

# Aplicação de Autômatos Celulares no espalhamento de Doenças Transmissíveis.

Vinicius Gasparini

*v.gasparini@edu.udesc.br*

*Joinville, Santa Catarina, Brazil*

---

## Abstract

Certos sistemas não podem ser compreendidos quando analisados individualmente. Denotamos estes, sejam sistemas naturais, sociais ou matemáticos, por sistemas complexos. Um sistema complexo carece de ser entendido através da análise do comportamento global gerado pelas interações entre seus componentes localmente. Para entender os sistemas complexos, várias ferramentas matemáticas podem ser usadas. O presente artigo irá discutir a modelagem de sistemas complexos por meio do uso de Autômatos Celulares (AC). Na área das ciências biológicas, ACs podem representar sistemas complexos naturais como, por exemplo, o espalhamento de doenças transmissíveis. Este trabalho revisa algumas pesquisas publicadas sob essa temática com a finalidade de comparar as simulações de propagação propostas e valida a aplicabilidade de ACs para compreensão de epidemias.

*Keywords:* Teoria da Computação, Autômatos Celulares, Epidemiologia

---

## 1. Introdução

Segundo Yam-Bar [1], certos sistemas não podem ter seus componentes analisados apenas individualmente pois algo se perderá. Esses sistemas são denominados de sistemas complexos. Complexos pois devido grande número de agentes, as interações locais permitem que o sistema como um todo seja auto-organizado. Dentre os diversos sistemas com essas características esta o nosso cérebro, o sistema imunológico, populações de seres vivos, propagações de doenças, os mercados financeiros, os ecossistemas, etc.

Em sistemas complexos, as regras de interação local durante as iterações produzem um comportamento global altamente sensível as sutis variações

11 locais. Conhecemos o resultados dessas relações por efeitos coletivos.

12 Para entender os efeitos coletivos de um sistema complexo real, progra-  
13 mas tentam simular os comportamentos atômicos e, assim, prever o com-  
14 portamento do grupo. Dentre essas técnicas de simulação e descrição, os  
15 Autômatos Celulares (ACs) se destacam pela relação entre simplicidade e  
16 fidelidade.

17 ACs são sistemas dinâmicos discretos, isto é, possui uma quantidade fi-  
18 nita de regras de interação e estas estão condicionadas a dimensão temporal  
19 discreta [2]. Cada célula do autômato possui um conjunto finito de possibili-  
20 dades de estados, que com um *tick* temporal, realiza a transição com baseada  
21 nos estados dos seus vizinhos. Este modelo pode sofrer modificação para co-  
22 brir necessidades do problema a ser representado, como é o caso de adicionar  
23 transições com base no estado do conjunto global.

24 Um AC é descrito através de uma regra local, a configuração e uma regra  
25 global. A regra local é uma função que determina as mudanças de estado,  
26 essa regra é igual a todas as células do AC. A configuração determina quais  
27 são os estados atuais que cada célula está em um instante de tempo. Por fim  
28 temos a regra global ou mapa global, que corresponde a ação da regra local  
29 sob a atual configuração, alterando portanto a segunda. Um AC não possui  
30 entrada e portanto é autônomo. Suas variações de comportamento se dão  
31 através da modificação das transições ou da condição inicial das células (em  
32  $t = 0$ ).

33 Devida robustez que o modelo emprega e baixa complexidade computa-  
34 cional de se representar, os AC são amplamente utilizados em simulações de  
35 sistemas reais tais como o espalhamento de doenças contagiosas.

36 Orientado por modelos matemáticos de transmissão estudados pela epi-  
37 demologia, como é o caso do SIR, podemos representar os estados de um  
38 indivíduo da população e suas interações contagiantes com os demais por  
39 meio de ACs.

40 Tavares [3] citando Kermack and McKendrick [4] classifica o modelo SIR  
41 pela segregação da população em 3 grupos. Os suscetíveis são aqueles que  
42 podem se contaminar mas não estão contaminados; os infecciosos atualmente  
43 estão infectados e podem contagiar outros indivíduos e por fim os recupera-  
44 dos, aqueles que já foram contaminados e estão imunes ou aqueles que são  
45 naturalmente imunes.

