LVI SBPO SIMPÓSIO BRASILEIRO DE PESQUISA OPERACIONAL
DE 04 ATÉ 07 NOVEMBRO 2024
FORTALEZA | CEARÁ

MODELAGEM E SIMULAÇÃO DE DISSEMINAÇÃO DE DOENÇAS BASEADO EM AUTÔMATOS CELULARES

Anderson Carlos da Silva Morais
UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO SEMI-ÁRIDO
R. Francisco Mota, 572 - Pres. Costa e Silva, Mossoró - RN, 59625-900
anderson.morais92395@alunos.ufersa.edu.br

Matheus da Silva Menezes
UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO NORTE
Campus Universitário Lagoa Nova, Natal - RN, 59078-900
matheus.menezes@ufrn.br

RESUMO

Este artigo apresenta um modelo de disseminação de doenças em um sistema fechado, fundamentado nas características dos sistemas multiagentes, do modelo SIR (Susceptible-Infectious-Recovered) e da teoria dos autômatos celulares. O objetivo deste estudo é investigar aspectos específicos da disseminação de doenças, como a disposição espacial, a resposta individual à infecção e a probabilidade de contágio, que são frequentemente tratados de maneira superficial em outros modelos epidemiológicos. Ao integrar essas abordagens, o modelo proposto fornece uma ferramenta robusta para o auxílio de tomada de decisões em políticas de saúde pública e estratégias de controle de doenças. É realizada a implementação computacional com simulações que permitem explorar cenários diversos, enfatizando a influência da distribuição espacial na propagação da doença fictícia. Esse enfoque possibilita a análise de diferentes estratégias de intervenção e controle, auxiliando na tomada de decisões mais eficazes para mitigar a disseminação de doenças em populações ou em outros contextos.

PALAVRAS CHAVE. Sistema multiagentes, Modelo SIR, Autômatos celulares.

ABSTRACT

This article presents a disease dissemination model in a closed system, grounded in the characteristics of multi-agent systems, the SIR (Susceptible-Infectious-Recovered) model, and cellular automata theory. The study aims to investigate specific aspects of disease spread, such as spatial arrangement, individual response to infection, and contagion probability, which are often superficially addressed in other epidemiological models. By integrating these approaches, the proposed model provides a robust tool for aiding decision-making in public health policies and disease control strategies. A computational implementation with simulations allows for the exploration of various scenarios, emphasizing the impact of spatial distribution on the spread of a fictional disease. This focus enables the analysis of different intervention and control strategies, assisting in more effective decision-making to mitigate disease dissemination in populations or other contexts.

KEYWORDS. Multi-agent system, SIR model, Cellular automata.

DOI: 10.59254/sbpo-2024-193866
https://proceedings.science/p/193866?lang=pt-br

1. Introdução

O estudo da disseminação de doenças é um tema de grande interesse na comunidade acadêmica e de saúde, pois permite compreender a dinâmica de disseminação e analisar fatores relevantes nesse processo, permitindo a criação de medidas de combate eficazes. A área de disseminação de doenças ganhou destaque durante e após a pandemia do vírus SARS-CoV-2, causador da Covid-19 [Silva et al., 2023]. Outra área relacionada a essa temática é a área de simulação, que faz uso de modelagens matemáticas e recursos computacionais para estudar diferentes cenários, identificando comportamentos e características que auxiliam na prevenção e combate às doenças, [Biencourt, 2010; Jalali, 2020]. Um dos modelos mais conhecidos é o modelo matemático Suscetíveis-Infectados-Recuperados (SIR), que utiliza equações diferenciais para representar a disseminação de uma doença [Kermack e McKendrick, 1927]. No entanto, esse tipo de modelo demanda maior rigor matemático, além de não conseguir representar certas características de uma doença, como a disposição espacial dos indivíduos no sistema.

Partindo desta premissa, se vê necessário buscar novas formas de modelagem e simulação que consigam ter uma abordagem fidedigna a disseminação de doenças. Uma alternativa pode ser encontrada nos sistemas multiagentes (SMA) [Biencourt, 2010; Silva et al., 2023], que são usados para modelagem de disseminação de doenças abordando características da doença como parâmetros da simulação, utilizando do comportamento entre os agentes e da implementação do sistema, não necessitando de equações diferenciais. Para incorporar os SMA no modelo, é necessário definir a natureza e o comportamento dos agentes, sendo usado os conceitos dos autômatos celulares (ACs), em que cada agente é representado como uma célula em um sistema fechado, e cada uma dessas células possui um estado e uma vizinhança própria, características centrais na definição das regras do sistema [Melotti, 2009].

O modelo adota parâmetros de uma doença fictícia, nos quais a definição dos parâmetros e a lógica de uso são estabelecidas com base em diferentes abordagens: autômatos celulares são empregados para a configuração do sistema, o modelo SIR é utilizado para definir as características do agente e seu comportamento de disseminação, enquanto os sistemas multiagentes são integrados para proporcionar maior flexibilidade na modelagem.

