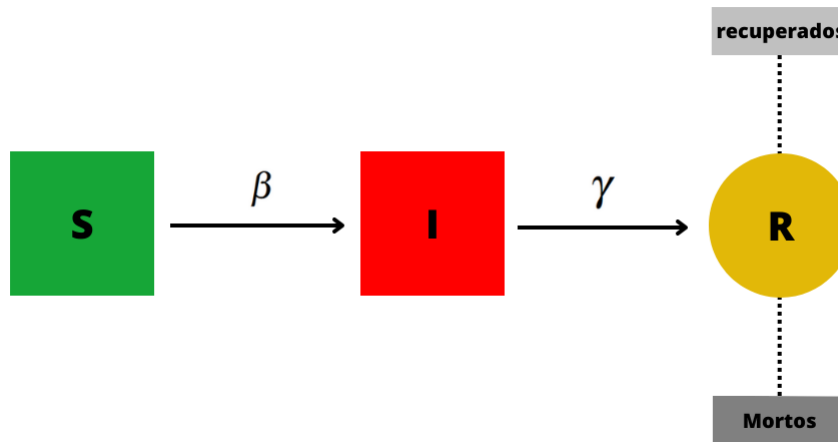
O modelo SIR de Kermack e McKendrick descreve a evolução temporal de casos de uma doença infecciosa à medida que são transmitidos em uma população. Isto é, calcula, teoricamente, o número de pessoas que foram infectadas com a doença. Contudo, vale ressaltar que assume-se uma população fechada ao longo do tempo, isto é, a quantidade de indivíduos permanece constante (os indivíduos no compartimento R podem representar, a princípio, tanto os indivíduos recuperados quanto os que não sobreviveram à doença).

Desse modo, costumamos descrever modelos como esse, como um modelo compartimental (ou de compartimentos). No caso do SIR, há três compartimentos: suscetíveis (S), infectados (I) e removidos (R). Após a proposta de Kermack e McKendrick, surgiram novas propostas que continham mais compartimentos além do SIR, dependendo da necessidade, que é sempre ditada pelo tipo de doença e características de propagação da mesma. Essas modificações foram necessárias à medida que houve a necessidade de modelos com maior nível de complexidade, que possam descrever a propagação de doenças, levando em consideração também outros fatores como comorbidades, hospitalizações, etc (MATA; DOURADO, 2021).

É possível abordar um modelo do tipo SIR de duas maneiras: 1) abordagem determinística e 2) abordagem estocástica. A distinção desses dois métodos de abordagem reside, basicamente, no fato de que, no primeiro, utilizam-se equações diferenciais que descrevem a probabilidade de transição de um compartimento para o outro, enquanto, no segundo, as probabilidades de transição de um compartimento para o outro são modeladas através de um processo de Markov, usando simulações de Monte Carlo e modelagem baseada em agentes. Conforme o fluxograma da figura 2.9, se determinada parcela da população de suscetíveis (S) tem contato com indivíduos já infectados do compartimento (I), pode haver uma mudança de estado de S para I com uma taxa de infecção  $\beta$ . Por sua vez, os indivíduos infectados podem se “mover” para o compartimento removido (morto ou recuperado) espontaneamente à uma taxa de recuperação  $\gamma$ .

Para o caso de uma abordagem utilizando equações diferenciais, temos um grupo de três equações diferenciais acopladas que descrevem a evolução temporal do sistema, conforme mostra a equação 2.2.

Figura 2.9 – Fluxograma representando a transição entre os estados do modelo SIR.

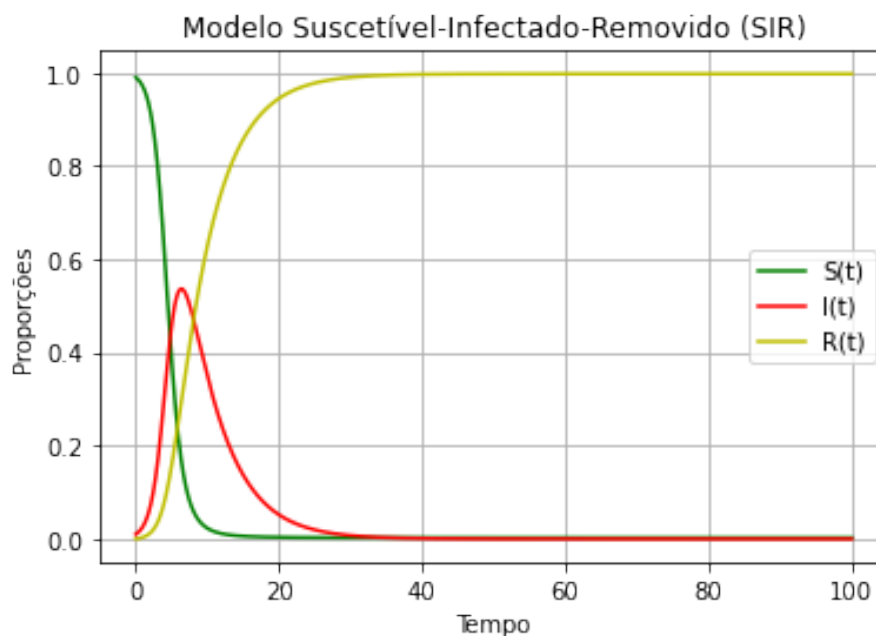


Fonte: Do autor (2024).

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta IS}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta IS}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases} \quad (2.2)$$

Na primeira equação, observamos que o número de indivíduos suscetíveis decresce devido à infecção de indivíduos saudáveis em contato com indivíduos infectados. Na segunda equação, observamos que o número de infectados aumenta caso os indivíduos suscetíveis se tornem infectados a uma taxa  $\beta$  e diminui caso os indivíduos infectados fiquem curados espontaneamente à uma taxa  $\gamma$ . Para resolver esse sistema de equações, podemos assumir uma hipótese comum de que praticamente todos os indivíduos são suscetíveis no início da dinâmica, exceto o indivíduo zero. Isso significa que  $S(t=0) \approx N$ . Assim, observamos que a solução da segunda equação será um crescimento exponencial do número de infectados se  $\beta/\gamma > 1$  ou um decrescimento exponencial caso contrário. Ou seja, podemos definir um número  $R_0 = \beta/\gamma$ , chamado de número básico de reprodução, que, basicamente, diz respeito ao quão infecciosa é a doença e indica o número de indivíduos que serão infectados a partir de um indivíduo já infectado. De modo geral, esse conjunto de equações pode ser resolvido utilizando o método Runge-Kutta, por exemplo, e, para um cenário onde  $R_0 > 1$ , obtemos um gráfico como mostrado na figura 2.10 (WEISS, 2013).

Figura 2.10 – Evolução temporal da quantidade de indivíduos SIR para a taxa de reprodução  $R_0 > 1$ .



Fonte: Do autor (2024).

Perceba que a tendência é de que, com o passar do tempo, surja um pico de infecção na população à medida que os suscetíveis vão sendo infectados. Além disso, espera-se que a população se recupere da doença à medida que o pico de infecção diminui. Contudo, dependendo da letalidade da doença, não se pode simplesmente esperar esse período, pois o índice de mortes pode ser elevado, já que nesse modelo também são considerados os números de mortes no compartimento R. Recentemente, o mundo passou por uma situação pandêmica com a COVID-19, que é um exemplo de uma doença com elevada taxa de letalidade, causando muitas situações de complicações graves e mortes. Em casos assim, deve-se estudar medidas preventivas que diminuam o pico de infecção da epidemia a fim de mitigar os efeitos adversos, como vacinação, distanciamento social, diminuição do contágio, etc (MOEIN et al., 2021).

Neste trabalho, vamos utilizar o modelo SIR para uma das populações envolvidas na simulação da leishmaniose visceral; porém, a simulação será feita utilizando a modelagem baseada em agentes na interface NetLogo, como mostrado no capítulo 4.

### 2.1.3.2 Modelo epidêmico SEIR (Suscetível-Infetado-Recuperado)

O modelo SIR, serve de base a outros modelos compartimentais. No entanto, certas doenças infecciosas requerem compartimentos adicionais para ter em conta o período de incubação. Isto pode ser “capturado” através do modelo SEIR, que introduz um compartimento de “Exposto”. Pode-se ainda estender a possibilidade de reinfeção, tornando os indivíduos suscetíveis logo após a recuperação SEIRS (Suscetível-Infetado-Recuperado-Suscetível).

