

Alocação de Agentes para Controle de Epidemias Utilizando Algoritmo Genético

Márcio J. Lacerda¹,

DT, FEEC – Unicamp, 13.083-852, Campinas/SP.

Wanderson W. M. Texeira², João P. Vieira³, Erivelton G. Nepomuceno⁴,

DEPEL, GCoM – UFSJ, 36.307-352, São João del-Rei/MG.

Resumo. Neste artigo é apresentada uma técnica para a alocação de agentes de controle em uma plataforma de estudo da propagação espacial de epidemias. Utiliza-se o algoritmo genético para realizar a distribuição de uma rede de agentes de controle inseridos na população, com a finalidade de erradicação da epidemia no menor tempo possível. Essa população é composta por indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados que estão em constante movimentação, o que dificulta a ação de controle. Foi observada uma redução de aproximadamente 36% no tempo de erradicação da epidemia quando comparada com uma técnica que prioriza a atuação local dos agentes de controle.

Palavras-chave: *Algoritmo Genético; Modelo Baseado em Indivíduos; Controle de Processos.*

1. Introdução

O estudo das doenças infecciosas constituem atualmente um importante ramo da ciência em virtude da gravidade dos quadros que podem apresentar e de sua alta frequência na população, seja ela formada por humanos ou animais (Barbosa et al., 2007). A propagação de vírus em redes de computadores também tem sido estudada, devido ao seu impacto econômico (Dwan, 2000; Piqueira et al., 2005). A literatura histórica está repleta de casos de doenças infecciosas que invadiram comunidades humanas afetando a população e a organização social (Butler, 2009). O número de mortes provocado pelas

¹marciojlacerda@yahoo.com.br

²wandersonwiller@yahoo.com.br

³jpvieira66@yahoo.com.br

⁴nepomuceno@ufs.edu.br

maiores epidemias de todos os tempos é impreciso, mas é incomparavelmente maior ao número de mortes provocados por todas as guerras (Anderson e May, 1992).

Dada a importância do assunto, dentro da epidemiologia, uma área que se fortaleceu foi a epidemiologia matemática. Particularmente, o interesse em modelar doenças infecciosas tem sido objeto de inúmeros trabalhos em todo o mundo (Vieira e Takahashi, 2009; Barros et al., 2008; Barbosa et al., 2008; Grimm et al., 2006; Yang, 2001). Os modelos epidemiológicos têm auxiliado na análise do comportamento de epidemias em redes de indivíduos. A modelagem tem como objetivo compreender a dinâmica de sistemas ecológicos e as forças que determinam essa dinâmica, afim de compreender os mecanismos de transmissão que possam proporcionar estratégias de controle efetivas. Hethcote (2000) afirma que a modelagem epidemiológica pode contribuir para o projeto e análise de pesquisas epidemiológicas, sugerir qual tipo de dado deve ser coletado, identificar tendências, realizar previsões e estimar a incerteza das previsões.

Em ecologia, os chamados modelos baseados em indivíduos, MBI (ou IBM, do inglês Individual Based Model) (Nepomuceno, 2005; Oliveira et al., 2008; Grimm, 1999) estão em crescente estudo. Segundo Grimm (1999), no MBI “cada indivíduo é tratado como uma entidade única e discreta que possui idade e ao menos mais uma característica que muda ao longo do ciclo da vida, tal como peso, posição social, entre outras”.

De modo geral, as doenças infecciosas podem ser controladas por vacinação e/ou por isolamento dos indivíduos infectados. Os trabalhos na área de controle, partem de modelos compartimentais (Nepomuceno, 2005) e estão preocupados em otimizar a ação de controle, seja para reduzir o tempo gasto para erradicar a doença ou para diminuir os custos associados (vacinação) e número de infectados.

A ação de controle em uma epidemia é efetuada de forma descentralizada, com o objetivo de maximizar o alcance de seus efeitos e evitar sua propagação. Essa descentralização é obtida inserindo-se unidades de controle, como postos de vacinação, agentes de saúde, entre outros (Oliveira et al., 2008; Lacerda et al., 2009).

Utilizou-se o modelo MBI para representar a propagação espacial de uma epidemia. Uma das motivações para os estudos do espalhamento espacial de epidemias é o fato da propagação espacial ter grande influência na transmissão de doenças como sarampo, rubéola, gripe aviária (Rodrigues e Meyer, 2007), gripe suína (Butler, 2009) e brucelose bovina (Barbosa et al., 2007) por exemplo.

