

Implementação do Modelo SEIR para Influenza Usando Autômatos Celulares com Vizinhança de Moore

Alberson Alison de Araújo

Departamento de Estatística e Informática
Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) – Recife – PE – Brasil

alberson.araujo@ufrpe.br

Resumo. *Este trabalho apresenta a aplicação de autômatos celulares para simulação da propagação da influenza sazonal, utilizando o modelo compartimental SEIR e parâmetros epidemiológicos reais. A simulação foi desenvolvida em uma grade bidimensional, considerando interações locais com base na vizinhança de Moore. Os resultados evidenciam a dinâmica da transmissão, exposição e recuperação em uma população artificial por meios gráficos e numéricos.*

Abstract. *This work presents the application of cellular automata to simulate the spread of seasonal influenza, using the SEIR compartmental model and real epidemiological parameters. The simulation was developed on a two-dimensional grid, considering local interactions based on Moore neighborhood. The results highlight the dynamics of transmission, exposure, and recovery in an artificial population through graphical and numerical means.*

1 Introdução

O uso de autômatos celulares como ferramenta para simulação de modelos epidemiológicos, como o SEIR, é eficaz para estudar a dinâmica de transmissão de doenças em populações discretas e estruturadas, pois permitem incorporar aspectos espaciais, heterogeneidade local e padrões emergentes, que não são capturados por modelos contínuos tradicionais (KEELING; ROHANI, 2008; SCHIFF, 2007)

Na área de epidemiologia, a influenza é um dos patógenos mais estudados por ser uma doença respiratória de grande impacto global. Sintomas típicos incluem febre, tosse e mal-estar, com período de incubação entre 1 e 4 dias e duração média dos sintomas variando entre 2 e 8 dias. As epidemias sazonais resultam em milhões de casos graves e levam a centenas de milhares de mortes anualmente, ocorrendo principalmente no inverno em países temperados (BIGGERSTAFF et al., 2014).

Nesse viés, a aplicação de modelos computacionais que combinam autômatos celulares com parâmetros epidemiológicos reais, como taxas de incubação, transmissão e recuperação, oferece uma abordagem educacional aplicada para análise de surtos em populações artificiais (KEELING; ROHANI, 2008; SCHIFF, 2007). Além disso, essa estratégia permite visualizar espacialmente a propagação da doença, o que facilita a compreensão da formação de clusters, ou seja, agrupamentos concentrados de casos, e da saturação, quando o número de novos infectados diminui devido à escassez de indivíduos suscetíveis.

2 Influenza Sazonal

A influenza sazonal é uma infecção viral respiratória com alta capacidade de disseminação populacional e impacto recorrente na saúde pública. Caracteriza-se por picos epidêmicos anuais e afeta milhões de pessoas em todo o mundo, sendo especialmente relevante nos períodos de inverno (BIGGERSTAFF et al., 2014).

Segundo Biggerstaff et al. (2014), a influenza possui um tempo médio de incubação de 2 dias e um tempo médio de recuperação de 7 dias. Além disso, a taxa de reprodução básica estimada para a influenza sazonal é de $R_0 = 1,28$, com intervalo interquartil entre 1,19 e 1,37, o que indica, em média, que cada indivíduo infectado é capaz de transmitir o vírus a mais de uma pessoa, o que mantém ativas as cadeias de contágio em populações suscetíveis. A seguir, organizam-se essas informações de forma resumida:

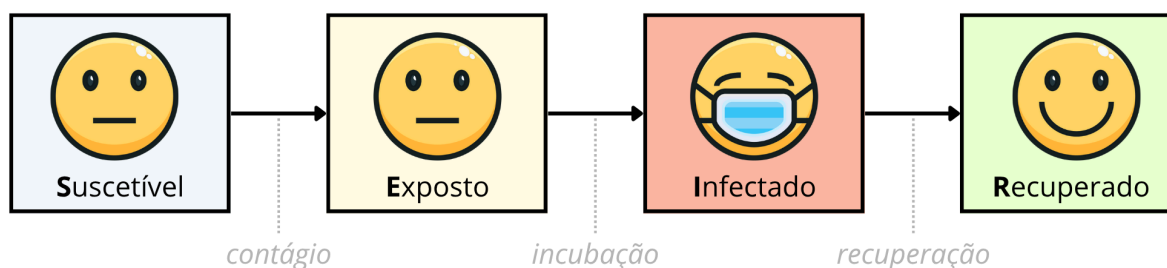
- Período de incubação médio: 2 dias
- Tempo médio de recuperação: 7 dias
- R_0 (número de reprodução básica): 1,28 (valor mediano)