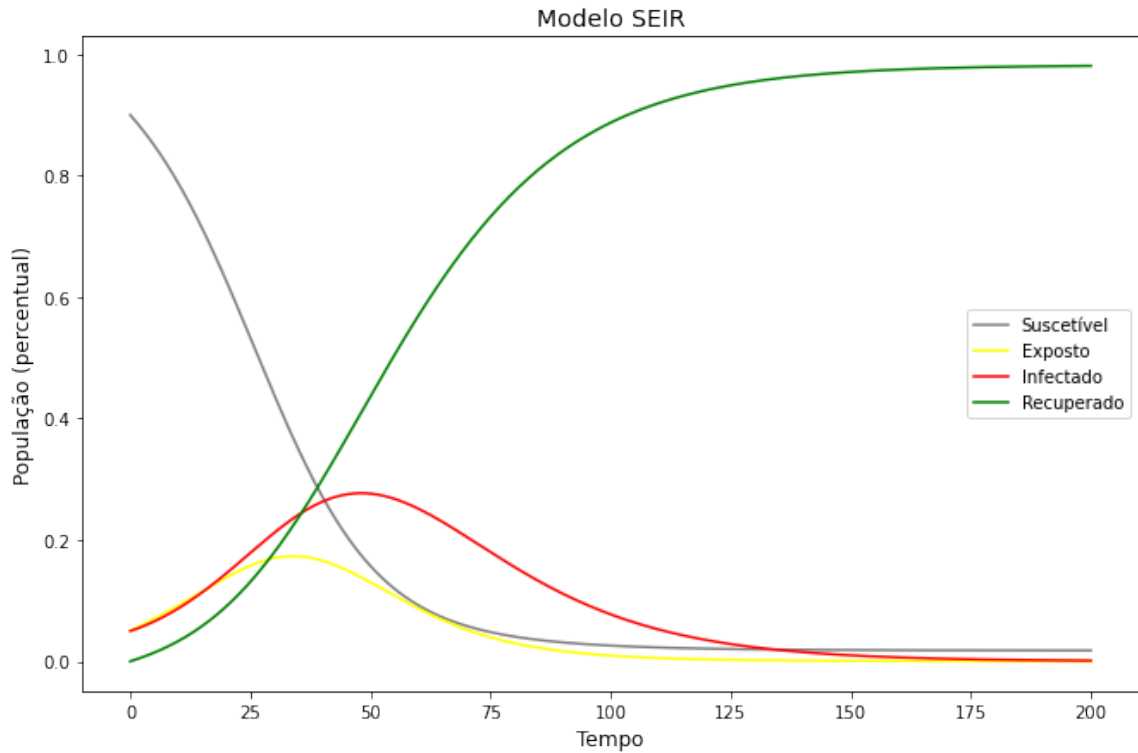
Os modelos SEIR e SEIRS são amplamente utilizados na investigação epidemiológica para estudar a transmissão de doenças infecciosas (HE; PENG; SUN, 2020; MWALILI et al., 2020; KLÔH et al., 2020). Estes modelos, baseados em diferentes compartimentos que representam estados de saúde distintos, facilitam a análise da dinâmica da doença e a avaliação das estratégias de controle (BJØRNSTAD et al., 2020).

O conjunto de equações (2.3) ilustra uma abordagem determinística. Ou seja, resolvendo as equações diferenciais para determinadas taxas, obtemos uma solução do modelo SEIR como mostrado na figura 2.11.

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{SI}{N}; \\
 \frac{dE}{dt} &= \beta \frac{SI}{N} - \sigma E; \\
 \frac{dI}{dt} &= \sigma E - \gamma I; \\
 \frac{dR}{dt} &= \gamma I.
 \end{aligned}
 \tag{2.3}$$

onde  $N = S + E + I + R$  é a população total.

Figura 2.11 – Modelo SEIR determinístico [para  $\beta = 0.2$  ;  $\sigma = 0.1$  ;  $\gamma = 0.05$ ]



Fonte: Do autor (2024).

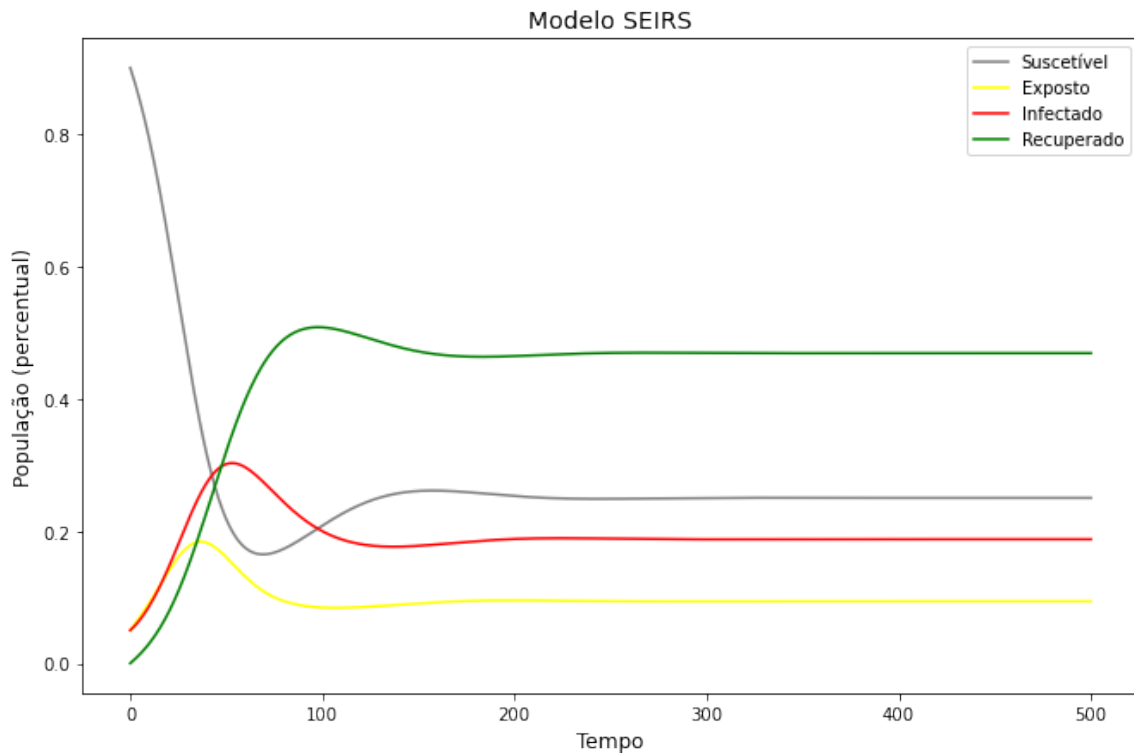
De maneira análoga, o conjunto de equações (2.4) mostra as equações diferenciais para o modelo SEIRS, cuja solução é mostrada na figura como mostra a Figura 2.12.

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{SI}{N} + \xi R ; \\
 \frac{dE}{dt} &= \beta \frac{SI}{N} - \sigma E ; \\
 \frac{dI}{dt} &= \sigma E - \gamma I ; \\
 \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \xi R .
 \end{aligned}
 \tag{2.4}$$

onde  $N = S + E + I + R$  é a população total.



Figura 2.12 – Modelo SEIRS determinístico [para  $\beta = 0.2$  ;  $\sigma = 0.1$  ;  $\gamma = 0.05$  ;  $\xi = 0.02$ ]



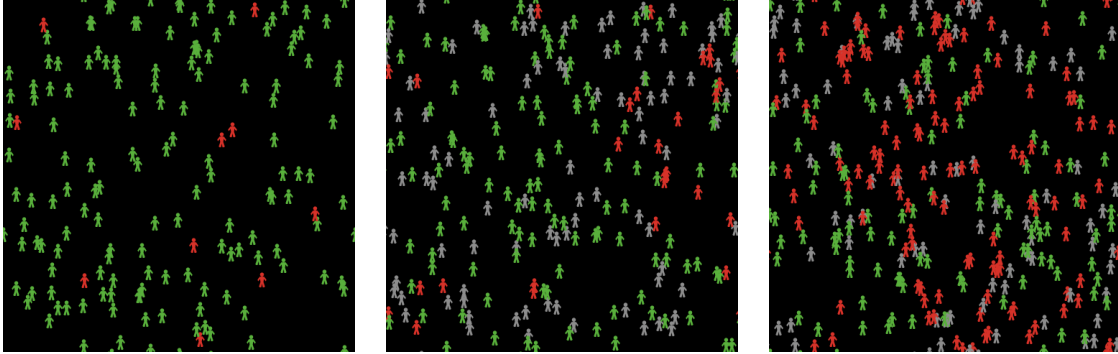
Fonte: Do autor (2024).

### 2.1.3.3 Vírus se espalhando na população

O modelo *Virus* do Netlogo (STONEDAHL; WILENSKY, 1998) simula a transmissão de um vírus na população humana de maneira estocástica utilizando MBA. O modelo é inicializado com um determinado número de pessoas, das quais uma pequena porcentagem já está infectada. As pessoas se movem aleatoriamente pelo mundo e podem estar em um dos três estados: saudáveis, mas suscetíveis a infecções (verde), doentes e infecciosas (vermelho) e imunes (cinza) - veja figura 2.13. Nessa dinâmica, também é considerado o nascimento e morte das pessoas. Nessa abordagem, consideramos uma mistura homogênea, isto é, não levamos em consideração a estrutura de contato entre os indivíduos, é como se todos eles estivessem conectados uns com os outros. Nesse caso, a densidade populacional afeta a frequência com que indivíduos infectados, imunes e suscetíveis entram em contato uns com os outros.

