

Autômatos celulares – modelo SIR

Matheus Farnese Lacerda Senna

Departamento de Ciência da Computação – Universidade Federal de Minas Gerais
Belo Horizonte, MG – Brasil

1. Construção do autômato

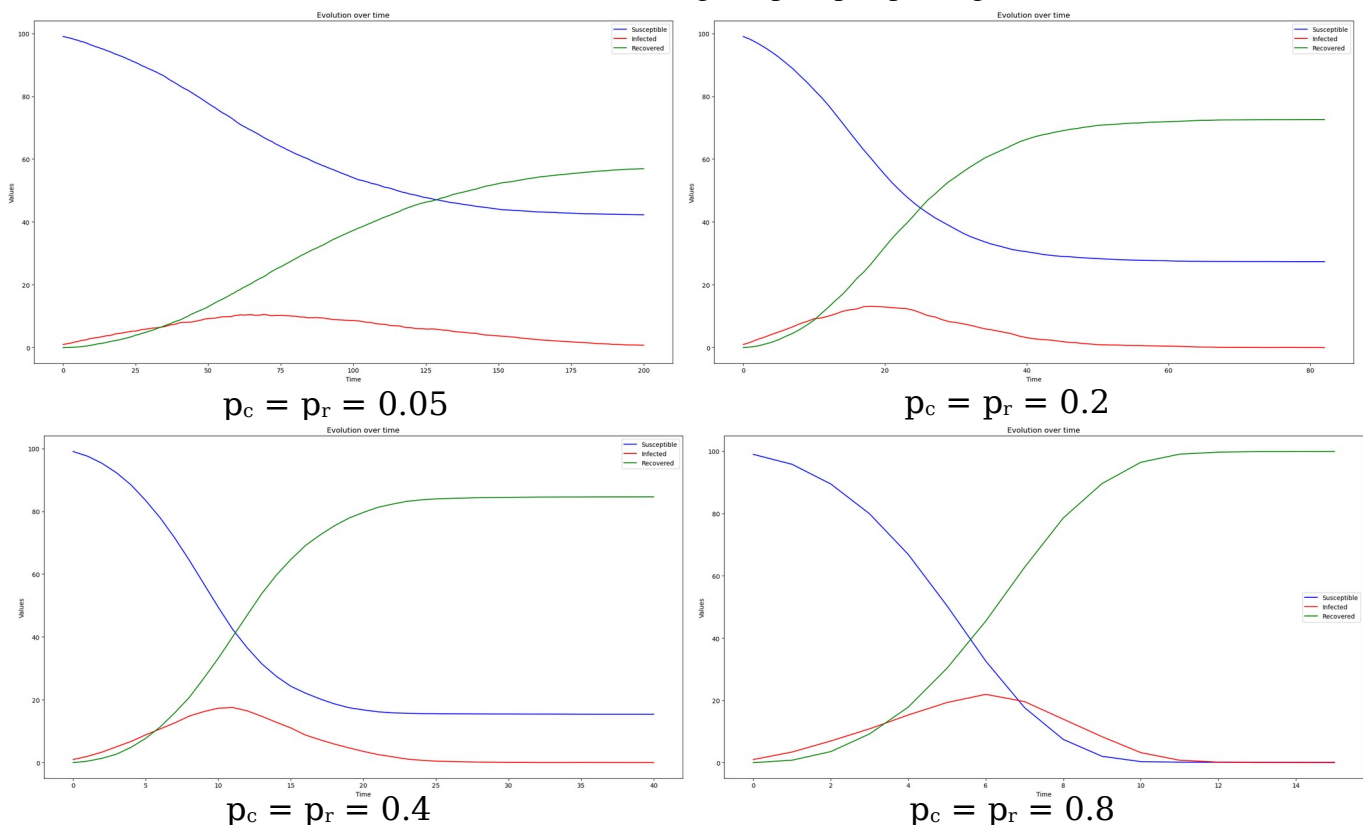
O autômato celular definido para essa atividade simulará o modelo SIR para propagação de doenças, modelo no qual existe uma rede com uma pessoa por nó da rede e tais pessoas podem estar em apenas um de três estados (**S**usceptible, **I**nfected or **R**ecovered). Cada pessoa interage com uma vizinhança, de forma que pessoas no estado I podem contaminar pessoas no estado S.

