



Universidade Federal de Uberlândia
Faculdade de Matemática

Bacharelado em Estatística

Aplicação de Autômatos Celulares com
passeio aleatório em um estudo sobre o
efeito de medidas protetivas na
disseminação de doenças

Angélica Gomes Oliveira

Uberlândia-MG

2020

Angélica Gomes Oliveira

**Aplicação de Autômatos Celulares com
passeio aleatório em um estudo sobre o
efeito de medidas protetivas na
disseminação de doenças**

Trabalho de conclusão de curso apresentado à Co-
ordenação do Curso de Bacharelado em Estatística
como requisito parcial para obtenção do grau de
Bacharel em Estatística.

Orientador: Leandro Alves Pereira

Uberlândia-MG

2020



**Universidade Federal de Uberlândia
Faculdade de Matemática**

Coordenação do Curso de Bacharelado em Estatística

A banca examinadora, conforme abaixo assinado, certifica a adequação deste trabalho de conclusão de curso para obtenção do grau de Bacharel em Estatística.

Uberlândia, 16 de Dezembro de 2020

BANCA EXAMINADORA

Leandro Alves Pereira

Fernando Luiz Pereira de Oliveira

Lúcio Borges de Araújo

**Uberlândia-MG
2020**

AGRADECIMENTOS

Disseram-me que não seria fácil, mas eu decidi acreditar que valeria a pena e valeu.

E neste dia quero agradecer as pessoas especiais que tive a sorte de ter por perto.

Primeiramente a Deus por sempre estar ao meu lado me conduzindo no melhor caminho.

Aos meus pais, pelo apoio e vibração a cada conquista.

Ao meu irmão e sua família por tanto carinho e amor.

Ao meu companheiro Luiz Miguel que esteve desde o início ao fim desse ciclo, ajudando-me e me apoiando a cada passo.

Aos meus avós pelos conselhos, experiência de vida e exemplos de caráter.

Agradeço também a Izabela e Viviane que estão juntas comigo desde o primeiro dia de aula, sempre dando apoio durante toda a graduação.

A Jessika, uma irmã que Deus me enviou. Nos momentos mais difíceis e também nos momentos de muita alegria ela sempre esteve ao meu lado me apoiando e vibrando para que no final tudo desse certo.

A todos os professores da UFU que fizeram parte da minha trajetória, em especial, ao meu orientador, prof^o Leandro Alves Pereira, por acreditar em mim e compartilhar parte do seu conhecimento neste trabalho.

Ao prof^o Lúcio Borges de Araújo pela sabedoria e o apoio durante essa jornada.

Gratidão é a palavra de ordem, é quando a alma diz obrigado.

RESUMO

No final do ano de 2019 surgiu um novo vírus da síndrome respiratória aguda grave 2 (SARS-CoV-2) que originou o COVID-19. A doença se espalhou rapidamente atingindo diversos países e continentes aumentando cada dia o número de pessoas infectadas. Várias medidas de segurança e isolamento foram tomadas com finalidade de diminuir a disseminação do vírus. A partir desse cenário, faz-se necessário novos estudo sobre espalhamento de doenças para tentar de certa forma entender e prever os efeitos das ações tomadas. Neste trabalho utilizamos um modelo de autômatos celulares para simular a dinâmica populacional, com foco em restrições de mobilidade e probabilidade de transmissão. Foram realizadas 10 simulações para diferentes combinações de probabilidades de contaminação e percentual de isolamento em uma população simulada com um total de 2676 indivíduos. Dessas simulações, foram analisadas o número médio de indivíduos que contraíram a doença e conseqüentemente curadas, a média do tempo de duração do surto até que o desaparecimento da doença e também a média do número máximo de indivíduos que contraíram a doença em um mesmo instante de tempo. Os principais resultados obtidos a partir das simulações foram que o efeito de isolamento e medidas protetivas em conjunto propiciaram uma redução significativa no numero de contaminados durante o surto. Outros resultados importantes foram que o efeito individual de um desses fatores parece não ser tão eficiente quando não há um controle do outro, e que o percentual de curados na população (imunizados) contribui para o controle do surto desde que mantido os percentuais iniciais de isolamento e o mesmo rigor em medidas protetivas.

Palavras-chave: Autômatos Celulares, Espalhamento de doenças, Simulações.

ABSTRACT

At the end of 2019, a new virus of severe acute respiratory syndrome 2 (SARS-CoV-2) appeared, which originated COVID-19. The disease spread rapidly to several countries and continents, increasing the number of people infected every day. Various security and isolation measures have been taken to reduce the spread of the virus. Based on this scenario, new studies on the spread of diseases are necessary to try to understand and predict the effects of the actions taken. In this paper, we use a model of cellular automata to simulate population dynamics, focusing on mobility restrictions and transmission probability. We carried out 10 simulations for different combinations of contamination probabilities and percentage of isolation in a simulated population with a total of 2676 individuals. From these simulations, the average number of people who contracted the disease and consequently cured, the average duration of the outbreak until the disappearance of the disease and the average maximum number of people who contracted the disease in an instant of time were analyzed. The main results obtained from the simulations were that the effect of isolation and protective measures together provided a significant reduction in the number of contaminated during the outbreak. Other important results were that the individual effect of one of these factors does not seem to be as efficient when there is no control of the other, and that the percentage of cured people in the population (immunized) contributes to the control of the outbreak as long as the initial percentages of isolation are maintained and the same rigor in protective measures.

Keywords: Cellular Automata, Disease spread, Simulations.

SUMÁRIO

Lista de Figuras	I
Lista de Tabelas	III
Lista de Abreviações e Símbolos	V
1 Introdução	1
2 Fundamentação Teórica	3
2.1 Revisão literária	3
3 Metodologia	7
3.1 Autômatos celulares	7
3.2 Passeio aleatório	8
3.2.1 Passeio Aleatório Unidimensional	9
3.2.2 Passeio Aleatório Bidimensional	10
3.2.3 Passeio Aleatório com Mudança Direcional	11
3.3 Simulações	13
4 Resultados	17
5 Conclusões	23
5.1 Trabalhos futuros	23
Referências Bibliográficas	25

LISTA DE FIGURAS

3.1	Exemplo de autômatos celulares. (a) Uma célula em estado ocupado (com partícula) e sua vizinhança. As setas indicam as direções possíveis para a partícula. (b) Foto de uma situação real de mobilidade e sua representação através de um autômato celular.	8
3.2	Vizinhanças de um AC. a)vizinhança de Von Neumann em um passo. b)vizinhança de Von Neumann em dois passos. c)vizinhança de Moore em um passo. d)vizinhança de Moore estendida em dois passos.	8
3.3	Passeio aleatório unidimensional, x é a atual posição da partícula, $x + 1$ é o passo para direita com probabilidade igual a p e $x - 1$ é o passo para esquerda com probabilidade $q = 1 - p$	9
3.4	Passeio aleatório simétrico em 2 dimensões.	10
3.5	Simulação com 2676 indivíduos. A 1ª figura representa o início da simulação e a 2ª figura a simulação em estágio avançado. Células na cor vermelha representam indivíduos que não foram contaminados, de cor amarela representam os contaminados e de cor verde representam os curados.	14
4.1	Análise do comportamento do pior e melhor cenário - número de indivíduos contaminados versus tempo.	18
4.2	Cenário em que representou 1% de probabilidade de contaminação e 70% de isolamento e ao se atingir uma proporção de 53% de curados, os parâmetros foram alterados para 2% e 35% respectivamente.	20

LISTA DE TABELAS

3.1	Posições de vizinhança e Probabilidades de transição.	11
3.2	Exemplo numérico: Probabilidades de transição (Passeio aleatório não simétrico para leste).	12
3.3	Exemplo numérico: Probabilidades de transição (Passeio aleatório não simétrico para sul).	12
3.4	Exemplo numérico: Probabilidades de transição (Passeio aleatório não simétrico para noroeste).	12
3.5	Probabilidades de transição para células com restrição de mobilidade.	13
4.1	Análise descritiva para diferentes probabilidades de contaminação (P), percentuais de mobilidade (M) e isolamento (I). A proporção de curados é obtida pela razão entre o número de curados divididos pelo total.	17

LISTA DE ABREVIACOES E SMBOLOS

LISTA DE ABREVIACOES

AC Autmatos Celulares

AIDS Acquired Immunodeficiency Syndrome

HIV Human Immunodeficiency Virus

OMS Organizao Mundial da Sade

S_i Serial Interval

SARS-Cov-2 Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2

SIR Suscetvel – Infectado – Recuperado

1. INTRODUÇÃO

No final do ano de 2019, foi identificado um novo coronavírus chamado de SARS-CoV-2 (sigla de severe acute respiratory syndrome coronavirus 2), que foi constatado pela primeira vez em dezembro de 2019 em Wuhan, capital da província de Hubei, na China Central, e originou o COVID-19. Desde então, a crescente proliferação desse vírus vem sendo um dos maiores desafios da humanidade, pois a doença se espalhou rapidamente em diferentes regiões do mundo de forma exponencial e sem que nenhum medicamento tivesse pronto para ajudar na redução de propagação da doença. Desta forma, a OMS (Organização Mundial da Saúde) declarou estado de pandemia.