Na figura 2.14, mostramos a evolução do número de suscetíveis, infectados e recuperados, ao longo do tempo. Neste modelo, a imunidade não é permanente, isto é, depois de um

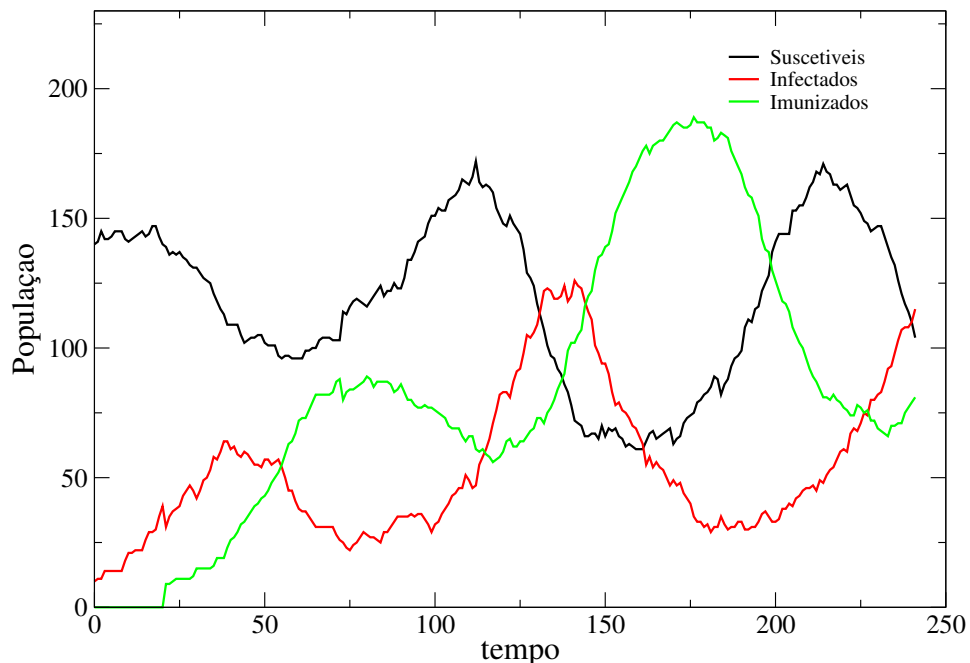
Figura 2.13 – Modelo *Virus* do Netlogo considerando uma população inicial de 150 indivíduos, sendo 10 deles já infectados inicialmente. Da esquerda para a direita:  $t = 0$ ,  $t = 80$  e  $t = 240$  passos de tempo.



Fonte: Do autor (2024).

certo tempo, o indivíduo imune volta a ser suscetível. Nesse sentido, esse modelo se assemelha mais os modelo SIRS. Além disso, há também o nascimento e morte, então a população não permanece constante. Por isso observamos esse comportamento periódico nos 3 diferentes compartimentos.

Figura 2.14 – Número de pessoas suscetíveis, infectadas e imunizadas ao longo do tempo.



Fonte: Do autor (2024).

Há outras variações de modelos de transmissão de vírus no NetLogo, como por exemplo o modelo *HIV* (STONEDAHL; WILENSKY, 1997), que simula a propagação do vírus da imu-

odeficiência humana (HIV) em uma pequena população. O HIV espalha-se de várias formas, das quais o contato sexual é apenas uma delas, que é a forma de propagação utilizada neste modelo. Dentre outros parâmetros, o modelo inclui a quantidade de tempo que um casal médio da população permanecerá junto, a tendência da população para usar preservativos e a tendência da população para fazer o teste de HIV. Tais modelos são importantes pois podem prever como a identificação regular de indivíduos infectados impacta na saúde pública.

Por fim, o NetLogo também conta com a simulação do SIR em uma rede complexa com conexão preferencial (BARABÁSI; ALBERT, 1999), denominado *Virus on a Network* (STONEDAHL; WILENSKY, 2008b). Tal abordagem é interessante pois mostra como a estrutura de conexões dos indivíduos pode afetar a dinâmica de propagação da epidemia (MATA; DOURADO, 2021).

## 2.2 Leishmaniose visceral

A leishmaniose visceral (LV) é uma doença tropical negligenciada de importância mundial que afeta principalmente populações marginalizadas. Estima-se que mais de 1 bilhão de pessoas vivem em área endêmicas, com cerca de 30.000 novos casos de LV e mais de 1 milhão de casos de leishmaniose cutânea ocorrendo anualmente. Nas Américas, as leishmanioses são doenças zoonóticas e transmitidas por vetores com um ciclo de transmissão complexo, que envolve uma grande diversidade de parasitas, reservatórios e vetores. Elas são causadas por diferentes espécies de protozoários do gênero *Leishmania* que são transmitidos a animais e humanos pela picada de insetos da família *Psychodidae*. Apesar de estar diretamente ligada à pobreza, outros fatores sociais, ambientais e climáticos também influenciam diretamente sua epidemiologia (PAHO, 2023).

Na região, já foram identificadas 15 das 22 espécies de *Leishmania* patogênicas para humanos, e cerca de 54 diferentes espécies de vetores estão potencialmente envolvidas na transmissão. O parasito é transmitido pela picada de insetos fêmeas de flebotomíneos. Este inseto é ativo à noite, período em que inocula o parasita em humanos e animais por meio de sua picada (PAHO, 2023).

A doença cursa com diferentes manifestações clínicas, classificadas em três formas: cutânea, mucosa ou mucocutânea e visceral. A leishmaniose visceral é caracterizada por episódios irregulares de febre, perda de peso, hepatoesplenomegalia e anemia. Se não tratada, pode levar à morte em mais de 90% dos casos. A leishmaniose mucosa/mucocutânea, se não tratada, pode levar à destruição parcial ou total das membranas mucosas do nariz e da boca, podendo causar grave incapacidade. A leishmaniose cutânea, por sua vez, é a forma mais comum da infecção, produzindo principalmente lesões ulcerativas que deixam cicatrizes pelo resto da vida (PAHO, 2023).

Segundo o Ministério da Saúde, no Brasil estão 90% dos casos registrados na América Latina. Sendo que o primeiro caso foi descrito em 1913 através de necropsia de um paciente oriundo da cidade de Boa Esperança, Mato Grosso. Após 21 anos, em 1934, foram identificados, em pacientes com suspeita de febre amarela oriundos das regiões Norte e Nordeste do país, quarenta e um (41) casos em lâminas de viscerotomias praticadas *post-mortem* (BRASIL, 2022).

Desde então a LV vem sendo descrita em vários municípios do território brasileiro, apresentando também mudanças importantes no padrão de transmissão, uma vez que inicialmente era predominante em áreas rurais e silvestres, e mais recentemente tem atingido também centros urbanos (BRASIL, 2022).

O que se observa é que a situação é endêmica em localidades específicas, que, em sua maioria são regiões marcadas pela pobreza. Conforme dados<sup>2</sup> da OMS (2021), aproximadamente noventa (90) países têm situação endêmica para LC e aproximadamente oitenta (80) países têm situação endêmica para LV, sendo que muitos deles concentram grande número de casos de ambas. Esse é o caso do Brasil, que apresenta situação endêmica tanto para LC quanto para LV, sendo em 2021, 14800 casos notificados de LC e 1492 casos notificados de LV. Como é possível perceber, a LV possui menores índices de incidência no mundo e no Brasil, contudo é a forma mais grave da doença.

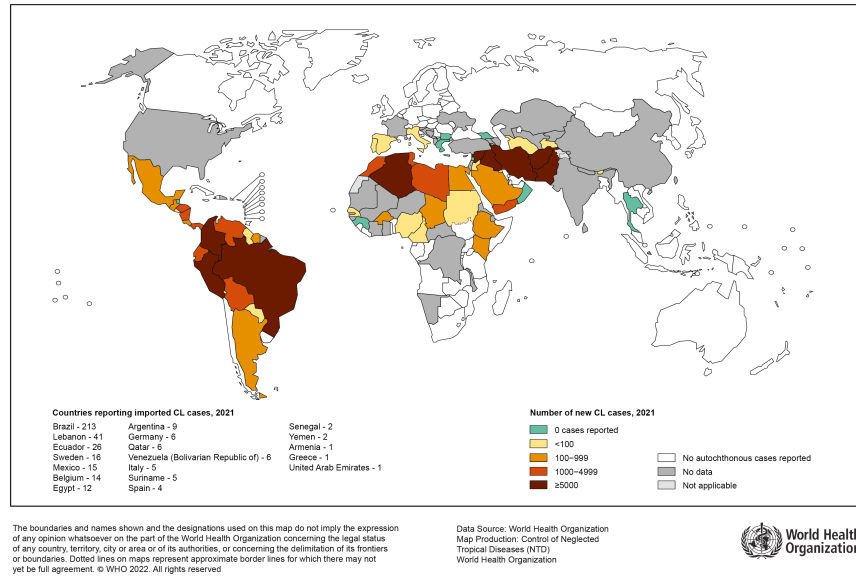
Pode-se perceber nos mapas constantes nas figuras 2.15 e 2.16, que o Brasil assim como outros países do continente americano apresentam um elevado índice de casos da doença.

