

Simulação Epidemiológica com Autômatos Celulares: Uma Integração entre SIR e Dinâmicas Locais

Autor: Manussa Santos

Resumo

Este artigo apresenta uma simulação epidemiológica baseada no modelo SIR (Susceptible-Infected-Recovered), adaptado para um ambiente de autômatos celulares bidimensionais. Diferentemente do modelo SIR clássico, que assume mistura homogênea da população, esta abordagem incorpora interações locais, refletindo padrões espaciais mais realistas de transmissão de doenças. O código desenvolvido utiliza a vizinhança de Von Neumann para determinar a propagação entre células adjacentes e foi implementado em Python, com parâmetros ajustáveis de taxa de infecção (β) e taxa de recuperação (γ). A simulação gera visualizações e gráficos que descrevem a evolução temporal da epidemia, o pico de infecção e a distribuição final de estados da população. O objetivo é demonstrar como modelos espaciais podem enriquecer análises epidemiológicas e servir como ferramenta didática e de pesquisa para entender a dinâmica de surtos infecciosos.

Introdução

O estudo da dinâmica de doenças transmissíveis é essencial para compreender, prever e controlar surtos. Modelos matemáticos desempenham um papel central nesse processo, e entre eles o modelo SIR, introduzido por Kermack e McKendrick em 1927, é amplamente utilizado.

No entanto, a suposição de mistura homogênea presente no SIR clássico limita sua aplicabilidade em cenários onde o espaço e as interações locais são relevantes. Nesse contexto, autômatos celulares oferecem uma alternativa que permite representar explicitamente a localização de cada indivíduo e suas interações com vizinhos próximos.

Este artigo apresenta uma implementação computacional que integra o modelo SIR aos princípios de autômatos celulares, inspirada nos capítulos iniciais de *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals* (Keeling & Rohani, 2008) e *Cellular Automata: A Discrete View of the World* (Ilachinski, 2001). O objetivo é analisar padrões espaciais na disseminação de doenças e demonstrar o valor dessa abordagem para fins educacionais e de pesquisa.

Métodos

A população foi modelada como uma grade bidimensional 50×50 , onde cada célula representa um indivíduo. Cada indivíduo pode estar em um de três estados:

- **0 – Suscetível (S)**: saudável, mas vulnerável à infecção.
- **1 – Infectado (I)**: portador da doença e capaz de transmiti-la.
- **2 – Recuperado (R)**: imune e não transmissor.

A vizinhança utilizada foi a de Von Neumann (4 vizinhos ortogonais). A propagação ocorre segundo as seguintes regras:

1. Um indivíduo suscetível se torna infectado com probabilidade β se ao menos um vizinho estiver infectado.
2. Um indivíduo infectado se torna recuperado com probabilidade γ .
3. Indivíduos recuperados permanecem nesse estado.

O código foi implementado em Python, usando NumPy para processamento de matrizes e Matplotlib para geração de gráficos. Foram geradas três visualizações principais:

- Evolução temporal dos estados S, I e R.
- Pico da infecção.
- Distribuição final dos estados.

