

# Modelagem da Propagação de Doenças Usando Autômatos Celulares: Uma Comparação entre Diferentes Cenários Epidemiológicos

Daniel Machado<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Estatística e Informática, Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Recife, 52171-900, Brasil

## ABSTRACT

Cellular automata have proven to be a valuable tool for modeling complex systems, including the spread of diseases in populations. This work explores the application of these models in epidemiology by comparing two distinct scenarios: one with a single initial infection focus and fast recovery, and another with multiple initial foci and slower recovery. The comparison demonstrates the flexibility of cellular automata in representing different disease propagation dynamics, highlighting their usefulness for planning control and prevention strategies. The results reinforce the potential of these models as auxiliary tools in computational epidemiology, capable of simulating varied scenarios through simple and localized rules.

Please note: Abbreviations should be introduced at the first mention in the main text – no abbreviations lists. Suggested structure of main text (not enforced) is provided below.

## Introdução

A epidemiologia, ciência que estuda a distribuição e os determinantes de doenças em populações, tem se beneficiado de ferramentas computacionais para modelar e prever a propagação de enfermidades. Dentre essas ferramentas, os autômatos celulares se destacam por sua capacidade de simular sistemas complexos a partir de regras simples e localizadas. Esses modelos representam a dinâmica espacial e temporal de doenças, considerando a interação entre indivíduos e a influência de seus vizinhos na propagação de infecções.

Neste trabalho, exploramos a aplicação de autômatos celulares no estudo da epidemiologia, comparando dois modelos com diferentes configurações: um com um único foco inicial de infecção e recuperação rápida, e outro com múltiplos focos iniciais e recuperação mais lenta. A comparação ilustra a versatilidade desses modelos e sua capacidade de simular diferentes cenários epidemiológicos.

O objetivo é demonstrar que autômatos celulares podem ser adaptados para representar uma ampla gama de situações reais, servindo como ferramentas auxiliares no planejamento de estratégias de controle e prevenção de doenças. Assim, este trabalho reforça o potencial desses modelos para avançar os estudos em epidemiologia computacional.

## Resultados

A comparação entre os dois modelos de autômatos celulares revelou diferenças marcantes na dinâmica de propagação da doença, evidenciando como variações nos parâmetros e condições iniciais podem influenciar significativamente os resultados. No Modelo 1, que parte de um único foco inicial de infecção no centro da grade e possui um tempo de recuperação mais curto (4 passos), observou-se uma propagação mais lenta e localizada. A doença se espalhou de forma concentrada ao redor do centro, com um número limitado de infectados simultâneos. A recuperação rápida dos indivíduos contribuiu para que o pico de infecção fosse atingido mais cedo e com menor intensidade, resultando em uma curva epidemiológica mais suave. Além disso, a distribuição espacial dos infectados mostrou-se mais homogênea, com a doença avançando gradualmente para as regiões periféricas da grade.

Por outro lado, no Modelo 2, que inclui múltiplos focos iniciais de infecção (distribuídos no centro e nos cantos da grade) e um tempo de recuperação mais longo (10 passos), a propagação da doença foi mais rápida e distribuída. A presença de vários pontos de infecção desde o início permitiu que a doença se espalhasse em múltiplas direções simultaneamente, aumentando o número de indivíduos infectados ao longo do tempo. O tempo de recuperação mais longo resultou em um maior número de infectados simultâneos e um pico de infecção mais pronunciado. A dinâmica espacial também foi diferente, com a doença atingindo regiões mais distantes da grade de forma mais rápida e criando padrões de propagação mais complexos.

Esses resultados ilustram a sensibilidade dos autômatos celulares a mudanças nos parâmetros e condições iniciais. Enquanto o Modelo 1 é mais adequado para simular cenários com um único foco de infecção e recuperação rápida, o Modelo 2 representa melhor situações com múltiplos focos iniciais e recuperação mais lenta. Ambos os modelos, no entanto, demonstram a capacidade dos autômatos celulares de capturar diferentes dinâmicas de propagação de doenças, reforçando sua utilidade como ferramentas para estudos epidemiológicos. A comparação também destaca a importância de escolher parâmetros e condições iniciais adequados ao cenário que se deseja simular, evidenciando a flexibilidade e o potencial desses modelos para aplicações práticas em saúde pública.

