

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

Alex Campos do Nascimento

**Simulação da Propagação da COVID-19 usando
Autômatos Celulares**

Uberlândia, Brasil

2025

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

Alex Campos do Nascimento

**Simulação da Propagação da COVID-19 usando
Autômatos Celulares**

Trabalho de conclusão de curso apresentado
à Faculdade de Computação da Universidade
Federal de Uberlândia, como parte dos requi-
sitos exigidos para a obtenção título de Ba-
charel em Ciência da Computação.

Orientador: Luiz Gustavo Almeida Martins

Universidade Federal de Uberlândia – UFU

Faculdade de Computação

Bacharelado em Ciência da Computação

Uberlândia, Brasil

2025



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

Faculdade de Computação

Av. João Naves de Ávila, nº 2121, Bloco 1A - Bairro Santa Mônica, Uberlândia-MG, CEP 38400-902

Telefone: (34) 3239-4144 - <http://www.portal.facom.ufu.br/> facom@ufu.br



ATA DE DEFESA - GRADUAÇÃO

Curso de Graduação em:	Bacharelado em Ciência da Computação				
Defesa de:	GBC082 - Projeto de Graduação 2				
Data:	12/05/2025	Hora de início:	18:00	Hora de encerramento:	18:50
Matrícula do Discente:	12021BCC013				
Nome do Discente:	Alex Campos do Nascimento				
Título do Trabalho:	Simulação da Propagação da COVID-19 usando Autômatos Celulares				
A carga horária curricular foi cumprida integralmente?		(X) Sim () Não			

Reuniu-se na sala virtual da plataforma Microsoft Teams, Campus Santa Mônica, da Universidade Federal de Uberlândia, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Curso de Graduação em Ciência da Computação, composta pelos professores: Bruno Augusto Nassif Travençolo (FACOM/UFU); Claudiney Ramos Tinoco (FACOM/UFU); e Luiz Gustavo Almeida Martins (FACOM/UFU), orientador do candidato.

Iniciando os trabalhos, o presidente da mesa, Prof. Dr. Luiz Gustavo Almeida Martins, apresentou a Comissão Examinadora e o candidato, agradeceu a presença do público, e concedeu ao discente a palavra, para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação do discente e o tempo de arguição e resposta foram conforme as normas do curso.

A seguir o senhor presidente concedeu a palavra, sucessivamente, aos examinadores, que passaram a arguir o candidato.

Ultimada a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu o resultado final, considerando o candidato:

(X) Aprovado, com nota 95

Nada mais havendo a tratar foram encerrados os trabalhos. Foi lavrada a presente ata que, após lida e achada conforme, foi assinada pela Banca Examinadora.



Documento assinado eletronicamente por **Bruno Augusto Nassif Travençolo**, **Professor(a) do Magistério Superior**, em 12/05/2025, às 18:56, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Luiz Gustavo Almeida Martins, Professor(a) do Magistério Superior**, em 12/05/2025, às 18:56, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Claudiney Ramos Tinoco, Professor(a) do Magistério Superior**, em 12/05/2025, às 18:56, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **6329114** e o código CRC **FB87F7D3**.

Referência: Processo nº 23117.031206/2025-36

SEI nº 6329114

Resumo

Diante da problemática da propagação de doenças infecciosas na sociedade moderna, como a COVID-19, a utilização de modelos computacionais para simular as epidemias é de suma importância para criar medidas de prevenção e combate a tais doenças. Uma forma de realizar a modelagem epidemiológica é utilizando autômatos celulares, os quais conseguem reproduzir modelos complexos a partir de regras simples. Neste trabalho, foi desenvolvido um modelo epidemiológico SEIRD (Suscetível, Exposto, Infectado, Recuperado e Morto) baseado em autômato celular para simular a propagação da COVID-19 em 6 unidades de saúde pública na província canadense de Ontário. Resultados experimentais mostram que o modelo desenvolvido apresenta um comportamento semelhante aos casos ativos reais das regiões investigadas.

Palavras-chave: Autômatos Celulares, COVID-19, modelos epidemiológicos, SEIRD, sistemas dinâmicos.

Lista de ilustrações

Figura 1 – Geometrias possíveis para as células de um AC: (a) triangular, (b) quadrangular e (c) hexagonal. Fonte: Extraído de (CASTRO; LIMA, 2013).	13
Figura 2 – Exemplos de reticulados de um AC: (a) unidimensional, (b) bidimensional e (c) tridimensional. Fonte: Extraído de (FRAGA et al., 2021).	13
Figura 3 – Exemplo de AC na forma de grafo com vértices representados por v_1 , v_2 , v_3 , v_4 e v_5 e arestas representadas pelas ligações. Fonte: do Autor.	14
Figura 4 – Vizinhança de um AC unidimensional em função do raio R . Adaptado de (FRAGA et al., 2021).	15
Figura 5 – Vizinhança de um AC bidimensional em função do tipo de vizinhança e do Raio. Adaptado de (FRAGA et al., 2021).	15
Figura 6 – Condição de fronteira periódica: (a) borda periódica; (b) borda reflexiva; (c) borda fixa. Fonte: Extraído de (FRAGA et al., 2021).	16
Figura 7 – Regra de transição determinística e sua aplicação na evolução de um AC elementar. Fonte: Extraído de (FRAGA et al., 2021).	17
Figura 8 – Diagrama de transição de um modelo SIR. Fonte: Adaptado de (PASSARELLA, 2020).	19
Figura 9 – Diagrama de transição de um modelo SEIR. Fonte: Adaptado de (PASSARELLA, 2020).	20
Figura 10 – Diagrama de transição de um modelo SEIRD. Fonte: Adaptado de (PASSARELLA, 2020).	21
Figura 11 – Mapa da província de Ontário. Fonte: Extraído de (GEOHUB, 2011).	25
Figura 12 – Grafo que representa o reticulado do AC implementado. Fonte: Adaptado de (GEOHUB, 2011).	26
Figura 13 – Simulação dos casos ativos de COVID-19 na região de Toronto.	32
Figura 14 – Simulação dos casos ativos de COVID-19 na região de Peel.	33
Figura 15 – Simulação dos casos ativos de COVID-19 na região de York.	35
Figura 16 – Simulação dos casos ativos de COVID-19 na região de Durham.	36
Figura 17 – Simulação dos casos ativos de COVID-19 na região de Ottawa.	38
Figura 18 – Simulação dos casos ativos de COVID-19 na região de Windsor.	39

Lista de tabelas

Tabela 1	–	Legenda dos vértices do grafo da Figura 12.	26
Tabela 2	–	Parâmetros utilizados para a região de Toronto.	31
Tabela 3	–	Parâmetros utilizados para a região de Peel.	33
Tabela 4	–	Parâmetros utilizados para a região de York.	34
Tabela 5	–	Parâmetros utilizados para a região de Durham.	36
Tabela 6	–	Parâmetros utilizados para a região de Ottawa.	37
Tabela 7	–	Parâmetros utilizados para a região de Windsor.	39

Lista de abreviaturas e siglas

AC	Autômato Celular
SIR	<i>Susceptible, Infectious and Recovered</i> (Suscetível, Infectado e Recuperado)
SEIR	<i>Susceptible, Exposed, Infectious and Recovered</i> (Suscetível, Exposto, Infectado e Recuperado)
SEIRD	<i>Susceptible, Exposed, Infectious, Recovered and Deceased</i> (Suscetível, Infectado, Recuperado e Morto)
PHU	<i>Public Health Unit</i> (Unidade de Saúde Pública)

Sumário

1	INTRODUÇÃO	9
1.1	Motivação	10
1.2	Objetivos	11
1.3	Estrutura do Documento	11
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	12
2.1	Autômatos Celulares	12
2.1.1	Espaço Celular	13
2.1.2	Vizinhança	14
2.1.3	Tratamentos de Fronteira	16
2.1.4	Regras de Transição	16
2.2	Modelos Epidemiológicos	18
2.2.1	Modelo SIR	18
2.2.2	Modelo SEIR	19
2.2.3	Modelo SEIRD	20
2.3	Trabalhos Correlatos	22
3	DESENVOLVIMENTO	24
3.1	Extração e Preparação dos Dados	24
3.2	Espaço Celular	25
3.3	Regra de Transição	27
4	RESULTADOS	31
4.1	Toronto	31
4.2	Peel	32
4.3	York	34
4.4	Durham	35
4.5	Ottawa	37
4.6	Windsor	38
5	CONCLUSÃO	41
	REFERÊNCIAS	42

1 Introdução

A propagação de doenças infecciosas, como a COVID-19, trouxe desafios significativos para a sociedade moderna, exigindo novas formas de estudo e controle de pandemias (NEGRI et al., 2020). Desde o surgimento do vírus SARS-CoV-2 em Wuhan, China, em dezembro de 2019, o mundo enfrentou uma crise de saúde pública sem precedentes. A COVID-19 rapidamente se espalhou, causando milhões de mortes e sobrecarregando sistemas de saúde em todo o mundo. O controle dessa doença envolveu a adoção de diversas medidas, como distanciamento social, uso de máscaras, desenvolvimento de vacinas e estratégias de isolamento (LANA et al., 2020). Entretanto, a complexidade de entender a dinâmica da transmissão exigiu o uso de modelos matemáticos e computacionais para simular o comportamento da doença e prever sua evolução em diferentes cenários (GHOSH; BHATTACHARYA, 2020).

A utilização de modelos computacionais para simular a propagação de doenças tem o potencial de fornecer informações cruciais para a formulação de políticas públicas e para a gestão de crises de saúde. Segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS), a modelagem epidemiológica desempenha um papel vital na antecipação de surtos e na definição de medidas de mitigação (ORGANIZATION, 2019). Além disso, estudos indicam que o uso de modelos baseados em autômatos celulares, considerados uma técnica eficiente para simulações em larga escala, pode auxiliar na compreensão de como diferentes intervenções impactam a propagação do vírus como em (CHOWDHURY; ROYCHOWDHURY; CHAUDHURI, 2022) e (JITESH, 2021). Essas simulações permitem testar o efeito de variáveis, como o distanciamento social e o uso de vacinas, ajudando a planejar respostas mais eficazes (JITESH, 2021).

Diversos trabalhos relacionados ao uso de autômatos celulares para modelar a propagação da COVID-19 já foram realizados. Em (BARRETO et al., 2024), destaca-se como a combinação de autômatos celulares e sistemas de informação geográfica pode fornecer previsões sobre a propagação espacial do vírus, analisando a dinâmica em áreas urbanas densas. Em (SCABINI et al., 2021), investiga-se a influência de diferentes camadas de interação social na propagação da doença no Brasil, utilizando autômatos celulares acoplados a redes complexas. Um estudo do impacto do isolamento social é apresentado em (SCHIMIT, 2021), mostrando que o modelo pode prever como políticas de distanciamento retardam o pico de infecções.

O objetivo deste trabalho é desenvolver um modelo de propagação de casos de COVID-19, baseado em autômato celular, apresentado em (DAVIDSON; WAINER, 2021). Nesse modelo, cada célula do autômato celular representa uma região de Ontário, com

suas respectivas populações, e a vizinhança entre as regiões é modelada por meio de um grafo. A abordagem implementada é baseada em um modelo epidemiológico SEIRD, onde cada indivíduo da população pode assumir os seguintes estados: suscetível, exposto, infectado, recuperado e morto. Este modelo permite a simulação da propagação da COVID-19 em diferentes cenários e a avaliação de intervenções, como *lockdowns*, visando fornecer previsões e auxiliar no planejamento de ações para o controle da doença. Experimentos foram realizados a fim de avaliar a qualidade do modelo desenvolvido com base na sua capacidade de estimar a evolução do número de casos da doença em diferentes cenários. Comparando os resultados das simulações com dados epidemiológicos reais, no geral, o modelo foi capaz de reproduzir satisfatoriamente a dinâmica de evolução da doença na maioria das regiões investigadas.

Esse modelo foi implementado em Python. Essa linguagem foi escolhida por ser amplamente utilizada e por possuir suporte a uma grande variedade de bibliotecas, que facilitaram tanto a etapa de desenvolvimento, quanto a análise dos resultados experimentais (FOUNDATION, 2024).

1.1 Motivação

Modelos de simulação são uma ferramenta importante para pesquisas e estudos que cobrem diversos setores, por exemplo, na modelagem de dinâmica de pedestres (SILVA et al., 2024), do espalhamento do fogo em incêndios florestais (MURILO; OLIVEIRA; MARTINS, 2024), da propagação de vetores de doenças (FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021), entre outros. Esse tipo de modelo permite analisar a dinâmica de um sistema e auxiliar na tomada de decisões em cenários reais a partir de dados simulados. Essa abordagem é comumente aplicada em estudos de sistemas epidemiológicos como em (PEREIRA; SCHIMIT, 2018), (MONTEIRO; OLIVEIRA; CHAUÍ-BERLINCK, 2009) e (SCHIMIT, 2021). Esse tipo de modelo pode ser empregado para simular pandemias e avaliar a efetividade de medidas de prevenção e controle, auxiliando na elaboração de estratégias e políticas para melhorar o sistema de saúde pública.

