

Modelagem de Epidemias em Ambientes Escassos e Dinâmicos: Uma Abordagem com Autômatos Celulares e Análise Fractal

Roberto Leite¹

¹UFRPE, DEINFO, Recife, Brasil

*roberto.opleite@ufrpe.br

ABSTRACT

Este trabalho apresenta um modelo para a dinâmica de epidemias, combinando o paradigma SEIR (Suscetível-Exposto-Infetado-Recuperado) com autômatos celulares e movimento de agentes. Diferentemente dos modelos tradicionais que assumem uma mistura populacional homogênea, nossa abordagem utiliza uma grade esparsa, onde a transmissão da doença depende da proximidade física e das interações locais entre os indivíduos em movimento. A propagação da infecção é analisada quantitativamente através da dimensão de box-counting, uma métrica de geometria fractal que descreve a complexidade espacial do padrão de infecção. Nossos resultados demonstram que em ambientes de baixa densidade populacional, a dinâmica da epidemia é significativamente alterada, com picos de infecção mais baixos e atrasados, refletindo o período de incubação da doença. A análise fractal revela que o espalhamento em populações esparsas tende a formar padrões mais fragmentados e complexos, com uma dimensão fractal inferior, o que oferece um novo insight sobre a eficácia de medidas de distanciamento social.

Introdução

A modelagem de doenças infecciosas é uma ferramenta fundamental para a compreensão da dinâmica de epidemias e para o desenvolvimento de estratégias de saúde pública. Modelos clássicos, como o SIR, representam a população em compartimentos e assumem uma mistura homogênea, o que simplifica a análise, mas ignora o papel crucial das interações espaciais e locais na transmissão^{1,2}. A relevância deste trabalho reside na superação dessas limitações ao integrar o modelo SEIR com autômatos celulares, criando uma ferramenta para simular a propagação de doenças em ambientes com heterogeneidade espacial¹. O modelo SEIR é um refinamento do SIR que adiciona um compartimento "Exposto" (E) para levar em conta o período latente da doença, que é o tempo em que um indivíduo está infectado, mas não é capaz de transmitir a doença¹.

A realidade de muitas epidemias, no entanto, é caracterizada pela transmissão que se propaga através de contatos próximos em ambientes heterogêneos. A estrutura de autômatos celulares (CA) oferece um paradigma poderoso para modelar essas dinâmicas locais, onde o estado de uma célula (indivíduo) evolui com base no estado de seus vizinhos imediatos³. Este tipo de modelagem é particularmente adequado para cenários em que o comportamento do agente, como o movimento, é um fator determinante na propagação da doença.

Neste trabalho, propomos um modelo que integra a dinâmica do modelo SEIR com uma estrutura de autômatos celulares de agentes móveis. Nosso objetivo é investigar como a densidade populacional e o movimento individual afetam a dinâmica de uma epidemia, com especial atenção ao estudo do espalhamento da doença em ambientes de baixa densidade, simulando o efeito do distanciamento social. Além disso, introduzimos uma análise quantitativa do padrão espacial da infecção usando a dimensão de similaridade, uma métrica da teoria dos fractais, para descrever a complexidade e a fragmentação do espalhamento da doença no tempo e no espaço.

Resultados

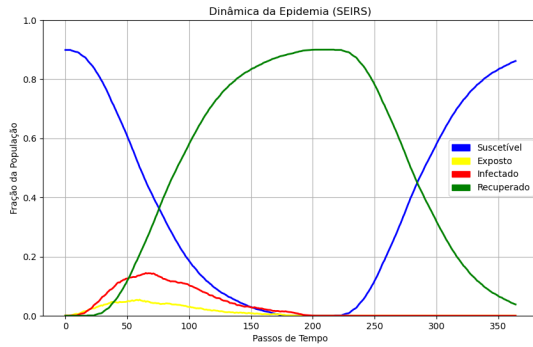
Nossas simulações exploram a dinâmica da epidemia em uma grade de autômatos celulares, variando a densidade populacional e a taxa de movimento dos indivíduos. Os resultados revelam padrões de propagação que divergem significativamente dos previstos por modelos que assumem uma mistura homogênea.