Diante desse novo cenário mundial, iniciou-se uma corrida científica para entender o novo coronavírus, sua velocidade de propagação, seus efeitos, taxa de mortalidade, e outras características. Um dos principais acontecimentos relacionados à pandemia foi a instauração de medidas protetivas adotadas por quase todos os países do mundo, que incluem medidas de higiene pessoal, uso de máscaras e principalmente o isolamento social. Desde a sua adoção, essa última tem sido alvo de diversas discussões, principalmente sobre a sua eficácia. Vários líderes mundiais têm sido bastante resistentes quanto à sua adoção, considerando seus efeitos negativos na economia. Além disso, alguns estudiosos citam que, a longo prazo, as restrições podem gerar problemas não só da ordem econômica, mas também comportamentais e psicológicos. O debate central é o seguinte: Realmente podemos confiar que a restrição da mobilidade urbana é de fato eficaz para conter o espalhamento de doenças infecto-contagiosas? Vale a pena adotarmos esse tipo de restrição se existem efeitos negativos provocados pela mesma? De um fato não temos dúvida: na atual pandemia, estamos lidando com um vírus novo, que parece ter o potencial de se espalhar com mais rapidez que os vírus atualmente conhecidos. Assim, por mais problemática que possa ser a adoção do isolamento social, esta parece ser a única medida que temos para não enfrentar um cenário ainda pior, com super lotação de hospitais, e consequente aumento da taxa de mortalidade.

Diante desse novo desafio, estudos sobre a eficiência da restrição populacional e medidas protetivas são importantes e necessários. Mas estudar esses fatores através de experimentos reais é praticamente impossível, devido a complexidade envolvida. É neste ponto que os modelos de simulação entram em cena. Estes modelos são ferramentas de característica interdisciplinar, com componentes matemáticos, estatísticos e computacionais, que permitem estudar fenômenos complexos através de reproduções computacionais seguindo leis físicas, matemáticas e estatísticas.

Neste trabalho realizaremos um estudo sobre medidas protetivas e isolamento na disseminação de doenças infecto-contagiosas utilizando a teoria de autômatos celulares. Verificaremos o efeito da mobilidade urbana na velocidade de contaminação, picos e número total de contaminados. Vamos analisar também o efeito das medidas protetivas (uso de máscaras, distância de segurança em estabelecimentos, etc) e sua combinação com a restrição da mobilidade. Por fim, também verificaremos o efeito chamado de imunidade de rebanho (quando se supõe que um número alto de curados pode proteger o restante) e sua interação com os demais parâmetros estudados.

A partir do próximo capítulo, este trabalho será dividido assim: O capítulo 2 apresenta a fundamentação teórica para o trabalho, com revisão literária resumida. No capítulo 3 apresentamos a Metodologia de Autômatos Celulares, os passeios aleatórios e o caso particular proposto para este trabalho, que é o passeio aleatório direcional. Em sequência, apresentamos condições e os cenários para realização das simulações. No capítulo 4 apresentamos os resultados das simulações e as discussões a respeito. Finalmente no capítulo 5 apresentamos as principais conclusões do trabalho.

2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 REVISÃO LITERÁRIA

De acordo com a Organização Mundial da Saúde (OMS), pandemia é um termo utilizado para espalhamento de uma determinada doença entre diversas regiões continental ou mundial através de uma transmissão fundamentada.

A pandemia tem um conceito distinto de endemia e epidemia. Endemia associa a doença infecciosa que se encontram em um determinado território que pode ser municipal, estadual ou nacional e que provoca novos casos com certa periodicidade, como por exemplo, a dengue, pois ela é endêmica no Brasil. Já a epidemia é o aumento de número de casos de uma doença, muito acima do esperado e não delimitado a uma região, um exemplo é o parasita da malária transmitido por mosquitos do gênero *Anopheles* e que foi descoberto por um médico britânico Ronald Ross [1857-1932] que inclusive recebeu um prêmio Nobel de Medicina em 1902 por sua descoberta [19].

Em estudos envolvendo surtos, epidemias, endemias e pandemias, temos um cenário complexo em que muitas vezes podemos descrever como uma combinação de vários fatores, em processos sequenciais ou paralelos. Assim o uso de linguagem Matemática/Estatística como modelos para representar estes processos podem ser boas opções para estudo.

Ronald defendia o uso da linguagem matemática para a compreensão de questões relacionadas a epidemiologia, ele adotava a asserção de que seria possível diminuir a malária em humanos a partir da redução do vetor no ambiente, fazendo o uso da matemática para provar sua teoria.

Ross inferiu que o sumiço da malária de uma comunidade não requereria a erradicação completa da população de vetores, apenas a redução abaixo de um certo limiar. A existência de uma densidade crítica de vetores abaixo da qual a propagação é improcedente gerou o apoio para a utilização generalizado de inseticidas, corroborado pela OMS até poucas décadas atrás [6].

Depois de Ross, Kermack e McKendrick [15], estenderam a teoria com o principio do limiar, instituindo que a inserção de indivíduos contaminados em uma população não é uma condição suficiente para que se estabeleça uma epidemia, a não ser que a densidade de indivíduos passíveis estejam acima de um certo valor crítico.

Outra contribuição importante é de George Macdonald [16], que definiu em seu estudo sobre malária em 1952, o número de reprodutibilidade basal de uma infecção, R_0 , que representa o

número esperado de eventos secundários de uma doença gerado por uma pessoa contaminada em uma população vulnerável no decorrer de seu período de infecciosidade [23].

A partir destes estudos, e com o grande avanço obtido pelo conhecimento biológico durante as décadas subsequentes, a epidemiologia matemática desenvolveu-se e cresceu rapidamente, generalizando os modelos determinísticos iniciais e propondo novos modelos estocásticos que, com a tecnologia de computação, ganham cada vez mais generalidade e verossimilhança [11].

Em estudos envolvendo espalhamento de doenças, principalmente doenças contagiosas, há de se levar em conta que a transmissão em cadeia se dá através de uma complexa rede de interação entre os possíveis portadores. Uma forma de representar esta rede é utilizando a teoria de sistemas dinâmicos. Sistema dinâmico é um conceito no qual uma função descreve a relação no tempo de um ponto em um espaço geométrico [14]. O sistema dinâmico que utilizaremos neste trabalho é chamado de Dinâmica de Pedestres.

Os modelos de dinâmica de pedestre têm sido relevantes em diversos estudos por ser desafiador e complexo. Esses modelos podem auxiliar o avanço e a elaboração de construções populares [28]. Na literatura há alguns modelos feitos com o objetivo de se estudar a dinâmica de pedestres e suas interações. Dentre eles podemos destacar: os Autômatos Celulares [24], o modelo de Forças Sociais ([20], [21] e [25]), modelos de Teoria das Filas ([3–5], [31] e [27]), e Modelos Multiagentes ([8, 9] e [13]).