## 46 2. Modelagem baseada em estados

47 Ao modelar sistemas, buscamos representar as interações entre elemen-  
48 tos através da caracterização de suas relações. Quando o sistema alvo são  
49 epidemias, comumente utiliza-se a modelagem compartimental. Obtida pela  
50 divisão da população em categorias, os indivíduos transitam entre os grupos  
51 sob taxa dependente da situação espaço-temporal que a doença prevê [5]. To-  
52 mando  $N(t)$  a quantidade de indivíduos em um instante  $t$ , podemos classificar  
53 essa população em classes do tipo suscetíveis,  $S(t)$ ; infecciosos ou infectados,  
54  $I(t)$  e recuperados,  $R(t)$ , entre outras classes como os naturalmente imunes,  
55 temporariamente imunes e afins.

56 A modelagem prevê que em cada momento de tempo  $t$  o indivíduo estará  
57 em apenas um estado. O estado suscetível  $S$  indica que o indivíduo pode  
58 contrair a doença. O estado infectado  $I$  indica que o indivíduo está infectado  
59 com a doença e pode transmiti-la a outros membro do estado  $S$ , e o estado  
60 recuperados  $R$  indica que o indivíduo já passou pelos outros dois estados  
61 e não pode se reinfectar nem ser transmissor novamente. Com base nestes  
62 estados e algumas outras variações, encontramos os modelos epidemiológicos  
63 SIS, Suscetível-Infectado-Suscetível, utilizado quando a doença não confere  
64 imunidade ao recuperado, e o modelo SIR, Suscetível-Infectado-Removido,  
65 para casos onde a recuperação provê imunidade.

66 O modelo SIR básico, descrito por Kermack and McKendrick [4], é um  
67 dos mais utilizados pelos epidemiologistas teóricos por fornecer uma dinâmica  
68 poderosa o suficiente para análises determinísticas baseadas em indivíduos e  
69 simplista a ponto de fácil relacionar com a abordagem compartimental supra-  
70 citada. Apesar de possuir uma descrição por meio de equações diferenciais, o  
71 presente trabalho se limitará a abordar a abordagem baseada em indivíduos.

72 O SIR estabelece a divisão da população  $N$  em 3 grupos. Os suscetíveis,  
73  $S(t)$ , infectados,  $I(t)$  e removidos,  $R(t)$ . A população é homogênea e de  
74 tamanho fechado, não havendo inclusões (nascimentos) nem baixas (morte-  
75 tes). A transmissão supõe que a força de espalhamento,  $\lambda$ , é diretamente  
76 proporcional à parcela de infectados, isto é,  $\lambda = (\rho * I)/N$ , sendo  $\rho$  a quan-  
77 tidade de contatos infecciosos que um indivíduo do grupo  $I$  realiza. Quanto  
78 a taxa de recuperação, esta é constante e é representada por  $\delta$ . Uma adição  
79 a essa modelagem e portanto mais fiel as situações endêmicas, é a possibili-  
80 dade de aumento da população por nascimentos,  $\gamma N$ , diminuição por mortes,  
81  $\{\gamma S, \gamma I, \gamma R\}$  e casos de imunidade temporária  $\Delta$ , como descrito em [3, 6].

82 A Figura 1(a) ilustra o modelo SIR na sua forma compartimental, en-

83 quanto a Figura 1(b) apresenta o modelo matemático, ambas representações  
 84 de situações endêmicas.

85 Podemos caracterizar este modelo de modo que  $N > 0, t \geq 0 \mid \{N, t\} \in \mathbb{N}$ ,  
 86  $S(t) + I(t) + R(t) = N$  e portanto  $\frac{S(t)}{N} + \frac{I(t)}{N} + \frac{R(t)}{N} = 1$ . Adicionalmente,  
 87  $\gamma S + \gamma I + \gamma R \leq N$  e  $0 \geq \Delta > R(t)$ .

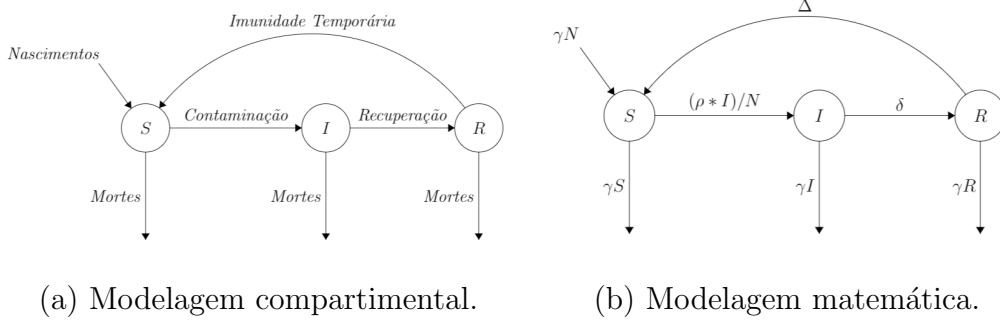


Figura 1: Modelos SIR.

