

Modelagem Epidemiológica de Doença Respiratória via Autômato Celular Bidimensional SIR

Aurilene Silva Bagagi

RESUMO

A modelagem de doenças infecciosas constitui uma ferramenta essencial para a saúde pública, permitindo a simulação de cenários que seriam inviáveis ou antiéticos de testar empiricamente. Enquanto modelos clássicos baseados em Equações Diferenciais Ordinárias (EDO) assumem uma mistura homogênea da população, ignorando barreiras geográficas, os modelos baseados em Autômatos Celulares (AC) incorporam a heterogeneidade espacial, as interações locais e capturam clusters de infecção. Neste trabalho, apresenta-se um modelo computacional estocástico (SIR/SIRS) implementado em uma grade bidimensional baseada em Autômatos Celulares (AC) para simular a propagação de um patógeno respiratório. O estudo avalia três cenários distintos: a propagação natural sem intervenção, o impacto do aumento da capacidade hospitalar (tratamento) e o efeito da redução da taxa de transmissão (vacinação ou medidas preventivas). Os resultados demonstram que, embora o tratamento reduza o tempo de infecção individual e a prevalência momentânea, apenas a redução da transmissibilidade é eficaz para "achatar a curva" e impedir picos abruptos de contágio, corroborando a importância de medidas preventivas na contenção epidêmica.

1. Introdução

A emergência de doenças respiratórias com alto potencial pandêmico, como a Influenza e a COVID-19, evidenciou a necessidade de modelos preditivos robustos. O modelo compartmental “SIR (Suscetível-Infectado-Recuperado)”, proposto originalmente por Kermack e McKendrick em 1927¹, permanece como fundamento da epidemiologia matemática. Contudo, sua formulação clássica possui uma limitação crítica: assume que qualquer indivíduo pode infectar qualquer outro com igual probabilidade, ignorando a estrutura espacial das interações humanas.

Para superar essa limitação, este estudo adota a abordagem de Autômatos Celulares (AC), conforme fundamentado por Schiff². Um AC é um sistema dinâmico discreto onde o estado de cada célula (indivíduo) evolui no tempo dependendo apenas de seu estado anterior e do estado de seus vizinhos imediatos. Essa abordagem é particularmente adequada para simulação de doenças respiratórias, cuja transmissão depende de proximidade física, permitindo visualizar frentes de propagação e barreiras imunológicas locais³.

Este trabalho acadêmico propõe um modelo de AC destinado a simular a propagação espaço-temporal de uma doença respiratória e analisar como variáveis de controle sanitário —

especificamente a capacidade de tratamento hospitalar e a redução da transmissibilidade — influenciam a dinâmica epidêmica.

2. Metodologia

O modelo de autômato celular é implementado em Python, utilizando as bibliotecas NumPy para manipulação da grade e Matplotlib para visualização. A grade de simulação é uma matriz bidimensional de 50×50 células, representando uma população fechada de 2.500 indivíduos.

2.1 Dinâmica e Estados

O modelo segue a lógica compartmental **SIRS**, onde cada célula pode assumir três estados discretos:

1. **Suscetível (S=0):** Indivíduo saudável, apto a contrair a doença (Azul).
2. **Infectado (I=1):** Indivíduo doente, capaz de transmitir aos vizinhos (Vermelho).
3. **Recuperado (R=2):** Indivíduo que superou a doença e adquiriu imunidade temporária ou permanente. (Verde).

A vizinhança adotada é a de Moore (8 vizinhos: horizontais, verticais e diagonais), e as transições de estado são governadas por regras probabilísticas a cada passo de tempo t (em dia):

1. **Transição $S \rightarrow I$ (Infecção):** A probabilidade de um indivíduo suscetível ser infectado depende do número de vizinhos infectados (v) e da taxa de transmissão β (TAXA_TRANSMISSAO). A probabilidade de infecção P_{inf} é dada por:

$$P_{inf} = 1 - (1 - \beta)^v$$

Essa formulação modela exposições independentes e representa aumento não linear do risco conforme cresce o número de contatos infecciosos.