Modelos epidemiológicos contribuem significativamente para o estudo da dinâmica de epidemias. Porém, a construção desse modelo pode ser uma tarefa complexa, considerando que a representação das interações entre os elementos modelados e a escolha de parâmetros que sejam capazes de produzir o comportamento observado nos dados coletados é um grande desafio (GHOSH; BHATTACHARYA, 2020). Nesse contexto, os autômatos celulares (AC) são uma opção interessante para a modelagem de estudos epidemiológicos, visto que são capazes de representar fenômenos complexos a partir de computações simples e interações locais entre seus agentes, como ocorre na proliferação de uma doença.

1.2 Objetivos

O objetivo principal deste projeto é desenvolver um modelo baseado em um autômato celular capaz de simular a dinâmica de disseminação da COVID-19, de acordo com a política de restrição de movimento adotada nas regiões monitoradas. Durante a pesquisa, pretende-se alcançar os seguintes objetivos específicos:

- Estudar o modelo de simulação proposto em (DAVIDSON; WAINER, 2021), a fim de entender como o autômato celular é usado para representar a disseminação da COVID-19;
- Desenvolver um autômato celular baseado no modelo investigado que seja capaz de reproduzir a dinâmica de casos da COVID-19 presentes nos dados reais da doença;
- Validar a eficiência do modelo implementado por meio de uma análise comparativa entre os resultados das simulações, os dados apresentados no artigo original e os dados reais da doença para as regiões do Canadá investigadas.

1.3 Estrutura do Documento

O restante do documento está organizado da seguinte forma:

- No Capítulo 2, é apresentado o embasamento teórico sobre autômatos celulares, explicando os conceitos básicos sobre o tema e suas peculiaridades para um melhor entendimento do assunto. Nesse capítulo, também são descritos brevemente alguns trabalhos da literatura relacionados ao tema;
- No Capítulo 3, é descrito o modelo implementado, apresentando detalhes do seu desenvolvimento;
- No Capítulo 4, são apresentados os resultados dos experimentos e as análises realizadas na validação do modelo;
- No Capítulo 5, são discutidas as considerações finais sobre o trabalho realizado e sugeridos possíveis trabalhos futuros, visando aprimorar o modelo atual.

2 Fundamentação Teórica

Autômatos celulares são uma abordagem eficiente para modelar a propagação de doenças, pois permitem simular a interação entre indivíduos em um espaço discreto, considerando regras locais para determinar o estado de cada célula ao longo do tempo. Essa estrutura facilita a representação de como uma infecção pode se espalhar em uma população.

Modelos epidemiológicos são ferramentas matemáticas utilizadas para descrever e prever o comportamento de doenças infecciosas. Existem diversos modelos, sendo o modelo SIR (Suscetível, Infectado e Recuperado) um dos mais conhecidos. Outros modelos, como SEIR (que inclui a fase Exposta), também são amplamente utilizados, dependendo das características da doença analisada.

2.1 Autômatos Celulares

Autômatos Celulares (AC) são sistemas dinâmicos discretos que se baseiam em um arranjo espacial de células, denominado espaço celular ou reticulado, onde cada célula assume um valor de um conjunto de estados possíveis e evolui ao longo do tempo em função de regras de transição locais que levam em consideração o estado atual da célula e de suas vizinhas. O espaço celular e a regra de transição de um AC são definidos de forma que o sistema funcione como um autômato finito, sendo uma abordagem que permite a simulação de comportamentos complexos e emergentes a partir de regras simples (WOLFRAM, 1984).

O conceito de autômatos celulares foi introduzido por John von Neumann e Stanislaw Ulam na década de 1940, enquanto eles pesquisavam em automação e auto-replicação (NEUMANN; BURKS, 1966). Posteriormente, nos anos 1970, o cientista Stephen Wolfram estudou profundamente as propriedades computacionais dos autômatos celulares, aplicando-os na modelagem de sistemas complexos, como a dinâmica de flúidos e sistemas biológicos (WOLFRAM, 1984).

Desde então, autômatos celulares têm sido aplicados em diversas áreas da ciência, como física, biologia e ciência da computação, e são amplamente utilizados para simular fenômenos como propagação de incêndios (MURILO; OLIVEIRA; MARTINS, 2024), crescimento de tumores (MARZULI; PEIXOTO, 2007) e modelos epidemiológicos (GOMES et al., 2019). Esses avanços ocorreram devido ao aumento do poder computacional e ao desenvolvimento de novas técnicas de simulação, que permitem criar sistemas mais realistas e em maior escala (GOMES et al., 2019).

Um exemplo clássico de autômatos celulares é o Jogo da Vida, de John Conway, que utiliza regras simples para demonstrar a complexidade emergente. Outro exemplo são os autômatos celulares aplicados à modelagem de crescimento de florestas e à análise da propagação de doenças, onde os estados das células representam, por exemplo, indivíduos saudáveis, infectados e recuperados (TOFFOLI, 1977).

2.1.1 Espaço Celular

Tipicamente, as células de um autômato celular (AC) podem assumir diferentes geometrias regulares (ex: triangular, quadrangular, hexagonal, etc.), como ilustrado na Figura 1, e são organizadas em estruturas espaciais (reticulados) de diferentes dimensões, como mostrado na Figura 2. O reticulado de um AC pode ser composto por células com qualquer forma geométrica regular, desde que a soma dos ângulos internos não ultrapasse 360° . Entretanto, a forma quadrangular é a mais comumente utilizada na literatura.

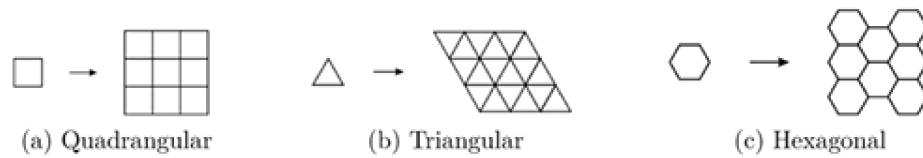


Figura 1 – Geometrias possíveis para as células de um AC: (a) quadrangular, (b) triangular e (c) hexagonal. Fonte: Extraído de (CASTRO; LIMA, 2013).

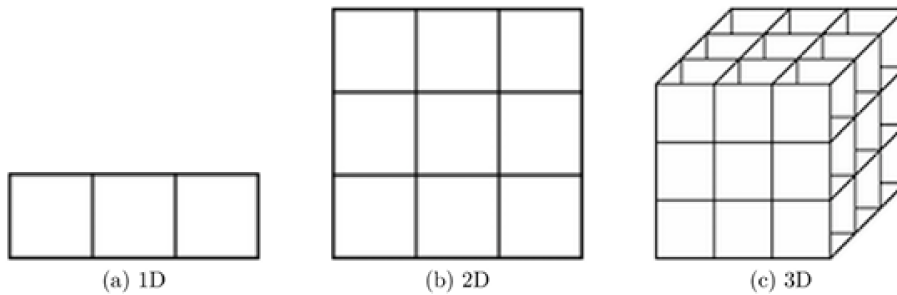


Figura 2 – Exemplos de reticulados de um AC: (a) unidimensional, (b) bidimensional e (c) tridimensional. Fonte: Extraído de (FRAGA et al., 2021).

Um AC também pode assumir a forma de um grafo, normalmente não direcionado, para representar um reticulado irregular, no qual cada célula possui uma quantidade diferente de vizinhos. Nesse caso, o espaço celular é representado por um grafo $G = (V, E)$, onde o conjunto de vértices V representam as células do AC e o conjunto de arestas E representam as vizinhanças existentes, ou seja, se duas células v_i e v_j (v_i e v_j pertencem a V) são vizinhas, então existe uma aresta e_{ij} em E . A Figura 3 ilustra esse tipo de representação.

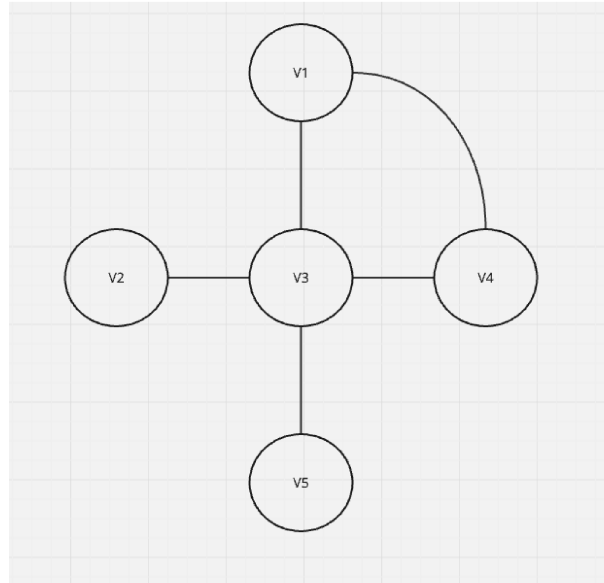


Figura 3 – Exemplo de AC na forma de grafo com vértices representados por v1, v2, v3, v4 e v5 e arestas representadas pelas ligações. Fonte: do Autor.

Como pode ser observado, o reticulado do AC apresentado na Figura 3 é formado por 5 células organizadas espacialmente (v1, v2, v3, v4 e v5), cada qual com sua vizinhança determinada pelas arestas ligadas a ela. Por exemplo, a vizinhança da célula v1 é formada por ela mesma e pelas células v3 e v4. Já a vizinhança de v3 é formada por ela mesma e pelas células v1, v2, v4 e v5.

2.1.2 Vizinhança

Em reticulados regulares, todas as células possuem o mesmo tamanho de vizinhança (quantidade de células vizinhas), o qual é determinado pela dimensão do reticulado, o número de lados da forma geométrica adotada e o raio de alcance da vizinhança (R).

Em um AC unidimensional, o formato das células não tem influência na vizinhança, dado que elas são dispostas em um arranjo linear e apenas dois lados são considerados (esquerda e direita). Portanto, a vizinhança é determinada em função do raio de alcance, que determina quantas células serão consideradas vizinhas de cada lado da célula central ($2R+1$), como apresentado na Figura 5. Por exemplo, ao considerar um raio de alcance igual a 1 (Figura 4a), a vizinhança é formada pela célula central (em preto) e suas vizinhas imediatas à direita e à esquerda (em cinza), totalizando 3 células. Já em um AC de raio 2 (Figura 4b), a vizinhança é formada por 5 células: a central, 2 vizinhas à esquerda e 2 vizinhas à direita.

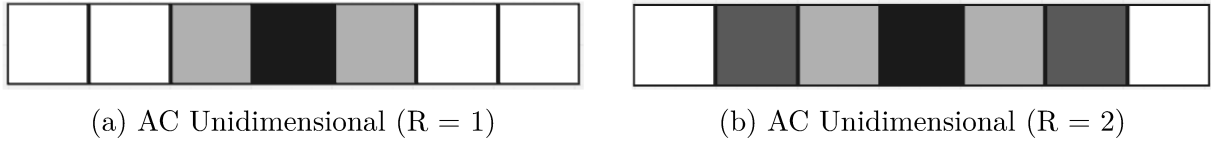


Figura 4 – Vizinhança de um AC unidimensional em função do raio R . Adaptado de (FRAGA et al., 2021).

Em reticulados com 2 ou mais dimensões, a forma geométrica também influencia no tamanho da vizinhança, já que todos os lados passam a ser considerados. Em ACs bidimensionais, dois tipos de vizinhança são amplamente adotadas: von Neumann e Moore. Essas vizinhanças definem como a célula central interage com as células adjacentes para determinar seu próximo estado. A vizinhança de von Neumann considera as quatro direções cardeais, enquanto a vizinhança de Moore considera as direções cardeais e diagonais. Dessa forma, em um AC 2D com raio 1, a vizinhança de von Neumann (Figura 5a) é formada por 5 células, contemplando a célula central e suas quatro adjacentes (esquerda, direita, acima e abaixo). Considerando o mesmo reticulado e raio, a vizinhança de Moore (Figura 5c) é composta por todas as células adjacentes ao redor da célula central, totalizando nove células. Ao aumentar o raio de alcance ($R = 2$), também há um aumento proporcional das células vizinhas, como mostrado nas Figuras 5b e 5d.