Ainda que o sistema seja complexo e desafiador, na dinâmica de pedestre deve existir uma motivação interna do indivíduo ou de um grupo de indivíduos para realizarem determinadas ações, como por exemplo, decidir sobre qual caminho seguir, quais obstáculos aparecerão para que possa desviar, dentre outros, o que não acontece em outros tipos de sistemas complexos.

Este trabalho se fundamentará na teoria de AC (Autômatos Celulares) [18] para estudos de dinâmica de pedestres em espalhamento de doenças infecto-contagiosas. Os estudos de dinâmica de pedestres a partir de AC é uma teoria recente, em que suas principais contribuições aconteceram principalmente nas últimas décadas.

Em 2002, Stephen Wolfram [32], publicou o livro considerado a mais importante publicação sobre AC após Neumann [18]. Em seus estudos, a complexidade dos comportamentos emergentes criados a partir de AC com regras elementares, levou à conclusão de que mecanismos similares poderiam esclarecer fenômenos físicos complexos. O livro foi considerado pelo próprio autor como a introdução de um novo tipo de ciência, como sugere o título. Assim, o trabalho também sugere que modelos matemáticos de alta complexidade, que envolvem por exemplo integrais e equações diferenciais complexas, poderiam ser substituídos por AC com regras bem mais simples e sem perda de eficiência.

O primeiro trabalho a apresentar esta teoria, no formato como será visto neste, foi desenvolvido por Schadschneider. Este trabalho foi fundamental para apresentar à comunidade científica a teoria de AC para dinâmica de pedestres num formato que inclui os fenômenos coletivos mais evidentes em dinâmica de pedestres: a interação entre pessoas e a interação com o ambiente, através da componente chamada de "Probabilidade de Transição".

Os AC têm sido muito utilizado em estudos de espalhamento de doenças, com a intenção

de mostrar o avanço das doenças em pessoas ou meio ambiente. Zorzenon [30], em seu estudo, utilizou um modelo de AC para entender o avanço do vírus da imunodeficiência humana - HIV (sigla de Human Immunodeficiency Virus) de contágio e o surgimento da síndrome da imunodeficiência adquirida - AIDS (sigla de Acquired Immunodeficiency Syndrome) no organismo de uma pessoa. O modelo leva em consideração os atributos globais da resposta imune a algum patógeno, a rápida taxa de mutação do HIV e uma quantidade de localização espacial que acontece nos linfonodos. Os resultados do estudo apresentam um padrão trifásico visto nos vírus de pacientes infectados e na contagem de células T que são: a resposta primária, o tempo de latência clínica e o início da AIDS.

Uma pesquisa feita por Eosina, Djatna, e Khusun [7], também desenvolveu um modelo de AC de visualização e predição dos padrões de disseminação da febre hemorrágica causada pelo mosquito da dengue. Os resultados obtidos foram comparados com o modelo SIR (Suscetível – Infectado – Recuperado) e mostrou que o modelo de AC foi capaz de gerar padrões semelhantes aos padrões gerados por modelos SIR.

Beauchemin, Samuel e Tuszynski [1], investigou a influência da heterogeneidades espaciais na disseminação viral da influenza A. Utilizando um modelo de AC que considera duas espécies: a células epiteliais, que são o alvo da infecção viral e as células imunes que combatem a infecção.

Recentemente, Monteiro, Gandini e Schimit [17], utilizou um modelo epidêmico baseado em AC estocástico e um algoritmo genético para avaliar a influência de indivíduos imunes nos processos de contágio e recuperação da varicela na Bélgica e na Itália.

Nos estudos envolvendo autômatos celulares, as regras de interação das células e suas vizinhas precisam ser bem definidas. No caso em que o estado futuro da célula não é único e pode ser escolhido aleatoriamente, temos os chamados AC estocásticos. Para definir as probabilidades associadas ao estado futuro das células, utilizaremos os chamados Passeios Aleatórios ou Caminhada Aleatória.

O Passeio Aleatório será utilizado como ferramenta complementar aos AC e que determinará as probabilidades de transição, ou seja, determinará como ocorrerá a movimentação das células pelas suas vizinhanças. A expressão Caminhada Aleatória (*random walk*) foi proposto por Karl Pearson em 1905. Ele pretendia representar um modelo para ilustrar a invasão de mosquitos em algumas regiões. No mesmo ano, o artigo sobre movimento browniano de Albert Einstein tem sido um exemplo importante em Processo Estocástico, sendo abordado mais adiante por caminhadas aleatórias proposto por Mark Kac [26].

Benicio [2], em seu trabalho exemplificou a Caminhada Aleatória como: unidimensional e bidimensional. A caminhada aleatório unidimensional é compreendida a partir da movimentação de uma partícula ou de um caminhante sobre um linha reta dado um ponto de origem, podendo se movimentar para direita ou para esquerda. A caminhada aleatória bidimensional acontece quando uma partícula ou caminhante se movimenta em espaço de duas dimensões, ou seja, a partir do ponto de origem o caminhante ou a partícula pode ser direcionado para esquerda, para direita, para cima ou para baixo. Tanto no caso unidimensional quando no caso bidimensional, o caminhante realiza o Passeio Aleatório Simétrico assumindo as mesmas

probabilidades para cada dimensão.

Neste trabalho também apresentaremos uma modificação do Passeio Aleatório, que tem o objetivo de tornar as simulações mais realistas. Nesta proposta, apresentamos um Passeio Aleatório governado pelas probabilidades de transição não uniformes, em que há um sentido referencial. Além disso a mudança de sentido será determinada por uma variável aleatória dicotômica independente do passeio.

Para finalizar, apresentaremos um modelo de AC estocástico, guiado por um novo tipo de Passeio Aleatório, com o objetivo de simular a dinâmica populacional no tempo e a disseminação de uma doença infecto-contagiosa nesta mesma população, em diversos cenários associados a medidas protetivas e isolamento ou restrição de mobilidade.

3. METODOLOGIA

3.1 AUTÔMATOS CELULARES

Introduzido por Von Neumann, et al [29], no final de 1940, Autômatos Celulares (AC) tem como objetivo produzir simulação e modelagem de sistemas complexos aptos a reproduzir as características emergentes do sistema. AC é um sistema dinâmico, no qual o tempo e o espaço são discretos. Ele é dividido em células que dispõe de um conjunto finito de estados e um conjunto de regras determinísticas ou não-determinísticas para a mudança desses estados. Em geral, as regras que determinam o estado seguinte de uma célula podem ser determinísticas, ou seja, se conhecemos o estado atual da célula e dos vizinhos, o próximo estado é determinado de forma direta por alguma regra. Já as regras não-determinísticas, estabelece o estado seguinte com base em valores de uma função de probabilidade [12].

As vizinhanças mais conhecidas são: *Von Neumann* consiste em que cada célula interage com as outras quatro células adjacentes na vertical e na horizontal para raio de vizinhança igual a um ($r = 1$) e pode ser estendida para dimensões maiores como por exemplo com raio igual a dois ($r = 2$), conforme pode ser visto na figura 3.2. Também pode ser chamada de vizinhança de um passo ou dois passos respectivamente. A vizinhança de *Moore* considera as células da diagonal, vertical e horizontal e é composta por oito células adjacentes para raio de vizinhança igual a um ($r = 1$). Já a vizinhança de *Moore estendida* possui duas camadas, ou seja, o raio de vizinhança é igual a dois ($r = 2$). Utilizou-se neste estudo a vizinhança de *Moore* para $r = 1$. Na figura 3.2 é ilustrado os quatro tipos de vizinhança citados anteriormente. Neste trabalho, as células assumirão dois estados possíveis: ocupada ou livre. Quando for ocupada, teremos o espaço da célula preenchido por uma partícula, que representa a ocupação do espaço físico por uma pessoa. A mudança do estado das células de ocupada para livre representa a movimentação de pessoas no ambiente. Este processo está representado pela figura 3.1.

