

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

Leonardo Marquioni de Jesus

**Modelo de Propagação de Casos da COVID-19
baseado em Grafo de Autômatos Celulares**

Uberlândia, Brasil

2025

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

Leonardo Marquioni de Jesus

**Modelo de Propagação de Casos da COVID-19 baseado
em Grafo de 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: Prof. Dr. Luiz Gustavo Almeida Martins

Universidade Federal de Uberlândia – UFU

Faculdade de Computação

Bacharelado em Ciência da Computação

Uberlândia, Brasil

2025

Leonardo Marquioni de Jesus

Modelo de Propagação de Casos da COVID-19 baseado em Grafo de Autômatos Celulares

Trabalho de conclusão de curso apresentado à Faculdade de Computação da Universidade Federal de Uberlândia, como parte dos requisitos exigidos para a obtenção título de Bacharel em Ciência da Computação.

Trabalho aprovado. Uberlândia, Brasil, 19 de setembro de 2025:

**Prof. Dr. Luiz Gustavo Almeida
Martins**
Orientador

**Prof. Dr. Bruno Augusto Nassif
Travencolo**

**Prof. Dr. Paulo Henrique Ribeiro
Gabriel**

Uberlândia, Brasil
2025

Resumo

Este trabalho destaca a importância de acompanhar a dinâmica de crescimento de casos de doenças infecciosas, fundamental para orientar políticas de prevenção e controle de pandemias. Modelos de simulação são ferramentas essenciais nesse processo, pois permitem analisar cenários e antecipar comportamentos epidemiológicos.

Nesse contexto, foi desenvolvido um modelo baseado em autômatos celulares (AC) para simular a propagação da COVID-19 em municípios brasileiros. O modelo é estruturado em um grafo, no qual os vértices representam cidades e as arestas indicam mobilidade entre elas. Cada cidade é descrita por um autômato celular bidimensional, cujas células representam indivíduos da população e podem assumir estados do modelo SEIRD: suscetível, exposto, infectado, recuperado ou morto. A evolução ocorre segundo regras probabilísticas que refletem a dinâmica da doença.

A comparação com dados reais utilizou métricas como RMSE, R^2 e correlação. Os resultados indicam bom ajuste em cidades maiores, enquanto municípios menores apresentaram maior variabilidade. O estudo evidencia o potencial dos autômatos celulares como ferramenta para simulação de epidemias em nível municipal e fornece contribuições para aprimoramentos futuros.

Palavras-chave: Autômatos Celulares; Dinâmica regional baseada em grafo; Modelo Epidemiológico SEIRD; Simulação da Propagação de Doenças; COVID-19.

Lista de ilustrações

Figura 1 – Reticulados de um AC: (a) unidimensional, (b) bidimensional e (c) tridimensional.	14
Figura 2 – Vizinhanças em um AC 2D com diferentes raios: von Neumann com raio 1 e 2 (acima), e Moore com raio 1 e 2 (abaixo).	15
Figura 3 – Evolução de um AC unidimensional usando a Regra 30.	16
Figura 4 – Evolução de um glider no AC "Jogo da Vida". Fonte: retirado de Xavier (2003).	17
Figura 5 – Grafo representando as cidades e suas conexões geográficas utilizadas na simulação.	22
Figura 6 – Diagrama do modelo epidemiológico SEIRD.	24
Figura 7 – Processo de mobilidade entre distritos.	25
Figura 8 – Casos acumulados: comparação entre dados reais e simulados.	27
Figura 9 – Novos casos diários: comparação entre dados reais e simulados.	28

Lista de tabelas

Tabela 1	–	Valores dos parâmetros utilizados na simulação	21
Tabela 2	–	Faixas etárias e suscetibilidade relativa à infecção.	22
Tabela 3	–	Métricas de desempenho do modelo no agregado (todas as cidades). . .	28
Tabela 4	–	Métricas de avaliação do modelo por cidade	29

Lista de abreviaturas e siglas

AC	Autômato Celular
COVID-19	Coronavirus Disease 2019
RMSE	Root Mean Square Error
R^2	Coeficiente de Determinação
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
SEIR	Susceptible-Exposed-Infected-Recovered
Pop	População

Sumário

1	INTRODUÇÃO	8
1.1	Motivação	9
1.2	Objetivos	9
1.3	Estrutura do Documento	10
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	11
2.1	Modelagem de Doenças Infecciosas	11
2.1.1	Contexto Histórico	11
2.1.2	Modelos Epidemiológicos Clássicos	12
2.2	Automato Celular	13
2.2.1	Contexto Histórico	13
2.2.2	Estrutura Básica dos Autômatos Celulares	14
2.2.3	Evolução de um AC	16
2.3	Trabalhos Relacionados	17
3	MODELO PROPOSTO	19
3.1	Visão Geral do Desenvolvimento	19
3.2	Espaço Celular	20
3.2.1	Parâmetros e Dados Utilizados	20
3.2.2	Conexão entre Municípios	22
3.2.3	Evolução do Modelo	23
4	EXPERIMENTOS E RESULTADOS	26
4.1	Ambiente Experimental	26
4.2	Análise Regional da Evolução de Casos	27
4.3	Avaliação dos Casos por Município	29
5	CONCLUSÃO	30
	REFERÊNCIAS	31

1 Introdução

Em 2019, o mundo foi atingido por uma pandemia causada pelo vírus da COVID-19, o que gerou diversos problemas no Brasil e no mundo. A alta lotação dos hospitais comprometeu a qualidade dos serviços de saúde, contribuindo para o aumento do número de mortes. Embora o setor da saúde tenha sido o mais afetado, outros setores também sofreram. A economia, por exemplo, enfrentou crises devido às medidas de distanciamento social, que visavam conter o surto, mas acabaram causando o fechamento de empresas, seja pela queda nas vendas ou pela incapacidade de continuar operando. Uma questão fundamental para mitigar os danos é a preparação das entidades governamentais para esse tipo de situação. Contudo, doenças como a COVID-19, que são altamente contagiosas e muito mutáveis, apresentam uma complexidade maior para a realização de previsões e, assim, para o estudo de maneiras de prevenir problemas futuros. Nesse sentido, a construção de modelos de simulação que reproduzem o comportamento dessas doenças permite um estudo mais aprofundado(SILVA; OLIVEIRA, 2025), auxiliando no entendimento das respectivas dinâmicas de proliferação. Quando modelados corretamente, esse tipo de sistema pode representar com fidelidade a dinâmica da contaminação, bem como simular a presença ou ausência de determinadas características para a análise de cenários específicos.

Nesse contexto, surgem os autômatos celulares (AC), modelos simples compostos por células que mudam de estado com o tempo, criando padrões complexos a partir de regras simples (SCIENCE, 2025). Apesar da simplicidade de seus agentes, esses sistemas dinâmicos discretos conseguem capturar dinâmicas complexas, como a disseminação de uma epidemia. Assim, os AC se apresentam como uma excelente ferramenta de simulação, pois podem levar em consideração fatores espaciais, como densidade populacional e barreiras geográficas. Cada célula pode representar um indivíduo ou um segmento da população, e seu estado (saúdável, infectado, curado, etc.) é determinado por interações locais. A partir das interações locais entre as células, também é possível modelar diversas estratégias de controle de doenças, como distanciamento social ou isolamento. Outra vantagem é a capacidade de ajustar o ambiente para refletir com precisão as redes de contato humano e os padrões de transmissão. A flexibilidade dos autômatos celulares possibilita a personalização e a adaptação dos modelos a diferentes contextos. Logo, a construção de modelos epidemiológicos baseados em ACs se apresenta com uma alternativa viável para a simulação de epidemias, podendo ser usados de forma eficaz para o estudo e planejamento de políticas e ações de prevenção e controle dessas doenças(JITHESH, 2021; PODOLSKI; NGUYEN, 2021).

