

# Aplicação de Autômato Celular e Modelo compartimental na predição de surtos de Cólera

Bernardo M. S. Junior<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Estatística e Informática – Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE)  
R. Manuel de Medeiros, s/n - Dois Irmãos, 52171-900 – Recife – PE – Brazil

{[https://github.com/bernardojr123/celullar\\_automata](https://github.com/bernardojr123/celullar_automata)}

bernardodemsj@gmail.com

**Abstract.** *Many studies have been conducted to predict cholera behavior in various population groups, the vast majority of them focus on the mathematical approach to model the behavior of this disease. This study seeks to present an approach that uses cellular automata in conjunction with a compartmental model, and thus create a basis for the implementation of models that use both mathematical and geographical approaches in order to better understand the behavior of the disease.*

**Resumo.** *Muitos estudos já foram realizados em busca de prever comportamento da cólera em variados grupos populacionais, a grande maioria deles focam na abordagem matemática para modelar o comportamento desta doença. Este estudo busca apresentar uma abordagem que utiliza autômato celular em conjunto com um modelo compartimental, e assim criar uma base para a implementação de modelos que utilizem tanto às abordagens matemática e geográfica, afim de entender o comportamento da doença melhor.*

## 1. Introdução

Causadora de diarreia aquosa e desidratação agudas, a cólera é uma doença infecciosa e contagiosa identificada pela presença da bactéria *Vibrio cholerae* O1 ou O139 capaz de matar, por desidratação, em questão de horas casos não tratados. Tem alta probabilidade de ser transmitida em regiões com acesso limitado a água potável e com práticas higiênicas ineficazes [WHO 2019b].

Estimasse que anualmente existem entre 1,3 milhões e 4 milhões casos de cólera no mundo, dentre esses casos em torno de 21 mil e 143 mil vão a óbito. Água potável e saneamento básicos são necessários para controlar a transmissão de cólera em regiões de surto, enquanto em casos severos é necessário um tratamento rápido utilizando fluidos intravenosos e antibióticos [WHO 2019a].

Para combater e prevenir surtos, muitos estudos foram realizados em busca de entender os padrões relacionados à cólera. Modelos são elaborados com a pretensão de simular o comportamento da doença dado a determinados parâmetros comuns aos casos conhecidos de surtos e são postos em práticas baseando-se em casos passados cujo os parâmetros desejados são conhecidos.

entre as formas de modelagem da cólera, a forma mais utilizado é a compartimental, que divide os indivíduos em grupos (compartimentos) afim de simplificar o modelo. Dentre estes, o SIR é o mais utilizado (explicado em 4.1) por causa de sua facilidade de introduzir os conceitos principais na modelagem de epidemias. Entre eles [Codeço 2001], cuja modelagem serviu como base para a produção deste estudo.

O trabalho está organizado da seguinte forma: a Seção 2 apresenta um levantamento de trabalhos relacionados; a Seção 3 apresenta um resumo de como o trabalho foi feito; a Seção 4 apresenta qual a fundamentação teórica em que o trabalho tem como base; a Seção 5 apresenta como o algoritmo foi construído e quais suas dificuldades; por ultimo, a Seção 6 apresenta como o modelo pode ser melhorado.

## 2. Trabalhos Relacionados

O problema de modelagem matemática dos surtos de cólera é bastante visto na literatura, trabalhos como [Andrews and Basu 2011], [Andam et al. 2015], [Codeço 2001] modelaram surtos de cólera utilizando modelos matemáticos. Enquanto [ão] utilizou informações obtidas através de satélites como: Altura do oceano, Temperatura da superfície do oceano e concentração de plânctons no oceano para, através de técnica de regressão, buscar correlação entre esses parâmetros e o surto de cólera na província de Zhejiang, China. Cada pesquisa tem sua particularidade e os resultados dependem de algumas variáveis e disposição de informações. Este trabalho utilizou o modelo construído em [Codeço 2001] e suas especificidades.

## 3. Metodologia

Primeiramente foi construído um autômato celular que tentasse reproduzir um comportamento encontrado no mundo real, depois houve uma procura de um modelo compartimental foi adotado. Utilizando como base o trabalho [Codeço 2001], que modelou a cólera usando SIR-B, onde B significa a concentração em células/ml na água, foi adicionado ao autômato como um regularizador, que tem por objetivo o ajuste do comportamento para respeitar o resultado encontrado na abordagem matemática.

## 4. Modelagem

Para modelar esse problema foi utilizado um autômato celular com o objetivo de representar características espaciais e o modelo compartimental SIR para representar, de forma matemática, os agrupamentos da população.

