

Include English Version

A metodologia adotada neste estudo baseia-se na **simulação computacional de fenômenos epidemiológicos em ambiente poluído**, utilizando um modelo probabilístico para representar o comportamento de indivíduos em uma população exposta a diferentes níveis de dióxido de carbono (CO_2) na atmosfera. O objetivo da simulação é **analisar os efeitos da poluição atmosférica e da vacinação sobre a propagação de doenças e o número estimado de hospitalizações**, por meio de um sistema que integra elementos de programação orientada a objetos e teoria das probabilidades.

1. Fundamentação metodológica

A pesquisa segue uma **abordagem quantitativa e experimental**, uma vez que se fundamenta em experimentos computacionais repetitivos capazes de gerar dados estatísticos sobre o comportamento de uma população virtual. O método de simulação foi escolhido por permitir o controle de variáveis — como taxa de infecção, número de vacinados e níveis de poluição — e a reprodução de cenários realistas de forma controlada, sem a necessidade de observação empírica direta.

A técnica de modelagem utilizada é **baseada em agentes**, em que cada agente (ou indivíduo) possui estado próprio e interage com outros agentes segundo regras probabilísticas. Essa abordagem permite observar a **dinâmica coletiva emergente** a partir de comportamentos individuais, reproduzindo de maneira simplificada fenômenos de disseminação de doenças em contextos ambientais adversos.

2. Estrutura do modelo computacional

A estrutura do modelo foi implementada na linguagem Python, por meio de classes que representam tanto os **estados de saúde** quanto as **regras de transição entre esses estados**. A lógica segue o paradigma da **Programação Orientada a Objetos (POO)**, garantindo modularidade e clareza conceitual.

Foram definidas cinco classes principais de estado:

- **Healthy (Saudável)**: representa indivíduos não contaminados e sem imunidade.
- **Sick (Doente)**: indica indivíduos infectados, que podem evoluir para outros estados segundo probabilidades predefinidas.
- **Immune (Imune)**: indica indivíduos que adquiriram resistência à infecção, com possibilidade de retornar ao estado saudável.
- **Dead (Morto)**: estado terminal sem possibilidade de transição.
- **ProbabilisticStateHandler**: classe abstrata responsável por gerir as transições probabilísticas entre estados.

As transições entre estados são governadas por **distribuições de probabilidade**, representando o comportamento estocástico da evolução da doença. Por exemplo,

Include English Version

um indivíduo doente possui 10% de chance de morrer, 30% de chance de tornar-se imune e 60% de permanecer doente.

3. Parâmetros e variáveis de controle

A simulação é parametrizada por variáveis que definem:

- **Tamanho da população** (population_size);
- **Fator de infecção** (infection_factor), ajustado conforme o nível de poluição atmosférica;
- **Número de gerações** (generations), correspondente à quantidade de ciclos de propagação da doença;
- **Número de vacinados** (vacinados), que afeta diretamente a probabilidade de infecção.

Adicionalmente, a variável **nível de CO₂ (ppm)** é utilizada como indicador ambiental. Valores acima de 800 ppm são considerados poluição significativa e aumentam o risco de infecção e hospitalização, especialmente entre indivíduos não vacinados.

4. Procedimentos experimentais

O procedimento experimental consiste em:

1. **Inicialização da população:** indivíduos são criados aleatoriamente, com um subconjunto vacinado e um indivíduo inicial infectado.
2. **Definição das relações sociais:** pares de indivíduos são conectados com base em uma probabilidade fixa (20%), simulando uma rede de contatos.
3. **Propagação da infecção:** a cada geração, indivíduos doentes podem transmitir o vírus a seus contatos saudáveis, com probabilidade ajustada pelo fator de infecção e pela vacinação.
4. **Evolução dos estados:** cada indivíduo atualiza seu estado com base nas regras probabilísticas definidas.
5. **Coleta de dados:** ao final de cada rodada, são contabilizados os números de mortos e hospitalizados, repetindo-se o processo um número definido de vezes para obtenção de médias estatísticas.

5. Análise e interpretação dos resultados

Os resultados gerados pela simulação são expressos em termos de:

- **média de hospitalizações** entre não vacinados;
- **média de mortes estimadas** na população;
- **impacto da poluição (CO₂)** sobre a taxa de infecção e hospitalização.

Include English Version

Esses dados permitem analisar de forma quantitativa como a poluição atmosférica agrava os efeitos de uma epidemia em contextos de baixa cobertura vacinal, fornecendo uma visão probabilística da relação entre fatores ambientais e saúde pública.

