

Uma Estrutura Computacional Híbrida Integrando a Dinâmica Temporal SIR com Autômatos Celulares Espaciais para Modelagem Epidemiológica

Autor: João Manoel

Afiliação: Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil.

Abstract

Mathematical modeling is essential for public health, yet traditional compartmental models like SIR lack a spatial dimension, while spatial models like cellular automata (CA) often lack a link to population-level dynamics. This paper presents a hybrid framework integrating these approaches. A deterministic SIR model governs the temporal prevalence of an infection, and its output dynamically modulates local transmission probabilities in a 1D stochastic CA simulating spatial spread. We quantify the evolving spatial complexity of the CA patterns using similarity dimension, calculated via a box-counting algorithm. Our results show that the pattern's dimension is not static, but evolves in correlation with the temporal phases of the epidemic. This work provides a relevant computational tool for multi-scale epidemiological inquiry, connecting population-level dynamics to their emergent spatial structure.

Resumo

A modelagem matemática é essencial para a saúde pública, no entanto, modelos compartimentais tradicionais como o SIR carecem de uma dimensão espacial, enquanto modelos espaciais como os autômatos celulares (AC) frequentemente não possuem uma ligação com a dinâmica em nível populacional. Este artigo apresenta uma estrutura híbrida que integra essas abordagens. Um modelo SIR determinístico rege a prevalência temporal de uma infecção, e seu resultado modula dinamicamente as probabilidades de transmissão local em um AC estocástico 1D que simula a disseminação espacial. Quantificamos a complexidade espacial evolutiva dos padrões do AC usando a dimensão de similaridade, calculada por meio de um algoritmo de contagem de caixas. Nossos resultados mostram que a dimensão do padrão não é estática, mas evolui em correlação com as fases temporais da epidemia. Este trabalho fornece uma ferramenta computacional relevante para a investigação epidemiológica multiescala, conectando a dinâmica em nível populacional à sua estrutura espacial emergente.

1. Introdução

Modelos compartimentais como o SIR (Suscetíveis, Infectados, Recuperados) são fundamentais em epidemiologia, descrevendo o fluxo temporal de uma população através dos estados de infecção, regidos pelo número básico de reprodução, R_0

(Keeling & Rohani, 2008). No entanto, sua suposição de mistura homogênea negligencia a natureza inerentemente local e espacial da transmissão de doenças. Para abordar isso, recorreremos aos Autômatos Celulares (AC), um paradigma de modelagem onde uma rede de células evolui com base em regras locais, permitindo que padrões globais complexos surjam de interações simples (Schiff, 2008).

Este artigo apresenta uma estrutura híbrida que conecta dinamicamente esses dois modelos. A prevalência temporal da infecção, $I(t)$, do modelo SIR atua como uma "pressão de infectividade" global que modula as probabilidades de transmissão local dentro do AC. Para analisar quantitativamente os padrões espaciais resultantes, empregamos o conceito de dimensão de similaridade, estimado pelo método de contagem de caixas (*box-counting*) (Schiff, 2008). Essa métrica nos permite rastrear a evolução da complexidade geométrica da epidemia, fornecendo uma compreensão multiescala mais rica da dinâmica da doença.

2. Métodos

2.1. Modelo Temporal: SIR

A dinâmica temporal é governada pelo modelo SIR determinístico para uma população fechada:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N}; \quad \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \gamma I; \quad \frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Os parâmetros foram definidos para representar uma doença moderadamente transmissível ($R_0=5$, com $\beta=0.5$, $\gamma=0.1$) em uma população de $N=100.000$. O sistema foi resolvido numericamente usando um solver de EDO padrão.

2.2. Modelo Espacial: Autômato Celular

Um autômato celular unidimensional de $L=512$ células representa a população espacial, com estados para Suscetível (0), Infectado (1) e Recuperado (2). O AC evolui em passos de tempo discretos, sincronizados com o modelo SIR. A probabilidade de infecção de uma célula suscetível depende de seus vizinhos infectados e da prevalência global de infecção $I(t)/N$ do modelo SIR. Uma célula infectada se recupera com uma probabilidade $\gamma_{ca}=\gamma$.

