

Emprego de Redes Complexas para Modelar e Analisar a Disseminação de Microrganismos da Família *Enterobacteriaceae* em Pacientes Mantidos em Unidades de Terapia Intensiva

Use of complex networks to model and analyze the dissemination of microorganisms of enterobacteriaceae family in patients of intensive therapy units

Empleo de redes complejas para modelar y analizar la difusión de Microorganismos de la Familia Enterobacteriaceae en Pacientes del Unidades Terapia Intensivos

Christiane Marie **Schweitzer**¹
Lívia Buzati **Meca**²
Fábio **Bombarda**²
Aleciana Vasconcelos **Ortega**³
Elerson **Gaetti Jardim Júnior**²

¹*Departamento de Matemática. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, UNESP- Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Brasil*

²*Departamento de Patologia e Propedêutica Clínica. Faculdade de Odontologia de Araçatuba, UNESP- Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Brasil*

³*Departamento de Engenharia Elétrica. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, UNESP- Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Brasil*

O desenvolvimento e uso de diferentes metodologias na interferência do processo de crescimento e disseminação de infecções sérias e sistêmicas, em pacientes institucionalizados e mantidos em unidades de tratamento intensivo, é de grande importância para diversas áreas da saúde, principalmente para saúde pública. Neste estudo foram analisados dados clínicos e microbiológicos de pacientes hospitalizados em unidades de terapia intensiva. A interação entre pacientes e cuidadores foi modelada e analisada através de modelos de sistemas dinâmicos e modelos de redes complexas. Através desta análise foi possível identificar valores limiares do processo da disseminação de microrganismos da Família *Enterobacteriaceae*.

Palavras Chave: Disseminação; Infecção; Modelagem e Redes Complexas.

INTRODUÇÃO

A existência de fatores modificadores no estabelecimento e progressão de infecções respiratórias graves e quadros septicêmicos em pacientes atendidos em unidades de terapia intensiva (UTI) torna a utilização e validação de ferramentas capazes de auxiliar na determinação de padrões de comportamento dessas enfermidades bastante úteis para sua melhor compreensão e prevenção. Esses sistemas biológicos apresentam semelhanças significativas com as redes sociais complexas, tanto na sua estrutura como nos diferentes elementos capazes de modificar o comportamento da rede frente a uma determinada característica.

O presente estudo tem por objetivo analisar o processo de disseminação e evolução de doenças respiratórias graves e infecções septicêmicas em pacientes mantidos em tratamento em UTIs através de uso de modelagem dinâmica e de redes sociais associados a fatores ativadores da propagação entre os indivíduos desta rede.

MATERIAL E MÉTODO

Inicialmente, esse estudo de caso tomou como base a epidemiologia de infecções respiratórias graves e infecções septicêmicas de 100 pacientes atendidos em uma UTI de referência regional no Estado de São Paulo. Estes pacientes foram observados, acompanhados e dados referentes ao tempo de internação, histórico médico, uso de medicação, resultado do tratamento instituído e amostras clínicas de secreção respiratória, saliva, biofilme bucal, sangue e urina (esses dois últimos para os pacientes que desenvolveram infecções generalizadas), foram coletados. Os espécimes clínicos foram submetidos à avaliação microbiológica através de cultura e detecção

molecular (DNA) dos principais microrganismos envolvidos com esses quadros infecciosos.

O estudo recebeu aprovação do Comitê de Ética em Pesquisa (Proc. No. 00065/2010 FOA-UNESP). Este estudo permitiu a modelagem de dois cenários:

- **Cenário 1:** evolução da infecção respiratória em pacientes hospitalizados em unidades de tratamento intensivo;
- **Cenário 2:** disseminação de doenças entre pacientes, tendo como fator de propagação a confiança entre profissionais da saúde.

Neste trabalho o cenário 1 foi explorado e analisado através do modelo de sistemas dinâmicos SIR, e o cenário 2 e sua composição foi explorado e analisado através de modelagem de redes sociais complexas com fator de confiança. Assim, abaixo são apresentados alguns conceitos iniciais, os quais foram abordados neste artigo, bem como, identificação das melhores estratégias de modelagem.

1. Modelos de Sistema

Um sistema pode ser definido como um conjunto de objetos agrupados por alguma interação ou interdependência, de modo que existam relações de causa e efeito nos fenômenos que ocorrem com os elementos desse conjunto¹. Um sistema que apresenta um comportamento difícil de ser modelado através do enfoque reducionista em busca de seus constituintes elementares é definido como um “sistema complexo”^{2,3}. A pesquisa em sistemas complexos procura buscar padrões e propriedades gerais que ocorrem em classes distintas de sistemas². Nos sistemas complexos o estado final é a estabilidade, devida suas várias interações dinâmicas entre elementos do sistema.

A modelagem matemática de sistemas complexos é uma área de alta relevância e de tendência mundial, sendo responsável por representar a dinâmica desses sistemas. O processo de desenvolvimento da modelagem matemática com o objetivo de descrever as infecções de transmissão direta é baseado em infecções viróticas ou bacterianas, cuja disseminação ocorre diretamente, através do meio físico, por meio de um contato entre os indivíduos suscetíveis e os indivíduos infectantes ou portadores que podem estar contaminando o ambiente. Esses modelos procuram fornecer informações sobre dois parâmetros epidemiológicos relevantes: a força de infecção e a razão de reprodutibilidade basal⁴. Dentre os modelos matemáticos mais utilizados, destacam-se os baseados em sistemas dinâmicos e os de redes complexas.