Neste trabalho foi desenvolvido um modelo epidemiológico baseado em grafo e autômatos celulares (AC) para simular a disseminação da COVID-19, considerando dinâ-

micolas locais de interação e efeitos espaciais, de modo a reproduzir padrões de propagação observados nos dados sobre a doença. A eficiência do modelo implementado foi avaliada a partir da análise comparativa entre os resultados simulados e os dados públicos do número de casos da doença nas cidades estudadas. Resultados experimentais demonstraram que a abordagem desenvolvida é capaz de auxiliar na compreensão da evolução de epidemias e na análise de cenários epidemiológicos.

1.1 Motivação

A motivação deste trabalho vem da necessidade de entender e prever como doenças contagiosas, como a COVID-19, se espalham. Essas doenças têm alto poder de transmissão e podem causar grandes impactos na saúde das pessoas e na sociedade. Quando acontece uma pandemia, os hospitais ficam lotados, serviços importantes são afetados e há consequências econômicas e sociais sérias. Por isso, é muito importante usar ferramentas que ajudem a simular diferentes formas de espalhamento da doença.

Os modelos de simulação ajudam a estudar como a epidemia se comporta em várias situações, mostrando padrões de contágio, prevendo os momentos de maior número de casos e avaliando o efeito de ações de controle, como o distanciamento social, o isolamento de pessoas infectadas ou campanhas de vacinação. Além disso, os modelos computacionais permitem testar cenários imaginários sem colocar ninguém em risco, sendo uma forma segura e eficiente de ajudar gestores e autoridades de saúde a tomarem decisões.

Assim, criar modelos que sejam precisos e adaptáveis ajuda a preparar melhor a sociedade para enfrentar epidemias, oferecendo informações úteis para diminuir os impactos negativos e melhorar as ações de prevenção e resposta.

1.2 Objetivos

Este trabalho tem como objetivo desenvolver um modelo epidemiológico baseado em grafo e autômatos celulares (ACs) para simular a propagação da COVID-19 em municípios brasileiros. O modelo busca representar tanto as dinâmicas locais de interação quanto os efeitos espaciais, permitindo reproduzir padrões observados em dados reais da doença. Além disso, pretende-se implementar o modelo de forma flexível em Python, possibilitando a análise de diferentes cenários e fornecendo uma ferramenta que auxilie na compreensão da evolução da epidemia.

1.3 Estrutura do Documento

Este trabalho está organizado em cinco capítulos principais, cada um abordando aspectos específicos do desenvolvimento e avaliação do modelo de simulação da COVID-19 utilizando autômatos celulares:

- **Capítulo 1 – Introdução:** Apresenta a motivação do estudo, os objetivos gerais e específicos, e contextualiza a relevância do tema.
- **Capítulo 2 – Fundamentação Teórica:** Descreve conceitos essenciais sobre modelagem de doenças infecciosas, modelos epidemiológicos clássicos, autômatos celulares, sua estrutura básica, evolução e trabalhos relacionados.
- **Capítulo 3 – Modelo Proposto:** Detalha a abordagem adotada, incluindo a visão geral do desenvolvimento, a definição do espaço celular, parâmetros e dados utilizados, a conexão entre municípios e a evolução do modelo.
- **Capítulo 4 – Experimentos e Resultados:** Apresenta o ambiente experimental, a análise regional da evolução dos casos e a avaliação detalhada dos resultados por município.
- **Capítulo 5 – Conclusão:** Resume os principais resultados obtidos, discute limitações do estudo e apresenta possíveis direções para trabalhos futuros.

2 Fundamentação Teórica

Este capítulo aborda os conceitos fundamentais para o entendimento do modelo implementado, apresentando uma contextualização e as principais definições sobre modelos epidemiológicos e autômatos celulares. Por fim, também é apresentada uma breve descrição dos trabalhos correlacionados ao tema desta pesquisa.

2.1 Modelagem de Doenças Infecciosas

Modelos epidemiológicos são representações simplificadas que visam compreender a progressão de doenças infecciosas em uma população. Eles combinam diferentes fatores sobre o modo de propagação da doença com as características específicas da população afetada. A modelagem epidemiológica tem desempenhado um papel crucial no planejamento de saúde pública, ajudando a informar respostas a pandemias e doenças infecciosas emergentes ([EMERGING; DISEASES, 2024](#)).

2.1.1 Contexto Histórico

A modelagem matemática de doenças infecciosas teve início com Daniel Bernoulli, que em 1760 propôs um modelo para demonstrar os benefícios da inoculação contra a varíola ([HETHCOTE, 2000](#)). Entretanto, O campo da modelagem epidemiológica se consolidou no início do século XX com o modelo SIR, desenvolvido por Kermack e McKendrick ([ALVES; OLIVEIRA, 2021](#)). Esse modelo, que divide a população em Suscetíveis, Infectados e Recuperados, representou um avanço importante, possibilitando que epidemiologistas quantificassem a dinâmica das infecções e previssem o curso de surtos.

Desde a década de 1970, avanços em modelos baseados em redes permitiram representar melhor a estrutura de contatos entre indivíduos, oferecendo uma descrição mais precisa da dinâmica de doenças ([KEELING; EAMES, 2005](#)). Mais recentemente, o avanço da computação de alto desempenho permitiu o desenvolvimento de modelos mais avançados, como os baseados em agentes e autômatos celulares, possibilitando simulações em grande escala com níveis variados de detalhe e interatividade([SIRAKOULIS; KARAFYLIDIS; THANAILAKIS, 2000](#))([EPSTEIN, 2009](#)).

Simulações modernas de doenças infecciosas têm integrado dados em tempo real, como localização e mobilidade, para oferecer previsões mais precisas ([EPSTEIN, 2009](#); [CHINAZZI et al., 2020](#)). Esses avanços são fundamentais para entender e prever o impacto das intervenções de saúde pública, como *lockdowns* e políticas de vacinação, que foram amplamente aplicadas em resposta à pandemia de COVID-19.

2.1.2 Modelos Epidemiológicos Clássicos

Na modelagem epidemiológica, é comum utilizar conjuntos de compartimentos representados por siglas que indicam o estágio da doença em que um indivíduo se encontra. Alguns dos principais modelos compartimentais incluem:

- **S** (Suscetível): indivíduos que ainda não foram infectados, mas estão vulneráveis à infecção;
- **E** (Exposto): indivíduos que foram infectados, mas ainda não são infecciosos (fase de incubação);
- **I** (Infectado): indivíduos que estão ativamente transmitindo a doença;
- **R** (Recuperado): indivíduos que se recuperaram da doença ou desenvolveram imunidade;
- **D** (Óbito ou Dead): indivíduos que faleceram em decorrência da infecção;
- **A** (Assintomático): indivíduos infectados que não apresentam sintomas, mas podem transmitir a doença;
- **Q** (Quarentenado): indivíduos isolados, não interagindo com o restante da população;
- **H** (Hospitalizado): indivíduos internados para tratamento;
- **V** (Vacinado): indivíduos que receberam vacina e possuem algum grau de imunidade.

Esses modelos epidemiológicos dividem os indivíduos em grupos de acordo com seu estado em relação à doença e descrevem como ocorre a transição entre esses estados ao longo do tempo. Entre os modelos mais utilizados destacam-se:

- **SIR**: divide a população em três compartimentos principais: *Suscetível* (S), *Infectado* (I) e *Recuperado* (R). É o modelo mais básico, adequado para doenças que conferem imunidade permanente após a recuperação.
- **SEIR**: adiciona o compartimento *Exposto* (E) ao modelo SIR. Esse grupo representa indivíduos que foram infectados, mas ainda estão no período de incubação e não transmitem a doença imediatamente.
- **SEIRD**: estende o modelo SEIR ao incluir o estado *Morto* (D), possibilitando a modelagem da mortalidade causada pela doença. Esse modelo é especialmente útil em epidemias com taxas de letalidade significativas.

Esses modelos fornecem uma base conceitual importante para análises mais complexas e servem de inspiração para o desenvolvimento de novas abordagens. Estudos na área de redes complexas também oferecem ferramentas complementares para compreender a disseminação de epidemias em populações interconectadas ([BARABÁSI, 2016](#)).