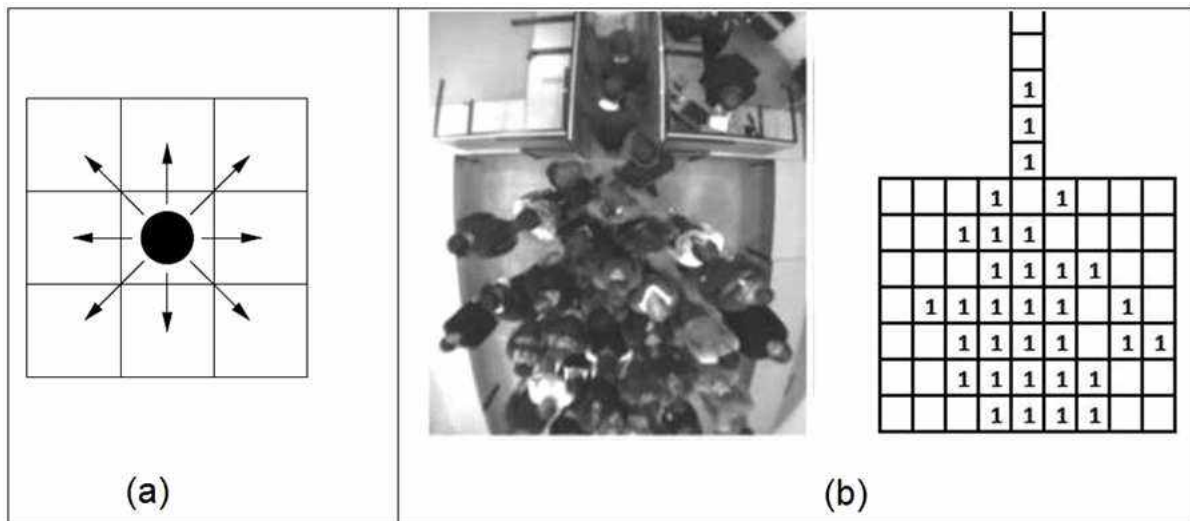


Figura 3.1: Exemplo de autômatos celulares. (a) Uma célula em estado ocupado (com partícula) e sua vizinhança. As setas indicam as direções possíveis para a partícula. (b) Foto de uma situação real de mobilidade e sua representação através de um autômato celular.

Fonte: Pereira [22]

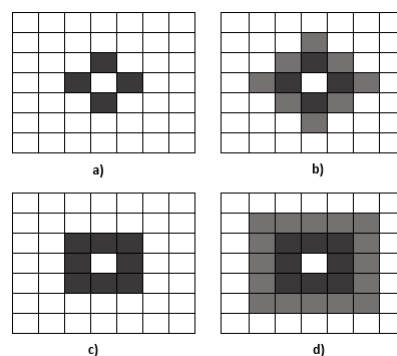


Figura 3.2: Vizinhanças de um AC. a) vizinhança de Von Neumann em um passo. b) vizinhança de Von Neumann em dois passos. c) vizinhança de Moore em um passo. d) vizinhança de Moore estendida em dois passos.

3.2 PASSEIO ALEATÓRIO

Um passeio aleatório é um processo estocástico que explica o comportamento de uma partícula que caminha de forma aleatória. Por exemplo, a movimentação de uma molécula dentro de um líquido ou gás, um bêbado andando na rua, percurso de um animal em busca de alimentos, ingressantes no primeiro dia de aula procurando sua sala, turistas procurando determinado endereço, entre outros. Passeios aleatórios têm aplicações em diversas áreas, abrangendo a Matemática, Biologia, Física, Química, Economia, Ciência da Computação, e outros. A disseminação de doenças infecto-contagiosas é um exemplo em que podemos fazer uso dos passeios aleatórios. Em um passeio aleatório cada passo seguinte não depende dos valores anteriores, logo é formado por sucessões de eventos independentes. As definições sobre Passeio Aleatório Unidimensional e Bidimensional foram escritas com base no texto de Benicio [2].

3.2.1 PASSEIO ALEATÓRIO UNIDIMENSIONAL

O termo passeio aleatório unidimensional pode ser compreendido como a movimentação de uma partícula ou objeto em linha reta dado um ponto de partida. A cada posição ele assume valores x , considerando que a cada intervalo de tempo esta partícula salta para direita com probabilidade p ou para esquerda com probabilidade $q = 1 - p$, onde $p \in (0, 1)$. Ou seja:

$$\begin{cases} p(x, x + 1) = p, \\ p(x, x - 1) = 1 - p, \end{cases} \text{ para } \forall x \in \mathbb{Z}.$$

A partícula pode caminhar em uma distância fixa d para direita ou para esquerda, como mostra a figura 3.3. Como p é a probabilidade de caminhar para direita e q para esquerda, logo a soma das probabilidades é igual a 1, ou seja, $p + q = 1$. O passeio será simétrico quando p e q assumirem o valor igual a 0,5.

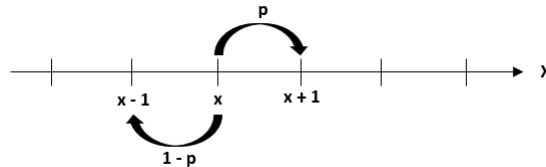


Figura 3.3: Passeio aleatório unidimensional, x é a atual posição da partícula, $x + 1$ é o passo para direita com probabilidade igual a p e $x - 1$ é o passo para esquerda com probabilidade $q = 1 - p$.

A movimentação das partículas pode ser representada por n variáveis aleatórias independentes $\alpha_1, \alpha_2, \alpha_3, \dots, \alpha_n$. Ao considerar a variável α_n ela pode assumir valores $+1$ com probabilidade igual a p e salto para direita ou assumir valores -1 com probabilidade igual a q e com salto para esquerda, no n -ésimo instante.

Um fato a se destacar sobre os passeios aleatórios, que determinará como serão distribuídas as probabilidades dos passos, é a centralidade do passeio simétrico. Este termo surge do seguinte fato: A distância final da partícula em relação à origem é pequena, se comparada com a distância real que poderia atingir se tomasse apenas um sentido para seu passeio, ou se tomasse diferentes probabilidades para cada direção.

Benício [2] apresenta um estudo simulado em que uma partícula é posta em movimento unidimensional considerando um passeio simétrico e após um número significativo de passos, a partícula pouco se afasta da origem, ou seja, regiões mais próximas da origem são mais frequentadas pela partícula. Além disso, o estudo simulado mostra que a distribuição de frequências do ponto visitado pela partícula converge para uma distribuição normal, tendo a origem como o centro da distribuição e com uma diminuição da variância conforme o aumento do tamanho da amostra.

que teremos apenas um sentido para a partícula, sem possibilidade de volta ou de mudança. Sabemos que, na dinâmica populacional, apesar de haver um sentido único no trajeto, este é temporário, ou seja, após um certo tempo, o sentido preferencial tende a mudar conforme muda-se o objetivo. Este fato pode ser visto quando alguém sai de casa para trabalhar, depois ir à escola, depois ir um shopping e em seguida voltar para casa. No dia seguinte ir a padaria, ao supermercado e por fim voltar para casa. A cada destino alcançado há uma nova intenção e por consequência um novo trajeto.

Para as simulações deste trabalho, aplicou-se um tipo de passeio aleatório em que a distribuição de probabilidades para escolha da direção é maior para uma determinada direção. A cada passo, existe uma probabilidade α de que a direção que contém maior probabilidade de escolha seja alterada. Chamaremos este processo de *Passeio Aleatório com Mudança Direcional*.

3.2.3 PASSEIO ALEATÓRIO COM MUDANÇA DIRECIONAL

Considere um autômato celular em que a vizinhança de referência é uma vizinhança de Moore com um passo. Suponha que a regra de mudança de vizinhança se dará segundo um passeio aleatório não simétrico. Seja (x, y) a posição atual da partícula e (x^*, y^*) uma posição vizinha. Definimos $p_{(x^*, y^*)}$ como sendo a probabilidade da partícula ocupar a posição (x^*, y^*) no próximo passo. Representando através da tabela 3.1 a distribuição de probabilidades associadas à posição futura num mini autômato em que são apresentadas apenas as posições que fazem $p_{(x^*, y^*)} > 0$.

Tabela 3.1: Posições de vizinhança e Probabilidades de transição.