Impacto da Densidade Pop. e do Movimento

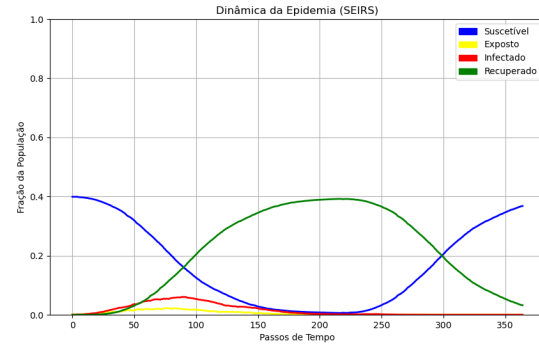
A densidade populacional demonstra ser um fator crítico na determinação da curva epidêmica. Em simulações com alta densidade (por exemplo, 90% da grade ocupada), a infecção se espalha rapidamente, resultando em um pico de casos alto e

precoce. Em contraste, em ambientes de baixa densidade (40-60% da grade ocupada), o pico de infecções é notavelmente mais baixo e ocorre mais tarde.

O movimento dos indivíduos também desempenha um papel crucial. Em grades esparsas e com baixa taxa de movimento, o espalhamento da doença é lento e pode até não atingir um estado de epidemia generalizada. No entanto, o aumento da taxa de movimento acelera o espalhamento, mesmo em ambientes esparsos, permitindo que os indivíduos infectados encontrem e contaminem novos hospedeiros de forma mais eficiente.

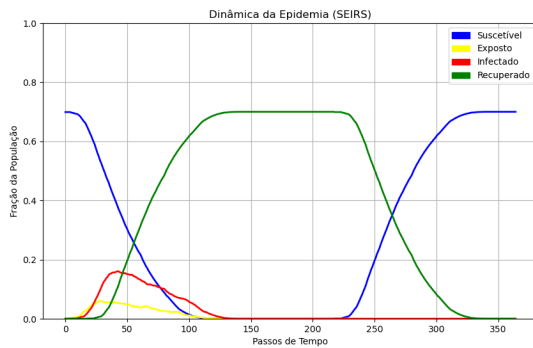


(a) Curvas SEIR para alta densidade populacional (90% da grade).

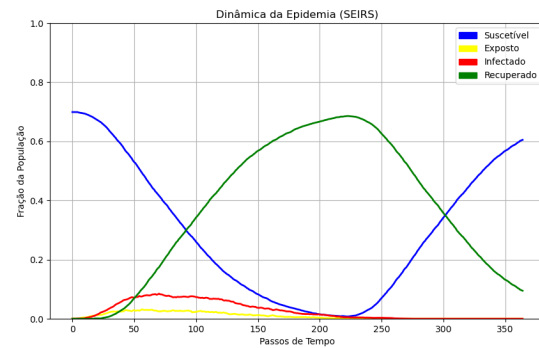


(b) Curvas SEIR para baixa densidade populacional (40% da grade).

Figure 1. Comparação das curvas SEIR para diferentes densidades populacionais.



(a) Curvas SEIR para alta taxa de movimento (80%).



(b) Curvas SEIR para baixa taxa de movimento (10%).

Figure 2. Comparação das curvas SEIR para diferentes taxas de movimento.

Dinâmica Espacial e Análise Fractal

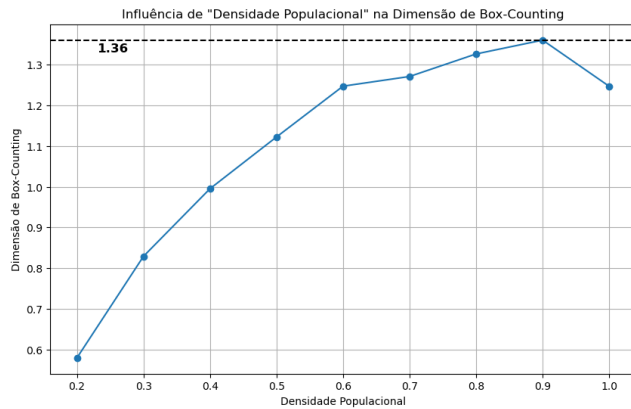
A visualização da simulação em grades esparsas revela que a doença se propaga de forma não uniforme, criando "ilhas" ou aglomerados de indivíduos infectados que se movem pelo ambiente³. Para quantificar essa complexidade espacial, aplicamos a análise da dimensão de box-counting ao conjunto de células infectadas.