1.1. Modelos Dinâmicos Complexos

Os modelos do tipo SIR (suscetível-infectado-recuperado) são bastante utilizados na modelagem da dinâmica de transmissão de doenças infecciosas exógenas. A suposição básica deste tipo de modelo é que um indivíduo pode passar sucessivamente por estágios de suscetibilidade, infecção e recuperação. Algumas simplificações normalmente são adotadas, como: não considerar o período de latência que antecede ao período infeccioso, e assumir que as taxas de natalidade e mortalidade são iguais, com valor m , mantendo a população constante ao longo do tempo. Estes modelos podem incorporar tanto a evolução temporal quanto a dependência etária⁵, representado através da Figura 1.

1.2. Redes Complexas

Uma rede é um conjunto de “nós” e suas conexões. Sistemas complexos que assumem a forma de redes existem em grande quantidade no mundo e

estas podem ser usadas para modelar problemas de várias áreas do conhecimento⁶. Uma rede complexa é uma rede com características topológicas não triviais (grafos aleatórios ou anéis) e os sistemas complexos naturais frequentemente possuem tais topologias. Deve-se ressaltar que redes complexas formam a espinha dorsal dos sistemas complexos, onde cada sistema complexo é uma rede de iterações entre um grande número de elementos pequenos.

Uma rede social pode ser classificada como uma rede complexa, a qual é composta por vértices, que representam pessoas de sexo, nacionalidade, idade e renda diferentes, por arestas, que identificam relações interpessoais, e por pesos nas arestas, que podem representar o grau de conhecimento que uma pessoa tem da outra, constituindo um valor de confiança. Assim, uma rede social complexa é um conjunto de pessoas ou grupos com algum padrão de contato ou interação entre eles⁷, como observamos no ambiente hospitalar.

As redes complexas possuem diferentes modelos representativos, sendo que a representação de Mundo Pequeno é a que mais caracteriza uma rede social complexa, a qual pode ser modelada e analisada. No entanto, o experimento de Milgram⁸ despertou a consciência de um mundo pequeno, pois todas as pessoas do mundo estavam conectadas através de poucas conexões (arestas). Assim, uma das principais propriedades gerais das redes aleatórias, onde as informações (ou qualquer outro elemento) propagam-se rapidamente por toda rede, é conhecida como “Efeito Mundo Pequeno”⁹.

Epidemias de vírus de computadores vêm sendo estudadas com o auxílio de ferramentas de modelagem, como grafos e grafos aleatórios, há pelo menos 3 décadas. Kephart e White¹⁰ fizeram uso de modelos epidemiológicos para investigar disseminação de vírus de computadores em um grafo aleatório orientado

(rede de computadores). Eles mostraram que a proliferação pode ser controlada se a taxa de infecção não exceder um valor limite.

Small et al.¹¹ mostrou que uma pequena introdução de uma topologia de mundo pequeno em um modelo epidemiológico, poderia explicar a

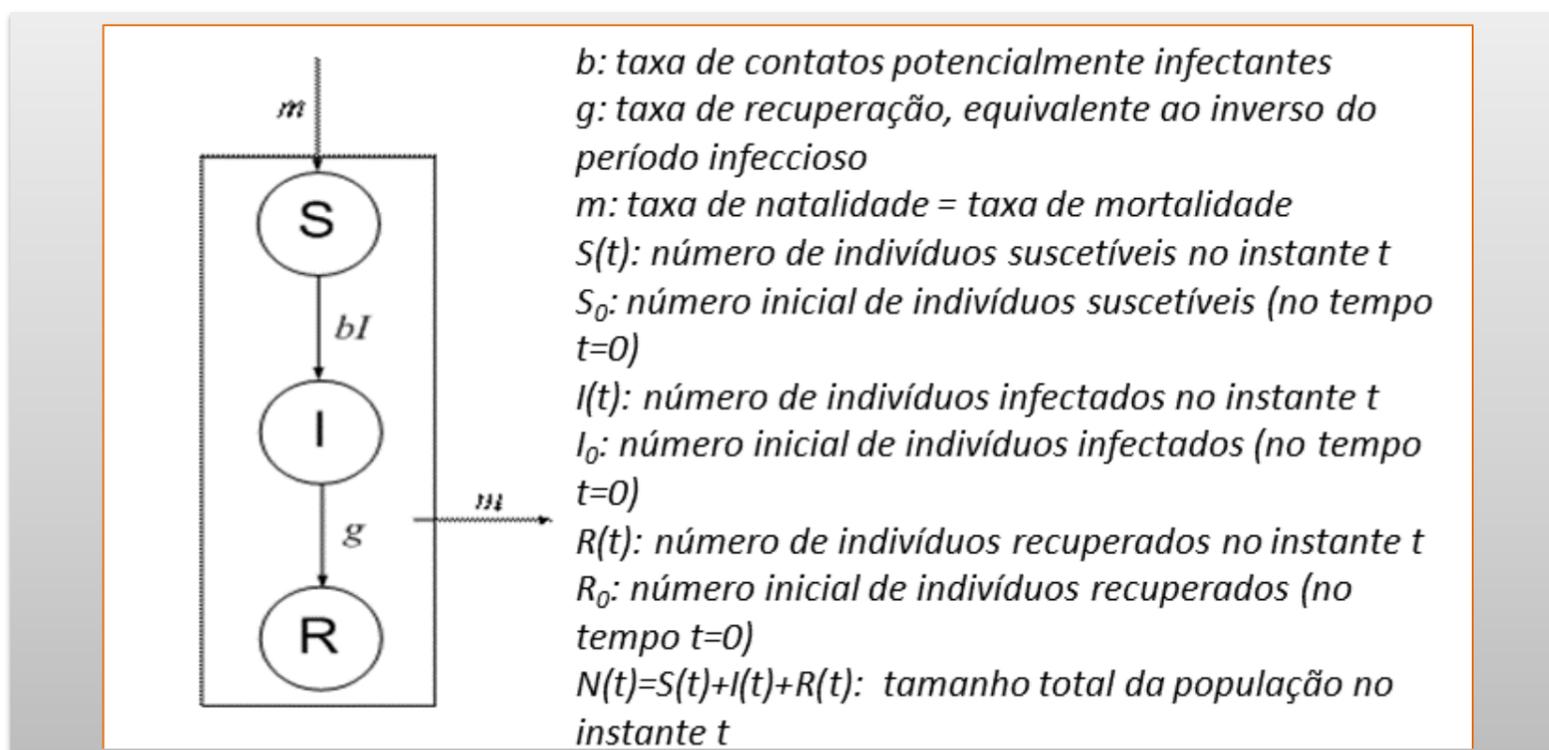


Figura 1. O modelo SIR

flutuação aleatória dos dados reais. Dados reais são frequentemente utilizados para validar as simulações de disseminação sobre redes complexas, como pode ser visualizado em Meyers et al.¹². Estudos recentes no campo da epidemiologia tem mudado a forma de analisar modelos SIS e SIR para abordagens em metapopulações, onde cada nó, na rede, representa um conjunto de indivíduos. Os indivíduos são rotulados como de acordo com classes usuais (S, I ou R) e podem se mover através dos enlaces da rede aos nós adjacentes.

As diversas referências da abordagem de Meyers et al.¹² e Ancel et al.¹³ serão utilizadas no presente estudo, em função das características e propriedades da modelagem realizada, as quais serão detalhadas a seguir.

2. O modelo das redes complexas

O conceito de redes complexas vem cada vez mais sendo empregado em estudos sobre a dinâmica de transmissão e evolução de doenças. Diversos modelos Small et al.¹¹ mostrou que uma pequena introdução de uma topologia de mundo pequeno em um modelo.

2.1. Elementos do sistema

Cada categoria de sistema do mundo real pode ser representada por uma rede complexa através do mapeamento de suas características. Assim, é necessário identificar os elementos que irão compor o modelo da rede complexa e, por consequência, suas interações. Os dados iniciais analisados foram obtidos

a partir do trabalho desenvolvido por Correia¹⁴. Segundo Correia¹⁴, na última década o cirurgião-dentista passou a vivenciar uma rotina pouco comum no segmento odontológico: trabalhar em equipe multidisciplinar, em instituição de saúde especializada em cuidados crônicos ou de cunho hospitalar, com pacientes extremamente dependentes de cuidadores em suas atividades diárias, como alimentação e higiene corporal e bucal. Nessas condições, a importância do atendimento odontológico e da motivação da equipe de enfermagem para a realização de atividades de higiene bucal diária é indispensável.

A transmissão de microrganismos pode ocorrer quando há o contato com o infectado, seja um paciente, um cuidador ou uma ala do ambiente hospitalar. Como observado na Figura 2, onde cada paciente permanece confinado em uma ala, a transmissão *Paciente X Ala* mantém o microrganismo confinado na ala, e a transmissão é local. Na Figura 2, cada cuidador trabalha em diferentes alas, em caso de transmissão *Cuidador X Ala* o microrganismo é transmitido para diferentes alas e conseqüentemente diferentes pacientes, neste caso, o agente transmissor é o cuidador.

A partir desse cenário é possível identificar os elementos que compõem o modelo. Para o devido formalismo seguiremos a notação em concordância com Ancel et al.¹³.

O modelo proposto de redes complexas retrata as interações entre pacientes-alas-cuidadores em um hospital. Como apresentado na Figura 2. Para uma abordagem inicial serão consideradas algumas limitações de modelo: Tratamento de dados oriundos de 3 alas diferentes com 10 pacientes cada, e 20 cuidadores; análise inicialmente da evolução e disseminação de apenas do microrganismos da família *Enterobacteriaceae*. Para uma abordagem inicial considera-se somente a transmissão *Cuidador X Ala* e

Ala X Cuidador, tendo como fator de propagação os cuidadores que trabalham em diferentes alas. É assumido que um paciente confinado em uma ala infectada tem a probabilidade de ser infectado.

2.2. Propriedades do modelo

➤ Evolução do Grafo – distribuição, disseminação

Os cuidadores e alas são representados por nós, a existência de uma ligação *cuidador x ala* é representada por uma aresta que liga os nós, indicando que o cuidador trabalha em determinada ala. No modelo do grafo são consideradas apenas arestas entre *cuidador x ala*, a ligação *ala x ala* é dada indiretamente através de um cuidador que trabalha em duas ou mais alas, o cuidador é considerado o principal agente disseminador do grafo.

➤ Grau de distribuição

O grau da rede (*Degree*) é o número de arestas conectadas a um determinado vértice. Definimos “ p_k ” como o número de vértices da rede que possuem grau igual a k , também é definida a probabilidade de um vértice escolhido aleatoriamente tenha um grau k . A distribuição de grau da rede é dada por um histograma.

➤ Conectividade e diâmetro

Diâmetro é o parâmetro que determina o maior dos menores caminhos entre cada par de vértices, é um parâmetro base para análise do tipo de rede complexa, quanto menor o seu diâmetro mais interconectada será a rede. O cálculo do diâmetro de um grafo a partir é feito a partir de sua matriz de adjacências, e de algoritmos de busca em largura e/ou busca em profundidade, como o Algoritmo de Dijkstra.

A conectividade é o parâmetro que fornece o menor número de vértices cuja retirada desconecta o grafo; é também o parâmetro base para a análise de

tipo de rede complexa: quanto mais fortemente conectado, mais interconectada será a rede.