No modelo utilizado nesse trabalho, a rede construída foi uma rede quadrada com condições de contorno periódicas onde cada nó interage com os 4 nós ligados a ele. A cada instante de tempo, vértices no estado I infectam vértices adjacentes no estado S com uma probabilidade de contaminação p_c . As infecções a vizinhos são independentes entre si. Ademais, vértices no estado I mudam para o estado R com probabilidade de recuperação p_r . Após o instante de tempo passar, os valores dos vértices são atualizados de acordo com os resultados e o processo se repete. A condição de parada é não ter mais vértices no estado I. Estado inicial da rede: todos os vértices estão no estado S, exceto um vértice aleatório, que começa no estado I.

2. Análise inicial

Para obter-se uma visualização do modelo, foram escolhidas p_c e p_r arbitrárias e o gráfico do número de indivíduos em cada estado de acordo com o tempo foi plotado. Para todos os gráficos apresentados nessa seção, o tamanho da rede foi 10×10 e, para cada gráfico, os resultados plotados são as médias dos respectivos valores para 100 execuções diferentes do modelo com os mesmos parâmetros p_c e p_r , ou seja, para cada instante de tempo, foram obtidos os valores das 100 execuções referentes à quantidade de indivíduos em cada estado durante esse instante de tempo e foi tirado a média desses 100 valores para cada estado, sendo essas médias os valores, referentes ao dado instante de tempo, que aparecem no gráfico.

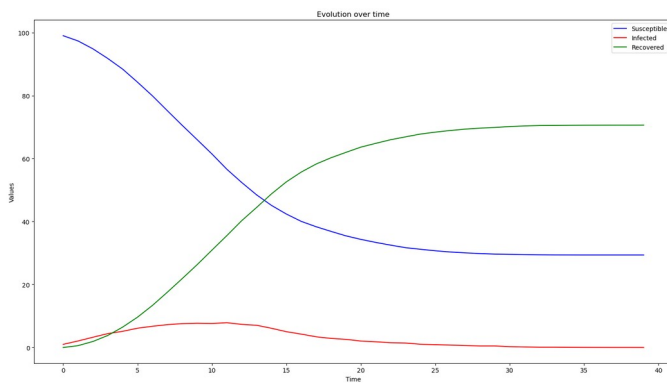
Primeiramente, foram escolhidos valores iguais para p_c e p_r . Os gráficos obtidos foram:



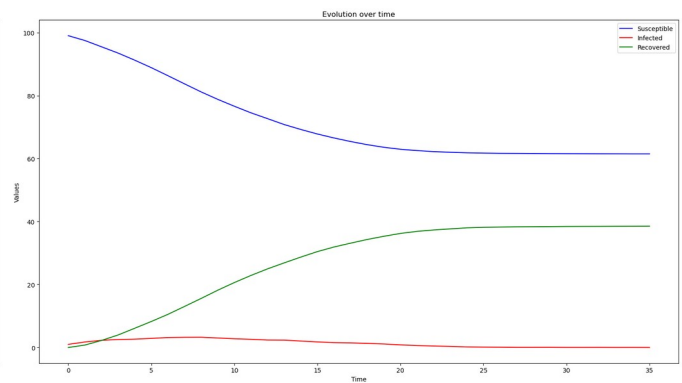
Verifica-se o seguinte comportamento em todos os gráficos: o número de indivíduos infectados começa baixo, tem um pico e abaixa novamente. Durante esse pico, é quando o número de indivíduos suscetíveis cai rapidamente (pois estão sendo infectados) e o número de indivíduos recuperados cresce rapidamente (pois os que já estavam infectados se recuperam). Ademais, as curvas azul (suscetíveis) e verde (recuperados) são aproximadamente simétricas.