---

<sup>2</sup> *dashboard* com atualização dos dados mundiais, realizado pela Organização Mundial de Saúde. Disponível em: <[https://apps.who.int/neglected\\_diseases/ntddata/leishmaniasis/leishmaniasis.html](https://apps.who.int/neglected_diseases/ntddata/leishmaniasis/leishmaniasis.html)>

Figura 2.15 – *Status* de endemidade da leishmaniose cutânea em todo o mundo.

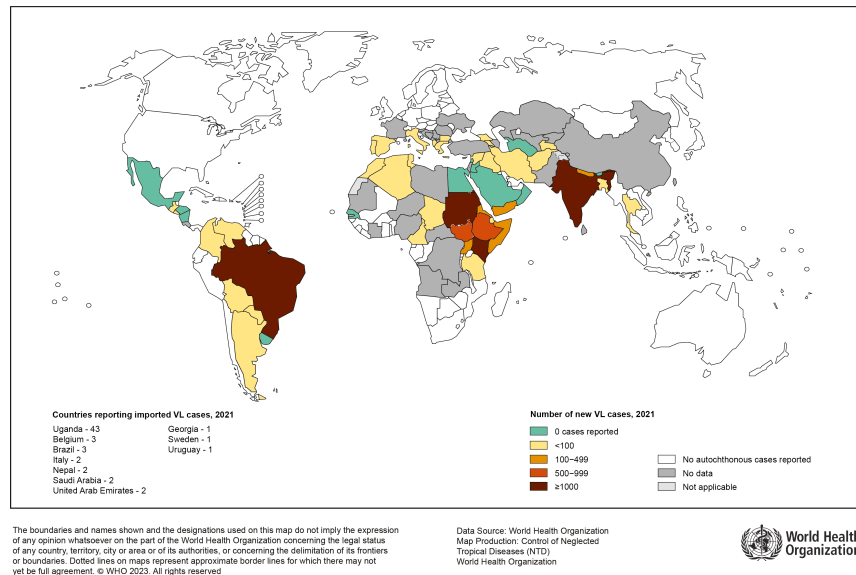
Status of endemicity of cutaneous leishmaniasis (CL) worldwide, 2021



Fonte: Organização Mundial da Saúde (WHO, 2021a).

Figura 2.16 – *Status* de endemidade da leishmaniose visceral em todo o mundo

Status of endemicity of visceral leishmaniasis (VL) worldwide, 2021



Fonte: Organização Mundial da Saúde (WHO, 2021b)

Nesse contexto, fica evidente a importância de estudos sobre a propagação da LV no Brasil e no mundo, por isso neste trabalho apresentaremos uma modelagem matemático-computacional

da sua dinâmica de propagação envolvendo três populações: humanos, cães e flebotomíneos. No próximo capítulo, abordaremos as ferramentas necessárias para a criação do nosso modelo.

### 3 METODOLOGIA

Para este trabalho, utilizaremos uma ferramenta computacional para a construção do modelo e simulação, denominado NetLogo. A seguir descrevemos brevemente a definição e principais características do NetLogo (versão 6.3.0), seu funcionamento e interface. Em seguida, no capítulo 4, apresentaremos o modelo para a propagação da leishmaniose visceral.

#### 3.1 NetLogo como ferramenta para MBA

Uma das linguagens muito utilizadas para este tipo de modelagem é o NetLogo, desenvolvida em 1999 por Uri Wilensky. É um tipo de programação conhecida como “*low-threshold, high-ceiling*”, que significa que é fácil começar a usar, mas tem um grande potencial de crescimento e complexidade. Por isso, sua abordagem de programação é considerada acessível e intuitiva, permitindo que estudantes e pesquisadores, sem conhecimento profundo de programação, possam utilizá-lo. NetLogo (WILENSKY, 1999) é uma linguagem de programação multi agente cujo ambiente de modelagem pode ser usado em pesquisa e ensino em diversas áreas do conhecimento, incluindo ciências sociais e ciências naturais.

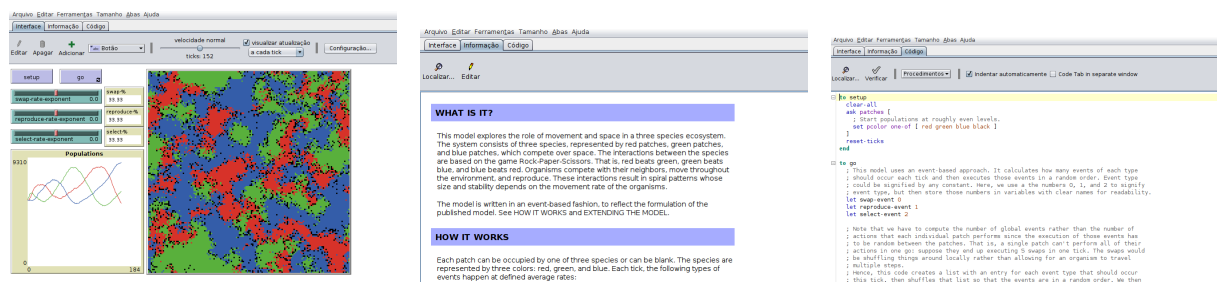
Portanto, o NetLogo foi projetado para ser uma plataforma acessível e flexível para modelagem baseada em agentes (MBA), mas com grande potencial e poder expressivo para a modelagem de diversos sistemas. Como linguagem, o NetLogo é prático e relativamente fácil de aprender, permitindo que os usuários criem modelos complexos de sistemas dinâmicos de maneira rápida e eficiente. A abordagem gráfica do NetLogo é baseada em blocos de funcionalidade genérica, que ajudam a criar modelos. A combinação desses blocos produz um programa completo em NetLogo. Por ser uma ferramenta que contém ambiente e linguagem computacional integrada, o NetLogo não é considerado apenas uma linguagem de programação ou simulador, mas uma plataforma completa para modelagem e simulação.

### 3.1.1 Funcionamento e interface

O *software*<sup>1</sup> NetLogo é gratuito (*freeware*) e pode ser baixado no site oficial, mantido pela *Northwestern University*. Nesse *software* há muitas funcionalidades que auxiliam na construção dos modelos, inclusive uma biblioteca de modelos, com diversos exemplos de diferentes áreas do conhecimento.

Mostramos na Figura 3.1, em sequência (da esquerda para a direita), as três abas de controle do NetLogo para o usuário manusear o seu programa: 1) interface; 2) informação e 3) código. No exemplo dessa figura, a aba interface corresponde ao código de simulação *rock-paper-scissors* que pode ser encontrado na biblioteca de modelos do *software*. Esse código, traduzido para o português, se refere ao jogo pedra-papel-tesoura, aqui representado pelas cores vermelha, verde e azul, respectivamente. Na interação, o vermelho vence o verde, que vence o azul, que, por sua vez, vence o vermelho. Os indivíduos competem com seus vizinhos, movem-se pelo ambiente e também podem se reproduzir (HEAD; GRIDER; WILENSKY, 2017). Esse modelo foi utilizado para investigar a diversidade de espécies nos ecossistemas promovida por interações cíclicas e não hierárquicas entre populações concorrentes (REICHENBACH; MOBILIA; FREY, 2008; REICHENBACH; MOBILIA; FREY, 2007).

Figura 3.1 – Interface do NetLogo.



Fonte: Do autor (2024).

Há basicamente três abas de controle para o usuário investigar ou implementar seu programa: 1) interface; 2) informação e 3) código (veja figura 3.1). Na primeira, temos acesso ao ambiente simulacional propriamente dito, composto pela janela de interface gráfica (repon-sável pela reprodução da simulação) denominada “*world*” (mundo/ambiente) onde ocorrem as

<sup>1</sup> Há também uma versão *web* de NetLogo, mas neste trabalho utilizamos o *software* NetLogo versão 6.3.0.



interações entre os agentes, botões de ações, parâmetros do modelo, central de comandos e configurações para a simulação. A segunda aba é dedicada as principais informações do modelo em análise/construção, enquanto a terceira contém o código escrito em NetLogo, que define todas as características e comandos do modelo.

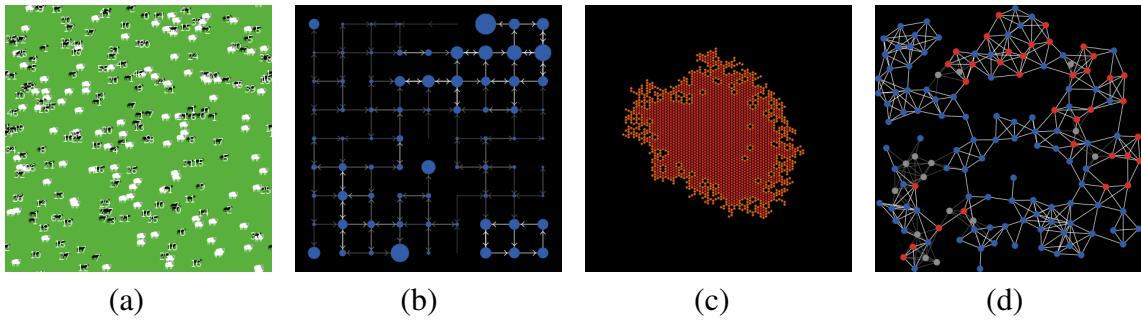
Na interface é onde se reproduzem todas as saídas da simulação, como gráficos e a visualização do modelo no mundo. No NetLogo, é possível construir os modelos do tipo MBA, a partir da interação entre agentes no mundo. O mundo da simulação opera com agentes móveis, que podem transitar por ele, de acordo com as regras definidas pelo autor da simulação, e agentes estáticos, que não se movem, mas que pode interagir com os agentes móveis por meio de regras também definidas pelo usuário.

