

Modelagem da COVID-19 usando Autômatos Celulares

da Siva Satelis, Maria Letícia¹; e Ferreira de Souza, Luryane²

Resumo: Este estudo de iniciação científica propõe explorar a aplicação de autômatos celulares na modelagem da disseminação do vírus COVID-19 por meio de simulações computacionais. Busca-se compreender padrões de transmissão e avaliar medidas de intervenção, destacando sua capacidade de melhorar estratégias de saúde pública para controle de epidemias.

Palavras-chave: autômatos celulares, modelagem, COVID-19

1. Introdução

A jornada da modelagem matemática na epidemiologia deu-se início com o matemático Daniel Bernoulli que foi pioneiro ao aplicar a matemática na epidemiologia em 1760, demonstrando a eficácia da vacinação contra a varíola. Desde então, a modelagem matemática tem sido crucial para entender e combater doenças infecciosas. Autômatos celulares são modelos matemáticos que representam sistemas dinâmicos discretos. Eles consistem em uma grade de células que evoluem em passos discretos de tempo, seguindo regras determinísticas baseadas no estado atual da célula e nos estados das células vizinhas. Destacamos a utilidade dos autômatos celulares na simulação computacional e análise da propagação de doenças infecciosas, exemplificada pela COVID-19.

2. Metodologia

Analisamos diversos modelos epidemiológicos durante o estudo. O modelo SIR [1], amplamente utilizado, classifica a população em três compartimentos distintos: Suscetíveis (S), Infectados (I) e Recuperados (R), sendo este o foco principal de nossa pesquisa.



FIGURE 1: O modelo SIR

O sistema de equações utilizado abaixo representa as equações fundamentais do modelo. A parte em destaque será modificada para incorporar novos parâmetros e informações que visam aprimorar a simulação do vírus baseadas no modelo SEIAHRV [2].

$$S_{ij}^t = S_{ij}^{t-1} - \nu \cdot S_{ij}^{t-1} \cdot I_{ij}^{t-1} - S_{ij}^{t-1} \cdot \sum_{(\alpha,\beta) \in V^*} \frac{N_{i+\alpha,j+\beta}}{N_{ij}} \cdot \mu_{\alpha\beta}^{(i,j)} \cdot I_{i+\alpha,j+\beta}^{t-1},$$

$$I_{ij}^t = (1 - \epsilon) \cdot I_{ij}^{t-1} + \nu \cdot S_{ij}^{t-1} \cdot I_{ij}^{t-1} + S_{ij}^{t-1} \cdot \sum_{(\alpha,\beta) \in V^*} \frac{N_{i+\alpha,j+\beta}}{N_{ij}} \cdot \mu_{\alpha\beta}^{(i,j)} \cdot I_{i+\alpha,j+\beta}^{t-1},$$

$$R_{ij}^t = R_{ij}^{t-1} + \epsilon \cdot I_{ij}^{t-1}.$$

estamos ajustando os termos destacados [1] para uma representação mais fiel em relação ao comportamento do SARS-CoV-2. Os tipo de vizinhança adotados foram os bairros de Von Neumann que consiste em quatro células vizinhas nas direções cardeais (norte, sul, leste e oeste), e os bairros de Moore abrangendo todas as direções cardeais. Com suas respectivas coordenadas: sendo $V^* = V \cup (0,0)$.

Von Neumann	(-1, 0), (1, 0), (0, -1), (0, 1)
Moore	(-1, 0), (1, 0), (0, -1), (0, 1), (-1, -1), (1, 1), (1, -1), (-1, 1)

FIGURE 2: Os dois tipos de vizinhanças consideradas no modelo

PARÂMETROS EPIDEMIOLÓGICOS

ϵ	parcela de indivíduos infectados que se recuperaram a cada passo de tempo
ν	capacidade de contágio
α, β	vizinhança da célula (i,j)
N_{ij}	população total da célula
$\mu_{\alpha\beta}^{(i,j)}$	produto de três fatores: $c_{\alpha\beta}^{(i,j)}, m_{\alpha\beta}^{(i,j)}, \nu$
$c_{\alpha\beta}^{(i,j)}$	fator de conexão
$m_{\alpha\beta}^{(i,j)}$	fator de movimento

FIGURE 3: Parâmetros epidemiológicos exigidos pelo modelo SIR

Propomos a utilização de um modelo espacial que nos permitirá analisar como a disseminação ocorre em diferentes regiões geográficas, considerando fatores como densidade populacional, mobilidade e outros. Essa abordagem permite desenvolver estratégias de mitigação mais eficazes e adaptadas às necessidades específicas de cada região, contribuindo significativamente para a contenção da pandemia e a redução de sua morbidade e mortalidade.