$P_{(x-1, y-1)}$	$P_{(x-1, y)}$	$P_{(x-1, y+1)}$
$P_{(x, y-1)}$	$P_{(x, y)}$	$P_{(x, y+1)}$
$P_{(x+1, y-1)}$	$P_{(x+1, y)}$	$P_{(x+1, y+1)}$

Note que $\sum_{i=-1}^1 \sum_{j=-1}^1 p_{(x+i, y+j)} = 1$. Há, portanto, 9 posições possíveis para o passo futuro da partícula, incluindo a posição atual. Quando têm uma posição previamente ocupada por outra partícula, precisa-se redefinir a distribuição de $p_{(x^*, y^*)}$.

Seja (x^+, y^+) posição ocupada por outra partícula. Então assume-se que $p_{(x^+, y^+)} = 0$ e as probabilidades são recalculadas através de:

$$\frac{P_{(x^*, y^*)}}{\sum_{i=-1}^1 \sum_{j=-1}^1 P_{(x+i, y+j)}} \tag{3.1}$$

Para exemplificar, definiu-se uma distribuição não simétrica, em que claramente terá a direção da partícula projetada para a direita, conforme a tabela 3.2. Note que $p_{(x, y+1)} = 0.40$ é o maior valor observado no exemplo. Juntamente com $p_{(x-1, y+1)} = p_{(x+1, y+1)} = 0.20$, as posições que envolvem o vetor " \rightarrow " juntas somam probabilidade igual a 0.80, sendo este um exemplo de distribuição onde é capaz de simular uma caminhada direcional para a direita ou para leste.

Assim como foi criado um exemplo de distribuição para caminhada direcional à direita,

podemos redefinir as probabilidades a fim de se obter um exemplo para caminhada direcional para baixo, ou para o sul, conforme a tabela 3.3, ou para o noroeste, conforme a tabela 3.4.

Tabela 3.2: Exemplo numérico: Probabilidades de transição (Passeio aleatório não simétrico para leste).

0.01	0.05	0.20
0.02	0.06	0.40
0.01	0.05	0.20

Tabela 3.3: Exemplo numérico: Probabilidades de transição (Passeio aleatório não simétrico para sul).

0.01	0.02	0.01
0.05	0.06	0.05
0.20	0.40	0.20

Tabela 3.4: Exemplo numérico: Probabilidades de transição (Passeio aleatório não simétrico para noroeste).

0.40	0.20	0.05
0.20	0.06	0.01
0.05	0.01	0.02

Para este trabalho, foi proposto um modelo em que a caminhada é segundo um passeio aleatório direcional, porém a direção não é única durante todo o processo. Para isso, a cada instante, há uma probabilidade de mudança da direção da caminhada, mudando a distribuição de probabilidade $p_{(x^*,y^*)}$ do passeio aleatório. Por exemplo, deslocou a direção da caminhada de leste para sul quando alterou a distribuição de probabilidades presente na figura 3.2 para a distribuição na figura 3.3.

Para a mudança de direção da caminhada, foi feito o uso de uma variável latente dicotômica, que definirá pela manutenção ou mudança da distribuição de probabilidades. Para isso, utilizou-se o método de Monte Carlo para geração de uma variável com distribuição de probabilidade Bernoulli.

Algoritmo 1: Pseudo Algoritmo para Passeio Aleatório com Mudança Direcional

A cada passo discreto do algoritmo, as partícula terá a sua nova posição definida da seguinte forma:

1. Gere uma variável aleatória G com distribuição Bernoulli de parâmetro α ;
2. Se $G = 0$, então mantenha a distribuição de probabilidades para $p_{(x^*,y^*)}$, ou seja, mantenha a direção da caminhada;

3. Se $G = 1$, então sorteie dois valores discretos e_1 e e_2 no intervalo $(-1,1)$ segundo uma distribuição uniforme discreta sobre este intervalo. A nova direção da caminhada será dada pela posição $(x + e_1, y + e_2)$. Por exemplo, se $e_1 = 1$ e $e_2 = 0$ então a nova direção será para sul;
4. Sorteie a nova posição da partícula seguindo a distribuição $p_{(x^*, y^*)}$.

Na simulação um dos parâmetros estudados será o percentual de mobilidade. Há na simulação células que estarão em restrição de mobilidade e estas portanto terão a distribuição de probabilidade determinada como sendo: 1 para para a célula central e 0 para as demais células, indicando que a célula não sairá em momento algum da posição à qual ela pertence, conforme pode ser visto na tabela 3.5.

Tabela 3.5: Probabilidades de transição para células com restrição de mobilidade.

0	0	0
0	1	0
0	0	0

3.3 SIMULAÇÕES

Para este trabalho, utilizou-se um ambiente virtual com dimensão total de 157 linhas por 341 colunas, que pode ser visto na figura 3.5. Para simplificar, o ambiente só será ocupado por partículas que representam as pessoas. A lotação total do ambiente foi de 5% de sua capacidade. Para cada partícula sua posição inicial no ambiente foi escolhida de forma aleatória. Durante a simulação, teve um segundo processo em que cada célula pôde assumir 3 estados: "saudável", "contaminada" ou "curada", com cores que permitem distinguir cada estado.

As simulações consistiram em iniciar com apenas uma partícula contaminada (de cor amarela e escolhida aleatoriamente) e todas as outras restantes saudáveis (cor vermelha). O contato entre as partículas representa um fator de transmissão. Todas as vezes que uma partícula saudável tem em sua vizinhança uma partícula contaminada, a transmissão pode ocorrer com uma determinada probabilidade. Para isso, será gerada uma variável aleatória Bernoulli com parâmetro igual a probabilidade de contaminação. Se essa variável aleatória assumir valor 1, então a contaminação ocorre, caso contrário, não há contaminação. No nosso estudo, adotamos para fins de simulação, probabilidades de contaminação iguais a 4%, 2% e 1%, considerando que 4% seria um cenário onde a adoção de medidas de segurança é fraca e 1% um cenário com forte adoção de medidas de segurança. A probabilidade de contaminação reflete numa situação real as medidas de segurança adotadas (uso de máscaras, distância de segurança em filas, cumprimentar sem uso das mãos, etc.)

O avanço da contaminação é representado na simulação pela mudança de cor das partículas. A mudança de cor de vermelha para amarela representa a contaminação. A mudança da cor de amarela para verde representa a cura e portanto, aquela partícula não pode contaminar

outras. A simulação é finalizada quando não há mais células em amarelo no ambiente. A figura 3.5 mostra o processo durante a simulação e o fim da simulação respectivamente, com 2676 indivíduos.

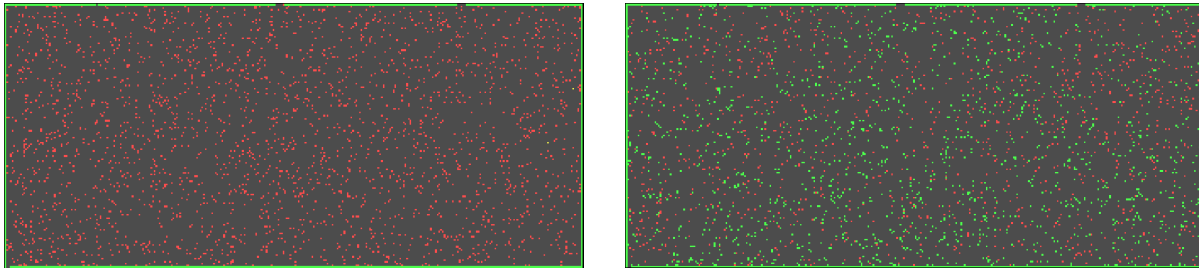


Figura 3.5: Simulação com 2676 indivíduos. A 1ª figura representa o início da simulação e a 2ª figura a simulação em estágio avançado. Células na cor vermelha representam indivíduos que não foram contaminados, de cor amarela representam os contaminados e de cor verde representam os curados.

