

Simulação Epidemiológica Espacial com Autômato Celular Baseado no Modelo SIR

Autor: Débora Oliveira

1. Introdução

A modelagem matemática de epidemias é uma ferramenta fundamental para compreender a dinâmica de propagação de doenças infecciosas e embasar estratégias de controle.

Tradicionalmente, os modelos compartimentais — como o SIR

(Susceptible–Infectious–Recovered) — assumem populações homogêneas, em que todos os indivíduos têm probabilidade igual de contato (Keeling & Rohani, 2008).

No entanto, na prática, a distribuição espacial e a estrutura de vizinhança influenciam fortemente a dinâmica da transmissão.

Os **Autômatos Celulares (AC)** oferecem uma abordagem discreta e espacialmente explícita para simulação de processos dinâmicos (Schiff, 2008). Ao representar cada indivíduo como uma célula em uma grade, é possível incorporar regras locais de interação e observar fenômenos emergentes que não são capturados em modelos agregados.

Neste trabalho, desenvolvemos uma simulação de epidemia utilizando um **autômato celular baseado no modelo SIR**, integrando conceitos dos capítulos iniciais de *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals* e de *Cellular Automata – A Discrete View of the World*. O objetivo é demonstrar como a inclusão de estrutura espacial altera a evolução da epidemia e possibilita análises mais realistas.

2. Referencial Teórico

2.1 Modelo SIR

O modelo SIR divide a população em três compartimentos:

- **S (Susceptible):** indivíduos suscetíveis à infecção.
- **I (Infectious):** indivíduos atualmente infectados e capazes de transmitir.
- **R (Recovered):** indivíduos recuperados (ou removidos), imunes.

No formalismo clássico, a evolução temporal é descrita por equações diferenciais ordinárias (EDOs):

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I\end{aligned}$$

onde:

- β é a taxa de transmissão por contato.
- γ é a taxa de recuperação.

Essas equações assumem uma mistura homogênea — todos têm a mesma chance de encontrar todos.

2.2 Autômatos Celulares

Um autômato celular é composto por:

- **Espaço discreto** (geralmente uma grade regular).
- **Estados** finitos atribuídos a cada célula.
- **Vizinhança** que define quais células influenciam o estado futuro.
- **Regras de transição** aplicadas simultaneamente a todas as células.

No **capítulo 1** de Schiff (2008), o AC é introduzido como ferramenta para representar processos locais e distribuídos no espaço. Ao contrário das EDOs, que tratam o sistema de forma global, o AC atualiza cada célula com base apenas em informações locais.

2.3 Integração SIR–AC

Para modelar epidemias espacialmente, o modelo SIR pode ser implementado como um AC bidimensional:

- Cada célula representa um indivíduo.
- Estados: 0 = Suscetível (S), 1 = Infectado (I), 2 = Recuperado (R).
- Vizinhança: Moore (8 vizinhos) ou Von Neumann (4 vizinhos).
- Regras:

- **Infecção:** um suscetível se torna infectado com probabilidade $1 - (1 - \beta)^k$ - $(1 - \beta)^k$, onde k é o número de vizinhos infectados.
- **Recuperação:** um infectado se torna recuperado com probabilidade γ .

Essa abordagem captura heterogeneidade espacial e permite visualizar frentes de propagação e bolsões de suscetíveis.

3. Metodologia

A simulação foi implementada em **Python** utilizando **numpy** para manipulação de matrizes e **matplotlib** para visualização.

Os parâmetros adotados foram:

Parâmetro	Valor	Descrição
Tamanho da grade	80×80	Indivíduos dispostos em grade quadrada
β	0.35	Probabilidade de transmissão por contato
γ	0.05	Probabilidade de recuperação por passo
Fração inicial infectada	1%	Indivíduos infectados no início
Passos de simulação	200	Iterações temporais
Vizinhança	Moore	8 vizinhos por célula
Bordas	Periódica	Grade “envolve” sobre si mesma

A cada passo de tempo:

1. Iteramos sobre cada célula.
2. Calculamos o número de vizinhos infectados.
3. Aplicamos regras de transição probabilísticas.
4. Registramos o número de S, I, R.