2.2 Automato Celular

Os autômatos celulares (CA) são modelos computacionais que simulam sistemas complexos por meio de uma grade discreta de células, onde cada célula evolui segundo regras locais ([GIBRIM; ALBUQUERQUE; MEHDIPOUR, 2023](#)).

2.2.1 Contexto Histórico

O conceito de autômatos celulares foi introduzido por John von Neumann na década de 1950, como parte de seu esforço para modelar teoricamente a auto-replicação ([NEUMANN, 1966](#)). No entanto, foi o trabalho de Stephen Wolfram, na década de 1980 que trouxe popularidade a esses sistemas. Wolfram estudou as regras de transição de autômatos unidimensionais elementares e propôs uma classificação de acordo com o comportamento observado, bem como a equivalência entre os ACs e a máquina de Turing (computabilidade universal) ([WOLFRAM, 2002](#)). Sua pesquisa despertou interesse em diversas áreas, resultando na aplicação desses sistemas na realização de tarefas computacionais, como escalonamento ([CARVALHO, 2014](#)), criptografia ([JUSTO, 2013](#)) e processamento de imagens ([LIRA, 2023](#)), e em simulações de fenômenos complexos, como a propagação de doenças ([RIZZI; SILVA; SILVA, 2018](#)) e a dinâmica de fluidos ([AZEVEDO; FILHO, 2007](#)).

Nos últimos anos, a adoção de autômatos celulares tem crescido devido ao aumento do poder computacional e ao acesso a grandes conjuntos de dados, permitindo simulações mais complexas e análises de padrões em sistemas dinâmicos ([KLEYKO; FRADY; SOMMER, 2022](#)). Pesquisadores têm explorado suas aplicações em diversas disciplinas, como biologia computacional, ecologia, urbanismo e epidemiologia ([ARAÚJO; Sá; LIMA, 2021](#)). A integração de autômatos celulares com técnicas de inteligência artificial e aprendizado de máquina tem levado à criação de novos modelos que simulam fenômenos complexos de forma mais precisa e realista.

Em epidemiologia, autômatos celulares têm sido aplicados para modelar a propagação do COVID-19, onde as células representam indivíduos em uma grade espacial e as regras de transição são baseadas em fatores como proximidade e estado de saúde, permitindo simulações realistas de como o vírus se espalha em uma população ([GOMES; AL., 2016](#)).

2.2.2 Estrutura Básica dos Autômatos Celulares

Os autômatos celulares (AC) são definidos por dois componentes centrais que moldam seu comportamento e sua capacidade de representar sistemas complexos: o espaço celular e as regras de transição que determinam sua dinâmica temporal discreta. A seguir, detalha-se cada um desses elementos fundamentais.

Espaço Celular

O reticulado de um autômato celular consiste em um arranjo de células dispostas em uma estrutura n dimensional. A Figura 1 ilustra as três configurações mais usuais:

- (a) AC unidimensional: as células são organizadas em estruturas lineares, sendo comum em modelos conceituais, estudos teóricos e algumas tarefas computacionais, como classificação da densidade e criptografia.
- (b) AC bidimensional: as células são organizadas em grid ou matrizes, frequentemente empregadas na modelar fenômenos em superfícies planas e ambientes geográficos;
- (c) AC tridimensional: estende a modelagem para o espaço volumétrico, permitindo representar sistemas físicos, biológicos ou ecológicos em maior profundidade.

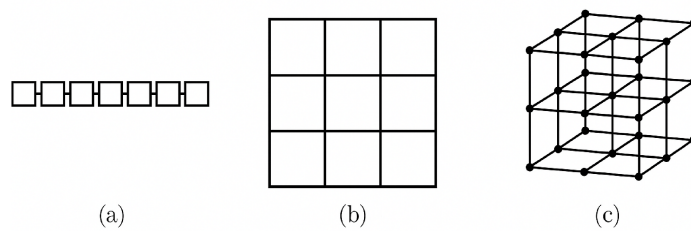


Figura 1 – Reticulados de um AC: (a) unidimensional, (b) bidimensional e (c) tridimensional.

A escolha da dimensionalidade da rede impacta diretamente a dinâmica do modelo, influenciando a propagação de estados e a complexidade dos padrões gerados (VIÉGAS; CRUZ; SOUZA, 2021).

Cada célula do autômato pode assumir um único estado, pertencente a um conjunto finito de possibilidades bem definidas. Esses estados representam categorias distintas do fenômeno modelado, como condições de saúde, níveis de atividade ou presença de elementos físicos.

Regras de Transição

Nos autômatos celulares, a evolução do estado de uma célula é governada por regras locais, isto é, a transição de estado depende apenas do seu próprio valor atual e dos estados das suas células vizinhas. A definição de vizinhança varia conforme a topologia do reticulado e o raio de alcance considerado. As vizinhanças mais comuns em reticulados bidimensionais são:

- **Vizinhança de von Neumann:** considera apenas as células ortogonalmente adjacentes (acima, abaixo, esquerda e direita);
- **Vizinhança de Moore:** inclui todas as células ao redor da célula central, compreendendo também as diagonais.

Além da forma, a vizinhança pode ser estendida por um **raio** r , que define a distância máxima, em número de células, considerada em torno da célula central. O raio $r = 1$ compreende as células adjacentes imediatas, enquanto $r = 2$ duas células vizinhas em cada direção prevista.

A Figura 2 ilustra essas vizinhanças com diferentes raios. Na parte superior da figura, apresentadas as vizinhanças de von Neumann com $r = 1$ e $r = 2$; enquanto na parte inferior, as vizinhanças de Moore com os mesmos raios.

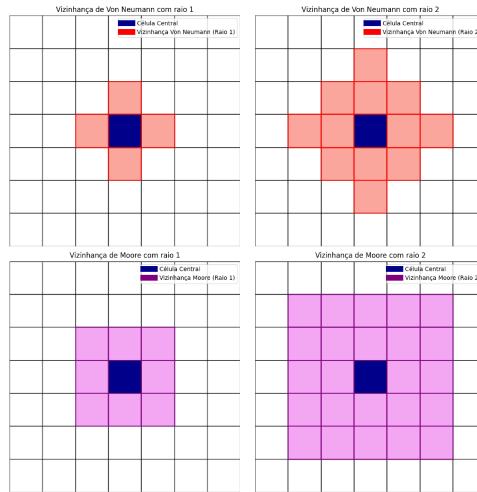


Figura 2 – Vizinhanças em um AC 2D com diferentes raios: von Neumann com raio 1 e 2 (acima), e Moore com raio 1 e 2 (abaixo).

Essa estrutura de interações locais permite simular fenômenos que se propagam no espaço de forma restrita, como contágio, difusão ou deslocamento.

A evolução dos autômatos celulares ocorre em etapas temporais discretas. A cada passo de tempo, todas as células atualizam seus estados simultaneamente (instante $t+1$),

de acordo com a regra de transição adotada e considerando o seu estado e de suas vizinhas atualmente (instante t).

2.2.3 Evolução de um AC

Nesta seção são mostrados dois exemplos de como os autômatos celulares (ACs) mudam com o tempo: um em uma linha (uma dimensão) e outro em uma grade (duas dimensões). Isso ajuda a entender como regras simples podem gerar comportamentos complexos.

AC Unidimensional

Em sua versão elementar, o reticulado de um autômato celular corresponde a um arranjo unidimensional de células (vetor), onde cada célula pode assumir um dos seus estados binários (0 ou 1). A cada passo, o estado de cada célula muda com base nela mesma e nas células adjacentes à esquerda e à direita, considerando uma vizinhança de raio 1.

A Figura 3 ilustra o padrão de evolução de um AC elementar a partir de um reticulado inicial com uma única célula ativa central e a aplicação da regra de transição conhecida como *Regra 30* (WOLFRAM, 2019). Como pode ser observado, mesmo com a adoção de uma regra simples e determinística, é possível obter um comportamento complexo e imprevisível, o qual foi categorizado por Wolfram como caótico. Esse padrão irregular e aparentemente aleatório, torna o uso da regra 30 uma alternativa eficiente para a geração de números aleatórios, inclusive em aplicações de criptografia.