Os parâmetros que serão estudados são a probabilidade de contaminação e percentual da população em isolamento (consequentemente o percentual da população em mobilidade). O percentual da população em isolamento reflete a quantidade de pessoas em relação a população que permanecem em casa durante o surto. Para o percentual de isolamento, adotamos os valores de 0%, 30%, 50% e 70%, sendo 0% um cenário onde não há nenhum tipo de isolamento social e 70% o cenário mais restritivo. As figuras 3.5 foram obtidas a partir de uma simulação considerando 30% de mobilidade (ou 70% de isolamento) e probabilidade de contaminação de 1%.

Para a realização das simulações foi utilizado um software desenvolvido pelo orientador desse trabalho, feito em linguagem C++ através do compilador "Dev C++" e manipulados em um notebook da marca Dell, com processador i7 8ª geração com memória RAM de 8GB. Foram realizadas um total de 10 simulações para diferentes probabilidades de contaminação combinadas com diferentes percentuais de mobilidade. Estas simulações, gastaram cerca de 2 horas para finalizar.

Essas 10 simulações foram realizadas sob as mesmas condições e ao final foram coletadas as seguintes informações: a média e desvio padrão de indivíduos que contraíram a doença ao longo de todo o processo e foram curadas, o pico médio e desvio padrão de contaminações (maior número de contaminados em um mesmo instante de tempo) e o tempo médio e desvio padrão de duração do surto (tempo até que não houvesse nenhuma pessoa com doença ativa).

A cada cenário, ou seja, a cada alteração dos parâmetros de contaminação, mobilidade e isolamento, foi coletado também a proporção de indivíduos curados dentre o total de indivíduos. Alta proporção indica um alto índice de contaminação da população até o controle da epidemia e baixa proporção indica contaminação menor da população até o controle da doença. Para complementar, foi traçado um gráfico de linhas com o número de contaminados versus o tempo para o pior e melhor cenário juntos. Por este gráfico obtive uma ideia do efeito das medidas

adotadas em sua melhor combinação.

Para finalizar, uma nova simulação complementar foi feita para verificar o efeito do relaxamento das medidas adotadas no melhor cenário quando se atinge a proporção de curados que permitiu o controle do surto na primeira simulação. Esta nova simulação será importante para verificar se a proporção de curados (e conseqüentemente imunizados) é suficiente para continuar protegendo o restante da população em casos de relaxamento das medidas. Para esta última simulação foram coletados novamente os mesmos resultados e produzido um novo gráfico de linhas com o número de contaminados versus o tempo. Para este último caso, apenas uma única simulação foi realizada.

4. RESULTADOS

Inicialmente foi construído uma análise de comportamento da disseminação de doenças para diferentes probabilidades de contaminação e mobilidade conforme a tabela 4.1. Esta tabela apresenta o resultado de 10 simulações realizadas para cada combinação de parâmetros. Foram calculados os valores médios e desvio padrão, além da proporção de curados.

Tabela 4.1: Análise descritiva para diferentes probabilidades de contaminação (P), percentuais de mobilidade (M) e isolamento (I). A proporção de curados é obtida pela razão entre o número de curados divididos pelo total.

CENÁRIO			RESPOSTA						
P	M	I	Curados		Valor de Pico		Tempo		Prop. curados
			Média	D.P.	Média	D.P.	Média	D.P.	
4%	100%	0%	2674.60	1.35	1670.80	339.11	2104.70	244.27	99.93%
2%	100%	0%	2633.75	5.91	1420.25	273.70	2974.25	526.13	98.42%
1%	100%	0%	2305.50	34.18	776.70	134.87	4727.10	420.51	86.15%
4%	70%	30%	2672.10	1.66	1734.50	303.05	2201.30	217.09	99.85%
2%	70%	30%	2599.00	11.63	1216.60	235.04	3205.10	315.64	97.12%
1%	70%	30%	2200.80	31.36	710.50	179.37	5095.50	598.28	82.24%
4%	50%	50%	2653.60	5.27	1559.50	291.59	2395.80	252.16	99.16%
2%	50%	50%	2517.00	15.78	1037.50	221.46	3688.60	524.23	94.06%
1%	50%	50%	1943.80	42.33	481.50	81.75	6474.20	742.55	72.64%
4%	30%	70%	2549.80	20.76	1150.50	267.44	2911.70	316.80	95.28%
2%	30%	70%	2224.70	49.52	736.00	233.24	4371.00	465.56	83.14%
1%	30%	70%	1418.89	77.42	283.33	66.06	7588.78	1092.10	53.02%

Observa-se pela tabela 4.1 que quando o cenário possui probabilidade de contaminação igual a 4% e mobilidade igual a 100%, a proporção média de pessoas que foram contaminadas é cerca de 99.93% do total de 2676 indivíduos (2674.60 pessoas), sendo este o pior cenário observado. Para este cenário, teve um tempo médio de duração do surto igual 2104.70, o tempo mais curto observado. Ainda neste cenário, obteve-se o número máximo de pessoas atingidas em um mesmo instante de tempo (pico do surto) igual a 1670.80 em média. Este foi o maior pico observado. Já o melhor cenário foi observado quando a probabilidade de contaminação foi fixada em 1% e mobilidade igual a 30%. Para este cenário, a proporção de pessoas que foram contaminadas é de 53.02% em média. Além disso, observamos uma média de 1418.89 pessoas contaminadas em um tempo médio de 7588.78. O número máximo de pessoas atingidas em um determinado instante de tempo, ou seja, o pico do surto, foi de 283.33 pessoas em média.

A partir dos dados, alguns fatos importantes foram verificados e explicam melhor como as medidas de contenção do surto se relacionam. Primeiramente notou-se que a redução da mobilidade sem a redução da probabilidade de contaminação gerou resultados muito parecidos. Para isto basta verificar que, se a probabilidade de contaminação permanecer sempre fixa em 4% e aumentarmos o isolamento, os resultados alteram muito pouco, o que pode indicar que o aumento do isolamento social sem as devidas medidas para diminuir a probabilidade de contaminação entre aqueles que precisam circular, pode ser um esforço pouco eficaz. O aumento do isolamento só se tornou eficaz quando foi analisado o cenário em que possui a menor probabilidade de contaminação (1%). Neste cenário, a cada aumento no percentual de isolamento, ocorreram quedas expressivas no número de contaminados, no pico e houve aumento expressivo na duração de surto.

Analisando a diminuição da probabilidade de contaminação para valores fixos de mobilidade e isolamento, novamente notamos que os resultados não apresentam grandes diferenças para valores de isolamento baixos. Porém, para situações em que temos alta taxa de isolamento, há uma queda expressiva de contaminados, principalmente quando reduziu de 2% para 1% a probabilidade de contaminação. Assim, concluiu que o aumento das medidas de segurança parece ser realmente eficaz se acompanhada de um bom índice de isolamento. Este resultado nos sugere uma forte interação entre medidas de segurança e medidas de isolamento social, ou seja, uma medida complementa a outra e só se tornam potencialmente eficazes se as duas caminham juntas.

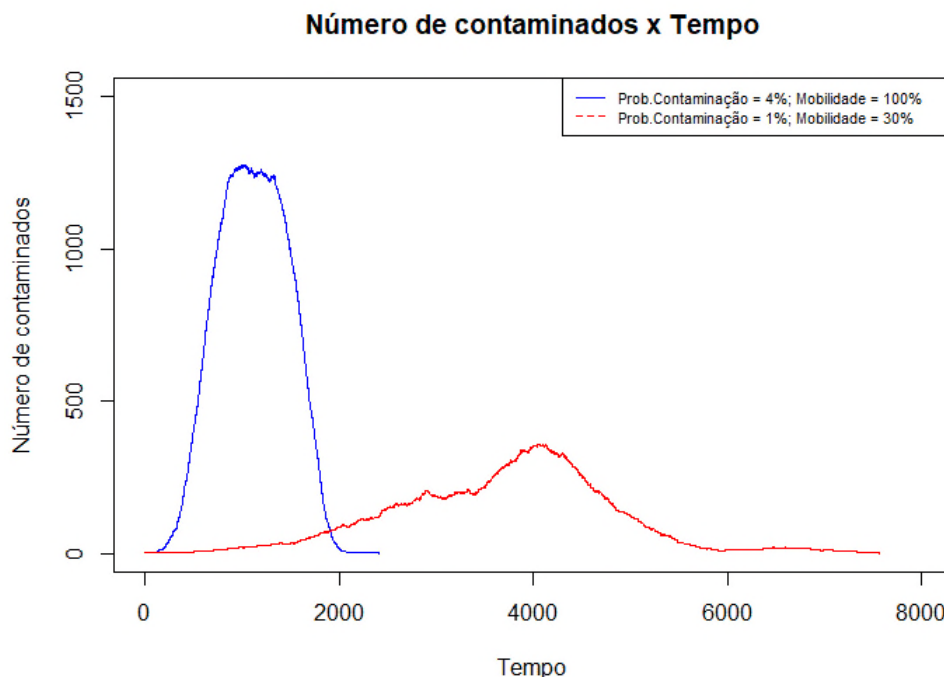


Figura 4.1: Análise do comportamento do pior e melhor cenário - número de indivíduos contaminados versus tempo.