O trabalho está organizado da seguinte forma: conceitos preliminares sobre o MBI são descritos na seção 3. A seção 4 apresenta as principais características do modelo e do cenário estudado, a seção 5 apresenta a metodologia utilizada para realizar o controle, a seção 6 apresenta os resultados obtidos e a conclusão é apresentada na seção 7.

2. Objetivos

O principal objetivo deste trabalho é a inserção de agentes responsáveis pela vacinação dos indivíduos suscetíveis. A alocação espacial desses agentes é um problema combinacional, discreto, de difícil modelagem e que apresenta um grande espaço de busca. Essas características dificultam a utilização de técnicas de otimização determinísticas. Por esse motivo adotou-se o algoritmo genético (AG), por se tratar de uma técnica evolutiva facilmente adaptável às necessidades do problema de otimização.

3. Conceitos preliminares

Os conceitos fundamentais do MBI, bem como as premissas epidemiológicas adotadas são necessários para a compreensão da técnica aplicada.

3.1 Descrição do MBI

Nepomuceno e colaboradores (Nepomuceno et al., 2006) expressaram o MBI, no qual um indivíduo é representado por

$$I_{m,t} = [C_{1,t} \quad C_{2,t} \quad \cdots \quad C_{n,t}], \quad (3.1)$$

em que m é o tamanho da população, t é o instante em que o indivíduo apresenta um conjunto específico de características e C_n é uma característica do indivíduo. A primeira característica é o seu estado do ponto de vista epidemiológico, ou seja, suscetível, infectado, recuperado ou agente de controle. Outras características podem ser a idade, o tempo de duração da infecção, o sexo, a localização espacial ou quaisquer outras características do indivíduo consideradas relevantes. Visando a simplicidade do modelo trabalharemos com seis principais características: o estado (suscetível, infectado, recuperado ou agente de controle) do indivíduo; a idade corrente; a máxima idade em que o indivíduo viverá; a localização espacial dos indivíduos; o tempo em que o indivíduo se encontra no estado infectante; o máximo tempo em que o indivíduo permanece no estado infectante (Nepomuceno, 2005). Por sua vez, uma população de indivíduos é representada por:

$$P_t = [I_{1,t} \quad I_{2,t} \quad I_{3,t} \quad \cdots \quad I_{m,t}]^T, \quad (3.2)$$

em que $I_{m,t}$ é um indivíduo no instante t e P é uma matriz $m \times n$.

3.2 Premissas Epidemiológicas

A seguir apresentamos as premissas epidemiológicas adotadas.

1. *População constante:* A população constante é adotada visando proporcionar principalmente a simplificação do sistema, já que a variação do tamanho da população não influencia de modo significativo na propagação da epidemia.
2. *Características do indivíduo:* A dinâmica da transmissão de doenças infecciosas apresenta características multi-paramétricas. Assim, fatores ambientais, climáticos, sócio-econômicos, demográficos, imunológicos, entre outros, atuando conjuntamente, influenciam na dinâmica da epidemia. Elaborar modelos que contemplem todas as variáveis e reproduzam o que se observa em dados epidemiológicos, envolve uma tarefa árdua de discernir quais fatores desempenham papéis essenciais e quais têm influência secundária na transmissão de infecções. Modelos de formulação simples apresentam a vantagem de permitir que se consiga verificar quais dentre os componentes considerados podem ou não ser fundamentais para a dinâmica de transmissão. Um indivíduo é caracterizado por um conjunto de n características.
3. *Categorias de indivíduos:* Há quatro categorias para um indivíduo: 0 (suscetível), 1 (infectado), 2 (recuperado) e 3 (agente de controle).
4. *Mudança de categoria:* Uma vez em uma categoria, o indivíduo pode mudar para uma outra categoria em cada instante de tempo. Adotou-se a transição discreta. As transições podem ocorrer em uma das seguintes formas:
 - $0,1,2 \rightarrow 0$. Isso significa que um indivíduo morreu e um outro nasceu, para manter a população constante (ver premissa 1).
 - $0 \rightarrow 1$. Um indivíduo suscetível ao encontrar com um indivíduo infectado, pode adquirir a doença e passar para a categoria 1.
 - $1 \rightarrow 2$. Um indivíduo infectado recupera-se e passa para a categoria 2.
 - $0 \rightarrow 2$. Um indivíduo suscetível recebe a vacina e se torna recuperado.
 - 3 . Considerou-se o agente de controle como uma entidade de estado permanente.
5. *Distribuição estatística:* Para a mortalidade (e conseqüentemente nascimento) adotou-se a distribuição exponencial. Essa distribuição também foi utilizada para a transição de recuperação.

