

# **Modelagem da Propagação de Doenças Infecciosas por Meio de Autômatos Celulares do Tipo SIR**

Isadora Henriques Albuquerque, Jones Oliveira de Albuquerque

<sup>1</sup>Departamento de Estatística e Informática

Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) – Recife – PE – Brasil

{isadora.albuquerque, jones.albuquerque}@ufrpe.br

## **Resumo**

A modelagem de epidemias tem papel central na compreensão de surtos e no planejamento de estratégias de controle sanitário. Modelos compartimentais clássicos, como o SIR, descrevem adequadamente a evolução média de populações, porém desconsideram a natureza espacial e local das interações humanas. Este trabalho apresenta um modelo computacional baseado em autômatos celulares para simular a propagação de doenças infecciosas em uma grade bidimensional. O sistema implementa regras probabilísticas de transmissão e recuperação, permitindo a emergência de padrões espaciais heterogêneos. A partir do código desenvolvido em Python, são obtidas curvas epidemiológicas e mapas de distribuição final dos estados suscetível, infectado e recuperado. Os resultados indicam que o modelo reproduz características qualitativas de epidemias reais, como crescimento inicial exponencial, formação de clusters de infecção e declínio progressivo do número de infectados.

## **1. Introdução**

Doenças infecciosas continuam representando um dos maiores desafios à saúde pública global. A disseminação de patógenos depende de múltiplos fatores, como características biológicas do agente, comportamento social da população e estrutura espacial das interações humanas. Modelos epidemiológicos clássicos, como o SIR baseado em equações diferenciais, assumem mistura homogênea da população, hipótese que raramente é verificada em cenários reais.

Autômatos celulares oferecem uma alternativa capaz de representar explicitamente o espaço e as interações locais entre indivíduos. Nessa abordagem, regras simples aplicadas a cada célula produzem comportamentos coletivos complexos, fenômeno conhecido como emergência. Tal característica permite investigar como padrões macroscópicos de epidemias surgem a partir de contatos microscópicos entre vizinhos.

O objetivo deste trabalho é desenvolver e analisar um simulador de propagação de doenças infecciosas utilizando um autômato celular SIR. Busca-se compreender de que forma os parâmetros de transmissão e recuperação influenciam a dinâmica espacial da epidemia e a evolução temporal das populações suscetível, infectada e recuperada.

## **2. Metodologia**

### **2.1. Ambiente**

A implementação foi realizada em Python, utilizando as bibliotecas:

- NumPy: para manipulações de matrizes e operações;
- Matplotlib: visualização do mapa espacial e das curvas epidemiológicas.

## 2.2. Estrutura do Modelo

O modelo consiste em um autômato celular bidimensional definido sobre uma grade regular de tamanho  $60 \times 60$ , totalizando 3600 células. Cada célula representa um indivíduo da população.

A evolução do sistema ocorre em passos discretos de tempo. Em cada passo, todas as células são atualizadas de forma síncrona, ou seja, o novo estado de cada célula depende apenas do estado da geração anterior, evitando interferências sequenciais durante a atualização.

Em que cada célula pode assumir 3 estados:

- **Suscetível (S = 0)**: indivíduo saudável que pode ser infectado;
- **Infectado (I = 1)**: indivíduo que transmite a doença;
- **Recuperado (R = 2)**: indivíduo imune e não pode ser infectado novamente.

Essa representação discreta permite acompanhar de forma simples a evolução espacial da epidemia e calcular estatísticas globais do sistema.

## 2.3. Vizinhança

A interação entre os agentes ocorre através da vizinhança de Moore, composta por 8 vizinhos adjacentes. Além disso, foi implementado condições de contorno abertas, ou seja, as células das bordas possuem menos vizinhos e não há conexão com o lado oposto da grade.

### Transição

A dinâmica temporal ocorre em passos discretos. Para cada célula são avaliadas regras probabilísticas baseadas no estado atual e nos vizinhos imediatos, seguindo o modelo epidemiológico SIR

- Suscetível → Infectado

Um indivíduo suscetível pode ser infectado dependendo do número  $k$  de vizinhos infectados. A probabilidade de infecção é dada por:

$$p = 1 - (1 - \beta)k$$

Onde:  $\beta = 0,35$  é a taxa de transmissão e  $k$  é o número de vizinhos infectados.

- Infectado → Recuperado

Um indivíduo infectado se recupera com probabilidade  $\gamma = 0,06$ . Após a recuperação, o indivíduo torna-se imune permanentemente.

