
Modelo de Propagação da COVID-19 em Ambientes Fechados Baseado em Autômatos Celulares

Marcela Neves Belchior



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
FACULDADE DE COMPUTAÇÃO
BACHARELADO EM CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO

Marcela Neves Belchior

**Modelo de Propagação da COVID-19 em
Ambientes Fechados Baseado em Autômatos
Celulares**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado
à Faculdade de Computação da Universidade
Federal de Uberlândia, Minas Gerais, como
requisito exigido parcial à obtenção do Título
de Bacharel em Ciência da Computação.

Área de concentração: Ciência da Computação

Orientador: Luiz Gustavo Almeida Martins

Uberlândia - MG

2026

À minha mãe e ao meu pai

Agradecimentos

O desenvolvimento desta monografia e a conclusão desta graduação não teriam sido possíveis sem o apoio de todas as pessoas à minha volta.

Agradeço meus pais pela dedicação de uma vida inteira e, especialmente, pela paciência ao longo desse processo. À minha mãe, pelo apoio, carinho e cuidado constantes. Ao meu pai, pelo suporte, encorajamento e pelos puxões de orelha necessários. Obrigada por nunca terem desistido de mim.

Aos meus avós, agradeço pelo cuidado e amor incondicionais. Em especial, ao meu avô Alfredo, que foi meu fã número um desde meu nascimento até o dia que nos deixou. Manho, peço-lhe desculpas por não ter tido a oportunidade de tê-lo ao meu lado na conclusão deste ciclo, porém você esteve sempre comigo em coração.

Ao meu namorado, João Victor, meu muito obrigada pelo companheirismo, suporte, compreensão e incentivo durante este desafio. Obrigada por caminhar ao meu lado em todas as etapas desta jornada e por acreditar no meu potencial, mesmo nos momentos em que eu duvidei de mim mesma. Seu amor trouxe calma aos meus dias mais difíceis.

Agradeço aos meus amigos de infância e adolescência, aos colegas de turma e às companheiras de time da AAACE pelos momentos de estudo, competição, diversão e leveza.

Ao corpo docente da FACOM-UFU, agradeço por todos os aprendizados. Em especial, ao professor Luiz Gustavo Almeida Martins, pela orientação precisa e pela paciência ao longo deste trabalho.

Por fim, deixo minha homenagem a todas as vítimas da pandemia da COVID-19 e minha profunda solidariedade às suas famílias. Nunca será esquecido.

“long story short, I survived”
(Taylor Swift)

Resumo

A COVID-19 ressaltou a importância de compreender a disseminação de doenças contagiosas em ambiente fechados, nos quais a proximidade e movimentação de pessoas favorecem a transmissão do vírus. Este trabalho tem como objetivo desenvolver e avaliar um modelo epidemiológico baseado em autômato celular para simular a propagação da COVID-19 em ambientes controlados, tomando como referência o estudo de Cavalcante et al. (2021). O modelo de referência foi compreendido e implementado na linguagem C, com adição de uma visualização em tempo real por meio da biblioteca *raylib*. O autômato celular foi implementado para representar um modelo epidemiológico SI (Suscetível e Infectado) baseado na vizinhança de Moore e movimentação pseudoaleatória dos indivíduos pelo ambiente monitorado. A avaliação foi conduzida em três etapas: reprodução dos experimentos do artigo de referência, variação dos parâmetros e a variação do *layout* do ambiente. Os resultados reproduziram o comportamento relatado na referência, confirmando que tanto o aumento do número de indivíduos quanto a taxa de transmissão intensificam o contágio, enquanto populações reduzidas resultam em transmissão quase inexistente. Além disso, mantendo a densidade da população, verificou-se que a estrutura espacial do ambiente não influencia no resultado final da simulação. Tais resultados evidenciam que o modelo desenvolvido é capaz de reproduzir satisfatoriamente a dinâmica de transmissão da COVID-19 em ambientes fechados, reforçando a importância do distanciamento social como medida de controle.

Palavras-chave: Autômatos celulares, modelo epidemiológico, propagação de COVID-19.

Abstract

COVID-19 has highlighted the importance of understanding the spread of contagious diseases in confined environments, where the proximity and movement of people favor viral transmission. This work aims to develop and evaluate an epidemiological model based on a cellular automaton to simulate the spread of COVID-19 in controlled environments, taking the study by Cavalcante et al. (2021) as a reference. The reference model was understood and implemented in the C language, with the addition of a real-time visualization through the raylib library. The cellular automaton was implemented to represent an SI (Susceptible and Infected) epidemiological model based on the Moore neighborhood and on the pseudorandom movement of individuals throughout the monitored environment. The evaluation was carried out in three stages: reproduction of the experiments from the reference paper, variation of parameters, and variation of the environment layout. The results reproduced the behavior reported in the reference, confirming that both an increase in the number of individuals and in the transmission rate intensify the contagion, while reduced populations result in almost nonexistent transmission. Furthermore, keeping the population density constant, it was found that the spatial structure of the environment does not influence the final outcome of the simulation. These results show that the developed model is able to satisfactorily reproduce the transmission dynamics of COVID-19 in confined environments, reinforcing the importance of social distancing as a control measure.

Keywords: Cellular automata, epidemiological model, COVID-19 spread.

Lista de ilustrações

Figura 1 – Espaço celular em diferentes dimensões.	18
Figura 2 – Formatos geométricos de células em reticulados.	18
Figura 3 – Vizinhanças de um AC unidimensional. A região em preto indica a célula central que é atualizada de acordo com o estado das células em cinza.	19
Figura 4 – Vizinhança de um AC bidimensional de acordo com o raio (r). A região em preto indica a célula central que é atualizada de acordo com o estado das células em cinza.	19
Figura 5 – Tipos de condições de contorno em AC unidimensional.	20
Figura 6 – Evolução de um autômato celular elementar quando submetido à Regra 30.	21
Figura 7 – Evolução temporal do Jogo da Vida a partir da configuração inicial. . .	22
Figura 8 – Plantas de supermercado utilizados nas simulações.	29

Lista de tabelas

Tabela 1	–	Parâmetros e condições iniciais dos cenários simulados no <i>Layout</i> I. . .	31
Tabela 2	–	Análise comparativa entre os modelos de referência e desenvolvido (<i>Layout</i> I).	32
Tabela 3	–	Mudança na quantidade de infectados de acordo com a taxa de trans- missão para uma população inicial de 100 indivíduos.	32
Tabela 4	–	Variação da população ($\beta_{CA} = 0,025$ e média de 30 simulações). . . .	33
Tabela 5	–	Influência do <i>layout</i> (100 pessoas, $\beta_{CA} = 0,025$ e média de 30 simulações). .	33

Lista de siglas

AC Autômato Celular

ACs Autômatos Celulares

COVID-19 Coronavirus Disease 2019

OMS Organização Mundial da Saúde

SI Suscetível e Infectado

SIR Suscetível, Infectado e Recuperado

SEIR Suscetível, Exposto, Infectado e Recuperado

SEIRD Suscetível, Exposto, Infectado, Recuperado e Morto

Sumário

1	INTRODUÇÃO	12
1.1	Motivação	13
1.2	Objetivos	14
1.3	Organização da Monografia	14
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	16
2.1	Autômatos Celulares	16
2.1.1	Contexto Histórico	17
2.1.2	Espaço Celular (ou Reticulado)	17
2.1.3	Vizinhança	18
2.1.4	Tratamento de Fronteira	20
2.1.5	Regras de Transição	20
2.1.6	Autômatos Celulares Probabilísticos	22
2.2	Modelos Epidemiológicos	23
2.3	Trabalhos Correlatos	24
3	MÉTODO DE PESQUISA	26
3.1	Modelo Original	26
3.2	Adaptações e Decisões do Projeto	27
3.3	Ambiente de Simulação	28
4	EXPERIMENTOS E ANÁLISE DOS RESULTADOS	30
4.1	Método para a Avaliação	30
4.2	Validação do Modelo Implementado	31
4.3	Análise do Impacto dos Parâmetros do Modelo	32
4.4	Análise da Influência da Planta do Ambiente	33
5	CONCLUSÃO	34

REFERÊNCIAS	36
-----------------------	----

Introdução

A Organização Mundial da Saúde (OMS) declarou em Março de 2020 uma pandemia global causada por uma doença respiratória transmitida por gotículas salivares que se mostrou muito mais severa do que inicialmente se imaginava (CUCINOTTA; VANELLI, 2020). Tal doença foi denominada Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) pela OMS em Fevereiro de 2020, após a verificação de que um surto de pneumonia em uma província central da China na verdade era consequência da propagação de uma evolução do coronavírus (ANAND et al., 2020).

O crescimento rápido do número de infectados gerou uma falsa ideia de que a COVID-19 surgiu repentinamente, entretanto uma primeira ocorrência do coronavírus foi observada no ano de 1965 (ANAND et al., 2020). O vírus naquele momento parecia-se com um simples vírus gripal, mas impactos do mesmo são visto na sociedade até os dias atuais. A pandemia da COVID-19 impactou negativamente diversos setores da sociedade, além das milhões de pessoas que morreram por causa da doença ou por consequências graves da mesma. Sem estudos acadêmicos que facilitassem aos governantes o entendimento de como a doença se espalha e como lidar com essa situação de maneira efetiva, a pandemia se intensificou, prolongando-se por dezenas de meses.