A figura 4.1 representou o número de contaminados ativos em cada instante de tempo para duas das simulações apresentadas na tabela 4.1. A linha azul representa as simulações em que temos $P = 4\%$, $M = 100\%$ (pior cenário) e a linha vermelha representa as simulações em que temos $P = 1\%$ e $M = 30\%$ (melhor cenário). Através do gráfico temos mais informações sobre o comportamento desses dois cenários (pior cenário com 99.93% de curados e o melhor com 53.02% de curados). No pior cenário o número de pessoas contaminadas é maior com um tempo menor, já no melhor cenário o número de contaminados é menor em um tempo mais longo. Parece haver uma interação entre estes dois fatores, ou seja, o efeito de um deles é bem mais evidente na presença do outro. Este resultado indica que a adoção das medidas de segurança e isolamento em conjunto foram suficientes para diminuir, de forma drástica, o pico de contaminações e ao mesmo tempo expandir o tempo de duração do surto, impedindo que houvessem muitas pessoas contaminadas ao mesmo tempo. Este resultado parece mostrar que as medidas estudadas, quando adotadas em conjunto, podem, de certa forma, contribuir para evitar colapsos no sistema de saúde.

Um vídeo da simulação com 2676 indivíduos para 30% de mobilidade e 1% de probabilidade de contaminação pode ser acessado pelo streaming de vídeos *Youtube* através do seguinte link: <https://www.youtube.com/watch?v=Kqn5UnuN1tE&feature=youtu.be>.

Para verificar se a proporção de pessoas curadas (e conseqüentemente imunizadas) ao final do surto seria suficiente para proteger os restantes em caso de relaxamento das medidas, uma nova simulação complementar foi realizada para o cenário em que temos 1% de probabilidade de contaminação e 70% de isolamento. Para esta nova simulação, ao se atingir uma proporção de 53% de curados (melhor percentual de contaminados que ajudou a conter o surto nas simulações anteriores), os parâmetros citados foram alterados para 2% e 35% respectivamente (aumento e diminuição de 50% nos parâmetros especificados previamente). Estas simulações estão representadas na figura 4.2.

Ao atingir a proporção de 53% de curados, obteve-se um número máximo de 302 pessoas que foram contaminadas no mesmo instante de tempo (pico). A partir desse pico, há uma queda no número de novos contaminados com o passar do tempo. Um fato que provavelmente ajudou nesta queda é a quantidade de curados no ambiente, que em combinação com as medidas de segurança e isolamento, impediu que tivéssemos taxa alta de propagação.

Seguindo os resultados da simulação, chegou um instante em que apenas 9 pessoas permaneceram com o vírus ativo (ponto mínimo entre os dois picos no gráfico 4.2). Neste momento os parâmetros são alterados para representar o relaxamento das medidas e a seqüência do gráfico sugere um novo surto, com crescimento semelhante ao observado antes do primeiro pico. Notou-se que apenas 9 contaminados foram suficientes para desencadear um novo surto atingindo um pico máximo de 361 pessoas, mesmo tendo mais da metade da população imunizada.

No final da simulação, um total de 2388 indivíduos foram imunizados, isto significa que cerca de 89.24% da população foram atingidas pelo vírus. Ao atingir a proporção de 53% de curados, no melhor cenário anterior tínhamos uma quantidade de pessoas imunizadas que permitiu controlar o surto, mas, neste novo cenário, ao aumentar a probabilidade de contaminação

e diminuir o percentual de isolamento, o alto percentual de curados não foi mais suficiente para controlar o surto.

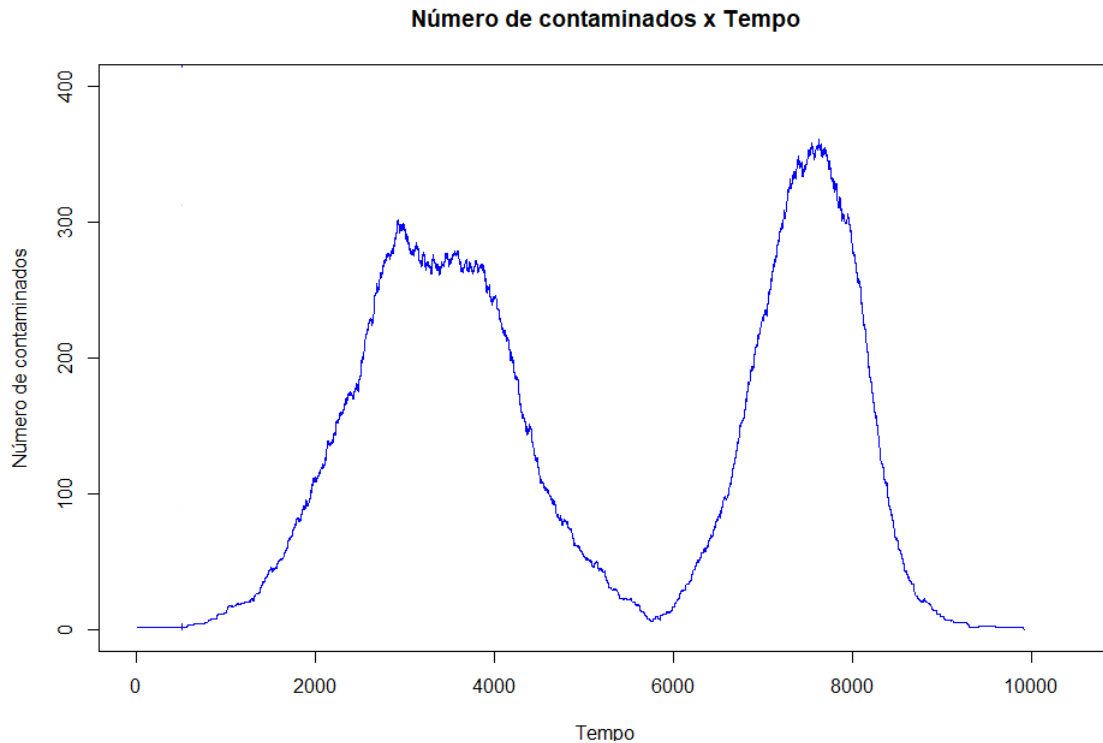


Figura 4.2: Cenário em que representou 1% de probabilidade de contaminação e 70% de isolamento e ao se atingir uma proporção de 53% de curados, os parâmetros foram alterados para 2% e 35% respectivamente.

Vale destacar por fim, que nas simulações, houve um crescimento de contaminados no segundo surto tão acelerado quanto no primeiro, mesmo tendo parte da população já imunizada. Além disso o segundo pico atingiu um valor maior que o primeiro num intervalo de tempo menor.

As experiências reais com a atual pandemia de COVID-19 de certa forma, estão relacionadas com o contexto de nossas simulações. No início do surto muitas medidas de segurança foram tomadas, como por exemplo, o isolamento social, medidas de higienização e prevenção, redução da carga horária de funcionamento de alguns comércios e até mesmo o fechamento de outros que provocariam aglomerações. Isso fez com que a curva de novos contaminados diminuísse. A medida que o número de novos contaminados foi caindo, aos poucos as medidas de segurança foram ficando menos rígidas, logo as pessoas começaram a sair mais, os comércios foram abrindo e até mesmo os locais que foram fechados e que provocariam aglomerações já poderiam funcionar.