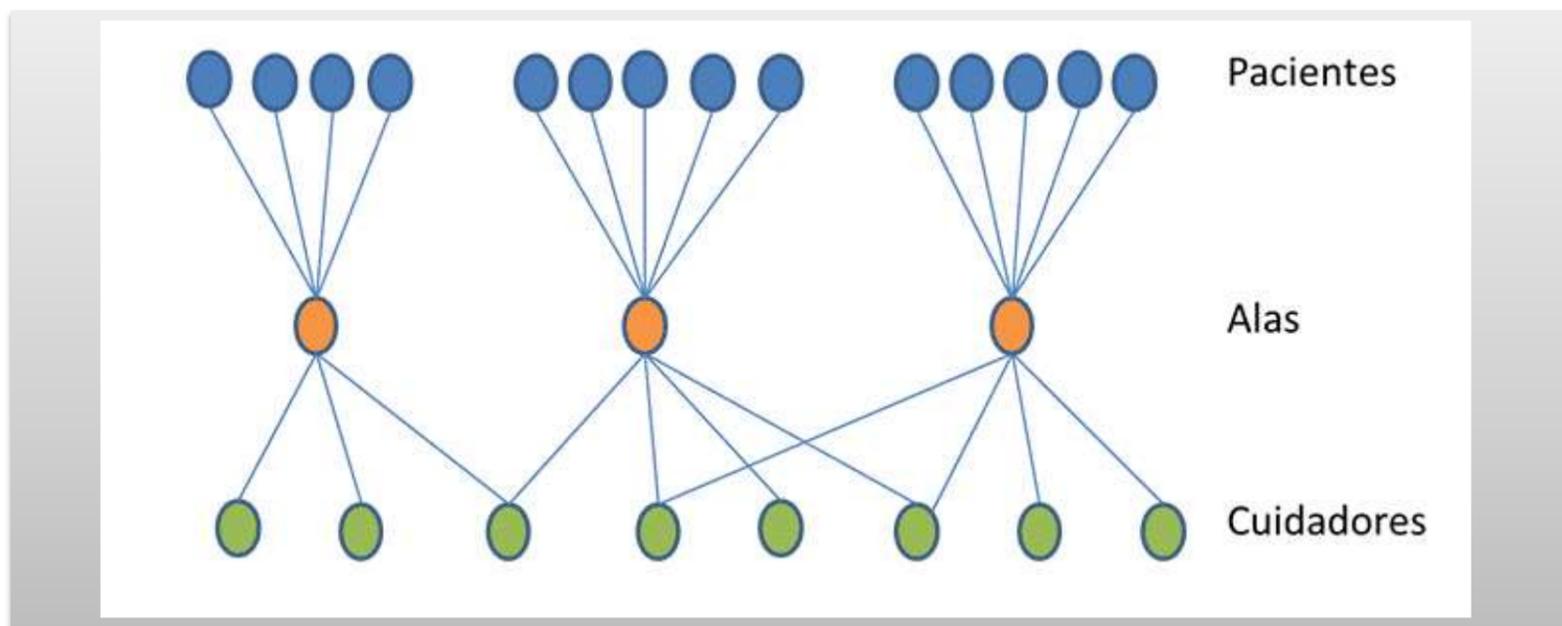


Figura 2. Exemplo do modelo de interações

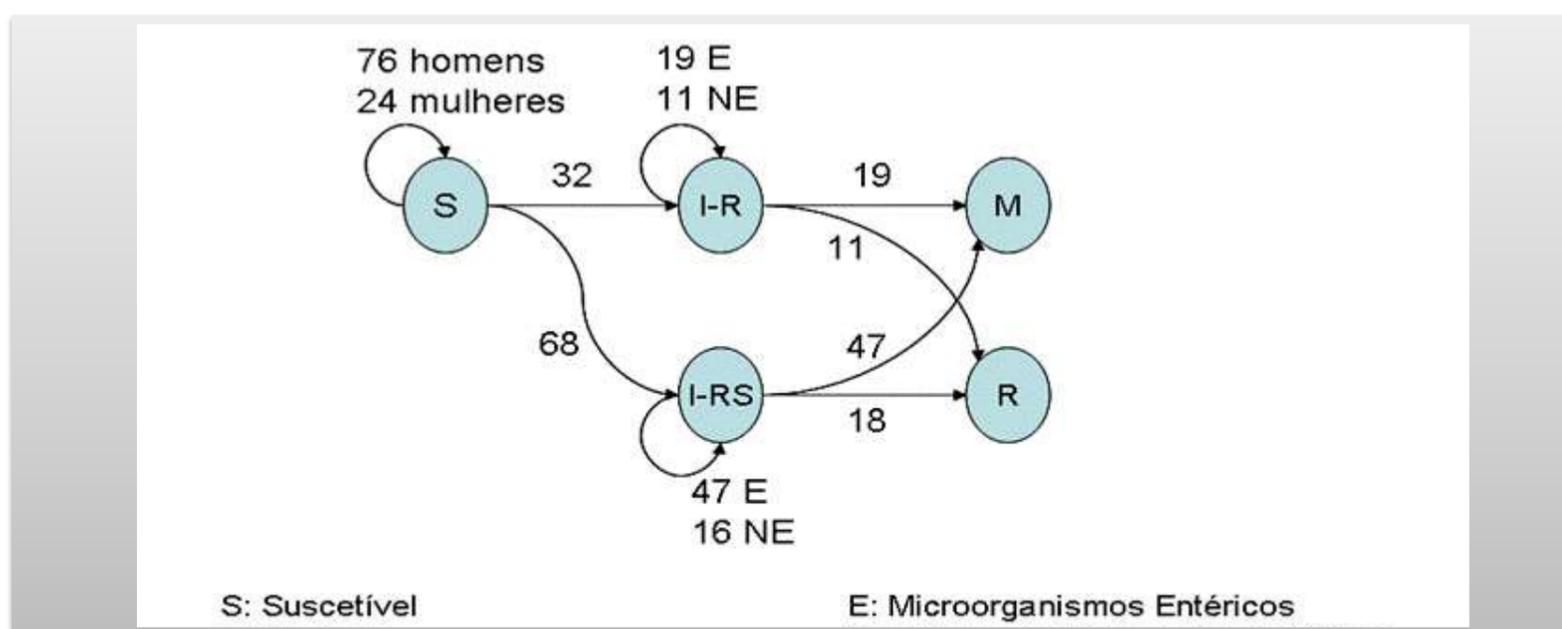


Figura 3. Evolução da infecção e disseminação

➤ Coeficiente de “clusterização”