Atentando para o fato de o eixo x (tempo) estar em escalas diferentes para cada gráfico, observa-se que, a medida que as probabilidades p_c e p_r vão crescendo, o tempo total de simulação vai diminuindo. Ademais, o número final de indivíduos recuperados tende a 100 (todos os indivíduos da rede) para altos valores de p_c e p_r . Ambas observações eram esperadas, pois para $p_c = p_r = 1$, a simulação possui sempre a mesma dinâmica: a cada instante de tempo, todos os indivíduos infectados são recuperados e todos os seus vizinhos são infectados, de forma que toda a rede será infectada e que a infecção de um indivíduo durará apenas um intervalo de tempo, configurando uma situação final fixa (todos os indivíduos no estado R) e alcançada rapidamente.

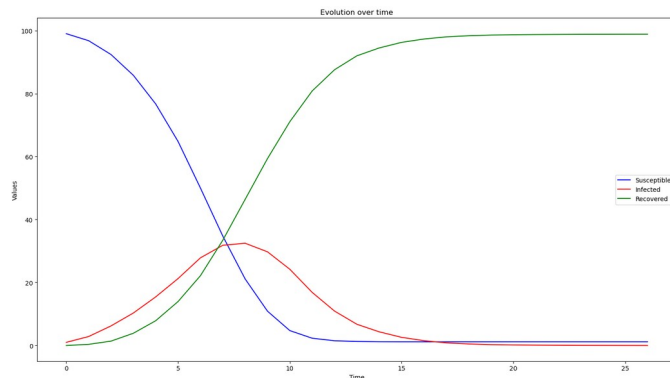
Agora, foram escolhidos valores diferentes para p_c e p_r . Os gráficos obtidos estão a seguir.



