

Simulação epidemiológica de propagação de doenças com autômatos celulares: uma abordagem baseada em máquinas Autorreplicantes

Sarah Gummy Santos Kim¹

¹*Departamento de Estatística e informática (DEINFO), Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Recife, Pernambuco, Brasil.*

Resumo

A modelagem computacional de epidemias é uma ferramenta essencial para entender a dinâmica de propagação de doenças infecciosas e avaliar estratégias de contenção. Neste artigo, será apresentado a implementação de uma simulação epidemiológica baseada no modelo SEIR (Suscetíveis, Expostos, Infectados, Recuperados) utilizando uma grade bidimensional de autômatos celulares. A propagação da doença é modelada de forma estocástica, baseado no conceito de "máquinas autorreplicantes" discutido por Joel L. Schiff, onde as células infectadas replicam a infecção para células suscetíveis ao redor. A relevância deste modelo está na sua capacidade de simular cenários epidemiológicos de maneira acessível e eficiente, podendo ser utilizado tanto em pesquisas acadêmicas quanto em aplicações práticas para análise de dinâmicas de propagação de doenças. Os resultados demonstram a eficácia do modelo para estudar a evolução de epidemias e possibilitar simulações de diferentes intervenções, como o controle de infecções e a recuperação de células infectadas.

1. Introdução

A modelagem da propagação de doenças infecciosas tem sido uma área central de pesquisa em epidemiologia e ciências computacionais. Modelos matemáticos e computacionais têm sido usados para entender como doenças se espalham em populações, prever a evolução de epidemias e avaliar o impacto de intervenções na saúde pública. Um dos modelos mais comuns para esse tipo de simulação é o modelo SEIR, que divide a população em quatro grupos: Suscetíveis (S), Expostos (E), Infectados (I) e Recuperados (R). O modelo SEIR oferece uma representação simplificada, mas eficaz, da dinâmica de infecções, permitindo simular cenários complexos de propagação de doenças.

Os autômatos celulares, que consistem em uma grade de células em que cada célula evolui com base em regras locais e interações com suas células vizinhas, têm sido amplamente utilizados para modelar sistemas dinâmicos complexos, incluindo a propagação de epidemias. A principal vantagem dos autômatos celulares é sua capacidade de simular sistemas espaciais e temporais de forma eficiente, com um alto grau de paralelismo. Neste artigo, utilizamos a abordagem dos autômatos celulares para implementar uma simulação epidemiológica inspirada nas máquinas autorreplicantes descritas no livro "Cellular Automata: A Discrete View of the World" (Joel L. Schiff, 2008).

A proposta deste trabalho é mostrar como a combinação do modelo SEIR com o conceito de máquinas autorreplicantes pode fornecer uma maneira eficaz de estudar a propagação de doenças infecciosas, ao mesmo tempo em que destaca a aplicabilidade dos autômatos celulares para a modelagem de sistemas biológicos e sociais.

2. Metodologia

2.1. Autômatos Celulares e o Modelo SEIR

O modelo SEIR utilizado neste trabalho é baseado em uma grade bidimensional de autômatos celulares. Cada célula na grade pode assumir um dos quatro estados do modelo SEIR:

- **Suscetível (S):** Células que não estão infectadas, mas podem ser infectadas.
- **Exposto (E):** Células que foram expostas ao agente infeccioso, mas ainda não estão infectadas.
- **Infectado (I):** Células que estão infectadas e podem transmitir a infecção para células suscetíveis.
- **Recuperado (R):** Células que se recuperaram da infecção e não podem mais ser infectadas.

A evolução do sistema ao longo do tempo é determinada por regras locais baseadas na interação entre células vizinhas. Células infectadas têm a capacidade de replicar a infecção para células suscetíveis ao redor, o que é modelado como uma replicação da infecção, inspirada pelo conceito de *self-replicating machines*.

2.2. Regras de Transição

A simulação segue as seguintes regras de transição:

1. **Replicação da Infecção:** Quando uma célula está infectada, ela pode transmitir a infecção para células suscetíveis ao redor, com base em uma taxa de infecção β . A probabilidade de uma célula suscetível ser infectada é proporcional ao número de células infectadas nas células vizinhas.
2. **Incubação:** Células expostas podem se tornar infectadas após um período de incubação, com uma taxa de transição σ .
3. **Recuperação:** Células infectadas podem se recuperar a cada passo de simulação com uma taxa de recuperação γ . Uma vez recuperadas, as células se tornam imunes e não podem mais ser infectadas.

2.3. Implementação do Modelo

A simulação foi implementada utilizando Python, com as bibliotecas **NumPy** para manipulação de dados em arrays e **Matplotlib** para visualização gráfica. O código

é estruturado de forma a permitir a alteração de parâmetros, como as taxas de infecção, incubação e recuperação, permitindo a experimentação com diferentes cenários.

A grade de autômatos celulares foi inicializada com uma distribuição aleatória de células nos estados Suscetível, Exposto e Infectado. A evolução do sistema foi simulada ao longo de 50 passos de tempo, com o cálculo contínuo das quantidades de cada estado (S, E, I, R).

3. Resultados

A simulação foi executada com uma grade de tamanho 50 e um total de 25 passos de tempo. Durante a simulação, o número de células infectadas aumentou rapidamente à medida que a infecção se propagava pela grade, seguindo o comportamento esperado de uma epidemia em um sistema fechado. O gráfico de evolução dos estados mostrou claramente a dinâmica da propagação da infecção, com um pico no número de infectados seguido por uma desaceleração à medida que o número de células suscetíveis diminuía.