Resultados

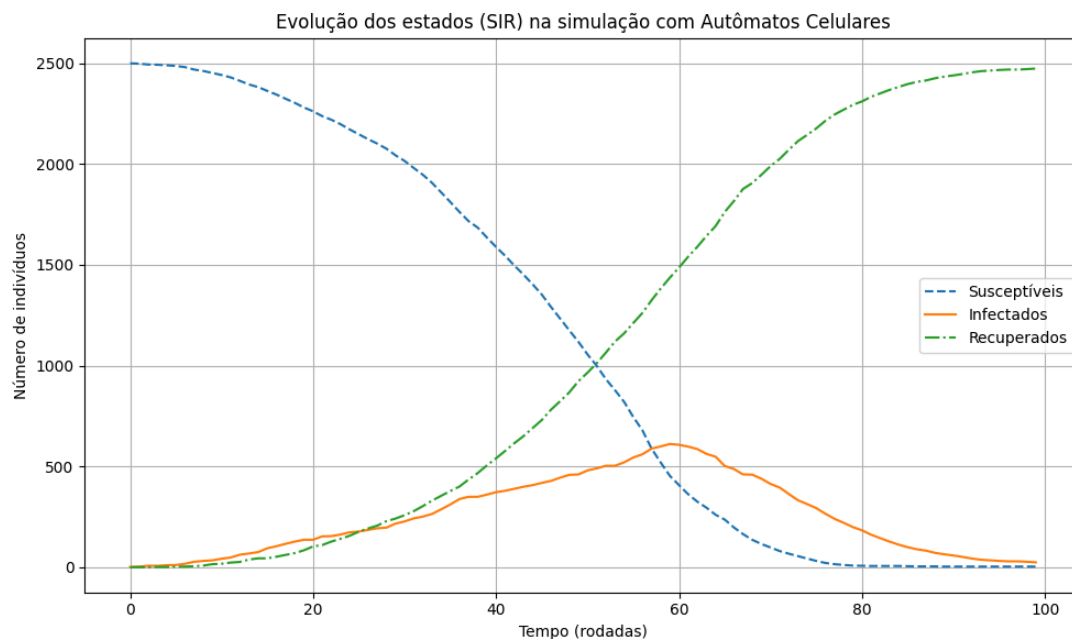


Figura 1 – Evolução temporal dos estados S, I e R na simulação.

A Figura 1 mostra a evolução da epidemia ao longo de 100 rodadas na simulação SIR com autômatos celulares. Inicialmente, a população é predominantemente suscetível (linha azul tracejada), enquanto o número de infectados (linha laranja) cresce de forma lenta nas primeiras rodadas. Entre as rodadas 50 e 60, observa-se o pico da infecção, com um número máximo de indivíduos infectados simultaneamente. Após esse ponto, a quantidade de recuperados (linha verde tracejada) cresce rapidamente, enquanto o número de suscetíveis declina até se estabilizar próximo de zero. Esse comportamento é consistente com a dinâmica típica do modelo SIR, mas aqui a propagação espacial e as interações locais modulam o crescimento e a dispersão da epidemia, tornando a transição mais gradual do que no modelo clássico de mistura homogênea.