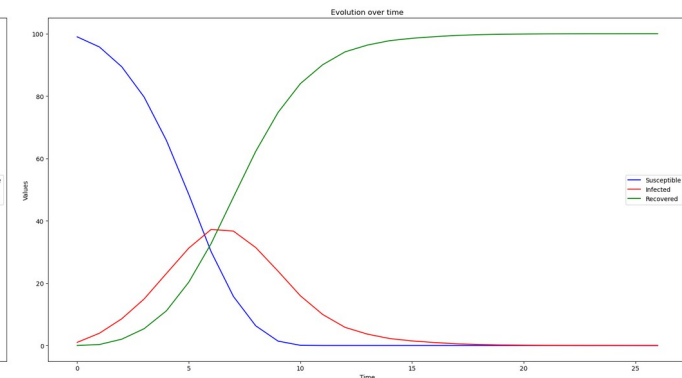
$p_c = 0.4$; $p_r = 0.6$



$p_c = 0.4$; $p_r = 0.8$



$p_c = 0.6$; $p_r = 0.4$



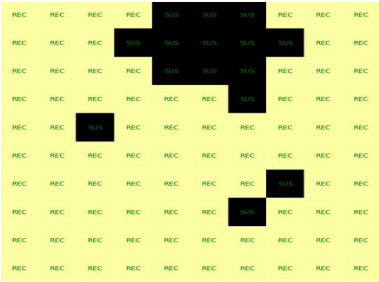
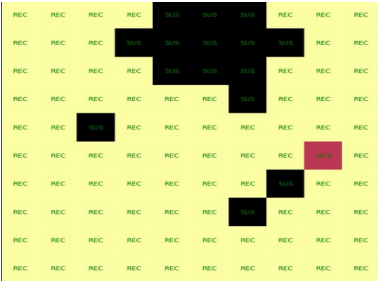
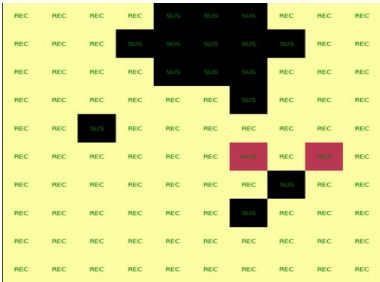
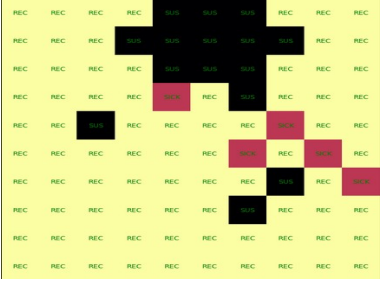
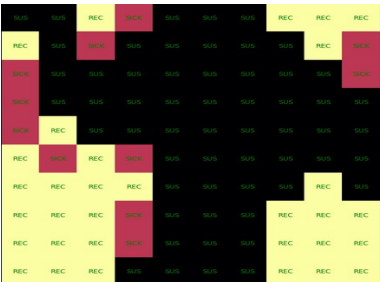
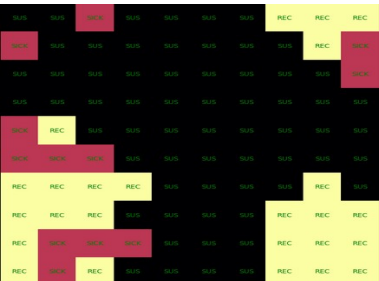
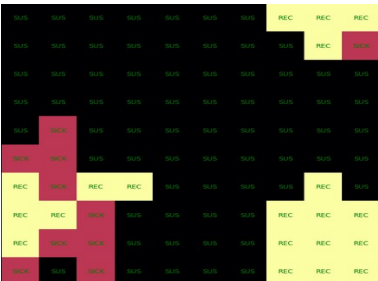
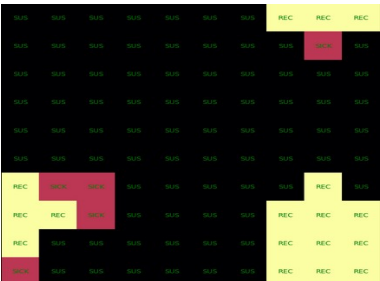
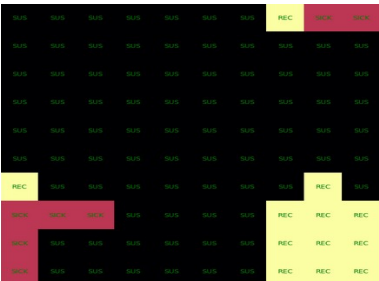
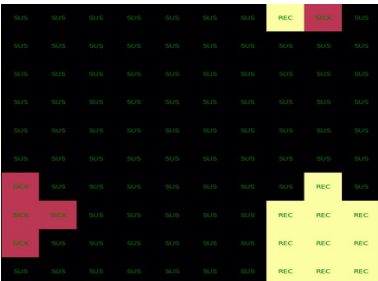
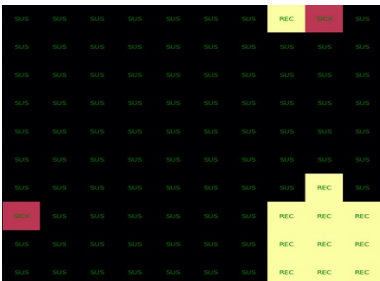
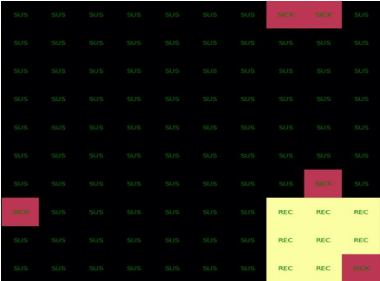
$p_c = 0.8$; $p_r = 0.4$

Para cada simulação, o menor valor entre p_c e p_r foi 0.4. O outro valor foi 50% maior ou 100% maior (0.6 ou 0.8). Observa-se o comportamento esperado: quanto maior p_r for com relação a p_c , menos indivíduos são infectados, o pico de infecção é menos significativo e o tempo gasto é maior (pois a doença se espalha devagar, devido à baixa taxa de infecção). Em compensação, quanto maior p_c for com relação a p_r , mais rápido e mais acentuado é o pico de infecção, além de quase toda (ou toda) a rede ser contaminada.