2. **Transição $I \rightarrow R$ (Recuperação):** O tempo de permanência no estado infeccioso é determinado pela duração da doença subtraída pela eficácia do tratamento. Definimos TEMPO_BASE como a duração natural da doença e FATOR_HOSPITALAR.

$$T_{cura} = \max(1, TEMPO_BASE - FATOR_HOSPITALAR)$$

A variável FATOR_CAPACIDADE_HOSPITALAR representa intervenção médica que reduz a duração da infecção.

3. **Transição $R \rightarrow S$ (Perda de Imunidade):** Para simular endemicidade, indivíduos

recuperados podem retornar ao estado suscetível com probabilidade PROB_PERDA_IMUNIDADE, permitindo múltiplas ondas epidêmicas.

3. Resultados e Discussão

As simulações foram conduzidas por 100 gerações (dias), partindo de uma condição inicial com 5% da população infectada.

3.1 Cenário 1: Propagação Natural (Sem Intervenção)

Configurou-se o modelo com FATOR_CAPACIDADE_HOSPITALAR = 0 e TAXA_TRANSMISSAO = 0.30.

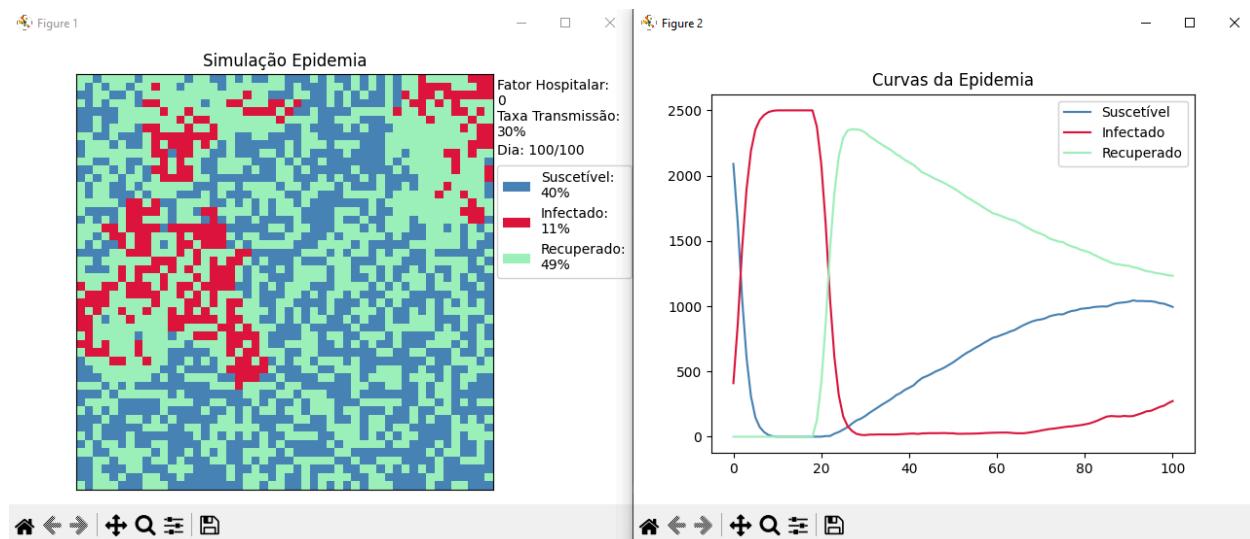


Figura 1: Resultados do Cenário 1 (Sem Intervenção). (A) Visualização espacial demonstrando alta densidade de infectados (vermelho); (B) Gráfico temporal evidenciando um pico epidêmico elevado e recuperação lenta.

Observa-se um crescimento exponencial rápido do número de infectados. Como não há auxílio hospitalar, os indivíduos permanecem doentes pelo tempo máximo (20 dias), atuando como vetores ativos por um longo período. Isso resulta em um pico epidêmico elevado, que rapidamente consome a população de suscetíveis, sugerindo potencial sobrecarga do sistema de saúde caso existissem restrições de capacidade.

