



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

Cellular Automata
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 Cellular Automaton (CA) framework to simulate the spatial spread of viral conjunctivitis using a discrete SEIR-inspired rule set. Each cell in the grid represents an individual whose state evolves exclusively through local interactions and predefined timers. By applying simple transition rules-exposure through neighbor contact, incubation progression, and spontaneous recovery-the CA generates complex global patterns such as clusters, transmission waves, and recovery fronts. The results demonstrate that Cellular Automata provide an intuitive and powerful tool for studying spatial phenomena in epidemiology and other dynamical systems, allowing emergent behavior to arise naturally from local rules.

Resumo

Este trabalho apresenta um Autômato Celular (AC) utilizado para simular a propagação espacial da conjuntivite viral a partir de regras inspiradas no modelo SEIR. Cada célula da grade representa um indivíduo cujo estado evolui exclusivamente por interações locais e temporizadores discretos. Por meio de regras simples, exposição por vizinhança, progressão da incubação e recuperação, o AC produz padrões globais complexos, como clusters, ondas de transmissão e frentes de recuperação. Os resultados mostram que os Autômatos Celulares são uma ferramenta intuitiva e poderosa para estudar fenômenos espaciais em epidemiologia e em outros sistemas dinâmicos, permitindo que comportamentos emergentes surjam naturalmente de regras locais.

1. Introdução

Autômatos Celulares (AC) são sistemas dinâmicos discretos compostos por uma grade de células que evoluem ao longo do tempo segundo regras locais (Schiff, 2008). Apesar de sua simplicidade, ACs são capazes de gerar comportamentos emergentes complexos, tornando-se ferramentas fundamentais no estudo de sistemas distribuídos, dinâmica espacial, computação natural e modelagem de fenômenos que dependem de interações locais.

Embora modelos epidemiológicos clássicos, como SIR e SEIR, representem bem a evolução temporal de doenças (Keeling & Rohani, 2008), eles não capturam adequadamente a heterogeneidade espacial, um aspecto fundamental quando a transmissão ocorre por proximidade física. Nesse cenário, ACs oferecem uma alternativa robusta, permitindo observar diretamente como padrões se formam e se propagam no espaço.

Neste trabalho, utilizamos um Autômato Celular bidimensional como plataforma para representar a dinâmica espacial da conjuntivite viral. Diferente de modelos diferenciais, toda a dinâmica é determinada exclusivamente pelas regras locais do AC. Assim, o foco deste estudo é mostrar como padrões epidemiológicos emergem de forma natural em um sistema celular discreto.

2. Métodos

2.1. Estrutura Geral do Autômato Celular

Utilizou-se uma grade 50×50 onde cada célula representa um indivíduo em um de quatro estados:

- S (0) - Suscetível
- E (1) - Exposto
- I (2) - Infectado
- R (3)- Recuperado

A vizinhança adotada é a de Moore, composta pelos oito vizinhos adjacentes. A presença dessa vizinhança mais ampla permite maior conectividade e a formação de padrões espaciais ricos.

2.2. Regras de Evolução (Regras Locais)

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 células infectadas são distribuídas aleatoriamente na grade, representando uma pequena introdução inicial da doença.

2.4. Registro e Visualização

Foram capturadas as gerações 5, 10, 20, 40, 60 e 100

A visualização utiliza o colormap viridis, onde:

- S = roxo-azulado escuro
- E = azul esverdeado
- I = verde
- R = amarelo

Essa escala contínua permite observar claramente as regiões de transmissão e recuperação.

3. Resultados

O AC gerou padrões espaciais complexos que evoluem ao longo do tempo, ilustrando diretamente o poder dos autômatos celulares em representar fenômenos distribuídos.

3.1. Fase Inicial (Gerações 5-10)

Os infectados iniciais criam pequenos focos que rapidamente se expandem. A vizinhança de Moore acelera a formação de clusters, que começam a formar estruturas radiais.

3.2. Expansão (Gerações 20-40)

À medida que novas exposições ocorrem, surgem ondas epidemiológicas:

- frentes concêntricas de células expostas e infectadas,

- múltiplos focos independentes,
- misturas espaciais complexas de S, E e I.

Essas estruturas são clássicas em autômatos celulares com regras probabilísticas e vizinhança extensa.