2. Fundamentação Teórica

Serão apresentados três conceitos fundamentais para o entendimento do trabalho. O modelo SIR, abordando sua modelagem e uso no estudo de disseminação de doenças. A teoria dos autômatos celulares e sua aplicação no jogo da vida de Conway [Pascoal, 2005], e, por fim, o sistema multiagentes que utiliza os conceitos anteriores para apresentar uma nova proposta de modelagem.

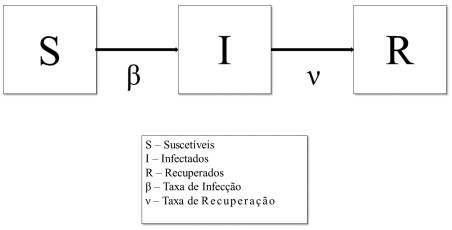
2.1. Modelo SIR

O conhecimento das enfermidades permite o desenvolvimento de técnicas capazes de combatê-las, desde medidas de prevenção a tratamentos eficazes. Dentro da área da epidemiologia, o estudo da disseminação de doenças utiliza modelos matemáticos para representar disseminações de doenças há décadas, como o modelo matemático SIR, proposto em [Kermack e McKendrick, 1927].

O modelo SIR é usado para estudar a dinâmica de disseminação de doenças em uma população através de equações diferenciais ordinárias em função do tempo. No modelo clássico, a população total permanece constante, não havendo nascimentos ou mortes, os indivíduos da população transitam de classe ao longo do tempo (t), sempre pertencendo a uma das três classes: Suscetíveis $S(t)$, Infectados $I(t)$ e Recuperadores $R(t)$. Os indivíduos suscetíveis podem transicionar para infectados com base na taxa de infecção (β), assim como os indivíduos infectados podem se tornar recuperados de acordo com a taxa de recuperação (ν), apresentado na Figura 1.

DOI: 10.59254/sbpo-2024-193866
https://proceedings.science/p/193866?lang=pt-br

Figura 1: Diagrama do modelo SIR



Fonte: Adaptado de Biencourt [2010].

Já sua representação por equações diferenciais, têm-se:

1. A população é constante, portanto, a soma dos indivíduos das três classes permanece como o número total da população (N), visto na Equação 1. Assim, a soma das variações entre as classes é constante, apresentado na Equação 2;

$$S(t) + R(t) + I(t) = N \tag{1}$$

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0 \tag{2}$$

2. A classe de Suscetíveis representa os indivíduos não infectados que podem contrair a doença ao entrar em contato com indivíduos infectados. Sua variação se dá pela Equação 3, sendo sempre uma variação negativa, uma vez que os indivíduos da classe estão sempre diminuindo. Por não apresentar sentido lógico valores negativos para os indíviduos, apresenta $S(0) = S_0 \geq 0$;

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \tag{3}$$

3. A classe de Infectados representa indivíduos doentes que podem transmitir a doença para indivíduos suscetíveis, sendo a diferença dos indivíduos da classe de suscetíveis pela classe de recuperados, apresentado na Equação 4. Para que o comportamento de disseminação ocorra, é necessário que o modelo apresente no mínimo um infectado inicial, $I(0) = I_0 \geq 1$;

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \nu I \tag{4}$$

4. A classe de Recuperados são indivíduos que estiveram infectados e não podem transmitir mais a doença, considerados como indivíduos imunes, a classe é representada pela Equação 5. A variação é sempre positiva, representando o aumento de indivíduos recuperados até que toda a população (N) seja formada de indivíduos recuperados;

$$\frac{dR}{dt} = \nu I \tag{5}$$

O modelo também considera uma população homogênea e uniformemente distribuída pelo espaço, com taxas de infecção e recuperação independentes da localização dos indivíduos. Apesar da aparente simplicidade do modelo SIR, ele é capaz de representar dinâmicas de disseminação de doenças em pequenas comunidades, como em animais, bactérias e epidemias em comunidades humanas [Kermack e McKendrick, 1927].

DOI: 10.59254/sbpo-2024-193866
https://proceedings.science/p/193866?lang=pt-br

2.2. Autômatos Celulares

A teoria dos autômatos celulares surgiu no final da década de 40, pelos matemáticos John Von Neumann e Stanislaw Ulam, que buscavam desenvolver um modelo capaz de mesclar biologia com o conceito de autômato. Conceito que, para Neumann, era entendida como uma máquina automática cujo comportamento poderia ser modelado matematicamente, o que levou ao surgimento dos Autômatos Celulares [Pascoal, 2005].

