

A Hybrid Agent-Based and Cellular Automata Model for Simulating Epidemic Dynamics and Spatial Complexity

Autor: Eugênio Dorneles das Chagas Araújo.

Data: 7 de Agosto de 2025

Abstract

The modeling of infectious diseases is fundamental to public health, yet traditional models often simplify spatial interaction and individual heterogeneity. This study presents a hybrid model that integrates agent-based epidemiological dynamics with a cellular automata (CA) environment to simulate the spread of a disease. The model combines an SIR (Susceptible, Infected, Recovered) framework with autonomous agents whose susceptibility is governed by an individual genome, while the environment evolves according to CA rules, creating dynamic barriers. To quantify the spatial complexity of the epidemic, we utilize the box-counting fractal dimension method, a concept derived from CA theory. Our results demonstrate that (1) the environmental topography (defined by the CA rules) significantly impacts the speed and pattern of disease dissemination, and (2) the fractal dimension serves as a robust metric for evaluating the complexity and spatial reach of the epidemic. This hybrid model offers a powerful tool for exploring epidemiological scenarios where local interactions and environmental structure are crucial, serving as a bridge between classical epidemiological modeling and complex systems theory.

Resumo

A modelagem de doenças infecciosas é fundamental para a saúde pública, mas modelos tradicionais frequentemente simplificam a interação espacial e a heterogeneidade individual. Este estudo apresenta um modelo híbrido que integra a dinâmica epidemiológica baseada em agentes com um ambiente de autômatos celulares (AC) para simular a propagação de uma doença. O modelo combina um framework SIR (Suscetível, Infectado, Recuperado) com agentes autônomos cuja suscetibilidade é governada por um genoma individual, enquanto o ambiente evolui segundo regras de AC, criando barreiras dinâmicas. Para quantificar a complexidade espacial da epidemia, utilizamos o método de dimensão fractal de box-counting, um conceito derivado da teoria dos AC. Nossos resultados demonstram que (1) a topografia do ambiente (definida pelas regras do AC) impacta significativamente a velocidade e o padrão de disseminação da doença, e (2) a dimensão fractal serve como uma métrica robusta para avaliar a complexidade e o alcance espacial da epidemia. Este

modelo híbrido oferece uma ferramenta poderosa para explorar cenários epidemiológicos onde as interações locais e a estrutura do ambiente são cruciais, servindo como uma ponte entre a modelagem epidemiológica clássica e a teoria de sistemas complexos.

1. Introdução

A compreensão das dinâmicas de doenças infecciosas é um dos pilares da epidemiologia moderna. Modelos matemáticos, como o clássico SIR (Suscetível, Infectado, Recuperado) desenvolvido por Kermack e McKendrick, têm sido fundamentais para prever o curso de epidemias e avaliar estratégias de controle. Esses modelos compartimentais, embora poderosos, operam sob a suposição de mistura homogênea, onde cada indivíduo tem a mesma probabilidade de interagir com qualquer outro, uma simplificação que nem sempre reflete a realidade.

O mundo real é espacialmente estruturado e socialmente complexo. A transmissão de doenças é um processo fundamentalmente local, influenciado pela proximidade, barreiras geográficas e redes de contato social. Para capturar essa complexidade, abordagens mais recentes têm utilizado a modelagem baseada em agentes (ABM), onde indivíduos autônomos com atributos e comportamentos distintos interagem em um ambiente simulado. Paralelamente, a teoria dos Autômatos Celulares (AC), popularizada por John von Neumann e Stephen Wolfram, oferece uma poderosa estrutura para modelar sistemas complexos a partir de regras locais simples. Um AC consiste em uma grade de células, cada uma em um estado finito, que evolui em passos de tempo discretos de acordo com um conjunto de regras baseadas nos estados das células vizinhas. Essa abordagem, descrita por Schiff como uma "visão discreta do mundo", é ideal para modelar ambientes dinâmicos onde a topografia e os obstáculos podem mudar ao longo do tempo.