### 4.1. SIR-B

A modelagem SIR tem como característica agrupar a população em compartimento que representam: S a população suscetível a adquirir cólera, I a população capaz de proliferar a doença, R a população que está imune à doença e no caso da cólera voltará a ser suscetível após algumas unidades de tempo. Para a modelagem utilizada neste trabalho, foi adicionado um elemento no SIR para melhor retratar a situação real da doença, o elemento B, que representa a quantidade de *Vibrio cholerae* O1 ou O139 encontrada nos ambientes aquosos da região estudada e a adição de mais um estado (S) ao modelo, indicando sua característica cíclica (um indivíduo se torna suscetível após um determinado tempo). Neste modelo, por simplificação, a população sempre permanece constante, então N (população) é definido pela equação:

$$N = S + I + R \quad (1)$$

Já S, I e B são definidos pelas equações diferenciais a seguir, enquanto R não foi definido pois pode ser obtido em termos de H, I e S:

$$\frac{dS}{dt} = n(H - S) - a\lambda(B)S \quad (2)$$

$$\frac{dI}{dt} = a\lambda(B)S - rI \quad (3)$$

$$\frac{dB}{dt} = B(nb - mb) + eI \quad (4)$$

Este trabalho utilizou como base a comunidade 1, cuja a cólera se dissipa após um surto e tem como valores aos parâmetros:

Parâmetro	Descrição
H	População inicial de suscetíveis
n	Mortalidade e natalidade humana
a	Taxa de exposição a água contaminada
K	Concentração de Vibrio Cholerae em água que tem 50% de chance de infectar com cólera
r	Taxa em que as pessoas recuperam da cólera
nb	Taxa de crescimento da Vibrio Cholerae in ambiente aquático
mb	Taxa de decrescimento da Vibrio Cholerae in ambiente aquático
e	Contribuição de cada indivíduo infectado na população de Vibrio Cholerae

Parâmetro	Valor
H	10.000
n	0,0001
a	0,5
K	1.000.000
r	0,2
nb - mb	-0,33
e	10

## 4.2. Autômato Celular

Autômatos são máquinas de estado capazes de realizarem computação, um autômato celular é uma representação espacial que correlaciona cada nó (indivíduo) com seus vizinhos e seus respectivos estados, para calcular o seu próximo estado. O autômato é uma matriz com n dimensões composta por formas geométricas (normalmente quadrados) coloridos, que representam os estados de cada célula, como exemplificado a baixo.

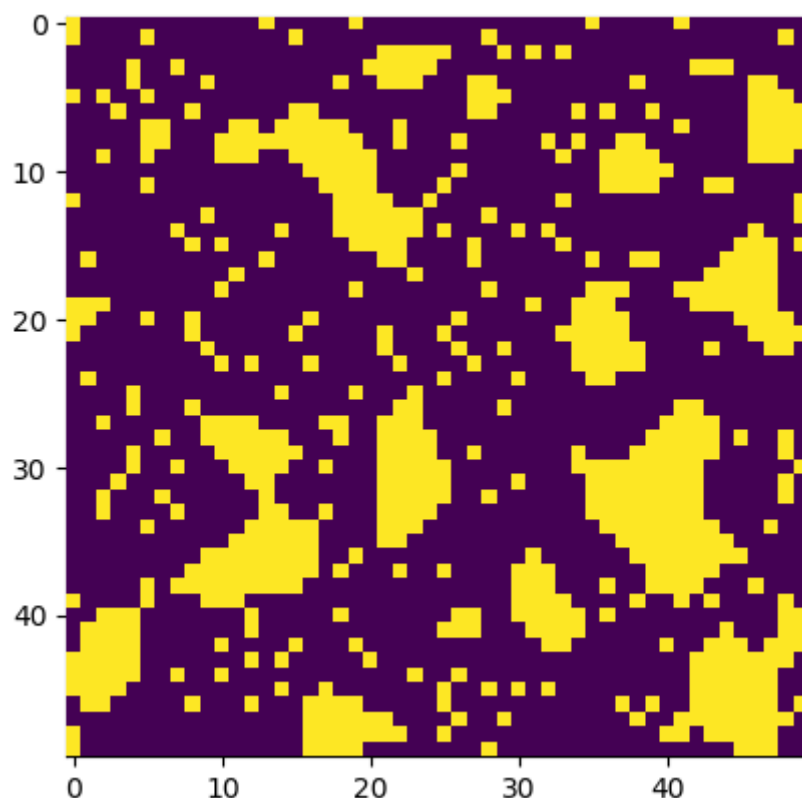
## 5. Algoritmo

Para a construção do modelo, primeiro foi implementado um automato celular para representar o comportamento da cólera, dada suas características. Esse autômato tem como características a vizinhança de Moore [WolframMathWorld 2019], é necessário que 4 ou mais indivíduos vizinhos estejam no estado infeccioso para que determinado indivíduo no estado suscetível torne-se infeccioso, ainda sobre o estado infeccioso o indivíduo permanece nesse estado por 10 unidades de tempo para simular o ciclo infeccioso da doença que são 10 dias e uma vez chegando no estado recuperado, permanece nesse estado por 2 unidades de tempo.