2.2.1. Composição do Autômato Celular

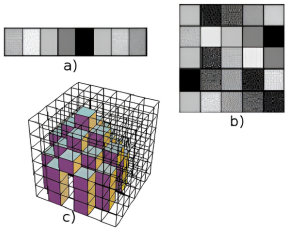
Os autômatos celulares são sistemas complexos, dinâmicos e discretos, que interagem entre si ao longo do tempo. Sua complexidade está relacionada a quantidade de agentes interagindo entre si, que independem dos demais, não sendo possível retornar a um estado anterior do sistema. Se tratam de interações não lineares que dificultam análise matemática, além de sua dinamicidade ocorrer pelas mudanças do sistema ao longo do tempo [Melotti, 2009].

A característica discreta dos ACs, segundo [Melotti, 2009], é dada por dois fatores relacionados à dimensão discreta da quantidade de agentes e também da passagem de tempo marcada por períodos definidos (horas, dias, épocas). Além dos aspectos mencionados, a composição do sistema dos autômatos celulares apresenta características essenciais para sua modelagem, como:

1. Estado da célula: valor ou condição que uma célula assume, baseado no problema abordado (vivas, mortas, infectadas). O estado pode ser modificado por meios de regras de transição;

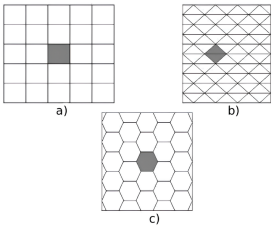
2. Estrutura: sistema espacial e organizacional em que as células são submetidas, tais como: unidimensional, bidimensional (malha ou grid) e tridimensional, conforme ilustrado na Figura 2. As células podem apresentar geometria: quadradas, hexagonais e triangulares, apresentado na Figura 3;

Figura 2: Estruturas: a) unidimensional, b) bidimensional e c) tridimensional



Fonte: [Melotti, 2009 apud Leite et al., 2024].

Figura 3: Células de geometria: a) quadrada, b) triangular e c) hexagonal



Fonte: [Melotti, 2009 apud Leite et al., 2024].

3. Vizinhança: característica que define como a célula interage com as demais, sendo característica essencial na implementação das condições de fronteira e nas regras de transição do sistema. Existem três tipos principais de vizinhanças, a de Von Neumann, Moore e Moore estendida, além do conceito de raio de vizinhança, usado para classificar novas vizinhanças com base na distância da célula central até a célula mais distante [Melotti, 2009]. Essas vizinhanças são descritas a seguir e ilustradas na Figura 4, onde a célula central está destacada em azul e sua vizinhança em verde.

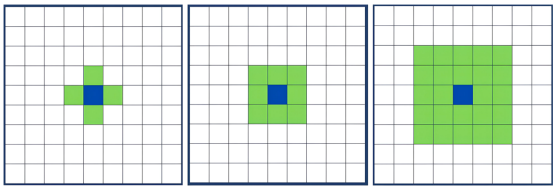
   (a) Vizinhança de Von Neumann: vizinhança que considera as quatro células vizinhas mais próximas da célula centrada, sendo as células superior, inferior, a esquerda e a direita;

DOI: 10.59254/sbpo-2024-193866
https://proceedings.science/p/193866?lang=pt-br

(b) Vizinhança de Moore: considera um perímetro de células vizinhas a partir da célula centrada, sendo oito células vizinhas, englobando as diagonais, e podendo ser referido como vizinhança de raio um;

(c) Vizinhança de Moore Estendida: estende a vizinhança de Moore para um raio de duas células vizinhas, podendo ser entendida como vizinhança de raio dois, totalizando 24 células vizinhas.

Figura 4: Vizinhança de: Neumann, Moore e Moore estendida, respectivamente



Fonte: autoria própria.

4. Regras de transição: condições para que ocorra a mudança de estados das células, utilizam das demais características que compõem o sistema para definir o próximo estado da célula, possuindo milhares de variações;

5. Condição de fronteira: são condições que definem o comportamento das células no limite da estrutura (extremos da estrutura), como:

   (a) Fixo: quando a célula centrada está em contato com a fronteira do sistema, a vizinhança que se encontra na fronteira ou fora dela é definida como um estado fixo durante toda a simulação, este é o limite mais usado conforme constatou-se na revisão de literatura, considerando o estado das células da fronteira como valores nulos;

   (b) Periódico: para a célula centrada em contato com a fronteira, a vizinhança que se encontra na fronteira ou fora dela é estendida para o outro extremo, de maneira que todas as células do sistema estão conectadas;

   (c) Reflexivo: também quando a célula centrada se encontra em contato com a fronteira do sistema, a vizinhança que se encontra na fronteira ou fora dela é o reflexo do estado da célula.