Os agentes móveis são chamados “*turtles*”, enquanto os agentes estáticos são os “*patches*”. O mundo é um *Grid* (uma grade) dividido em *patches*, e cada *patch* é uma pequena peça do *ground* (chão/solo) por onde *turtles* podem se mover livremente. Não obstante, é possível definir outros dois agentes em NetLogo: os *links* e o *observer*.

Os *links* são agentes que conectam duas *turtles* e podem ser orientados ou não. Já o *observer* não possui localização, e como o próprio nome sugere pode ser pensado como um observador externo, mas que tem todo o controle da simulação. Com o *observer* é que se gerencia os demais agentes da simulação.

Apesar de os agentes móveis de modo geral serem as “*turtles*”, o NetLogo permite que se faça diferentes conjuntos de agentes, ou seja, diferentes raças (“*breed*”) de “*turtles*”, de acordo com a linguagem utilizada pelo *software*. Sendo assim, pode-se criar agentes móveis de diferentes tipos. Isso permitiria, por exemplo, uma simulação em que os “*turtles*” são definidos em três tipos: infectados, suscetíveis e recuperados, exatamente o que se precisa para construir um modelo SIR. Na figura 3.2, mostramos alguns exemplos da própria biblioteca de modelos do NetLogo. No primeiro exemplo do modelo presa-predador, os agentes móveis (*turtles*) são ovelhas e lobos e podem se mover no ambiente (WILENSKY, 1997c). Já os casos representados na figura 3.2 (b) e (c) são modelos de biologia e autômatos celulares (STONEDAHL; WILENSKY, 2008a; WILENSKY, 2007), respectivamente. Já na 3.2 (d), temos a simulação da propagação de vírus em uma rede complexa (STONEDAHL; WILENSKY, 2008c).

Figura 3.2 – Exemplos do NetLogo: (a) Modelo presa-predador, (b) modelo de difusão em uma rede direcionada, (c) modelo de agregação de células hexadecimais, (d) e modelo de espalhamento de um vírus em uma rede.



Fonte: Do autor (2024).

Aplicamos essa metodologia para um caso específico no qual se simula a propagação da leishmaniose visceral. No próximo capítulo, apresentamos o algoritmo e principais características do nosso modelo matemático-computacional, bem como as perspectivas para aprimorá-lo.

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÕES

### 4.1 Modelo matemático-computacional

Nossa proposta consiste em um modelo com três populações de diferentes agentes: humanos, cães e flebotomíneos. Essas populações estão interconectadas dependendo das interações existentes entre elas e de suas localizações.

Utilizamos um modelo de rede quadrada para representar o ambiente de simulação. Esse modelo pode ser interpretado como a representação de uma cidade ou de um bairro, por exemplo. A região simulada está subdividida em zonas com diferentes graus de propensão à presença de flebotomíneos, os vetores do parasito. Tanto pessoas quanto cães, domésticos ou de rua, podem se deslocar entre essas zonas.

Neste caso, a rede é composta por três tipos de zonas: residencial, central e periférica. A zona periférica representa áreas mais afastadas do centro, como regiões com maior presença de mata ou matéria orgânica. Essa definição foi adotada para permitir uma calibração mais adequada do modelo, a fim de permitir futuras implementações de melhorias. Contudo, é importante destacar que nosso modelo não se baseia em um município específico, devido à complexidade envolvida em definir um cenário genérico que seja aplicável a diferentes contextos. No entanto, após a validação dos testes realizados com a rede quadrada, é possível incorporar mapas reais de localidades específicas.

Considerando os parâmetros de calibração adotados, estipulamos que a zona periférica apresenta maior probabilidade de ocorrência de flebotomíneos, sendo, portanto, uma área de maior risco. As demais zonas também possuem algum grau de risco relacionado à presença e proliferação dos vetores, mas em menor intensidade. É fundamental ressaltar que o modelo não reflete diretamente a estrutura de uma cidade específica, já que existem municípios que não possuem bordas de mata ao redor, o que influencia a dinâmica da presença dos vetores.

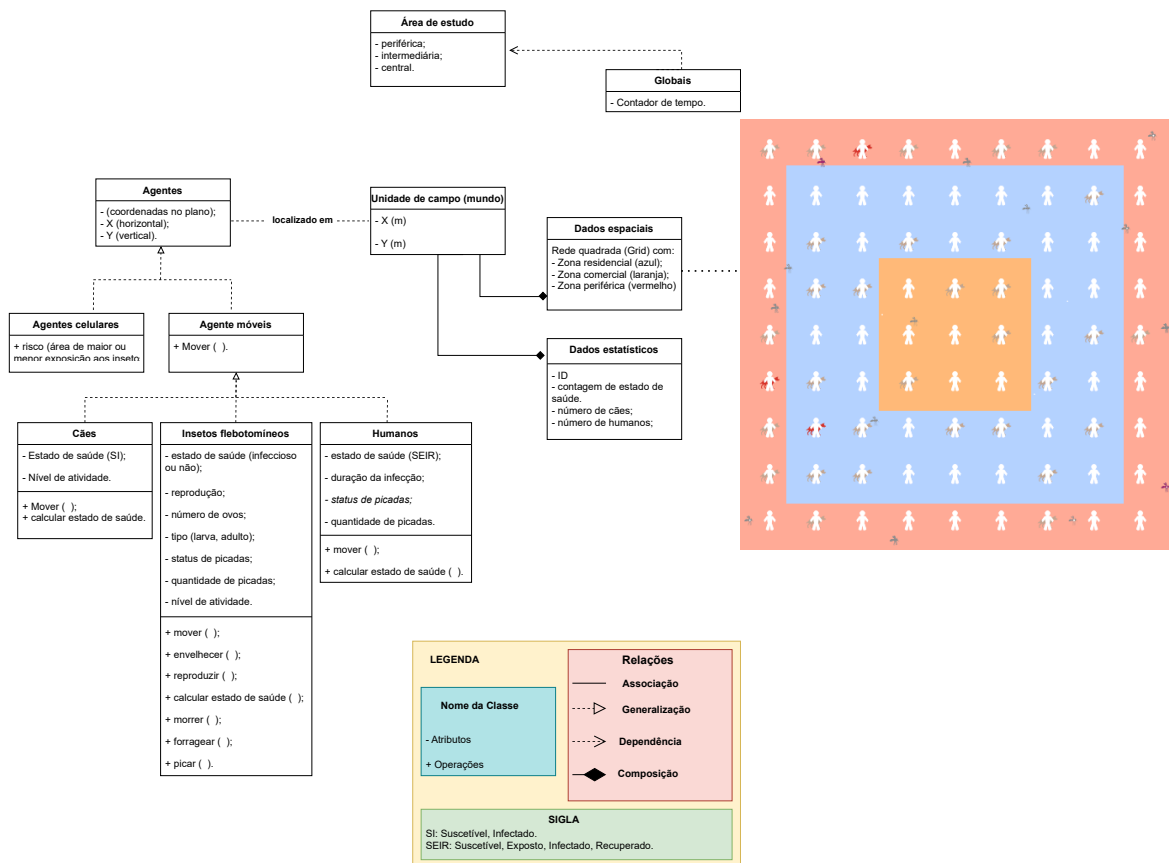
Nosso modelo é baseado no modelo de Mohammad Tabasi et al. (2020), e trata-se de uma abordagem de modelo baseado em agentes. Considera-se para tal, o aspecto heterogêneo das interações, juntamente com fatores biológicos e ambientais. No ambiente simulacional NetLogo, foram criados agentes que representam os seres humanos, flebotomíneos, cães de rua e cães domésticos. Os insetos, que podem ou não estar infectados, forrageiam em um

determinado raio que determina a distância máxima alcançada, assim picam pessoas ou cães, que por sua vez tem determinada probabilidade de se infectarem.

Os flebotomíneos tem um curto período de vida, que é predefinido no código, mas suas populações variam a depender da região. Convencionou-se, com base na literatura, colocar uma maior densidade populacional dos mesmos na região periférica, e uma menor densidade populacional nas demais regiões.

O modelo em NetLogo, conta com a presença de agentes móveis. Os agentes móveis são aqueles que se movimentam na rede com determinada dinâmica de locomoção, enquanto os patches do ambiente simulacional representam as regiões. Portanto, define-se três classes de agentes móveis: cães, flebotomíneos e humanos.

Figura 4.1 – Diagrama de classes para o modelo.



Adaptado de: (TABASI et al., 2020).<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Feito com *VisualParadigm* para uso não comercial.