A pandemia da COVID-19 não foi a primeira e nem será a última enfrentada pelo mundo (CHOWDHURY; ROYCHOWDHURY; CHAUDHURI, 2023). Deste modo, a compreensão acerca da propagação de doenças infecciosas é fundamental para que gestores públicos adotem medidas mais claras com planejamentos estratégicos na alocação de recursos, a fim de evitar sobrecarga do sistema de saúde e os reflexos negativos na economia de um país (JITHESH, 2021).

A transmissão da COVID-19 por gotículas respiratórias (CUCINOTTA; VANELLI, 2020) torna os ambientes fechados e de grande circulação focos críticos de contágio, uma vez que a proximidade e a movimentação contínua das pessoas ampliam as oportunidades de contato entre indivíduos. Medir diretamente essa dinâmica em situações reais, contudo, é inviável do ponto de vista prático, o que evidencia a necessidade de ferramentas computacionais capazes de reproduzir o comportamento de propagação da doença, antecipar

cenários de risco e apoiar a definição de medidas de mitigação (PEREZ; DRAGICEVIC, 2009), como o controle de lotação e o distanciamento social, cuja efetividade na redução da transmissão já foi apontada na literatura (JITHESH, 2021).

Diante desse problema, este trabalho investiga a propagação da COVID-19 em ambientes fechados por meio de um modelo baseado em Autômato Celular, tomando como referência o estudo de Cavalcante et al. (2021) e adotando um supermercado como cenário representativo. O modelo reproduz a movimentação pseudoaleatória dos indivíduos e uma regra de transmissão dependente da vizinhança, sob a abordagem epidemiológica SI, e foi implementado na linguagem C com visualização em tempo real. Dessa forma, a pesquisa oferece um ambiente virtual de baixo custo para experimentação, no qual é possível examinar de que maneira fatores como a densidade populacional, a taxa de transmissão e a disposição espacial do ambiente influenciam a dinâmica do contágio.

1.1 Motivação

O surgimento e a rápida evolução de epidemias globais evidenciam a necessidade constante de ferramentas robustas para o monitoramento e a previsão de surtos patológicos. Nesse cenário, modelagens matemáticas e computacionais são fundamentais para o estudo de propriedades dessas doenças e da maneira como elas se espalham.

O uso de modelos matemáticos clássicos é amplamente empregado para estudar o comportamento temporal da propagação de doenças infecciosas (KERMACK; MCKENDRICK, 1927). Entre as abordagens mais utilizadas para prever diferentes cenários de contaminação, destacam-se os modelos SIR (Suscetível, Infectado e Recuperado) e SEIR (Suscetível, Exposto, Infectado e Recuperado), presentes na maioria das pesquisas epidemiológicas (GODIO; PACE; VERGNANO, 2020), ainda que exijam uma quantidade satisfatória de dados de vigilância em saúde (CHOWDHURY et al., 2022). Para incorporar aspectos espaciais ao estudo da transmissão de algumas doenças, pesquisadores estão aplicando Autômatos Celulares por serem modelos computacionais discretos baseados em agentes (unidades computacionais) simples e iterações locais, mas que simulam dinâmicas complexas (CHOWDHURY et al., 2022) (CAVALCANTE et al., 2021) (SCHIMIT, 2021).

Um Autômato Celular representa um modelo computacional de estrutura simples em um espaço discreto e com regras determinísticas. Uma de suas características fundamentais é a capacidade de projetar processos complexos a partir de interações locais. Assim, essa abordagem é atraente para diversos pesquisadores que buscam simular o processo de contaminação de doenças infecciosas em cenários controlados. Por ser composto por células que interagem entre si de acordo com regras bem definidas que modificam o estado dessas células ao longo do tempo (CAVALCANTE et al., 2021), um AC é capaz de ser moldado para representar dinâmicas de propagação de uma doença entre indivíduos em uma população.

Além disso, o caráter inerentemente paralelizável de um Autômato Celular constitui uma vantagem relevante, uma vez que a regra de transição é aplicada localmente e de forma independente a cada célula. Essa característica permite distribuir o processamento entre múltiplos processadores, reduzindo o tempo de execução das simulações e possibilitando a utilização de reticulados maiores ou a realização de um número mais elevado de execuções.

1.2 Objetivos

O foco desta monografia é analisar a influência da disposição espacial, também chamada de *layout*, e de parâmetros operacionais na propagação da COVID-19 em ambientes fechados, utilizando a modelagem por Autômatos Celulares fundamentada na abordagem de Cavalcante et al. (2021). Para alcançar esse propósito, a pesquisa foi estruturada para alcançar os seguintes objetivos específicos:

- ❑ Implementar um modelo de Autômato Celular (AC) que represente a propagação da COVID-19 em ambientes internos, com base no modelo epidemiológico apresentado em (CAVALCANTE et al., 2021).
- ❑ Validar a qualidade do modelo implementado a partir da comparação de seus resultados com as dinâmicas relatadas no trabalho original.
- ❑ Analisar a influência dos diferentes parâmetros do modelo epidemiológico na dinâmica de contágio simulada.
- ❑ Avaliar o impacto do layout do supermercado (disposição espacial do mobiliário) na propagação da doença.

1.3 Organização da Monografia

Além deste capítulo introdutório, este trabalho está organizado em mais quatro capítulos, listados a seguir.

O Capítulo 2 apresenta a fundamentação teórica necessária à compreensão do trabalho. Nele é apresentado histórico e conceitos de Autômatos Celulares, incluindo espaço celular ou reticulado, vizinhança, tratamentos de fronteira e regras de transição e os principais modelos epidemiológicos. Ademais, trabalhos correlatos que aplicam essas técnicas à simulação da propagação de doenças infecciosas são discutidos.

O Capítulo 3 detalha a metodologia. Primeiro, é apresentado o modelo de AC original de Cavalcante et al. (2021), que serve de base para o desenvolvimento do trabalho. Em seguida, são descritas as adaptações e decisões de projeto adotadas na reimplementação e, por fim, a interface gráfica desenvolvida para a visualização da simulação.

O Capítulo 4 apresenta os experimentos e análise dos resultados. São descritos o método de avaliação e, em seguida, os experimentos realizados que foram divididos em três etapas: a reprodução do modelo de referência, a variação de parâmetros e a variação do *layout* do ambiente. O capítulo encerra com a avaliação dos resultados, discutindo os acertos e limitações da proposta.

Por fim, o Capítulo 5 apresenta as considerações finais, destacando as principais contribuições do trabalho e as possibilidades de trabalhos futuros.

Fundamentação Teórica

Este capítulo introduz conceitos importantes para o entendimento do trabalho desenvolvido, a saber: autômatos celulares e modelos epidemiológicos. Um Autômato Celular pode ser definido como um arranjo de células simples que interagem entre si dentro de um espaço e tempo discretos. Cada célula possui um estado específico que pode ser alterado de acordo com um conjunto finito de regras de transição baseadas na sua vizinhança. Esta vizinhança é composta pelo conjunto de células adjacentes que influenciam diretamente o seu estado no próximo passo de tempo. Os conceitos e o funcionamento básico dos autômatos celulares serão abordados na Seção 2.1.

Modelos epidemiológicos são representações matemáticas simplificadas que ajudam a compreender como doenças infecciosas se transmitem e se espalham (OLIVEIRA et al., 2008). Por ser capaz de prever padrões de transmissão e propagação, esses sistemas auxiliam no desenvolvimento de estratégias de combate e medidas eficazes para diminuir a taxa de contágio. Os principais métodos utilizados são os modelos SIR (Suscetível, Infectado e Recuperado) e SEIR (Suscetível, Exposto, Infectado e Recuperado) que serão esclarecidos na Seção 2.2.

Por fim, para contextualizar o estado da arte em relação ao tema desta monografia, trabalhos correlatos que empregam abordagens semelhantes na modelagem de doenças infecciosas serão apresentados na Seção 2.3.

2.1 Autômatos Celulares

Os Autômatos Celulares (ACs) constituem modelos computacionais caracterizados pela representação discreta do espaço, do tempo e dos estados, nos quais a evolução do sistema é determinada por regras locais e homogêneas, aplicadas de forma uniforme a todas as células. A cada passo de tempo, as células são atualizadas simultaneamente, de acordo com o estado de suas vizinhanças. Embora sejam definidos por regras simples, os ACs podem produzir padrões e comportamentos de elevada complexidade, característica que motivou seu estudo sistemático como ferramenta para a modelagem de fenômenos

naturais e computacionais (WOLFRAM, 2002). Nas subseções a seguir, são apresentados a origem histórica dos ACs e seus principais elementos, incluindo o espaço celular, a vizinhança, o tratamento das fronteiras e as regras de transição.

2.1.1 Contexto Histórico

Os autômatos celulares foram descritos inicialmente por John von Neumann, na década de 1950, com o objetivo de modelar e explicar fenômenos biológicos complexos. Sua estratégia resumia-se em dividir tais fenômenos em componentes fundamentais, para que fosse possível projetar ferramentas capazes de auto-reprodução (ILACHINSKI, 2001).

Para facilitar essa ideia, Stanislaw Ulam sugeriu a von Neumann o desenvolvimento de um sistema discreto e bidimensional composto por células que interagissem entre si. Neste modelo, a evolução das células ocorreria por meio de interações locais em passos de tempo discretos (BERTO; TAGLIABUE, 2025). Assim, von Neumann formalizou o primeiro modelo de Autômato Celular.

Na década de 1970, o matemático John Conway apresentou o *Game of Life* (Jogo da Vida), um autômato celular bidimensional estruturado como um tabuleiro de xadrez. Nele, cada célula assume um de dois estados possíveis: vivo (1) ou morto (0), alternando seu estado de acordo com regras de transição simples baseadas na quantidade de células ao redor, ou seja, na sua vizinhança. Esse modelo foi essencial para demonstrar como regras locais simples são capazes de produzir padrões complexos (OLIVEIRA, 2003), a motivação principal de seu criador (CHOPARD; DROZ, 1998).

No início da década de 1980, Wolfram (2002) dedicou-se ao estudo detalhado dos autômatos celulares unidimensionais, constatando que, em termos gerais, adicionar mais dimensões ao modelo parece não ter grande efeito sobre o comportamento de complexidades significativas. Wolfram aprofundou sua análise em sistemas constituídos por uma única linha de células binárias que podem assumir dois estados: preto ou branco. A cada passo de tempo, um conjunto de regras aplicadas aos vizinhos imediatos à esquerda e à direita ditam o próximo estado da célula observada. Para determinar esses modelos, o autor introduziu um esquema de numeração baseado em códigos de 8 bits (lidos da direita para a esquerda). Esse mapeamento binário resulta em exatamente 256 regras de transição possíveis, conhecidas como Autômatos Celulares Elementares.

2.1.2 Espaço Celular (ou Reticulado)

O espaço celular de um AC é constituído por um reticulado n -dimensional composto por um conjunto de células distribuídas espacialmente, as quais são ligadas entre si pelo conceito de vizinhança. De acordo com a dimensionalidade do reticulado, a estrutura pode ser construída em três tipos principais: unidimensional (linear), bidimensional (plano) e tridimensional (cúbico), como ilustrado na Figura 1.

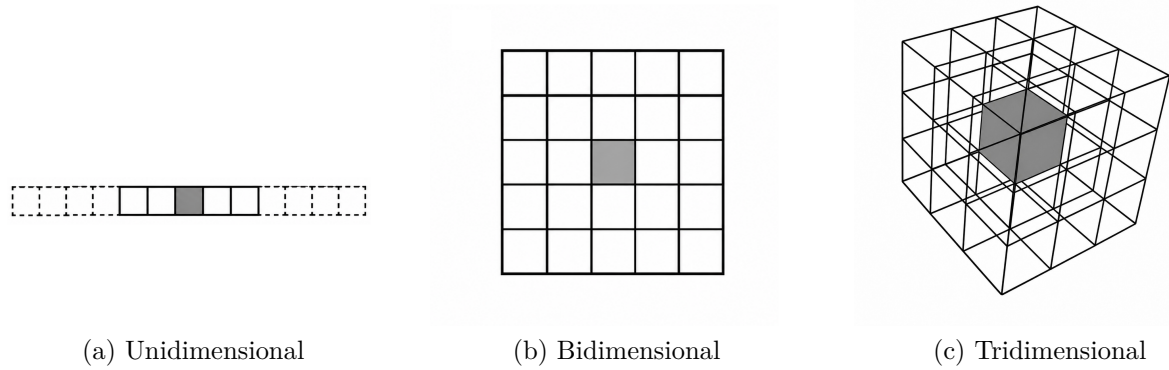


Figura 1 – Espaço celular em diferentes dimensões.

Fonte: Adaptado de (KNOESTER; GOLDSBY; ADAMI, 2014).

Cada célula que compõe o espaço celular possui um estado associado, cuja evolução se dá por regras de transição aplicadas em intervalos de tempo discretos. Além disso, essas células podem assumir diferentes formatos geométricos, entre eles quadrados, hexágonos e triângulos, conforme ilustrado na Figura 2.

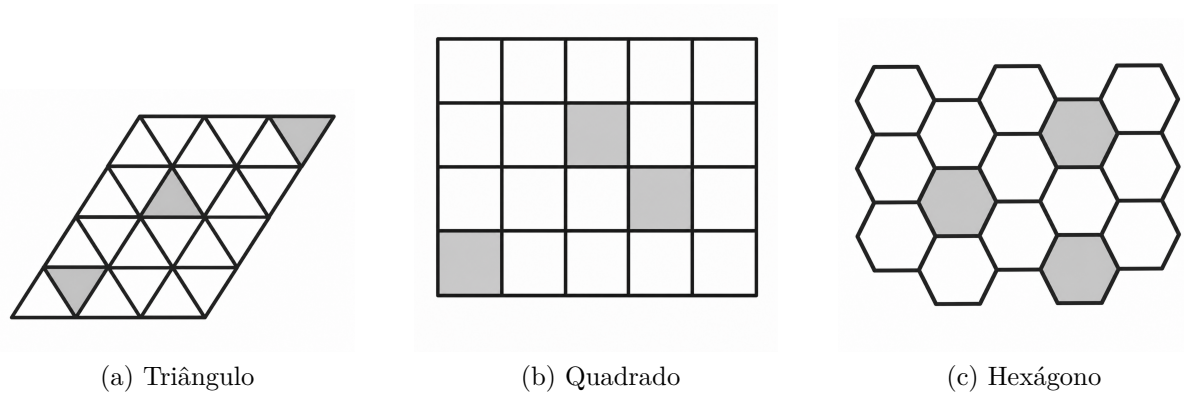


Figura 2 – Formatos geométricos de células em reticulados.

Fonte: Adaptado de (LIMA et al., 2017).

2.1.3 Vizinhança

A região de um reticulado considerada para a aplicação de uma regra de transição é denominada vizinhança, definida como o conjunto de células adjacentes à célula de referência. Caso essa vizinhança se estenda a células distantes, distorce-se o conceito inicial de Autômato Celular como um sistema complexo influenciado por interações locais simples (CHOPARD; DROZ, 1998).

Ao considerar reticulados unidimensionais, a estrutura da vizinhança é definida por um raio r , que determina quantas células à esquerda e à direita da célula central de referência farão parte da vizinhança, conforme ilustrado na Figura 3.



Figura 3 – Vizinhanças de um AC unidimensional. A região em preto indica a célula central que é atualizada de acordo com o estado das células em cinza.

Fonte: Adaptado de (FRAGA et al., 2021).

Com relação a reticulados bidimensionais, duas composições se destacam: a vizinhança de von Neumann, composta por 4 vizinhos ortogonais, e a de Moore, que adiciona as diagonais, formando 8 vizinhos totais. Da mesma forma que em autômatos celulares unidimensionais, o conceito de raio também se aplica a esses modelos bidimensionais, como representado na Figura 4.

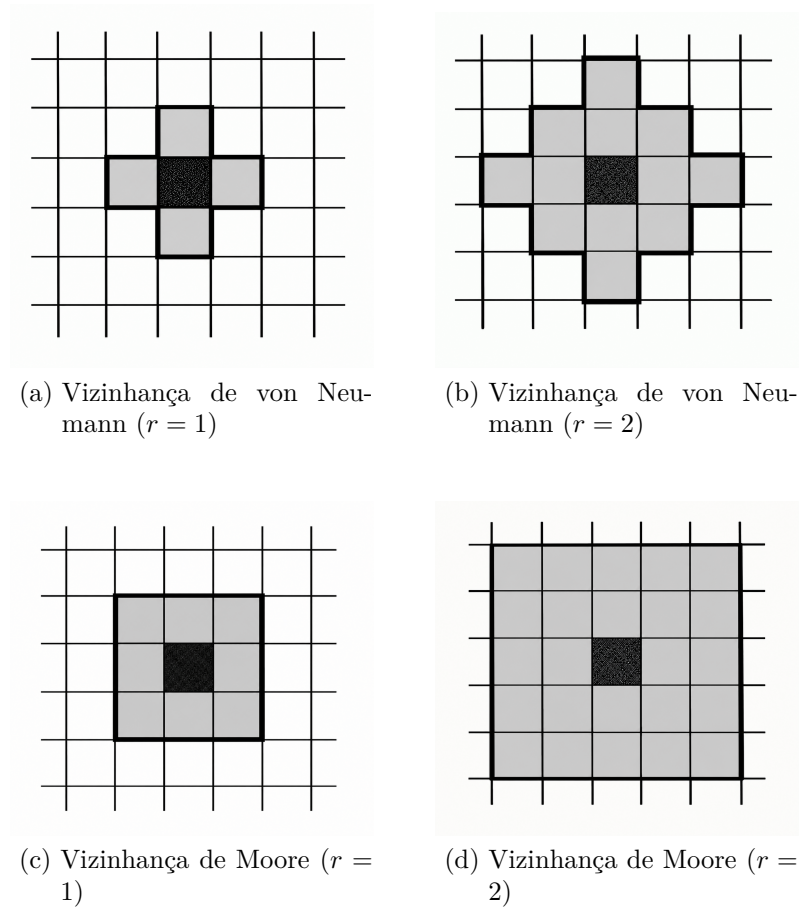


Figura 4 – Vizinhança de um AC bidimensional de acordo com o raio (r). A região em preto indica a célula central que é atualizada de acordo com o estado das células em cinza.