Coeficiente de clusterização é definido como a razão entre o número de arestas existentes no grafo e o número de arestas possíveis. Parâmetro importante de análise para determinar o tipo de rede complexa que estamos trabalhando, indica a relação do grafo analisado com um grafo totalmente conectado. Os valores do coeficiente de clusterização variam de 0, o valor $cc = 0$ indica um grafo totalmente desconectado com vértices isolados sem nenhuma aresta, o valor $cc = 1$

= 1 indica um grafo totalmente conectado com todos os vértices conectados entre si.

➤ Coeficiente de correlação

Como esses pacientes estão em uma UTI, a confiança em relação à equipe de saúde é máxima, posto que dela, dependem a vida. Assim, dado que um indivíduo (profissional da saúde) é confiável (C), é importante identificar qual a probabilidade de esse indivíduo infectar um paciente, ou seja, $P(I/C)$, ou

ainda, da infecção ser transmitida de um paciente a outro.

Quando modelada através de uma rede, uma doença é transmitida de um nó a outro através dos enlaces (arestas). Uma doença é transmitida através dos enlaces que saem (outcoming) e um nó é infectado através de enlaces que entram no nó (*incomings*). O grau de entrada (*indegree-l*) em um nó é o número de enlaces que entram e o grau de saída (*outdegree-k*) é o número de enlaces que saem do nó. Estas redes seguem uma distribuição da lei de potência.

$$P(k) \propto k^{-\gamma} \text{ e } Q(l) \propto l^{-\gamma} \quad \text{Equação 1}$$

Fazendo uma analogia com o processo de transmissão e infecção, entendemos que a capacidade de um indivíduo transmitir a doença está diretamente relacionada ao grau de confiança a ele atribuído, ou seja, $k \approx C$; e a capacidade de um indivíduo ser infectado, está relacionado ao grau de susceptibilidade deste indivíduo em adquirir a doença, ou seja, $l \approx I$.

$$\therefore P(C) \propto C^{-\gamma} \text{ e } Q(I) \propto I^{-\gamma} \quad \text{Equação 2}$$

Assim, dado que a rede segue a lei de potência, podemos correlacionar as variáveis I (susceptibilidade de infecção) e C (grau de confiança) e identificar seu coeficiente de correlação (r), avaliando o grau de influência do fator confiança na disseminação de infecções, onde

$$r_{IC} = \frac{\sum (I_i - \bar{I})(C_i - \bar{C})}{(n-1)S_I S_C}, \quad \text{Equação 3}$$

onde i é cada indivíduo, S o desvio padrão, e $-1 \leq r \leq 1$.

Atribuindo valores a estes fatores é possível identificar todo o potencial de disseminação de infecções e respectivos limiares de desenvolvimento.

3. Implementação

3.1. Importação de dados

Os dados analisados foram dispostos em uma matriz de adjacências, com a utilização do programa Microsoft Excel. A matriz contém informações sobre as conexões entre cuidadores/alas. A importação dos dados contidos na matriz foi implementada no software Matlab, o comando utilizado foi o *xlsread* que, armazena a matriz na variável m , e os valores referentes ao número de cuidadores e ao número de alas, nas variáveis C e W respectivamente.

A função *geramatriz.m* retorna uma matriz de adjacências m aleatória. Para cada matriz de adjacência m aleatória são obtidos diferentes parâmetros de modelagem e conseqüentemente diferentes resultados sobre a epidemia. Considerando um grande número de simulações utilizando diferentes matrizes aleatórias, são obtidos valores médios para os parâmetros e resultados, que serão tão mais próximos da realidade quanto maior for o número de simulações.

3.2. Modelo

As informações contidas na matriz de adjacências foram utilizadas para construção do modelo matemático, que descreve o comportamento da rede e permite a definição de parâmetros. Os parâmetros que descrevem o modelo foram calculados através das funções *funcaomodelo.m* e *graudarede.m*, implementadas para retornarem valores dos parâmetros listados na tabela abaixo (Tabela 1).

3.3. Coeficientes de probabilidade da rede

Os coeficientes de probabilidade são calculados através das funções implementadas `probpkqk.m`, `mediauwuc.m`, `pgfs.m`, `probtwtc.m`, `probtwtcpoisson.m`.

Tabela 1. Parâmetros do modelo

Parâmetro	Variável
Número de nós	n
Número de arestas	ar
Graus da rede	p
Coeficiente de clusterização	cc
Diâmetro	$diametro$
Conectividade	$conec$

A função `probpkqk` retorna os coeficientes: probabilidade de um cuidador trabalhar em k alas (**pk**); probabilidade de uma ala ter k cuidadores (**qk**) e a probabilidade de dado cuidador trabalhar em uma dada ala (**r**). A função `mediauwuc.m` retorna os parâmetros: média de cuidadores trabalhando em uma ala (**uw**) e média de alas em que um cuidador trabalha (**uc**).

A função `probtwtc.m` retorna os parâmetros: a probabilidade de transmissão de uma ala para um cuidador(**tw**) e a probabilidade de transmissão de um cuidador para uma ala (**tc**).