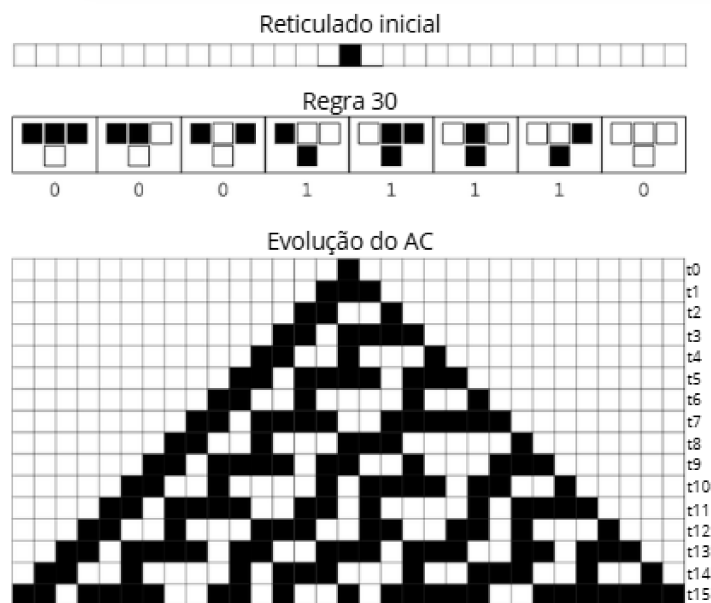


Figura 3 – Evolução de um AC unidimensional usando a Regra 30.

AC Bidimensional

Nos ACs bidimensionais, as células são organizadas em um reticulado planar (ex: matriz). O exemplo mais conhecido é o *Jogo da Vida* (*Game of Life*), criado por John Conway e estudado por Stephen Wolfram (WOLFRAM, 2002). Nesse caso, cada célula pode estar viva ou morta. A evolução desse autômato é baseada na vizinhança de Moore de raio 1 e utiliza uma regra de transição totalística, onde o estado da célula muda dependendo de quantos vizinhos vivos, como segue:

1. Uma célula viva com menos de dois vizinhos morre de solidão.
2. Uma célula viva com dois ou três vizinhos sobrevive.
3. Uma célula viva com mais de três vizinhos vivos morre de superpovoamento.
4. Uma célula morta com três vizinhos nasce.

A Figura 4 mostra a aplicação dessa regra de transição por 5 passos de tempo, a partir de um reticulado inicial (passo 0) que caracteriza um elemento conhecido como *glider*. Como é possível observar, que a evolução do AC simula a movimentação do *glider* pelo reticulado, repetindo seu formato original após 4 iterações (passo 4)

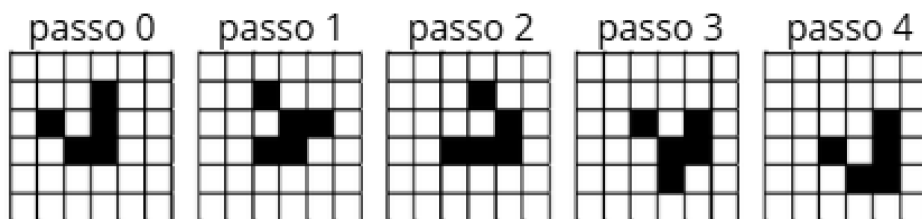


Figura 4 – Evolução de um glider no AC "Jogo da Vida". Fonte: retirado de Xavier (2003).

2.3 Trabalhos Relacionados

Diversos estudos exploraram o uso de autômatos celulares (AC) na modelagem da propagação da COVID-19.

Jithesh (JITHESH, 2021) propôs um modelo baseado em autômatos celulares probabilísticos que incorpora diversos estados (S, E, L, I, T, R, V), representando fases da doença e medidas de controle como vacinação. O modelo simula cenários com diferentes níveis de isolamento social e mobilidade, demonstrando a importância de intervenções não farmacológicas e da vacinação precoce. Os resultados se mostraram coerentes com os dados reais observados na Índia.

O trabalho de Podolski e Nguyen ([PODOLSKI; NGUYEN, 2021](#)) apresenta um modelo inspirado no clássico SIR, mas que utiliza um grafo de autômatos celulares para representar distritos da Polônia. Cada autômato representa uma região e os agentes possuem atributos como idade, sexo e uso de máscara. Foram simulados 380 distritos com dados reais, obtendo bons resultados principalmente nas regiões mais afetadas pela pandemia. Esse modelo serviu de base para o modelo desenvolvido neste trabalho.

Lima ([LIMA, 2022](#)) propôs um modelo baseado em AC estocástico, com vizinhança de Moore e raio 1, para analisar a imunidade coletiva. O estudo testou 13 parametrizações com diferentes taxas iniciais de imunidade e concluiu que seria necessário imunizar cerca de 57,71% da necessário para frear a epidemia, sendo adaptável a novas variantes como a Ômicron.

Chowdhury et al. ([CHOWDHURY; ROYCHOWDHURY; CHAUDHURI, 2022](#)) utilizaram um modelo SEIR com uma nova proposta de vizinhança probabilística baseada na distância entre as células. Com isso, o modelo incorpora aspectos de confinamento social. Os autores analisaram como diferentes expoentes de grau afetam a formação de *clusters* e observaram boa correspondência com as duas primeiras ondas da COVID-19 na Índia.

Ruhomally et al. ([RUHOMALLY et al., 2022](#)) desenvolveram um modelo de autômatos celulares com suporte a quarentenas, rastreamento de contatos e zonas vermelhas. A dinâmica resultante foi descrita por equações diferenciais com atraso, permitindo a avaliação quantitativa de estratégias de controle. O estudo usou dados reais da pandemia em Maurício e demonstrou que tais medidas são eficazes na contenção da doença.

3 Modelo Proposto

Nosso modelo é inspirado no trabalho de Podolski e Nguyen ([PODOLSKI; NGUYEN, 2021](#)), preservando os conceitos centrais de interações locais entre agentes, mas adaptado para o contexto brasileiro, considerando municípios específicos e dados reais de população e casos de COVID-19.

3.1 Visão Geral do Desenvolvimento

Nosso modelo se inspira na abordagem de Autômatos Celulares proposta por Podolski e Nguyen ([PODOLSKI; NGUYEN, 2021](#)) para simular a disseminação da COVID-19. Assim como no modelo original, adota-se uma estrutura em que cada unidade administrativa é representada por um autômato celular bidimensional, cujas células contêm agentes representando indivíduos da população.

Enquanto Podolski e Nguyen consideraram a Polônia, com voivodatos e distritos, nosso modelo foi adaptado para o Brasil, utilizando municípios como unidades administrativas. Cada agente continua sendo caracterizado por idade, sexo e estado epidemiológico ($\{S, E, I, R, D\}$), mas os parâmetros populacionais e demográficos foram ajustados para refletir a realidade brasileira.

As principais diferenças em relação ao modelo original incluem:

- Adaptação da estrutura administrativa para o contexto brasileiro (estados e municípios);
- Ajuste da população por célula e densidade populacional com base em dados nacionais fornecidos pelo Ministério da Saúde ([Ministério da Saúde do Brasil, 2025](#)); os parâmetros epidemiológicos foram inicialmente baseados no artigo de Podolski e Nguyen ([PODOLSKI; NGUYEN, 2021](#)) e posteriormente ajustados experimentalmente para o contexto brasileiro.
- Modificação das regras de mobilidade para refletir padrões locais.
- Remoção da característica de fração clínica e indivíduo assintomático de maneira a simplificar o algoritmo.

Dessa forma, nosso modelo preserva os conceitos centrais de mobilidade e interações locais do trabalho de Podolski e Nguyen ([PODOLSKI; NGUYEN, 2021](#)), mas é adaptado e parametrizado para simular a COVID-19 no Brasil.