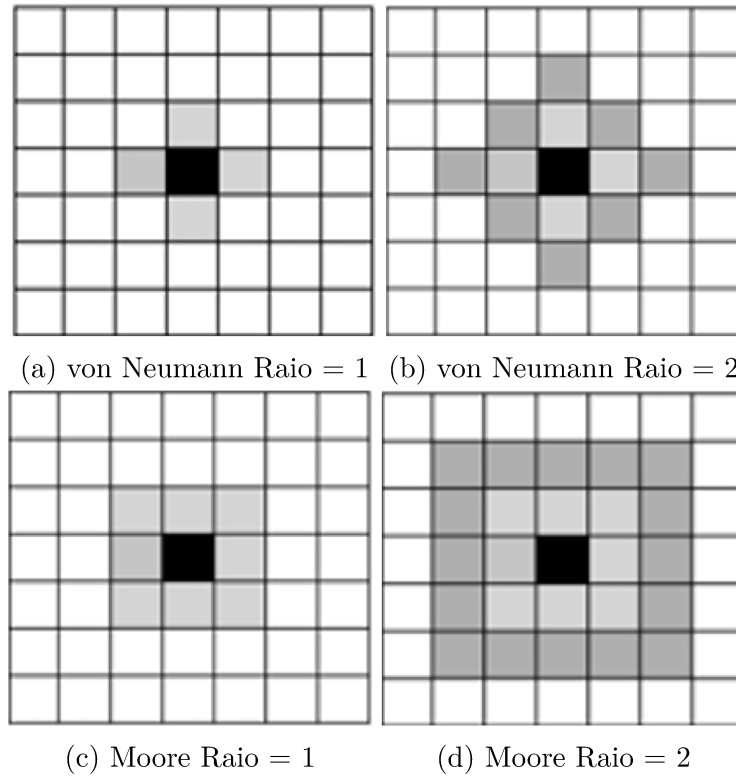


Figura 5 – Vizinhança de um AC bidimensional em função do tipo de vizinhança e do Raio. Adaptado de (FRAGA et al., 2021).

2.1.3 Tratamentos de Fronteira

Como um AC possui tamanho finito, é necessário definir como serão tratadas as células nas bordas do reticulado, uma vez que elas não possuem a mesma quantidade de vizinhas das demais células. Nesses casos, é necessária a adoção de alguma estratégia para complementar a vizinhança dessas células. A Figura 6 ilustra as três estratégias de tratamento das células de fronteira comumente empregadas: periódica, reflexiva e fixa (FRAGA et al., 2021).

A estratégia periódica conecta as extremidades do reticulado, criando um comportamento cíclico. Dessa forma, as células na borda esquerda se tornam vizinhas daquelas na borda direita. Por exemplo, no reticulado 1D de raio 1 apresentado na Figura 6a, formado pelas células em cinza, a célula 1 (mais a esquerda) se torna vizinha da célula 5 (mais a direita), complementando a vizinhança necessária para o cálculo de seus estados no próximo instante de tempo (células em branco). Na estratégia reflexiva, a vizinhança é complementada a partir da replicação dos estados das células das bordas, como ilustrado na Figura 6b. Já na estratégia fixa (Figura 6c), valores arbitrários são definidos para complementar a vizinhança das células de borda, podendo permanecer constantes durante toda a execução ou variar a cada passo de evolução (iteração) do AC (PASCOAL, 2005).

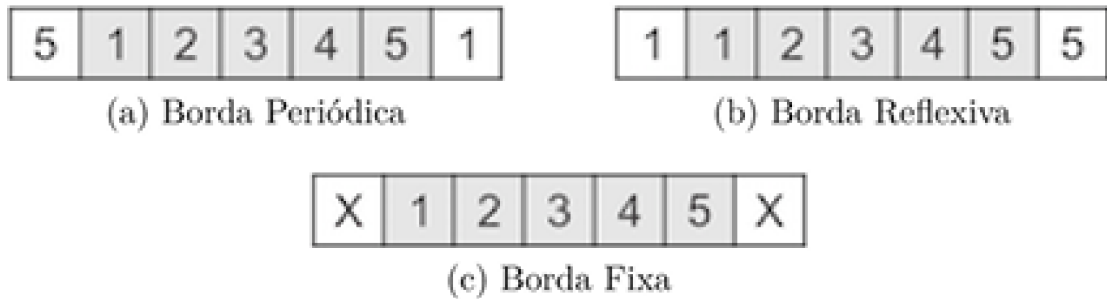


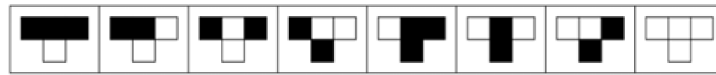
Figura 6 – Condição de fronteira periódica: (a) borda periódica; (b) borda reflexiva; (c) borda fixa. Fonte: Extraído de (FRAGA et al., 2021).

2.1.4 Regras de Transição

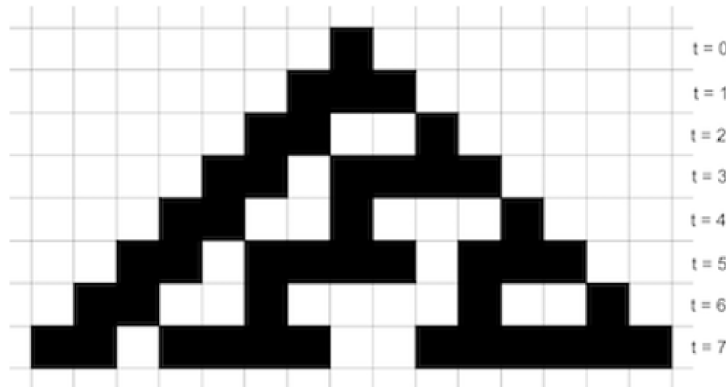
Um dos elementos principais do projeto de um AC é sua regra de transição. Ela é responsável pela computação local dos agentes do autômato, ou seja, pela mudança dos estados das células do reticulado ao longo do tempo. Em outras palavras, a regra de transição é utilizada para determinar o próximo estado de cada célula (instante $t+1$) em função do seu valor atual e de suas vizinhas (instante t). Portanto, a computação emergente do AC é diretamente influenciada por sua regra de transição e pode variar de acordo com a configuração do reticulado inicial (valores das células no instante $t = 0$), ou seja, diferentes condições iniciais podem levar a comportamentos distintos (LIMA, 2012).

A regra de transição é aplicada de maneira uniforme a todas as células do reticulado em intervalos discretos (passo iterativo do AC). Entretanto, seu efeito sobre o reticulado pode variar de acordo com seu tipo: determinística ou probabilística (LIMA, 2012).

Em uma regra de transição determinística, cada possível vizinhança (combinação dos estados das células) sempre resulta no mesmo valor para a célula central, portanto, conhecendo o estado da célula central e de sua vizinhança, é possível prever exatamente o próximo estado (LIMA, 2012). A Figura 7a mostra uma regra de transição determinística de um AC elementar (reticulado unidimensional, estados binários e vizinhança de raio 1), enquanto a Figura 7b ilustra sua aplicação ao longo de 7 passos do AC, considerando um reticulado inicial ($t = 0$), onde a célula mais central está no estado 1 (em preto) e as demais no estado 0 (em branco). Neste exemplo, a evolução das células depende tanto do estado da célula central quanto do estado das suas vizinhas imediatas (à esquerda e à direita), totalizando 3 células. Portanto, por se tratar de um AC binário (apenas 2 estados), a regra de transição contempla 8 possibilidades de vizinhança ($2^3 = 8$), como ilustrado na Figura 7a. Em outras palavras, quando a célula central e todas as suas vizinhas estão no estado 1 (preto), a célula central mudará para o estado 0 (branco), no próximo passo de tempo. De maneira semelhante, se a célula central e a vizinha à esquerda forem pretas, enquanto a vizinha à direita for branca, a célula central também se tornará branca no próximo passo. Portanto, a regra determina um valor específico para a célula central para todas as possíveis configurações de vizinhança, o qual permanecerá o mesmo durante toda a execução do AC.



(a) Regra de transição determinística.



(b) Evolução do AC por 7 passos de tempo.

Figura 7 – Regra de transição determinística e sua aplicação na evolução de um AC elementar. Fonte: Extraído de (FRAGA et al., 2021).

Diferentemente das determinísticas, as regras probabilísticas introduzem aleatoriedade na transição de estados. Portanto, mesmo considerando o mesmo reticulado inicial,

podem surgir diferentes evoluções ao longo do tempo. Isso as torna particularmente úteis para simular fenômenos biológicos e naturais, como na modelagem da disseminação de doenças infecciosas, os quais apresentam comportamentos que variam de acordo com alguns fatores estocásticos, como a taxa de contaminação ([JITHESH, 2021](#)).

2.2 Modelos Epidemiológicos

Modelos epidemiológicos são representações matemáticas que descrevem a dinâmica de doenças infecciosas em uma população. Esses modelos utilizam variáveis como taxas de transmissão e recuperação para prever a propagação de doenças, quantificando o número de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados ao longo do tempo.

A formulação de modelos epidemiológicos remonta aos trabalhos de Ronald Ross e William Hamer no início do século XX. Desde então, esses modelos vem evoluindo, buscando refinar a representação da dinâmica das doenças por meio da inclusão de novas informações como grupos etários, mobilidade e intervenções externas, como vacinas. Com o avanço da computação, modelos mais complexos e personalizados, incluindo autômatos celulares e redes complexas, tornaram-se viáveis, permitindo simulações mais precisas em cenários de pandemia ([BRAUER, 2017](#)).

O modelo SIR (Suscetível, Infectado e Recuperado) é um dos mais conhecidos e fornece uma base para outros modelos mais complexos ([KERMACK; MCKENDRICK, 1927](#)). Além do modelo SIR básico, foram propostas variações que incorporam estágios adicionais de evolução da doença (ex: período de incubação e mortalidade). Uma breve descrição das principais variantes presentes na literatura é apresentada a seguir.

2.2.1 Modelo SIR

O Modelo SIR (Suscetível, Infectado e Recuperado) é amplamente utilizado na epidemiologia para descrever a propagação de doenças infecciosas em uma população. Ele foi inicialmente proposto por Kermack e McKendrick em 1927 e tem servido como base para diversos avanços na área de epidemiologia, ajudando a prever surtos e entender melhor a dinâmica de doenças infecciosas ([ANDERSON, 1991](#)). Vários estudos têm aplicado para analisar surtos de doenças como gripe, sarampo e, mais recentemente, COVID-19 ([KERMACK; MCKENDRICK, 1927](#)).

Em um modelo SIR, os indivíduos da população são categorizados nos seguintes estados:

- **Suscetíveis (S):** quantidade de indivíduos que ainda não foram expostos ao vírus e são suscetíveis à infecção. Inicialmente, a maioria da população pertence a este grupo;

- **Infectados (I)**: quantidade de indivíduos atualmente infectados, capazes de transmitir a doença;
- **Recuperados (R)**: quantidade de indivíduos que se recuperaram, adquirindo imunidade, ou faleceram devido à doença. Em ambos os casos, os indivíduos não podem mais transmiti-la, nem serem novamente infectados.

A dinâmica do modelo SIR, ilustrada na Figura 8, pode ser descrita pelo seguinte sistema de equações diferenciais:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} \quad (2.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I \quad (2.2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (2.3)$$

onde:

- β representa a taxa de transmissão;
- γ é a taxa de recuperação;
- N é o tamanho total da população.

O modelo permite prever o comportamento da doença ao longo do tempo, identificar o pico das infecções e o ponto em que a imunidade coletiva é alcançada. Ele pode ser estendido para incluir intervenções, como vacinação e isolamento social (MAY; ANDERSON, 1991).

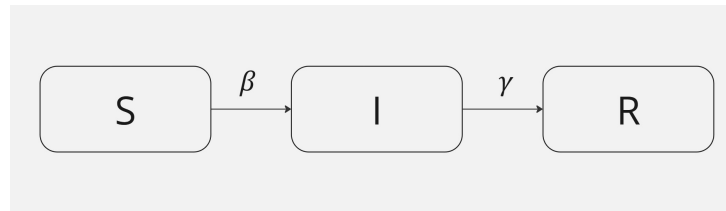


Figura 8 – Diagrama de transição de um modelo SIR. Fonte: Adaptado de (PASSARELLA, 2020).

2.2.2 Modelo SEIR

Muitas doenças infecciosas possuem um período de incubação antes que os infectados se tornem contagiosos. O Modelo SEIR, uma extensão do SIR, introduz o estado **Expostos (E)**, representando indivíduos infectados, mas não contagiosos.

Com a introdução desse novo estado, a dinâmica de um modelo SEIR passa a ser descrita pelas seguintes equações diferenciais:

$$\frac{dS}{dt} = (1 - S)\mu - \beta \frac{IS}{N} \quad (2.4)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta \frac{IS}{N} - (\sigma + \mu)E \quad (2.5)$$

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - (\gamma + \mu)I \quad (2.6)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \quad (2.7)$$

onde:

- μ representa a taxa de nascimento/morte natural;
- σ é o inverso do período de incubação.

sendo p a probabilidade de transmissão por contato; e n o número médio de contatos interpessoais diários.