### **Comparação dos Modelos**

Abaixo serão simplificados os resultados dos modelos obtidos.

- Propagação da doença no modelo 1:
  - Propagação lenta e localizada;
  - Recuperação rápida e pico de infecção suave;
  - Distribuição espacial homogênea.
- Propagação da doença no modelo 2:
  - Propagação rápida e distribuída;
  - Recuperação lenta e pico de infecção pronunciado;
  - Padrões de propagação complexos.
- Conclusão da comparação:
  - Sensibilidade dos modelos a parâmetros e condições iniciais;
  - Utilidade dos autômatos celulares para estudos epidemiológicos;
  - Importância da escolha adequada de parâmetros.

### **Discussão**

Os resultados deste trabalho destacam a influência de parâmetros como taxa de infecção e tempo de recuperação na dinâmica epidemiológica, apresentando um cenário tanto com único foco inicial quanto com múltiplos focos iniciais. As implicações práticas desses resultados são significativas, pois mostram que autômatos celulares podem ser adaptados para simular diferentes cenários epidemiológicos, auxiliando no planejamento de estratégias de controle e prevenção. Por exemplo, o Modelo 2 pode ser útil para prever a disseminação de doenças em regiões com múltiplos surtos simultâneos, enquanto o Modelo 1 é mais adequado para cenários com um único foco inicial.

Entretanto, é importante reconhecer as limitações do estudo. Os modelos aqui propostos são simplificações da realidade e não consideram fatores como movimentação populacional, variações sazonais ou intervenções externas. Além disso, não foi utilizada nenhuma doença real no trabalho, mas apenas simulações sem dados concretos de doenças, como a probabilidade de uma pessoa ser contagiada em situações reais. Sugere-se que pesquisas futuras incorporem esses elementos, bem como dados epidemiológicos específicos, para aumentar a precisão e a aplicabilidade dos modelos.

### **Métodos**

Para a realização deste trabalho, foram desenvolvidos dois modelos de autômatos celulares, ambos implementados em Python utilizando as bibliotecas NumPy e Matplotlib. Os códigos foram executados no ambiente do Google Colab, que proporcionou a infraestrutura necessária para a simulação e visualização dos resultados. Cada modelo simula a propagação de uma doença em uma população representada por uma grade bidimensional, onde cada célula da grade corresponde a um indivíduo que pode estar em um dos seguintes estados: Suscetível (S), Infectado (I) ou Recuperado (R).

O Modelo 1 foi configurado com uma grade de 50x50 células, representando uma população de 2500 indivíduos. A condição inicial do modelo definiu apenas uma célula no centro da grade como infectada (I), representada pela cor amarela,

enquanto todas as demais células foram definidas como suscetíveis (S), representadas pela cor verde. As regras de transição do modelo estabeleceram que um indivíduo suscetível (S) se torna infectado (I) se pelo menos um de seus oito vizinhos (vizinhança de Moore) estiver infectado, com uma probabilidade fixa de 10

O Modelo 2 foi configurado com uma grade menor, de 30x30 células, representando uma população de 900 indivíduos. A condição inicial do modelo definiu cinco células como infectadas (I), localizadas no centro e nos quatro cantos da grade, também representadas pela cor amarela. As demais células foram definidas como suscetíveis (S), representadas pela cor verde. As regras de transição foram semelhantes às do Modelo 1: um indivíduo suscetível (S) se torna infectado (I) se pelo menos um de seus oito vizinhos (vizinhança de Moore) estiver infectado, com uma probabilidade fixa de 10

Ambos os modelos foram implementados em Python, utilizando a biblioteca NumPy para manipulação da grade e Matplotlib para visualização dos resultados.

Foi criada uma animação da propagação da doença, gerada utilizando a função FuncAnimation da biblioteca Matplotlib, permitindo a visualização dinâmica da evolução dos estados das células ao longo do tempo.

