



**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO  
CURSO DE BACHARELADO EM SISTEMAS DE INFORMAÇÃO  
CAMPUS SEDE-RECIFE**

**PESQUISA:  
SIMULAÇÃO BASEADA EM AGENTES DA PROPAGAÇÃO DE EPIDEMIAS**

**FERNANDA OLIVEIRA DE SOUZA**

**RECIFE  
2025**

# Resumo

Modelos baseados em agentes (Agent-Based Models – ABMs) são amplamente utilizados na epidemiologia computacional para estudar a propagação de doenças infecciosas por meio da representação explícita de indivíduos e de suas interações. Diferentemente dos modelos compartimentais clássicos, os ABMs permitem capturar a estrutura espacial, a heterogeneidade dos agentes e dinâmicas estocásticas. Neste trabalho, apresenta-se uma simulação epidêmica baseada em agentes, implementada em Python com o uso das bibliotecas NumPy e Matplotlib. Os indivíduos se movimentam em uma grade bidimensional e interagem localmente, possibilitando a propagação da doença segundo regras probabilísticas. O modelo proposto é adequado para fins educacionais e exploratórios, permitindo analisar como parâmetros como probabilidade de infecção, tempo de recuperação e densidade populacional influenciam a dinâmica epidêmica.

## 1. Introdução

Compreender como doenças infecciosas se espalham em populações humanas é um problema fundamental da epidemiologia. Modelos compartimentais clássicos, como SIR e SEIRD, descrevem a dinâmica das doenças por meio de sistemas de equações diferenciais, assumindo, em geral, uma mistura homogênea dos indivíduos. Embora eficazes para análises em larga escala, esses modelos apresentam limitações na representação de interações locais e efeitos espaciais.

Os modelos baseados em agentes oferecem uma abordagem alternativa ao simular explicitamente indivíduos (agentes) e suas interações locais. Cada agente segue regras simples de comportamento, mas o conjunto dessas interações pode reproduzir fenômenos epidêmicos complexos, como ondas de contágio, formação de agrupamentos espaciais e extinção local da doença. Essa abordagem é amplamente utilizada tanto em pesquisas quanto no ensino de epidemiologia computacional, incluindo demonstrações clássicas em cursos de ciência da computação.

Este trabalho apresenta um simulador epidêmico baseado em agentes, projetado para ser simples, transparente e extensível. O objetivo não é realizar previsões reais, mas ilustrar como interações locais e processos estocásticos influenciam a evolução de uma epidemia.

## 2. Descrição do Modelo

### 2.1 Agentes e Ambiente

O ambiente da simulação consiste em uma grade bidimensional quadrada de tamanho  $N \times N$ . Cada célula da grade pode conter, no máximo, um agente. Os agentes representam indivíduos de uma população e podem se mover aleatoriamente pelo ambiente. Cada agente pode assumir um dos seguintes estados epidemiológicos:

- Suscetível (S)
- Infectado (I)
- Recuperado (R)
- Morto (D)

## **2.2 Regras de Movimento**

A cada passo de tempo, os agentes tentam se deslocar para uma das quatro células vizinhas (cima, baixo, esquerda ou direita). O movimento só é permitido se a célula de destino estiver vazia e dentro dos limites da grade. Essa regra busca representar a mobilidade local dos indivíduos.

## **2.3 Dinâmica de Infecção**

Quando um agente suscetível está adjacente a um agente infectado, a infecção pode ocorrer com probabilidade  $\beta$ . Uma vez infectado, o agente permanece nesse estado por um número fixo de passos de tempo. Após esse período, o agente pode se recuperar com probabilidade  $(1 - \mu)$  ou morrer com probabilidade  $\mu$ , onde  $\mu$  representa a taxa de mortalidade associada à doença.

## **2.4 Parâmetros da Simulação**

Os principais parâmetros do modelo são:

- Tamanho da população;
- Dimensão da grade;
- Probabilidade de infecção ( $\beta$ );
- Tempo de recuperação;
- Probabilidade de mortalidade ( $\mu$ ).

Esses parâmetros permitem realizar análises de sensibilidade e experimentação com diferentes cenários epidêmicos.

## **3. Implementação**

O simulador foi implementado em Python, utilizando a biblioteca NumPy para operações numéricas e Matplotlib para visualização dos resultados. O código-fonte completo está disponível em um repositório público no GitHub <https://github.com/FernandaSouzaa/computing-epidemiology-agent-model/tree/main>.

A simulação ocorre em passos de tempo discretos, nos quais são atualizados os movimentos dos agentes, seus estados epidemiológicos e os registros do número de indivíduos em cada compartimento.

## **4. Resultados**

Os resultados da simulação demonstram comportamentos típicos observados em modelos epidêmicos baseados em agentes. Inicialmente, o número de indivíduos infectados cresce rapidamente em função da transmissão local. À medida que o número de indivíduos suscetíveis diminui, a epidemia atinge um pico e, posteriormente, entra em declínio devido à recuperação ou morte dos agentes.

Observa-se também a formação espontânea de agrupamentos espaciais de indivíduos infectados, evidenciando a importância da estrutura espacial na dinâmica da epidemia.

Experimentos com variação de parâmetros indicam que maiores probabilidades de infecção e maiores densidades populacionais resultam em surtos mais rápidos e intensos.

## 5. Discussão

O modelo proposto ilustra como regras locais simples podem gerar comportamentos globais complexos. Em comparação com modelos compartimentais, a abordagem baseada em agentes fornece uma compreensão mais rica dos efeitos espaciais e da variabilidade individual. Contudo, esse tipo de modelo apresenta maior custo computacional, o que limita sua aplicação a populações muito grandes.

Extensões futuras do modelo podem incluir comportamentos heterogêneos entre agentes, estratégias de vacinação, restrições de mobilidade ou múltiplas cepas da doença.

## 6. Conclusão

Este trabalho apresentou uma simulação epidêmica baseada em agentes como ferramenta de apoio ao ensino e à exploração de conceitos em epidemiologia computacional. O modelo demonstra fenômenos fundamentais da propagação de doenças e oferece uma base flexível para experimentações e estudos futuros.

## Referências

1. Keeling, M. J., & Rohani, P. (2008). *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton University Press.
2. Epstein, J. M. (2009). Modelling to contain pandemics. *Nature*, 460(7256), 687–687.
3. Princeton University. Agent-based epidemic models lecture notes.