### 88 3. Autômatos Celulares

89 Autômatos Celulares, AC, é uma ferramenta matemática inicialmente  
 90 definida por John Von Neumann e Stanislaw Ulam em meados dos anos 1940  
 91 e com posteriori relevante contribuição de Wolfram [7] em 1983.

92 Autômatos celulares estão presentes numa variedade de simuladores de  
 93 sistemas físicos e biológicos, entre outros sistema complexos, visto sua capa-  
 94 cidade de simular rebuscadas dinâmicas de interação baseada na temporali-  
 95 dade.

96 Rizzi et al. [6] cita que “AC podem ser classificados como modelos de  
 97 sistemas dinâmicos discretos no espaço e no tempo, que operam sobre um  
 98 *lattice* contendo uma quantidade finita ou infinita de células”. Caracteriza-  
 99 dos por iterações locais, cada célula possui um estado discreto associado de  
 100 modo que a atualização do estado é realizada a partir dos estados das células  
 101 vizinhas de com base nas regras locais. Na Figura 2 vemos o exemplo de um  
 102 AC com *lattice* triangular e alguns dos estados possíveis do sistema.

103 Formalmente, ACs pode ser definido pela quádrupla  $\langle \mathcal{L}, \mathcal{Q}, \mathcal{V}, \sigma \rangle$ .

104 O *lattice*, ou forma da célula, bidimensional é dado por  $\mathcal{L} = (i, j) \mid 1 \leq$   
 105  $i \leq n, 1 \leq j \leq m$  com  $n, m \in \mathbb{N}^*$ . A vizinhança local da célula  $(i, j)$  pode ser

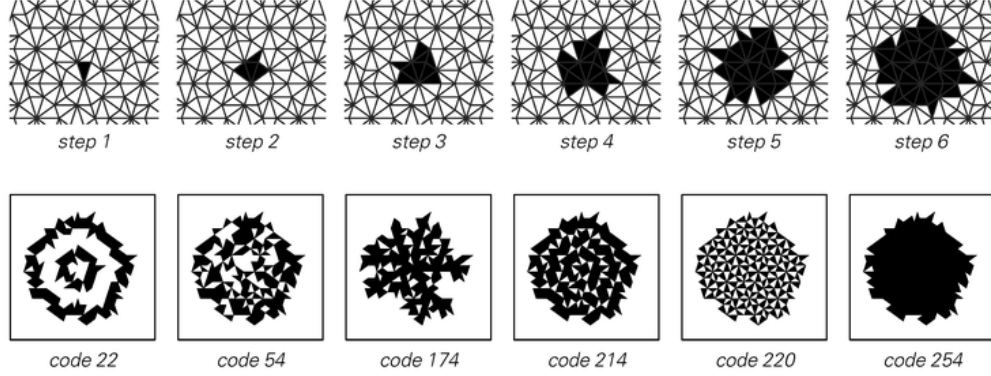


Figura 2: Autômato celular de *lattice* triangular. Adaptado de Wolfram [8]

do tipo von Neumann ou de Moore. Estas se diferem pela primeira considerar apenas as adjacências ortogonais enquanto a segunda conta também com as adjacências diagonais. Neste trabalho utilizaremos a definição de Moore que é dada por  $\mathcal{V}_{i,j} = (i + \alpha, j + \beta) \mid -1 \leq \alpha, \beta \leq 1$  com  $\alpha, \beta \in \mathbb{Z}$ . A vizinhança sem a célula central é indicada por  $\mathcal{V}^*$ .

O conjunto de estados é representado pelo simbolo  $\mathcal{Q}$  enquanto as regras locais de transição é dada por  $\sigma$ . Sendo  $t$  a variável discreta temos que  $\sigma(e_{(i+\alpha, j+\beta)}^t) = E_{(i,j)}^{t+1}$ . Isto é,  $\sigma$  corresponde ao estado de uma célula sob vizinhança  $(i, j)$  no instante  $t$  e  $E$  o estado da célula  $(i, j)$  em  $t + 1$ .