Este trabalho propõe um modelo híbrido que une essas duas abordagens. Simulamos uma população de agentes, cada um seguindo uma dinâmica epidemiológica SIR, movendo-se em um ambiente 2D que é, em si, um autômato celular. O objetivo é duplo: primeiro, demonstrar como a estrutura espacial dinâmica (controlada pelas regras do AC) influencia a propagação de uma doença; segundo, introduzir e validar o uso da dimensão fractal de box-counting — uma métrica de complexidade de AC — como uma ferramenta quantitativa para analisar o padrão espacial de uma epidemia. Ao fazer isso, conectamos os modelos epidemiológicos clássicos de Keeling e Rohani com os conceitos de complexidade e similaridade de Schiff, oferecendo uma nova perspectiva para a análise de surtos epidêmicos.

2. Metodologia

O nosso modelo de simulação foi desenvolvido em Next.js e está disponível publicamente em https://github.com/eugeniol2/cellular_automata. Ele consiste em três componentes principais: o ambiente (grid de AC), os agentes (população) e o motor de simulação que governa suas interações.

2.1. O Ambiente como um Autômato Celular

O ambiente é representado por uma grade bidimensional de $N \times M$ células. Cada célula pode estar em um de dois estados: "viva" (1) ou "morta" (0). As células "vivas", assim com o espaço ocupado pelas células de CA, funcionam como barreiras intransponíveis para os agentes, representando obstáculos físicos, áreas de alta densidade ou zonas de quarentena. A grade evolui a cada passo da simulação de acordo com uma regra de AC pré-definida, como a "HighLife" (B36/S23) de Conway ou "Seeds" (B2/S). Essa evolução dinâmica do ambiente significa que as barreiras à propagação da doença não são estáticas, forçando os agentes a se adaptarem a uma topografia em constante mudança.

2.2. Agentes e o Modelo Epidemiológico SIR

A população consiste em um conjunto de agentes autônomos, cada um com os seguintes atributos:

- **Estado Epidemiológico:** Cada agente está em um dos três estados: Suscetível, Infectado ou Recuperado (imune), alinhado ao modelo SIR.
- **Posição:** Coordenadas (x, y) na grade.
- **Genoma:** Um vetor de valores que determina a probabilidade de infecção do agente com base no número de vizinhos infectados. Isso introduz heterogeneidade na população, um conceito explorado no Capítulo 3 de Keeling & Rohani sobre estrutura de risco.
- **Temporizadores:** Um infection Timer que determina a duração da infecção, metrificada por "passo de simulação".

A transição entre os estados segue o modelo SIR:

- **Suscetível → Infectado:** Um agente suscetível se torna infectado se entrar em contato com um ou mais agentes infectados dentro de "distância da contaminação" definido.
- **Infectado → Recuperado:** Após um período de "duração da infecção" (em passos de execução), um agente infectado passa para o estado Recuperado, adquirindo imunidade.
- **Mortalidade e Reprodução:** Agentes podem ser removidos da simulação (morte) ou adicionados (reprodução), mantendo a dinâmica populacional.
- **Recuperado → Imune:** Durante a reprodução, se um dos dois parentes que compartilham genoma forem "recuperados" o filho pode nascer "imune", baseado na chance definida em: "chance de nascer imune"

2.3. Análise da Complexidade Espacial: A Dimensão Fractal

Para quantificar a complexidade do padrão espacial formado pelos agentes infectados, implementamos o método de dimensão fractal de box-counting, conforme descrito no

Capítulo 1 de Schiff. Este método sobrepõe uma grade de caixas de tamanho s sobre o espaço da simulação e conta o número de caixas, $N(s)$, que contêm pelo menos um agente infectado. Repetindo o processo para diferentes tamanhos de caixa s , a dimensão fractal D é estimada como o coeficiente angular da regressão linear de $\log(N(s))$ versus $\log(1/s)$. Uma dimensão D próxima de 2 indica que a infecção se espalhou por quase todo o espaço, enquanto um valor próximo de 1 sugere uma propagação mais linear.