2.3. Análise de Complexidade Espacial: Dimensão de Contagem de Caixas

Quantificamos a complexidade dos padrões espaciais do AC usando a dimensão de contagem de caixas, DK. A grade 1D de células não suscetíveis foi coberta com caixas de vários tamanhos, b . A dimensão foi estimada a partir da relação de lei de potência

$N(b) \propto (1/b)^{DK}$, onde $N(b)$ é o número de caixas de tamanho b necessárias para cobrir o padrão. A inclinação do gráfico log-log de $N(b)$ versus $1/b$ fornece DK (Schiff, 2008).

3. Resultados

A simulação SIR produziu uma curva epidêmica clássica, com pico por volta do dia 20 (Figura 1a). O AC traduziu isso em uma dinâmica espacial, evoluindo de um único aglomerado compacto para um padrão fragmentado e complexo no pico da epidemia (Figura 1b). A análise de contagem de caixas forneceu uma medida quantitativa dessa evolução (Figura 1c). A dimensão de similaridade, DK , começou próxima de 0, subiu para 1 à medida que o aglomerado crescia e atingiu um pico em um valor significativamente maior que 1, indicando uma estrutura do tipo fractal durante o auge da epidemia. Este pico de complexidade espacial coincidiu com o pico temporal de infecções. Subsequentemente, à medida que a epidemia diminuía, DK decresceu e se estabilizou.

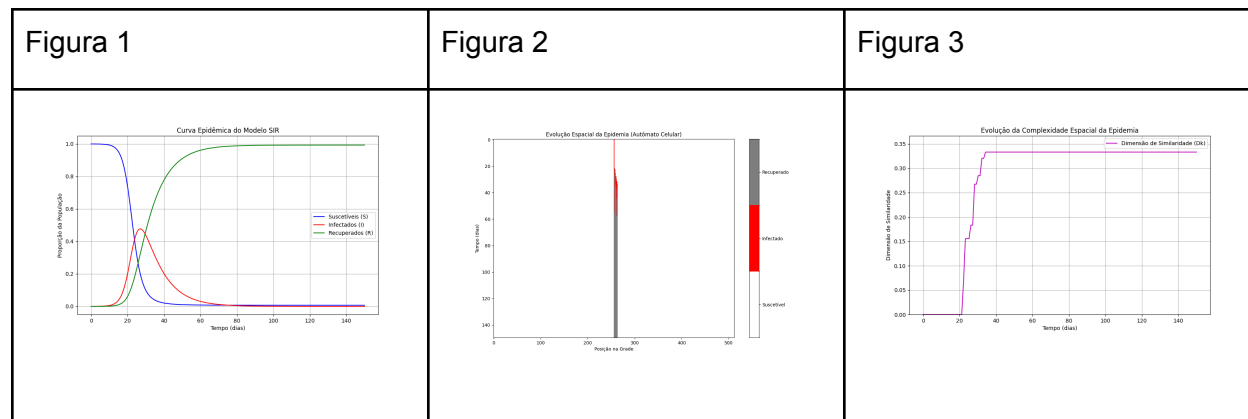


Figura 1: Resultados da simulação do modelo híbrido. Dinâmica temporal do modelo SIR mostrando a proporção de Suscetíveis (azul), infectados (vermelho) e Recuperados (verde) ao longo do tempo.

Figura 2: Evolução espaço-temporal da epidemia no Autômato Celular. Branco representa suscetível, vermelho é infectado e cinza é recuperado.

Figura 3: A evolução da complexidade espacial, medida pela dimensão de similaridade (DK), ao longo da epidemia.

4. Discussão e Conclusão

Nossa estrutura híbrida integra com sucesso a dinâmica temporal baseada em recursos do modelo SIR com os padrões espaciais emergentes de um AC. A evolução da dimensão de similaridade fornece uma métrica quantitativa inovadora para a complexidade espacial de uma epidemia. O aumento observado na dimensão durante a fase de crescimento da epidemia, significando uma transição de uma simples frente de onda para uma estrutura mais pervasiva, tem implicações práticas; surtos fragmentados de maior dimensão podem ser menos suscetíveis a estratégias de contenção como quarentenas geográficas.

A principal força do modelo reside nessa ligação dinâmica e multiescala entre a prevalência geral e a manifestação espacial. Embora a implementação atual seja limitada por sua natureza unidimensional e pela falta de dispersão de longa distância, ela demonstra o potencial significativo de modelos híbridos. Ao unir diferentes paradigmas de modelagem, podemos desenvolver uma compreensão mais abrangente da interação entre as dinâmicas temporal e espacial em epidemiologia, levando, em última análise, a estratégias de controle mais bem informadas.

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.