



Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE
Departamento de Estatística e Informática - DEINFO
Bacharelado em Sistemas de Informação - BSI

Epidemiology Computing
Professor: Jones Albuquerque

**Um Modelo SEIR Baseado em Autômato Celular para a
Disseminação Espacial da Conjuntivite Viral**

Gabriele Monteiro de Medeiros

Recife/PE
2025

Abstract

This study presents a simplified way to understand how viral conjunctivitis can spread through a population. We use a Cellular Automaton (CA) in which each cell of a grid represents an individual who may be susceptible, exposed, infected, or recovered, following the SEIR model. State transitions occur based on incubation time, infection duration, and close contact with neighboring cells. With these local rules, the outbreak spreads naturally across the grid, forming clusters, transmission waves, and recovery zones—patterns consistent with real-world outbreaks. The model demonstrates that Cellular Automata can serve as an intuitive and effective tool for representing and studying diseases that spread through close contact, such as viral conjunctivitis.

Resumo

Este trabalho apresenta uma forma de entender como a conjuntivite viral pode se espalhar em uma população. Foi utilizado um Autômato Celular (AC), onde cada célula de uma grade representa uma pessoa. Cada indivíduo pode estar suscetível, exposto, infectado ou recuperado, seguindo o modelo SEIR. As mudanças de estado acontecem com base no tempo de incubação, no tempo de infecção e no contato com vizinhos próximos. Com essas regras locais, o surto começa a se espalhar de forma natural pela grade, formando focos, ondas de transmissão e áreas de recuperação, assim como ocorre em surtos reais. O modelo mostra que os Autômatos Celulares podem ser uma ferramenta intuitiva para representar e estudar doenças que se disseminam por proximidade, como a conjuntivite viral.

1. Introdução

Modelos compartimentais como SIR e SEIR são amplamente utilizados na epidemiologia por representarem a dinâmica temporal de doenças infecciosas (Keeling & Rohani, 2008). No modelo SEIR, o estado “Exposto” (E) representa indivíduos infectados mas ainda não infecciosos, capturando o período de incubação — elemento fundamental em doenças como conjuntivite viral, influenza e COVID-19.

Apesar de sua relevância, esses modelos clássicos assumem mistura populacional homogênea, ignorando a estrutura espacial das populações reais. A transmissão de doenças ocorre localmente: indivíduos infectam seus vizinhos próximos. Assim, representar a heterogeneidade espacial é essencial.

Autômatos Celulares (AC) oferecem um arcabouço matemático ideal para isso. A partir de regras locais aplicadas a uma grade discreta, padrões globais emergem espontaneamente (Schiff, 2008). Essa característica os torna ferramentas valiosas para explorar como os surtos se formam, se espalham e se dissipam espacialmente.

Neste trabalho, implementamos um modelo SEIR totalmente espacial por meio de um AC 2D. Diferentemente de modelos híbridos, aqui toda a dinâmica ocorre dentro do autômato: a infecção surge, se propaga e se encerra sem equações diferenciais externas.

Também definimos períodos discretos de incubação e infecção para cada célula, aproximando características reais da conjuntivite viral.

2. Métodos

2.1. Estrutura Geral do Autômato Celular

O modelo consiste em uma grade bidimensional de tamanho 50×50. Cada célula representa um indivíduo e pode estar em um dos quatro estados epidemiológicos:

- S (0) – Suscetível
- E (1) – Exposto (infectado, mas não transmite)
- I (2) – Infectado (transmite)
- R (3) – Recuperado (imune)

A vizinhança utilizada é a de Moore (8 vizinhos ao redor).

2.2. Regras de Evolução

As regras do AC refletem a progressão epidemiológica da conjuntivite viral:

$S \rightarrow E$ (Exposição)

Um indivíduo suscetível se torna exposto se:

1. Algum vizinho estiver infectado (I)
2. Um sorteio aleatório satisfizer a probabilidade de infecção:

`infection_prob = 0.40`

$E \rightarrow I$ (Início da transmissão)

Cada indivíduo exposto possui um contador de incubação:

`incubation[i,j] ∈ {2, 3, 4}`

Quando o contador chega a zero, ele se torna infeccioso.

$I \rightarrow R$ (Recuperação)

Cada infectado possui um tempo de infecção sorteado entre 5 e 7 passos de tempo. Ao final, ele passa para o estado recuperado.

Essas durações representam fenômenos reais da conjuntivite, como:

- incubação curta,
- rápida transmissibilidade,
- resolução espontânea após alguns dias.

2.3. Inicialização

Seis indivíduos infectados são distribuídos aleatoriamente na grade, simulando o início do surto.

2.4. Registro e Visualização

Foram capturadas seis gerações específicas do autômato:

frames = [5, 10, 20, 40, 60, 100]

Cada snapshot retrata a distribuição espacial de S, E, I e R naquele instante — permitindo observar como a epidemia se organiza no espaço.

3. Resultados

A simulação produziu padrões espaciais característicos da dinâmica SEIR.

3.1. Fase inicial (Geração 5 a 10)

Os seis infectados iniciais criam pequenos focos locais. Indivíduos suscetíveis próximos apresentam risco imediato de transição para o estado exposto (E). Surgem clusters densos ao redor dos infectados.

