



**Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE)**

**Departamento de Estatística e Informática (DEINFO)**

**Cellular Automata**

**Jonas Albuquerque**

**Simulação Estocástica de Epidemias em Autômatos Celulares: Um  
Framework Interativo em PyQt5**

**Vinícius Ferreira Ferraz**

**26 de Novembro de 2025**

**Resumo:** Este trabalho apresenta um framework interativo para simulação epidemiológica baseado em autômatos celulares, estruturado segundo o modelo SEIRD: Suscetível, Exposto, Infectado, Recuperado e Morto. A ferramenta, desenvolvida em Python utilizando PyQt5, permite explorar a dinâmica espacial de epidemias incorporando probabilidade de infecção, períodos de incubação, mortalidade, recuperação estocástica e mobilidade dos indivíduos. O sistema oferece recursos de visualização em tempo real, edição direta do cenário, geração de GIFs de múltiplas gerações e manipulação de parâmetros, tornando-se um instrumento útil para estudo, ensino e experimentação de fenômenos epidêmicos emergentes

## 1. Introdução

A modelagem de epidemias é fundamental para compreender a dinâmica de propagação de doenças infecciosas e antecipar comportamentos críticos de sistemas populacionais. Autômatos celulares são ferramentas adequadas para esse tipo de estudo, pois permitem representar interações locais e efeitos espaciais de forma simples e intuitiva. Ao contrário de modelos puramente matemáticos baseados em equações diferenciais, autômatos celulares tornam explícitos aspectos como distribuição espacial, heterogeneidade e mobilidade da população.

O modelo desenvolvido neste trabalho implementa uma versão estendida do esquema epidemiológico SEIRD, incorporando probabilidades estocásticas e timers individuais para representar períodos de incubação e infectividade. A utilização de uma interface gráfica interativa facilita a experimentação, tornando o sistema acessível tanto para fins didáticos quanto de pesquisa

## 2. Metodologia

### 2.1 O Modelo do Autômato Celular

Cada célula da grade representa um indivíduo, pertencente a um dos estados:

- S (Suscetível): indivíduo saudável, pode ser infectado.
- E (Exposto): infectado incubando, não transmite.
- I (Infectado): transmissor ativo.
- R (Recuperado): imune.
- D (Morto): não participa mais da dinâmica.

A evolução temporal segue regras probabilísticas considerando:

- probabilidade de infecção baseada na quantidade de vizinhos infectados;
- período de incubação ( $E \rightarrow I$ );
- período infeccioso ( $I \rightarrow R$ ); - probabilidade de morte em cada passo enquanto infectado;
- possibilidade de mobilidade, onde indivíduos podem trocar de posição aleatoriamente

## 2.2 Implementação Computacional

A ferramenta foi implementada em Python, empregando a biblioteca PyQt5 para construção da interface e Pillow (PIL) para geração das imagens. A aplicação foi estruturada em três componentes principais

### 2.2.1 Modelo da Matriz (MatrizModel)

A classe `MatrizModel` herda de `QAbstractTableModel`, permitindo representar a grade como uma tabela interativa.

Principais funcionalidades:

- armazenamento da matriz de estados ( $20 \times 20$  por padrão);
- suporte a edição célula a célula;
- cálculo da próxima geração segundo as regras do Game of Life;
- pilha de histórico para retornar gerações anteriores.

O cálculo da geração utiliza uma dupla iteração sobre linhas e colunas, avaliando os oito vizinhos ao redor de cada célula. Para cada posição, uma nova matriz é construída seguindo estritamente as regras de Conway.

### 2.2.2 Visualização Interativa (MatrizView)

A classe `MatrizView`, derivada de `QTableView`, fornece:

- visualização das células como blocos pretos (vivas) ou brancos (mortas);
- ajuste automático do tamanho das células de acordo com a resolução da tela;
- interação por clique e arraste para desenhar padrões livremente;
- bloqueio de barras de rolagem e cabeçalhos para layout limpo.