2.2.2. O Jogo da Vida

Uma das aplicações de destaque dos ACs, é o jogo da vida (*Game of Life*) desenvolvido por John Horton Conway [Gardner, 1970]. O jogo da vida consiste em uma estrutura bidimensional composta por células quadradas que podem estar em um de dois estados não simultâneos: vivas ou mortas. Utilizando a vizinhança de Moore, com condição de fronteira de limite fixo, enquanto a evolução do sistema ocorre ao longo das gerações. O destaque do jogo da vida está no uso de regras de transição simples que geram padrões e estruturas diversas, sendo as regras:

- Uma célula viva com um vizinho ou menos, morre de solidão;
- Uma célula viva com mais de três vizinhos vivos, morre por superpopulação;
- Uma célula viva com 2 ou 3 vizinhos vivos, sobrevive para a próxima geração;
- Uma célula morta com exatamente 3 vizinhos vivos, nasce;

DOI: 10.59254/sbpo-2024-193866
https://proceedings.science/p/193866?lang=pt-br

A partir das regras do jogo da vida é possível identificar padrões nas estruturas que surgiam durante o jogo. A descoberta e classificação dessas estruturas impulsionou estudos na área dos autômatos celulares acarretando no desenvolvimento de trabalhos nas áreas de matemática, física, química, biologia, medicina, computação, entre outras, que passaram a usar a teorias dos ACs para modelagem de problemas [Melotti, 2009].

2.2.3. Aplicações

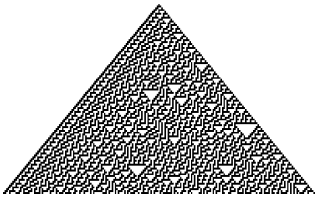
Com o uso dos ACs, padrões vistos na natureza foram identificados e reproduzidos através de simulações, como os que estão documentados em [Adamatzky, 1994]. O estudo dos ACs se expandiu, uma vez que modificações no sistema ou nas regras de transição geram novos padrões, como no caso do padrão na concha do molusco gastrópode, o pano de cone de ouro (*Conus textile*), que apresenta um padrão similar ao dos ACs quando usado uma regra de transição diferente (regra 30), ambos apresentados nas Figuras 5 e 6. O uso dos ACs também foi explorado para modelagem de reações químicas, propagações de incêndio em florestas e no campo da epidemiologia, sendo usados em modelagens para estudar a disseminação de doenças [Melotti, 2009].

Um trabalho de destaque foi o desenvolvimento da máquina de Turing dentro do universo de ACs por Paul Rendell [Rendell, 2016]. A máquina de Turing se trata de um modelo matemático computacional capaz de representar estruturas lógicas da computação (memória, estados e processamento) sem os aspectos físicos. Sua implementação dentro de um modelo baseado em regras simples popularizou ainda mais o uso dos ACs para modelagens matemáticas.

Figura 5: Caracol de cone têxtil

Fonte: adaptado de [Melotti, 2009].

Figura 6: AC de larga escala baseado na regra 30



Fonte: autoria própria.

2.3. Sistema Multiagentes

Os sistemas multiagentes (SMA) são uma abordagem de modelagem baseada na relação entre agentes e nas características do sistema. Diferente de outros modelos, os SMA não necessitam de equações diferenciais, além de conseguirem abordar mais características do problema sem aumento de dificuldade. Os SMA são amplamente utilizados na modelagem e simulação de disseminação de doenças, permitindo representar as características: período de incubação, tempo de duração e letalidade da doença [Biencourt, 2010].

O modelo baseado em SMA é um modelo inspirado no modelo SIR, que permite representar situações mais próximas da realidade. Os SMA podem representar aspectos espaciais no modelo, além de serem mais maleáveis, permitindo modificar o cenário durante a simulação, com a adição ou remoção de indivíduos, como também adicionando características que foram descobertas durante a simulação [Silva et al., 2023; Biencourt, 2010].

Os agentes presentes nos SMA são do tipo reativo simples, que executam ações com base nas informações do ambiente no atual momento [Biencourt, 2010]. Quanto ao sistema, são formados a partir da interação das variáveis, regras e conceitos definidos de acordo com a necessidade de representar o problema no modelo [Wooldridge, 2009]. Um dos trabalhos apresentados em [Biencourt, 2010], é utilizado um SMA para simular a disseminação do vírus H1N1, em uma comunidade

DOI: 10.59254/sbpo-2024-193866
https://proceedings.science/p/193866?lang=pt-br

no Egito. A adoção do uso dos SMA ocorreu devido ao modelo ter capacidade de representar fatores espaciais e temporais, como a dinâmica de interação entre indivíduos e os aspectos biológicos da transmissão do vírus.

3. Metodologia

O trabalho apresenta o desenvolvimento de um algoritmo computacional que permita estudar a influência da característica espacial na disseminação de uma doença. É desenvolvido um Sistema Multiagentes que utiliza da estrutura do sistema dos ACs, o modelo SIR e do SMA para representar características específicas do problema.

O modelo usa as classes suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R) como estados que as células podem assumir, e faz uso de características da disseminação de uma doença, como: resposta imune (κ), tempo de recuperação de um indivíduo infectado (τ), exposição acumulada (ν), probabilidade de infecção (P), taxa de infecção (γ), vizinhos infectados (χ) e tempo de exposição (ω). A descrição e forma de obtenção de algumas variáveis são apresentadas a seguir, assim como o uso das classes, variáveis e a lógica do algoritmo que é ilustrada na Figura 7.