A taxa básica de reprodução (R_0) para esse modelo é:

$$R_0 = \frac{\sigma}{\sigma + \mu} \times \frac{\beta}{\gamma + \mu} \quad (2.8)$$

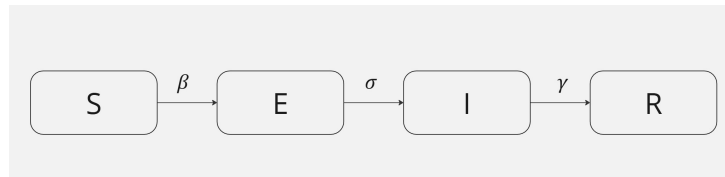


Figura 9 – Diagrama de transição de um modelo SEIR. Fonte: Adaptado de (PASSARELLA, 2020).

2.2.3 Modelo SEIRD

Em doenças com alta mortalidade, é necessário incluir um estado que represente os óbitos no modelo. Essa variação é conhecida como modelo SEIRD, onde o D é o componente de mortalidade do sistema, conforme ilustrado na Figura 10.

A representação de um modelo SEIRD é dada pelas seguintes equações diferenciais:

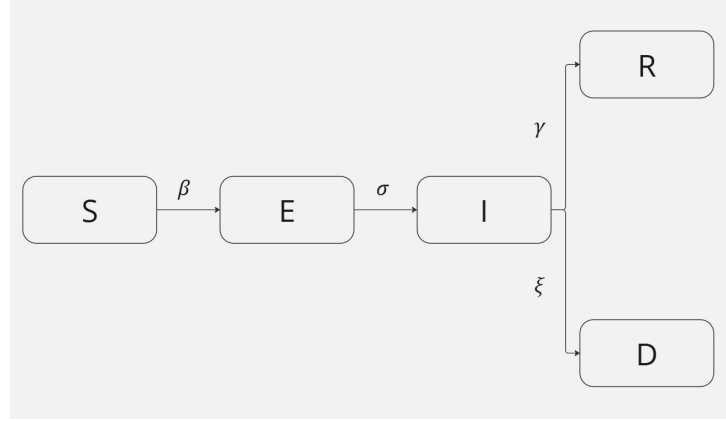


Figura 10 – Diagrama de transição de um modelo SEIRD. Fonte: Adaptado de (PASSARELLA, 2020).

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{IS}{N} \quad (2.9)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta \frac{IS}{N} - \sigma E \quad (2.10)$$

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - (1 - \alpha)\gamma I - \alpha\lambda I \quad (2.11)$$

$$\frac{dR}{dt} = (1 - \alpha)\gamma I + \alpha(1 - \xi)\lambda I \quad (2.12)$$

$$\frac{dD}{dt} = \alpha\xi\lambda I \quad (2.13)$$

Além dos parâmetros descritos nos modelos anteriores, o SEIRD introduz as seguintes constantes:

- α : taxa de hospitalização;
- λ : tempo médio de permanência hospitalar;
- ξ : taxa de mortalidade hospitalar.

A população total (N) é constante e representa a soma dos indivíduos em cada estado do modelo, como segue:

$$N = S + E + I + R + D \quad (2.14)$$

A taxa básica de reprodução no modelo SEIRD é dada por:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (2.15)$$

2.3 Trabalhos Correlatos

Desde a pandemia de COVID-19, diversas pesquisas vem investigando diferentes modelos epidemiológicos a fim de estimar as taxas de transmissão e prever a efetividade de medidas de contenção (ZHANG et al., 2020), sendo alguns deles descritos a seguir:

Sree e Nedunuri (2020) apresentaram um classificador HNLCA, que integra autômatos celulares e técnicas de aprendizado de máquina para previsão de casos e mortes da doença. O modelo obteve uma precisão de 78,8%, demonstrando sua capacidade de previsão eficiente em cenários dinâmicos e com múltiplas variáveis, como a propagação do vírus.

Dascălu et al. (2020) integraram autômatos celulares com agentes autônomos, utilizando variáveis como topografia, temporizadores e controle global para modelar a evolução da pandemia. A pesquisa permitiu testar diferentes estratégias de intervenção, mostrando como esses modelos podem ser utilizados para prever o impacto de medidas de controle, como restrições de mobilidade.

Jithesh (2021) propôs um modelo epidemiológico baseado em AC probabilístico que considera os estados Suscetível, Exposto, Latente, Infectado, Tratamento, Recuperado, Vacinado. A regra de transição implementada no modelo é capaz de tratar fenômenos como *lockdown*, migração e vacinação. O estudo demonstrou uma boa correspondência com os dados da Índia, e os resultados ajudaram a validar intervenções como o isolamento social e a vacinação precoce como estratégias eficazes de controle da propagação do vírus.

Podolski e Nguyen (2021) apresentaram um modelo SIR combinado com autômatos celulares, aplicados a distritos da Polônia. O modelo incorporou variáveis importantes, como idade, gênero e o uso de máscaras. Os autores observaram que o modelo teve um desempenho significativamente melhor em regiões com alta incidência de casos, o que indica a importância desses fatores para a evolução da pandemia.

Vyklyuk et al. (2021) utilizaram um sistema multiagente modificado baseado no modelo SIR, que incorporou fatores sociais e geográficos para avaliar cenários de quarentena em países como Ucrânia e Turquia. Os resultados revelaram a complexidade das interações sociais e geográficas na propagação da COVID-19 e a eficácia das medidas de quarentena nesses contextos.

Lima e Atman (2021) modelaram eventos de espalhamento em massa (*superspreading*) usando autômatos celulares probabilísticos e dinâmica SIR, demonstrando que a redução de mobilidade tem um impacto significativo na rede de transmissão do vírus. Os autores também discutem como a identificação de *superspreaders* pode ser crucial para controlar a disseminação do vírus.

Davidson e Wainer (2021) empregaram um automato celular determinístico base-

ado em grafo, chamado Cell-DEVS, para simular a propagação da COVID-19 em Ontário, levando em consideração fatores como a mobilidade entre as regiões vizinhas, desobediência social e variação na letalidade do vírus. A pesquisa mostrou como esses fatores podem influenciar a propagação da pandemia e a eficácia das medidas de controle. Nosso trabalho consiste na implementação e estudo desse modelo e, portanto, ele será melhor detalhado no próximo capítulo.

Lima (2022) desenvolveu um autômato celular estocástico para estimar a imunidade coletiva, considerando diferentes taxas de imunização inicial. A pesquisa apresentou um valor médio de imunidade estimado em 57,71%, demonstrando como variações nos níveis de imunização podem impactar na dinâmica de propagação do vírus em uma população.

Chowdhury, Roychowdhury e Chaudhuri (2022) aplicaram um modelo SEIR baseado em autômatos celulares, utilizando uma vizinhança probabilística dependente da distância. O modelo foi ajustado para capturar as duas primeiras ondas da COVID-19 na Índia e os resultados evidenciaram a relevância dessa abordagem para simular de maneira mais realista a propagação do vírus.

Ruhomally et al. (2022) combinaram autômatos celulares com equações diferenciais para modelar medidas de controle, como rastreamento de contatos, quarentena e zonas vermelhas nas Ilhas Maurício. Os resultados mostraram que essas intervenções são eficazes na redução do valor básico de reprodução, R_0 , indicando a eficácia de estratégias de contenção em contextos específicos.

3 Desenvolvimento

Neste capítulo, será apresentado o modelo proposto por (DAVIDSON; WAINER, 2021), que utiliza uma abordagem baseada em informações geográficas para simular a propagação da COVID-19. O modelo é uma extensão do modelo SEIRD (Suscetível, Exposto, Infectado, Recuperado e Morto) que incorpora fatores como restrições de movimento, incubação da doença, desobediência às diretrizes de saúde pública baseada na faixa etária e taxa de fatalidade. O modelo é implementado permite a simulação de sistemas discretos baseados em células. Também serão descritas em detalhes algumas decisões de projeto adotadas durante o desenvolvimento da nossa versão do modelo.

O código-fonte correspondente à implementação do modelo proposto neste trabalho encontra-se disponível publicamente no repositório: <https://github.com/AlexCamposs/Simulacao_COVID19_Automato/>.

3.1 Extração e Preparação dos Dados

O modelo foi desenvolvido e configurado a partir de informações demográficas, geográficas e dados públicos sobre os casos da doença.

Os dados geográficos foram obtidos a partir do mapa com as 34 regiões da província de Ontário, fornecido em (GEOHUB, 2011). Cada região possui sua unidade pública de saúde (PUH) e será tratada como uma célula do autômato celular. Os dados demográficos de cada região do mapa foram retirados de (Association of Local Public Health Agencies (alPha), 2021), enquanto as informações dos novos casos de COVID-19 por PUH, durante o período de 01/01/2020 e 01/10/2020, foram extraídos de (ONTARIO, 2020).

Como os dados reais fornecidos pelo governo são de novos casos de Covid-19 e a simulação utiliza de casos ativos da doença, é considerada uma janela de 10 dias (tempo médio de recuperação) para representar os casos ativos considerando os novos casos. Ou seja, no dia 10, os casos ativos serão o somatório dos novos casos do dia 1 ao 10, no dia 11, os casos ativos serão o somatório dos novos casos do dia 2 ao 11, e assim por diante.

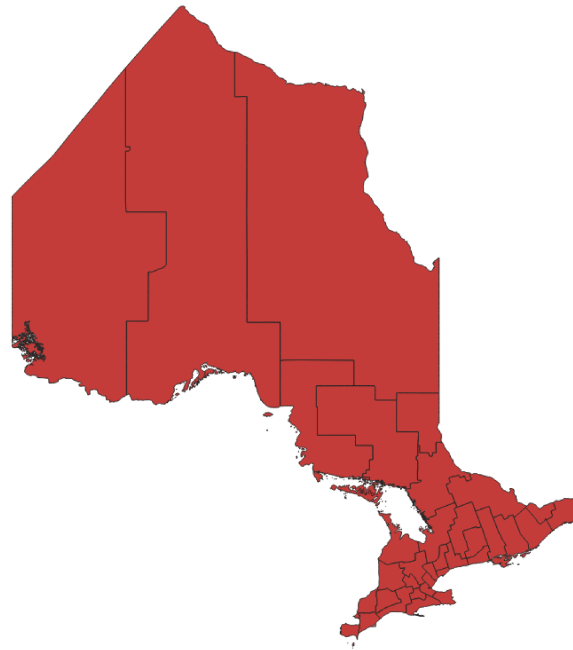


Figura 11 – Mapa da província de Ontário. Fonte: Extraído de ([GEOHUB, 2011](#)).

Os dados da faixa etária não foram encontrados, nem informados no artigo original, portanto, a desobediência às diretrizes de saúde pública baseada na faixa etária não foi implementada neste trabalho.

3.2 Espaço Celular

O modelo proposto por ([DAVIDSON; WAINER, 2021](#)) é um modelo epidemiológico SEIRD baseado em autômato celular que considera a dinâmica espacial da propagação da doença, utilizando uma abordagem baseada em células geográficas organizadas em um grafo, como ilustrado na Figura 12. Cada célula (nó ou vértice do grafo) representa uma região de unidade de saúde pública (PHU) da província de Ontário, e as interações entre as células (arestas do grafo) são definidas com base na proximidade geográfica e na densidade populacional das regiões. Portanto, as arestas representam a relação de vizinhança entre as células e são usadas para modelar a transmissão da doença entre regiões (fator de correlação entre células vizinhas).

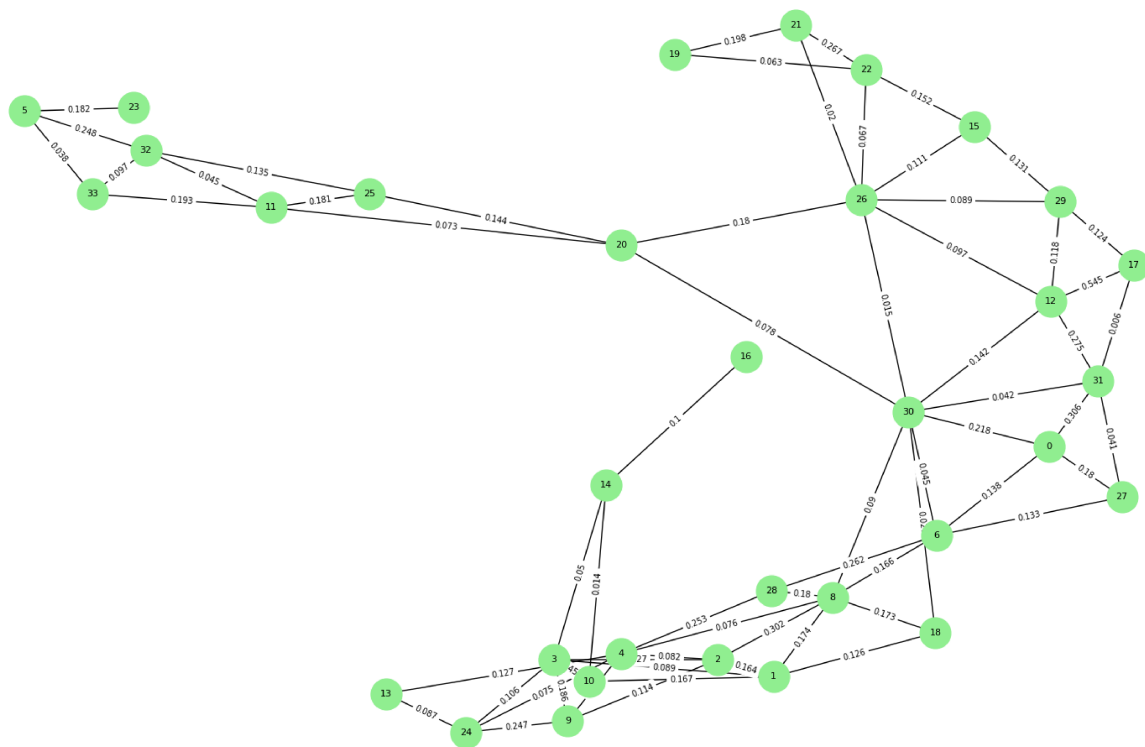


Figura 12 – Grafo que representa o reticulado do AC implementado. Fonte: Adaptado de ([GEOHUB, 2011](#)).