3.2 Espaço Celular

Cada município é representado por um *reticulado bidimensional* de formato quadrado, no qual cada célula corresponde a um indivíduo da população local. Para definir o tamanho desse reticulado, utiliza-se a raiz quadrada da população do município. Assim, o número de linhas e colunas é dado por $\lceil \sqrt{\text{população}} \rceil$, o que garante que o total de células seja suficiente para representar todos os habitantes. Essa abordagem evita que o reticulado apresente uma forma desproporcional, mantendo uma estrutura equilibrada em duas dimensões.

Como exemplo, considere o município de Uberlândia (MG), que possui aproximadamente 700.000 habitantes. Nesse caso, temos:

$$\sqrt{700.000} \approx 836,66$$

Portanto, o tamanho do reticulado é definido como:

$$\lceil 836,66 \rceil \times \lceil 836,66 \rceil = 837 \times 837,$$

resultando em 700.569 células. Esse valor é ligeiramente superior ao número real de habitantes, mas garante que cada indivíduo seja representado de forma adequada no reticulado bidimensional.

Os agentes são gerados aleatoriamente, com atributos individuais definidos estocasticamente, incluindo idade, sexo, uso de máscara e probabilidade de serem assintomáticos. A posição inicial dos agentes no reticulado também é distribuída de forma aleatória. A princípio, todos os agentes são considerados suscetíveis, exceto aqueles definidos como infectados, a fim de representar os casos reais acumulados na semana anterior ao início da simulação ([Ministério da Saúde do Brasil, 2025](#)).

As interações locais ocorrem entre células vizinhas, considerando a vizinhança de Moore de raio 1, e a probabilidade de contágio depende de características individuais, como faixa etária e uso de máscara.

3.2.1 Parâmetros e Dados Utilizados

A população e os casos reais de cada município foram obtidos a partir de dados fornecidos pelo Ministério da Saúde ([Ministério da Saúde do Brasil, 2025](#)).

Os parâmetros epidemiológicos foram inicialmente baseados no modelo de Podolski e Nguyen ([PODOLSKI; NGUYEN, 2021](#)) e posteriormente ajustados experimentalmente para refletir a dinâmica da COVID-19 nas cidades monitoradas. Entre os principais parâmetros considerados estão:

- **Período de incubação:** tempo médio em que um indivíduo exposto permanece latente antes de se tornar infectante.
- **Duração da infecção:** tempo durante o qual um indivíduo infectado pode transmitir a doença.
- **Taxa de transmissão:** probabilidade de que a doença seja transmitida em cada contato próximo.
- **Probabilidade de evolução para óbito:** chance de um indivíduo infectado evoluir para morte.
- **Uso de máscara:** reduz a chance de contágio, atuando como um fator multiplicativo que diminui a taxa de transmissão em interações entre agentes.
- **Suscetibilidade por faixa etária:** ajusta a chance de infecção de acordo com a idade do agente, também modelada como um fator multiplicativo aplicado à taxa de transmissão.

A Tabela 1 apresenta os valores adotados para os principais parâmetros do modelo durante as simulações.

Tabela 1 – Valores dos parâmetros utilizados na simulação

Parâmetro	Valor
Período de incubação	5 dias
Duração da infecção	3 dias
Taxa de transmissão	0,1
Probabilidade de evolução para óbito	0,02
Uso de máscara	0,4
taxa de mobilidade	0,002

A influência dos parâmetros uso de máscara e suscetibilidade etária é formalizada por meio da *taxa de transmissão efetiva*:

$$\beta_{\text{efetiva}} = \beta \cdot f_{\text{máscara}} \cdot f_{\text{idade}}, \quad (3.1)$$

onde β é a taxa de transmissão básica; $f_{\text{máscara}} \in (0, 1]$ representa a redução de risco associada ao uso de máscara pelo indivíduo (ou pelo par em interação); e f_{idade} é o fator de suscetibilidade relativo à faixa etária do agente suscetível.

Nesse contexto, $f_{\text{máscara}}$ atua como atenuador (quanto menor, maior a proteção); e f_{idade} é definido por grupo etário (ver Tabela 2) e pode ser menor, igual ou maior que 1, representando, respectivamente, menor, igual ou maior suscetibilidade relativa em comparação ao adulto jovem.

Tabela 2 – Faixas etárias e suscetibilidade relativa à infecção.

Faixa etária (anos)	Suscetibilidade relativa
0 – 9	0,4
10 – 19	0,45
20 – 59	0,8
60 – 69	1,0
70 ou mais	1,2

3.2.2 Conexão entre Municípios

A estrutura de interação entre municípios é representada por um grafo, em que cada nó corresponde a um município e as arestas conectam municípios geograficamente próximos (definidos via KDTree).

Durante a simulação, uma fração da população de um município realiza visitas ocasionais a municípios vizinhos, de acordo com uma taxa de mobilidade pré-definida em suas arestas. Nesses deslocamentos, agentes infectados podem interagir diretamente com indivíduos suscetíveis do município de destino, gerando novos focos de infecção local. Esse mecanismo permite que a propagação regional(entre cidades) não seja apenas um acréscimo aleatório de casos, mas sim o resultado da taxa de interações entre agentes de diferentes municípios, tornando a dinâmica mais realista.

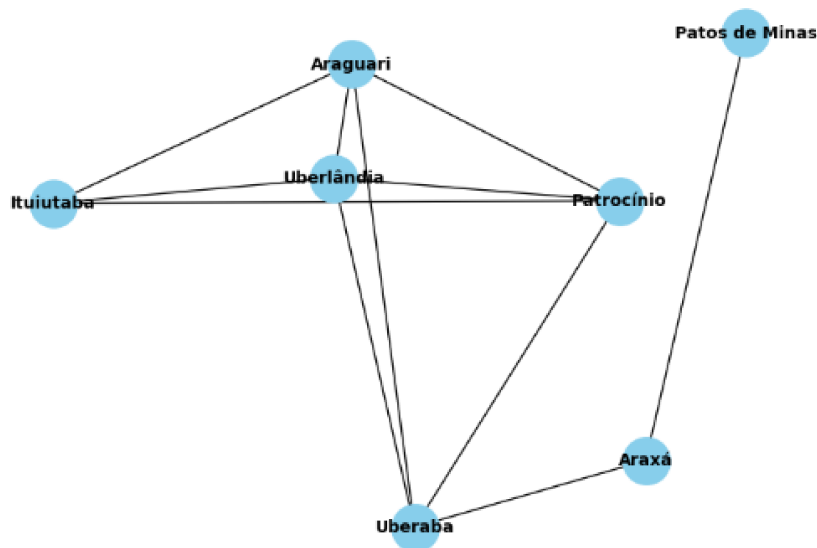


Figura 5 – Grafo representando as cidades e suas conexões geográficas utilizadas na simulação.

Na Figura 5, observa-se que municípios mais próximos possuem conexões diretas, possibilitando o fluxo de indivíduos entre eles e refletindo um padrão mais realista de mobilidade regional.

3.2.3 Evolução do Modelo

A simulação é executada em passos diários, representando a evolução da epidemia ao longo do tempo. A população inicial de agentes infectados em cada município é definida com base nos dados reais de COVID-19, considerando o número de casos acumulados na semana anterior ao início da simulação ([Ministério da Saúde do Brasil, 2025](#)). Essa abordagem permite que a simulação comece a partir de uma condição realista, refletindo a situação epidêmica observada na região monitorada, antes do período simulado.

Em cada passo do modelo, é aplicada a seguinte regra de transição:

1. Para cada município, os agentes interagem localmente dentro do reticulado do autômato celular (AC), com base em um modelo SEIRD. A figura 6 descreve a evolução da doença por meio de cinco estados epidemiológicos do modelo: Suscetível (S), Exposto (E), Infectado (I), Recuperado (R) e Óbito (D). Cada transição é determinada por parâmetros específicos do modelo, como a taxa de transmissão, o período de incubação, a probabilidade de recuperação e a probabilidade de morte, representando o curso típico de uma epidemia.