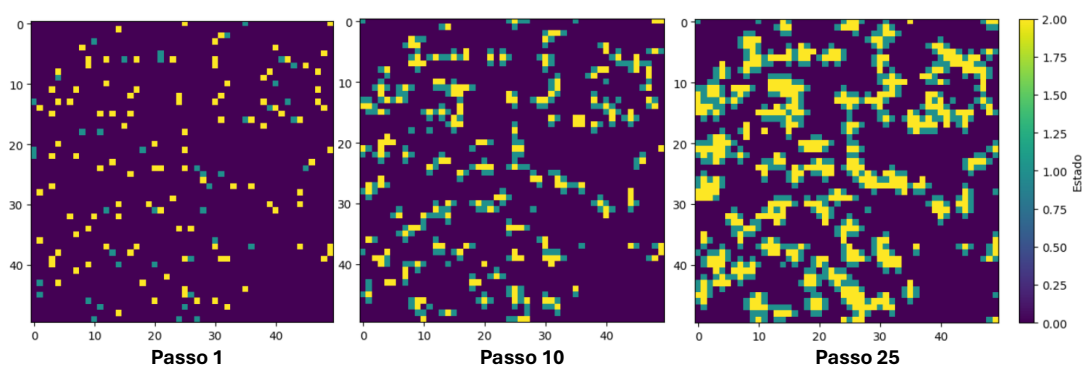


Fig 1. Gráfico implementado em 25 passos para ilustrar a interação de propagação. Retirado do código implementado em Python.

Os gráficos mostraram que, após um certo tempo, a maior parte da população estava exposta ou infectada, com a recuperação dos infectados ocorrendo lentamente ao longo do tempo. Isso reflete a dinâmica real de uma epidemia, onde a propagação inicial é rápida, mas eventualmente a doença começa a se estabilizar à medida que o número de suscetíveis diminui e o número de recuperados aumenta.

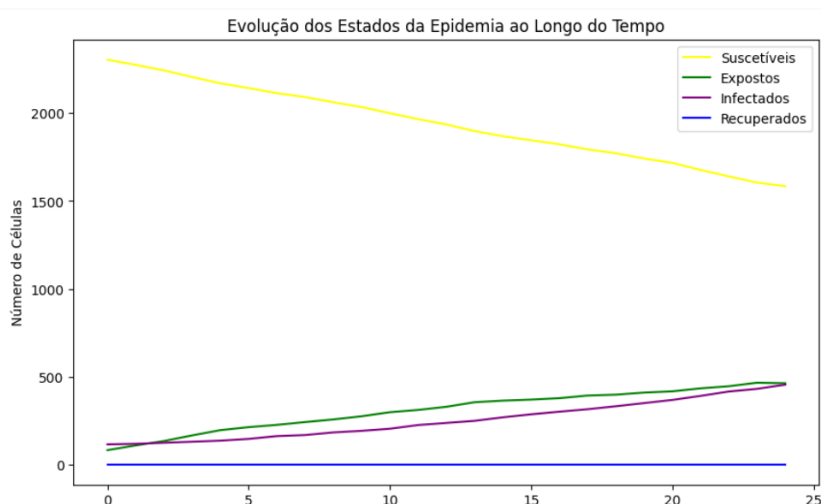


Fig 2. Gráfico retirado do código implementado em Python.

4. Discussão

Os resultados obtidos demonstram a eficácia do modelo proposto para simular a propagação de doenças em uma população espacialmente estruturada. A utilização de autômatos celulares permite uma modelagem simples, mas poderosa, que pode ser adaptada para cenários mais complexos, incluindo a inclusão de redes de contato, diferentes estratégias de intervenção e comportamentos estocásticos.

A aplicação do conceito de máquinas autorreplicantes para modelar a replicação da infecção foi particularmente interessante, pois permitiu capturar o comportamento emergente da propagação de uma doença de forma intuitiva. Esse tipo de modelo pode ser útil para entender como pequenas mudanças nas taxas de infecção ou recuperação podem afetar o curso de uma epidemia.

Além disso, a simulação pode ser facilmente adaptada para estudar outras dinâmicas de sistemas complexos, como a propagação de informações, a disseminação de inovações ou o comportamento de agentes em sistemas sociais.

5. Conclusões

Este estudo demonstrou que o uso de autômatos celulares combinados com o modelo SEIR oferece uma maneira eficiente e visualmente clara de simular a propagação de doenças infecciosas. A replicação da infecção por células infectadas, inspirada nas máquinas autorreplicantes, provou ser uma abordagem eficaz para modelar a dinâmica epidêmica. O código desenvolvido pode ser uma ferramenta útil para pesquisadores em epidemiologia, saúde pública e áreas afins, permitindo simular diferentes cenários e explorar os impactos de várias intervenções.

Futuras melhorias podem incluir a implementação de um modelo mais dinâmico de rede de contatos entre indivíduos, além de incorporar fatores ambientais e comportamentais na dinâmica de transmissão.

Referências

1. Schiff, Joel L.. (2008). *Cellular Automata: A Discrete View of the World*. John Wiley & Sons: Hoboken, NJ, USA.
2. Anderson, R. M., & May, R. M. (1991). *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*. Oxford University Press.
3. Keeling, M. J., & Rohani, P. (2008). *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton University Press.
4. Código de implementação em Python: [Epidemiologia-e-automatos-celulares/codigo.py at main · kimthegreat/Epidemiologia-e-automatos-celulares](https://github.com/kimthegreat/Epidemiologia-e-automatos-celulares/blob/main/codigo.py)