

MODELO PROBABILÍSTICO PARA O RISCO DE INFECÇÃO EM DOENÇAS DE TRANSMISSÃO DIRETA

PROBABILISTIC MODEL FOR THE INFECTION RISK IN DIRECT TRANSMISSION OF DISEASES

Jair Ferreira¹, Vanessa Bielefeldt Leotti Torman²

RESUMO

Revista HCPA. 2013;33(1):96-102

¹Departamento de Medicina Social,
Universidade Federal do Rio Grande
do Sul (UFRGS).
Porto Alegre, RS, Brasil.

² Departamento de Estatística,
Universidade Federal do Rio Grande
do Sul (UFRGS).
Porto Alegre, RS, Brasil.

Contato:

Jair Ferreira
jferreira@hcpa.ufrgs.br
Porto Alegre, RS, Brasil.

INTRODUÇÃO: Questiona-se se, em situações em que o indivíduo tem múltiplos contatos ao azar com possíveis portadores de um determinado germe patogênico, o risco de infecção pode ser alto, mesmo quando a prevalência de portadores e a infectividade do germe forem baixas.

OBJETIVOS: Objetivou-se estabelecer a probabilidade de um indivíduo tornar-se infectado após um determinado número de contatos com possíveis portadores do germe.

MÉTODOS: O trabalho foi desenvolvido de forma totalmente teórica, fazendo uso de análise combinatória, indução e dedução e conceitos da teoria de probabilidades.

RESULTADOS: Obteve-se que a probabilidade de um indivíduo infectar-se após c contatos ao azar (com pessoas infectadas ou não) é dada pela expressão $1 - (1 - \pi\gamma)^c$, onde π é a prevalência da infecção entre os contatantes e γ é a infectividade do germe. Esta expressão permite inferir que o número de contatos necessários para um indivíduo ser infectado é uma variável aleatória com distribuição Geométrica de parâmetro $\pi\gamma$.

CONCLUSÃO: Conclui-se, aplicando a expressão deduzida, que a probabilidade de infectar-se pode ser alta, mesmo que a prevalência e a infectividade do germe sejam baixas, desde que ocorra um grande número de exposições à fonte de infecção.

Palavras-chave: Doenças transmissíveis; probabilidade

ABSTRACT

BACKGROUND: The main question is whether, in situations where the individual has multiple contacts randomly with possible carriers of a particular pathogenic germ, the risk of infection can be high even when the prevalence of carriers of the germ and infectivity are low.

AIMS: This study aimed to establish the probability of an individual becoming infected after a certain number of contacts with possible carriers of the germ.

METHODS: The study was conducted in a completely theoretical way, using combinatorics, induction and deduction and concepts of probability theory.

RESULTS: It was found that the probability of an individual becoming infected after c contacts at random (with infected persons or not) is given by the expression $1 - (1 - \pi\gamma)^c$, where π is the prevalence of infection among contacted and γ is the infectivity of the germ. This expression allows us to infer that the number of contacts required for an individual to be infected is a random variable with a Geometric distribution of parameter $\pi\gamma$.

CONCLUSION: In conclusion, by applying the expression deduced it was noticed that the probability of becoming infected may be high even though the prevalence and infectivity of the germ are low, provided that there is a large number of exposures to the source of infection.

Keywords: Transmission of diseases; probability

A probabilidade de um indivíduo infectar-se com um agente infeccioso qualquer tem relação com a infectividade deste microrganismo. Infectividade é a capacidade que têm certos organismos (agentes infecciosos) de penetrar e de se desenvolver ou de se multiplicar no novo hospedeiro. A infectividade do agente pode ser alta, como no caso do vírus da gripe, ou baixa, como no caso de certos fungos (1). A única forma objetiva de obter uma medida da infectividade (y) de um agente infeccioso é conhecendo o número dos que se infectam entre aqueles que se expõem. Evidentemente, essa relação só é válida como medida da infectividade quando todos os expostos se expuseram uma única vez. Neste caso, a medida da infectividade será igual à probabilidade dos expostos se infectarem. Isto é,

$$y = \frac{\text{N}^\circ \text{ de indivíduos infectados em uma única exposição}}{\text{N}^\circ \text{ de indivíduos expostos uma única vez}}$$