3. Visualização da rede

Para ter-se uma visualização mais clara de como a doença se espalha na rede, foram geradas imagens da rede a cada instante de tempo para uma execução do modelo com $p_c = 0.4$, $p_r = 0.6$ e rede de tamanho 10x10. A seguir estão expressas as imagens, onde preto indica suscetível, vermelho indica infectado e amarelo indica recuperado. A ordem das imagens é da direita para a esquerda e de cima para baixo, ou seja: 1 2 3 4

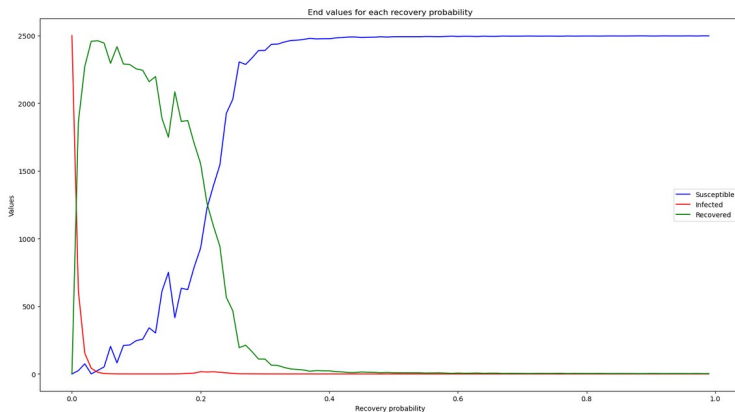
5 6 7 8 (etc)



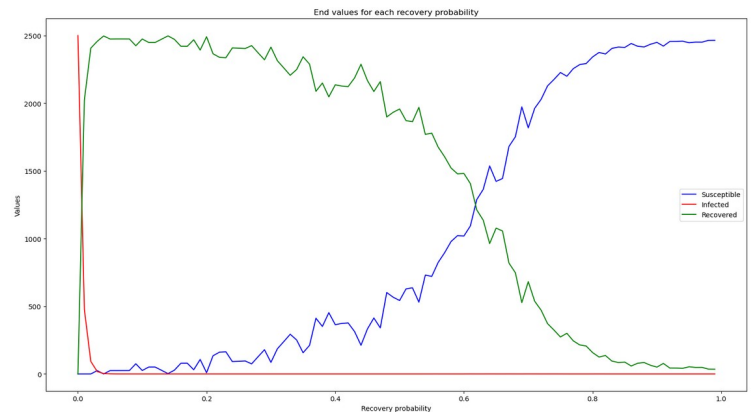
Observa-se um comportamento onde 15 indivíduos não foram infectados pela doença ao final da simulação. Além disso, lembrando que a rede possui condições de contorno periódicas, percebe-se que a maior massa de indivíduos não contaminados está relativamente longe do ponto de contaminação original, o que é um comportamento intuitivamente esperado.

4. Variação da probabilidade de recuperação (p_r)

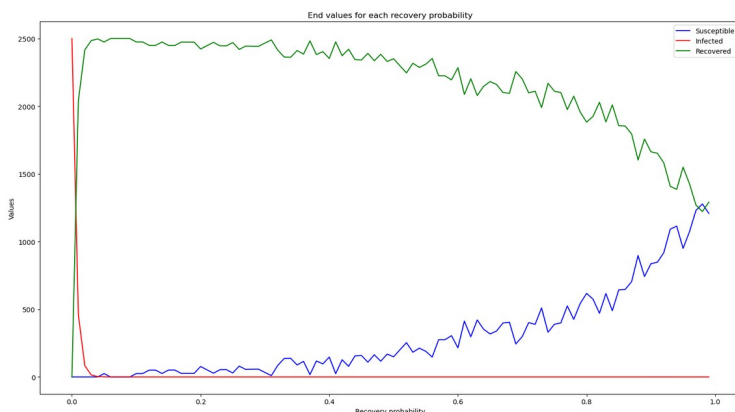
De forma a analisar o estado final da rede em função de p_r , ao fixar o valor de p_c , foi realizado o seguinte experimento. Para uma rede de tamanho 50×50 e valor fixo de p_c (indicado na legenda dos gráficos dessa seção), o modelo foi executado 100 vezes para cada valor de p_r , variando de 0 a 1 com passo de $+0.01$ (i.e., cada temperatura era a anterior somada de 0.01), sendo obtida a média dos valores finais da população total nos estados S, I e R, sendo esses valores plotados no gráfico para a respectiva temperatura p_r . Abaixo estão os gráficos gerados para diferentes valores de p_c .