4. Definição do Cenário

Duas características de suma importância na dinâmica do modelo utilizado são descritas a seguir:

Característica espacial: Uma abordagem que tem sido utilizada é a implementação da característica espacial através de autômatos celulares (Oliveira et al., 2008). Os indivíduos estão distribuídos em um ambiente de duas dimensões, dividido em células, onde cada célula pode ser ocupada por apenas um indivíduo no mesmo instante de tempo, ou representar um espaço vazio, como é mostrado na Figura 1.

A cada instante de tempo os indivíduos suscetíveis, recuperados e infectados se movem aleatoriamente para uma célula vazia presente em sua vizinhança, que é definida por um raio R , ou permanecem estáticos. Essa movimentação pode ser nos sentidos leste, oeste, norte e sul, além das diagonais. Por exemplo, o indivíduo que se encontra na posição (3,6) na Figura 1 pode se mover para as posições (2,5), (3,5), (4,5), (2,6), (2,4), (2,7), (3,7) e (4,7), neste caso considerando-se $R = 1$.

O contato entre dois indivíduos é estabelecido quando em determinado instante de tempo eles se encontram na mesma vizinhança. Por exemplo, na Figura 1, o indivíduo suscetível que ocupa a posição (2,8), está em contato com o indivíduo infectado que se encontra na posição (1,9).

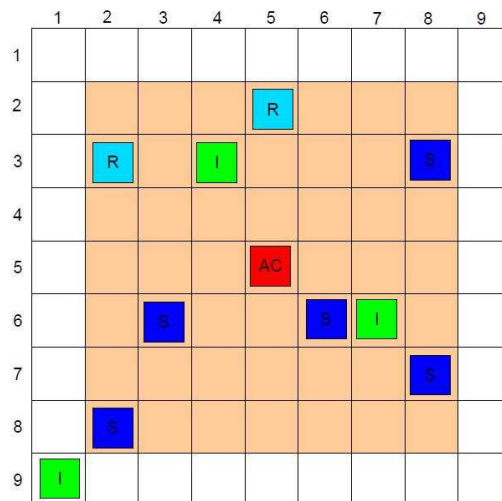


Figura 1: Aspecto gráfico da distribuição espacial de epidemias no software Scilab.

Processo de infecção: A utilização do MBI implica na mudança da forma com que o processo de infecção ocorre. Nos modelos de equações diferenciais, o processo de infecção é descrito como uma taxa (uma parcela por unidade de tempo) do total possível de contatos entre infectados e suscetíveis, que equivale a βIS . No MBI esse processo é

avaliado individualmente a cada instante de tempo, assim faz-se uma discretização do β , transformando-o em probabilidade. Isso significa dizer que $\beta\%$ dos contatos tornarão os indivíduos suscetíveis em infectados. A adoção dessa premissa baseia-se no princípio da homogeneidade da população (Hethcote, 2000). O processo de transição dos indivíduos, de suscetível para infectado, é estocástico ao invés de determinístico, o que acredita-se ser mais adequado para o estudo da propagação de doenças infecciosas.

Para realizar as simulações, adotamos os parâmetros hipotéticos apresentados na Tabela 1. Os parâmetros estão relacionados a uma população humana, subdesenvolvida, com expectativa de vida (μ) de 60 anos, exposta a uma epidemia com uma elevada taxa de infecção ($\beta = 0,9$), que é capaz de infectar indivíduos presentes em uma vizinhança de raio $R_i = 1$.

Tabela 1: Parâmetros utilizados no MBI.