Usando o conceito de Probabilidade Condicional da Teoria da Probabilidade, podemos também definir que $y = P(Y=1|N_{ct}=1)$, onde $y=1$ se o indivíduo é infectado e $y=0$ caso contrário, e N_{ct} é o número de contatos com indivíduos infectados. A notação $P(A|B)$ significa que se está calculando a probabilidade do evento A ocorrer dado que o evento B ocorreu. No caso específico, a infectividade é a probabilidade de um indivíduo infectar-se sabendo-se que teve apenas um contato com outro indivíduo infectado.

Quando, porém, existe a possibilidade de múltiplas exposições ao agente infeccioso, como é o caso, por exemplo, de pacientes internados em CTI, que frequentemente são manipulados por profissionais de saúde que podem estar infectados (ou colonizados) por algum germe patogênico, a probabilidade de infectar-se deve aumentar com o aumento do número de contatos e ser maior que a medida da infectividade.

Em doenças de transmissão direta (pessoa a pessoa), a probabilidade de um indivíduo ser exposto ao agente terá relação com a prevalência (π) da infecção na população com a qual o indivíduo mantém contatos. Quando $\pi=0$, a probabilidade de ser exposto será também igual a zero; quando $\pi=1$, todos os contatos pessoa a pessoa que o indivíduo mantiver corresponderão a exposições

ao agente. Quando a prevalência da infecção na população for um valor qualquer entre zero e um, a probabilidade de exposição ficará também entre zero e um.

O objetivo principal deste trabalho era encontrar a expressão matemática que descrevesse a probabilidade de um indivíduo suscetível infectar-se com determinado agente infeccioso, levando em consideração a infectividade desse agente, sua prevalência na população e o número de contatos ao azar que o suscetível estabeleça com pessoas dessa população. A partir disto calculou-se a probabilidade de infectar-se em diferentes contextos de prevalência, de infectividade e de número de contatos para verificar se, mesmo num contexto de baixa prevalência e baixa infectividade, a probabilidade de infectar-se pode ser alta se o número de contatos for suficientemente grande (e verossímil).

MÉTODOS

A demonstração do modelo probabilístico de interesse foi desenvolvida por meio de conceitos de análise combinatória, indução, dedução e teoria das probabilidades.

Etapa 1: Cálculo da probabilidade de infectar-se após um determinado número de contatos com indivíduos portadores do agente.

Nesta etapa, o objetivo era encontrar a probabilidade de um indivíduo ser infectado após c contatos com pessoas infectadas, isto é, $P(Y=1|N_{ct}=c)$.

Para calcular essa probabilidade, imaginemos uma situação teórica em que 10.000 indivíduos suscetíveis não infectados ($S=10.000$) mantenham 1, 2, 3 e 4 contatos com portadores de um germe cuja infectividade seja igual a 0,1 ($Y=0,1$).

O número esperado (ou esperança) de uma variável aleatória significa o valor que se espera que ocorra no experimento se ele for repetido muitas vezes.

Na situação da Tabela 1, se fôssemos capazes de observar vários conjuntos de 10000 indivíduos suscetíveis, em média esperaríamos 1.000 indivíduos infectados após 1 contato em cada um desses conjuntos, por exemplo. Da Tabela 1, temos que:

Tabela 1: Situação hipotética com 10000 indivíduos suscetíveis.