3.2. Expansão da epidemia (Geração 20 a 40)

A combinação entre:

- probabilidade de transmissão,
- vizinhança de Moore,
- períodos de incubação,

Geram frentes de infecção que crescem radialmente. Áreas mistas contendo S, E e I tornam-se mais comuns. O sistema assume maior complexidade espacial, com múltiplos epicentros interagindo entre si.

3.3. Estágio avançado (Geração 60 a 100)

À medida que novos casos diminuem:

- indivíduos infectados exaurem seus temporizadores,
- o estado R (recuperado) passa a predominar,
- a heterogeneidade espacial diminui.

Os clusters se fragmentam e a epidemia segue rumo ao esgotamento.

Visualmente, os mapas evidenciam:

- ondas epidemiológicas,
- formação e dissolução de bolsões infecciosos,
- um padrão compatível com surtos de conjuntivite em escolas ou comunidades densas.

A Figura 1 apresenta seis snapshots da simulação nas gerações 5, 10, 20, 40, 60 e 100, mostrando a distribuição espacial dos estados Suscetível (S), Exposto (E), Infectado (I) e Recuperado (R) ao longo do tempo.

As cores seguem o colormap viridis dividido em quatro faixas, onde:

- Suscetível ($S = 0$) aparece em roxo-azulado escuro,
- Exposto ($E = 1$) aparece em azul esverdeado,
- Infectado ($I = 2$) aparece em verde,
- Recuperado ($R = 3$) aparece em amarelo.

Os mapas revelam como os focos iniciais de infecção dão origem a clusters crescentes, formam frentes de transmissão e, posteriormente, se dissipam conforme os indivíduos entram no estado recuperado.

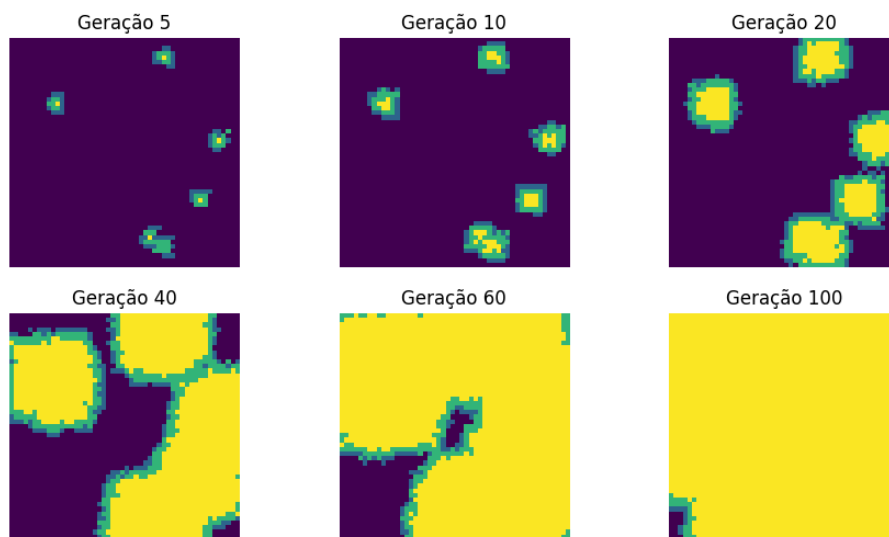


Figura 1: Simulação SEIR da conjuntivite com autômatos celulares

Essa visualização evidencia três elementos importantes do modelo:

1. Localidade da transmissão: apenas vizinhos imediatos contribuem para novos casos.
2. Padrões emergentes: estruturas espaciais surgem sem serem impostas, refletindo espalhamento realista.
3. Ciclo completo da epidemia: a infecção aparece, se expande e se encerra naturalmente.

A sequência de imagens demonstra como surtos de conjuntivite podem se comportar em ambientes densos, formando bolsões, colapsando em frentes de recuperação e eventualmente cobrindo toda a população.

4. Discussão e Conclusão

O modelo SEIR implementado como Autômato Celular neste trabalho oferece uma representação espacial rica da dinâmica de surtos de conjuntivite viral. Mesmo com regras simples, o sistema produz padrões que seriam invisíveis em modelos puramente temporais.

A importância dessa abordagem reside em três pontos:

4.1 Realismo espacial

As interações são locais — como ocorre em salas de aula, casas, bairros e ambientes urbanos.

4.2. Naturalidade dos padrões emergentes

Sem impor equações complexas, o próprio sistema gera:

- frentes de infecção,
- múltiplos focos,
- zonas de recuperação.

4.3. Clareza pedagógica

O modelo é ideal para ensino de epidemiologia, modelagem matemática e sistemas complexos, pois torna visível a progressão espacial da doença.

Embora este estudo não inclua uma análise formal de entropia espacial, o sistema demonstra comportamentos consistentes com padrões complexos já documentados em autômatos celulares epidemiológicos. Isso abre portas para extensões futuras, como cálculo de entropia de Shannon, medidas de clusterização ou comparação entre diferentes probabilidades de transmissão.

Em conclusão, este trabalho apresenta um código que une simplicidade computacional e relevância epidemiológica, proporcionando uma plataforma acessível e eficaz para estudar doenças de transmissão local, como a conjuntivite viral.

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.