Cada indivíduo d suscetível (S) pode se tornar exposto (E) caso possua vizinhos infectados (I). A probabilidade de contaminação do indivíduo d por um vizinho infectado é dada por:

$$P_{\text{infecção}}(d) = \beta \cdot f_{\text{idade}}(d) \cdot f_{\text{máscara}}(d),$$

onde:

- β é a probabilidade base de transmissão do vírus;
- $f_{\text{idade}}(d)$ é o fator de ajuste pela suscetibilidade etária do indivíduo d ;
- $f_{\text{máscara}}(d)$ é o fator de proteção pelo uso de máscara.

Por exemplo, suponha que um indivíduo d esteja próximo a um vizinho infectado, com $\beta = 0,2$, $f_{\text{idade}}(d) = 1$ e $f_{\text{máscara}}(d) = 0,4$. A probabilidade de contaminação desse indivíduo pelo vizinho infectado é:

$$P_{\text{infecção}}(d) = 0,2 \cdot 1 \cdot 0,4 = 0,08.$$

ou seja, 8% de chance de se tornar exposto nesta interação. Para atualizar o estado, gera-se um número aleatório $r \in [0, 1]$; se $r < P_{\text{infecção}}(d)$, o indivíduo muda de estado $S \rightarrow E$, caso contrário, permanece suscetível.

- **Transição E $\rightarrow$ I:** Os agentes no estado exposto (E) tornam-se infectados (I) após o período de incubação da doença. Esse período é definido como um número fixo de iterações ou dias no modelo, simulando o tempo necessário para que o vírus se torne detectável e o indivíduo passe a ser contagioso.

- **Transição $I \rightarrow D/R$:** Agentes no estado infectado (I) podem evoluir para óbito (D) após a duração média da infecção. Essa transição ocorre de acordo com a probabilidade de morte predefinida P_{morte} , que pode variar de acordo com características individuais, como idade ou comorbidades, refletindo a mortalidade real da doença.

Agentes infectados que não evoluem para óbito se tornam recuperados (R) após o mesmo período médio de infecção. A probabilidade de recuperação é complementar à probabilidade de morte, ou seja, $P_{\text{recuperação}} = 1 - P_{\text{morte}}$, garantindo que todos os indivíduos infectados evoluam para um estado final (recuperado ou óbito) após a duração da doença.

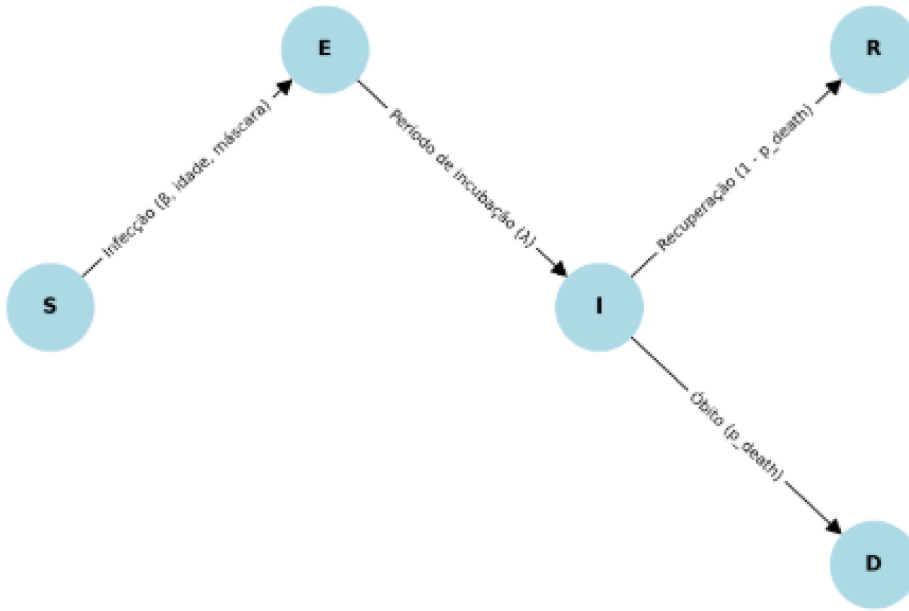


Figura 6 – Diagrama do modelo epidemiológico SEIRD.

2. Ao final de cada passo da simulação, uma fração da população de cada município é selecionada para visitar municípios vizinhos, de acordo com a taxa de mobilidade. Apenas agentes infectados (I) podem gerar novos focos de contágio. Cada visitante escolhe aleatoriamente uma célula de destino e seus vizinhos imediatos, e cada célula suscetível d tem probabilidade de contaminação dada por:

$$P_{\text{infecção}}(d) = \beta \cdot f_{\text{idade}}(d) \cdot f_{\text{máscara}}(d),$$

Se sorteio aleatório $r \in [0, 1] < P_{\text{infecção}}(d)$, o indivíduo muda de $S \rightarrow E$. Essa etapa permite criar novos focos de contágio em municípios vizinhos, simulando a disseminação espacial da doença.

3. Após a atualização de todos os municípios, os dados são agregados, possibilitando acompanhar a evolução temporal do número de indivíduos em cada estado epidemiológico (S, E, I, R, D).

4. O processo é repetido ao longo de todo o período estipulado para simulação, permitindo comparações entre os resultados simulados e os dados reais, bem como a avaliação de diferentes cenários epidemiológicos.

A Figura 7 apresenta a estratégia de mobilidade utilizada no modelo. No exemplo, os distritos são representados como reticulados de autômatos celulares, em que cada célula corresponde a um indivíduo: verde indica suscetível, vermelho infectado, amarelo exposto e preto óbito.

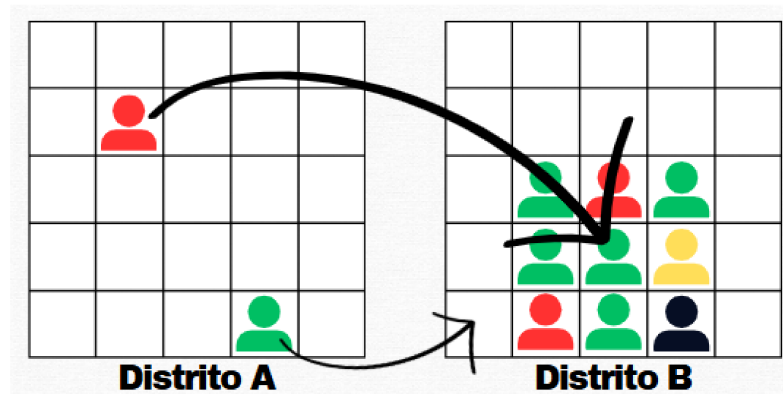


Figura 7 – Processo de mobilidade entre distritos.

No primeiro caso, observa-se um indivíduo infectado do Distrito A visitando o Distrito B, o que pode gerar novas infecções nos indivíduos suscetíveis do destino. Já no segundo caso, como a visita é realizada por um indivíduo não infectado, não ocorre nenhuma alteração nos estados epidemiológicos do Distrito B.

Essa abordagem possibilita capturar de forma integrada a propagação local e regional da COVID-19, mantendo a granularidade dos municípios e incorporando características individuais dos agentes.

4 Experimentos e Resultados

O presente capítulo avalia a capacidade do modelo em reproduzir os padrões observados da propagação da COVID-19 para 7 cidades selecionadas: Uberlândia, Uberaba, Araguari, Ituiutaba, Araxá, Patrocínio e Patos de Minas. O objetivo é comparar os resultados simulados com os dados reais, utilizando métricas como número diário de casos novos, casos acumulados, picos de infecção, RMSE, coeficiente de determinação (R^2) e correlação de Pearson.

A análise será realizada tanto no âmbito agregado, considerando todas as cidades simultaneamente, quanto individualmente, destacando diferenças na simulação entre municípios de distintos tamanhos populacionais.