Número de contatos (c)	1	2	3	4
Suscetíveis (não infectados) antes dos c contatos (S_A)	10.000	9000	8100	7290
Nº esperado de infectados após c contatos ($E = \gamma S_A$)	1000	900	810	729
Nº esperado acumulado dos infectados após c contatos ($\sum_{j=1}^c E_j$)	1000	1900	2710	3349
Suscetíveis (não infectados) após c contatos ($S_B = S_A - E$)	9000	8100	7290	6561
Probabilidade de infectar-se após c contatos ($\sum_{j=1}^c \frac{E_j}{S}$)	0,1	0,19	0,271	0,3349
Probabilidade de não se infectar após c contatos ($1 - \sum_{j=1}^c \frac{E_j}{S}$)	0,9	0,81	0,729	0,6561

$$P(\text{Indivíduo não ser infectado após 1 contato}) = P(Y = 0 | N_{CI} = 1) = 1 - \frac{\sum_{j=1}^1 F_j}{S} = 1 - \gamma = 1 - 0,1 = 0,9$$

$$P(\text{Indivíduo não ser infectado após 2 contatos}) = P(Y = 0 | N_{CI} = 2) = (1 - \gamma)(1 - \gamma) = (1 - \gamma)^2 = 0,81$$

$$P(\text{Indivíduo não ser infectado após 3 contatos}) = P(Y = 0 | N_{CI} = 3) = (1 - \gamma)^3 = 0,729$$

induz-se que, após c contatos com indivíduos infectados: $P(Y = 0 | N_{CI} = c) = (1 - \gamma)^c$. Logo,

$$P(Y = 1 | N_{CI} = c) = 1 - P(Y = 0 | N_{CI} = c) = 1 - (1 - \gamma)^c$$

Seja agora a variável C' , o número de contatos pessoais com indivíduos infectados necessários até que um suscetível seja infectado. Temos que, no nosso exemplo,

$$P(C' \leq 1) = P(C' = 1) = \frac{1000}{10000} = 0,1 = P(Y = 1 | N_{CI} = 1)$$

$$P(C' \leq 2) = P(C' = 1) + P(C' = 2) = \frac{1000}{10000} + \frac{900}{10000} = 0,19 = P(Y = 1 | N_{CI} = 2)$$

$$P(C' \leq 3) = P(C' = 1) + P(C' = 2) + P(C' = 3) = \frac{1000}{10000} + \frac{900}{10000} + \frac{810}{10000} = 0,271 = P(Y = 1 | N_{CI} = 3)$$

Novamente por indução, conclui-se que $P(C \leq c) = P(Y = 1 | N_{CI} = c) = 1 - (1 - \gamma)^c$ que é a função de distribuição acumulada da distribuição Geométrica $(1 - \gamma)$ (2)

Etapa 2: Cálculo da probabilidade de infectar-se após um determinado número de contatos com indivíduos quaisquer da população (que podem estar infectados ou não).

Seja N_c o número de contatos com pessoas infectadas ou não que um indivíduo realiza. Nesta etapa, deseja-se conhecer a probabilidade de um indivíduo ser infectado dado que realizou c contatos quaisquer, $P(Y = 1 | N_c = C)$.

A probabilidade de um indivíduo ter determinado número de exposições ao agente infeccioso depende da prevalência (π) da infecção na população e do número de contatos pessoa a pessoa (c) que esse indivíduo mantém dentro dessa população num

período considerado. Seja X o número de exposições ao agente infeccioso que o indivíduo é suscetível. Ele poderá ter a “suprema sorte” de que nenhum desses contatos ocorra com indivíduos infectados, ou seja, nenhuma exposição ao agente ($x = 0$), ou o “supremo azar” de que todos os contatos ocorram com indivíduos infectados ($x = c$). O número de exposições ao agente infeccioso ($X = x$), portanto, poderá assumir qualquer valor entre zero e c.