Assumindo uma distribuição de Poisson `probtwtcpoisson.m` retorna os parâmetros: probabilidade de transmissão de uma ala para um cuidador(**tw**) e a probabilidade de transmissão de um cuidador para uma ala (**tc**).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

No grupo estudado, os pacientes se encontravam em uma unidade de terapia intensiva hospitalar,

apresentando elevado grau de susceptibilidade individual, visto que todos os pacientes internados, admitidos por outros motivos, como trauma e problemas hematológicos, adquiriram infecção, como pode ser observado, simplificada, na Figura 3. Deve-se ressaltar que a quase totalidade desses pacientes era portadora de imunocomprometimento associado a infecções virais, câncer ou idade avançada.

Além da disseminação de infecções é importante avaliar a evolução das infecções nos pacientes, entre homens e mulheres, como detalhado na Figura 3, e realizar uma consolidação dos modelos estudados. Assim, através do presente estudo será possível mapear o comportamento da disseminação e evolução de infecções respiratórias em UTIs através do uso de modelos de sistemas dinâmicos e de rede social complexa, de forma que de posse de dados epidemiológicos pode-se utilizar esses modelos para compreender a dinâmica do processo de doença e sua prevenção.

Modelo de Sistemas Dinâmicos (SIR)

As simulações foram realizadas fazendo uso dos dados apresentados na Figura 3. O comportamento da dinâmica da evolução da doença pode ser visto nas Figuras 4 e 5.

A Figura 4 apresenta o comportamento do estado dos pacientes e a evolução destes para uma infecção respiratória, onde o período de simulação foi de 30 dias, e é possível verificar que a evolução acontece nos primeiros 5 dias, e estabilização.

A Figura 5 apresenta o comportamento do estado dos pacientes e a evolução destes para uma infecção respiratória e sistêmica, onde o período de simulação foi de 30 dias, e é possível verificar que a evolução acontece nos primeiros 3 dias, e posterior estabilização.

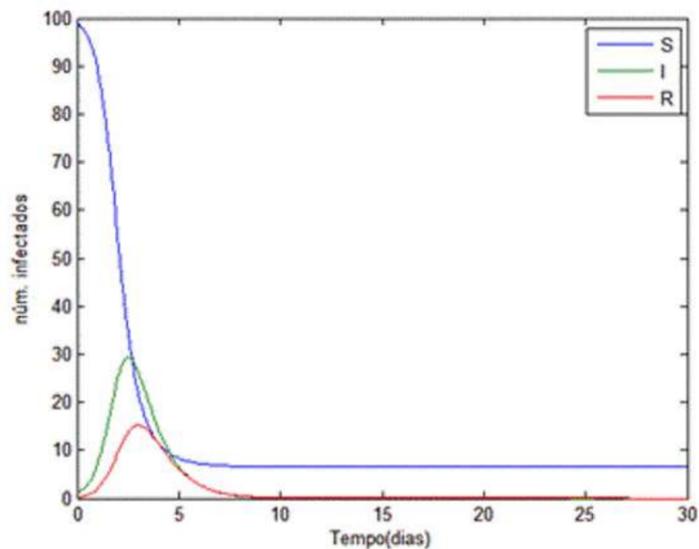


Figura 4. Comportamento de pacientes que evoluíram para infecção respiratória

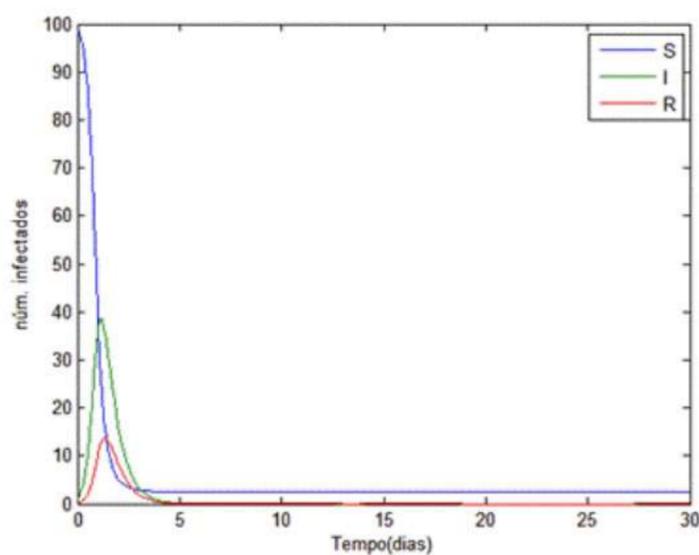


Figura 5. Comportamento de pacientes que evoluíram para infecção respiratória e sistêmica

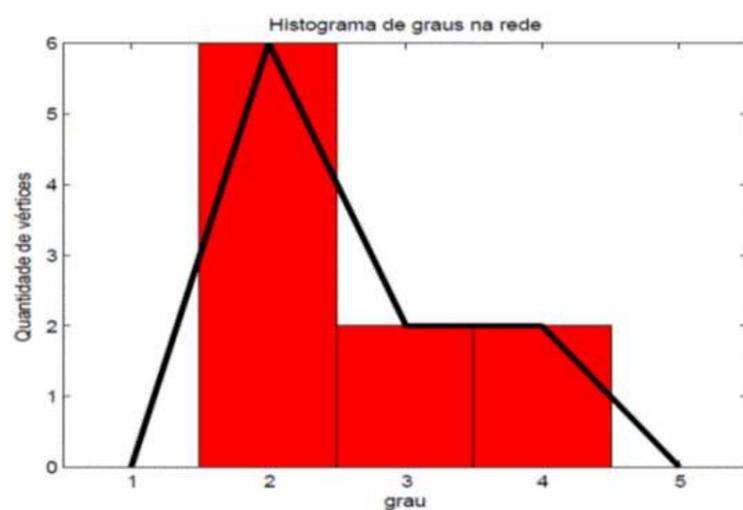


Figura 6. Graus da Rede

Modelo de Redes Complexas

Os parâmetros iniciais e respectivos valores estão apresentados na Tabela 2.