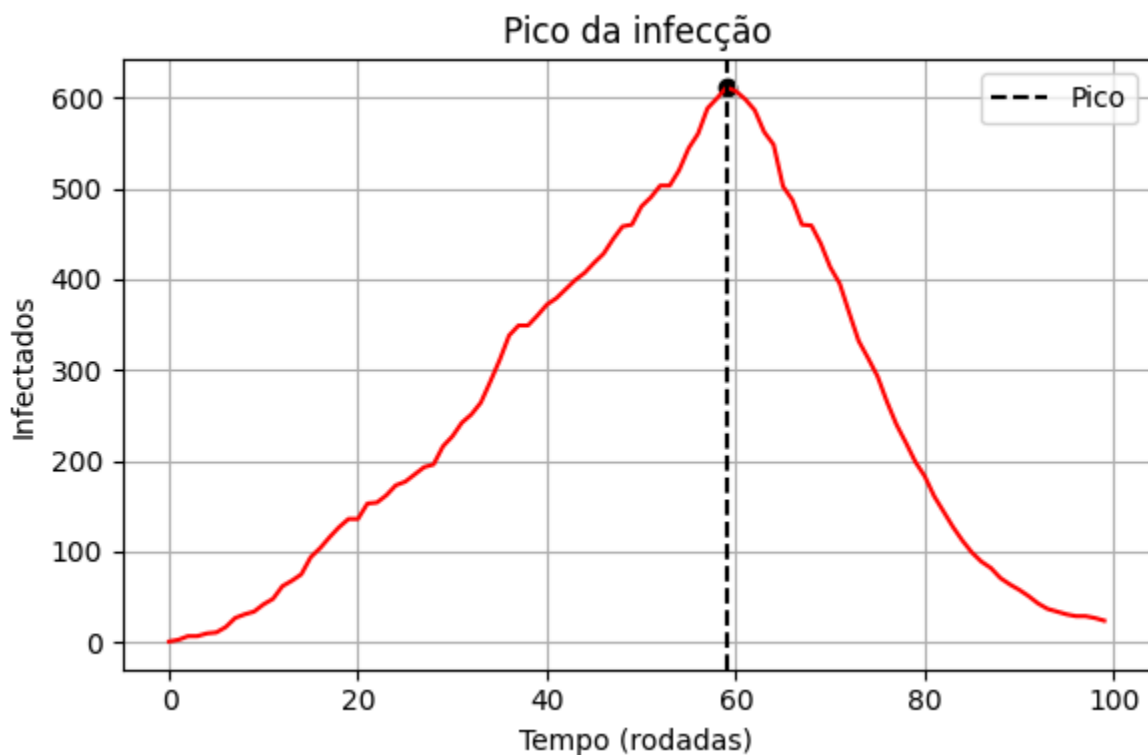


Figura 2 – Pico da infecção.

A Figura 2 ilustra o momento de maior prevalência da doença durante a simulação. O pico ocorreu por volta da rodada 59, quando o número de indivíduos

infectados atingiu aproximadamente 615. Esse ponto marca a transição entre a fase de crescimento e a fase de declínio da epidemia. A posição temporal do pico reflete o equilíbrio entre a taxa de infecção (β) e a taxa de recuperação (γ), bem como a influência das interações locais do autômato celular, que retardam a saturação da infecção em comparação a modelos sem espacialidade. Após o pico, a redução do número de suscetíveis e o aumento da imunidade coletiva levaram ao colapso da transmissão.



Figura 3 – Distribuição final dos estados após 100 rodadas.

A Figura 3 apresenta a composição final da população ao término da simulação. Observa-se que 98,9% dos indivíduos se encontram no estado recuperado, enquanto apenas 1,0% permanecem infectados e 0,1% continuam suscetíveis. Essa configuração indica que a epidemia praticamente se extinguiu, restando apenas casos residuais de infecção ativa. O predomínio do estado recuperado confirma que, sob os parâmetros adotados (β e γ), a imunidade coletiva foi alcançada e manteve-se estável, impedindo novos surtos significativos.

Discussão

A abordagem espacial do modelo SIR via autômatos celulares permite capturar padrões locais de disseminação que não aparecem em modelos de mistura homogênea. Isso é particularmente útil para:

- Entender a influência de clusters e regiões isoladas na dinâmica da epidemia.
- Avaliar intervenções localizadas, como quarentenas e vacinação direcionada.
- Criar modelos educacionais interativos que ilustram a importância da localização e contato próximo na propagação.

Os resultados obtidos mostram que o pico de infecção e o tempo até alcançá-lo dependem fortemente das taxas β e γ . Alterar esses parâmetros pode gerar epidemias rápidas e intensas ou surtos mais prolongados e contidos.

Conclusão

O código desenvolvido demonstra de forma clara como a integração entre modelos epidemiológicos e autômatos celulares pode oferecer um ambiente de simulação realista e flexível para o estudo da dinâmica de doenças infecciosas. Ao implementar o modelo SIR com espacialidade, a simulação permitiu observar fenômenos como o crescimento inicial da epidemia, o pico de infecção e a subsequente queda decorrente da imunidade coletiva, reproduzindo comportamentos esperados em cenários reais, mas de maneira visual e interativa.

Sua relevância se manifesta tanto no campo acadêmico, como ferramenta de ensino para disciplinas de epidemiologia e modelagem computacional, quanto no campo da pesquisa, onde pode ser utilizado para explorar hipóteses sobre parâmetros epidemiológicos, estrutura de contato e intervenções. A abordagem adotada pode ser expandida para incluir fatores adicionais como mobilidade da população, reinfeção, heterogeneidade etária, vacinação seletiva e diferentes topologias de rede, ampliando significativamente o potencial preditivo do modelo.

Referências

1. Keeling, M.J., Rohani, P. *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton University Press, 2008.
2. Ilachinski, A. *Cellular Automata: A Discrete View of the World*. World Scientific, 2001.
3. Kermack, W.O., McKendrick, A.G. "A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics". *Proceedings of the Royal Society A*, 115(772), 700–721, 1927.