6. Justificativa do método

A escolha da simulação computacional como metodologia fundamenta-se em sua **capacidade de reproduzir fenômenos complexos** com múltiplas variáveis de interação, o que seria inviável por meio de experimentação direta. Além disso, o modelo probabilístico permite incorporar **incertezas e variabilidade individual**, aproximando-se da realidade epidemiológica.

Assim, o método empregado configura-se como um **estudo experimental de natureza exploratória**, cuja finalidade é investigar a influência de variáveis ambientais e imunológicas sobre a disseminação de doenças, por meio de **modelagem baseada em agentes e simulação estocástica**.

Include English Version

English Version

The methodology adopted in this study is based on **computational simulation of epidemiological phenomena in polluted environments**, using a **probabilistic model** to represent the behavior of individuals within a population exposed to different levels of carbon dioxide (CO_2) in the atmosphere. The objective of the simulation is to **analyze the effects of air pollution and vaccination on disease transmission and the estimated number of hospitalizations**, through a system that integrates elements of **object-oriented programming** and **probability theory**.

1. Methodological Foundation

The research follows a **quantitative and experimental approach**, as it is grounded on repetitive computational experiments capable of generating statistical data on the behavior of a virtual population. The simulation method was chosen because it allows for the control of variables — such as infection rate, number of vaccinated individuals, and pollution levels — and the reproduction of realistic scenarios in a controlled environment, without the need for direct empirical observation.

The modeling technique employed is **agent-based**, in which each agent (or individual) has its own state and interacts with others according to probabilistic rules. This approach allows for the observation of **emergent collective dynamics** arising from individual behaviors, thereby reproducing, in a simplified manner, phenomena of disease spread in environmentally adverse contexts.

2. Structure of the Computational Model

The structure of the model was implemented in the **Python programming language**, through classes representing both **health states** and **rules of transition** between these states. The logic follows the **Object-Oriented Programming (OOP)** paradigm, ensuring modularity and conceptual clarity.

Five main state classes were defined:

- **Healthy:** represents uninfected and non-immune individuals.
- **Sick:** indicates infected individuals who can evolve to other states according to predefined probabilities.
- **Immune:** represents individuals who have developed resistance to infection, with the possibility of returning to the healthy state.
- **Dead:** a terminal state with no possibility of transition.
- **ProbabilisticStateHandler:** an abstract class responsible for managing probabilistic transitions between states.

Transitions between states are governed by **probability distributions**, representing the stochastic behavior of disease evolution. For instance, a sick individual has a

Include English Version

10% chance of dying, a 30% chance of becoming immune, and a 60% chance of remaining sick.

3. Parameters and Control Variables

The simulation is parameterized by variables that define:

- **Population size (population_size);**
- **Infection factor (infection_factor),** adjusted according to the level of air pollution;
- **Number of generations (generations),** corresponding to the number of propagation cycles;
- **Number of vaccinated individuals (vacinados),** directly affecting the probability of infection.

Additionally, the **CO₂ level (ppm)** variable is used as an environmental indicator. Values above 800 ppm are considered a significant pollution threshold and increase the risk of infection and hospitalization, especially among unvaccinated individuals.

4. Experimental Procedures

The experimental procedure consists of:

1. **Population initialization:** individuals are randomly created, with a subset being vaccinated and one individual initially infected.
2. **Definition of social relations:** pairs of individuals are connected with a fixed probability (20%), simulating a contact network.
3. **Infection spread:** in each generation, sick individuals may transmit the virus to their healthy contacts, with a probability adjusted by the infection factor and vaccination status.
4. **State evolution:** each individual updates their state based on the defined probabilistic rules.
5. **Data collection:** at the end of each run, the numbers of deaths and hospitalizations are recorded, and the process is repeated a set number of times to obtain statistical averages.

5. Analysis and Interpretation of Results

The results generated by the simulation are expressed in terms of:

- **Average number of hospitalizations** among unvaccinated individuals;
- **Average number of estimated deaths** within the population;
- **Impact of air pollution (CO₂)** on infection and hospitalization rates.

Include English Version

These data allow for a quantitative analysis of how air pollution exacerbates the effects of an epidemic in contexts of low vaccination coverage, providing a probabilistic view of the relationship between environmental factors and public health.

6. Method Justification

The choice of computational simulation as a methodological approach is justified by its **ability to reproduce complex phenomena** involving multiple interacting variables, which would be impractical through direct experimentation. Furthermore, the probabilistic model allows for the incorporation of **uncertainty and individual variability**, bringing the simulation closer to epidemiological reality.

Thus, the method employed can be characterized as an **experimental and exploratory study**, aimed at investigating the influence of environmental and immunological variables on disease spread through **agent-based modeling and stochastic simulation**.