Nº	Unidade	Nº	Unidade
0	York Region Public Health	17	Peterborough Public Health
1	Huron Perth Health Unit	18	Grey Bruce Health Unit
2	Waterloo Public Health	19	Eastern Ontario
3	Southwestern Public Health	20	North Bay Parry Sound
4	Hamilton Public Health	21	Ottawa Public Health
5	Thunder Bay District	22	Leeds, Grenville and Lanark
6	Peel Public Health	23	Northwestern Health
7	Lambton Public Health	24	Haldimand-Norfolk
8	Wellington-Dufferin-Guelph	25	Timiskaming
9	Brant County Health	26	Renfrew County
10	Middlesex-London	27	Toronto Public Health
11	Sudbury and District	28	Halton Region Health
12	Haliburton, Kawartha, Pine Ridge	29	Hastings and Prince Edward
13	Niagara Region	30	Simcoe Muskoka District
14	Chatham-Kent Health Unit	31	Durham Region Health
15	Kingston, Frontenac, Lennox...	32	Porcupine
16	Windsor-Essex	33	Algoma Public Health

Tabela 1 – Legenda dos vértices do grafo da Figura 12.

Cada célula no modelo possui um conjunto de vizinhos, definidos com base na proximidade geográfica. Como uma região pode possuir um ou mais vizinhos, foi imple-

mentado um reticulado representado por um grafo, no qual cada célula possui um vetor de vizinhos. Ou seja, o reticulado implementado não segue a representação mais comumente empregada em ACs bidimensionais (matrizes). A influência de uma célula sobre suas vizinhas é determinada por um fator de correlação geográfica (c_{ij}), que leva em consideração o comprimento da fronteira compartilhada entre as regiões. Esse fator de correlação é utilizado para calcular a força da interação entre as células.

A correlação geográfica entre duas regiões i e j é calculada com base no comprimento da fronteira compartilhada entre elas. O peso da correlação c_{ij} entre as essas regiões é dado pela média dos pesos normalizados pelo perímetro de cada região. A equação abaixo descreve o cálculo do peso de correlação:

$$c_{ij} = \frac{1}{2} \left(\frac{L_{ij}}{P_i} + \frac{L_{ij}}{P_j} \right) \quad (3.1)$$

Sendo P_k o perímetro total da região k , com $k \in \{i, j\}$, e L_{ij} o comprimento da fronteira compartilhada entre as regiões i e j , este é calculado a partir da interseção geométrica entre as duas regiões, conforme descrito a seguir:

$$L_{ij} = \text{length}(P_i \cap P_j) \quad (3.2)$$

Assim, o peso de correlação c_{ij} reflete a influência relativa que uma região tem sobre a outra, com base na proximidade geográfica e no comprimento da fronteira compartilhada.

Cada região possui sua respectiva população, no qual cada indivíduo pode estar em um dos estados SEIRD (suscetível, exposto, infectado, recuperado ou morto). Por exemplo, dada uma região com 100 indivíduos, 50% da população pode ser suscetível, 10% estarem expostos, 15% infectados, 20% recuperados e 5% mortos. Portanto cada célula do autômato pode possuir simultaneamente todos os estados, os quais estarão presentes em uma parcela de sua população.

3.3 Regra de Transição

As transições entre os estados do modelo são definidas pelo conjunto de equações diferenciais SEIRD, que descrevem como os indivíduos se movem entre os compartimentos ao longo do tempo. As principais transições são:

- **Suscetível para Exposto ($S \rightarrow E$):** Um indivíduo suscetível pode se tornar exposto ao entrar em contato com indivíduos infectados. A taxa de exposição é proporcional à taxa de transmissão β e à proporção de indivíduos infectados na população.

Assim, a quantidade da população exposta a cada passo do AC (ΔE) pode ser inicialmente modelada como:

$$\Delta E = \beta \frac{SI}{N} \quad (3.3)$$

sendo, S o número de suscetíveis, I o número de infectados e N a população total. O modelo também considera o efeito dos vizinhos (mobilidade regional) e a possível redução da transmissão devido a restrições de movimento, como segue:

$$\Delta E = \beta \frac{SI}{N} + \sum_j c_j \beta \frac{SI_j}{N_j} \quad (3.4)$$

onde c_j representa o fator de correlação com a região vizinha j .

Adicionalmente, caso a região esteja sob restrição de movimento, a taxa efetiva de exposição passa a ser reduzida por um fator f_r , resultando no seguinte cálculo:

$$\Delta E = f_r \times \left(\beta \frac{SI}{N} + \sum_j c_j \beta \frac{SI_j}{N_j} \right) \quad (3.5)$$

- **Exposto para Infectado ($E \rightarrow I$):** Após um período de incubação médio (T_e), indivíduos expostos tornam-se infectados. A quantidade de pessoas infectadas por região a cada passo do AC (ΔI) é diretamente afetada pela taxa de incubação σ , como segue:

$$\Delta I = \sigma E \quad (3.6)$$

A taxa de incubação corresponde ao inverso do tempo médio de incubação ($\sigma = \frac{1}{T_e}$).

No modelo implementado, foi considerado o mesmo valor indicado no artigo original para o tempo médio de incubação ($T_e = 5,4$ dias).

- **Infectado para Recuperado ($I \rightarrow R$):** Os indivíduos infectados podem se recuperar da doença com uma taxa de recuperação γ . Portanto, a quantidade de pessoas recuperadas a cada passo do AC (ΔR) é definida por:

$$\Delta R = \gamma I \quad (3.7)$$

A taxa de recuperação γ corresponde ao inverso do tempo médio de recuperação ($\gamma = \frac{1}{T_r}$). Esse parâmetro também foi configurado com o mesmo valor descrito por [Davidson e Wainer \(2021\)](#) ($T_r = 10$ dias).

- **Infectado para Morto ($I \rightarrow D$):** Alguns indivíduos infectados podem morrer em decorrência da doença, com uma taxa de mortalidade δ . Dessa forma, o número de óbitos na população a cada passo do AC (ΔD) é dada por:

$$\Delta D = \delta I \quad (3.8)$$

Além das transições epidemiológicas, o modelo incorpora mecanismos de controle social com base na situação epidemiológica local, os quais são descritos a seguir.

Quando a proporção de indivíduos infectados em relação à população total de uma região atinge ou supera um determinado limiar de restrição θ_r (*restriction threshold*), medidas de restrição de mobilidade são aplicadas. Formalmente:

$$\frac{I}{N} \geq \theta_r \quad \Rightarrow \quad \text{Restrições Ativadas} \quad (3.9)$$

Durante o período em que as restrições estão ativas, a taxa de transmissão β é reduzida proporcionalmente por um fator f_r (fator de redução do contágio), simulando o impacto de medidas de distanciamento social:

$$\beta_{\text{efetivo}} = f_r \times \beta \quad (3.10)$$

com $0 < f_r < 1$.

Para evitar flutuações frequentes entre ativação e desativação das restrições, é aplicado um limiar de histerese θ_h (*hysteresis threshold*), de modo que, as restrições são encerradas apenas quando a proporção de infectados é inferior a esse limiar, ou seja:

$$\frac{I}{N} < \theta_h \quad \Rightarrow \quad \text{Restrições Encerradas} \quad (3.11)$$

Dessa forma, busca-se assegurar a histerese do sistema ao adotar $\theta_r > \theta_h$.

Considerando esses mecanismos de controle, o modelo não apenas simula a dinâmica epidemiológica, mas também integra aspectos de política pública, avaliando os efeitos de intervenções baseadas no número de infectados.

Assim, o sistema de equações diferenciais do modelo completo para cada região é dado por:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta_{\text{efetivo}} \frac{SI}{N} - \sum_j c_j \beta_{\text{efetivo}} \frac{SI_j}{N_j} \quad (3.12)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta_{\text{efetivo}} \frac{SI}{N} + \sum_j c_j \beta_{\text{efetivo}} \frac{SI_j}{N_j} - \sigma E \quad (3.13)$$

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I - \delta I \quad (3.14)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3.15)$$

$$\frac{dD}{dt} = \delta I \quad (3.16)$$

Exceto pelo período médio de incubação (T_e) e pelo tempo médio de recuperação (γ), que assumiram os mesmos valores informados no artigo de [Davidson e Wainer \(2021\)](#),

os demais parâmetros do modelo foram estudados e ajustados manualmente para melhor representar os padrões de comportamento observados nos dados reais de cada região investigada.

4 Resultados

Este capítulo apresenta os experimentos realizados para validar nossa reprodução do modelo de propagação de COVID-19 apresentado em (DAVIDSON; WAINER, 2021). Além de avaliar a capacidade do modelo em reproduzir o comportamento apresentado no artigo original, também foi analisado a similaridade entre as evoluções dos casos simulados e os dados reais obtidos para as regiões investigadas.

O modelo foi simulado utilizando dados geográficos da província de Ontário, no Canadá. A província é dividida em 34 Unidades de Saúde Pública (PHUs), cada uma representando uma célula no modelo. Os resultados da simulação foram comparados com dados reais de casos de COVID-19 reportados pelo governo de Ontário (ONTARIO, 2020).

Embora o modelo contemple todas as 34 PHUs, nossos experimentos se limitaram as 6 regiões mostradas no artigo original, para as quais temos as curvas de evolução dos casos simuladas pelos autores, necessárias para a validação do modelo. Os resultados alcançados em cada uma dessas regiões é apresentado a seguir.

4.1 Toronto

Cada uma das 6 regiões investigadas possuem comportamentos distintos e, conseqüentemente, demandam uma configuração própria do modelo. O ajuste dos parâmetros foi realizada manualmente durante os experimentos, de modo a aproximar o comportamento das simulações ao padrão observado nos dados referentes àquela região.

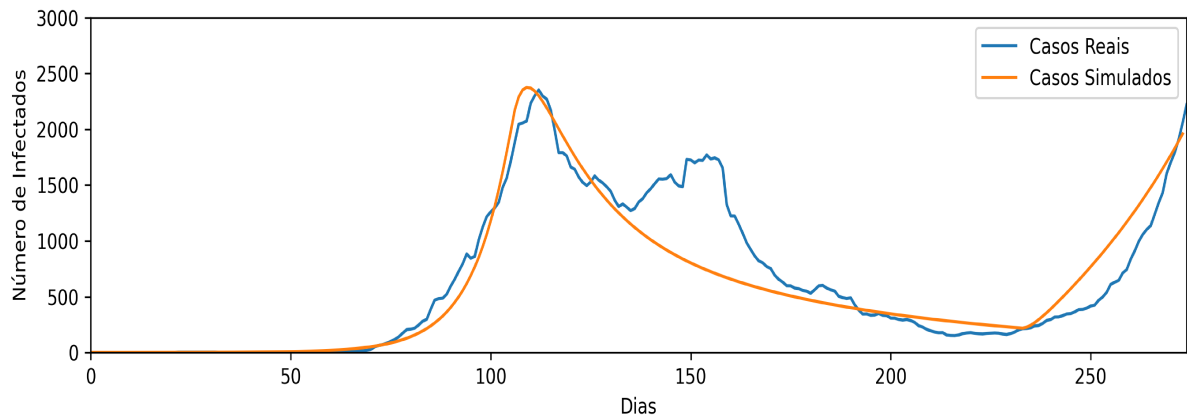
Para a região de Toronto, a configuração dos parâmetros que resultou nas melhores simulações é apresentada na Tabela 2.