Tamanho da População	$n = 300$
Número inicial de Suscetíveis	$S_0 = 0,90 \times n$
Número inicial de Infectados	$I_0 = 0,06 \times n$
Número inicial de Recuperados	$R_0 = 0 \times n$
Número de Agentes de Controle	$a = 0,04 \times n$
Dimensão da Matriz	$m = 40$
Raio de Infecção	$R_i = 1$
Tempo de Simulação	$t_f = 250$
Expectativa de Vida	$\mu = 60$
Período infectante	$\pi = 25$
Taxa de Infecção	$\beta = 0,90$

5. Metodologia

Face a necessidade de solução de problemas cada vez mais complexos, a busca por ferramentas computacionais inspiradas na natureza tem se tornado importante, dentre estas ferramentas estão os algoritmos evolutivos. Esses algoritmos baseiam-se nas idéias de evolução e seleção natural propostas por Darwin (1859), e em populações (soluções candidatas), estando estas sujeitas aos processos evolutivos.

Dentre as diversas abordagens evolutivas estão os AG (Goldberg e Richardson, 1987; Goldberg, 1989). Esses algoritmos são baseados nos processos genéticos que ocorrem nos seres vivos. As soluções potenciais são codificadas em forma de cromossomos e estes estão sujeitos às operações genéticas ao longo das gerações, obtendo-se através dessa emulação inspirada biologicamente a solução para o problema, sendo que apenas os indivíduos mais

aptos (melhores soluções) sobrevivem. As características dos AG os torna adequados para a solução do problema de alocação de agentes, que é um problema de otimização combinatória.

5.1 Algoritmo do MBI com AG

A Figura 2 apresenta o fluxograma do MBI com a alocação dos agentes de controle realizada pelo AG.



Figura 2: Fluxograma do MBI.

5.2 Algoritmo Genético

Adotou-se o AG como ferramenta na busca pela alocação ótima de agentes de controle. A estrutura básica do AG é apresentada a seguir:

início

```

t ← 0
inicialize  $P_G(t)$ 
avale  $P_G(t)$ 
enquanto (não critério de parada) faça
início
  t ← t + 1
  seleciona  $P_G(t)$  a partir de  $P_G(t - 1)$ 
  altere  $P_G(t)$ 
  avale  $P_G(t)$ 
fim
fim

```

Cada indivíduo do AG é representado por um vetor I_G com um número pré-determinado g de genes:

$$I_G = [N_1 \quad N_2 \quad \cdots \quad N_g], \quad (5.3)$$

onde N_g representa uma posição livre na distribuição espacial do MBI (ver Figura 1) e $N \in Z_+^*$. Cada indivíduo I_G representa uma possível solução para o problema. Adotou-se a codificação inteira, o que permite trabalhar diretamente com os dados do problema.

População Inicial: a população inicial do AG foi gerada de forma aleatória e é composta por um número pré-determinado pop de indivíduos.

$$P_G = [I_1 \quad I_2 \quad \cdots \quad I_{pop}]^T, \quad (5.4)$$

Considerando que a plataforma de propagação espacial do MBI é uma matriz quadrada de ordem m e que a população do MBI é composta por n indivíduos. Na geração das populações do AG, para cada indivíduo I_G temos um número de possibilidades:

$$PO_{AG} = \prod_{i=0}^{g-1} (m \times m - n - i), \quad (5.5)$$

Avaliação: cada gene do indivíduo I_G , corresponde a uma posição livre na matriz e possui portanto uma vizinhança diferente. Adotou-se a vizinhança de raio unitário. Seja a matriz de vizinhança M_{vg} para o gene N_g .

$$M_{vg} = \begin{vmatrix} v_{1,g} & v_{2,g} & v_{3,g} \\ v_{4,g} & N_g & v_{5,g} \\ v_{6,g} & v_{7,g} & v_{8,g} \end{vmatrix}$$

Cada gene N_g possui então 8 vizinhos. Estes vizinhos assumem o valor 1 quando esta posição é ocupada por um indivíduo suscetível, ou 0 nos demais casos. A adequabilidade foi calculada de acordo com a seguinte equação:

$$f_a = \sum_{i=1}^g \sum_{k=1}^8 v_{k,g} \quad (5.6)$$

onde $v_{k,g}$ é o elemento k da matriz de vizinhança do gene g .

Roleta: este processo permite que sejam selecionados para realizar o cruzamento indivíduos com um maior grau de adequabilidade (com maior probabilidade) e indivíduos que apresentem baixos valores de adequabilidade (com menor probabilidade).