- Recuperado

Células no estado recuperado permanecem inalteradas.

Essas regras constituem uma versão espacial do modelo SIR estocástico e são aplicadas a todas as células em cada passo de tempo.

#### 2.4. Inicialização

A simulação inicia com toda a população no estado suscetível. Em seguida, oito células são escolhidas aleatoriamente para iniciar no estado infectado, representando o surgimento inicial da doença. Com isso, é possível analisar como um pequeno foco pode evoluir para uma epidemia de grande escala.

#### 2.5. Implementação Computacional

O modelo foi implementado em Python com as bibliotecas NumPy e Matplotlib. A população é representada por uma matriz bidimensional, na qual cada posição indica o estado epidemiológico do indivíduo (S, I ou R). A atualização ocorre de forma síncrona e, a cada iteração:

- conta-se o número de vizinhos infectados de cada célula;
- aplicam-se as regras probabilísticas de infecção e recuperação;
- gera-se uma nova matriz com os estados atualizados.

A simulação é executada por 120 iterações, gerando um mapa espacial final dos estados e curvas temporais equivalentes às curvas epidemiológicas clássicas. Essa implementação direta permite reproduzibilidade e fácil modificação de parâmetros.

#### 2.6. Disponibilidade do código

O código fonte da simulação está disponível no [repositório GitHub](#) para consulta e execução.

### 3. Resultados e Discussão

A execução do simulador produz dois tipos principais de saída. O primeiro é o mapa espacial da grade, no qual é possível observar a formação de focos de infecção e frentes de propagação. Diferentemente dos modelos sem espaço, o contágio não ocorre de forma uniforme: regiões distantes do surto inicial permanecem suscetíveis por longos períodos, enquanto áreas próximas exibem saturação de recuperados. Esse comportamento emergente decorre exclusivamente das interações locais implementadas no autômato.

O segundo resultado consiste nas curvas SIR obtidas a partir da contagem global dos estados. Mesmo sem equações diferenciais explícitas, o sistema gera trajetórias qualitativamente semelhantes às previstas pela epidemiologia clássica: crescimento inicial do número de infectados, existência de um pico epidêmico e posterior declínio com aumento dos recuperados. O formato dessas curvas, entretanto, depende fortemente dos parâmetros  $\beta$  e  $\gamma$  e da distribuição espacial, evidenciando a importância do espaço na dinâmica.

A relevância do modelo reside na possibilidade de explorar cenários variados. Aumentos na taxa de transmissão produzem picos mais altos e antecipados; valores maiores de  $\gamma$  reduzem a duração da epidemia; mudanças na condição inicial alteram a velocidade das ondas. Tais experimentos podem ser realizados sem risco real e com baixo custo

computacional, configurando o simulador como laboratório virtual para estudo de políticas de saúde. Além disso, o código demonstra um princípio fundamental dos sistemas complexos: comportamentos coletivos emergem de regras simples. Nenhuma instrução global define “onda”, “cluster” ou “pico”; esses fenômenos surgem da interação repetida entre células vizinhas, ilustrando o poder explicativo dos autômatos celulares.

#### **4. Conclusão**

O trabalho apresentou a construção de um modelo de propagação de doenças infecciosas baseado em autômatos celulares, implementado integralmente a partir de regras locais inspiradas no modelo SIR. O simulador evidencia que a incorporação explícita do espaço permite reproduzir características essenciais de epidemias reais, ausentes em abordagens de mistura homogênea.

A ferramenta desenvolvida possui valor científico e educacional. Cientificamente, possibilita investigar como parâmetros epidemiológicos e estrutura espacial influenciam a disseminação, servindo como base para extensões com mobilidade, vacinação ou quarentena. Do ponto de vista didático, oferece visualização intuitiva dos mecanismos de contágio, aproximando conceitos de computação, matemática e saúde pública. Assim, o código representa um modelo conceitual capaz de apoiar a compreensão de processos epidêmicos e demonstrar a aplicabilidade dos autômatos celulares na resolução de problemas contemporâneos.

#### **5. Referências**

1. KERMACK, William O.; MCKENDRICK, Anderson G. A contribution to the mathematical theory of epidemics.
2. WOLFRAM, Stephen. Cellular automata as models of complexity. *Nature*
- 3 KEELING, Matt J.; EAMES, Ken T. D. Networks and epidemic models. *Journal of the Royal Society Interface*
- 4 WHITE, S. H.; DEL REY, A. M.; SÁNCHEZ, G. R. Modeling epidemics using cellular automata. *Applied Mathematics and Computation*,