Parâmetro	Valor
β (Taxa de transmissão)	0.158
σ (1/incubação)	1/5.4
γ (Taxa de recuperação)	1/10
δ (Taxa de mortalidade)	0.02
Threshold de restrição	0.00067
Threshold de hysteresis	0.00008
Fator de redução	0.25

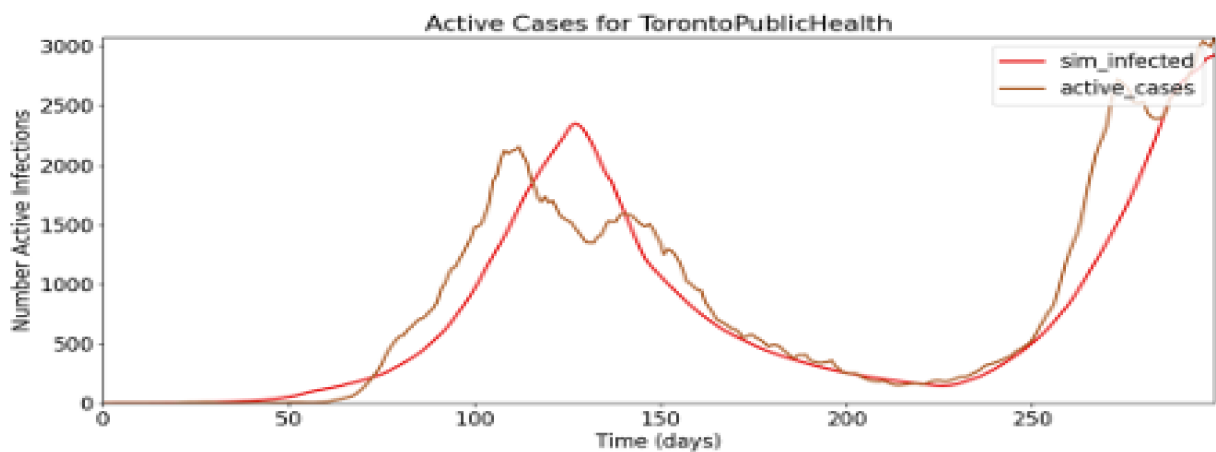
Tabela 2 – Parâmetros utilizados para a região de Toronto.

A Figura 13 mostra a evolução dos casos ativos, obtidas a partir do nosso modelo (Figura 13a) e apresentada no artigo original (Figura 13b). Para auxiliar na análise, em

ambos os gráficos também é apresentada a curva de evolução dos casos ativos na região de Toronto, gerada a partir dos dados reais obtidos.



(a) Resultado simulado pelo modelo.



(b) Resultado apresentado no artigo. Fonte: Extraído de (DAVIDSON; WAINER, 2021).

Figura 13 – Simulação dos casos ativos de COVID-19 na região de Toronto.

Como pode ser observado, ambas as simulações conseguiram reproduzir o padrão de evolução dos casos presentes nos dados reais, sendo que a curva do artigo original apresenta um leve deslocamento para a direita, enquanto o modelo implementado consegue reproduzir com precisão os picos principais de cada onda da doença. Também é possível notar que nenhuma das simulações consegue reproduzir a oscilação observada após o primeiro pico.

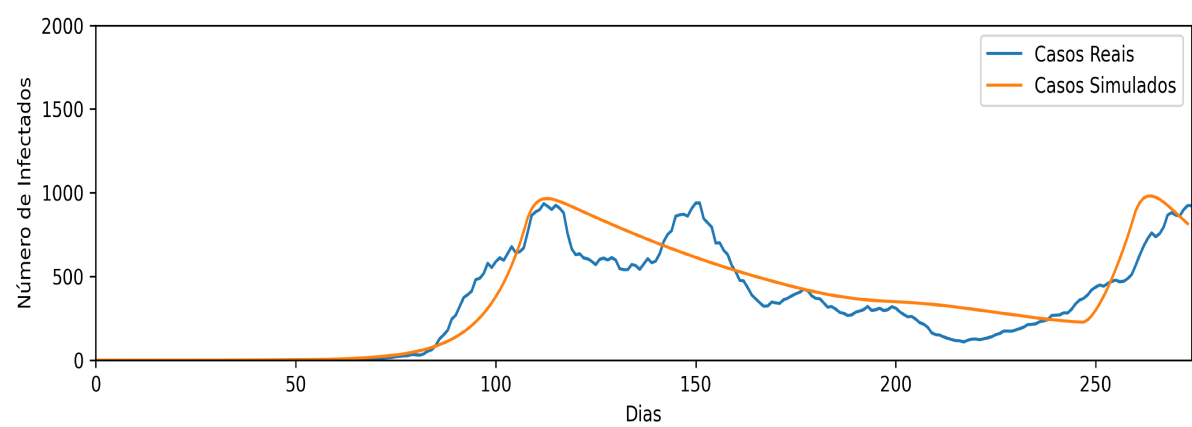
4.2 Peel

A Tabela 3 apresenta a configuração dos parâmetros que proporcionou os melhores resultados de simulação para a região de Peel.

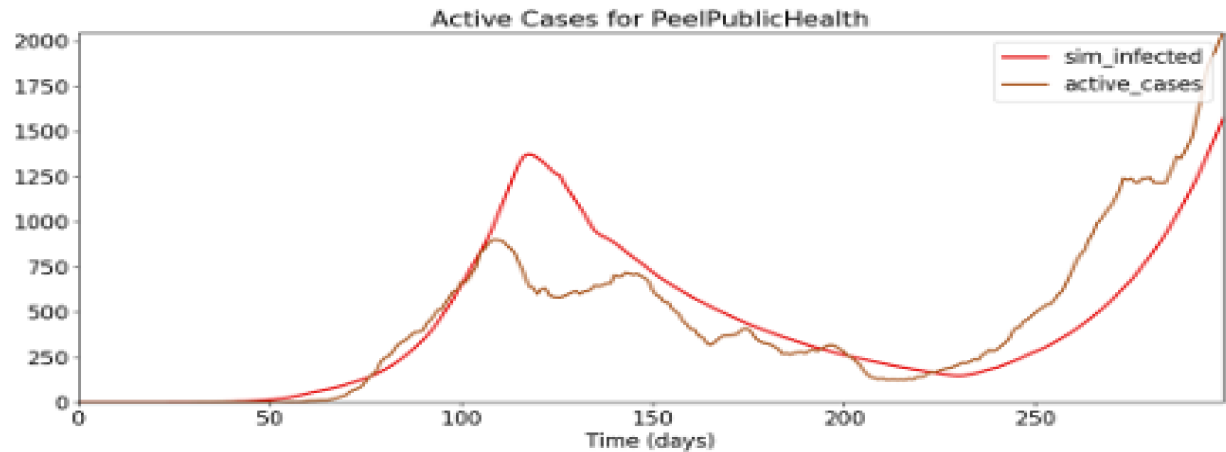
Parâmetro	Valor
β (Taxa de transmissão)	0.145
σ (1/incubação)	1/5.4
γ (Taxa de recuperação)	1/10
δ (Taxa de mortalidade)	0.02
Threshold de restrição	0.00053
Threshold de hysteresis	0.000158
Fator de redução	0.27

Tabela 3 – Parâmetros utilizados para a região de Peel.

A Figura 14 apresenta a evolução dos casos ativos, conforme obtida por meio do nosso modelo (Figura 14a) e conforme apresentada no artigo original (Figura 14b).



(a) Resultado simulado pelo modelo.



(b) Resultado apresentado no artigo. Fonte: Extraído de (DAVIDSON; WAINER, 2021).

Figura 14 – Simulação dos casos ativos de COVID-19 na região de Peel.

O modelo desenvolvido para a região de Peel, embora não tenha capturado as pequenas oscilações presentes nas curvas dos dados observados, foi capaz de representar de forma satisfatória o primeiro pico da doença, bem como a dinâmica geral de sua

evolução. Por sua vez, o artigo original também não conseguiu reproduzir as oscilações dos casos reais e apresentou um primeiro pico com um número de casos ativos superior ao observado em nosso estudo.

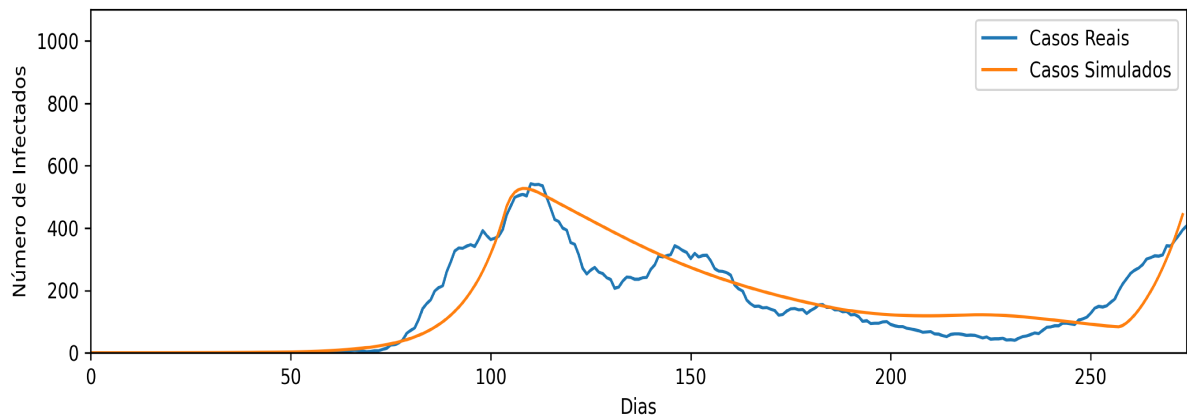
4.3 York

Para a região de York, a configuração dos parâmetros que resultou nas melhores simulações é apresentada na Tabela 4.

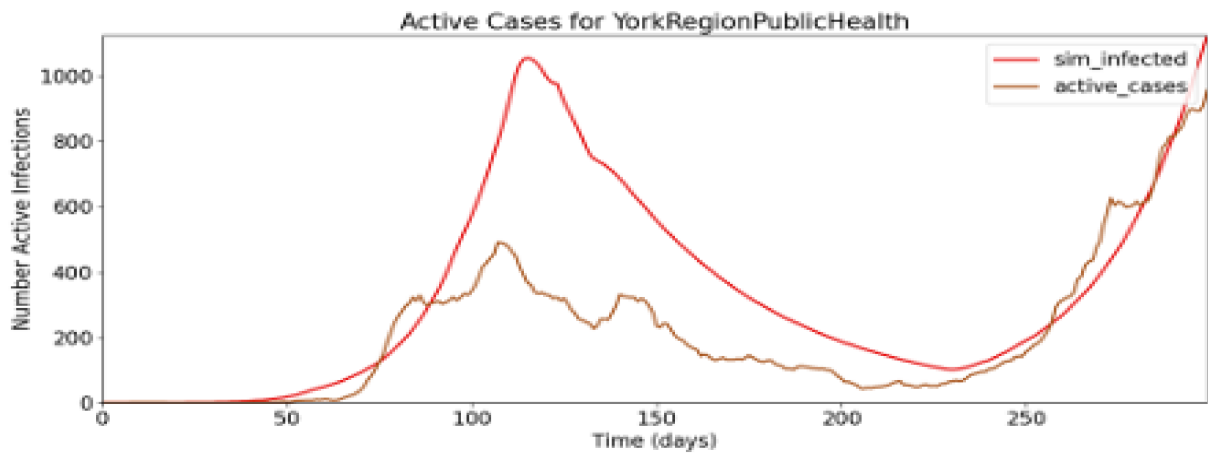
Parâmetro	Valor
β (Taxa de transmissão)	0.1426
σ (1/incubação)	1/5.4
γ (Taxa de recuperação)	1/10
δ (Taxa de mortalidade)	0.02
Threshold de restrição	0.00035
Threshold de hysteresis	0.000072
Fator de redução	0.26

Tabela 4 – Parâmetros utilizados para a região de York.

A Figura 15 mostra a evolução dos casos ativos, obtidas a partir do nosso modelo (Figura 15a) e apresentada no artigo original (Figura 15b).



(a) Resultado simulado pelo modelo.



(b) Resultado apresentado no artigo. Fonte: Extraído de (DAVIDSON; WAINER, 2021).

Figura 15 – Simulação dos casos ativos de COVID-19 na região de York.

Conforme pode ser observado, o nosso modelo para região de York apresentou um primeiro pico da doença mais próximo dos dados reais de casos ativos, quando comparado ao modelo do artigo, cujo pico superestimou a quantidade de casos. Ademais, embora ambos os modelos não tenham conseguido reproduzir as pequenas oscilações presentes nos dados reais, foram capazes de representar de forma satisfatória a dinâmica geral da evolução da doença.