3.2 Cenário 2: Impacto do Tratamento Médico Intensivo

Mantendo a transmissão em 30%, elevou-se o FATOR_CAPACIDADE_HOSPITALAR para 10, reduzindo o tempo de doença pela metade.

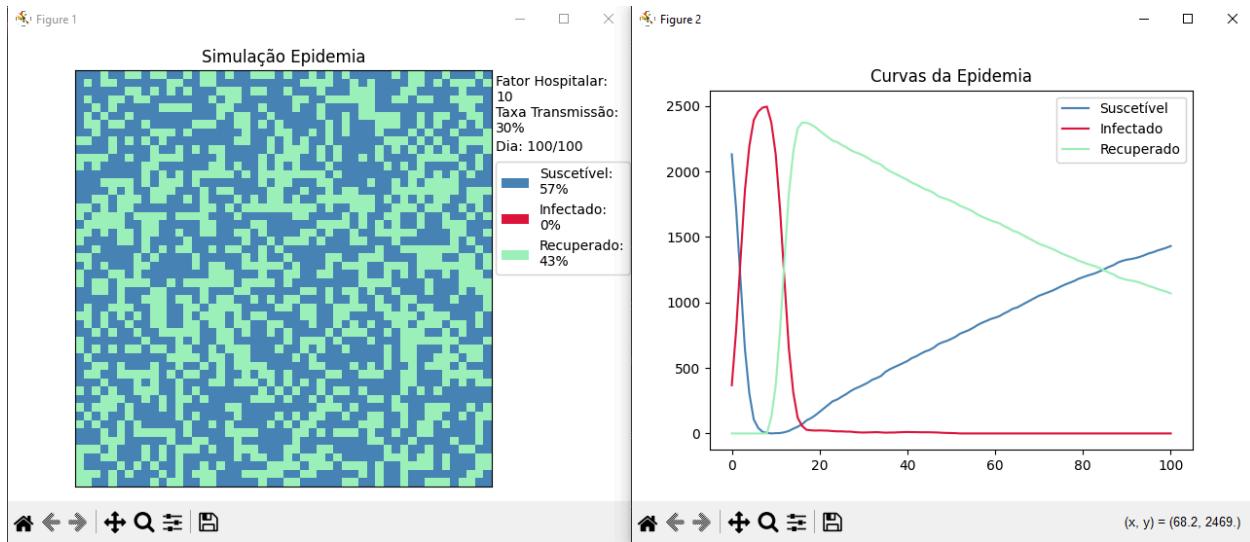


Figura 2: Resultados do Cenário 2 (Tratamento Médico). (A) Visualização espacial indicando rápida recuperação dos infectados; (B) Gráfico temporal mostrando redução na prevalência momentânea da doença.

A redução do tempo infeccioso diminui a prevalência momentânea da doença. Embora o tratamento não reduza diretamente a probabilidade de infecção, a diminuição da janela de transmissibilidade pode reduzir a intensidade do pico epidêmico. A curva torna-se mais estreita e a recuperação ocorre mais rapidamente.

3.3 Cenário 3: Efeito da Vacinação (Redução da Transmissão)

Neste cenário, simulou-se uma política de prevenção (vacinação ou distanciamento), reduzindo a TAXA_TRANSMISSAO para 0.15, com um FATOR_CAPACIDADE_HOSPITALAR moderado de 2.