Cada uma das populações possui características relevantes para o modelo. Na população de cães: estado de saúde (suscetível ou infectado); população de flebotomíneos: estado de saúde (suscetível ou infectado), idade, taxa de reprodução, taxa de picadas e tempo de vida; população humana: estado de saúde SEIR (Suscetível, Exposto, Infectado ou Recuperado) - veja diagrama de classes para o modelo na figura 4.1.

Esses agentes móveis, estão localizados geograficamente no reticulado de dimensões  $32 \times 32$  *patches*, por coordenadas cartesianas e são dispostos aleatoriamente em suas posições. Quanto à dinâmica de propagação, tem-se um modelo de compartimentos do tipo SEIR para humanos e SI para cães e flebotomíneos. À medida que os indivíduos da população humana ou de cães vão sendo expostos em áreas de maior densidade populacional de vetores, tem maior chance de serem picados e podem se infectar.

Na simulação, a presença de flebotomíneos é distribuída aleatoriamente de acordo com a região, atribuindo maior peso à zona periférica, uma vez que assume-se para este modelo que essa área é mais propensa à ocorrência desses vetores. Essa inferência está alinhada com o ciclo de transmissão da leishmaniose tegumentar em ambientes urbanos, que é diferente do ciclo de transmissão da leishmaniose visceral. No entanto, devido às complexidades previamente mencionadas e, com a finalidade de capturar essa densidade populacional na simulação, essa premissa foi adotada.

Uma simulação completa corresponde a 1080 ticks (passos de tempo do NetLogo). Esses 1080 ticks representam um ano, uma vez que nesta simulação, cada tick equivale a um período de oito horas. Durante o ano, portanto, a dinâmica de propagação da doença ocorre entre as populações, seguindo regras simples:

- A população de humanos inicia-se com zero infectados e uma pessoa pode se infectar, com uma certa probabilidade, se for picado por um flebotomíneo infectado.
- Uma pessoa picada, se torna exposta primeiramente, e depois infectada e com uma certa probabilidade, se torna removido (recuperado ou morto), de acordo com a dinâmica SEIR.
- A população canina já começa com um número aleatório de cães infectados, portanto, captura-se a dinâmica a partir daí. A dinâmica de infecção para cães obedece o modelo SI, isto é, os cães podem se infectar imediatamente, com uma certa probabilidade, se

forem picados por um vetor infectado. Uma vez infectados, assume-se que esse animal sempre terá a doença e poderá transmiti-la, sendo o reservatório do parasito.

- Se um flebotomíneo adulto suscetível pica um cão infectado, há uma chance de ele se infectar e tornar-se imediatamente infeccioso. Admite-se também que esse vetor sempre ficará infectado.
- Além da dinâmica de transmissão, os cães e humanos podem se mover no *patch*. Nascimento e morte natural de humanos não são consideradas uma vez a dinâmica se passa ao longo de um ano, então é razoável considerar a população constante.
- Os flebotomíneos, além de se moverem no *patch* em um raio menor que cães e humanos, também podem se reproduzir e morrer, pois eles têm um tempo de vida curto se comparado com o tempo total da simulação. Como o tempo de vida dos flebotomíneos depende das condições ambientais, que não são capturadas no modelo, considerou-se um tempo médio de 15 dias, que corresponde a 44 *ticks*, e pode ser modificado diretamente no código da simulação.

## 4.2 Simulação da dinâmica da leishmaniose visceral

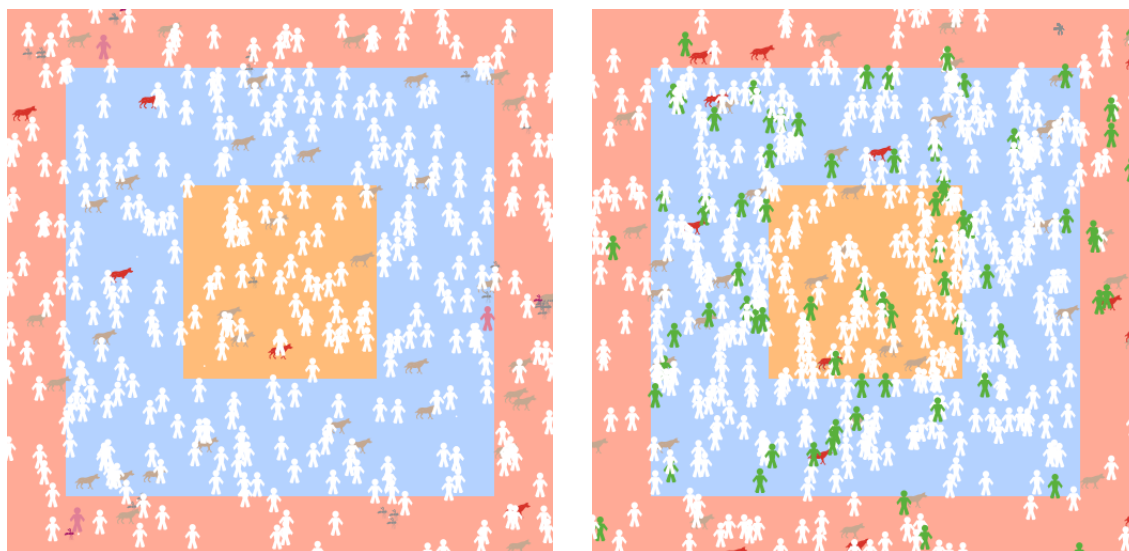
Na simulação, os agentes são identificados por cores (veja figura 4.2). Os seres humanos são inicialmente distribuídos no ambiente com cor branca. Essa cor de cada indivíduo pode mudar para rosa caso ele passe para o estado Exposto (isso ocorre quando foi picado por um inseto infectado). Pode também mudar para a cor laranja, o que acontece quando o indivíduo que estava exposto passa a estar infectado. Esta última situação, demonstra uma realidade complexa, uma vez que há o fato de haver infectados assintomáticos que não são identificáveis, portanto, na simulação não capturamos o número de assintomáticos. Depois de um tempo, o indivíduo que estava infectado pode se recuperar e assume a cor verde.

Para os cães, as cores são marrom e vermelha. Os agentes com cor marrom estão suscetíveis a serem picados por flebotomíneos, a depender da presença dos mesmos na região em que o cão está, enquanto a cor vermelha representa um agente infectado.

---

<sup>2</sup> Exportado da simulação em NetLogo.

Figura 4.2 – Instantâneo do mundo da simulação em *NetLogo* em dois instantes de tempo diferentes, nos quais se observa inicialmente nenhum humano infectado e poucos e, posteriormente, humanos recuperados.



Fonte: Do autor (2024).<sup>2</sup>

Para os flebotomíneos, há o compartimento de suscetíveis e infectados, sendo que os suscetíveis assumem as cores cinza e branco que representam o compartimento dos suscetíveis, contudo os brancos não infectam pois ainda são larvas do inseto, enquanto os cinzas infectam por serem adultos. Entre os adultos, não há distinção entre machos e fêmeas. Capturamos a realidade de apenas as fêmeas serem os vetores do parasito, por meio de um parâmetro bem definido no qual determinado percentual de flebotomíneos não ficam infecciosos ao picar um cão. Caso estejam infectados, os flebotomíneos assumem a cor magenta e poderão infectar as populações de cães e humanos.

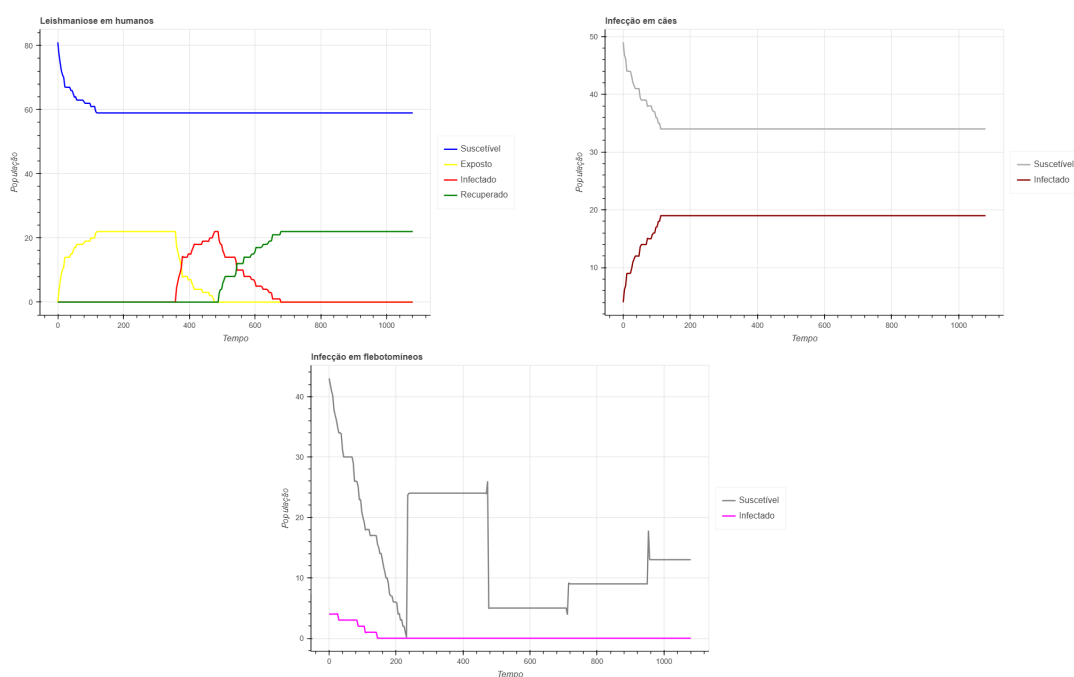
Por fim, nos gráficos da figura 4.3, mostramos uma simulação da dinâmica correspondente a um ano e a evolução temporal da população de humanos, cães e flebotomíneos ao longo do tempo. Observamos que o comportamento da população humana nos quatro diferentes compartimentos (S, E, I e R) se assemelham ao comportamento do modelo SEIR previamente explicado no capítulo 2. Já a dinâmica dos flebotomíneos, por causa do nascimento e morte, é mais delicada. Esse resultado foi gerado para apenas um conjunto de parâmetros com o objetivo de calibrar o modelo. Novos testes, com outros conjuntos de parâmetros precisam ser testados.