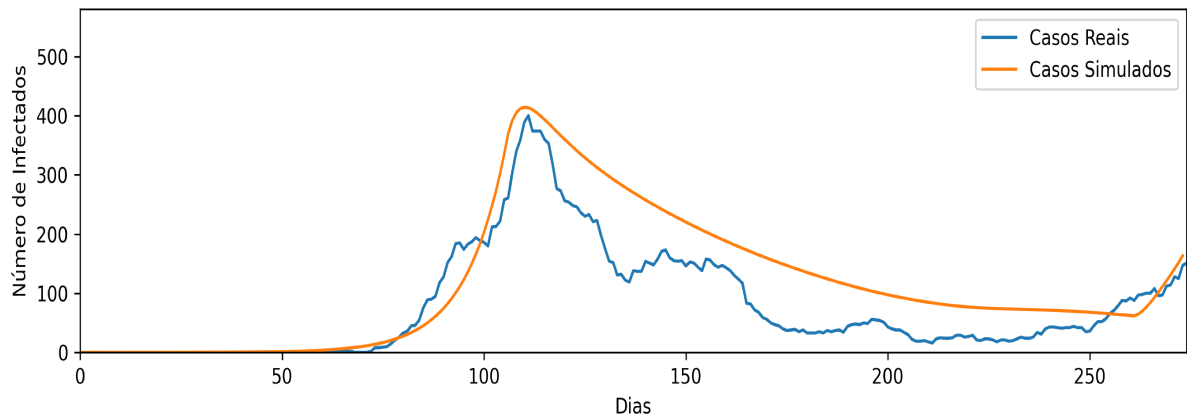
4.4 Durham

A Tabela 5 mostra a configuração dos parâmetros que resultou nas melhores simulações para a região de Durham.

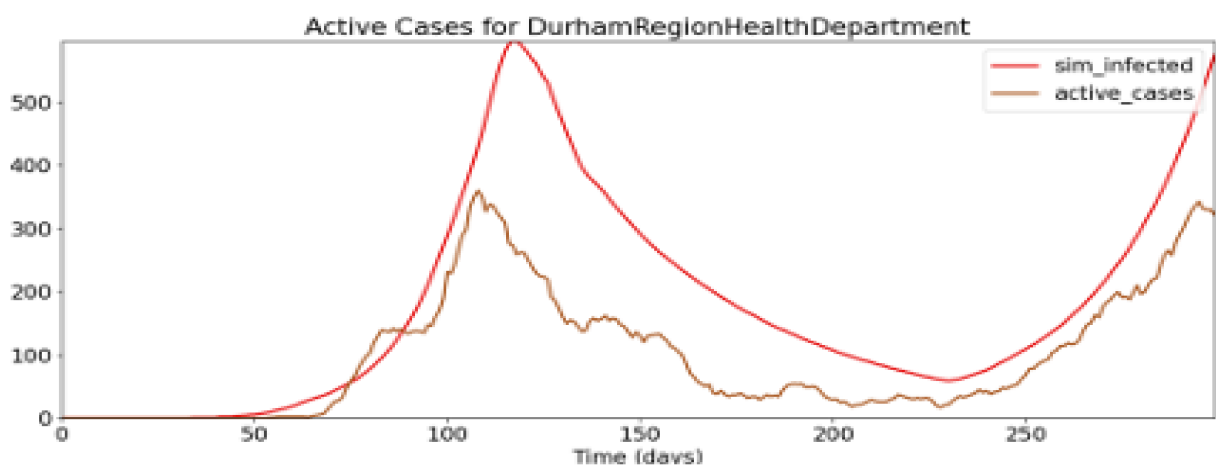
Parâmetro	Valor
β (Taxa de transmissão)	0.1426
σ (1/incubação)	1/5.4
γ (Taxa de recuperação)	1/10
δ (Taxa de mortalidade)	0.02
Threshold de restrição	0.00047
Threshold de hysteresis	0.00009
Fator de redução	0.26

Tabela 5 – Parâmetros utilizados para a região de Durham.

A Figura 16 apresenta a evolução dos casos ativos, conforme obtida por meio do nosso modelo (Figura 16a) e conforme apresentada no artigo original (Figura 16b).



(a) Resultado simulado pelo modelo.



(b) Resultado apresentado no artigo. Fonte: Extraído de (DAVIDSON; WAINER, 2021).

Figura 16 – Simulação dos casos ativos de COVID-19 na região de Durham.

Assim como nos modelos das regiões anteriores, ambas as simulações não foram capazes de reproduzir as pequenas oscilações observadas nos dados reais. Além disso, de

maneira semelhante ao ocorrido na região de York, o primeiro pico da doença foi mais bem representado pelo nosso modelo, apresentando maior proximidade com os dados reais.

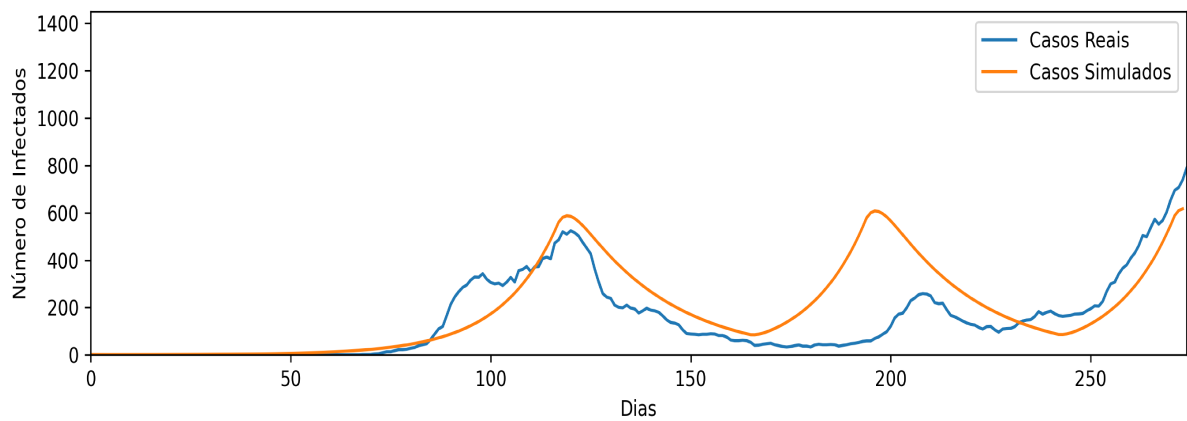
4.5 Ottawa

A Tabela 6 apresenta a configuração dos parâmetros que proporcionou os melhores resultados de simulação para a região de Ottawa.

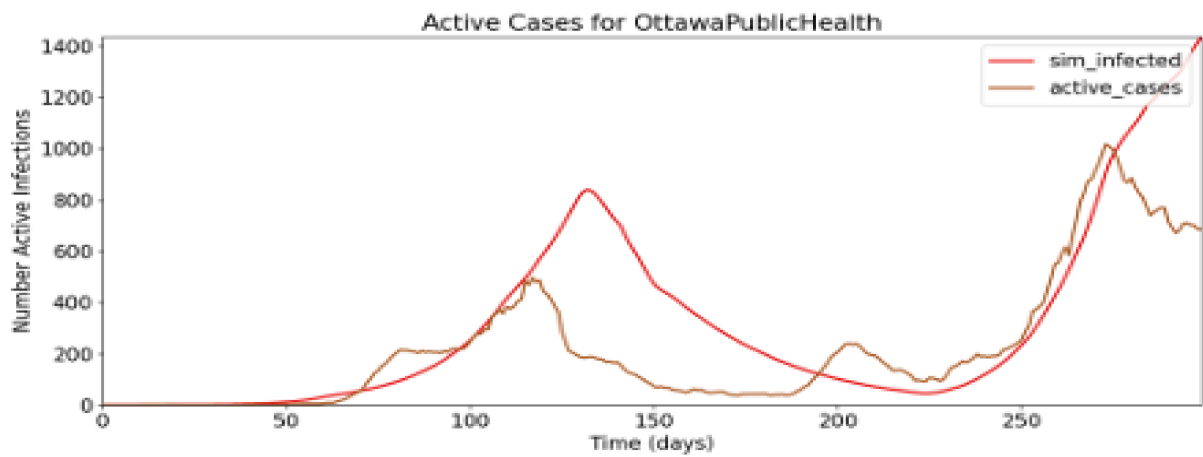
Parâmetro	Valor
β (Taxa de transmissão)	0.1426
σ (1/incubação)	1/5.4
γ (Taxa de recuperação)	1/10
δ (Taxa de mortalidade)	0.02
Threshold de restrição	0.00051
Threshold de hysteresis	0.00009
Fator de redução	0.20

Tabela 6 – Parâmetros utilizados para a região de Ottawa.

A Figura 17 mostra a evolução dos casos ativos, obtidas a partir do nosso modelo (Figura 17a) e apresentada no artigo original (Figura 17b).



(a) Resultado simulado pelo modelo.



(b) Resultado apresentado no artigo. Fonte: Extraído de (DAVIDSON; WAINER, 2021).

Figura 17 – Simulação dos casos ativos de COVID-19 na região de Ottawa.

O modelo aplicado à região de Ottawa conseguiu reproduzir a periodicidade dos picos de casos ativos, mas não foi capaz de capturar adequadamente a dinâmica geral do número de casos. As simulações resultaram em picos com quantidades semelhantes de casos ativos, enquanto nos dados reais, observou-se uma diferença de magnitude entre esses picos.

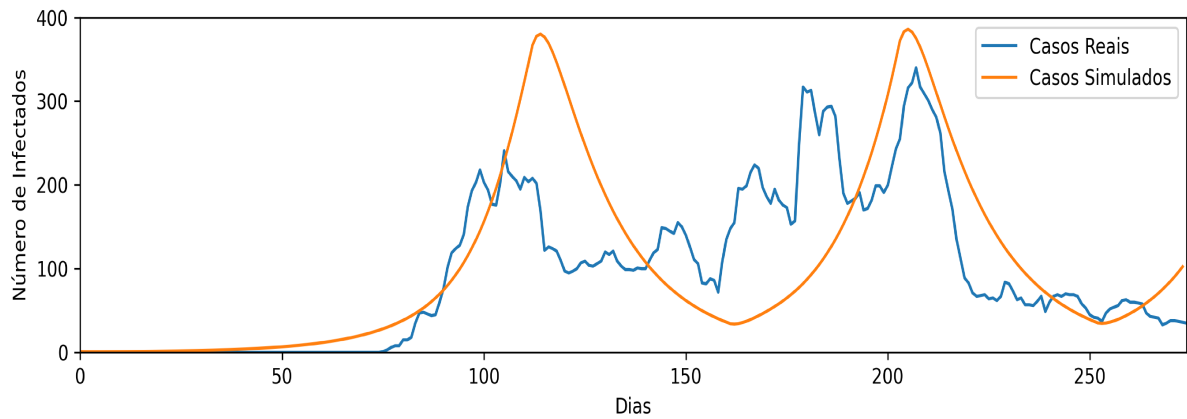
4.6 Windsor

A Tabela 7 mostra a configuração dos parâmetros que resultou nas melhores simulações para a região de Windsor.

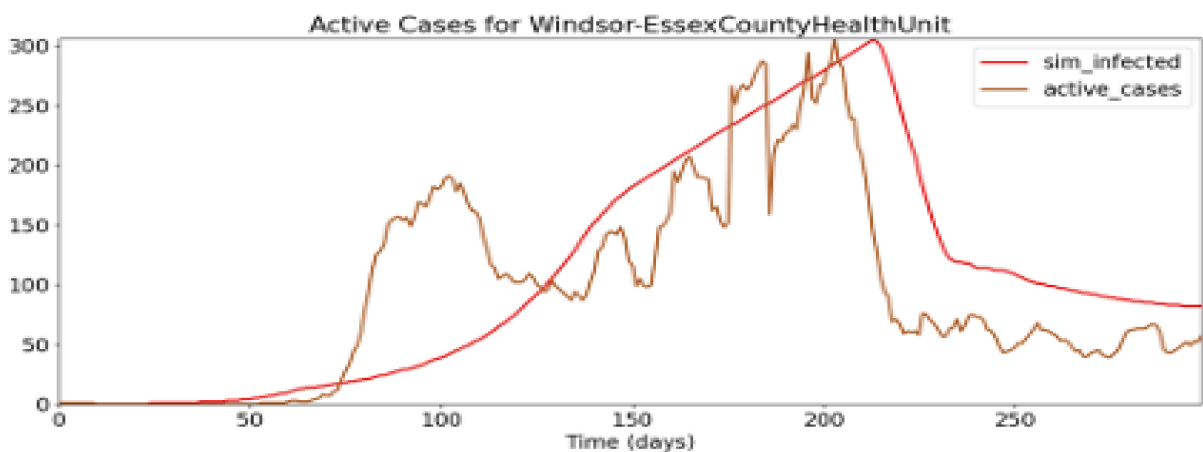
Parâmetro	Valor
β (Taxa de transmissão)	0.20
σ (1/incubação)	1/5.4
γ (Taxa de recuperação)	1/10
δ (Taxa de mortalidade)	0.02
Threshold de restrição	0.0008
Threshold de hysteresis	0.00009
Fator de redução	0.20

Tabela 7 – Parâmetros utilizados para a região de Windsor.

A Figura 18 mostra a evolução dos casos ativos, obtidas a partir do nosso modelo (Figura 18a) e apresentada no artigo original (Figura 18b).



(a) Resultado simulado pelo modelo.



(b) Resultado apresentado no artigo. Fonte: Extraído de (DAVIDSON; WAINER, 2021).

Figura 18 – Simulação dos casos ativos de COVID-19 na região de Windsor.