A função `plotgrausdarede.m` fornece os histogramas de graus da rede (Figura 6) e permite uma análise gráfica do comportamento da rede.

As funções `probtwtc.m` e `probtwtcpoisson.m` retorna valores de t_w e t_c chamados de limiares epidêmicos (Figura 7), ou seja, ao assumir tais valores de probabilidades de transmissão ocorre uma epidemia.

As funções `plottwtcpoisson.m` e `plottwtc.m` plotam gráficos para valores de t_w versus t_c , úteis para analisar a variação de tais valores com diferentes valores de u_c e u_w (Figura 8).

Tabela 2. Parâmetros iniciais

Parâmetro	Valor
Número de Alas	3
Número de Cuidadores	20
Número de pacientes por ala	10
Número de Cuidadores por ala	4
Porcentagem inicial de infectados	20%
Probabilidade de Infecção cuidador/ala	0,1
Probabilidade de Infecção ala/cuidador	0,25
Microrganismo observado	família <i>Enterobacteriaceae</i>

Uma epidemia acontece quando t_w e t_c assumem valores limiares (Figuras 7 e 8), foi implementada a função `tamanhoepidemia.m` que retorna parâmetros: número de alas afetadas durante uma epidemia e número de cuidadores afetados durante uma epidemia. Os valores dos parâmetros S_w e S_c são relacionados a

uc e uw, o gráfico plotado pela função plotScSw.m representa essa relação.

O presente trabalho buscou modelar, implementar e analisar 2 cenários através do uso de sistemas dinâmicos e redes sociais complexas.

Cenário 1: evolução da infecção respiratória em pacientes hospitalizados em unidades de tratamento intensivo;

Cenário 2: disseminação de doenças entre pacientes, tendo como fator de propagação a confiança entre profissionais da saúde.

Para isto, foram utilizadas ferramentas estatísticas e de implementação como Matlab. Os testes foram realizados e resultados iniciais obtidos, sobre um conjunto de dados de entrada obtidos através de dados reais de pacientes e de microrganismo.

Através destes testes iniciais já é possível observar o comportamento da evolução de doenças e seu potencial de disseminação, tendo como fator o cuidador. Atualmente, o principal problema consiste em realizar uma análise prévia da disseminação de microrganismos da família *Enterobacteriaceae*, causadora de doenças respiratórias e com quadros sépticos graves em pacientes institucionalizados.

A teoria dos grafos foi aplicada e os pacientes, enfermeiros e demais membros da equipe de saúde, bem como as alas foram representadas pelos nós. As interações ocorrem entre enfermeiro/ala ou paciente/ala, de forma que, a disseminação tem probabilidade de ocorrer baseado nessas interações. Foram estabelecidos limiares de uma possível epidemia, onde foram levados em conta diversos parâmetros, com o tratamento de variáveis aleatórias e probabilidades relevantes para a análise. Os resultados mostram que a teoria de redes possibilita uma análise direta e eficaz de certos problemas, mas há um porém,

não foi construído um modelo geral, ou seja, cada caso deve ser analisado e modelado de forma particular. Uma ressalta é o período de incubação de cada doença que deve ser levada em conta. Os resultados mostram que um enfermeiro ou profissional de saúde de outra formação tem menos chance de contrair a doença, mesmo o contato sendo o mesmo que um dado paciente está exposto, isso pode causar confusão entre os profissionais e levar a conclusões precipitadas e incoerentes.

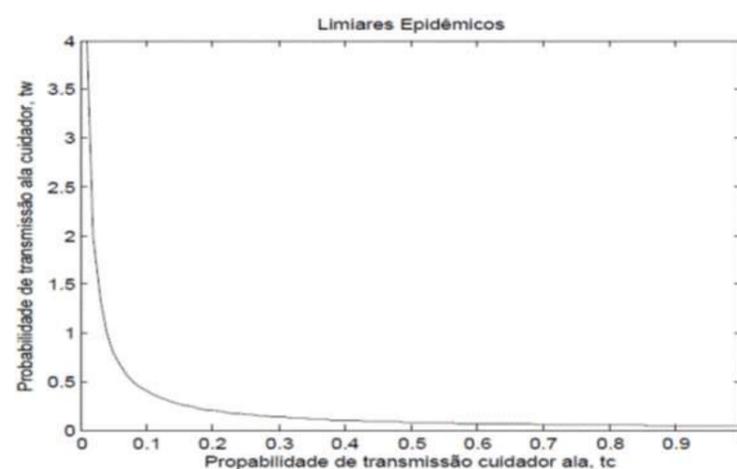


Figura 7. Limiares Epidêmicos Sem Poisson

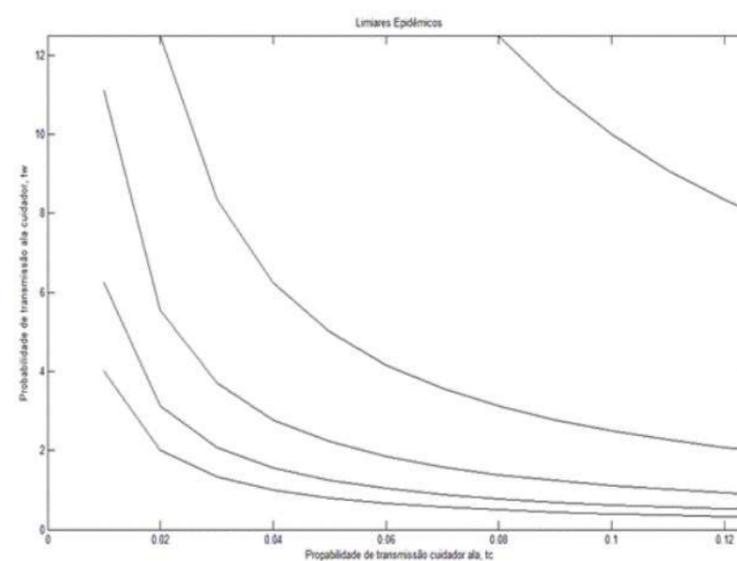


Figura 8. Limiares Epidêmicos com Poisson

CONCLUSÃO

Através deste estudo foi possível identificar que o uso do modelo de sistemas dinâmicos SIR e o de redes complexas permitiu avaliar o comportamento de

evolução de doenças relacionadas ao microrganismo da família *Enterobacteriaceae* no que tange a evolução e transmissão deste em ambientes hospitalares fechados.