3. Resultados

Executamos simulações sob duas regras distintas de AC para o ambiente: "Seeds" e "HighLife". Todos os outros parâmetros epidemiológicos foram mantidos constantes. Os resultados, observados após 102 passos de simulação, revelam diferenças marcantes.

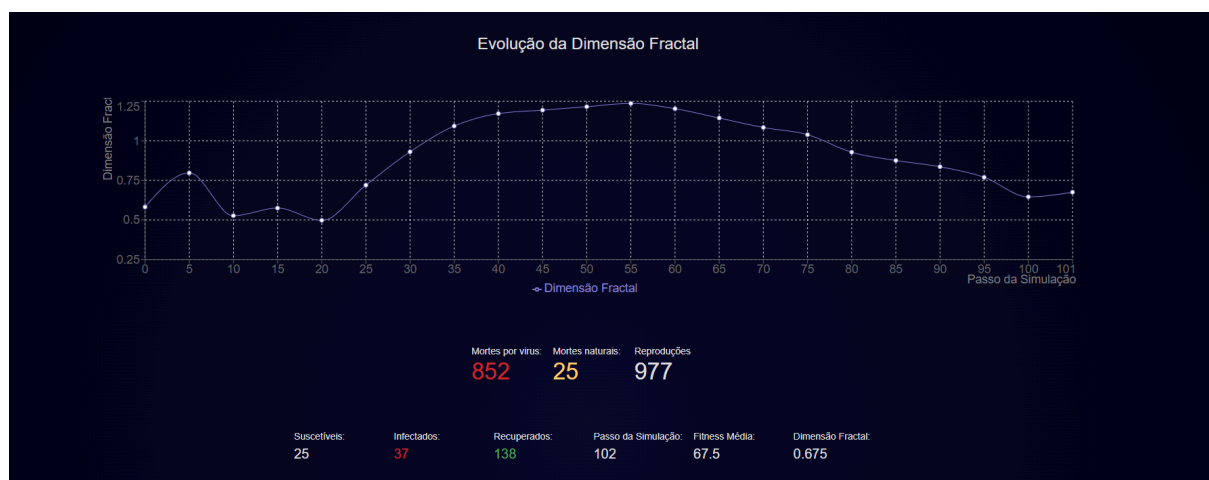


Figura 1A: Simulação com a regra "Seeds".