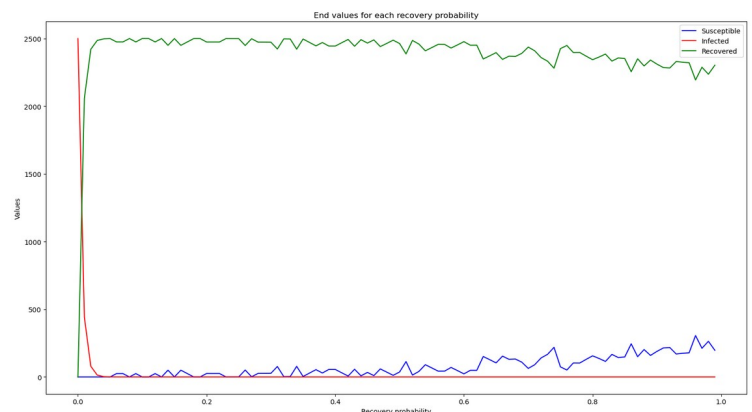
$p_c = 0.2$



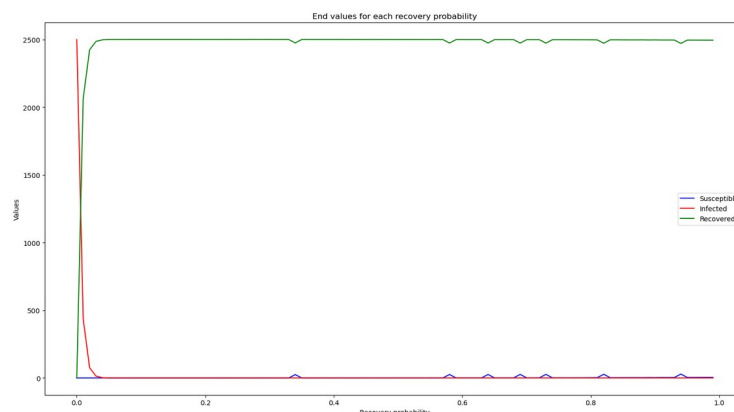
$p_c = 0.4$



$p_c = 0.5$



$p_c = 0.6$



$p_c = 0.8$

Observa-se que, para todos os gráficos, as métricas estão de acordo com o esperado: a medida que a probabilidade de recuperação vai crescendo, a linha azul (que representa o número de indivíduos não infectados) também cresce. De forma simétrica, a linha verde (número de indivíduos que foram infectados) decresce com o aumento da probabilidade de recuperação. Ademais, a linha vermelha está em zero (salvo para alguns valores de p_r bem próximos de zero), o que é o esperado, já que o número de infectados chegar a zero é a condição de parada da simulação. Os valores não nulos da linha vermelha para p_r próximo de zero é devido à condição de contorno implementada de que o tempo máximo de simulação é de 200 passos (tempo mais do que suficiente para acabar a grande maioria das simulações, como demonstrado pelo fato de apenas valores muito pequenos de p_r serem afetados por tal condição de contorno e possuírem valores não nulos de infectados ao final da simulação).