É importante mencionar que o código se torna bastante moroso devido à implementação dos movimentos dos agentes nos patches pois foi necessário que representássemos o retorno

do humano para suas posições iniciais (o que representa suas casas) depois de determinado período. Ou seja, dentro de um período de 24 horas os agentes humanos se movimentam de modo aleatório e depois retornam a suas posições iniciais.

Seria de suma impotância considerar ainda que os flebotomíneos têm atividade noturna e dificilmente estão no ciclo de transmissão durante o dia. Portanto, na simulação o maior período de atividade dos insetos ocorre durante as últimas horas de cada dia.

Figura 4.3 – Gráfico gerado em uma execução da simulação até 1080 *ticks* para as diferentes populações: humanos (à esquerda), cães (à direita) e flebotomíneos (abaixo).



Fonte: Do autor (2024).

Os gráficos da Figura 4.3 foram obtidos na simulação, sendo os seguintes parâmetros e definições:

1. *average-recovery-time-Persons*  $\rightarrow$  [255]  
(define o tempo médio de recuperação dos humanos).
2. *maximum-possible-humans-per-household-amount*  $\rightarrow$  [0 + 1]  
(define a quantidade máxima possível de seres humanos por domicílio).
3. *maximum-number-of-dogs-per-household*  $\rightarrow$  [2]  
(número máximo de cães por domicílio).



4. *initial-number-Sandflies* → [50]  
(número inicial de insetos).
5. *infection-chance-dogs* → [40]  
(probabilidade de serem infectados - cães).
6. *infection-chance-Sandflies* → [50]  
(probabilidade de serem infectados - insetos).
7. *reproduction-chance-sandflies* → [50]  
(chance de reprodução - insetos).
8. *recovery-chance-persons* → [49]  
(chance de recuperação - humanos).
9. *carying-capacity-Sandflies* → [47]  
(define a carga máxima de flebotomíneos no mundo).
10. *bite-likelihood* → [5.00]  
(probabilidade de mordida).
11. *%-sandflies-in-peripheral-region* → [0.90]  
(define o percentual de insetos na região periférica).
12. *%-sandflies-in-residential-region* → [0.15]  
(define o percentual de insetos na região residencial)).
13. *%-sandflies-in-central-region* → [0.05]  
(define o percentual de insetos na região central)).
14. *Restriction-in-the-movement* → [off]  
(Restrição no movimento).
15. *Medicine* → [off]  
(cria agentes que fazem o atendimento médico ).

16. *bed-nets* → [off]  
(uso de mosquiteiros).
17. *spray-insecticide* → [off]  
(uso de inseticida).
18. *euthanizes-dogs* → [off]  
(cria agentes que fazem eutanasia em cães).

É possível alterar cada parâmetro e testar vários cenários distintos. Mas ainda não é possível modificar diretamente na interface a representação da localidade, o que deve ser feito diretamente no código da simulação.

## 5 CONSIDERAÇÕES FINAIS E PERSPECTIVAS

Neste trabalho, foi realizada uma revisão detalhada da modelagem baseada em agentes (MBA) aplicada a sistemas complexos, com foco na investigação da leishmaniose visceral. Além disso, o estudo contribuiu para a compreensão do potencial da MBA em pesquisas epidemiológicas. Utilizando o NetLogo, uma ferramenta acessível e poderosa para modelagem, desenvolvemos um modelo que captura algumas das características do ciclo de transmissão da leishmaniose visceral.

Entretanto, como o objetivo da modelagem é abstrair características complexas em um modelo simples e objetivo, não foram incluídos detalhes e parâmetros específicos de uma realidade particular (Isso certamente seria tema para uma outra dissertação). O foco principal foi criar um modelo que pudesse explicitar e/ou prever o ciclo de transmissão por meio da simulação, permitindo a configuração de determinados parâmetros que influenciam diretamente os resultados gerados pela simulação.

A parte do trabalho que se refere à revisão da MBA será submetida à Revista Brasileira de Ensino de Física, destacando a importância e a aplicabilidade desta abordagem em diversas áreas do conhecimento. Esperamos que esta submissão contribua para a divulgação do conhecimento sobre MBA e inspire futuras aplicações. Esperamos que esse artigo possa servir de base ou de material complementar para diferentes abordagens, como uma aula de física computacional envolvendo a modelagem baseada em agentes, ou como referência em uma disciplina de sistemas complexos. Por fim, esperamos que esse artigo traga uma compreensão dos componentes básicos da MBA, de como analisar os resultados do modelo que se deseja investigar e como identificar se tal modelo abrange, de fato, situações do mundo real.

No que se refere à modelagem da propagação da leishmaniose visceral, nosso modelo ainda está bastante incipiente mas, de certo modo, já captura elementos essenciais, como a análise de interações entre humanos, cães e flebotomíneos, ajudando a entender como as interações locais podem levar a padrões globais de infecção. Este tipo de análise é crucial para desenvolver intervenções direcionadas que considerem as dinâmicas espaciais e temporais da doença. No entanto, são necessários mais estudos para incluir no modelo realidades específicas que podem ser colocadas na simulação a partir de parâmetros e mapas, o que também faria com que a si-

mulação tivesse uma quantidade de operações muito alta, que computadores simples não fariam eficientemente, por isso não foram implementadas para este estudo.

A ideia é que esse trabalho seja continuado pois o modelo produzido permite uma variedade de análises importantes. Primeiramente, ele possibilita a simulação de diferentes cenários epidemiológicos, permitindo explorar como variáveis como a taxa de transmissão, a densidade populacional de vetores e a efetividade de intervenções influenciam a propagação da leishmaniose visceral. O modelo também pode ser aplicado em diferentes substratos, isto é, em diferentes redes, além da rede quadrada, o que possibilita investigar o papel da heterogeneidade de contatos na dinâmica da doença. Além disso, o modelo deverá ser aprimorado e então, pode ser utilizado para avaliar o impacto de estratégias de controle, como o uso de coleiras, a eutanásia de cães, o uso de mosquiteiros e a efetividade do tratamento clínico, seja ele tardio ou precoce.

Desse modo, trabalhos futuros podem ser orientados a partir deste, focando em incorporar mais detalhes na simulação, além da possibilidade de incluir dados reais no modelo para comparações com cenários já investigados na literatura em diferentes regiões do Brasil, por exemplo (MARCONDES; ROSSI, 2013; HARHAY et al., 2011; MAIA-ELKHOURY et al., 2008; GONDIM et al., 2022).

## REFERÊNCIAS

- BAK, P.; CHEN, K.; TANG, C. A forest-fire model and some thoughts on turbulence. **Physics letters A**, Elsevier, v. 147, n. 5-6, p. 297–300, 1990.
- BAK, P.; TANG, C.; WIESENFELD, K. Self-organized criticality: An explanation of the  $1/f$  noise. **Physical review letters**, APS, v. 59, n. 4, p. 381, 1987.
- BANKES, S. C. Agent-based modeling: A revolution? **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 99, n. suppl\_3, p. 7199–7200, 2002.
- BARABÁSI, A.-L.; ALBERT, R. Emergence of scaling in random networks. **science**, American Association for the Advancement of Science, v. 286, n. 5439, p. 509–512, 1999.
- BJØRNSTAD, O. N. et al. The seirs model for infectious disease dynamics. **Nature methods**, Nature Publishing Group, v. 17, n. 6, p. 557–559, 2020.
- BOCCARA, N. **Modeling complex systems**. [S.l.]: Springer, 2010. v. 1.
- BRASIL. Ministério da Saúde. **Situação epidemiológica da Leishmaniose Visceral**. [S.l.], 2022. Disponível em: <<https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/l/leishmaniose-visceral/situacao-epidemiologica-da-leishmaniose-visceral>>. Acesso em: 07 mar. 2023.
- CHEN, K.; BAK, P.; JENSEN, M. H. A deterministic critical forest fire model. **Physics Letters A**, Elsevier, v. 149, n. 4, p. 207–210, 1990.
- CONTE, R.; PAOLUCCI, M. On agent-based modeling and computational social science. **Frontiers in psychology**, Frontiers, v. 5, p. 83393, 2014.
- EVESQUE, P. Analysis of the statistics of sandpile avalanches using soil-mechanics results and concepts. **Physical Review A**, APS, v. 43, n. 6, p. 2720, 1991.
- GONDIM, C. N. et al. Visceral leishmaniasis in a recent transmission region: 27.4% infectivity rate among seronegative dogs. **Parasitology**, Cambridge University Press, v. 149, n. 5, p. 640–645, 2022.
- HARHAY, M. O. et al. Urban parasitology: visceral leishmaniasis in brazil. **Trends in parasitology**, Elsevier, v. 27, n. 9, p. 403–409, 2011.
- HASSANIEN, A. E. et al. Big data in complex systems. In: **SBD**. [S.l.]: Springer, 2015. v. 9.
- HE, S.; PENG, Y.; SUN, K. Seir modeling of the covid-19 and its dynamics. **Nonlinear dynamics**, Springer, v. 101, p. 1667–1680, 2020.
- HEAD, B.; GRIDER, R.; WILENSKY, U. **NetLogo Rock Paper Scissors model**. Northwestern University, Evanston, IL, 2017. Disponível em: <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/RockPaperScissors>>.
- JØRGENSEN, S. E.; BENDORICCHIO, G. **Fundamentals of ecological modelling**. [S.l.]: Elsevier, 2001. v. 21.

KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. **Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character**, The Royal Society London, v. 115, n. 772, p. 700–721, 1927.

KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. Contributions to the mathematical theory of epidemics. ii.—the problem of endemicity. **Proceedings of the Royal Society of London. Series A, containing papers of a mathematical and physical character**, The Royal Society London, v. 138, n. 834, p. 55–83, 1932. Disponível em: <<https://doi.org/10.1098/rspa.1932.0171>>.

KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. Contributions to the mathematical theory of epidemics. iii.—further studies of the problem of endemicity. **Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character**, The Royal Society London, v. 141, n. 843, p. 94–122, 1933.

KLÔH, V. P. et al. The virus and socioeconomic inequality: An agent-based model to simulate and assess the impact of interventions to reduce the spread of covid-19 in rio de janeiro, brazil. **Brazilian Journal of Health Review**, v. 3, n. 2, p. 3647–3673, 2020.

KUTZ, J. N. **Data-driven modeling & scientific computation: methods for complex systems & big data**. [S.l.]: OUP Oxford, 2013.

KWAPIEŃ, J.; DROŹDŹ, S. Physical approach to complex systems. **Physics Reports**, Elsevier, v. 515, n. 3-4, p. 115–226, 2012.

MACAL, C. M.; NORTH, M. J. Agent-based modeling and simulation. In: **Proceedings of the 2009 Winter Simulation Conference (WSC)**. [S.l.: s.n.], 2009. p. 86–98.

MAIA-ELKHOURY, A. N. S. et al. Visceral leishmaniasis in brazil: trends and challenges. **Cadernos de saude publica**, SciELO Public Health, v. 24, p. 2941–2947, 2008.

MARCONDES, M.; ROSSI, C. N. Visceral leishmaniasis in brazil. **Braz. j. vet. res. anim. sci.**, p. 341–352, 2013.

MATA, A. S.; DOURADO, S. M. Mathematical modeling applied to epidemics: an overview. **Sao Paulo Journal of Mathematical Sciences**, Springer, v. 15, p. 1025–1044, 2021.

MOEIN, S. et al. Inefficiency of sir models in forecasting covid-19 epidemic: a case study of isfahan. **Scientific reports**, Nature Publishing Group UK London, v. 11, n. 1, p. 4725, 2021.

MUROLO, A. C. Uma abordagem quantitativa do índice de gini e da curva de lorenz. **Revista Análise**, v. 5, n. 9, p. 43–49, 2004.

MURRAY, J. D. **Mathematical Biology: An introduction**. [S.l.]: Springer, 2002. v. 17.

MWALILI, S. et al. Seir model for covid-19 dynamics incorporating the environment and social distancing. **BMC Research Notes**, BioMed Central, v. 13, n. 1, p. 1–5, 2020.

NEWMAN, M. E. Power laws, pareto distributions and zipf's law. **Contemporary physics**, Taylor & Francis, v. 46, n. 5, p. 323–351, 2005.

NEWMAN, M. E.; GIRVAN, M.; FARMER, J. D. Optimal design, robustness, and risk aversion. **Physical Review Letters**, APS, v. 89, n. 2, p. 028301, 2002.

ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DE SAÚDE. **Leishmaniose**. [S.l.], 2023. Disponível em: <<https://www.paho.org/pt/topicos/leishmaniose>>. Acesso em: jun. 2024.

PATLOLLA, P. et al. Agent-based simulation tools in computational epidemiology. In: SPRINGER. **Innovative Internet Community Systems: 4th International Workshop, IICS 2004, Guadalajara, Mexico, June 21-23, 2004. Revised Papers 4**. [S.l.], 2006. p. 212–223.

REICHENBACH, T.; MOBILIA, M.; FREY, E. Mobility promotes and jeopardizes biodiversity in rock–paper–scissors games. **Nature**, Nature Publishing Group UK London, v. 448, n. 7157, p. 1046–1049, 2007.

REICHENBACH, T.; MOBILIA, M.; FREY, E. Self-organization of mobile populations in cyclic competition. **Journal of Theoretical Biology**, v. 254, n. 2, p. 368–383, 2008. ISSN 0022-5193. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022519308002464>>.

SCHELLING, T. C. Dynamic models of segregation†. **The Journal of Mathematical Sociology**, Routledge, v. 1, n. 2, p. 143–186, 1971.

STAUFFER, D.; ADLER, J.; AHARONY, A. Universality at the three-dimensional percolation threshold. **Journal of Physics A: Mathematical and General**, IOP Publishing, v. 27, n. 13, p. L475, 1994.

STONEDAHL, F.; WILENSKY, U. **NetLogo HIV model**. Center for connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University, Evanston, IL, 1997. Disponível em: <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/HIV>>.

STONEDAHL, F.; WILENSKY, U. **NetLogo Virus model**. Center for connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University, Evanston, IL, 1998. Disponível em: <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/Virus>>.

STONEDAHL, F.; WILENSKY, U. **NetLogo Diffusion on a Directed Network model**. Northwestern University, Evanston, IL, 2008. Disponível em: <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/DiffusiononaDirectedNetwork>>.

STONEDAHL, F.; WILENSKY, U. **NetLogo Virus on a Network model**. Center for connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University, Evanston, IL, 2008. Disponível em: <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/VirusonaNetwork>>.

STONEDAHL, F.; WILENSKY, U. **NetLogo Virus on a Network model**. Northwestern University, Evanston, IL, 2008. Disponível em: <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/VirusonaNetwork>>.

TABASI, M. et al. A spatio-temporal agent-based approach for modeling the spread of zoonotic cutaneous leishmaniasis in northeast iran. **Parasites & Vectors**, BioMed Central, v. 13, n. 1, p. 1–17, 2020.

WEISS, H. H. The sir model and the foundations of public health. **Materials mathematics**, p. 0001–17, 2013.

WILENSKY, U. **NetLogo Fire model**. Northwestern University, Evanston, IL, 1997. Disponível em: <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/Fire>>.

WILENSKY, U. **NetLogo Segregation model**. Center for connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University, Evanston, IL, 1997. Disponível em: <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/Segregation>>.

WILENSKY, U. **NetLogo Wolf Sheep Predation model**. Northwestern University, Evanston, IL, 1997. Disponível em: <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/WolfSheepPredation>>.

WILENSKY, U. **NetLogo Wealth Distribution model**. Center for connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University, Evanston, IL, 1998. Disponível em: <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/WealthDistribution>>.

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

WILENSKY, U. **NetLogo Hex Cell Aggregation model**. Center for connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University, Evanston, IL, 2007. Disponível em: <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/HexCellAggregation>>.

WILENSKY, U.; RAND, W. **An introduction to agent-based modeling: modeling natural , social, and engineered complex systems with NetLogo**. [S.l.]: Mit Press, 2015.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. **Status of endemicity of cutaneous leishmaniasis (CL) worldwide, 2021**. [S.l.], 2021. Disponível em: <[https://www.who.int/images/default-source/maps/leishmaniasis\\_cl\\_2021](https://www.who.int/images/default-source/maps/leishmaniasis_cl_2021)>. Acesso em: 07 mar. 2023.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. **Status of endemicity of visceral leishmaniasis (VL) worldwide, 2021**. [S.l.], 2021. Disponível em: <[https://www.who.int/images/default-source/maps/leishmaniasis\\_vl\\_2021](https://www.who.int/images/default-source/maps/leishmaniasis_vl_2021)>. Acesso em: 07 mar. 2023.



### **APÊNDICE A – Código da Simulação em NetLogo**

A simulação pode ser acessada e baixada no *link* abaixo, no entanto há duas versões: denominadas por "antiga" e "atual". Sendo que a primeira não tem a implementação de os agentes retornarem em determinados momentos, o que a deixa mais rápida. Enquanto a segunda tem a mobilidade de retorno para os domicílios, fazendo com que o processo seja moroso.

Simulação (Clique aqui).