4. Resultados

A Figura 1 abaixo apresenta a evolução temporal das populações S, I e R:

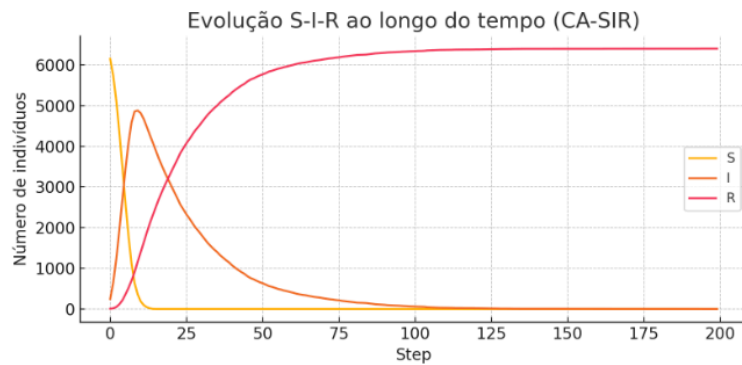


Figura 1 – Evolução S-I-R ao longo do tempo

Observa-se um aumento inicial rápido de infectados, seguido por queda quando a maioria já está recuperada ou imune. A dinâmica é semelhante à prevista pelo SIR clássico, mas com ruído e variações locais devido à espacialização.

Já a Figura 2 mostra snapshots em diferentes tempos. É possível observar:

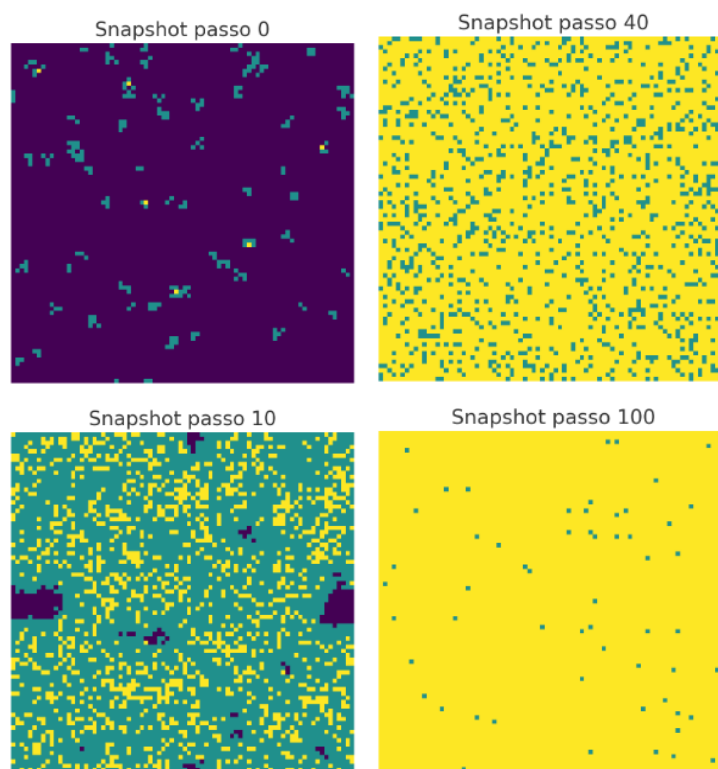


Figura 2 – Propagação espacial em diferentes passos

- No início: núcleo inicial de infecção.
- Fase intermediária: frente de propagação em formato irregular.
- Final: manchas residuais de suscetíveis e recuperados.

5. Discussão

O modelo CA-SIR mantém a simplicidade do SIR, mas introduz:

- **Heterogeneidade espacial:** nem todos são expostos ao mesmo risco simultaneamente.
- **Efeitos de barreira:** bolsões de suscetíveis podem permanecer livres de infecção.
- **Frentes de propagação:** infecção se move como onda no espaço.

Esses aspectos são importantes na epidemiologia real, pois a localização física, mobilidade e estrutura social influenciam fortemente a disseminação de doenças.

O uso de ACs também permite simular estratégias de contenção mais realistas, como quarentenas localizadas, restrições de mobilidade ou vacinação seletiva.

6. Conclusão

A integração do modelo SIR com a estrutura de autômatos celulares fornece uma ferramenta poderosa para explorar a dinâmica de epidemias em ambientes espacialmente explícitos.

Com parâmetros ajustáveis, o modelo pode ser adaptado a diferentes doenças e cenários, sendo útil tanto para ensino quanto para pesquisa exploratória.

7. Referências

- Keeling, M. J., & Rohani, P. (2008). *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton University Press.
- Schiff, J. L. (2008). *Cellular Automata: A Discrete View of the World*. Wiley Series in Discrete Mathematics and Optimization.
- Wilensky, U., & Rand, W. (2015). *An Introduction to Agent-Based Modeling*. MIT Press.