Esses valores permitem a realização de estudos e simulações sobre a dinâmica da doença, possibilitando projeções e análises com base em cenários realistas. Dessa forma, a representação computacional do surto de influenza torna-se coerente com sua manifestação epidemiológica observada em populações reais (BIGGERSTAFF et al., 2014)

3 Modelo SEIR

O modelo SEIR é uma das representações compartimentais mais utilizadas na simulação da propagação de doenças infecciosas. Nesse modelo, a dinâmica da infecção é descrita por meio da divisão da população em quatro estados: Suscetíveis (S), Expostos (E), Infectados (I) e Recuperados (R), conforme ilustrado na Figura 1. As transições entre esses compartimentos são determinadas por taxas que refletem características clínicas e epidemiológicas da doença em estudo (KEELING; ROHANI, 2008).

Figura 1 - Modelo SEIR



Fonte: O autor (2025)

As transições entre os estados devem considerar diversas variáveis, mas algumas leis básicas são fundamentais: quanto menor o número de suscetíveis, menor a taxa de contágio; e quanto maior o número de infectados, maior a propagação. Esses comportamentos são modelados por três parâmetros principais:

- β (beta): taxa de transmissão, que determina a probabilidade de um suscetível tornar-se exposto após contato com um infectado;
- σ (sigma): taxa de incubação, que define a transição de exposto para infectado (inverso do tempo médio de incubação);
- γ (gama): taxa de recuperação, que determina a saída dos infectados para o estado de recuperado (inverso do tempo médio de recuperação).

É um modelo especialmente adequado para doenças com período de incubação significativo, como a influenza, pois incorpora esse atraso na transmissão. Sua integração com autômatos celulares permite representar a propagação da doença em uma estrutura espacial discreta, aproximando a simulação com a realidade (SCHIFF, 2007).

4 Autômatos celulares em epidemiologia

Os autômatos celulares são modelos computacionais baseados em grades discretas, em que cada célula representa uma unidade do sistema e pode assumir diferentes estados ao longo do tempo. Trata-se de um modelo particularmente adequado para simular fenômenos como a propagação de epidemias, pois sua evolução ocorre de forma síncrona, segundo regras locais que consideram o estado atual da célula e de seus vizinhos imediatos (SCHIFF, 2007).

No contexto da epidemiologia computacional, os autômatos celulares permitem representar populações de forma distribuída e simular interações locais que imitam o contato físico entre indivíduos. Assim, ao associar estados de saúde às células da grade, com base no modelo SEIR, torna-se possível acompanhar a dinâmica de disseminação da doença no espaço e no tempo, a partir de regras definidas com base em parâmetros reais.

Dessa maneira, a modelagem por autômatos celulares fornece uma estrutura intuitiva e poderosa para a representação de surtos epidemiológicos, integrando aspectos espaciais e temporais de maneira natural. Ao incorporar parâmetros clínicos e taxas de transição do modelo SEIR, esse tipo de abordagem favorece a experimentação computacional e a visualização dos efeitos de diferentes cenários de contágio, contribuindo tanto para fins analíticos quanto pedagógicos.

5. Metodologia

Para a simulação da disseminação da influenza sazonal em uma população sintética, foi implementado um modelo computacional do tipo SEIR com base em autômatos celulares bidimensionais. A linguagem Python foi utilizada por sua ampla aceitação no meio científico

e por oferecer bibliotecas adequadas para visualização e manipulação de matrizes, como NumPy e matplotlib.

A estrutura do autômato celular foi definida como uma matriz bidimensional 100×100 , na qual cada célula representa um indivíduo e pode assumir um dos quatro estados do modelo SEIR. Utilizou-se a vizinhança de Moore, permitindo que cada célula interaja com seus oito vizinhos adjacentes, simulando a transmissão interpessoal da doença e foram adotados 250 passos de simulação, número considerado suficiente para representar todo o ciclo epidêmico da influenza sazonal em uma população artificial do tamanho da matriz definida.