Nova População: foi gerada pelo cruzamento entre os indivíduos selecionados pela roleta e por novos indivíduos gerados dentro do espaço de busca, o que permite que a próxima população explore novas regiões do espaço de busca, sendo um artifício que contribui para evitar uma convergência prematura do AG. Seja I_R o indivíduo selecionado pela roleta e seja I_Q um indivíduo qualquer.

$$I_R = [N_{1R} \quad N_{2R} \quad \cdots \quad N_{gR}], \quad (5.7)$$

$$I_Q = [N_{1Q} \quad N_{2Q} \quad \cdots \quad N_{gQ}], \quad (5.8)$$

Um ponto de corte PC é selecionado aleatoriamente e então um novo indivíduo I_{CR} é criado contendo genes dos dois indivíduos anteriores.

$$I_C = [N_{1R} \cdots N_{PCR} \quad N_{PC+1Q} \cdots N_{gQ}], \quad (5.9)$$

Com a população formada pelos indivíduos I_C , são realizados os operadores genéticos *crossover* e mutação.

Crossover: este operador genético cria dois novos indivíduos, através da troca de genes entre dois indivíduos da população. Adotou-se o *crossover* de um ponto, o que ocorre nesse caso é uma troca de informações entre os indivíduos selecionados após o ponto de corte. Sejam I_{C1} e I_{C2} os indivíduos selecionados para realizar o *crossover*.

$$I_{C1} = [N_{1C1} \quad N_{2C1} \quad \cdots \quad N_{gC1}], \quad (5.10)$$

$$I_{C2} = [N_{1C2} \quad N_{2C2} \quad \cdots \quad N_{gC2}], \quad (5.11)$$

Os indivíduos criados após o *crossover* são:

$$I_{N1} = [N_{1C1} \cdots N_{PCC1} N_{PC+1C2} \cdots N_{gC2}], \quad (5.12)$$

$$I_{N2} = [N_{1C2} \cdots N_{PCC2} N_{PC+1C1} \cdots N_{gC1}], \quad (5.13)$$

Os indivíduos (5.12) e (5.13) substituem os indivíduos (5.10) e (5.11). O *crossover* é realizado em uma porcentagem T_{cros} da população.

Mutação: este operador genético modifica aleatoriamente um gene de um determinado indivíduo. A probabilidade de ocorrência da mutação em um indivíduo da população do AG é denominada taxa de mutação T_{mut} . Este operador permite criar uma variabilidade extra na população.

Elitismo: essa estratégia permite que o melhor indivíduo da geração atual esteja presente na próxima geração. Evitando dessa forma que o melhor indivíduo seja perdido quando submetido aos operadores genéticos.

Apresenta-se na Tabela 2 os parâmetros do AG utilizados nas simulações.

Tabela 2: Parâmetros do AG.

Número de Gerações	$gera = 50$
Tamanho da População	$pop = 150$
Número de genes	$g = a$
Taxa de <i>Crossover</i>	$T_{cros} = 60\%$
Taxa de Mutação	$T_{mut} = 1\%$

6. Resultados

Para efeito de comparação, foi implementada uma estratégia de controle onde cada agente de controle, de posse das informações sobre o sistema, se movimenta para o indivíduo suscetível mais próximo, priorizando a atuação local.

$$\Delta = \min \sqrt{(x_a - x_s)^2 + (y_a - y_s)^2} \quad (6.14)$$

Δ é a menor distância a ser percorrida pelo agente de controle, x_a e y_a são as posições do agente de controle em x e em y respectivamente, enquanto x_s e y_s , são as posições em x e em y dos indivíduos suscetíveis presentes em sua vizinhança. Para 20 simulações realizadas, o tempo médio de erradicação nesse caso foi $t = 136,61$ enquanto que para o AG o tempo

médio de erradicação foi $t = 87,55$. Representando uma redução de aproximadamente 36%.

A Figura 5 mostra a evolução do melhor indivíduo do AG ao longo das gerações. O melhor indivíduo é o que apresenta o maior valor da função de adequabilidade apresentada na Equação (5.6). Observa-se que a partir da geração 70 aproximadamente, o desempenho do indivíduo não apresenta evolução, o que indica que este indivíduo é um forte candidato à melhor solução do problema.

A Figura 3 apresenta a evolução do número de suscetíveis, infectados e recuperados ao longo do tempo. Este é o resultado para 20 simulações realizadas. Verifica-se que a erradicação, ou seja, número de infectados igual a zero, é alcançada em todas as simulações. O processo de vacinação é interrompido assim que a erradicação é alcançada, isso explica o aumento do número de suscetíveis na população. A Figura 4 mostra o tempo de erradicação em cada simulação realizada. Nota-se que, apesar de se tratar de um método estocástico existe uma regularidade na atuação do AG.