4.1 Ambiente Experimental

Para validar o modelo proposto e avaliar seu desempenho, os experimentos foram realizados considerando os seguintes critérios:

- **Municípios simulados:** a simulação considerou os municípios de Uberlândia, Uberaba, Araguari, Ituiutaba, Araxá, Patrocínio e Patos de Minas, cujas populações e dados epidemiológicos foram obtidos a partir de registros oficiais do Ministério da Saúde ([Ministério da Saúde do Brasil, 2025](#)).
- **Período de simulação:** cada execução simulou a propagação da COVID-19 por um período de 30 dias, com atualização diária dos estados dos agentes.
- **Número de execuções:** para reduzir o efeito de variabilidade estocástica, cada cenário foi executado 10 vezes, e os resultados foram obtidos como média das execuções.
- **Parâmetros epidemiológicos fixos:** a taxa de transmissão, probabilidade de evolução para óbito, uso de máscara e suscetibilidade por faixa etária foram definidos conforme descrito na Seção 3.2.1.
- **Condições iniciais:** o número inicial de infectados em cada município foi obtido a partir dos dados reais registrados antes do início do período de simulação.
- **Métricas de avaliação:** foram calculados o número diário de casos novos, o número acumulado de casos, além de métricas de desempenho como RMSE, coeficiente de determinação (R^2) e correlação de Pearson entre os dados simulados e os dados reais.

- **Identificação de picos de infecção:** os picos de casos diários foram detectados para cada município, permitindo comparar o dia e a magnitude do pico simulado com os dados observados.
- **Comparação com dados reais:** os resultados simulados foram comparados com os casos confirmados de COVID-19 obtidos a partir de registros oficiais do Ministério da Saúde, no mesmo período temporal considerado para a simulação.
- **Período Temporal:** A comparação foi realizada considerando os 30 dias a partir de 01/09/2020. Essa data foi escolhida por refletir um momento em que o uso de máscaras já estava consolidado como medida protetiva, mas ainda não havia o início da vacinação, o que garante maior aderência entre a simulação proposta e a realidade observada.

Esses critérios garantem que a avaliação do modelo seja rigorosa e que os resultados possam ser reproduzidos e interpretados de forma consistente.

4.2 Análise Regional da Evolução de Casos

Nesta seção são apresentados os resultados agregados considerando o número de casos de todas as cidades. O objetivo é avaliar a capacidade do modelo em reproduzir a dinâmica global da epidemia, antes de realizar a análise individual por cidade.

A Figura 8 mostra a evolução dos **casos acumulados**, comparando os dados reais com os valores simulados pelo modelo. Já a Figura 9 apresenta a série de **novos casos diários**, permitindo avaliar a aderência da simulação ao comportamento temporal da epidemia.

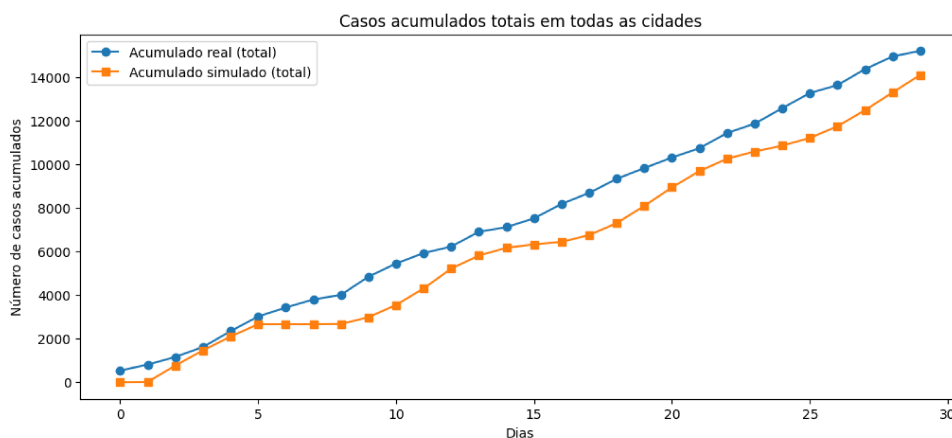


Figura 8 – Casos acumulados: comparação entre dados reais e simulados.

O gráfico mostra que ambas as curvas de casos acumulados apresentam crescimento contínuo, indicando que o modelo captura bem a tendência geral da pandemia. A simulação (laranja) se mantém ligeiramente abaixo da realidade (azul), especialmente nos primeiros dias, refletindo uma introdução inicial mais gradual do vírus. Apesar dessa diferença, a evolução ao longo do tempo acompanha de forma consistente a curva real, sugerindo que o modelo representa adequadamente a dinâmica da epidemia.

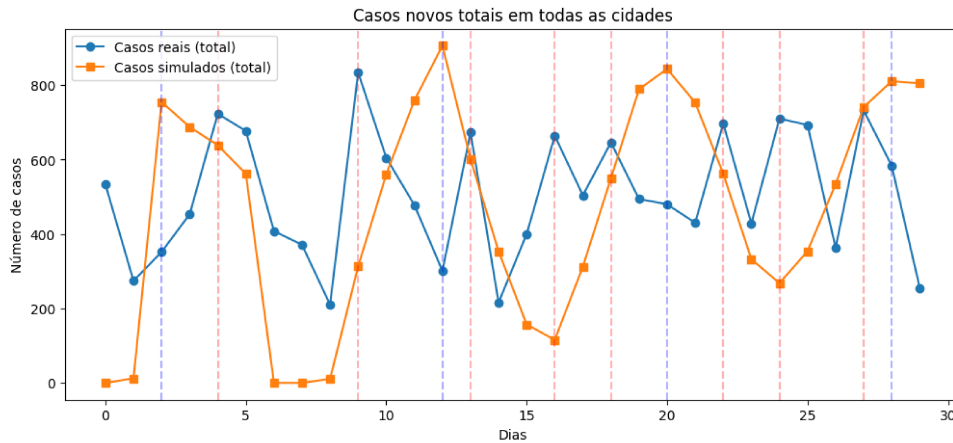


Figura 9 – Novos casos diários: comparação entre dados reais e simulados.

O gráfico mostra o número de casos novos diários em todas as cidades, comparando os dados reais e simulados. Observa-se que a simulação (laranja) consegue captar os picos mais altos da pandemia em alguns dias, mas em outros momentos subestima ou superestima o número de casos em relação à realidade (azul). Apesar dessas variações diárias, o modelo consegue reproduzir a tendência geral de oscilações na evolução da doença, refletindo os períodos de aumento e redução de casos ao longo do tempo.

Além da análise visual, foram calculadas métricas quantitativas para avaliar a precisão do modelo. Os resultados estão sumarizados na Tabela 3.

Tabela 3 – Métricas de desempenho do modelo no agregado (todas as cidades).

Métrica Casos Acumulados	Valor
RMSE	138,46
R^2	0,90
Correlação	0,99
Métrica Novos Casos	Valor
Erro no tempo do pico	3 dias
Erro no valor do pico	8,65%

Os resultados demonstram que, a nível regional, o modelo apresenta desempenho satisfatório, com elevada correlação (0,99) entre a curva simulada e a real, além de um R^2 de 0,90, indicando que 90% da variação dos casos acumulados foi explicada pela

simulação. O erro no pico foi reduzido, tanto em termos de tempo (3 dias) quanto de magnitude (8,65%), o que evidencia a boa capacidade do modelo em reproduzir a evolução da epidemia de forma global.

4.3 Avaliação dos Casos por Município

As Tabelas 4 e 4.3 apresentam a comparação das métricas de avaliação do modelo para diferentes cidades, destacando como o desempenho varia conforme características locais e o tamanho populacional.