A lógica do algoritmo desenvolvido foi estruturada, primeiro, em um pseudocódigo que descreve o funcionamento do autômato de forma abstrata. Esse esquema facilita a compreensão da dinâmica de atualização da grade e das regras aplicadas a cada célula e está disposto no Algoritmo 1.

Algoritmo 1 - Pseudocódigo do Modelo SEIR por CA

```
1 Influenza_CA_SEIR(beta, sigma, gamma, N, total_passos)
2   grid = matriz N×N com todos os valores = 0
3   grid[N//2][N//2] ← 2
4   para passo de 1 até total_passos faça
5     new_grid = cópia de grid
6     para cada célula (x, y) em grid faça
7       estado_atual_celula = grid[x][y]
8       se estado_atual_celula = 0 então
9         vizinhos_infectados = Conta_vizinhos_infectados(grid, x, y)
10        probabilidade_infeccao =  $1 - (1 - \text{beta})^{\text{vizinhos\_infectados}}$ 
11        se Gerar_numero_aleatorio(0, 1) < probabilidade_infeccao então
12          new_grid[x][y] = 1
13        senão se estado_atual_celula = 1 então
14          se Gerar_numero_aleatorio(0, 1) < sigma então
15            new_grid[x][y] = 2
16        senão se estado_atual_celula = 2 então
17          se Gerar_numero_aleatorio(0, 1) < gamma então
18            new_grid[x][y] = 3
19        grid = new_grid
20        Desenha_grid(grid, passo)
21   retorna grid
```

Fonte: O autor (2025)

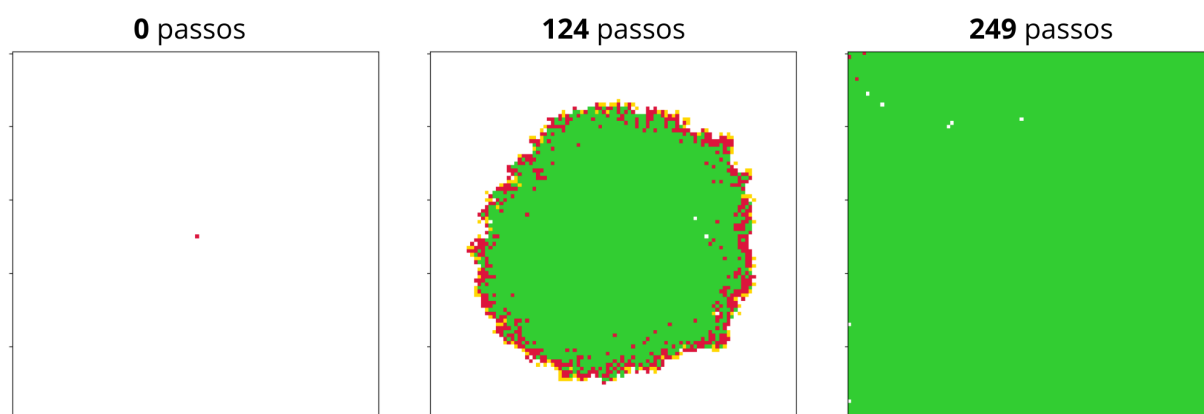
O pseudocódigo inicia criando uma matriz bidimensional que simula a população, com cada célula representando um indivíduo. Essa matriz funciona como o autômato celular, onde os estados possíveis seguem o modelo SEIR: suscetível (0), exposto (1), infectado (2) e recuperado (3). Em cada iteração, o algoritmo percorre todas as células da matriz, identifica o estado atual de cada indivíduo e, com base nisso, calcula a probabilidade de transição para o próximo estágio. As transições são controladas pelas taxas da influenza sazonal e por um número aleatório gerado entre 0 e 1, a fim de introduzir variabilidade e imprevisibilidade no comportamento da simulação. A cada passo, uma nova matriz é gerada com as atualizações, permitindo simular de forma dinâmica a propagação da doença na população.

No código real, os parâmetros utilizados para a transição entre estados foram definidos com base nos valores médios apresentados por Biggerstaff et al. (2014), o período de incubação médio de 2 dias, o tempo médio de recuperação de 7 dias e a mediana da taxa de reprodução básica (R_0) de 1,28. A partir desses dados, foram atribuídos os seguintes parâmetros ao modelo: $\sigma = 0,5$ ($\frac{1}{2}$ dias), $\gamma = 0,14$ ($\frac{1}{7}$ dias) e $\beta = 0,18$ ($\beta = R_0 * \gamma$). E.