- Resposta imune (κ): variável numérica com valor aleatório entre 0 e 1. Cada indivíduo possui um valor único, representando o comportamento heterogêneo de cada sistema imune a uma doença, sendo gerado apenas uma vez no início do algoritmo;
- Taxa de infecção (γ): se trata de um parâmetro definido no início do algoritmo com valor entre 0 e 1, usado para calcular a probabilidade de infecção, adotando para o modelo o valor de 0,10 para todos os cenários simulados;
- Vizinhos infectados (χ): variável numérica inteira que representa a quantidade de agentes vizinhos infectados com base na vizinhança, sendo vizinhança de Moore;
- Tempo de Exposição (ω): variável numérica que representa o valor a ser incremententado a exposição acumulada, sendo definido para o modelo o valor de 0,05;
- Tempo de recuperação (τ): variável numérica inteira que representa a quantidade de gerações que um agente passará na classe infectado antes de se tornar um agente recuperado, é uma variável única para cada agente que decrementa seu valor em n a cada geração, como demonstrado na Equação 6, em que o tempo de recuperação atual é o tempo de recuperação anterior menos um;

$$\tau_k = \tau_{k-1} - 1 \tag{6}$$

- Exposição acumulada (ν): variável numérica acumulativa que assume valores no intervalo de [0; 0,30], representa uma maior chance de infecção para indivíduos que passam mais tempo expostos a um agente infectado, sendo um valor único para cada agente. A exposição acumulada é atualizada somando o valor de tempo de exposição a cada geração até um limite definido, para o modelo o valor limite é definido como 0,30 como apresentado na Equação 7;

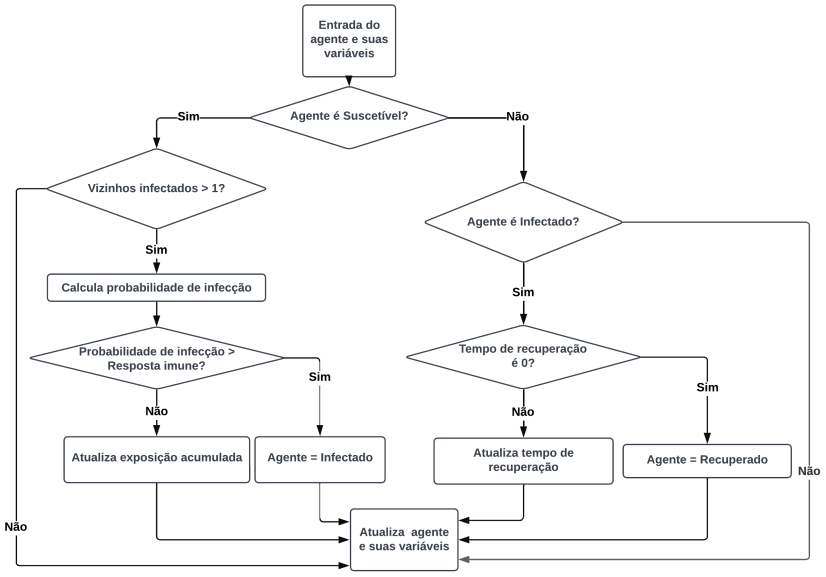
$$\nu = \begin{cases} \nu + \omega & \nu < 0,30 \\ 0,30 & \nu >= 0,30 \end{cases} \tag{7}$$

- Probabilidade de infecção (P): valor numérico dentro do intervalo de [0; 1] calculado para cada agente, representa a chance de um agente ser infectado naquele determinado momento, é obtido pelo produto da quantidade de vizinhos infectados pela taxa de infecção, mais a exposição acumulada, sendo visualizado na Equação 8.

$$P = \gamma \cdot \chi + \nu \tag{8}$$

DOI: 10.59254/sbpo-2024-193866
https://proceedings.science/p/193866?lang=pt-br

Figura 7: Diagrama de transição de fase



Fonte: autoria própria.

Para a realização do estudo proposto, foram desenvolvidos nove cenários de simulação, conduzindo 10 testes para cada cenário, sendo o grid de estrutura bidimensional de dimensão (90x120), totalizando 10.800 células. Para a análise comparativa dos cenários, adotou-se o conceito de estabilidade do sistema, definido como a geração em que não há mais agentes infectados no sistema, resultando na ausência de novas infecções. Os cenários são apresentados na Figura 8, acompanhados por uma breve descrição dos cenários quanto sua distribuição espacial no sistema e a quantidade de agentes infectados iniciais I_0 pela Tabela 1.

