



Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE)

Departamento de Estatística e Informática (DEINFO)

Epidemiology Computing

Jones Albuquerque

Análise da Entropia Espacial em um Modelo Híbrido SEIR-Autômato Celular para Dinâmicas Epidêmicas

Eduardo Estevão Nunes Cavalcante

28 de Julho de 2025

Abstract

Incorporating biological realism into epidemiological models is crucial for accurate predictions. While standard SIR models are foundational, they omit the latent infection period common to many diseases. Here, we present a hybrid computational framework that pairs a more realistic Susceptible-Exposed-Infected-Recovered (SEIR) temporal model with a spatial Cellular Automaton (CA). The global prevalence of infectious individuals from the SEIR model dynamically modulates local transmission probabilities within the CA. We move beyond traditional geometric analysis by quantifying the evolving spatial patterns using Information Entropy, a measure of disorder derived from complex systems theory. Our results show that the spatial entropy of the epidemic is a dynamic variable that increases as the outbreak diversifies spatially, peaking as the system reaches its most heterogeneous state. This approach provides a novel metric to assess the structural complexity and predictability of an epidemic's spatial spread, offering deeper insights for public health surveillance and intervention.

Resumo

A incorporação de realismo biológico em modelos epidemiológicos é crucial para previsões precisas. Embora os modelos SIR padrão sejam fundamentais, eles omitem o período de infecção latente comum a muitas doenças. Aqui, apresentamos uma estrutura computacional híbrida que combina um modelo temporal mais realista do tipo Suscetível-Exposto-Infetado-Recuperado (SEIR) com um Autômato Celular (AC) espacial. A prevalência global de indivíduos infecciosos do modelo SEIR modula dinamicamente as probabilidades de transmissão local dentro do AC. Vamos além da análise geométrica tradicional, quantificando os padrões espaciais em evolução usando a Entropia da Informação, uma medida de desordem derivada da teoria de sistemas complexos. Nossos resultados mostram que a entropia espacial da epidemia é uma variável dinâmica que aumenta à medida que o surto se diversifica espacialmente, atingindo o pico quando o sistema alcança seu estado mais heterogêneo. Essa abordagem fornece uma nova métrica para avaliar a complexidade estrutural e a previsibilidade da disseminação espacial de uma epidemia, oferecendo insights mais profundos para vigilância e intervenção em saúde pública.

1. Introdução

A modelagem de doenças infecciosas avançou significativamente com o uso de modelos compartimentais. O modelo SEIR, uma extensão do SIR, adiciona uma classe de "Expostos" (E) para indivíduos que foram infectados mas ainda não são infecciosos (Keeling & Rohani, 2008). Este período de latência é uma característica epidemiológica chave de muitas doenças, e sua inclusão resulta em uma dinâmica temporal mais realista, com um atraso notável entre a exposição e o pico de infectividade.

No entanto, assim como o SIR, o modelo SEIR padrão não aborda a heterogeneidade espacial. A transmissão é um processo fundamentalmente local, e a sua representação espacial é vital. Os Autômatos Celulares (AC) oferecem uma estrutura ideal para modelar essa dimensão espacial, onde padrões globais complexos emergem de regras locais simples (Schiff, 2008).

Neste trabalho, desenvolvemos um modelo híbrido que utiliza a prevalência de infectados, $I(t)$, do modelo SEIR para modular as regras de transmissão em um AC espacial. Para analisar os padrões resultantes, aplicamos o conceito de Entropia da Informação (ou Entropia de Shannon), também abordado na teoria de sistemas discretos (Schiff, 2008). A entropia, $H = -\sum p_i \log_2 p_i$, quantifica a incerteza ou desordem de um sistema. No nosso contexto, ela mede a heterogeneidade da distribuição espacial dos estados de saúde (S, E, I, R), fornecendo uma métrica da "desordem" estrutural da epidemia.

2. Métodos

2.1. Modelo Temporal: SEIR

A dinâmica temporal é governada pelo modelo SEIR determinístico:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N}; \frac{dE}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \sigma E; \frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I; \frac{dR}{dt} = \gamma I$$

O parâmetro σ representa a taxa na qual os indivíduos expostos se tornam infecciosos (inverso do período de latência). Os parâmetros foram definidos como $\beta=0.5$, $\gamma=0.08$ e $\sigma=0.125$.

2.2. Modelo Espacial: Autômato Celular

Um AC 1D com $L=1024$ células foi usado, com quatro estados: Suscetível (0), Exposto (1), Infectado (2) e Recuperado (3). A transmissão de um vizinho infectado move uma célula suscetível para o estado Exposto. A probabilidade de infecção é modulada pela prevalência $I(t)/N$ do modelo SEIR. Células expostas progridem para o estado Infectado com probabilidade σ , e células infectadas se recuperam com probabilidade γ .

2.3. Análise de Complexidade: Entropia Espacial

Para calcular a entropia, a grade do AC foi dividida em blocos não sobrepostos de tamanho fixo. Para cada bloco, calculamos a frequência (probabilidade) de cada um dos quatro estados (S, E, I, R). A entropia de Shannon foi então calculada para cada bloco, e a entropia espacial total foi definida como a média das entropias de todos os blocos. Este valor reflete a heterogeneidade e a imprevisibilidade da distribuição espacial dos estados da doença.

