

Modelagem da Propagação da Dengue Utilizando Autômatos Celulares e o Modelo SIR

Gabriel Augusto Oliveira dos Santos

Universidade Federal Rural de Perna

Data: 14 de agosto de 2025

<https://github.com/GabrielAugusto1/epidemologia>

Resumo:

A dengue é uma doença infecciosa transmitida por mosquitos, com grande impacto em regiões tropicais. Este trabalho apresenta uma abordagem computacional para simular a propagação da dengue em uma população, utilizando autômatos celulares e o modelo compartimental SIR (Suscetível-Infectado-Recuperado). O objetivo é demonstrar como ferramentas computacionais podem auxiliar na compreensão da dinâmica epidemiológica e apoiar estratégias de controle.

Introdução:

A modelagem matemática de epidemias é fundamental para prever surtos e planejar intervenções. O modelo SIR é um dos mais utilizados para descrever a evolução de doenças infecciosas, dividindo a população em três compartimentos: suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R). Autômatos celulares permitem simular a propagação espacial da doença, considerando interações locais entre indivíduos.

Neste estudo, implementamos uma simulação da dengue em uma grade bidimensional, onde cada célula representa um indivíduo. O código-fonte está disponível em: <https://github.com/GabrielAugusto1/epidemologia>

Metodologia:

Modelo Compartimental SIR

O modelo SIR é definido pelas seguintes equações diferenciais:

$$dS/dt = -\beta SI/N$$

$$dI/dt = \beta SI/N - \gamma I$$

$$dR/dt = \gamma I$$

Onde:

S: número de suscetíveis

I: número de infectados

R: número de recuperados

β : taxa de transmissão

γ : taxa de recuperação

N: população total

Autômatos Celulares

A população é representada por uma matriz 20x20. Cada célula pode estar em um dos estados: S, I ou R. A cada passo de tempo, infectados podem transmitir a doença para vizinhos suscetíveis com probabilidade β . Após um tempo de infecção, o indivíduo se recupera.

Implementação:

O código foi desenvolvido em Python, utilizando as bibliotecas NumPy e Matplotlib. O algoritmo inicializa um infectado no centro da grade e simula a propagação por 50 passos. O código-fonte está disponível em:
<https://github.com/GabrielAugusto1/epidemologia>

Resultados:

A simulação mostra o crescimento inicial do número de infectados, seguido por um pico e posterior queda, à medida que indivíduos se recuperam. O gráfico gerado pelo código ilustra a evolução dos compartimentos ao longo do tempo.

Observa-se que, após o pico de infecção, a maioria da população se torna recuperada, reduzindo a propagação da doença.

Discussão:

A abordagem com autômatos celulares permite visualizar a propagação espacial da dengue, considerando a interação local entre indivíduos. O modelo pode ser expandido para incluir fatores como vacinação, mobilidade ou diferentes taxas de transmissão. A simulação reforça a importância de intervenções rápidas para conter surtos.

Conclusão:

Este trabalho demonstra a relevância de modelos computacionais para o estudo da dinâmica epidemiológica da dengue. O código desenvolvido pode ser facilmente adaptado para outras doenças ou cenários, servindo como ferramenta educacional e de pesquisa.

Referências

Kermack, W.O., McKendrick, A.G. (1927). A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. *Proceedings of the Royal Society A*.
Keeling, M.J., Rohani, P. (2008). *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*.
Smith, D.L., et al. (2012). The Role of Spatial Heterogeneity in the Transmission of Infectious Diseases.