Fonte: Adaptado de (CHOPARD; DROZ, 1998) e (FRAGA et al., 2021).

2.1.4 Tratamento de Fronteira

Tratamentos de fronteira ou condições de contorno são estratégias motivadas, tendo em conta que, ao simular um autômato celular computacionalmente, não é possível trabalhar com um reticulado de tamanho infinito; e isso cria a necessidade do uso de estratégias para compor a vizinhança das regiões de borda ou fronteiras. Uma vez que uma célula na borda do reticulado não possui a mesma quantidade de vizinhos que uma célula interna, regras de construção de vizinhança diferentes são necessárias.

Para isso, assume-se que o reticulado é estendido por um conjunto de células virtuais além de seu limite, que podem assumir valores diferentes de acordo com a abordagem escolhida. Uma estratégia comum, chamada de contorno cíclico, é considerar que as bordas do espaço celular estão conectadas de forma análoga a um anel, unindo o lado esquerdo ao direito. No contorno fixo, a vizinhança é completada com células virtuais que possuem um valor pré-atribuído. Por fim, no contorno reflexivo, o valor do vizinho oposto é espelhado na célula virtual. Esses tipos de condições de contorno para autômatos celulares unidimensionais são ilustrados na Figura 5.

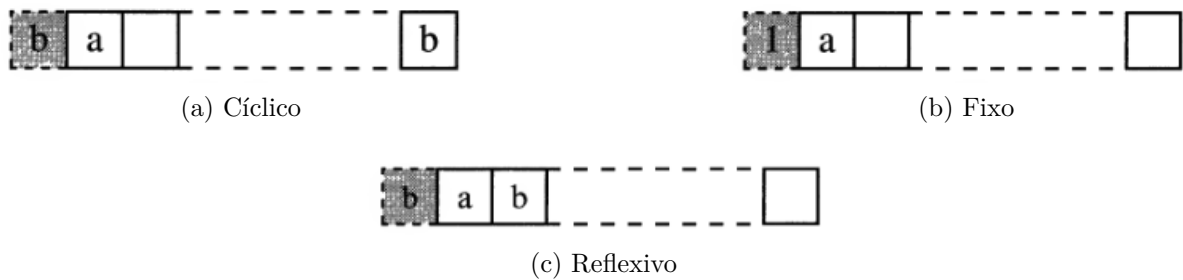


Figura 5 – Tipos de condições de contorno em AC unidimensional.

Fonte: Adaptado de (CHOPARD; DROZ, 1998).

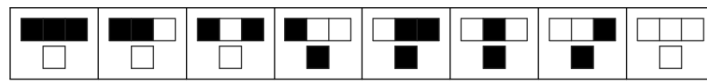
2.1.5 Regras de Transição

A dinâmica de um AC é caracterizada fundamentalmente por sua regra de transição, a qual é responsável por determinar a evolução periódica dos estados das células no reticulado em intervalos de tempo discretos. Em outros termos, a função de transição f possibilita que cada célula c , no instante de tempo t , modifique o seu estado no reticulado no momento $t + 1$. Com base nas características dessas regras, os ACs são classificados em algumas categorias, entre elas: determinísticos e probabilísticos.

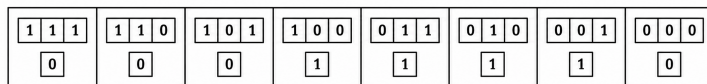
Regras de transição são consideradas determinísticas quando, a partir de uma mesma configuração, obtém-se o mesmo resultado. Isto significa que, ao aplicar o conjunto de regras à mesma configuração inicial do reticulado pelo mesmo número de passos de tempo, o reticulado resultante será sistematicamente igual. O autômato celular elementar descrito

por Wolfram (WOLFRAM, 2002) e o *Game of Life* (Jogo da Vida) de Conway (CONWAY, 1970) são exemplos de ACs determinísticos.

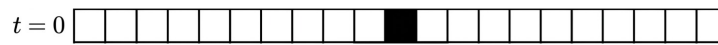
Um autômato celular elementar é definido por um reticulado unidimensional composto por células com estados binários e uma vizinhança de raio $r = 1$. Wolfram (2002) demonstrou a existência de 256 regras de transição possíveis, propondo um esquema de numeração no qual os bits são ordenados e lidos da direita para a esquerda para formar um número identificador entre 0 e 255. A Figura 6 ilustra a evolução de um AC elementar, onde a regra 30 é aplicada a todas as células do reticulado ao longo de 10 passos de tempo. Essa regra se destaca porque ao invés de convergir para um padrão simples ou repetitivo, gera um comportamento irregular e de alta complexidade.



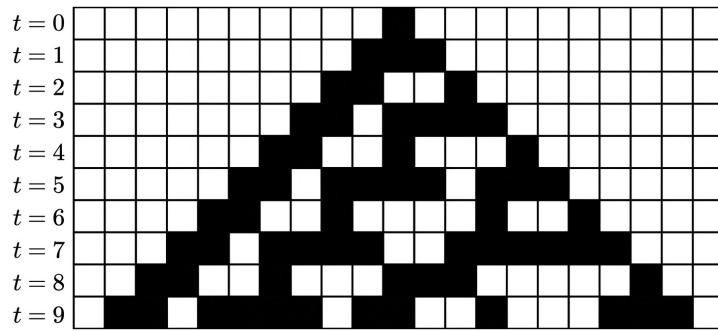
(a) Regra 30



(b) Regra 30 em bits



(c) Reticulado inicial



(d) Evolução do reticulado por 10 passos

Figura 6 – Evolução de um autômato celular elementar quando submetido à Regra 30.

Fonte: Adaptado de (WOLFRAM, 2002).

O Jogo da Vida é estruturado sobre um reticulado bidimensional cujas células possuem estados binários (vivo ou morto) e assumem uma vizinhança de Moore com raio $r = 1$. As regras de transição desse AC, além de determinísticas, são classificadas como totalísticas, visto que são baseadas exclusivamente na quantidade de células com estado vivo na vizinhança independente de suas posições. As transições do *Game of Life* seguem as seguintes regras:

1. Se uma célula estiver viva e tiver menos de 2 vizinhos vivos, ela morre por subpo-

pulação;

2. Se a célula estiver viva e tiver 2 ou 3 vizinhos vivos, ela permanece viva;
3. Se a célula estiver viva ou morta e tiver mais de 3 vizinhos vivos, seu estado final será morto por superpopulação;
4. Se a célula estiver morta e tiver exatamente 3 vizinhos vivos, ela se torna viva por reprodução.

A Figura 7 ilustra um comportamento interessante caracterizado pela formação de estruturas chamadas *gliders* (deslizadores), nas quais um conjunto de células vivas se desloca diagonalmente a cada quatro passos de tempo.

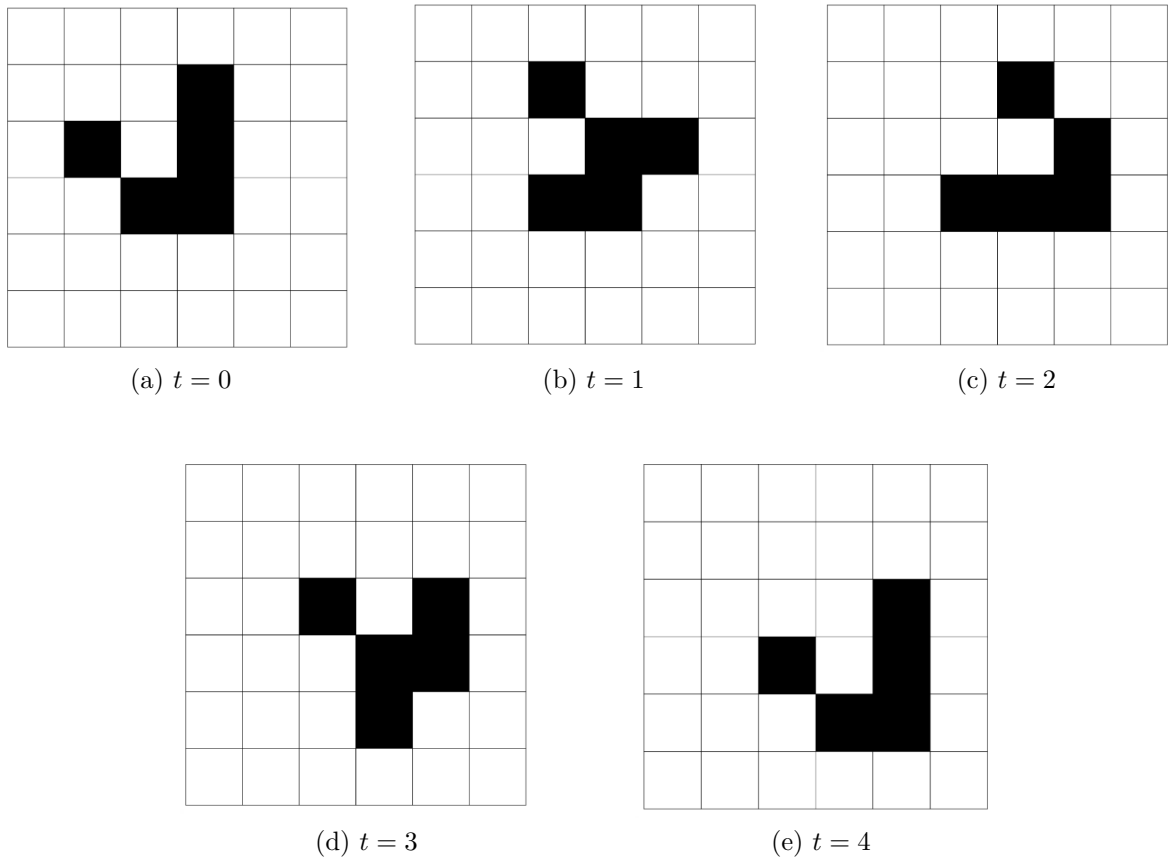


Figura 7 – Evolução temporal do Jogo da Vida a partir da configuração inicial.

Fonte: Adaptado de (FRAGA et al., 2021).

2.1.6 Autômatos Celulares Probabilísticos

Os autômatos celulares baseados em regras de transição probabilísticas possibilitam a representação de fenômenos de natureza estocástica por meio da inclusão de distribuições de probabilidade. Assim, o estado seguinte de uma célula deixa de ser determinado por

uma função unicamente dependente da configuração da vizinhança. Em vez disso, passa a ser definido pelo resultado de uma função probabilística, que estabelece as chances de a célula assumir cada estado possível no próximo passo de tempo. Essa característica torna os ACs probabilísticos especialmente adequados à modelagem de fenômenos de natureza irregular, nos quais a imprevisibilidade desempenha papel relevante, como a transmissão de doenças infecciosas entre indivíduos.

Um exemplo clássico dessa categoria é o autômato celular de Domany e Kinzel (1984), no qual o estado de cada célula no próximo passo é determinado por probabilidades associadas às configurações de sua vizinhança. Esse modelo é amplamente estudado por relacionar os ACs probabilísticos a fenômenos como a percolação direcionada, evidenciando como regras estocásticas simples podem originar comportamentos coletivos complexos.

No contexto epidemiológico, essa abordagem é utilizada para representar a incerteza inerente ao contágio. O modelo de White, Rey e Sánchez (2007), por exemplo, emprega um AC com regras de contágio probabilísticas para simular a propagação de epidemias segundo a abordagem SIR (divide a população em suscetíveis, infectados e recuperados), definindo a chance de um indivíduo suscetível se infectar a partir do estado de sua vizinhança. É também nessa classe que se enquadra o modelo adotado neste trabalho, baseado em Cavalcante et al. (2021), a transição de um indivíduo de suscetível para infectado depende de um valor estocástico sorteado a cada passo de tempo, o que caracteriza um AC probabilístico.

2.2 Modelos Epidemiológicos

Ao longo dos anos, a humanidade se adaptou demograficamente, socialmente e economicamente a diversos surtos de doenças infecciosas. A necessidade de compreender a propagação dessas doenças e planejar programas de prevenção e controle fez surgir estudos dos modelos epidemiológicos apresentados inicialmente por Daniel Bernoulli em 1760 para estudar o impacto da varíola. Posteriormente, no início do século XX, os pesquisadores Ronald Ross e William Hamer introduziram conceitos que são usados na definição atual de modelos epidemiológicos, entre elas a introdução do conceito de indivíduos suscetíveis (S) e infectados (I) (OLIVEIRA et al., 2008).

Formulado inicialmente por Kermack e McKendrick (1927), o modelo Suscetível, Infectado e Recuperado (SIR) é uma das clássicas abordagens que descrevem a dinâmica de transmissão de doenças infecciosas em uma população. A partir da divisão dos indivíduos entre esses estados, cria-se uma estrutura base para a epidemiologia matemática, sendo empregada até os dias atuais no estudo de diversas enfermidades contagiosas. Nesse contexto, os possíveis estados de um modelo SIR representam:

- **Suscetíveis (S):** indivíduos saudáveis que não possuem imunidade prévia ao agente infeccioso e que, portanto, apresentam risco de contrair a doença;

- **Infectados (I):** indivíduos que contraíram a doença e possuem capacidade de transmiti-la;
- **Recuperados (R):** indivíduos removidos do processo de transmissão, seja por terem se curado e adquirido imunidade, seja por óbito decorrente da infecção.

Para doenças que possuem um período de incubação significativo, ou seja, o indivíduo infectado ainda não transmite o agente infeccioso e nem manifesta sintomas. Nesse cenário, o modelo SEIR estende o modelo anterior, ao incorporar o estado Exposto (E) que representa indivíduos infectados, mas ainda não apresentam sintomas e não são capazes de transmitir a doença.

Por fim, o modelo Suscetível, Exposto, Infectado, Recuperado e Morto (SEIRD) estende o modelo Suscetível, Exposto, Infectado e Recuperado (SEIR) ao isolar os óbitos em um grupo único respectivo. Nesse contexto, o modelo permite avaliar doenças que possuem uma taxa de mortalidade expressiva.

2.3 Trabalhos Correlatos

Com o intuito de fundamentar e contextualizar esta pesquisa, nesta seção são apresentados os trabalhos relacionados ao estudo de autômatos celulares aplicados à modelagem de doenças infecciosas, destacando o impacto de diferentes configurações e parâmetros.

Cavalcante et al. (2021) propõem uma abordagem híbrida para simular a propagação da COVID-19 em ambientes confinados, combinando os modelos epidemiológicos clássicos (SIR e SEIRD) com autômatos celulares. O uso dessas estratégias matemáticas permitiu analisar o contágio sob uma perspectiva em escala local, tais como movimentação aleatória dos indivíduos no contexto de um supermercado, a interação local entre esses indivíduos e o impacto da densidade populacional na taxa de infecção. Os resultados destacaram que espaços fechados com alta concentração de pessoas é um fator significativo para a transmissão da doença.

Em contrapartida, Podolski e Nguyen (2021) propuseram uma arquitetura baseada em grafos estruturados que conectam múltiplos autômatos celulares com diferentes regras de transição. Essa abordagem permitiu representar geograficamente as conexões entre regiões e ajustar os parâmetros de entrada segundo a localização escolhida. Os resultados demonstraram a eficácia do modelo, que se mostrou capaz de aprender dinâmicas pandêmicas na maioria dos cenários avaliados.

Por sua vez, Jithesh (2021) apresentou um modelo de Autômato Celular probabilístico como alternativa para os estudos de propagação de doenças infecciosas. Após a validação bem-sucedida do modelo, o autor concluiu que a implementação de estratégias de isolamento social em conjunto com testes de detecção em massa podem desacelerar a propagação do coronavírus.

Complementarmente, Schimit (2021) investigou o impacto do isolamento social na disseminação da COVID-19 no Brasil, utilizando modelos previamente aplicados em epidemias anteriores. Os resultados indicaram que essa medida pública mantida por períodos prolongados reduz a velocidade de contágio e o colapso do sistema de saúde seria mais tardio.

Método de Pesquisa

Este capítulo detalha a fundamentação e implementação do modelo de Autômatos Celulares para simulação da propagação da COVID-19 em ambientes fechados, baseado na abordagem de Cavalcante et al. (2021). Em seguida, detalham-se as decisões de projeto e adaptações implementadas durante o desenvolvimento da versão proposta.

3.1 Modelo Original

O Autômato Celular elaborado por Cavalcante et al. (2021) consiste em um modelo discreto desenvolvido para simular a movimentação pseudoaleatória de pessoas em um supermercado. Essa modelagem busca analisar a dinâmica de contaminação da doença sob uma perspectiva micro.

O AC modelado possui um reticulado bidimensional composto por células quadradas. No grupo de pessoas (P_{estado}), cada indivíduo é representado por uma célula que pode assumir apenas dois estados: Suscetível (0) e Infectado (1). Para este estudo, o modelo epidemiológico SIR foi adaptado para a dinâmica de um ambiente fechado, desconsiderando-se o grupo Recuperados, já que o foco principal é analisar a propagação do vírus nesse tipo de espaço e as pessoas não permanecem tempo suficiente no ambiente para a transição ao estado recuperado.

As regras de transição são definidas de acordo com a probabilidade (β_{AC}) de um indivíduo infectado (P_1) transmitir o vírus para um indivíduo suscetível (P_0) quando forem vizinhos. A cada interação, gera-se um número aleatório (P_C), no intervalo $[0,1]$, que representa a chance do indivíduo ser infectado. Dessa forma, o modelo pode ser representado matematicamente como:

$$P_{\text{estado}} = \left[\frac{N_I \cdot \beta_{CA}}{P_C} \right] \quad (1)$$

Em que:

□ (P_{estado}): representa o estado do indivíduo (0 para suscetível e 1 para infectado);

- N_I : representa a quantidade de vizinhos infectados;
- (β_{AC}) : representa a taxa de transmissão;
- (P_C) : representa a probabilidade limiar individual de infecção (valor aleatório entre 0 e 1).