3. Resultados

A simulação do modelo SEIR produziu uma curva epidêmica com um atraso característico no pico de infectados em comparação com o modelo SIR, devido ao período de latência. O AC

visualizou essa dinâmica espacialmente, mostrando uma onda inicial de indivíduos "Expostos" precedendo a onda de "Infectados".

A análise da entropia espacial revelou uma tendência clara. No início, com um padrão muito ordenado (quase todos suscetíveis), a entropia era próxima de zero. À medida que a doença se espalhava e os quatro estados (S, E, I, R) se tornavam mais misturados espacialmente, a entropia aumentava, indicando um aumento na desordem do sistema. A entropia atingiu seu pico após o pico de infecções, no momento em que a mistura espacial dos quatro tipos de indivíduos era máxima. Depois disso, à medida que a epidemia terminava e a população se estabelecia nos estados Suscetível e Recuperado, a entropia diminuiu, refletindo um retorno a um estado mais ordenado.

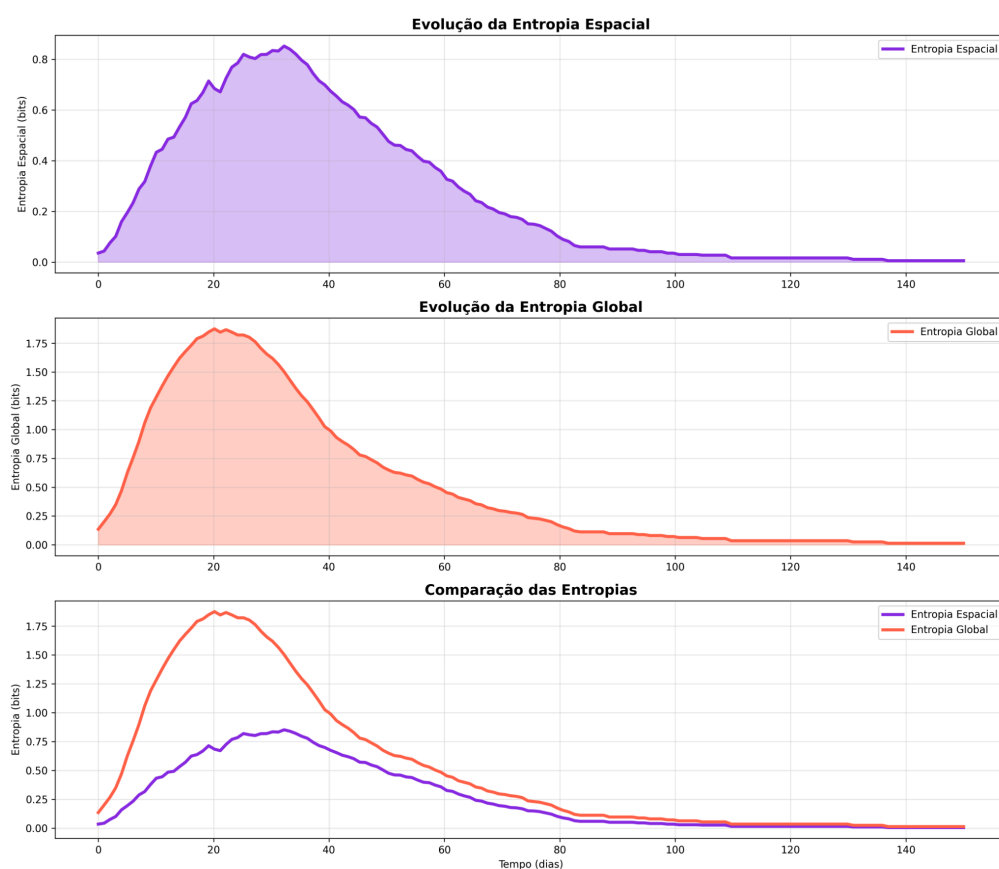


Imagem 01. Entropias espaciais e globais

4. Discussão e Conclusão

A combinação do modelo SEIR com um AC espacial oferece uma simulação mais rica e biologicamente plausível da disseminação de doenças. A análise de entropia, por sua vez, fornece uma nova lente para interpretar os resultados espaciais. Em vez de medir a complexidade geométrica (como a dimensão fractal), a entropia mede a complexidade composicional ou a

desordem.

Uma alta entropia espacial indica um período em que indivíduos suscetíveis, expostos, infectados e recuperados estão altamente misturados no espaço. Isso tem implicações para a saúde pública: um estado de alta entropia pode representar o cenário mais desafiador para intervenções direcionadas, pois não há grandes aglomerados geográficos de um único tipo de indivíduo para visar.

Em conclusão, este trabalho apresenta um código relevante que não só implementa um modelo epidemiológico mais realista, mas também introduz uma poderosa ferramenta analítica da teoria da informação. A capacidade de quantificar a desordem espacial de uma epidemia oferece uma nova dimensão para a compreensão e, potencialmente, para o controle de surtos de doenças infecciosas.

Referências

1. Keeling, M. J., & Rohani, P. (2008). *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton University Press.
2. Schiff, J. L. (2008). *Cellular Automata: A Discrete View of the World*. John Wiley & Sons.