Assim, se um indivíduo teve c contatos ($N_c = c$) dos quais x eram infectados ($X = x$), isto é o mesmo que o indivíduo ter x contatos apenas com indivíduos infectados ($N_{CI} = x$). Ou seja:

$$P(Y = 1|N_c = c, X = x) = P(Y = 1|N_{cI} = x)$$

Pelo Teorema da Probabilidade Total (2), tem-se que:

$$P(Y = 1|N_c = c) = \sum_{x=0}^c P(X = x)P(Y = 1|N_c = c, X = x) =$$

$$\sum_{x=0}^c P(X = x)P(Y = 1|N_{cI} = x) = \sum_{x=0}^c P(X = x)[1 - (1 - \gamma)^x]$$

Ou seja, a probabilidade de infectar-se após c contatos é dada pelo somatório dos produtos de todas as probabilidades de $X = x$ vezes a probabilidade de infectar-se num contato com pessoa portadora do agente infeccioso, quando x varia entre zero e c .

Agora, é necessário entender como a $P(X = x)$ depende da prevalência (π) da infecção na população. Suponhamos uma população teórica de 10 pessoas ($h = 10$) entre as quais há 4 infectados ($w = 4$), sendo portanto a prevalência da infecção

$$\pi = \frac{w}{h} = \frac{4}{10} = 0,4$$

. Vamos designar os 10 indivíduos da população por B, F, J, K, L, M, N, O, Q, R e T, sendo que os 4 primeiros (B, F, J e K) são os infectados. Suponhamos agora que o indivíduo T mantenha 5 contatos pessoa a pessoa, ao azar nessa população. Qual a probabilidade de que 3 desses

contatos ocorram com indivíduos infectados?

Mais de um contato com a mesma pessoa pode ocorrer, por exemplo: Q-R-J-K-J, J-J-N-Q-R, F-L-M-N-O, R-R-R-L-R, B-B-B-B-B... O número total de possibilidades do indivíduo T ter 5 contatos ao azar nessa população será calculado pelo número de arranjos com repetição de 10 elementos tomados 5 a 5, isto é, $AR_{10}^5 = 10^5 = 100.000$ (3). Para uma população geral de tamanho h e um indivíduo que manterá c contatos, o número total de possibilidades será $AR_c^h = h^c$.

Dentro de 100.000 modos possíveis de ter 5 contatos, há μ situações em que 3 desses contatos ocorrem com infectados ($X = 3$). Logo,

$$P(X = 3) = \frac{\mu}{100.000}$$

Para calcular o valor de μ neste exemplo, é necessário calcular quantos arranjos com repetição são possíveis em 3 contatos efetivados ao azar com quaisquer dos 4 indivíduos infectados, quantos arranjos de repetição são possíveis em 2 contatos ao azar efetivados com quaisquer dos 6 indivíduos não infectados e de quantas maneiras essas duas séries de arranjos com repetição podem se associar e se combinar uma com a outra. No Quadro 1 temos as duas séries para o exemplo considerado.

Quadro 1: Séries de contatos possíveis entre indivíduos para o exemplo.

Série 1: Sequências possíveis para os 3 contatos com indivíduos infectados (B, F, J e K)				Série 2: Sequências possíveis para os 2 contatos com indivíduos não infectados (L, M, N, O, Q e R)		
01)BBB	17)FBB	33)JBB	49)KBB	01)LL	13)NL	25)QL
02)BBF	18)FBF	34)JBF	50)KBF	02)LM	14)NM	26)QM
03)BBJ	19)FBJ	35)JBJ	51)KBJ	03)LN	15)NN	27)QN
04)BBK	20)FBK	36)JBK	52)KBK	04)LO	16)NO	28)QO
05)BFB	21)FFB	37)JFB	53)KFB	05)LQ	17)NQ	29)QQ
06)BFF	22)FFF	38)JFF	54)KFF	06)LR	18)NR	30)QR
07)BFJ	23)FFJ	39)JFJ	55)KFJ	07)ML	19)OL	31)RL
08)BFK	24)FFK	40)JFK	56)KFK	08)MM	20)OM	32)RM
09)BJB	25)FJB	41)JJB	57)KJB	09)MN	21)ON	33)RN
10)BJF	26)FJF	42)JFF	58)KJF	10)MO	22)OO	34)RO
11)BJJ	27)FJJ	43)JJJ	59)KJJ	11)MQ	23)OQ	35)RQ
12)BJK	28)FJK	44)JJK	60)KJK	12)MR	24)OR	36)RR
13)BKB	29)FKB	45)JKB	61)KKB			
14)BKF	30)FKF	46)JKF	62)KKF			
15)BKJ	31)FKJ	47)JKJ	63)KKJ			
16)BKK	32)FKK	48)JKK	64)KKK			