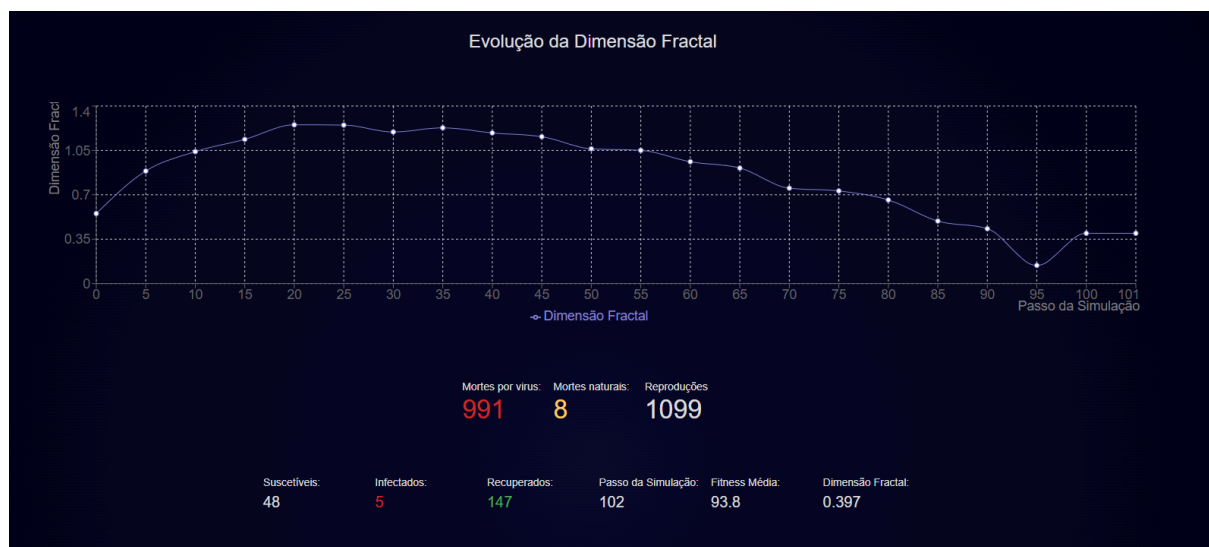


Figura 1B: Simulação com a regra "HighLife".

3.1. Influência das Regras do AC na Dinâmica da Epidemia

A regra do AC ambiental demonstrou ser um fator determinante no resultado da epidemia.

Simulação com "Seeds" (Figura 1A):

A regra "Seeds" gera um ambiente com poucas barreiras estáveis. Ao final de 102 passos, observamos um número significativo de mortes por vírus (852) e 37 agentes ainda infectados, indicando uma epidemia severa que se espalhou amplamente.

Simulação com "HighLife" (Figura 1B):

A regra "HighLife" cria estruturas mais densas que funcionam como barreiras eficazes. Isso resultou em uma epidemia mais contida, com apenas 5 infectados restantes ao final, sugerindo que o surto estava em fase de extinção.

3.2. Análise da Dimensão Fractal como Métrica de Complexidade

A evolução da dimensão fractal (DF) quantificou a estrutura espacial de cada surto.

Cenário "Seeds" (Figura 1A):

A DF atingiu um pico de aproximadamente 1.25, indicando uma disseminação ampla e bidimensional, antes de declinar para 0.675 à medida que a epidemia se fragmentava.

Cenário "HighLife" (Figura 1B):

A DF atingiu um pico mais alto e precoce (~ 1.4), refletindo a formação de clusters de infecção densos e complexos, mas depois caiu acentuadamente para 0.397, confirmando que a epidemia foi contida em focos pequenos e isolados.

4. Discussão

Os resultados deste estudo destacam a importância de considerar a estrutura espacial na modelagem de doenças infecciosas. O nosso modelo híbrido demonstra que a suposição de mistura homogênea pode superestimar o alcance de uma epidemia em ambientes com barreiras.

A utilização da dimensão fractal como métrica é uma das principais contribuições deste trabalho. Enquanto as curvas epidemiológicas tradicionais medem a magnitude temporal de um surto, a dimensão fractal quantifica sua forma e complexidade espacial. Uma DF crescente indica uma disseminação descontrolada, enquanto uma DF em queda sugere que as medidas de contenção (as "barreiras" do nosso AC) estão funcionando, fragmentando a epidemia em clusters isolados.

Esta abordagem tem implicações práticas. A análise da dimensão fractal de dados de geolocalização de casos em tempo real poderia fornecer um feedback quantitativo sobre a eficácia de intervenções não farmacêuticas, como lockdowns ou restrições de mobilidade.

5. Conclusão

Demonstramos com sucesso a viabilidade de um modelo híbrido que combina autômatos celulares e agentes para simular epidemias. Mostramos que as características dinâmicas do

ambiente podem alterar drasticamente o curso de uma epidemia e que a dimensão fractal é uma métrica eficaz para quantificar sua complexidade espacial. Esta abordagem abre novos caminhos para a modelagem epidemiológica, permitindo a exploração de cenários complexos que são intratáveis com modelos puramente compartimentais. Acreditamos que essa fusão de campos teóricos oferece ferramentas valiosas para entender e, em última análise, controlar a propagação de doenças infecciosas.

Referências

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

Schiff, J. L. Cellular Automata: A Discrete View of the World. Wiley-Interscience, 2008.

[Adicionar outras referências pertinentes, se houver]