Observamos que em simulações de alta densidade e sem movimento, o espalhamento da doença é compacto e preenche o espaço de forma quase completa, resultando em uma dimensão de box-counting próxima de 2. No entanto, em simulações com baixa densidade populacional e movimento de indivíduos, o padrão de infecção se torna visivelmente mais fragmentado e irregular. Nesses casos, a análise revelou uma dimensão de box-counting significativamente menor, indicando que o conjunto de células infectadas se distribui de forma complexa, mas não preenche o espaço de maneira uniforme. Esta métrica serve como uma evidência quantitativa do efeito da dispersão e do distanciamento no padrão de propagação de uma epidemia.

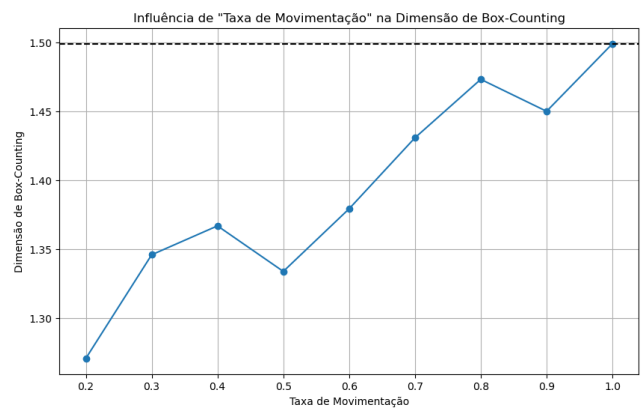
Análise da Influência de Hiperparâmetros

Nossa análise de sensibilidade investigou a relação entre os principais hiperparâmetros e a complexidade espacial da epidemia, medida pela dimensão de box-counting. A Figura 3 mostra que tanto a densidade populacional quanto a taxa de movimento

têm uma influência não linear na dimensão fractal do padrão de infecção. Em ambos os casos, a dimensão de box-counting atinge um pico (1.36 para a densidade e 1.50 para o movimento), o que sugere um ponto de transição em que o padrão de espalhamento se torna mais complexo antes de se estabilizar.



(a) Evolução do *Box-Counting* por densidade populacional, apresentando um pico de 1.36.



(b) Evolução do *Box-Counting* por taxa de movimentação, apresentando um pico de 1.50.

Figure 3. Comparação da influência de diferentes densidades populacionais e diferentes taxas de movimentação na dimensão de box-counting.

Discussão

O propósito do código é atuar como um laboratório virtual, permitindo a varredura de parâmetros para identificar como fatores como a densidade populacional e a mobilidade dos agentes influenciam a dinâmica de uma epidemia. O modelo serve para demonstrar que o movimento de agentes pode compensar a baixa densidade populacional, levando a um espalhamento eficaz da doença. Além disso, a análise da dimensão de box-counting, um método da teoria de fractais, quantifica a complexidade espacial da epidemia, fornecendo uma métrica robusta e inédita para comparar a eficácia de cenários de distanciamento social. O trabalho seminal de Schenzle² sobre modelos de idade estruturada para o sarampo, e a simulação de pandemias de influenza por Ferguson⁴, demonstram a importância da estruturação populacional para prever de forma precisa a dinâmica de doenças.

Métodos

Para garantir a reprodutibilidade dos experimentos, o código foi executado em um ambiente Python controlado por uma semente aleatória (`random_seed`) fixa. O modelo foi implementado em Python utilizando as bibliotecas *NumPy* e *Pandas* para a representação da grade e manipulação de dados, respectivamente.

Table 1. Parâmetros do experimento base

Parâmetro	Descrição	Valor
<code>grid_size</code>	Tamanho da grade ($N \times N$)	100
<code>initial_infected</code>	Nº de indivíduos infectados no início	10
<code>infection_rate</code>	Prob. de infecção por vizinho infectado	0.3
<code>recovery_time</code>	Duração da infecção (passos de tempo)	14
<code>exposed_time</code>	Duração do período latente (passos de tempo)	5
<code>immunity_loss_rate</code>	Prob. de perda de imunidade por passo	0.005
<code>num_steps</code>	Duração total da simulação	365
<code>population_density</code>	Densidade populacional	0.7
<code>movement_rate</code>	Prob. de movimento de um indivíduo	0.2
<code>random_seed</code>	Semente aleatória para reprodutibilidade	42

Estrutura do Modelo e Estados

A população é modelada como um autômato celular estocástico de agentes discretos. A grade bidimensional de $N \times N$ células é inicializada com uma densidade populacional controlada pelo parâmetro `population_density`. Cada célula pode assumir um de cinco estados, representando a dinâmica SEIR estendida para um ambiente com distanciamento físico. Os estados são:

- **Suscetível (S=0):** Indivíduo saudável, propenso à infecção.
- **Exposto (E=1):** Indivíduo infectado, mas ainda não infeccioso. Este estado representa o período latente da doença.
- **Infectado (I=2):** Indivíduo doente, capaz de transmitir o patógeno.
- **Recuperado (R=3):** Indivíduo que se recuperou e adquiriu imunidade temporária.
- **Vazio (V=4):** Célula sem indivíduo, representando espaço livre no ambiente.

