

Simulação Computacional da Propagação de Infecções Bacterianas na Corrente Sanguínea: Um Estudo Baseado em Autômatos Celulares

Felipe Santana Caboclo da Silva¹

¹Departamento de Estatística e Informática, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil

Resumo

A compreensão dos mecanismos de propagação de infecções bacterianas na corrente sanguínea é essencial para o avanço de estratégias terapêuticas e prevenção de doenças sistêmicas. Neste estudo, foi proposto um modelo computacional baseado em autômatos celulares para simular a dinâmica da infecção em um sistema discreto que representa uma seção da circulação sanguínea. O modelo adota três estados para cada célula da grade: saudável (representando o sangue normal), infectada (indicando a presença da bactéria) e imune (células que passaram pela infecção e adquiriram resistência). A implementação, realizada em Python com o uso de operações vetorizadas via NumPy e visualizações através do Matplotlib, demonstra que regras simples de interação local podem gerar padrões complexos e emergentes, possibilitando uma análise qualitativa e quantitativa do processo infeccioso. Os resultados indicam que a simulação pode funcionar como uma ferramenta didática e exploratória para investigações interdisciplinares envolvendo biologia computacional e modelagem de sistemas dinâmicos.

Palavras-chave: Autômatos celulares; Simulação computacional; Infecções bacterianas; Modelagem epidemiológica; Dinâmica de doenças.

Introdução

A modelagem computacional tem sido amplamente utilizada para compreender fenômenos complexos em diversas áreas da ciência, especialmente quando os processos biológicos envolvem interações não-lineares e dinâmicas espaciais. Autômatos celulares, introduzidos por John von Neumann e popularizados posteriormente por Stephen Wolfram, representam um método eficiente para simular a emergência de padrões complexos a partir de regras locais simples.

No contexto de infecções bacterianas na corrente sanguínea, os desafios incluem a rápida propagação da infecção e a resposta imune que atua para conter o avanço patogênico. Modelos baseados em equações diferenciais tradicionais podem não capturar de forma intuitiva a heterogeneidade espacial e os efeitos locais, motivo pelo qual a abordagem por autômatos celulares se apresenta como uma alternativa interessante. Este trabalho propõe a implementação de um modelo que simula a disseminação da bactéria e a subsequente resposta imune, destacando o potencial de tais simulações para a compreensão de processos infecciosos.

Resultados

A execução da simulação revela um comportamento dinâmico caracterizado pela rápida disseminação da infecção a partir do ponto central, seguida pela transição das células infectadas para o estado imune.

Inicialmente, a maioria das células encontra-se no estado saudável, mas conforme a infecção se propaga, observa-se uma diminuição progressiva de células saudáveis, o que indica a propagação da infecção. Em seguida, há um pico temporário de células infectadas, refletindo o avanço rápido da bactéria e por fim, o acúmulo de células imunes, o que representa a resposta do sistema imune ou a remoção das células comprometidas.

Os gráficos gerados a partir dos dados coletados evidenciam essas tendências e fornecem uma visão quantitativa dos padrões emergentes, demonstrando que regras locais simples podem levar a comportamentos complexos e não-lineares.

Discussão

A abordagem por autômatos celulares utilizada neste estudo evidencia a eficácia de modelos discretos na simulação de processos biológicos. Embora se observe a simplicidade das regras implementadas, a simulação reproduziu de forma intuitiva os efeitos de propagação e controle de uma infecção, o que pode ser correlacionado com fenômenos observados em ambientes biológicos reais. Nesse contexto, o uso de autômatos celulares pode representar padrões emergentes de comportamentos sistêmicos.

Diante dos resultados obtidos, o modelo computacional pode atuar como uma excelente ferramenta para fins educacionais, permitindo que alunos e pesquisadores visualizem e compreendam a complexidade dos sistemas dinâmicos a partir de interações locais e, embora o modelo atual não considere variáveis como o fluxo sanguíneo ou a diversidade dos mecanismos de resposta imune, ele abre caminho para futuras extensões. A inclusão de múltiplos tipos celulares, variáveis ambientais e dados experimentais pode aumentar a robustez e a aplicabilidade do modelo em contextos educativos e principalmente voltado à pesquisa avançada.

Metodologia

Estrutura do Modelo

O modelo é construído sobre uma grade bidimensional $N \times N$ onde cada célula representa uma pequena porção da corrente sanguínea. Cada célula pode assumir um dos três estados:

- 0- Sangue (Saudável): Célula sem infecção;
- 1- Bactéria (Infectada): Célula que contém a infecção bacteriana;
- 2- Imune: Célula que, após a infecção, adquire resistência e não pode ser reinfectada.

A dinâmica do sistema é determinada por regras locais:

- 1- Infecção: Uma célula saudável torna-se infectada se pelo menos um dos seus vizinhos imediatos (cima, baixo, esquerda ou direita) estiver infectado. Essa transição ocorre com uma probabilidade definida, que modela a agressividade do agente infeccioso;
- 2- Resposta Imune: Células que foram infectadas passam, na iteração seguinte, para o estado imune, simulando uma resposta do sistema imune ou a remoção da célula comprometida.

Implementação Computacional

A implementação do modelo foi realizada em Python, utilizando as bibliotecas NumPy para operações vetorizadas e Matplotlib para visualizações animadas e gráficos de análise. A estratégia vetorizada emprega a função `np.roll` para acessar rapidamente os estados dos vizinhos de cada célula, evitando laços explícitos e acelerando a simulação. Além da animação, o modelo registra a evolução do número de células em cada estado ao longo das iterações, permitindo a geração de gráficos que quantificam a dinâmica da infecção e da resposta imune.

Conclusão

Este estudo demonstra que autômatos celulares podem ser utilizados de forma eficaz para simular a propagação de infecções bacterianas na corrente sanguínea. Através de uma implementação computacional simples, foi possível reproduzir padrões dinâmicos que evidenciam a interação entre a disseminação da infecção e a resposta imune. O modelo proposto não apenas contribui para o entendimento dos mecanismos infecciosos, mas também serve como base para o desenvolvimento de simulações mais complexas e integradas com dados experimentais, possibilitando avanços na modelagem de sistemas biológicos.

Referências

1. Wolfram, S., & Gad-el-Hak, M. A new kind of science. *Appl. Mech. Rev.*, 56(2), B18-B19, DOI: <https://doi.org/10.1115/1.1553433> (2003).
2. Von Neumann, J., & Burks, A. W. Theory of self-reproducing automata. *IEEE Transactions on Neural Networks*, 5(1), 3-14 (1966).
3. Epstein, I. R., & Axtell, R. Growing Artificial Societies: Social Science from the Bottom Up. Brookings Institution Press (1996).