Tabela 1: Descrição dos cenários de simulação

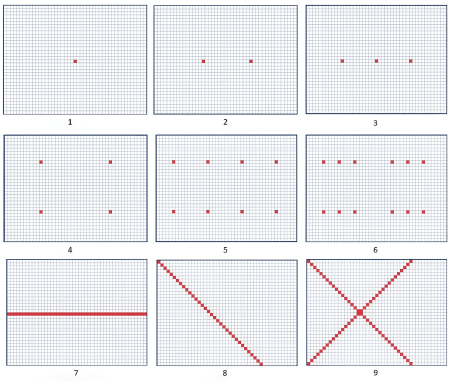
Cenário	I_0	Descrição
1	1	um agente infectado no centro do grid.
2	2	dois agentes infectados equidistantes entre si no centro do grid.
3	3	três agentes infectados equidistantes entre si no centro do grid.
4	4	quatro agentes infectados no centro de cada quadrante do grid.
5	8	dois agentes infectados equidistantes no centro de cada quadrante do grid.
6	12	três agentes infectados equidistantes no centro de cada quadrante do grid.
7	120	uma linha horizontal de agentes infectados no centro do grid.
8	90	aproximação de uma diagonal principal formada por agentes infectados.
9	180	aproximação de uma diagonal principal e secundária composta por agentes infectados.

Fonte: autoria própria.

Com base nas características introduzidas, o modelo foi desenvolvido usando dos parâmetros e regras da Tabela 2, utilizando a linguagem de programação Python na versão 3.10, contando com as bibliotecas: *pygame, numpy, matplotlib, csv, time, os e threading*. Dado o comportamento probabilístico do modelo proposto, foram realizados 10 rodadas para cenários de simulação, sendo realizados em uma máquina com configuração: sistema operacional windows 10 pro, processador AMD Ryzen 5 5600, 16gb de memória RAM ddr4 2400mhz, 1tb de SSD tipo SATA3 e com placa de vídeo AMD rx5600xt com 6gb de VRAM.

DOI: 10.59254/sbpo-2024-193866
https://proceedings.science/p/193866?lang=pt-br

Figura 8: Disposição espacial dos cenários de simulação de 1 ao 9



Fonte: autoria própria.

Tabela 2: Parâmetros do modelo

Parâmetro	Valor padrão
Geometria	Quadrada
Estado das células	Suscetível, Infectado, Recuperado
Tipo de vizinhança	Moore
Condição de fronteira	Limite fixo
Taxa de exposição	0,05
Taxa de infecção	0,10
Tempo de recuperação padrão	5
Resposta imune	Valor aleatório entre 0 e 1

Fonte: autoria própria.

4. Resultados e Discussões

A partir dos dados das simulações, é realizado a análise das gerações e da quantidade de agentes suscetíveis e recuperados para cada cenário, quando a estabilidade do sistema é alcançada. Os resultados das análises das gerações, agentes suscetíveis e recuperados estão apresentados nas Tabelas 3, 4 e 5, respectivamente, e nos gráficos apresentados nas Figuras 9, 10 e 11. As tabelas apresentam a identificação do cenário estudado, a quantidade inicial de infectados (I_0), bem como métricas de média, desvio padrão, mínimo, máximo e coeficiente de variação (CV) correspondentes a cada característica analisada. Já os gráficos, apresentam os valores de mínimo, máximo e a média normalizados para cada características analisadas.

Na análise dos cenários, considera-se como um cenário positivo aquele em que a disseminação da doença ocorre de maneira eficaz e eficiente em comparação com os demais, possuindo uma baixa quantidade de gerações para atingir a estabilidade, juntamente com uma baixa quantidade inicial de agentes infectados e um coeficiente de variação baixo. Também são características positivas uma alta quantidade de agentes recuperados, que demostra uma maior quantidade de indivíduos que foram infectados, e uma baixa quantidade de agentes suscetíveis ao término da simulação.

Analisando a quantidade de gerações para cada cenário na estabilidade, conforme apresentado na Tabela 3 e gráfico da Figura 9, os cenários 1, 6, 7 e 9 destacam-se por exibirem algumas das características desejadas para um cenário positivo. Entretanto, os cenários 1 e 7 são descartados devido às médias, desvio padrão, mínimo e máximo serem mais elevados em comparação com os cenários 6 e 9. O cenário 6 se destaca, especialmente, por apresentar uma baixa quantidade de infectados iniciais em relação ao cenário 9, sendo o melhor cenário para a disseminação de doenças

DOI: 10.59254/sbpo-2024-193866
https://proceedings.science/p/193866?lang=pt-br

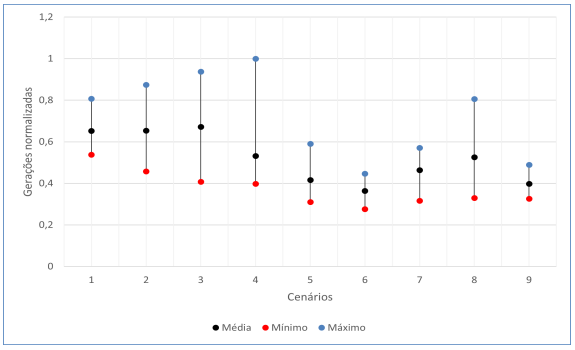
em relação a análise de gerações.