O usuário pode criar padrões conhecidos manualmente, como gliders ou oscillators, com interação fluida.

### 2.2.3 Geração de GIFs

O sistema inclui duas funções dedicadas:

- `handle_25_gens_gif()`
- `handle_100_gens_gif()`

Cada uma percorre a matriz, renderizando sua evolução e salvando-a no diretório `gifs/`. Cada frame é produzido ampliando as células por um fator de escala e pintando pixels correspondentes.

O método garante:

- preservação do estado inicial (backup e restauração),
- GIFs suavemente encadeados,
- registro automático das miniaturas no painel lateral.

#### **2.2.4 Interface Gráfica e Controle de Execução**

A classe **MainWindow** organiza todos os componentes:

- painel lateral com botões grandes e estilizados;
- controle de próxima geração e geração anterior;
- reset total da matriz;
- botão para abrir a pasta dos GIFs;
- galeria com miniaturas das quatro animações mais recentes.

A classe MatrizModel encapsula toda a dinâmica epidemiológica, incluindo a lógica SEIRD, contagem de vizinhos, mobilidade, temporizadores e estocasticidade. A MatrizView fornece uma visualização interativa onde cliques alternam estados, permitindo construção manual de cenários. A aplicação principal organiza botões para controle da simulação, reinicialização, randomização e geração de GIFs das evoluções temporais.

### **3. Resultados**

A simulação apresentou comportamentos coerentes com a dinâmica de surtos epidêmicos. Entre os padrões observados:

- formação de clusters epidêmicos a partir de múltiplos focos iniciais;
- ondas de infecção propagando-se conforme mobilidade e densidade populacional;
- regiões recuperadas que atuam como barreiras naturais;
- extinção da epidemia em cenários com alta recuperação ou baixa transmissibilidade;
- colapso populacional em ambientes com alta mortalidade

A geração automatizada de GIFs permitiu registrar a progressão temporal de 25 e 100 gerações, facilitando análise comparativa entre diferentes cenários e parâmetros.

### **4. Discussão**

O modelo demonstra a utilidade dos autômatos celulares estocásticos para explorar fenômenos epidemiológicos complexos. A inclusão de timers e mobilidade torna o sistema significativamente mais realista do que versões determinísticas simples. A ferramenta pode ser expandida para incorporar fatores adicionais, como reinfecção, imunidade temporária, vacinação ou níveis diferentes de mobilidade. O caráter visual e interativo da aplicação

contribui para a compreensão intuitiva de comportamentos emergentes, tornando-a adequada para uso em salas de aula, cursos introdutórios de epidemiologia, simulações computacionais e divulgação científica

Além disso, a utilização de PyQt5 demonstra boa aderência entre interfaces gráficas modernas e modelos matemáticos discretos.

## 5. Conclusão

Foi apresentado um framework interativo para simulação do modelo SEIRD baseado em autômatos celulares, permitindo estudar comportamentos espaciais e estocásticos de epidemias. A ferramenta mostrou-se eficiente, flexível e extensível, servindo como base para estudos mais avançados em sistemas epidemiológicos, modelagem computacional e teoria de sistemas complexos

## 6. Disponibilidade do Código

O código-fonte completo encontra-se disponível de forma aberta para análises, modificações e estudos.

**Link de Acesso:** [Vinicius-O-Ferraz/ConwayStudio-Gif-Maker](#)

## 7. Referências

1. Conway, J. (1970). The Game of Life. *Scientific American*.
2. Wolfram, S. (2002). *A New Kind of Science*. Wolfram Media.
3. Gardner, M. (1970). Mathematical Games: The fantastic combinations of John Conway's new solitaire game "Life". *Scientific American*.
4. Sedgewick, R., & Wayne, K. (2002). *Lecture P4: Cellular Automata*. Princeton University COS 126.