Regras de Transição e Dinâmica

O modelo opera em passos de tempo discretos. A cada passo, as seguintes transições ocorrem com base nas interações locais (vizinhança de Moore) e em parâmetros probabilísticos:

- **Movimento do Agente:** Um indivíduo em qualquer estado pode se mover para uma célula adjacente 'Vazio' com uma probabilidade `movement_rate`. A direção é determinada de forma aleatória, simulando a mobilidade no ambiente.
- **Infecção:** Uma célula Suscetível pode ser infectada se um ou mais de seus vizinhos estiverem no estado Infectado. A probabilidade de infecção segue uma distribuição binomial, onde a probabilidade de contágio de um vizinho é dada por `infection_rate`. Após a infecção, a célula entra no estado Exposto.
- **Período Latente:** Um indivíduo no estado Exposto permanece nessa condição por um tempo `exposed_time`, simulando o período de incubação antes de se tornar infeccioso.
- **Infecciosidade e Recuperação:** Um indivíduo Infectado permanece infeccioso por um período `recovery_time`. Após este tempo, sua transição para o estado Recuperado é completa.
- **Perda de Imunidade:** A imunidade é temporária, seguindo o modelo SEIRS. Um indivíduo no estado Recuperado tem uma chance diária, definida por `immunity_loss_rate`, de perder a imunidade e retornar ao estado Suscetível.

Análise de Padrões e Parâmetros de Simulação

Para quantificar o padrão espacial da propagação, implementamos o método da dimensão de box-counting³. Em cada passo da simulação, as células no estado Infectado são identificadas e uma grade de tamanhos variáveis é sobreposta a elas. A dimensão fractal é calculada como o coeficiente angular do gráfico log-log do número de caixas que contêm uma célula infectada versus o inverso do tamanho da caixa.

A simulação completa e a geração de visualizações foram orquestradas por meio de um Jupyter Notebook interativo.

Conclusão

Este estudo demonstrou que a integração de um modelo SEIR com autômatos celulares móveis permite capturar efeitos espaciais e de mobilidade que os modelos clássicos de mistura homogênea não contemplam. A análise da dimensão de box-counting revelou que a fragmentação espacial da infecção é maior em populações esparsas e com baixa mobilidade, resultando em menor dimensão fractal e, potencialmente, em menor alcance da epidemia. Tais achados reforçam o papel do distanciamento físico como estratégia eficaz de mitigação. Como próximos passos, sugerimos explorar cenários com mobilidade heterogênea, redes de contato dinâmicas e calibração do modelo com dados empíricos de surtos reais.

References

1. Keeling, M. J. & Rohani, P. *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals* (Princeton University Press, Princeton, New Jersey, 2008).
2. Schenzle, D. An age-structured model of pre- and post-vaccination measles transmission. *IMA J. Math. Appl. Medicine Biol.* **1**, 169–191 (1984).
3. Schiff, J. L. *Cellular Automata: A Discrete View of the World* (John Wiley & Sons, Hoboken, New Jersey, 2008).
4. Ferguson, N. M. *et al.* Strategies for containing an emerging influenza pandemic in southeast asia. *Nature* **437**, 209–214 (2005).

Agradecimentos

O autor gostaria de expressar sua profunda gratidão ao Professor Jones Albuquerque pelas valiosas aulas e debates que serviram de base para a concepção deste trabalho. Sua orientação foi fundamental para a produção deste Scientific Report.

Declaração de Contribuição dos Autores

R.L. concebeu e projetou o modelo e os experimentos de simulação. R.L. implementou o código, conduziu as simulações e analisou os resultados. R.L. redigiu e revisou o manuscrito. O autor aprova a versão final do manuscrito."

Informações adicionais

Disponibilidade de dados e código

O código-fonte completo e os dados gerados pela simulação estão disponíveis publicamente no repositório GitHub: <https://github.com/rbrtotavio/EpidemCellAuto>.

Interesses conflitantes

O autor declara não haver conflitos de interesse.