Na série 1, há 64 ordenações possíveis para os 3 contatos com infectados, que nada mais são do que os arranjos com repetição de 4 elementos tomados 3 a 3, isto é, arranjos com repetição de w elementos tomados x a x . ou seja:

$$AR_x^w = w^x = 4^3 = 64$$

Na série 2, há 36 ordenações possíveis para os 2 contatos com indivíduos não infectados, que são arranjos com repetição de 6 ($h - w$) elementos tomados 2 a 2 ($c - x$). Ou seja,

$$AR_{c-x}^{h-w} = (h - w)^{c-x} = 6^2 = 36$$

Cada um dos arranjos de uma série pode

estar associado a qualquer um dos arranjos da outra série. No nosso exemplo haveria 2.304 associações possíveis, isto é, 64×36 . Cada uma dessas associações comporta um certo número de combinações. Para calcular esse número de combinações, tomemos como exemplo uma dessas associações, os arranjos de número 28 da série 1 – FJK, com o de número 13 da série 2 – NL.

Há 4 posições possíveis em que os contatos N e L podem ocorrer combinados com os contatos com F, J e K, respeitando-se a ordem desses contatos: antes do contato com F, entre os contatos com F e J, entre os contatos com J e K e após o contato com J. Nessas 4 posições, podem-se combinar os dois contatos não infectados. As possíveis combinações então serão: NLFJK, NFLJK, NFJLK, NFJKL, FNLJK, FNJLK, FNJKL, FJNLK, FJNKL e FJKNL. Estas possibilidades são combinações com repetição de 4 tomadas de 2 a 2, isto é, combinações de repetição de $x + 1$ tomadas de $c - x$ a $c - x$. Da teoria de análise combinatória (3) sabe-se que,

$$CR_{c-x}^{x+1} = (x + 1) \frac{(x + 1) + (c - x + 1)}{(c - x)!}$$

no nosso caso, $CR_2^4 = (3 + 1) \frac{(3 + 1) + (5 - 3 - 1)}{(5 - 3)!} = 4 \frac{5}{2} = 10$

Assim, o número μ de situações em que 3 dos 5 contatos do indivíduo T ocorrem com infectados pode ser calculado por:

$$u = CR_{c-x}^{x+1} \times AR_x^w \times AR_{c-x}^{h-w} = (x + 1) \frac{(x + 1) + (c - x + 1)}{(c - x)!} w^x (h - w)^{c-x}$$

No exemplo usado, $\mu = 10 \times 4^3 \times 6^2 = 23040$. Logo, a probabilidade de $X = 3$ será dada por :

$$P(X = 3) = \frac{23040}{100.000} = 0,2304$$

Para um número x de exposições ao agente infeccioso, temos:

$$P(X = x) = \frac{u}{h^c} = \frac{CR_{c-x}^{x+1} \times AR_x^w \times AR_{c-x}^{h-w}}{h^c} = \frac{CR_{c-x}^{x+1} \times w^x \times (h - w)^{c-x}}{h^x \times h^{c-x}} CR_{c-x}^{x+1} \times \left(\frac{w}{h}\right)^x \times \left(\frac{h - w}{h}\right)^{c-x}$$

$$= CR_{c-x}^{x+1} \times \left(\frac{w}{h}\right)^x \times \left(1 - \frac{w}{h}\right)^{c-x}$$