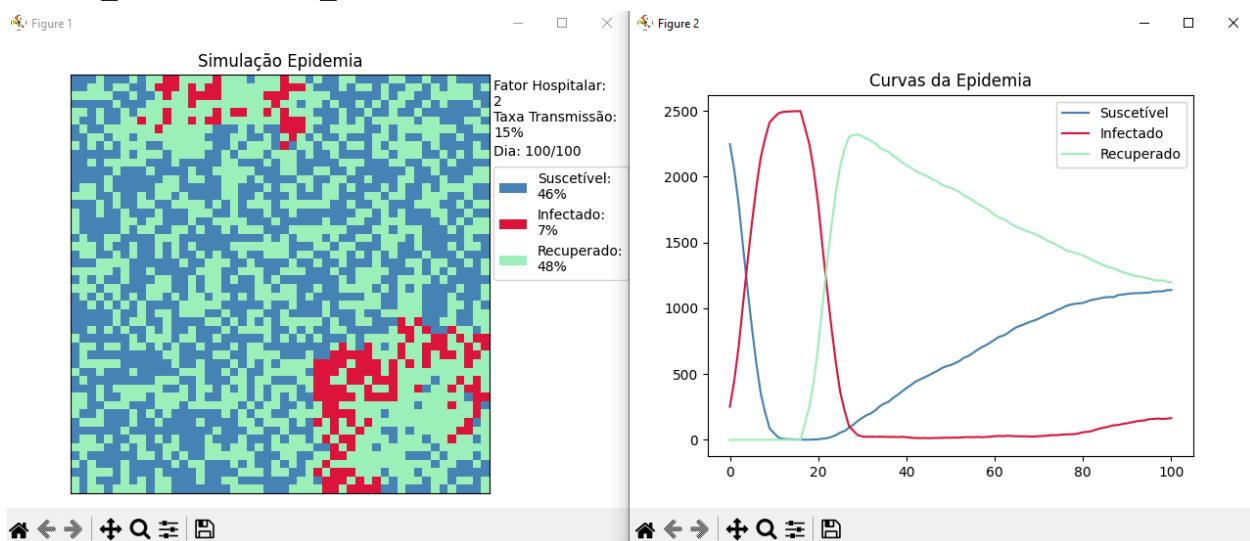


Figura 3: Resultados do Cenário 3 (Prevenção/Vacinação). (A) Visualização espacial com propagação lenta e fragmentada; (B) Gráfico temporal demonstrando o achatamento eficaz da curva de contágio.

Neste cenário observa-se clara desaceleração da propagação espacial. A infecção torna-se fragmentada e o pico epidêmico é significativamente reduzido e distribuído ao longo do tempo, caracterizando o fenômeno conhecido como “achatamento da curva”. Diferentemente do cenário anterior, aqui há redução efetiva do número total de casos, pois a cadeia de transmissão é interrompida, reduzindo o risco de sobrecarga do sistema de saúde.

4. Conclusão

Este modelo computacional estocástico (SIR/SIRS) implementado em uma grade bidimensional baseada em Autômatos Celulares (AC) oferece uma ferramenta conceitual e computacionalmente acessível para visualizar fenômenos que modelos puramente baseados em EDO não capturam explicitamente, como a formação de clusters espaciais e frentes de propagação.

A comparação entre os cenários revela uma distinção crucial para a gestão de saúde: o aumento da capacidade hospitalar (Cenário 2) é uma medida reativa que mitiga a gravidade individual, mas tem impacto limitado na interrupção da cadeia de transmissão. Por outro lado, a redução da taxa de transmissão (Cenário 3) atua preventivamente sobre a cadeia de contágio, sendo mais eficaz para controlar a escala global da epidemia.

Ressalta-se que o modelo não incorpora mobilidade populacional, heterogeneidade etária, mortalidade ou estrutura real de redes sociais. Assim, seus resultados devem ser interpretados como qualitativos e didáticos, úteis para compreensão conceitual e exploração de cenários estratégicos em saúde pública.

Referências

1. Kermack, W. O., & McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, 115(772), 700-721.
2. Schiff, J. L. (2008). *Cellular Automata: A Discrete View of the World*. Wiley-Interscience.
3. White, S. H., Martín del Rey, A., & Rodríguez Sánchez, G. (2007). *Modeling epidemics using cellular automata*. *Applied Mathematics and Computation*, 186(1), 193–202