

Modelagem da Propagação de Doenças Infecciosas Usando Autômatos Celulares

Helen Alves

helen.alves@ufrpe.br

ABSTRACT

A modelagem de epidemias é uma ferramenta essencial para compreender e prever a disseminação de doenças infecciosas. Modelos clássicos, como o SIR (Susceptível-Infetado-Recuperado), são amplamente utilizados, mas apresentam limitações ao considerar populações homogêneas. Neste artigo, exploramos uma abordagem baseada em autômatos celulares, que permite capturar padrões espaciais e interações locais na propagação de uma infecção. Através de simulações computacionais, analisamos o impacto da vizinhança, probabilidade de infecção e tempo de recuperação na dinâmica da doença. Os resultados demonstram que o modelo reproduz comportamentos epidemiológicos realistas e destaca a importância da estrutura espacial na disseminação da infecção.

Introdução

A propagação de doenças infecciosas é um fenômeno complexo influenciado por fatores biológicos, sociais e espaciais. Modelos matemáticos têm sido amplamente utilizados para estudar epidemias, auxiliando na previsão do curso de uma infecção e no desenvolvimento de estratégias de controle. O modelo SIR tradicional, baseado em equações diferenciais, assume mistura homogênea da população, o que pode ser uma simplificação excessiva. Em contraste, modelos baseados em autômatos celulares permitem simular padrões espaciais e heterogeneidade na disseminação da infecção.

Métodos

Model Framework

Um autômato celular é um sistema discreto onde o espaço é dividido em células que evoluem de acordo com regras locais. No contexto epidemiológico, utilizamos uma grade bidimensional 50x50, onde cada célula representa um indivíduo que pode estar em um dos seguintes estados:

- Susceptível (S): Indivíduos saudáveis que podem ser infectados.
- Infectado (I): Indivíduos doentes que podem transmitir a infecção a seus vizinhos.
- Recuperado (R): Indivíduos que já tiveram a infecção e se tornaram imunes.

A dinâmica da infecção (transição de estados) é regida pelas seguintes regras de probabilidade:

- Indivíduos susceptíveis tornam-se infectados com uma probabilidade $t_{infection}$ caso um vizinho esteja infectado.
- Indivíduos infectados permanecem nesse estado por um tempo $t_{recovery}$ antes de transitar para o estado recuperado.

Implementação

A simulação é conduzida em uma grade 50×50 , com um número inicial de 5 indivíduos infectados aleatoriamente. Os parâmetros principais são: We simulate the CA model on a 50×50 grid, initialized with a small fraction of infected individuals randomly distributed. A grade atualiza-se sincronizadamente a cada passo de tempo, aplicando as regras de transição globalmente. Usamos Python com NumPy e Matplotlib para implementação e visualização.

- $t_{infection} = 0.3$ (probabilidade de transmissão)
- $t_{recovery} = 2$ (tempo até a recuperação).
- 100 steps

Resultados e Discussões

O modelo foi implementado em Python, utilizando a biblioteca Matplotlib para visualização. A Figura 1 ilustra a dinâmica da infecção ao longo do tempo.

Simulações preliminares indicam que a propagação da infecção é altamente sensível à probabilidade $t_{infection}$ e à duração da infecciosidade $t_{recovery}$. As principais descobertas incluem:

- Maior $t_{infection}$ leva a surtos mais rápidos, com quase todos os indivíduos infectados em poucos passos de tempo.
- Maior $t_{recovery}$ aumenta o número total de indivíduos infectados no pico da infecção.
- O agrupamento espacial de indivíduos inicialmente infectados afeta a velocidade de propagação da doença.

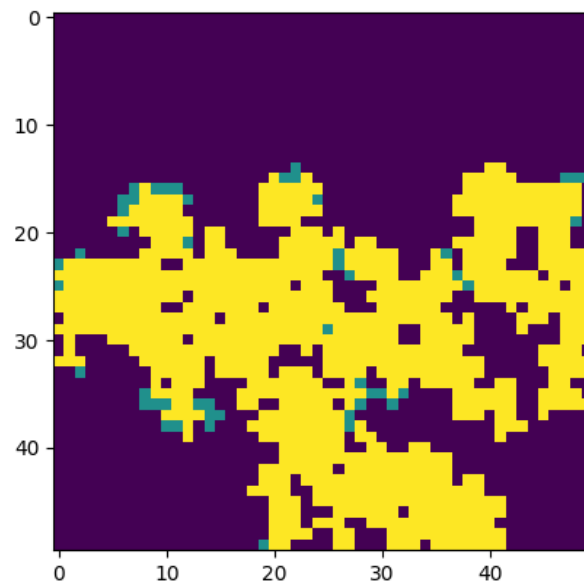


Figure 1. Propagação da infecção ao longo do tempo.

Validação e limitações do modelo

Nosso modelo baseado em CA captura padrões epidemiológicos essenciais, mas tem limitações, incluindo a suposição de uma população estática. Extensões futuras podem incorporar mobilidade individual, vacinação e dinâmica de reinfeção.

Padrões Emergentes

A simulação revela padrões espaciais característicos:

- Propagação em clusters: a infecção se espalha de forma não homogênea, criando áreas de alta e baixa transmissão.
- Fronteiras de infecção: a taxa de propagação diminui com a redução de indivíduos suscetíveis.
- Extinção do surto: quando a maioria dos indivíduos se torna recuperada, impedindo a continuidade da transmissão.

Conclusão

Os resultados indicam que modelos baseados em autômatos celulares oferecem uma abordagem mais realista para a modelagem de epidemias ao incluir interações espaciais e padrões emergentes. Esses modelos podem ser utilizados para estudar estratégias de contenção localizadas e prever o impacto de medidas como quarentena e isolamento social.

Este estudo demonstra sua aplicabilidade na simulação de interações localizadas e efeitos espaciais. Refinamentos adicionais podem aumentar o poder preditivo para aplicações epidemiológicas do mundo real.

References

1. Kermack, W. O. & McKendrick, A. G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proc. Royal Soc. A* **115**, 700–721 (1927).
2. Wolfram, S. Cellular automata as models of complexity. *Nature* **311**, 419–424 (1984).
3. Schiff, J. L. *Cellular Automata: A Discrete View of the World* (Wiley, 2011).
4. Hethcote, H. W. The mathematics of infectious diseases. *SIAM Rev.* **42**, 599–653 (2000).

¹, ², ³, and ⁴.