## References

1 = Cellular Automata: A Discrete View of the World, author = Joel L. Schiff, year = 2011, publisher = Wiley-Interscience, address = New York, NY, USA, isbn = 978-0470168790

2 = Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals, author = Matt J. Keeling and Pejman Rohani, year = 2008, publisher = Princeton University Press, address = Princeton, NJ, USA, isbn = 978-0691116174, url = <https://press.princeton.edu/books/paperback/9780691116174/modeling-infectious-diseases-in-humans-and-animals>

## Agradecimentos

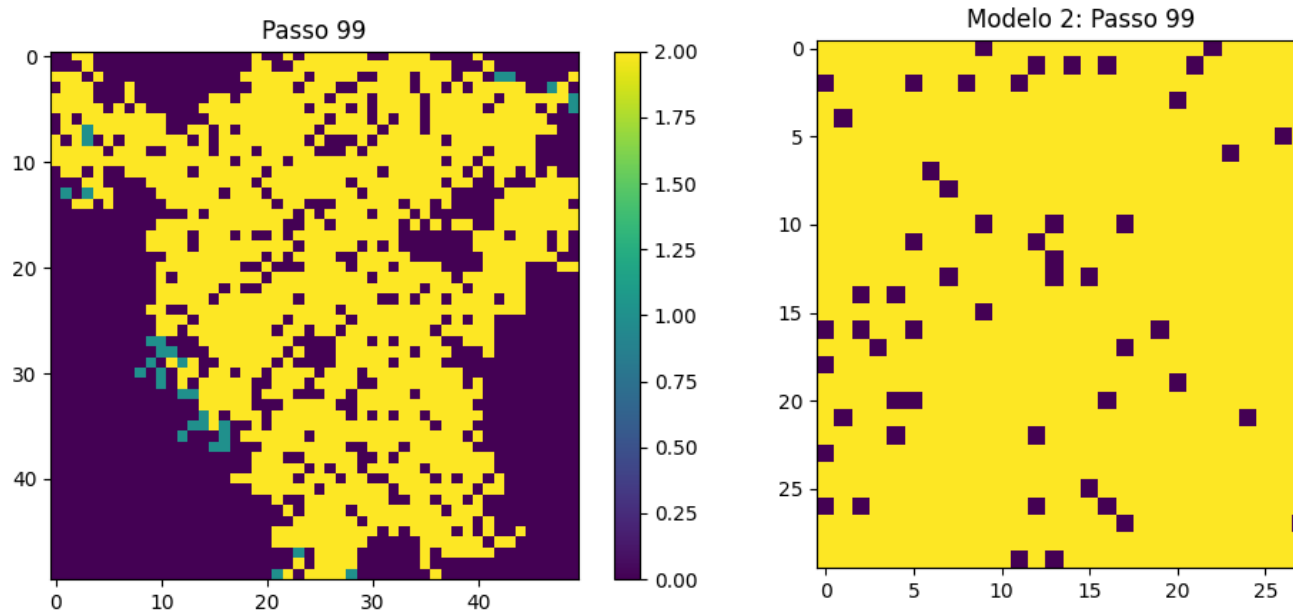
Agradeço a John Conway, criador do Jogo da Vida, o exemplo mais bem conhecido de autômato celular, e a John von Neumann, pioneiro no desenvolvimento dos autômatos celulares, cujos trabalhos foram fundamentais para a base teórica deste estudo. Também gostaríamos de agradecer ao professor Jones Albuquerque, pela ministração da disciplina de Epidemiologia Computacional, que proporcionou o embasamento necessário para a realização deste trabalho.

## Declaração de contribuição do autor

D.O.M. concebeu o estudo, desenvolveu os modelos, conduziu as simulações, analisou os resultados e redigiu o manuscrito.

## Informações adicionais

Declaração de Conflitos de Interesse: O autor declara que não há conflitos de interesse relacionados a este trabalho.



**Figure 1.** Demonstração do resultado de cada modelo no instante 99 de passos