Contextualizando para o problema de representar situações epidemiológicas, temos que o conjunto de estados  $\mathcal{Q} = \{S, I, R\}$ . Faz-se necessário também a definição dos estados das células no tempo inicial  $t_0$ . Descrevemos então nosso AC como um problema de valor inicial, dinâmico e de contorno discreto por meio da regra de transição  $(i, j) \times t \in \mathcal{L} \times (0, T)$ , onde  $T$  determina o tempo de vida da simulação e está limitado a  $(i, j) \times t \in \partial\mathcal{L} \times [0, T]$ .

Tendo posse das expressões do domínio e da regra de transição, e sob as devidas condições de *lattice*, nosso AC é tal Equação 1.

$$\begin{cases} \sigma(e_{(i+\alpha, j+\beta)}^t) = E_{(i,j)}^{t+1}, & (i, j) \in \mathcal{V}_{i,j} \subset \mathcal{L}, t > 0 \\ E_{1,j} = E_{n,j}, E_{i,1} = E_{i,m}, & (i, j) \times t \in \partial\mathcal{L} \times [0, T] \\ e_{(i,j)}^0 = e(0), & (i, j) \in \mathcal{L} \end{cases} \quad (1)$$

A modelagem apresentada teve como inspiração os trabalhos [3, 6, 9].

### 124 3.1. AC como uma máquina de Turing

125 Segundo Sipser [10], a máquina de Turing é um dispositivo semelhante  
126 a um autômato finito, mas com uma memória ilimitada e irrestrita, é um  
127 modelo muito mais acurado do um computador de propósito geral. Baseada  
128 no controle de estados finitos em uma fita infinita dividida em células que se  
129 move em ambas as direções, a fita é capaz de salvar símbolos através de uma  
130 cabeça móvel que realiza leituras e escritas.

131 Cada célula possui um número finito de símbolos e apenas uma célula está  
132 na posição atual do cabeçote. Em um movimento da máquina, a fita mudará  
133 de estado, gravará um símbolo de fita na célula varrida, e movimentará a  
134 cabeça para esquerda ou direita. O resultado da computação, quando existe,  
135 é o conteúdo da fita ao parar.

136 No caso dos Autômatos Celulares, podemos relacionar cada célula do  
137 sistema a uma máquina de Turing. Utilizaremos a variante de máquina com  
138 fita duplamente infinita, a dividimos em duas partes: a direita e a esquerda  
139 da posição inicial. O lado direito armazena o estado atual da célula enquanto  
140 o lado esquerdo indicará se o cabeçote está lendo a célula do AC. De modo, a  
141 partir do movimento das máquinas conseguimos reproduzir o comportamento  
142 individual de cada célula do AC através das regras:

- 143 • Se o lado esquerdo da fita indicar uma não leitura da célula ou de  
144 seus vizinhos, o estado da célula correspondente não muda, isto é, o  
145 conteúdo a direita da fita se mantém intocado;
- 146 • Se o cabeçote ao ler o lado esquerdo indicar uma movimentação a direita  
147 então no próximo passo o cabeçote lerá o conteúdo da célula atual;
- 148 • Se o cabeçote estiver lendo a célula, então no próximo instante de  
149 tempo o conteúdo a direita será alterado com base nos estados atuais  
150 das células vizinhas.

151 Essa estratégia descrita necessita ainda de uma máquina de Turing que  
152 orquestre as consultas entre máquinas vizinhas. Trabalhos como [11] propõe  
153 versões alternativas quanto a representar AC em máquinas de Turing.