Finalmente, observa-se que, para valores menores da probabilidade de contaminação (exemplificado pelos $p_c = 0.2$ e $p_c = 0.4$), a quantidade de indivíduos que foram infectados (linha verde) chega bem próximo de zero para valores altos de p_r , sendo que esse decrescimento para quase zero é mais rápido e acentuado quanto menor for p_c . Ademais, observa-se que, a partir de um certo valor de p_c , o valor da probabilidade p_r pouco importa, pois o número de indivíduos que foram infectados (linha verde) é grande e fica oscilando entre valores altos. Esses “valores altos” são cada vez mais próximos do número de vértices da rede (ou seja, a rede toda foi infectada) quanto maior for p_c . Esse comportamento pode ser observado para $p_c = 0.6$ e $p_c = 0.8$. Por fim, verifica-se que $p_c = 0.5$ é um valor de transição entre os dois comportamentos descritos. Percebe-se que os valores de indivíduos que foram infectados decrescem com o aumento de p_r , mas não chegam a zero. De fato, para p_r próximo de 1, o número de indivíduos que foram infectados é aproximadamente metade da rede.

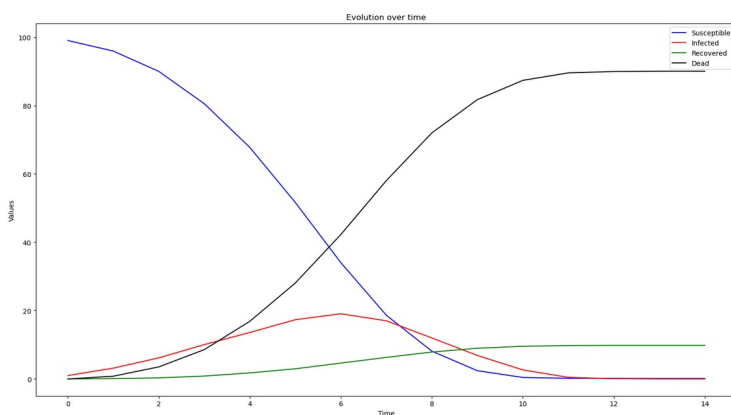
5. Extra: simulação com morte

Para expandir o modelo um pouco, foi adicionado uma probabilidade de um indivíduo infectado morrer após um intervalo de tempo. Essa probabilidade de morte p_m age da mesma forma que a probabilidade de recuperação p_r . As duas ditas probabilidades se interagem da seguinte forma: para cada instante de tempo, aplica-se p_m e p_r aos indivíduos infectados. Caso ambas probabilidades falhem, o indivíduo permanece infectado. Caso apenas p_m passe, ele morre. Caso apenas p_r passe, ele se cura. Caso ambas probabilidades passem no teste (ou seja, o indivíduo “morre e recupera ao mesmo tempo”), roda-se novamente ambas probabilidades até obter-se um caso válido.

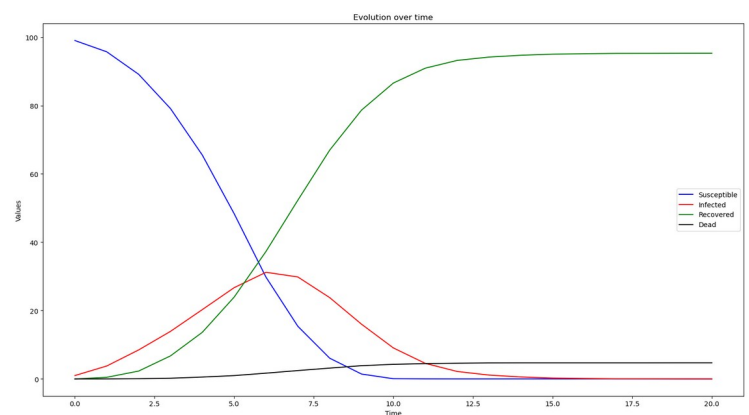
Com o intuito de simular diferentes tipos de doenças, 4 experimentos foram feitos:

- Doenças virulentas e letais, e.g. ebola ($p_c = 0.8$; $p_m = 0.9$)
- Doenças virulentas não letais, e.g. gripe influenza ($p_c = 0.8$; $p_m = 0.05$)
- Doenças não virulentas e letais, e.g. raiva ($p_c = 0.3$; $p_m = 0.8$)
- Doenças nem virulentas nem letais, e.g. “resfriados” ($p_c = 0.3$; $p_m = 0.001$)