3. Resultados obtidos

Utilizamos a linguagem Python para a próxima simulação com fator de conexão constante, onde, o espaço celular será configurado em um arranjo bidimensional de 50×50 células, conforme os parâmetros estabelecidos:

ϵ	ν	N_{ij}	$c_{\alpha\beta}^{(i,j)}$	$m_{\alpha\beta}^{(i,j)}$
$\frac{1}{14}$	3.0	100	1.0	0.5

FIGURE 4: Parâmetros referentes a simulação

A simulação considera apenas uma célula como indivíduo infectado, localizada na célula central (25x25), com coordenadas (0.7, 0.3, 0.0). Nas imagens a seguir é utilizando a vizinhança de Moore e simulamos para os passos de tempo $t= 0, 5, 10, 15, 20, 25$.

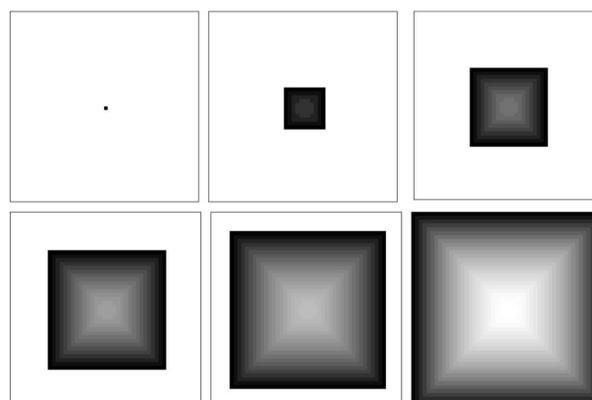


FIGURE 5: Simulação utilizando vizinhança de Moore

Na próxima simulação, será empregada a vizinhança de von Neumann, mantendo os parâmetros utilizados anteriormente:

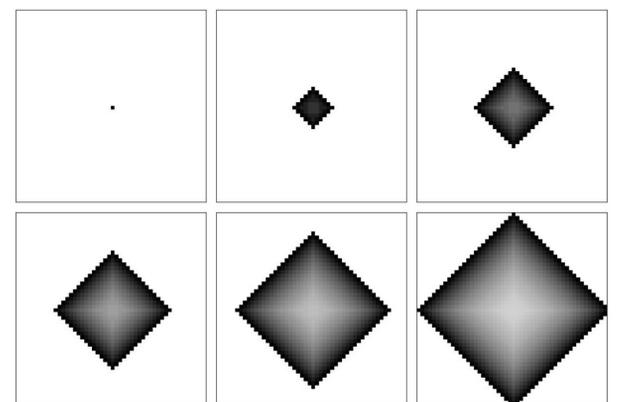


FIGURE 6: Simulação utilizando bairros de Von Neumann

A primeira figura, com um quadrado quase branco, com um pequeno ponto preto no centro, considera o ponto inicial da COVID, a célula central infectada, já os quadrados concêntricos que transitam do branco para tons mais escuros podem representar células suscetíveis em diferentes estágios de infecção. O gradiente em tons de cinza representa uma área com diferentes níveis de infecção, e as células mais escuras estão totalmente infectadas. Em resumo, a figura ilustra como a infecção inicial se propaga através de 30% de uma célula infectada e 70% da população suscetível, com diferentes níveis de infecção representados por tons de cinza, permitindo uma análise mais rica da dinâmica de propagação do vírus.

4. Conclusão

Apresentamos um modelo teórico para simular a propagação da pandemia de COVID-19, utilizando autômatos celulares bidimensionais com uma função de transição local apropriada. Este estudo em andamento visa simular o comportamento realista do vírus, incorporando a taxa de vacinação e a mortalidade associada à doença. Pretendemos realizar duas simulações distintas: uma com vacinação e outra sem vacinação, e também utilizando o fator de conexão constante e variado, para comparar como a doença se espalha no contexto espacial modelado. Essa abordagem permitirá avaliar o impacto da vacinação na disseminação da COVID-19.

Referências

- [1] WHITE, S. H.; DEL REY, A. M.; SÁNCHEZ, G. R.; **Modeling epidemics using cellular automata**. Applied mathematics and computation, v. 186, n. 1, p. 193-202, 2007.
- [2] ROCHA FILHO, T. M. et al.; **A data-driven model for COVID-19 pandemic - Evolution of the attack rate and prognosis for Brazil**. Chaos, solitons, and fractals, v. 152, n. 111359, p. 111359, 2021.
- [3] DUTRA, C. ; **Estimativa do número básico de reprodução R0 do COVID-19 nos países da América do Sul**. InterAm J Med Health, v. 3, 2020, p. e202003035.

Apoios: