

# Análise Comparativa de Cenários Epidemiológicos em um Modelo CA-SEIR com Diferentes Taxas de Transmissão ( $\beta$ )

Carla Maria Carolyne Marques da Silva

*carla.carolyne@ufrpe.br*

Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) – Recife – PE – Brasil

**Resumo.** Este estudo apresenta a implementação de um modelo epidemiológico baseado em autômatos celulares para simular a disseminação da influenza sazonal. A abordagem utiliza o modelo compartmental SEIR estruturado em uma grade bidimensional e explora três cenários distintos definidos por diferentes valores de  $\beta$ , que representa a taxa de transmissão da doença. As simulações permitem observar padrões espaciais e temporais da propagação viral em uma população artificial. Os resultados evidenciam a evolução dos compartimentos suscetíveis, expostos, infectados e recuperados, oferecendo uma visualização gráfica e numérica de cada cenário avaliado.

**Abstract.** This work presents the implementation of a cellular automaton-based epidemiological model to simulate the spread of seasonal influenza. The SEIR compartmental framework is applied to a two-dimensional grid, and three different  $\beta$  values are tested to represent distinct levels of transmission intensity. The simulations illustrate the spatiotemporal behavior of the disease within an artificial population. The results reveal how the susceptible, exposed, infected, and recovered compartments evolve throughout the epidemic cycle, providing visual and numerical insight into each simulated scenario.

**Palavras-chave:** autômatos celulares; modelo SEIR; influenza sazonal; taxa de transmissão ( $\beta$ ); epidemiologia computacional.

## 1. Introdução

Modelos epidemiológicos são ferramentas essenciais para compreender a dinâmica de transmissão de doenças infecciosas, permitindo investigar como diferentes parâmetros influenciam o comportamento de surtos em populações estruturadas. Entre as abordagens existentes, os autômatos celulares (ACs) destacam-se por sua capacidade de representar interações locais e gerar padrões emergentes, características importantes em processos de disseminação (KEELING; ROHANI, 2008; SCHIFF, 2007).

A influenza sazonal, caracterizada por rápida transmissão e impacto recorrente na saúde pública, é frequentemente utilizada como referência em estudos epidemiológicos computacionais, devido à disponibilidade de parâmetros clínicos bem estabelecidos e à relevância de sua análise (BIGGERSTAFF et al., 2014).

Além do uso tradicional de autômatos celulares para representar surtos únicos, este estudo adota uma abordagem ampliada ao considerar múltiplos cenários epidemiológicos. A escolha de diferentes valores para a taxa de transmissão  $\beta$  permite

observar como mudanças nesse parâmetro influenciam o comportamento geral do sistema, oferecendo uma visão mais abrangente da dinâmica epidêmica. Dessa forma, o modelo CA-SEIR torna-se não apenas uma ferramenta descritiva, mas também um meio de investigar a sensibilidade da propagação da influenza frente a distintas condições de transmissibilidade.

### **1.1. Objetivo Geral**

O objetivo deste trabalho é apresentar a aplicação do modelo SEIR em um autômato celular bidimensional e analisar a evolução dos estados epidemiológicos sob três valores distintos de  $\beta$ , mantendo constantes os demais parâmetros da doença.

### **1.2. Objetivos Específicos**

- Implementar um modelo epidemiológico SEIR utilizando autômatos celulares em uma grade bidimensional com vizinhança de Moore.
- Simular três cenários distintos variando a taxa de transmissão  $\beta$ , mantendo constantes os demais parâmetros epidemiológicos da influenza sazonal.
- Registrar e analisar a evolução temporal das proporções de indivíduos nos estados Suscetível, Exposto, Infectado e Recuperado em cada cenário.
- Observar a dinâmica espacial da propagação da doença, identificando padrões como expansão de clusters, saturação de suscetíveis e estabilização do surto.
- Comparar visualmente os comportamentos emergentes gerados por diferentes valores de  $\beta$ , evidenciando como a transmissibilidade influencia a evolução do modelo CA-SEIR.

### **1.3. Influenza Sazonal**

A influenza sazonal é causada por vírus respiratórios de alta transmissibilidade, responsáveis por milhões de infecções anualmente. Suas principais características epidemiológicas incluem:

- Período médio de incubação: aproximadamente 2 dias;
- Duração média da infecção: cerca de 7 dias;
- Número de reprodução básica ( $R_0$ ): valor mediano de 1,28.