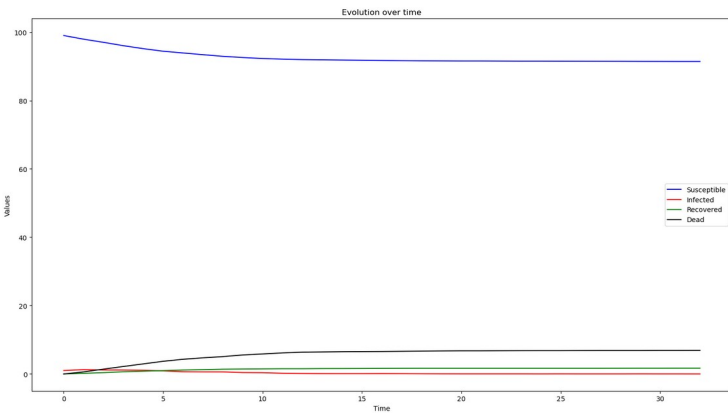
Os resultados obtidos estão expressos nos gráficos a seguir, que foram gerados sob o mesmo molde usado nos gráficos da seção 2 e com redes 10×10 com p_r fixa em 0.5.



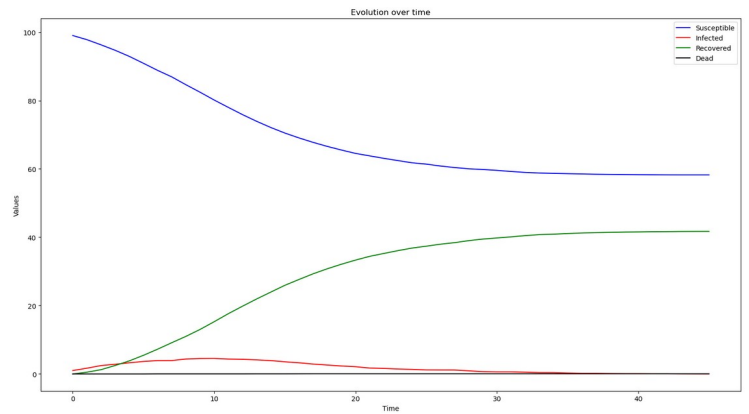
$p_c = 0.8$; $p_m = 0.9$



$p_c = 0.8$; $p_m = 0.05$



$p_c = 0.3 ; p_m = 0.8$



$p_c = 0.3 ; p_m = 0.001$

Observa-se o seguinte comportamento para os respectivos casos:

- Doenças letais e virulentas dizimam a população.
- Doenças apenas virulentas infectam toda a população, mas não matam muitas pessoas.
- Doenças letais e pouco virulentas infectam poucos indivíduos, mas matam a grande maioria dos que foram infectados.
- Doenças não letais e não virulentas se espalham bem mais do que o caso anterior (pois não matam o hospedeiro) mas mesmo assim não conseguem contaminar a rede toda, além do número de mortes ser praticamente zero.

6. Apêndice

Os códigos usados para as análises estão disponíveis no seguinte link do google drive:

<https://drive.google.com/drive/folders/1JCz74LLxnqBk8dDiuaRgXtrP9q3Nw5SI?usp=sharing>

Para a execução do modelo sem mortes, utilize o arquivo `sir.py` e digite a seguinte linha de comando em um terminal:

```
python3 sir.py
```

Caso queira alterar os parâmetros dos testes, basta alterar as chamadas de função nas últimas linhas do arquivo `sir.py`. As chamadas que estão comentadas gastam bastante tempo para serem executadas e se referem aos gráficos da seção 4. As outras chamadas geram os gráficos e imagens das seções 2 e 3.

Para a execução do modelo com mortes, utilize o arquivo `sir_with_death.py` e digite a seguinte linha de comando em um terminal:

```
python3 sir_with_death.py
```

Caso queira alterar os parâmetros dos testes, basta alterar as chamadas de função nas últimas linhas do arquivo `sir_with_death.py`. As chamadas já presentes no arquivo geram os gráficos da seção 5.