O modelo de Windsor-Essex foi o que apresentou maior dificuldade em reproduzir as variações nos números de casos ativos ao longo do tempo. No entanto, nossa imple-

mentação conseguiu simular um comportamento mais próximo ao apresentado no artigo original.

5 Conclusão

O modelo implementado neste trabalho, baseado na abordagem proposta em (DAVIDSON; WAINER, 2021), se revelou uma ferramenta eficiente para simular a propagação da COVID-19 nas 34 regiões de Ontário. A abordagem baseada em células geográficas facilita a adaptação do modelo a contextos locais, levando em consideração aspectos como restrições de movimento e correlações geográficas.

Com exceção do modelo para Ottawa, os modelos das demais regiões conseguiram representar de forma adequada a dinâmica do número de casos ativos. As diferenças observadas nas oscilações dos números de casos ao longo do tempo provavelmente são atribuídas a fatores esporádicos e imprevisíveis, que são difíceis de modelar de maneira precisa. Além disso, dado que o objetivo de um modelo epidemiológico é simular a evolução dos casos da doença para embasar decisões das equipes de prevenção e controle, a ausência dessas pequenas flutuações não compromete sua utilidade, uma vez que não interferem significativamente a dinâmica geral da epidemia.

Considerando que o modelo atual é determinístico, uma evolução natural deste trabalho seria a introdução de fatores estocásticos inerentes à doença (ex: variações nas taxas usadas nas transições de estado), que permitisse simular as pequenas flutuações observadas nas curvas dos dados reais. Adicionalmente, também seria importante a investigação de metaheurísticas, como algoritmos genéticos ou outros métodos bio-inspirados, para otimizar a configuração dos parâmetros para cada região, já que, neste estudo, os valores dos parâmetros foram ajustados de forma empírica, sem qualquer garantia da melhor configuração ou algo próximo disto.

Referências

ANDERSON, R. M. **Infectious diseases of humans: dynamics and control**. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1991. Citado na página 18.

Association of Local Public Health Agencies (alPHa). **Public Health Units - Demographic Information**. Toronto, Canada: Association of Local Public Health Agencies, 2021. <https://www.alphaweb.org/page/PHU_Population>. [Online; accessed 2025-03-20]. Citado na página 24.

BARRETO, W.; PEREIRA, F.; PEREZ, Y.; SCHIMIT, P. Spatial dynamics of covid-19 in são paulo: A cellular automata and gis approach. **Spatial and Spatio-temporal Epidemiology**, Elsevier, v. 50, p. 100674, 2024. Citado na página 9.

BRAUER, F. Mathematical epidemiology: Past, present, and future. **Infectious Disease Modelling**, Elsevier, v. 2, n. 2, p. 113–127, 2017. Citado na página 18.

CASTRO, N. P.; LIMA, C. M. **Modelagem computacional com autômatos celulares**. Santo André, SP: Editora UFABC, 2013. Citado 2 vezes nas páginas 5 e 13.

CHOWDHURY, S.; ROYCHOWDHURY, S.; CHAUDHURI, I. Cellular automata in the light of covid-19. **The European Physical Journal Special Topics**, Springer, v. 231, n. 18, p. 3619–3628, 2022. Citado 2 vezes nas páginas 9 e 23.

DASCĂLU, M.; MALIȚA, M.; BARBILIAN, A.; FRANȚI, E.; ȘTEFAN, G. M. Enhanced cellular automata with autonomous agents for covid-19 pandemic modeling. **Romanian Journal of Information Science and Technology**, Romanian Academy, Bucharest, Romania, v. 23, n. 2, p. 45–60, 2020. Citado na página 22.

DAVIDSON, G.; WAINER, G. Studying covid-19 spread using a geography based cellular model. In: **2021 Winter Simulation Conference (WSC)**. Piscataway, NJ: IEEE, 2021. p. 1–12. Citado 15 vezes nas páginas 9, 11, 22, 24, 25, 28, 29, 31, 32, 33, 35, 36, 38, 39 e 41.

FOUNDATION, P. S. **Welcome to Python.org**. Wilmington, DE, USA: Python Software Foundation, 2024. <<https://www.python.org/>>. (Accessed on 10/12/2024). Citado na página 10.

FRAGA, J. et al. Autômatos celulares aplicados em epidemiologia. **Revista Brasileira de Computação Aplicada**, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, v. 13, n. 2, p. 45–60, 2021. Citado 5 vezes nas páginas 5, 13, 15, 16 e 17.

FRAGA, L. M.; OLIVEIRA, G. M. B. de; MARTINS, L. G. A. Multistage evolutionary strategies for adjusting a cellular automata-based epidemiological model. In: **2021 IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC)**. Piscataway, NJ: IEEE, 2021. p. 466–473. Citado na página 10.

GEOHUB, O. **Ministry of Health Public Health Unit Boundary**. Toronto, Canada: Government of Ontario, 2011. <<https://geohub.lio.gov.on.ca/datasets/ministry-of-health-public-health-unit-boundary/explore>>. [Online; accessed 2025-03-20]. Citado 4 vezes nas páginas 5, 24, 25 e 26.

GHOSH, S.; BHATTACHARYA, S. A data-driven understanding of covid-19 dynamics using sequential genetic algorithm based probabilistic cellular automata. **Applied Soft Computing**, Elsevier, v. 96, p. 106692, 2020. Citado 2 vezes nas páginas 9 e 10.

GOMES, E.; ABRANTES, P.; BANOS, A.; ROCHA, J. Modelling future land use scenarios based on farmers' intentions and a cellular automata approach. **Land use policy**, Elsevier, v. 85, p. 142–154, 2019. Citado na página 12.

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**, Elsevier, v. 211, p. 106402, 2021. Citado 3 vezes nas páginas 9, 18 e 22.

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 na página 18.

LANA, R. M.; COELHO, F. C.; GOMES, M. F. da C.; CRUZ, O. G.; BASTOS, L. S.; VILLELA, D. A. M.; CODEÇO, C. T. Emergência do novo coronavírus (sars-cov-2) e o papel de uma vigilância nacional em saúde oportuna e efetiva. **Ciência & Saúde Coletiva**, v. 25, n. suppl 1, p. 2429–2440, 2020. (Accessed on 10/12/2024). Citado na página 9.

LIMA, C. M. **Desenvolvimento de autômatos celulares para modelagem de sistemas complexos**. Tese (Doutorado) — Universidade Federal do ABC, 2012. Citado 2 vezes nas páginas 16 e 17.

LIMA, I. R. Exploração de um modelo baseado em autômatos celulares estocásticos na dinâmica da covid-19. **Research, Society and Development**, Universidade Federal de Itajubá, Itajubá, MG, v. 11, n. 10, p. e32614, 2022. Citado na página 23.

LIMA, L. L.; ATMAN, A. P. F. Impact of mobility restriction in covid-19 superspreading events using agent-based model. **Physica A: Statistical Mechanics and its Applications**, Elsevier, Amsterdam, Netherlands, v. 573, p. 125889, 2021. Citado na página 22.

MARZULI, B. R.; PEIXOTO, M. d. S. Um estudo de autômatos celulares para a simulação do crescimento tumoral. In: **Congresso da Sociedade Latino Americana de Biologia Matemática XIV CLAB**. Campinas, SP: Sociedade Latino Americana de Biologia Matemática, 2007. p. 123–130. Citado na página 12.

MAY, R. M.; ANDERSON, R. M. **Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control**. Oxford, UK: Oxford University Press, 1991. Citado na página 19.

MONTEIRO, L.; OLIVEIRA, D.; CHAUÍ-BERLINCK, J. The effect of spatial scale on predicting time series: a study on epidemiological system identification. **Mathematical Problems in Engineering**, Wiley Online Library, v. 2009, n. 1, p. 137854, 2009. Citado na página 10.

MURILO, L. V.; OLIVEIRA, G. M. B.; MARTINS, L. G. A. Evolutionary adjustment of a cellular automata-based model for wildfire spreading. In: **Brazilian Conference**

on **Intelligent Systems**. Cham, Switzerland: Springer, 2024. p. 260–275. Citado 2 vezes nas páginas 10 e 12.

NEGRI, F. D.; ZUCOLOTO, G.; MIRANDA, P.; KOELLER, P. **Ciência e Tecnologia frente à pandemia - Centro de Pesquisa em Ciência, Tecnologia e Sociedade**. Brasília: IPEA, 2020. <<https://www.ipea.gov.br/cts/pt/central-de-conteudo/artigos/artigos/182-corona>>. (Accessed on 10/12/2024). Citado na página 9.

NEUMANN, J. V.; BURKS, A. W. **Theory of self-reproducing automata**. Urbana, IL: University of Illinois Press, 1966. Citado na página 12.

ONTARIO, G. of. **Confirmed positive cases of COVID-19 in Ontario - Cases reported in 2020**. Toronto, Canada: Government of Ontario, 2020. <<https://data.ontario.ca/dataset/confirmed-positive-cases-of-covid-19-in-ontario/resource/5cad2b06-e131-44e7-ad46-757ac67e041d>>. [Online; accessed 2025-03-20]. Citado 2 vezes nas páginas 24 e 31.

ORGANIZATION, W. H. **Research II: Disease Modeling**. Geneva: World Health Organization, 2019. <<https://www.who.int/initiatives/eios/global-technical-meeting-2019/presentations/research-ii-disease-modeling>>. (Accessed on 10/12/2024). Citado na página 9.

PASCOAL, R. **Modelagem de autômatos celulares para simulação de processos**. Tese (Doutorado) — Universidade de São Paulo, 2005. Citado na página 16.

PASSARELLA, R. **Modelagem Matemática Aplicada à COVID-19**. Santo André, SP: Editora UFABC, 2020. Citado 4 vezes nas páginas 5, 19, 20 e 21.

PEREIRA, F.; SCHIMIT, P. Dengue fever spreading based on probabilistic cellular automata with two lattices. **Physica A: Statistical Mechanics and its Applications**, Elsevier, v. 499, p. 75–87, 2018. Citado na página 10.

PODOLSKI, P.; NGUYEN, H. S. Cellular automata in covid-19 prediction. **Procedia Computer Science**, Elsevier, Amsterdam, Netherlands, v. 192, p. 1234–1242, 2021. Citado na página 22.

RUHOMALLY, Y. B.; MUNGUR, M.; KHOODARUTH, A. A. H.; OREE, V.; DAUHOO, M. Z. Assessing the impact of contact tracing, quarantine and red zone on the dynamical evolution of the covid-19 pandemic using the cellular automata approach. **Results in Physics**, Elsevier, Amsterdam, Netherlands, v. 36, p. 105117, 2022. Citado na página 23.

SCABINI, L. F.; RIBAS, L. C.; NEIVA, M. B.; JUNIOR, A. G.; FARFAN, A. J.; BRUNO, O. M. Social interaction layers in complex networks for the dynamical epidemic modeling of covid-19 in brazil. **Physica A: Statistical Mechanics and its Applications**, Elsevier, v. 564, p. 125498, 2021. Citado na página 9.

SCHIMIT, P. H. A model based on cellular automata to estimate the social isolation impact on covid-19 spreading in brazil. **Computer methods and programs in biomedicine**, Elsevier, v. 200, p. 105832, 2021. Citado 2 vezes nas páginas 9 e 10.

- SILVA, E. C.; DAMAZO, G. S.; OLIVEIRA, G. M. B.; MARTINS, L. G. A. Cellular automata-based model for simulation of collective pedestrian dynamics in indoor environments with surmountable obstacles. In: **17th International Conference on Agents and Artificial Intelligence**. Setúbal, Portugal: SCITEPRESS, 2024. p. 463–471. Citado na página [10](#).
- SREE, P. K.; NEDUNURI, S. S. S. N. U. D. A novel cellular automata classifier for covid-19 prediction. **Materials Today: Proceedings**, Elsevier, Amsterdam, Netherlands, v. 33, p. 456–460, 2020. Citado na página [22](#).
- TOFFOLI, T. **Cellular automata machines**. Cambridge, MA, 1977. Citado na página [13](#).
- VYKLYUK, Y.; PETROVIĆ, M. D.; MANYLICH, M.; ŠKODA, M.; RADOVANOVIĆ, M. M. Modeling and analysis of different scenarios for the spread of covid-19 using the modified multi-agent systems. **Heliyon**, Elsevier, Amsterdam, Netherlands, v. 7, n. 5, p. e06393, 2021. Citado na página [22](#).
- WOLFRAM, S. Cellular automata as models of complexity. **Nature**, Nature Publishing Group UK London, v. 311, n. 5985, p. 419–424, 1984. Citado na página [12](#).
- ZHANG, J.; LITVINOVA, M.; LIANG, Y.; WANG, Y.; WANG, W.; ZHAO, S.; WU, Q.; MERLER, S.; VIBOUD, C.; VESPIGNANI, A. et al. Changes in contact patterns shape the dynamics of the covid-19 outbreak in china. **Science**, American Association for the Advancement of Science, v. 368, n. 6498, p. 1481–1486, 2020. Citado na página [22](#).