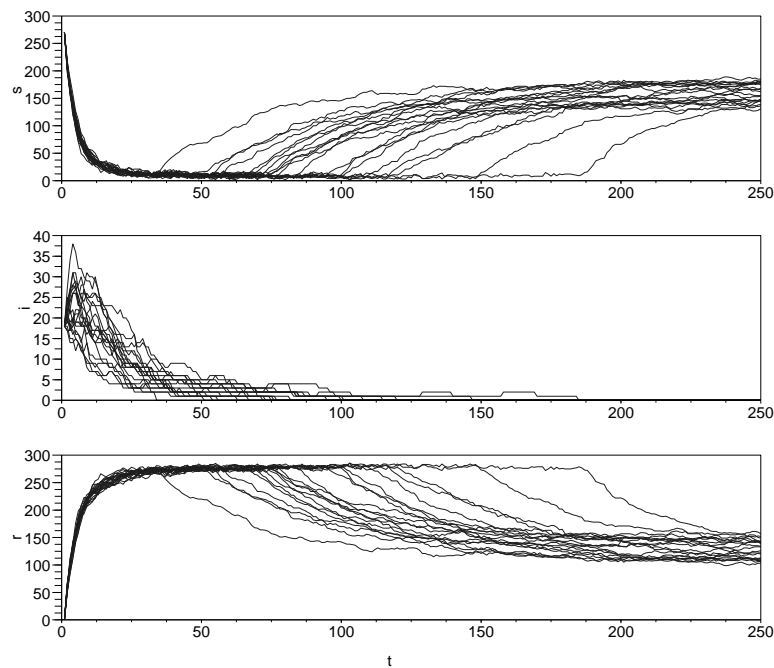


Figura 3: Suscetíveis, infectados e recuperados ao longo do tempo.

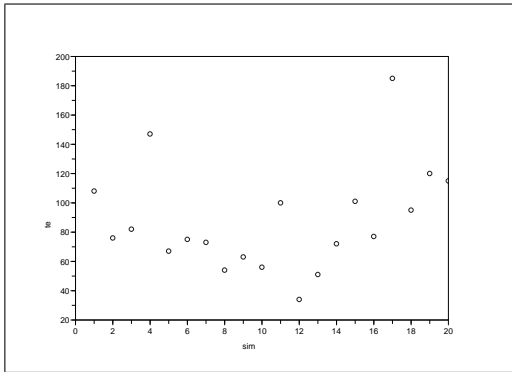


Figura 4: *Tempo de Erradicação em cada simulação.*

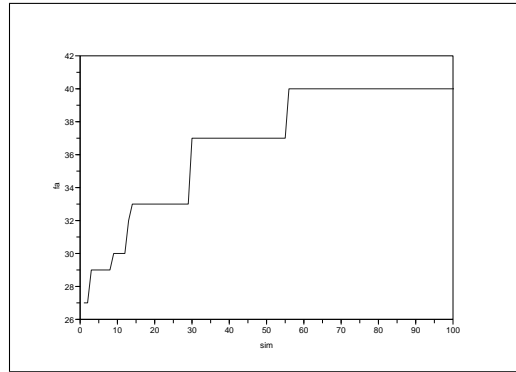


Figura 5: *Adequabilidade do melhor indivíduo ao longo das gerações.*

7. Conclusões

Propõe-se uma técnica para a alocação de agentes de controle em uma plataforma de propagação de epidemias. A utilização do AG permitiu que o tempo de erradicação diminuísse consideravelmente, quando comparado com a técnica em que o agente de controle se movimenta para o indivíduo suscetível mais próximo. A cada iteração do MBI os agentes de controle buscaram maximizar o número de indivíduos vacinados, atuando de forma eficaz sobre o problema, o que reduz os custos associados à propagação de uma epidemia.

A seleção da nova população do AG utilizando além da roleta outros indivíduos gerados no espaço de busca, permitiu que o AG aqui apresentado, execute uma maior exploração do espaço de busca, aumentando a probabilidade de se encontrar melhores soluções. Pela análise da Figura 5 evidenciamos o processo de evolução do AG proposto.