Como $\pi = \frac{w}{h}$, ou seja, o termo $\frac{w}{h}$ nada mais é que a prevalência da infecção, temos que:

$P(X = x) = CR_{c-x}^{x+1} \times (\pi)^x \times (1 - \pi)^{c-x}$ e, $CR_z^t = \binom{t+z-1}{z} = \binom{t+z-1}{t-1}$ ou seja, a combinação com repetição de t elementos tomados z a z é igual a combinação simples de $t + z - 1$ elementos tomados $t - 1$ a $t - 1$, temos:

$$P(X = x) = \binom{x+1+c-x-1}{x+1-1} \times (\pi)^x \times (1 - \pi)^{c-x} = \binom{c}{x} \times (\pi)^x \times (1 - \pi)^{c-x}$$

Assim, X , o número de exposições ao agente infeccioso que o indivíduo é suscetível ao ter c contatos é uma variável aleatória com distribuição Binomial (c, π) .

Voltando a equação 1, temos:

$$P(Y = 1 | N_c = c) = \sum_{x=0}^c P(X = x) [1 - (1 - \gamma)^x]$$

$$\begin{aligned}
 &= \sum_{x=0}^c \binom{c}{x} \times (\pi)^x \times (1 - \pi)^{c-x} \times [1 - (1 - \gamma)^x] \\
 &= \sum_{x=0}^c \binom{c}{x} \times (\pi)^x \times (1 - \pi)^{c-x} - \sum_{x=0}^c \binom{c}{x} \times (\pi)^x \times (1 - \pi)^{c-x} \times (1 - \gamma)^x \\
 &= \sum_{x=0}^c \binom{c}{x} \times (\pi)^x \times (1 - \pi)^{c-x} - \sum_{x=0}^c \binom{c}{x} \times (\pi - \pi\gamma)^x \times (1 - \pi)^{c-x}
 \end{aligned}$$

Esta última expressão é a diferença entre dois binômios de Newton, do tipo

$$(\alpha + b)^c = \sum_{x=0}^c \binom{c}{x} \times (\alpha)^x \times (b)^{c-x}$$

onde na primeira soma toma-se $a = \pi$ e $b = 1 - \pi$, e na segunda, $a = \pi - \pi\gamma$ e $b = 1 - \pi$, o que resulta em

$$P(Y = I | Nc = c) = (\pi + 1 - \pi)^c - (\pi - \pi\gamma + 1 - \pi)^c = (1)^c - (1 - \pi\gamma)^c = 1 - (1 - \pi\gamma)^c$$

Chamemos de variável C , o número de contatos pessoais (com pessoas infectadas ou não) para que um indivíduo seja infectado. É importante notar a diferença entre C e c definida anteriormente, já que esta última também é o número de contatos necessários para um indivíduo infectar-se, mas com a restrição de que todos os contatantes estejam infectados.

Fazendo o mesmo raciocínio feito com a variável aleatória C , tem-se que:

$$P(C \leq c) = P(Y = I | Nc = c) = 1 - (1 - \pi\gamma)^c$$

deduzida acima e que é uma fórmula bastante simples que fornece a probabilidade de um indivíduo ser infectado após C contatos ao azar. A partir desta, também conclui-se que C é uma variável aleatória com distribuição Geométrica ($\pi\gamma$) e que $P(C = c) = P(\text{Exatamente } c \text{ contatos ocorram para que 1 indivíduo seja infectado}) = (1 - \pi\gamma)(\pi\gamma)^c$ e que o número esperado (médio) de contatos até se ter um indivíduo infectado é

$$E(C) = \frac{1}{\pi\gamma} \text{ e o número mediano, isto é, á quele onde } P(C \leq c) = 0,5, \text{ é } \frac{-1}{\log_2(1 - \pi\gamma)}.$$

RESULTADOS

A Tabela 2 apresenta o cálculo da $P(C \leq c)$ e $E(C)$, para alguns valores de prevalência, infectividade e número de contatos. Os valores da infectividade utilizados são os estimados do HIV por relações sexuais (0,0005 ou 1 em cada 2000) e por partilhamento de material injetável (0,0067 ou 1 em cada 160) (4).