## 154 4. Uso de ACs para simular espalhamento de doenças.

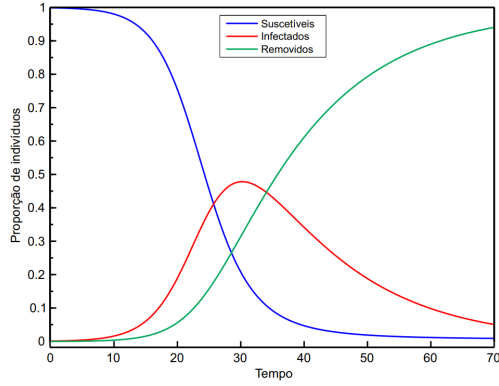
155 No trabalho realizado por Rizzi et al. [6], os pesquisadores realizam expe-  
156 rimentos acerca do tema propagação de doenças e fazem uso de 4 diferentes

157 modelagens da cadeia de transmissão. É utilizado a modelagem por Equações  
158 Diferenciais Ordinárias, por Autômato Celular tipo difusivo, por Autômato  
159 Celular tipo LGCA e a modelagem por Multiagente. O Autômato Celular  
160 tipo LGCA difere do tipo difuso pela propriedade probabilística que é em-  
161 pregada às transições. Com isso é possível representar o efeito de vacinação,  
162 por exemplo.

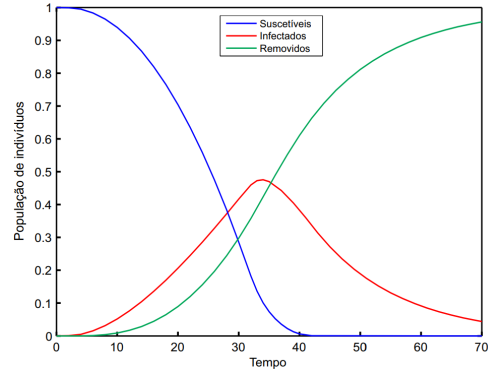
163 Rizzi et al. [6] com suas experimentações conclui que apesar da mode-  
164 lagem por Autômatos Celulares ter potencial para simulação computacional  
165 de processos centrais na dinâmica de doenças infecto-contagiosas, estes de-  
166 mandam precisa parametrização e ainda são demasiadamente simples para  
167 representar adequadamente um cenário endêmico ou epidêmico realista, um  
168 argumento que fundamenta essa análise é que como a modelagem é baseada  
169 em visitas às vizinhanças, a infecção ocorre devido à movimentação da onda  
170 de infecção e não dos indivíduos. Mas ressaltam a eficiente solução deter-  
171 minística espaço-temporal e a vantajosa capacidade de ser parametrizável  
172 conforme ambiente. Na Figura 3 podemos observar as simulações realizadas  
173 pelos pesquisadores.

174 Para tentar mitigar os problemas observados por Rizzi et al. [6] ao utilizar  
175 modelagem por ACs, uma estratégia seria expandir o conjunto de estados,  
176 empregando não somente mais cenários mas também maior complexidade  
177 e fidelidade a simulação. Isso pode ser visto no trabalho de Melotti [9].  
178 O pesquisador simulou “oito cenários para representar o espalhamento de  
179 epidemias com diferentes condições iniciais, sendo que alguns deles foram  
180 divididos em quatro regiões para mostrar as diferenças de espalhamentos de  
181 epidemias com diferentes características regionais. Também foram mostradas  
182 duas situações de espalhamentos de epidemias com um controle de vacinação  
183 pulsada aplicada a cada quatro instantes de tempo nos indivíduos suscetíveis,  
184 a fim de erradicar a epidemia. O último cenário apresentou uma simulação  
185 com a inclusão do período de latência e do período de incubação, com isso o  
186 modelo fica mais realístico.”

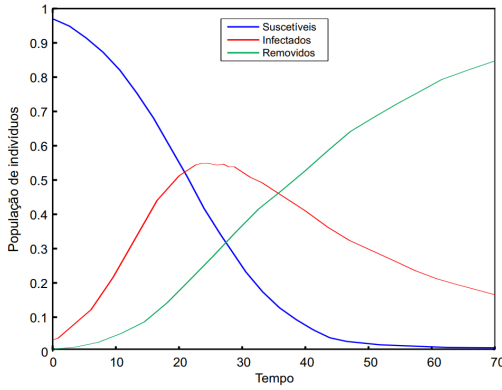
187 Melotti [9] conclui que os resultados obtidos a partir dos oito cenários  
188 mostram que a modelagem por AC proposta gera comportamentos quali-  
189 tativamente semelhantes com os de modelos utilizados por epidemiologistas.  
190 Porém, quantitativamente percebe-se algumas diferenças dos valores de picos  
191 e de estabilidades entre as séries temporais do AC comparadas com modelos  
192 compartimentais.



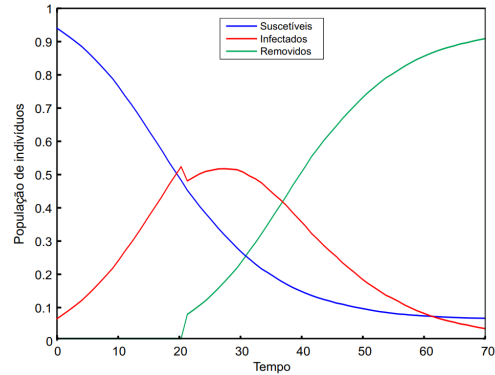
(a) Modelagem por EDO.



(b) Modelagem por AC difusivo.



(c) Modelagem por AC tipo LGCA.



(d) Modelagem Multiagente.

Figura 3: Soluções para as abordagens para o modelo compartimental SIR. Adaptado de Rizzi et al. [6]

## 193 5. Conclusões

194 Neste trabalho foi apresentado uma revisão sobre modelagem de siste-  
 195 mas complexos por meio do uso de Autômatos Celulares. Sob essa funda-  
 196 mentação, foi apresentado o problema de espalhamento de doenças contagio-  
 197 sas e aplicado a modelagem por ACs para representar o modelo compartimen-  
 198 tal SIR. Por fim, foi realizada uma comparação de trabalhos publicados por  
 199 outros pesquisadores para validar a hipótese levantada de que Autômatos Ce-  
 200 lulares é uma ferramenta matemática útil para o entendimento de pandemias.  
 201 Tanto Rizzi et al. [6] quanto Melotti [9] pontuam características vantajosas  
 202 e desvantajosas dessa abordagem. Mesmo não sendo a mais fiel simulação  
 203 dentre as outras alternativas, ACs apresentam bastante utilidade pela sen-



204 sibilidade ao ambiente, viabilidade de empregar espaço-temporalidade com  
205 baixa complexidade de implementação computacional. Conforme pontuado  
206 por Peixoto and Barros [12], “o objetivo final dos modelos AC é uma des-  
207 crição do comportamento macroscópico do fenômeno e não uma descrição  
208 exata e fiel do processo microscópico. Não são, em geral, instrumentos de  
209 previsão, devendo ser abordados como um meio de experimentação”.

210 Sendo assim, AC não devem ser vistos como substituintes de modelos ma-  
211 temáticos mais tradicionais e rebuscados, mas sim como um experimentação  
212 inicial a fim de confirmar hipóteses e levantar novas indagações sob o sistema  
213 em análise.

## Referências

- [1] Y. Yam-Bar, Dynamics of Complex Systems, 1th ed., Addison-Wesley, 1997.
- [2] S. Palash, A Brief History of Cellular Automata, volume 32, ACM Computing Surveys, 2000.
- [3] J. Tavares, Modelo SIR em epidemiologia, Revista de Ciência Elementar 5 (2017) 20.
- [4] W. Kermack, A. McKendrick, A contribution to the mathematical theory of epidemics, Proceedings of the Royal Society of London Series A Mathematical and Physical Sciences (1927).
- [5] L. Edelstein-Keshet, Mathematical Models in Biology, 1th ed., Society for Industrial and Applied Mathematics, 2005.
- [6] R. L. Rizzi, C. B. Rizzi, W. L. Kaizer, P. V. Pramiu, Autômatos Celulares e Sistema Multiagente para Simulação da Propagação de Doenças, Revista de Informática Teórica e Aplicada 23 (2016) 141–164.
- [7] S. Wolfram, Cellular Automata, Los Alamos Science (1983) 2–21.
- [8] S. Wolfram, A New Kind of Science, Wolfram Media, 2002. URL: <https://www.wolframscience.com>.
- [9] G. Melotti, Aplicação de autômatos celulares em sistemas complexos: Um estudo de caso em espalhamento de epidemias (2009).

- [10] M. Sipser, Introdução a teoria da computação, 2th ed., Cengage Learning, 2012.
- [11] F. L. C. Pádua, Autômatos Celulares: Teoria e Aplicações (2004) 3–6.
- [12] M. S. Peixoto, L. C. Barros, Um Estudo de Autômatos Celulares para o Espalhamento Geográfico de Epidemias com Parametro Fuzzy, TEMA Tend. Mat. Apl. Comput. 5 (2004) 125–133.