Tabela 3: Métricas do total de gerações quando atingi a estabilidade

Cenários	I_0	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	CV (%)
1	1	335,8	42,5619	277	416	12,6748
2	2	336,8	75,7302	236	450	22,4852
3	3	345,8	112,7848	210	483	32,6156
4	4	274,1	87,6121	205	515	31,9635
5	8	214,2	42,9128	160	304	20,0340
6	12	187,4	33,2673	142	230	17,7520
7	120	238,7	42,8176	163	294	17,9378
8	90	270,9	80,3913	170	415	29,6756
9	180	205,2	29,9288	168	252	14,5852

Fonte: autoria própria.

Figura 9: Gráfico de gerações normalizadas por cenário de teste



Fonte: autoria própria.

Considerando a quantidade agentes suscetíveis ao final da simulação, conforme representado na Tabela 4 e gráfico da Figura 10, os cenários 6, 7 e 9 se destacam por exibirem um baixo coeficiente de variação. Contudo, como se busca uma menor quantidade de agentes suscetíveis ao final da simulação e com baixa quantidade de agentes infectados iniciais, o cenário 6 se destaca novamente, apresentando métricas consistentes e muito próximas aos cenários 7 e 9, mesmo possuindo uma quantidade de infectados iniciais 10 e 15 vezes menor, respectivamente.

Na análise da quantidade de agentes recuperados, conforme visualizado na Tabela 5 e gráfico da Figura 11, nota-se que, devido às características do modelo SIR, a soma das médias dos agentes suscetíveis e recuperados resulta na população total do sistema, como apresentado na Equação (1). Embora o cenário 9 apresente métricas favoráveis, o cenário 6 distingue-se mais uma vez devido à sua baixa quantidade de infectados iniciais.

Pela análise dos resultados, o sexto cenário sobressai-se dos demais como o mais adequado para a disseminação de doenças, devido às suas boas métricas e, principalmente, à sua quantidade modesta de infectados iniciais. As métricas obtidas do cenário 6 destacam a importância da disposição espacial dos agentes infectados no sistema para a disseminação da doença, evidenciando-a como um fator crucial na modelagem do problema e uma medida primária de combate à doença. Os resultados demonstram que, mesmo em uma versão simplificada, o modelo é capaz de representar características relevantes para modelagens de problemas da área, oferecendo uma abordagem adequada para estudos de disseminação de doenças.

DOI: 10.59254/sbpo-2024-193866
https://proceedings.science/p/193866?lang=pt-br

Tabela 4: Métricas do total de suscetíveis quando atinge a estabilidade

Cenários	I_0	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	CV (%)
1	1	6234,6	1146,4636	5055	8562	18,3887
2	2	5934,2	634,1927	5078	6699	10,6871
3	3	6040,6	799,3727	4960	7402	13,2333
4	4	6509,4	1056,9719	5081	9118	16,2376
5	8	5767,2	680,0609	4926	7451	11,7919
6	12	5569,3	340,8796	4917	6088	6,1207
7	120	5672,0	329,5910	5160	6420	5,8108
8	90	5979,8	1004,5159	4922	7628	16,7985
9	180	5062,4	324,1286	4709	5695	6,4027

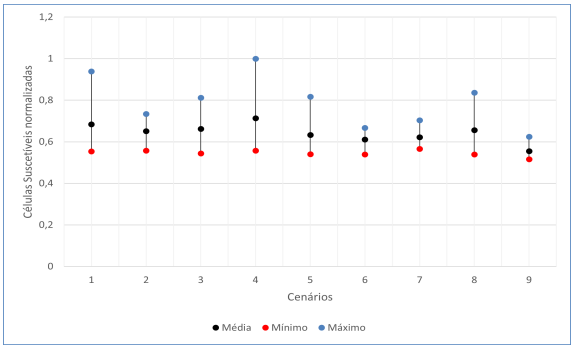
Fonte: autoria própria.

Tabela 5: Métricas do total de recuperados quando atinge a estabilidade

Cenários	I_0	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	CV (%)
1	1	4565,4	1146,4636	2238	5745	25,1120
2	2	4865,8	634,1927	4101	5722	13,0337
3	3	4759,4	799,3727	3398	5840	16,7957
4	4	4290,6	1056,9719	1682	5719	24,6346
5	8	5032,8	680,0609	3349	5874	13,5126
6	12	5230,7	340,8796	4712	5883	6,5169
7	120	5128,0	329,5910	4380	5640	6,4273
8	90	4820,2	1004,5159	3172	5878	20,8397
9	180	5737,6	324,1286	5105	6091	5,6492

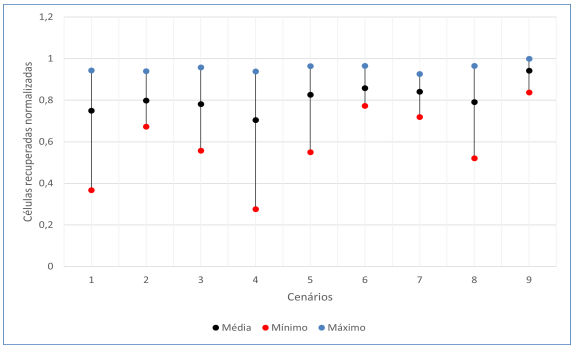
Fonte: autoria própria.