Note que essa formulação implica que a infecção de um indivíduo ocorre quando o produto entre o número de vizinhos infectados e a taxa de transmissão seja maior que a probabilidade limiar de infecção. Ademais, a Equação 1 é válida somente para indivíduos suscetíveis e o grupo de infectados não altera o estado durante o período simulado.

3.2 Adaptações e Decisões do Projeto

A partir do modelo descrito na Seção 3.1, uma versão própria do Autômato Celular foi desenvolvida e implementada na linguagem C¹. A biblioteca *raylib* (SANTAMARIA, 2013) também foi utilizada para visualização do reticulado e dos indivíduos em tempo de execução. O ambiente fechado é representado por um reticulado bidimensional de 60×34 células, no qual cada célula corresponde a uma área quadrada de 0,6 m de lado, conforme adotado por Cavalcante et al. (2021).

Computacionalmente, o estado do sistema é mantido em duas matrizes distintas de mesma dimensão. A primeira representa a estrutura física do mercado (paredes e prateleiras), cujas células são fixas e limitam a movimentação dos indivíduos. A segunda representa o estado de cada célula da população, que pode assumir os valores: vazio, suscetível ou infectado. Essa separação permite tratar a estrutura do ambiente de forma independente da dinâmica dos indivíduos.

A vizinhança escolhida é a de Moore com um raio $r = 1$, composta pelas oito células adjacentes a uma célula central, tanto para movimentação quanto para a contagem de vizinhos infectados.

A movimentação dos indivíduos ocorre de maneira pseudoaleatória. Em que a cada passo de tempo cada indivíduo tenta se deslocar a uma célula vazia, respeitando os limites da estrutura fixa e o movimento dos demais. Caso não haja célula disponível, o indivíduo permanece em sua posição atual. Além disso, a ordem de processamento dos indivíduos é aleatorizada a cada interação, afim de evitar que os movimentos se tornem enviesados.

A regra de transmissão segue a formulação apresentada na Equação 1, em outras palavras, um indivíduo suscetível torna-se infectado quando o produto entre o número de vizinhos infectados N_I e a taxa de transmissão β_{CA} é maior que a probabilidade limiar individual P_C , sorteada aleatoriamente no intervalo $[0, 1]$ a cada passo de tempo e para cada indivíduo. Assim, um indivíduo muda seu estado quando:

¹ Repositório: <<https://github.com/marcyhds/cellular-automata>>

$$N_I \cdot \beta_{CA} > P_C \quad (2)$$

Para evitar a propagação em cascata em um mesmo passo de tempo, a atualização do reticulado é baseada em uma cópia síncrona do estado no início do passo. Assim, as mudanças de estados registradas em uma mesma iteração não afetam outros vizinhos no mesmo ciclo. Além disso, de acordo com o modelo Suscetível e Infectado (SI), um indivíduo infectado não muda seu estado até o final da simulação.

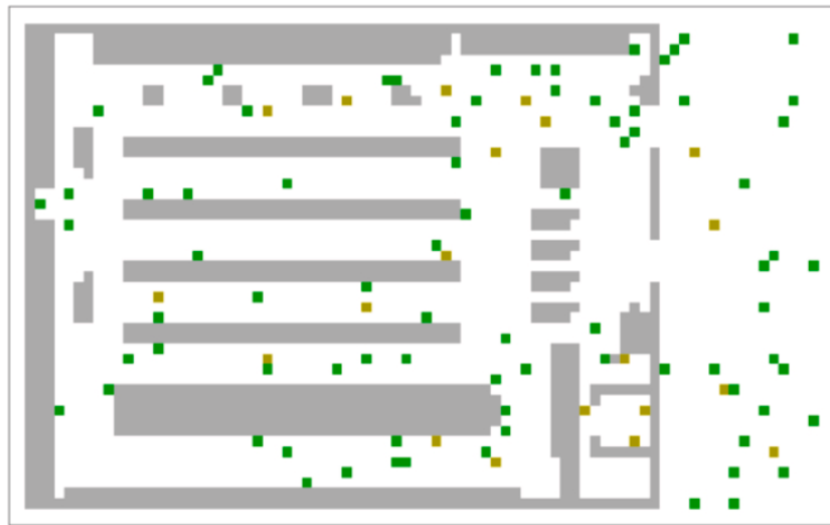
3.3 Ambiente de Simulação

Para permitir o acompanhamento visual da simulação, foi desenvolvido um ambiente de simulação que contempla uma interface gráfica implementada com o auxílio da biblioteca *raylib*, que renderiza o reticulado e os indivíduos em tempo de execução. Cada célula é representada como um quadrado, seguindo um esquema de cores que identifica os elementos do modelo:

- ❑ **Quadrados Cinzas:** células que representam a estrutura física do supermercado (paredes e prateleiras);
- ❑ **Quadrados Brancos:** células vazias que podem ser ocupadas no próximo passo de tempo;
- ❑ **Quadrados Verdes:** células que representam indivíduos suscetíveis;
- ❑ **Quadrados Amarelos:** células que representam indivíduos infectados.

O ambiente contém ainda um painel de estado que exibe o tempo decorrido de simulação, o valor de β_{CA} e a contagem de indivíduos suscetíveis e infectados, além de permitir a interação em tempo de execução: iniciar e pausar a simulação, reiniciar a população, ajustar a velocidade, avançar passo a passo e selecionar os cenários da simulação. Esses recursos foram implementados para facilitar a análise qualitativa da dinâmica de contágio e a geração das figuras ilustrativas das simulações.

A Figura 8 apresenta a comparação entre a interface do modelo proposto (Figura 8b), denominada *Layout I*, e a planta apresentada no trabalho de referência (Figura 8a). Além disso, o *Layout II* ilustrado na Figura 8c apresenta uma planta alternativa de supermercado, a qual é empregada neste estudo para validar a influência do *layout* do ambiente na dinâmica de contágio do vírus.



(a) Planta original usada em (CAVALCANTE et al., 2021)

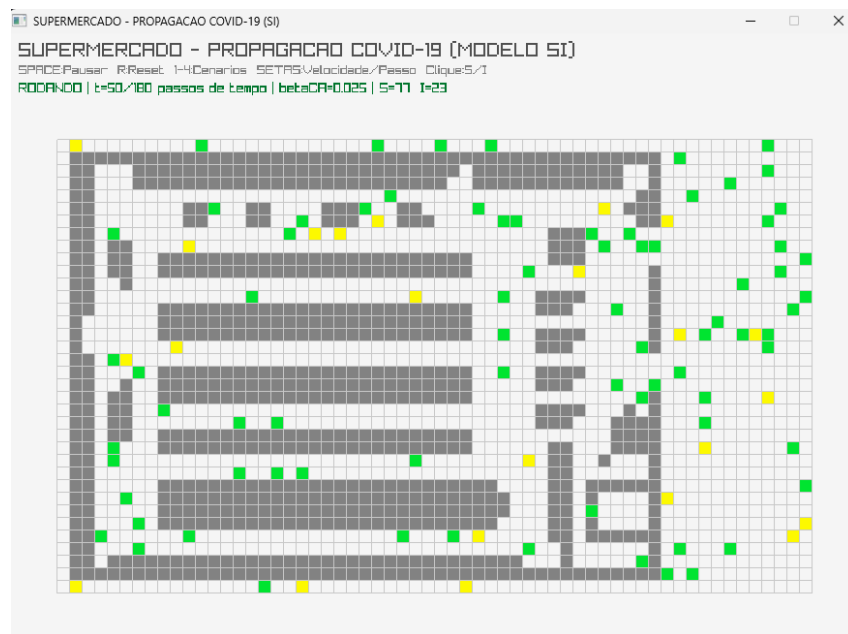
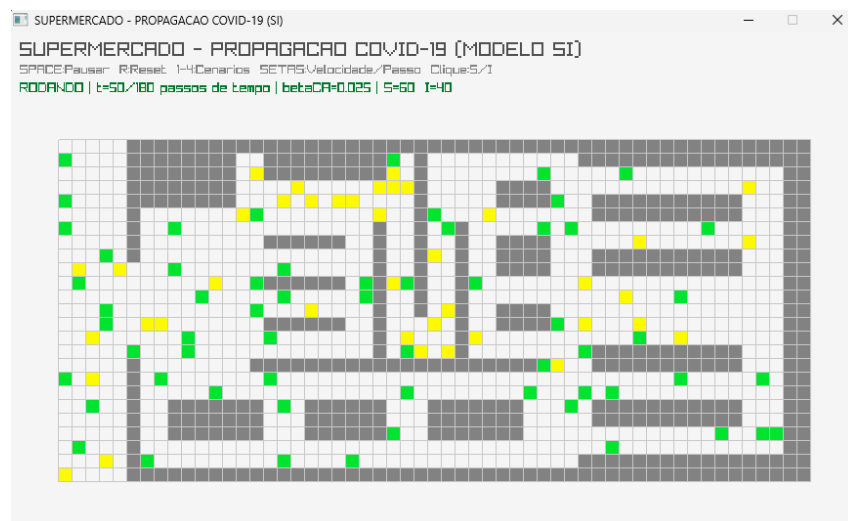
(b) *Layout I* (modelo proposto)(c) *Layout II* (modelo proposto)

Figura 8 – Plantas de supermercado utilizados nas simulações.