Um autômato celular bidimensional foi criado usando a linguagem de programação Python [Van Rossum and Drake Jr 1995] e com o auxílio da biblioteca de plotagem gráfica matplotlib [Hunter 2007], um exemplo do seu funcionamento é apresentado na figura 1. No qual as cor roxa representa os indivíduos suscetíveis e a cor amarela os infectados.

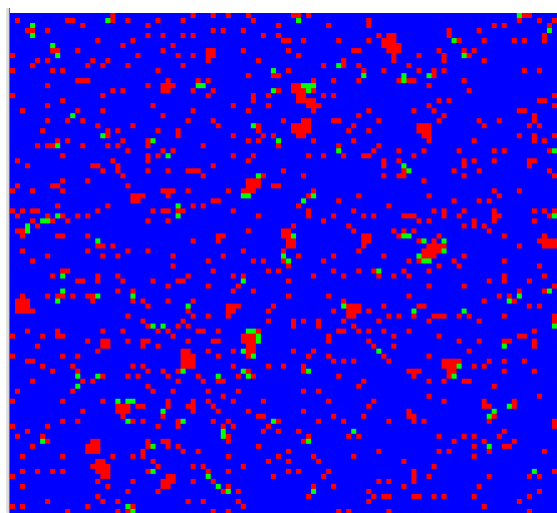
Para realizar a junção entre o modelo matemático 4.1 e o espacial 4.2, o algoritmo primeiramente computa o comportamento normal do autômato para o determinado tempo  $t$ , e depois calcula as funções diferenciais do modelo SIR-B. Após esses cálculos serem realizados há uma discrepância na população de S, I e R, para resolver esse empasse, o autômato elenca quais nós tem a maior probabilidade de mudarem de estados usando os seguintes critérios:

Estado	Critério
S	Maior quantidade de infectados próximos
I	Tem de infecção mais elevado
R	Tempo de recuperação mais elevado



**Figura 1. Exemplo do autômato criado**

Para a construção desse autômato, a biblioteca [Hunter 2007] apresentou problemas de performance, foi necessário mudar para outra biblioteca [Shinners ], demonstrado na 2.



**Figura 2. Exemplo do autômato criado respeitando as regras do modelo 4.1**

## 6. Considerações finais

Ainda há muito a explorar neste problema, aplicação de dados reais coletados [ão] com a adição de dimensionalidade no autômato aumentará o realismo dos dados trabalhados e permitirá encontrar padrões mais fiéis da doença e reduzir os danos causados por surtos.

## Referências

- Andam, E. A., Obiri-Apraku, L., Agyei, W., and Obeng-Denteh, W. (2015). Modeling cholera dynamics with a control strategy in ghana. *British Journal of Research*, 2(1):031–041.
- Andrews, J. R. and Basu, S. (2011). Transmission dynamics and control of cholera in haiti: an epidemic model. *The Lancet*, 377(9773):1248–1255.
- Codeço, C. T. (2001). Endemic and epidemic dynamics of cholera: the role of the aquatic reservoir. *BMC Infectious diseases*, 1(1):1.
- Hunter, J. D. (2007). Matplotlib: A 2d graphics environment. *Computing in Science & Engineering*, 9(3):90–95.
- Shinners, P.
- Van Rossum, G. and Drake Jr, F. L. (1995). *Python tutorial*. Centrum voor Wiskunde en Informatica Amsterdam, The Netherlands.
- WHO (2019a). Cholera fact sheets  
<https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/cholera>. Acesso em: 29 jul. 2019.
- WHO (2019b). Interim guidance document on cholera surveillance  
[https://www.who.int/cholera/task\\_force/gtfcc-guidance-cholera-surveillance.pdf?ua=1](https://www.who.int/cholera/task_force/gtfcc-guidance-cholera-surveillance.pdf?ua=1). Acesso em: 29 jul. 2019.
- WolframMathWorld (2019). Moore neighborhood  
<http://mathworld.wolfram.com/mooreneighborhood.html>. Acesso em: 29 jul. 2019.