Tais parâmetros permitem definir taxas de transição adequadas para o modelo SEIR. Enquanto  $\sigma$  e  $\gamma$  derivam diretamente dos tempos de incubação e recuperação,  $\beta$  é o parâmetro ajustável do presente estudo, variando entre cenários para representar diferentes intensidades de contágio.

### **1.4. Modelo SEIR**

O modelo SEIR é amplamente empregado em doenças com período de incubação significativo e permite representar de forma realista o atraso entre exposição e infecção. Dessa forma, no modelo SEIR, a população é dividida em quatro estados:

- **Suscetíveis (S)** — indivíduos que podem contrair a doença;
- **Expostos (E)** — infectados, porém ainda não contagiosos;
- **Infectados (I)** — capazes de transmitir o vírus;
- **Recuperados (R)** — imunes ou removidos do processo de transmissão.

As transições seguem as taxas:

- $\beta$  — taxa de transmissão por contato com infectados;
- $\sigma$  — taxa de progressão de exposto para infectado;
- $\gamma$  — taxa de recuperação.

## 1.5. Autômatos Celulares e Epidemiologia

Autômatos celulares são sistemas dinâmicos discretos compostos por células que evoluem segundo regras locais. Em epidemiologia, esse tipo de abordagem possibilita analisar a propagação de doenças em populações distribuídas espacialmente, capturando fenômenos como:

- formação de clusters,
- ondas de propagação,
- redução de suscetíveis ao longo do tempo,
- interrupção natural de cadeias de contágio.

Neste trabalho, adota-se a vizinhança de Moore, com oito vizinhos ao redor de cada célula, representando interações interpessoais próximas.

## 2. Metodologia

As simulações foram implementadas em Python, utilizando NumPy para manipulação matricial e matplotlib para visualização. A população foi representada por uma grade  $100 \times 100$ , totalizando 10.000 células. Cada célula inicia no estado S, exceto o ponto central, definido como infectado para disparar a propagação. O total de passos simulados foi de 250.

Os parâmetros epidemiológicos utilizados foram:

- $\sigma = 0,5$  (aproximação do inverso do tempo de incubação);
- $\gamma = 0,14$  (tempo médio de recuperação de 7 dias).

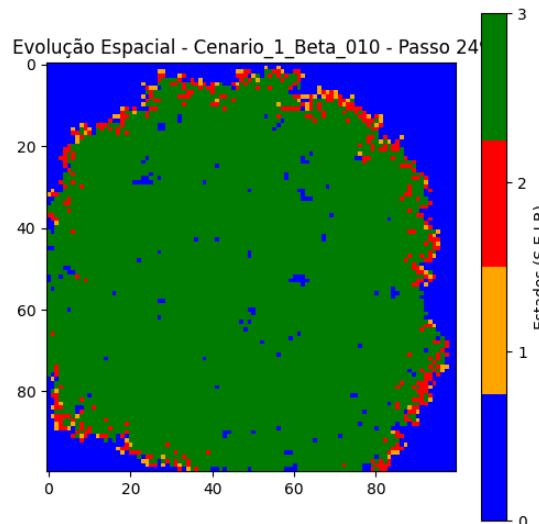
Para ampliar a análise da dinâmica de transmissão, este estudo foi estruturado em três cenários independentes, diferenciados exclusivamente pelos valores de  $\beta$ . Ao variar apenas a taxa de transmissão e manter constantes as demais características epidemiológicas, torna-se possível avaliar como diferentes intensidades de contágio moldam a evolução dos estados SEIR na grade espacial. Essa estratégia torna o modelo adequado não apenas para representar um surto específico, mas também para explorar o impacto da transmissibilidade sobre a propagação da doença.

Os cenários utilizados foram:

Cenário	$\beta$
1	0,10
2	0,18
3	0,35

### 3. Resultados

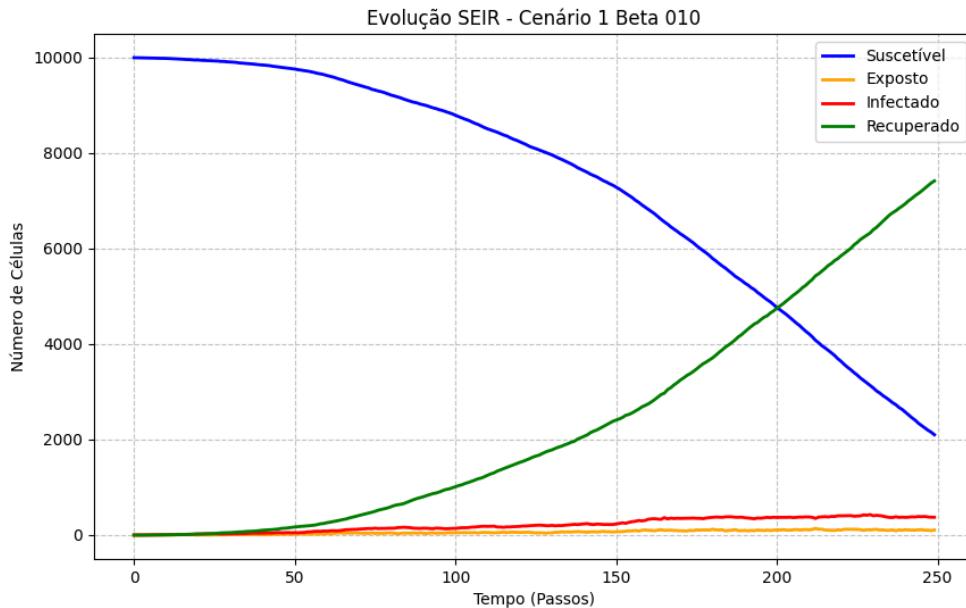
A simulação do modelo CA-SEIR nos três cenários gerou tanto a evolução espacial da epidemia quanto as curvas temporais dos estados SEIR. A Figura 1 mostra como a infecção se espalhou no Cenário 1 ( $\beta = 0,10$ ) durante os 250 passos da simulação. No começo, só a célula do meio está infectada. Depois, a doença começa a se espalhar para as células ao redor, formando pequenos grupos de pessoas doentes. Com o tempo, esses grupos vão aumentando até que a maioria da “população” já foi infectada e passou para o estado de recuperada. Por isso, no final da simulação quase todas as células aparecem recuperadas, mostrando que o surto terminou.



**Figura 1.** Evolução espacial da propagação epidêmica no Cenário 1 ( $\beta = 0,10$ ) ao longo de 250 passos de simulação.

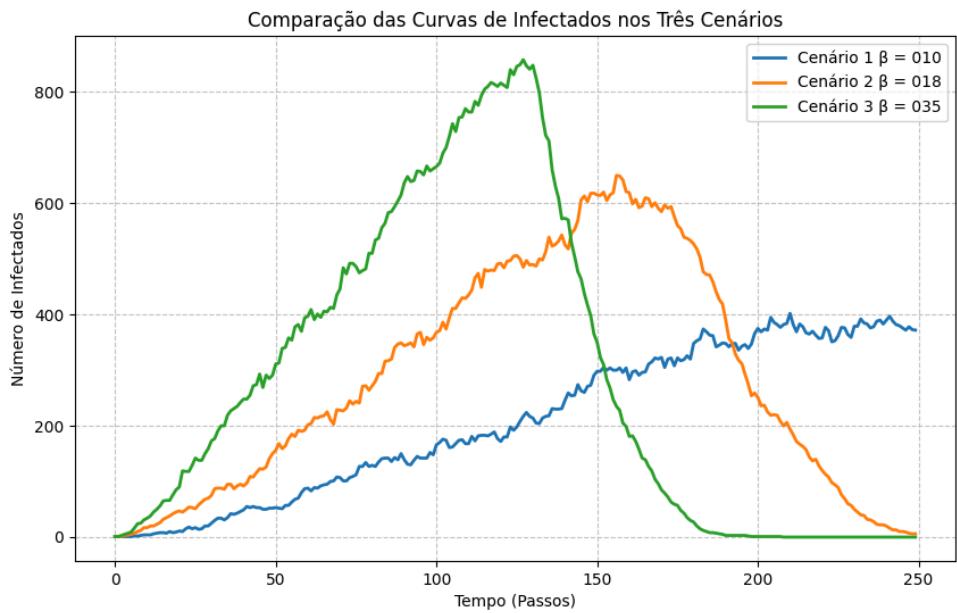
A Figura 2 mostra as curvas temporais do Cenário 1, indicando como os grupos de suscetíveis, expostos, infectados e recuperados evoluem ao longo do tempo. No início da simulação, quase toda a população está suscetível e praticamente não há casos ativos. Com o passar dos passos, o número de expostos começa a aumentar gradualmente, pois mais indivíduos entram em contato com o vírus. Logo depois, observa-se o pico de infectados, que representa o período em que há mais pessoas doentes ao mesmo tempo.

Após esse pico, a quantidade de infectados começa a diminuir enquanto o número de recuperados cresce continuamente, mostrando que o surto está sendo controlado. Esse comportamento segue o padrão típico de uma epidemia: início lento, aumento progressivo, pico e, por fim, declínio.



**Figura 2.** Curvas temporais dos estados SEIR no Cenário 1 ( $\beta = 0,10$ ).

Além do cenário ilustrado, os dois outros valores de  $\beta$  (0,18 e 0,35) também foram simulados. De forma geral, observou-se que o aumento da taxa de transmissão intensifica significativamente a dinâmica epidêmica. No Cenário 2 ( $\beta = 0,18$ ), a expansão do surto ocorre de maneira mais rápida, com maior quantidade de células expostas e infectadas nos primeiros passos. Já no Cenário 3 ( $\beta = 0,35$ ), a transmissão é ainda mais acelerada, resultando em picos de infectados mais altos e redução mais rápida dos suscetíveis, caracterizando uma propagação mais agressiva do vírus.



**Figura 3.** Comparação das curvas de infectados nos três cenários simulados.

A Figura 3 mostra a comparação das curvas de infectados para os três cenários simulados. É possível perceber que, quando o valor de  $\beta$  é maior, a doença se espalha mais rápido e o número de infectados atinge um pico muito mais alto. Já no cenário com  $\beta = 0,10$ , o aumento de infectados é bem mais devagar e o pico é menor, indicando um surto mais fraco.

Essas diferenças mostram como a taxa de transmissão influencia diretamente o comportamento da epidemia. Quanto maior o  $\beta$ , mais rápida é a propagação, maior é o pico de infectados e menor é o tempo até a estabilização do surto. Assim, os três cenários seguem o padrão esperado do modelo SEIR, destacando o papel importante de  $\beta$  na dinâmica da doença.

#### 4. Considerações finais

A aplicação do modelo CA-SEIR permitiu analisar a propagação da influenza em três condições distintas de transmissibilidade, definidas por diferentes valores de  $\beta$ . As simulações mostraram que a estrutura baseada em autômatos celulares é capaz de representar de forma clara tanto a evolução espacial do surto quanto o comportamento temporal dos compartimentos epidemiológicos. A variação da taxa de transmissão demonstrou ser um fator determinante na dinâmica da epidemia, influenciando diretamente a velocidade de disseminação, a intensidade do pico de infectados e o tempo necessário para a estabilização do sistema.

Os resultados confirmam que cenários com valores mais altos de  $\beta$  apresentam surtos mais rápidos e agressivos, enquanto valores reduzidos produzem disseminações mais lentas e menos intensas. Essas diferenças evidenciam a sensibilidade do modelo aos

parâmetros epidemiológicos e reforçam a importância da transmissibilidade na compreensão de surtos infecciosos.

De modo geral, o estudo destaca o potencial pedagógico e analítico dos autômatos celulares aplicados ao modelo SEIR, permitindo explorar de maneira intuitiva o impacto de diferentes condições epidemiológicas em populações artificiais. Essa abordagem se mostra adequada tanto para fins didáticos quanto para investigações preliminares de dinâmica epidêmica.

## 5. Referências

Biggerstaff, M. et al. Estimates of the reproduction number for seasonal influenza. *BMC Infectious Diseases*, 2014.

Schiff, J. L. *Cellular Automata: A Discrete View of the World*. Wiley, 2007.

Keeling, M.; Rohani, P. *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton University Press, 2008.