Experimentos e Análise dos Resultados

Este capítulo apresenta os experimentos realizados com o modelo de autômato celular desenvolvido para simular a propagação da COVID-19 em ambientes fechados, bem como a análise e a discussão dos resultados obtidos.

A hipótese desta pesquisa consiste em reproduzir fielmente a movimentação pseudoaleatória dos indivíduos e a regra de transmissão baseada na vizinhança de Moore, descritas por Cavalcante et al. (2021), e avaliar se o modelo é capaz de replicar o comportamento de propagação relatado pelos autores no contexto de um supermercado. Para isso, os quatro cenários definidos pelos autores são simulados e seus resultados são comparados com os resultados apresentados por eles. A Seção 4.1 descreve o método de avaliação, enquanto as seções seguintes apresentam os experimentos realizados, analisam os resultados obtidos e discutem os acertos e as limitações da proposta.

4.1 Método para a Avaliação

O objetivo dos experimentos é avaliar se a dinâmica de contágio produzida pelo modelo desenvolvido neste estudo é coerente com o modelo de referência. A validação é feita por comparação com os resultados descritos no trabalho original (CAVALCANTE et al., 2021), tendo em vista que o autômato celular representa uma simulação em microescala para a qual não existem dados reais de contágio em supermercados.

A comparação com o modelo referência apoia-se em três métricas: o número médio de infectados ao longo de 180 passos de tempo, o número médio de suscetíveis no mesmo intervalo e o número médio de novos infectados ao final da simulação, por cenário. As duas primeiras sustentam a análise qualitativa, enquanto a terceira fundamenta a análise quantitativa, confrontada no efeito relativo da variação da população e de β_{CA} . Como não há dados empíricos de contágio em supermercados, a comparação restringe-se a tendências e ordens de grandeza, e não a uma correspondência numérica exata.

Os quatro cenários exibidos na Tabela 1 foram extraídos do artigo referência e combinam dois valores da taxa de transmissão β_{CA} com duas populações diferentes. Cada

simulação tem duração de 180 passos de tempo em um reticulado de 60×36 células, utilizando um modelo SI adequado para essa janela curta de tempo.

Tabela 1 – Parâmetros e condições iniciais dos cenários simulados no *Layout I*.

Cenário	β_{CA}	População	Infectados	Suscetíveis
1	0,025	20	4	16
2	0,025	100	20	80
3	0,005	100	20	80
4	0,005	20	4	16

Devido à natureza estocástica do modelo, presente tanto na movimentação dos indivíduos quanto no cálculo probabilístico da infecção, uma única execução não é estatisticamente representativa. Assim, cada cenário foi executado 30 vezes e os resultados consideram a média dessas repetições. Para automatizar esse processo, implementou-se um modo de execução em lote (sem a interface gráfica) que percorre os quatro cenários, executa as 30 repetições de cada um e contabiliza, a cada passo de tempo, o número de indivíduos suscetíveis e infectados. Ao final, são exportados dois conjuntos de dados: a evolução temporal média de suscetíveis e infectados, com seus respectivos desvios-padrão, e um resumo com o número total de novos infectados após 180 passos de tempo por cenário. O Algoritmo 1 sumariza esse ciclo de simulação.

Algoritmo 1 Laço de simulação do autômato celular (modo lote)

```

1: Para cada cenário  $c$ 
2:   Para cada simulação  $s \leftarrow 1$  até 30
3:     inicializa a planta do supermercado
4:     distribui a população inicial (suscetíveis e infectados)
5:     Para  $t \leftarrow 1$  até 180
6:       move os indivíduos (vizinhança de Moore, sem conflito)
7:       aplica a regra de transmissão (Equação 2)
8:       contabiliza suscetíveis e infectados
9:     Fim Para
10:  Fim Para
11:  calcula as médias e o desvio-padrão sobre as 30 simulações
12: Fim Para

```

4.2 Validação do Modelo Implementado

Nesta etapa foram reproduzidos os quatro cenários descritos na Tabela 1 e o comportamento médio do modelo (quantidade de infectados) foi comparado àquele apresentado por Cavalcante et al. (2021). A Tabela 2 apresenta o número médio de infectados ao final dos 180 passos de tempo de simulação de ambos os modelos (original e desenvolvido) por cenário.

Tabela 2 – Análise comparativa entre os modelos de referência e desenvolvido (*Layout* I).

Cenário	β_{CA}	População	Infectados iniciais	Infectados finais (modelo referência)	Infectados finais (modelo desenvolvido)	Diferença
1	0,025	20	4	$\approx 4,5$	5,0	+0,5
2	0,025	100	20	≈ 38	48,6	+10,6
3	0,005	100	20	≈ 22	25,3	+3,3
4	0,005	20	4	≈ 4	4,1	+0,1

Como pode ser observado, com exceção do Cenário 2, onde houve uma diferença maior entre os modelos, a versão desenvolvida neste trabalho foi capaz de reproduzir as tendências relatadas pelos autores no artigo original. O Cenário 2, com um número maior de indivíduos, apresenta o maior contágio, enquanto o Cenário 4, com poucos indivíduos e baixa taxa de transmissão, evidencia que o contágio é quase inexistente.

4.3 Análise do Impacto dos Parâmetros do Modelo

Nesta etapa, o *layout* foi mantido fixo (*Layout* I) e os parâmetros do modelo foram variados isoladamente, com objetivo de avaliar a influência destes sobre o contágio. A ideia é isolar uma variável de cada vez mantendo tudo constante alterando apenas um parâmetro, de modo que as diferenças de comportamento possam ser atribuídas àquele parâmetro.

Na primeira variação, a taxa de transmissão β_{CA} é alterada mantendo-se fixa a população em 100 indivíduos, sendo 20 infectados e 80 suscetíveis, correspondente à proporção inicial de 20%. As taxas escolhidas fundamentam-se nos valores adotados no trabalho referência, em que 0,005 e 0,025 correspondem aos parâmetros originais, enquanto os valores 0,010 e 0,050 foram adicionados para preencher lacunas no intervalos e estender a faixa de análise. Os resultados podem ser observados na Tabela 3. Nessa tabela, a coluna *Novos infectados* representa os indivíduos que contraíram a doença ao longo dos 180 passos de tempo, sendo obtida pela diferença entre os infectados finais e iniciais. Essa métrica permite avaliar diretamente o efeito de β_{CA} , observando-se um aumento de 6,0 para 49,6 novos casos à medida que a taxa de transmissão varia de 0,005 para 0,050.

Tabela 3 – Mudança na quantidade de infectados de acordo com a taxa de transmissão para uma população inicial de 100 indivíduos.

β_{CA}	Infectados finais	Novos infectados
0,005	26,0	6,0
0,010	32,3	12,3
0,025	47,3	27,3
0,050	69,6	49,6

Na segunda variação, o tamanho da população é alterada, mantendo a taxa de transmissão fixa em $\beta_{CA} = 0,025$, com objetivo de medir o efeito da densidade de indivíduos.

Seguindo a mesma lógica anterior, os valores 20 e 100 indivíduos correspondem às populações do artigo de referência, enquanto 60 e 140 foram incluídos para preencher e estender o intervalo de análise. Além disso, a proporção inicial de indivíduos infectados foi mantida, para garantir que os as médias alcançadas reflitam o impacto do tamanho da população e não da quantidade inicial de infectados. Os resultados dessa etapa estão dispostos na Tabela 4.

Tabela 4 – Variação da população ($\beta_{CA} = 0,025$ e média de 30 simulações).

População	Infectados iniciais	Infectados finais	Novos infectados
20	4	5,0	1,0
60	12	22,2	10,2
100	20	49,5	29,5
140	28	85,7	57,7

A partir dos resultados, é possível observar um crescimento monótono no número de infectados tanto com o aumento de β_{CA} quanto com o aumento da população, confirmando que ambos os parâmetros intensificam a propagação da doença.

4.4 Análise da Influência da Planta do Ambiente

Este experimento visa verificar como o *layout* do ambiente interfere na propagação da doença nos ambientes fechados. Para isolar esse efeito, manteve-se uma mesma configuração durante todas as simulações (população de 100 indivíduos, sendo 20 infectados inicialmente, e $\beta_{CA} = 0,025$), considerando as duas plantas de supermercado apresentadas na Figura 8 apresentados na Tabela 5.

Tabela 5 – Influência do *layout* (100 pessoas, $\beta_{CA} = 0,025$ e média de 30 simulações).

Planta adotada	Infectados finais	Novos infectados
Layout I	48,6	28,6
Layout II	47,9	27,9

Os resultados indicam que, para uma população de mesmo tamanho e mesma taxa de transmissão, o total de infectados é bem semelhante nas duas configurações. Essa diferença se encontra dentro da variabilidade estocástica do modelo. Conclui-se que o somente o *layout*, não altera de forma significativa o resultado final, sendo a densidade de pessoas e a taxa de transmissão os fatores dominantes. Apesar disso, observa-se que a disposição do ambiente influencia a distribuição espacial da infecção, as prateleiras concentram os indivíduos nos corredores, alterando a dinâmica local dos contatos sem impactar o resultado final.