Os resultados apresentados sugerem que o desleixo nas medidas de prevenção em situações que temos uma retração, ou em situações em que há o controle das epidemias podem levar ao surgimento de um novo surto, em contradição a algumas teorias a qual preconizam que quando já se tem uma quantidade de indivíduos imunizados em uma determinada população, teoricamente poderia haver uma flexibilização nas medidas de isolamento e segurança. Essas

teorias utilizam como justificativa o fato de que o percentual de pessoas contaminadas na população que já foram curadas seria um fator que contribuiria para evitar um novo surto, ou seja, o número de pessoas curadas na população compensaria esse desleixo. Entretanto, a simulação mostra o contrário, isto é, pode existir um percentual de pessoas curadas na população que controlaria a doença naquele cenário mas que a princípio parece não compensar o desleixo das medidas.

5. CONCLUSÕES

Este trabalho apresentou uma proposta de aplicações de autômatos celulares com passeios aleatórios em um estudo sobre disseminação de doenças infecto-contagiosas. Para isso, foram realizadas simulações com o objetivo entender o comportamento da disseminação de doenças infecto-contagiosas com foco em restrição de mobilidade e medidas protetivas, sendo este último representado pela probabilidade de transmissão. Para simular o passeio das partículas, aqui representando a população, foi proposto o chamado passeio aleatório com mudança direcional, que consiste em criar um vetor de direção da caminhada, com alternância dessa direção temporariamente. As principais conclusões foram:

- Parece haver uma interação entre percentual de distanciamento e medidas protetivas, de forma que os dois fatores em conjunto apresentam uma diminuição mais significativa da curva de contágio que a presença de apenas um deles;
- O uso de apenas um destes fatores, sem o controle do outro, apresenta resultados pouco expressivos;
- O uso do relaxamento ao fim de um surto não parece ser a melhor opção, pois o percentual de curados (consequentemente imunizados) não garante que a queda no contágio continue caso ocorram mudanças nos protocolos.

Por fim as simulações realizadas parecem trazer evidências de que mesmo se o número de pessoas contagiadas estiver em queda, deve-se manter medidas de isolamento e segurança em patamares parecidos até que algum método definitivo para eliminação do agente causador esteja disponível para a população.

5.1 TRABALHOS FUTUROS

Novas implementações podem-se tornar ainda mais real o estudo deste trabalho, como por exemplo:

- Mudar automaticamente os parâmetros conforme a quantidade de indivíduos contaminados, para ilustrar as políticas das cidades brasileiras.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] Beauchemin, C., Samuel, J. e Tuszynski, J.: *A simple cellular automaton model for influenza A viral infections*. Journal of theoretical biology, 232(2):223–234, 2005.
- [2] Benicio, M. A. *et al.*: *Centralidade da caminhada aleatória em redes complexas*. 2013.
- [3] Cruz, F., Smith, J. e Medeiros, R.: *An M/G/c/c state dependent queueing network simulation model*. Computers & Operations Research, 32(4):919–941, 2005.
- [4] Cruz, F.R.B., MacGregor Smith, J. e Medeiros, R.O.: *An M/G/C/C State Dependent Network Simulation Model*. Computers & Operations Research, 32(4):919–941, 2005.
- [5] Cruz, F.R.B., Oliveira, P.C. e Duczmal, L.: *State-dependent Stochastic Mobility Model in Mobile Communication Networks*. Simulation Modelling Practice & Theory, 18(3):348–365, 2010.
- [6] Enayati, A. e Hemingway, J.: *Malaria management: past, present, and future*. Annual review of entomology, 55:569–591, 2010.
- [7] Eosina, P., Djatna, T. e Khusun, H.: *A cellular automata modeling for visualizing and predicting spreading patterns of dengue fever*. Telkomnika, 14(1):228, 2016.
- [8] Ferber, J.: *Foundations of Distributed Artificial Intelligence*, cap. Reactive Distributed Artificial Intelligence: Principles and Applications, pp. 287–314. John Wiley & Sons, New York, NY, 1996.
- [9] Ferber, J.: *An Introduction to Distributed Artificial Intelligence*. Addison-Wesley Longman, New York, NY, 1999.
- [10] Friedli, S.: *Dinâmica Estocástica: três exemplos*. Universidade Federal de Minas Gerais, 2011.
- [11] Gemaque, A. O., Wyse, A. P. P. e Chamilco, G. I.: *Modelo Matemático da Transmissão de Dengue*.
- [12] Gremonini, L. e Vicentini, E.: *Autômatos celulares: revisão bibliográfica e exemplos de implementações*. Revista Eletrônica Lato Sensu UNICENTRO, 6, 2008.

- [13] Hamagami, T. e Hirata, H.: *Method of Crowd Simulation by Using Multiagent on Cellular Automata*. Em *IEEE/WIC International Conference on Intelligent Agent Technology - IAT 2003*, pp. 46–52. IEEE, 2003.
- [14] Hasselblatt, B.: *The modern theory of dynamical systems*, vol. 1. Cambridge University Press, 57^a ed., 1997.
- [15] Kermack, W. O. e McKendrick, A. G.: *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, 1927.
- [16] Macdonald, G.: *The analysis of equilibrium in malaria*. Tropical diseases bulletin, 49(9):813, 1952.
- [17] Monteiro, L., Gandini, D. e Schimit, P.: *The influence of immune individuals in disease spread evaluated by cellular automaton and genetic algorithm*. Computer methods and programs in biomedicine, 196:105707, 2020.
- [18] Neumann, J., Burks, A. W. *et al.*: *Theory of self-reproducing automata*, vol. 1102024. University of Illinois press Urbana, 1966.
- [19] Nye, E. e Gibson, M.: *Ronald Ross: malariologist and polymath: a biography*. Springer, 1997.
- [20] Parisi, D. R. e Dorso, C. O.: *Morphological and dynamical aspects of the room evacuation process*. Physica A: Statistical Mechanics and its Applications, 385(1):343–355, 2007.
- [21] Pelechano, N., Allbeck, J. M. e Badler, N. I.: *Controlling individual agents in high-density crowd simulation*. 2007.
- [22] Pereira, L., Burgarelli, D., Duczmal, L. e Cruz, F.: *Emergency evacuation models based on cellular automata with route changes and group fields*. Physica A: Statistical Mechanics and its Applications, 473, jan. 2017.
- [23] Sanches, R. P.: *Análise do número de reprodutibilidade basal na fase inicial de doenças causadas por vetores*. Tese de Doutorado, Universidade de São Paulo, 2015.
- [24] Schadschneider, A.: *Cellular automaton approach to pedestrian dynamics-theory*. arXiv preprint cond-mat/0112117, 2001.
- [25] Seyfried, A., Steffen, B. e Lippert, T.: *Basics of modelling the pedestrian flow*. Physica A: Statistical Mechanics and its Applications, 368(1):232–238, 2006.
- [26] Silva, J. M. d. e Lima, J.: *Quatro abordagens para o movimento browniano*. Revista Brasileira de Ensino de Física, 29(1):25–35, 2007.

- [27] Stepanov, A. e MacGregor Smith, J.: *Multi-objective Evacuation Routing in Transportation Networks*. European Journal of Operational Research, 198(2):435–446, 2009.
- [28] Toyama, M. C.: *Uma abordagem multiagente para dinâmica de pedestres*. 2006.
- [29] Von Neumann, J. et al.: *The general and logical theory of automata*. 1951, pp. 1–41, 1951.
- [30] White, S. H., Del Rey, A. M. e Sánchez, G. R.: *Modeling epidemics using cellular automata*. Applied mathematics and computation, 186(1):193–202, 2007.
- [31] Woensel, T. van e Cruz, F. R. B.: *A Stochastic Approach to Traffic Congestion Costs*. Computers & Operations Research, 36(6):1731–1739, 2009.
- [32] Wolfram, S.: *A New Kind of Science*. Wolfram Media, London, UK, 2002.