7. Resultados

A execução do programa com os parâmetros definidos permitiu simular integralmente o comportamento da disseminação da influenza sazonal em uma população artificial. A representação gráfica por meio dos autômatos celulares mostrou, ao longo dos 250 passos simulados, a evolução da infecção desde seu surgimento inicial até a estabilização do surto. Pela Figura 2 nós conseguimos verificar três momentos da simulação, destacando a progressão do contágio entre os indivíduos.

Figura 2 - Evolução do GRID durante execução

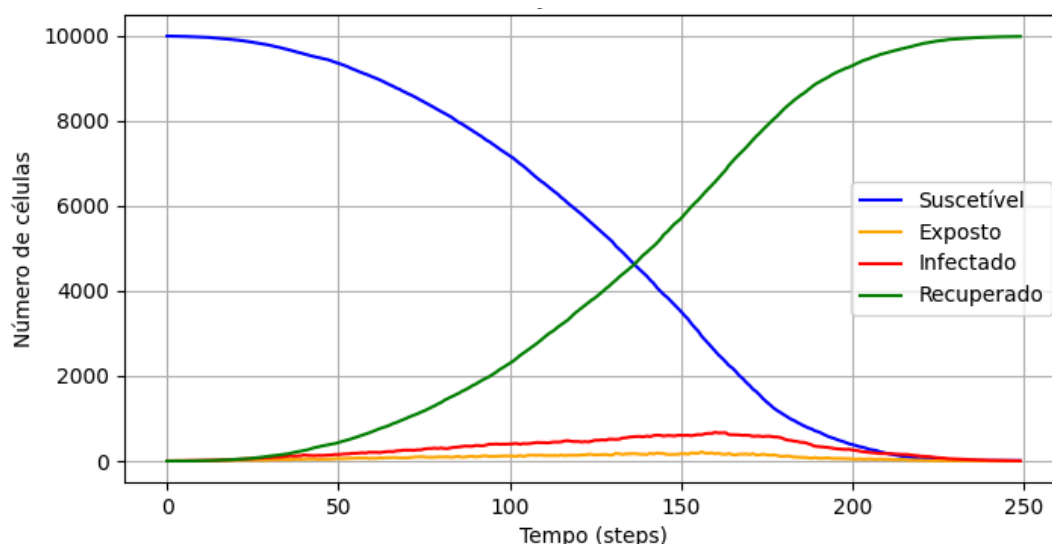


Fonte: O autor (2025)

Além da visualização espacial, também foi gerada uma curva que expressa a variação temporal das proporções de indivíduos em cada um dos estados do modelo SEIR. A Figura 3 evidencia a dinâmica da epidemia ao longo do tempo, destacando a queda da quantidade de

suscetíveis, o crescimento e declínio de infectados e o aumento contínuo de recuperados, conforme esperado em surtos autolimitantes englobados no modelo.

Figura 3 - Curva de propagação



Fonte: O autor (2025)

Com base nos dados obtidos, observa-se que o modelo proposto reproduz com coerência o comportamento típico de uma epidemia, permitindo analisar, de forma visual e quantitativa, os efeitos do contágio e da recuperação sobre a população. Esse tipo de simulação reforça o potencial da computação como ferramenta de apoio às áreas da saúde e das ciências biológicas e, portanto, verifica-se que o estudo desse contexto por meio do ambiente proporcionado pelos autômatos celulares é válido e eficaz para compreender fenômenos epidemiológicos de forma acessível e didática.

REFERÊNCIAS

Biggerstaff, M., Cauchemez, S., Reed, C. et al. Estimates of the reproduction number for seasonal, pandemic, and zoonotic influenza: a systematic review of the literature. *BMC Infect Dis* 14, 480 (2014). <https://doi.org/10.1186/1471-2334-14-480>.

SCHIFF, Joel L.. *Cellular Automata: a discrete view of the world*. Hoboken: Wiley-Interscience, 2007. 288 p.

KEELING, Matt J.; ROHANI, Pejman. *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton: Princeton University Press, 2008. 368 p.