Conclusão

Este trabalho teve como principal objetivo desenvolver um modelo de autômato celular para simular a propagação da COVID-19 em ambientes fechados, tomando como base o estudo de Cavalcante et al. (2021). Para alcançar essa meta, o modelo de referência foi compreendido e implementado na linguagem C, com a incorporação de um ambiente de visualização em tempo real por meio da biblioteca *raylib*. Esse ambiente possibilitou a realização de simulações iterativas do modelo desenvolvido, o qual também incorporou a movimentação pseudoaleatória dos indivíduos e a regra de transição do modelo SI baseadas na vizinhança de Moore.

O comportamento do modelo desenvolvido foi avaliado por meio de experimentos que reproduziram os cenários do artigo original, explorando a variação de parâmetros e analisando a influência do *layout* espacial sobre a dinâmica de contágio.

A hipótese de que o modelo proposto reproduz com fidelidade a dinâmica de transmissão do trabalho de referência foi confirmada no Capítulo 4 por meio de três achados principais. Primeiramente, a simulação dos quatro cenários confrontados com os resultados obtidos por Cavalcante et al. (2021) apresentou boa concordância qualitativa com o estudo base. Em três desses cenários, o total de infectados ao final da simulação manteve-se próximo ao relatado na literatura de referência, registrando contágio mínimo no cenário de menor densidade. A principal divergência ocorreu no cenário mais crítico (alta densidade e elevada taxa de transmissão), em que o contágio foi superestimado. Contudo, a tendência de intensificação da propagação em ambientes mais populosos foi preservada em todos os casos, o que assegura a fidelidade qualitativa do modelo e reforça a premissa de que a redução do adensamento diminui a propagação da doença (JITHESH, 2021).

Em segundo lugar, a variação de parâmetros demonstrou que tanto o aumento de taxa de transmissão (β_{CA}) quanto o crescimento populacional expandem o contágio de forma monótona. Por fim, verificou-se que alterações moderadas na disposição do ambiente fechado não afetaram significativamente a propagação da doença.

Conjuntamente, esses resultados reforçam a compreensão, já apontada por Cavalcante et al. (2021), de que ambientes fechados são poderosos quando se diz respeito à alta pro-

pagação do coronavírus e políticas públicas, como o distanciamento social, são estratégias que diminuem a transmissão dessa doença.

Além da avaliação dos resultados já apresentados, também observa-se limitações do modelo desenvolvido. Dentre as quais destaca-se a natureza estocástica da simulação e a representação aproximada do ambiente, que restringem a comparação com o estudo de referência a uma análise qualitativa e de tendência por não ser possível uma representação idêntica dos experimentos. A utilização do modelo SI desconsidera a dinâmica completa da COVID-19, o que inviabiliza simulações em espaços de tempo mais longos. Por fim, não foram contempladas regras de distanciamento de indivíduos, impossibilitando a análise do impacto dessa política comumente adotada durante a pandemia. Apesar dessas limitações, o conjunto de evidências apresentadas fortalecem a hipótese de que o modelo desenvolvido representa adequadamente a dinâmica de propagação do coronavírus em ambientes fechados.

A partir das limitações identificadas, algumas oportunidades de trabalhos futuros são identificadas. A principal delas consiste na inclusão de regras de distanciamento físico entre os indivíduos presentes no ambiente para comprovar a efetividade dessa política pública. Também é uma evolução natural avaliar a dinâmica de contágio em outras estruturas de ambiente fechado, como salas de aula, transportes públicos e hospitais, explorando o viés genérico dos autômatos celulares. Por fim, pode-se incorporar o estado exposto ao modelo epidemiológico, a fim de possibilitar simulações mais realística e em espaços de tempo mais longos.

Referências

- ANAND, K. et al. Sars-cov-2: Camazotz's curse. **Medical Journal Armed Forces India**, v. 76, n. 2, p. 136–141, 2020. ISSN 0377-1237. Citado na página 12.
- BERTO, F.; TAGLIABUE, J. Cellular Automata. In: ZALTA, E. N.; NODELMAN, U. (Ed.). **The Stanford Encyclopedia of Philosophy**. Summer 2025. [S.l.]: Metaphysics Research Lab, Stanford University, 2025. Citado na página 17.
- CAVALCANTE, A. L. B. et al. Modelling the spread of covid-19 in the capital of brazil using numerical solution and cellular automata. **Computational biology and chemistry**, Elsevier, v. 94, p. 107554, 2021. Citado 12 vezes nas páginas 5, 6, 13, 14, 23, 24, 26, 27, 29, 30, 31 e 34.
- CHOPARD, B.; DROZ, M. **Modeling of Physical Systems**. [S.l.]: Cambridge University Press Cambridge, 1998. Citado 4 vezes nas páginas 17, 18, 19 e 20.
- CHOWDHURY, S.; ROYCHOWDHURY, S.; CHAUDHURI, I. Simulating the spread of covid-19 with cellular automata: A new approach. **arXiv preprint arXiv:2307.14576**, 2023. Citado na página 12.
- CHOWDHURY, S. et al. Cellular automata in the light of covid-19. **The European Physical Journal Special Topics**, Springer, v. 231, n. 18-20, p. 3619–3628, 2022. Citado na página 13.
- CONWAY, J. Conway's game of life. **Scientific American**, v. 223, p. 120–123, 1970. Citado na página 21.
- CUCINOTTA, D.; VANELLI, M. Who declares covid-19 a pandemic. **Acta bio medica: Atenei parmensis**, Mattioli 1885, v. 91, n. 1, p. 157, 2020. Citado na página 12.
- DOMANY, E.; KINZEL, W. Equivalence of cellular automata to ising models and directed percolation. **Physical Review Letters**, 1984. Citado na página 23.
- FRAGA, L. M. et al. Estratégias evolutivas para o ajuste de parâmetros de um modelo epidemiológico baseado em autômatos celulares probabilísticos. Universidade Federal de Uberlândia, 2021. Citado 2 vezes nas páginas 19 e 22.
- GODIO, A.; PACE, F.; VERGNANO, A. Seir modeling of the italian epidemic of sars-cov-2 using computational swarm intelligence. **International journal of environmental research and public health**, MDPI, v. 17, n. 10, p. 3535, 2020. Citado na página 13.

- ILACHINSKI, A. **Cellular automata: a discrete universe**. [S.l.]: World Scientific Publishing Company, 2001. Citado na página 17.
- JITHESH, P. A model based on cellular automata for investigating the impact of lockdown, migration and vaccination on covid-19 dynamics. **Computer Methods and Programs in Biomedicine**, v. 211, p. 106402, 2021. ISSN 0169-2607. Citado 4 vezes nas páginas 12, 13, 24 e 34.
- KERMACK, W. O.; 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**, The Royal Society London, v. 115, n. 772, p. 700–721, 1927. Citado 2 vezes nas páginas 13 e 23.
- KNOESTER, D. B.; GOLDSBY, H. J.; ADAMI, C. Leveraging evolutionary search to discover self-adaptive and self-organizing cellular automata. **arXiv preprint arXiv:1405.4322**, 2014. Citado na página 18.
- LIMA, D. A. et al. Autômatos celulares e sistemas bio-inspirados aplicados ao controle inteligente de robôs. Universidade Federal de Uberlândia, 2017. Citado na página 18.
- OLIVEIRA, G. M. B. Autômatos celulares: aspectos dinâmicos e computacionais. v. 8, p. 297–345, 2003. Citado na página 17.
- OLIVEIRA, I. M. d. et al. Modelos epidemiológicos seir. Porto: Universidade do Porto, Faculdade de Ciências, Departamento de . . . , 2008. Citado 2 vezes nas páginas 16 e 23.
- PEREZ, L.; DRAGICEVIC, S. An agent-based approach for modeling dynamics of contagious disease spread. **International Journal of Health Geographics**, 2009. Citado na página 13.
- PODOLSKI, P.; NGUYEN, H. S. Cellular automata in covid-19 prediction. **Procedia Computer Science**, v. 192, p. 3370–3379, 2021. ISSN 1877-0509. Citado na página 24.
- SANTAMARIA, R. **raylib: A simple and easy-to-use library to enjoy videogames programming**. [S.l.]: GitHub, 2013. <<https://github.com/raysan5/raylib>>. Acessado em: 15 de setembro de 2026. Citado na página 27.
- SCHIMIT, P. A model based on cellular automata to estimate the social isolation impact on covid-19 spreading in brazil. **Computer Methods and Programs in Biomedicine**, v. 200, p. 105832, 2021. ISSN 0169-2607. Citado 2 vezes nas páginas 13 e 25.
- WHITE, S. H.; REY, A. M. d.; SÁNCHEZ, G. R. Modeling epidemics using cellular automata. **Applied Mathematics and Computation**, 2007. Citado na página 23.
- WOLFRAM, S. **A New Kind of Science**. Champaign, IL: Wolfram Media, 2002. ISBN 978-1-57955-008-0. Disponível em: <<https://www.wolframscience.com/>>. Citado 2 vezes nas páginas 17 e 21.