Em trabalhos futuros, pretende-se aprimorar o AG implementando uma função de adequabilidade composta, que leve em consideração não só os indivíduos suscetíveis presentes na vizinhança de cada gene N_g , mas também indivíduos infectados e recuperados.

Agradecimentos

Ao CNPq, Capes e Fapemig pelo apoio.

Referências

- Anderson, R. M. e May, R. M. (1992). *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*. Oxford: Oxford University Press.
- Barbosa, A. M., Pereira, E. B., Lacerda, M. J., e Nepomuceno, E. G. (2008). Dinâmica de epidemias: Desenvolvimento de uma ferramenta fuzzy para estimação da taxa de infecção em modelos epidemiológicos. In *VII Brazilian Conference on Dynamics, Control and Their Applications*, páginas 604–609, Presidente Prudente, SP, Brasil.
- Barbosa, A. M., Silva, M. X., Pereira, E. B., e Nepomuceno, E. G. (2007). Modelagem e controle da brucelose bovina por meio de modelos baseados em indivíduos. In *VI Brazilian Conference on Dynamics, Control and Their Applications*, São José do Rio Preto, SP, Brasil.
- Barros, L. C., Leite, M. B. F., Oliveira, R. Z. G., e Bassanezi, R. C. (2008). Modelo SIS com dinâmica vital e população total não constante baseado em regras fuzzy. *Biomatemática*, (18):81–90.
- Butler, D. (2009). Swine flu goes global. *Nature*, 458:1082–1083.
- Darwin, C. (1859). *The origin of species*. John Murray, London.
- Dwan, B. (2000). The computer virus - from there to here: An historical perspective. *Computer Fraud and Security*, 12(1):13–16.
- Goldberg, D. e Richardson, J. (1987). Genetic algorithms with sharing for multimodal function optimization. *Proceedings of the second international conference on genetic algorithms*, páginas 41–49.
- Goldberg, D. E. (1989). *Genetic algorithms in search, optimization and machine learning*. Addison Wesley.
- Grimm, V. (1999). Ten years of individual-based modelling in ecology: what have we learned and what could we learn in the future? *Ecological Modelling*, 115(2-3):129–148.
- Grimm, V., Berger, U., Bastiansem, F., Eliassen, S., e Ginot, V. (2006). A standard protocol for describing individual-based and agent-based models. *Ecological Modelling*, 198(2-3):115–126.
- Hethcote, H. W. (2000). The mathematics of infectious diseases. *SIAM Review*, 42(4):599–653.

- Lacerda, M., Texeira, W., e Nepomuceno, E. (2009). Controle da propagação espacial de epidemias: Uma abordagem utilizando agente inteligente. In *Anais do IX Simpósio Brasileiro de Automação Inteligente*, páginas 1–6, Brasília – DF – Brasil.
- Nepomuceno, E. G. (2005). *Dinâmica, Modelagem e Controle de Epidemias*. Tese de Doutorado, Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica, UFMG.
- Nepomuceno, E. G., Aguirre, L. A., Takahashi, R. H. C., Lamperti, R. D., Alvarenga, L. R., e Kurcbart, S. M. (2006). Modelagem de sistemas epidemiológicos por meio de modelos baseados em indivíduos. In *Anais do XVI Congresso Brasileiro de Automática*, páginas 2399–2404, Salvador – BA – Brasil.
- Oliveira, E., Lacerda, M. J., Barbosa, A. M., e Nepomuceno, E. G. (2008). Desenvolvimento de estratégia de controle epidemiológico: Análise espacial e vacinação a partir do foco da doença. In *Anais do XVII Congresso Brasileiro de Automática*, páginas 1–6, Juiz de Fora – MG – Brasil.
- Piqueira, J. R. C., Navarro, B. F., e Monteiro, L. H. A. (2005). Epidemiological models applied to viruses in computer networks. *Journal of Computer Science*, 1(1):31–34.
- Rodrigues, J. M. e Meyer, J. F. C. A. (2007). Estimativa do coeficiente de difusão da influenza aviária (H5N1). *Biomatemática*, (17):111–120.
- Vieira, A. L. e Takahashi, L. T. (2009). A sobrevivência do vírus varicela-zoster. *Biomatemática*, (19):109–124.
- Yang, H. M. (2001). *Epidemiologia matemática: estudo dos efeitos da vacinação em doenças de transmissão direta*. Editora da Unicamp, Campinas.