O modelo SIR mostra a evolução do quadro geral do paciente em um período de 30 dias, permitindo aos profissionais da saúde tomar ações proativas, e não reativas. Este tipo de análise permite realizar, em abordagens futuras, o mapeamento desta evolução tomando como base protocolos medicamentosos.

O modelo de redes complexas permite identificar limiares epidêmicos, possibilitando uma administração mais otimizada do ambiente hospitalar, definindo uma proporção quantitativa adequada na alocação de cuidadores, alas e pacientes.

Para trabalhos futuros, os autores tem por objetivo melhorar os modelos desenvolvidos e realizar testes de simulação adicionais, a fim de avaliar o comportamento de evolução de doenças e disseminação de outros microrganismos. Em função da riqueza de dados clínicos e microbiológicos que estão sendo processados, pelas dimensões da própria amostra em estudo.

ABSTRACT

*Nowadays the studies of different methodologies to interfere in the growing and spread of serious infections and systemic status in institutionalized patients those kept on intensive therapy units are relevant to understanding these complex systems and bring benefits to several health areas, particularly public health. In this study, it was analyzed the clinical and microbiological data from patients hospitalized in intensive therapy units. The interaction between patients and caregivers was modeled and analyzed using dynamic system model and complex network theory, identifying outbreaks values of microorganisms of *Enterobacteriaceae* Family.*

Keywords: *Dissemination, Infections, Modeling and Complex Networks.*

RESUMEN

*El desarrollo y la utilización de diferentes metodologías de interferencia en el crecimiento y la propagación de las infecciones graves y sistemáticas en institucionalizado y se mantienen en pacientes de la unidad de cuidados intensivos, el proceso es de gran importancia para muchas áreas de la salud, especialmente para la salud pública. En este estudio, se analizaron los datos clínicos y microbiológicos de los pacientes hospitalizados en unidades de cuidados intensivos. La interacción entre los pacientes y los cuidadores fue modelada y analizada usando modelos de sistemas dinámicos y modelos de redes complejas. A través de este análisis, fue posible identificar los valores de umbral del proceso de la evolución de la familia *Enterobacteriaceae*.*

Palabras clave: *Diseminación, Infección, Modelo y Redes Complejas.*

REFERÊNCIAS

1. Monteiro LHA. Sistemas dinâmicos, São Paulo: Livraria da Física; 2002.p 504.
2. Bak P. How Nature Works. The Science of self-organized criticality. Nies Bohr Institute. Copenhagen, Denmark. Oxford Melbourne Tokyo, Oxford Univesity Press. 1997.
3. Macau EEN. Sistemas Complexos e Complexidade. In: In: I Congresso Temático de Dinâmica, Controle e Aplicações. 1.ed. São José do Rio Preto: UNESP; 2002.p.29-49.
4. Yang HM. Epidemiologia matemática: estudo dos efeitos da vacinação em doenças de transmissão direta. Campinas: Unicamp; 2001.
5. Amaku M, Coutinho FAB, Azevedo RS, Burattini MN, Lopez LF, Massad E. Vaccination against rubella: analysis of the temporal evolution of the age-dependent force of infection and the effects of different contact patterns. Phys Rev E Stat Nonlin Soft Matter Phys.

- 2003; 67(5 Pt 1):.
6. Newman M. The structure and function of complex networks. *Siam Rev.* 2003; 45(2): 167-256.
 7. Boccaletti S, Latora V, Moreno Y, Chavez M, Hwang D-U. Complex networks: structure and dynamics. *Physics Rep.* 2006; 424: 175-308.
 8. Watts DJ. Six degrees: the science of a connected age. Norton & Company. 2003.
 9. Barabasi AL. Linked: how everything is connected to everything else and what it means for business, Science and Everyday Life. Plume. 2003.
 10. Kephart JO, White SR. Directed-graph epidemiological models of computer viruses. *IEEE Comp Soc Sympos Res Security Privacy.* 1991; 343-59.
 11. Small M, Shi P, Tse CK. Plausible models for propagation of the sars virus. *IEICE Trans Fundam Electron Commun Comput Sci.* 2004; 87-A(9): 2379-86.
 12. Meyers LA, Newman MEJ, Martin M, Schrag S. Applying network theory to epidemics: control measures for outbreaks of mycoplasma pneumoniae. *Emerg Infect Dis.* 2001; 9(2): 204-10.
 13. Ancel LW, Newman MEJ, Martin M, Schrag S. Applying network theory to epidemics: control measures for Mycoplasma pneumoniae Outbreaks. *Emerg Infect Dis J.* 2003; 9: 2.
 14. Correia ASC. Saúde bucal de pacientes com desordens neurológicas e nutrição enteral - análise microbiológica por cultura e PCR da secreção salivar, orofaríngea, de mucosa oral, do biofilme supra e subgingival, análise bioquímica da saliva e protocolo de prevenção. Tese de Doutorado. Faculdade de Odontologia de Araçatuba, SP, 2012.

Correspondência**Christiane Marie Schweitzer**

Departamento de Matemática.

Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira,

Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho",

UNESP, Brasil

chris@mat.feis.unesp.br

Submetido em 14/12/2013**Aceito em** 07/01/2014