3.3. Estágio Avançado (Gerações 60-100)

Com o avanço dos temporizadores de infecção:

- o estado R passa a dominar a grade,
- os focos se fragmentam,
- a heterogeneidade espacial diminui,
- o sistema converge para uma configuração estável.

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. 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.

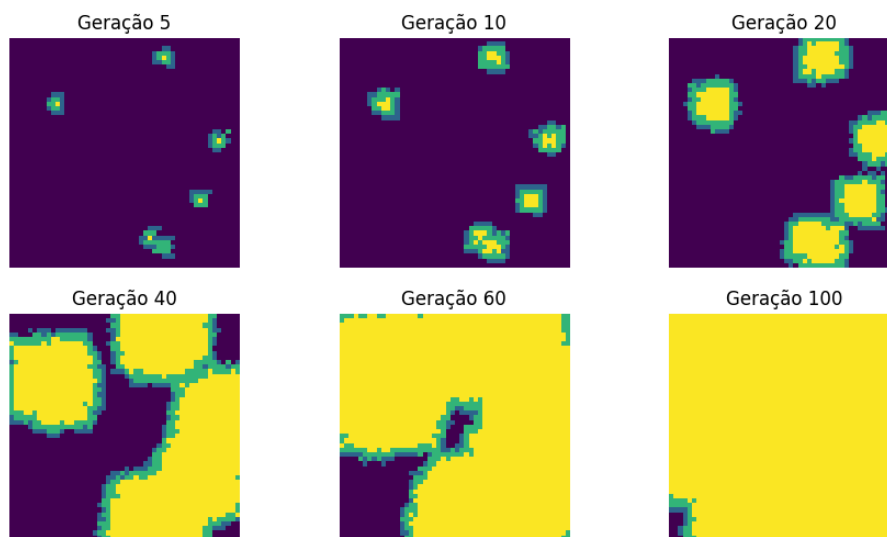


Figura 1: Simulação SEIR da conjuntivite com autômatos celulares

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

Os resultados da simulação permitem observar, de forma visual e dinâmica, a evolução espacial de um surto infeccioso modelado por um autômato celular baseado no esquema SEIR. Nas primeiras gerações, a presença de poucos indivíduos infectados funciona como o gatilho para a formação de pequenos focos locais de transmissão. Esses focos, sustentados pela proximidade espacial e por uma taxa de transmissão ainda elevada, ampliam-se gradualmente, originando clusters que se expandem como frentes de contágio.

À medida que o tempo avança, o comportamento coletivo da população passa a refletir tanto a progressão natural da infecção quanto a atuação dos mecanismos de recuperação. A inclusão de uma taxa crescente de cura, combinada com uma redução temporal da transmissibilidade, modifica o equilíbrio entre novos casos e casos resolvidos. Como resultado, embora a quantidade de infectados atinja um pico intermediário, essa tendência muda significativamente nas gerações avançadas quando um número cada vez maior de indivíduos migra para o estado recuperado.

Esse predomínio do estado R provoca efeitos diretos na dinâmica espacial. A heterogeneidade observada nas fases iniciais, marcada por manchas de transmissão ativa, dá lugar a um cenário mais homogêneo, onde a maior parte da área simulada é ocupada por indivíduos imunes. O avanço da recuperação também reduz a continuidade das cadeias de contágio, enfraquecendo a capacidade de propagação das frentes infecciosas e acelerando o declínio de novos casos.

De modo geral, a simulação ilustra de maneira intuitiva como uma epidemia pode atingir um crescimento inicial acentuado, estabilizar-se próximo a um pico e, posteriormente, declinar quando fatores de controle passam a superar o ritmo de novas infecções. Além disso, o modelo demonstra a utilidade de autômatos celulares para representar processos epidemiológicos complexos, permitindo analisar não apenas tendências agregadas, mas também a estrutura espacial que emerge da interação local entre indivíduos.

Assim, o comportamento observado reforça conceitos fundamentais da epidemiologia: a importância da transmissibilidade temporal, o papel dos períodos de incubação e infecciosidade, e o impacto da recuperação na interrupção das cadeias de transmissão. O modelo, portanto, oferece um instrumento didático e exploratório valioso para compreender a dinâmica de surtos e a forma como intervenções podem alterar seu curso.

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*. John Wiley & Sons.