Tabela 2: Cálculo da probabilidade de 1 infecção em até c contatos e número esperado de contatos até 1 infecção.

Prevalência	Infectividade	Nº de contatos	Probabilidade de Infecção	Nº esperado de contatos
π	γ	c	$P(C \leq c)$	$E(C)$
0,005	0,0005	10	0,00002	400000
0,005	0,0067	10	0,00033	29850,75
0,005	0,0005	1000	0,00250	400000
0,005	0,0067	1000	0,03295	29850,75
0,350	0,0005	10	0,00175	5714,29
0,350	0,0067	10	0,02320	426,44
0,350	0,0005	1000	0,16056	5714,29
0,350	0,0067	1000	0,90442	426,44
0,025	0,0015	20000	0,52764	26666,67

É possível se verificar a partir da Tabela 2, que a probabilidade que tem um indivíduo de infectar-se com determinado agente infeccioso cresce exponencialmente em função do número de exposições desse indivíduo com as fontes do agente. Além disto, mesmo em contextos de baixa prevalência e baixa infectividade do agente, a probabilidade de infectar-se pode ser alta se o número de exposições for suficientemente grande no período considerado. Se a prevalência ou a infectividade forem elevadas, como na situação onde a prevalência é 35%, o número médio de contatos necessários até que o indivíduo seja infectado diminui substancialmente.

CONCLUSÃO

Trata-se de um trabalho totalmente teórico que, embora utilizando uma lógica matemática, lança mão de pressupostos que, evidentemente, não se verificam na prática. O modelo supõe que todos os contatos pessoa a pessoa ocorrem ao azar, são de igual intensidade e que a probabilidade de infectar-se é a mesma a cada contato com pessoa infectada, quando se sabe que há indivíduos com maior e

menor potencial infectante e que esse potencial também é variável para um mesmo indivíduo ao longo do tempo. Assim, não se tem a pretensão de obter um cálculo próximo do exato da probabilidade de infectar-se, mas sim de compreender o quanto e de que forma os contatos repetidos com fontes de infecção influenciam a probabilidade da ocorrência da infecção. A fórmula desenvolvida dá indicação de que a probabilidade de infectar-se é uma função exponencial do número de exposições à fonte. Num contexto em que a prevalência da infecção por HIV fosse de 0,025 (2,5% da população) e a infectividade fosse de apenas 0,0015 (0,15% em cada contato), a probabilidade de contrair a infecção seria próxima de 50% após 20.000 exposições, situação verificável, por exemplo, no caso de uma pessoa que exercesse a prostituição por 30 anos, com uma média de aproximadamente dois parceiros sexuais por dia.

Agradecimentos

Prof. Arlindo Casarin
Prof^a. Suzi Alves Camey

REFERÊNCIAS

1. Rouquayrol MZ. Epidemiologia & Saúde. 3 ed. Rio de Janeiro: MEDSI; 1988.
2. Ross S. Probabilidade: um curso moderno com aplicações. 8 ed. Porto Alegre: Bookman; 2010.
3. Santos JPO. Introdução à análise combinatória. 4 ed. Rio de Janeiro: Ciência Moderna; 2007.
4. Sprinz E, Ferreira J, Pereira RP. Epidemiologia da infecção: aspectos que contribuem para a transmissão do HIV. In: Sprinz E. Rotinas em HIV e AIDS. Porto Alegre: Artmed; 1999. -

Recebido: 02/04/2013

Aceito: 16/04/2013