Figura 10: Gráfico de total de células suscetíveis normalizadas por cenário de teste



Fonte: autoria própria.

Figura 11: Gráfico de total de células recuperadas normalizadas por cenário de teste



Fonte: autoria própria.

5. Considerações Finais

Os aspectos teóricos do modelo foram abordados conforme os parâmetros definidos na Tabela 2. Observou-se que o comportamento do sistema segue tanto as propriedades do modelo SIR quanto os conceitos dos SMAs, introduzidos pelas variáveis: resistência imune e tempo de exposição, fundamentais para a implementação computacional do modelo, conforme a lógica de transição de fase ilustrada na Figura 7.

A relevância da disposição espacial dos agentes infectados foi enfatizada, influenciando diretamente a disseminação da doença e o número de pessoas acometidas. Este trabalho também

DOI: 10.59254/sbpo-2024-193866
https://proceedings.science/p/193866?lang=pt-br

abre caminho para futuras investigações sobre a quantidade inicial de infectados necessários para o surgimento de epidemias e a questão da imunidade de rebanho, abordada aqui como a estabilidade do sistema.

O modelo mostrou-se coerente com as propostas, respeitando regras e condições, mesmo em cenários de simulação variados quanto à disposição espacial e quantidade de agentes infectados iniciais. Destacaram-se o sexto cenário, com uma alta disseminação devido ao arranjo espacial, e o oitavo cenário, onde a disseminação foi baixa apesar da alta quantidade de agentes infectados iniciais e da disposição espacial dividida.

Além disso, novas abordagens são viáveis, como a utilização de diferentes valores para os parâmetros definidos, estudo de intervalos de tempo de disseminação e criação de novos cenários de infecção. Incrementos no modelo, com novos parâmetros da doença e regras de transição de fase, podem ser inspirados em variantes do modelo SIR, ampliando ainda mais a possibilidade de uso desta ferramenta para a tomada de decisões em saúde pública.

Referências

Adamatzky, A. I. (1994). *Identification Of Cellular Automata*. CRC Press, Londres. ISBN 9781315274355.

Biencourt, G. (2010). Modelagem e simulação de comportamento epidemiológico baseado em sistemas multiagentes. Orientador: Ricardo Azambuja Silveira.

Gardner, M. (1970). The fantastic combinations of john conway's new solitaire game "life". *Scientific American*, 223(6):120–123.

Jalali, R. (2020). SIR model and cellular automata for disease propagation. Research project report (3rd year) - Student. URL `https://perso-laris.univ-angers.fr/~hardouin/JalaliReport/JALALI-Rda.pdf`. Orientador: Laurent Hardouin.

Kermack, W. e McKendrick, A. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character*, 115(772):700–721.

Leite, I. O. B., Lins, J. C. d. S., e Cerqueira, M. G. d. C. (2024). Especificações na construção de um sistema autômato celular. Disponível em: `https://www.cin.ufpe.br/~if114/Monografias/Automatos\%20Celulares/especificacoes.htm`. Acesso em: 24 de março de 2024.

Melotti, G. (2009). Aplicação de autômatos celulares em sistemas complexos: Um estudo de caso em espalhamento de epidemias. Orientador: Prof. Dr. Eduardo Mazoni Andrade Marçal Mendes.

Pascoal, F. S. (2005). SOCIEDADE ARTIFICIAL FIGHT4LIFE: AUTÔMATO CELULAR MODELANDO VIDA ARTIFICIAL. Relatório Final de Projeto de Iniciação Científica (PIBIC/CNPq/INPE) (Bolsista). Orientador: Dr. José Carlos Becceneri.

Rendell, P. (2016). *Turing Machine Universality of the Game of Life*, volume 18. Springer Cham. ISBN 978-3-319-19841-5.

Silva, M. et al. (2023). Um Sistema de Simulação de Epidemias Utilizando Sistemas Multiagentes. XIV Computer on the Beach, Florianópolis, SC, Brasil. DOI 10.14210/cotb.v14.p017-024.

Wooldridge, M. (2009). *An Introduction to Multiagent Systems*. Wiley, 2 edition. ISBN 978-0470519462.

DOI: 10.59254/sbpo-2024-193866
https://proceedings.science/p/193866?lang=pt-br