Tabela 4 – Métricas de avaliação do modelo por cidade

Métrica	Uberlândia	Araguari	Uberaba	Ituiutaba
RMSE acumulado	314,63	169,06	275,23	843,60
R^2 acumulado	0,98	0,69	0,83	-1,53
Correlação acumulada	0,99	0,99	0,99	0,97
Erro tempo pico (dias)	3	7	3	5
Erro valor pico (%)	6,83	35,12	35,81	55,49

Métrica	Patrocínio	Araxá	Patos de Minas
RMSE acumulado	215,22	310,92	221,27
R^2 acumulado	-0,23	-1,19	-1,32
Correlação acumulada	0,99	0,98	0,99
Erro tempo pico (dias)	4	6	3
Erro valor pico (%)	28,27	79,37	37,05

Observa-se que o modelo apresenta bom ajuste para Uberlândia, com baixo erro médio ($\text{RMSE} = 314,63$), alto coeficiente de determinação ($R^2 = 0,98$) e correlação (0,99). Os erros relacionados ao pico epidêmico também são reduzidos, tanto em tempo (3 dias) quanto em magnitude (6,83%), indicando que o modelo consegue reproduzir de forma satisfatória a evolução da epidemia em municípios de grande porte.

Em contraste, Ituiutaba apresenta desempenho significativamente inferior: o erro médio é quase duas vezes maior; o R^2 é negativo, indicando inadequação do ajuste; e o erro no valor do pico ultrapassa 55%. Essa diferença deve-se principalmente à menor população e ao número reduzido de casos, que tornam a curva epidêmica mais irregular e suscetível a flutuações aleatórias, dificultando a capacidade do modelo de capturar padrões consistentes. Esses resultados evidenciam que a abordagem proposta se ajusta melhor a municípios maiores, enquanto cidades menores apresentam maior variabilidade nos resultados.

5 Conclusão

O presente trabalho teve como objetivo desenvolver um modelo baseado em grafo e autômatos celulares para simular a propagação da COVID-19 em cidades brasileiras, avaliando sua capacidade de reproduzir padrões observados de forma quantitativa.

Os resultados indicam que o modelo apresenta bom desempenho quando considerada a evolução regional consolidada, especialmente em municípios de maior porte populacional, como Uberlândia, onde as métricas de ajuste, como RMSE, coeficiente de determinação (R^2) e correlação, evidenciam uma boa correspondência com os dados reais. Em contrapartida, cidades menores, como Ituiutaba e Patrocínio, mostraram maior variabilidade nos resultados, erros mais elevados e menor confiabilidade nas previsões do pico epidêmico, devido principalmente à menor quantidade de casos e à influência de flutuações aleatórias inerentes ao modelo.

Entre as limitações deste trabalho, destacam-se a utilização de parâmetros globais, a geração da população inicial de cada cidade de forma aleatória e a ausência de variabilidade na mobilidade intermunicipal. Esses fatores podem influenciar a dinâmica simulada da epidemia, contribuindo para maiores erros em municípios de menor porte e limitando a capacidade do modelo de capturar variações locais específicas.

Como contribuições, o estudo demonstra que autômatos celulares podem ser aplicados na modelagem de epidemias em nível municipal, oferecendo uma ferramenta flexível para simulação e análise de diferentes cenários. Para contornar as limitações identificadas, sugere-se, em trabalhos futuros, o uso de algoritmos bio-inspirados para o ajuste mais refinado e personalizado do conjunto de parâmetros do modelo para a fim de representar a variabilidade comportamental existente entre os municípios, a incorporação de novas variáveis comportamentais, como dados socio-econômicos, disponibilidade de leitos e taxa de vacinação, bem como a aplicação da abordagem a outras doenças ou contextos epidemiológicos. Essas medidas poderiam aumentar a precisão das simulações, especialmente em cidades de menor porte, e tornar o modelo mais robusto frente a diferentes cenários.

Referências

- ALVES, R. G.; OLIVEIRA, M. R. A. d. Modelagem matemática de sistemas epidemiológicos: Um modelo seir para o sarampo. **Revista de Matemática da UFOP**, v. 2, p. 70–100, 2021. Acesso em: 11 set. 2025. Disponível em: <<https://periodicos.ufop.br/rmat/article/download/5148/3851/>>. Citado na página 11.
- ARAÚJO, B. M. G. C. S.; Sá, A. L. de; LIMA, J. C. P. de. Cellular automata models for infectious diseases. **Procedia Computer Science**, v. 187, p. 93–100, 2021. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1877050921003610>>. Citado na página 13.
- AZEVEDO, R. M.; FILHO, M. D. C. **Simulação de Fluidos em um Meio Poroso através de Autômatos Celulares de Gás na Rede**. Dissertação (Dissertação de Mestrado) — Universidade Federal de Pernambuco, 2007. Acesso em: 11 set. 2025. Disponível em: <<https://repositorio.ufpe.br/handle/123456789/6594>>. Citado na página 13.
- BARABÁSI, A.-L. **Network Science**. Cambridge University Press, 2016. Disponível em: <<http://networksciencebook.com/>>. Citado na página 13.
- CARVALHO, T. I. d. **Escalonamento de Tarefas Baseado em Autômatos Celulares com Uso dos Parâmetros de Previsão do Comportamento Dinâmico**. Dissertação (Dissertação de Mestrado) — Universidade Federal de Uberlândia, 2014. Acesso em: 11 set. 2025. Disponível em: <<https://repositorio.ufu.br/bitstream/123456789/12579/1/EscalamentoTarefasBaseado.pdf>>. Citado na página 13.
- CHINAZZI, M.; DAVIS, J. T.; AJELLI, M.; GIOANNINI, C.; LITVINOVA, M.; MERLER, S. et al. The effect of travel restrictions on the spread of the 2019 novel coronavirus (covid-19) outbreak. **Science**, v. 368, n. 6489, p. 395–400, 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1101/2020.02.09.20021261>>. Citado na página 11.
- CHOWDHURY, S.; ROYCHOWDHURY, S.; CHAUDHURI, I. Cellular automata in the light of covid-19. **The European Physical Journal Special Topics**, Springer, v. 231, n. 3, p. 545–560, 2022. Disponível em: <<https://doi.org/10.1140/epjs/s11734-022-00619-1>>. Citado na página 18.
- EMERGING, T. L. C. on Strengthening the Use of Epidemiological Modelling of; DISEASES, P. I. How modelling can better support public health policy making. **Nist Special Publication**, v. 403, p. 127, 2024. ISSN 0140-6736, 1474-547X. Disponível em: <[https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(23\)02758-7/abstract](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(23)02758-7/abstract)>. Citado na página 11.
- EPSTEIN, J. M. Modeling to contain pandemics. **Brookings Institution**, 2009. Acesso em: 17 jul. 2025. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/460687a>>. Citado na página 11.

- GIBRIM, P. T. M.; ALBUQUERQUE, L. C. d. A.; MEHDIPOUR, P. Uma introdução aos autômatos celulares sob o ponto de vista de sistemas dinâmicos e dinâmica simbólica. In: **Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics**. [s.n.], 2023. v. 10, n. 1. Acesso em: 11 set. 2025. Disponível em: <https://proceedings.sbmec.org.br/sbmec/article/download/4391/4452/8796>. Citado na página 13.
- GOMES, H. S. T.; AL. et. Cellular automata models in the study of complex systems. **Applied Mathematical Modelling**, v. 40, n. 1-2, p. 401–418, 2016. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/50366281_Complex_Systems_and_Cellular_Automata_Models_in_the_Study_of_Complexity. Citado na página 13.
- HETHCOTE, H. W. The mathematics of infectious diseases. **SIAM Review**, v. 42, n. 4, p. 599–653, 2000. Disponível em: <https://doi.org/10.1137/S0036144500371907>. Citado na página 11.
- JITHESH, P. **A model based on cellular automata for investigating the impact of lockdown, migration and vaccination on COVID-19 dynamics**. 2021. <https://doi.org/10.1016/j.cmpb.2021.106402>. Citado 2 vezes nas páginas 8 e 17.
- JUSTO, M. J. M. **Autômatos Celulares Caóticos Aplicados na Criptografia e Criptoanálise**. Tese (Tese de Doutorado) — Instituto de Física de São Carlos – Universidade de São Paulo, 2013. Acesso em: 11 set. 2025. Disponível em: <https://repositorio.ifsc.usp.br/items/5c52ee8c-97f9-44de-acfe-7bd60c62e74e>. Citado na página 13.
- KEELING, M. J.; EAMES, K. T. D. Networks and epidemic models. **Journal of the Royal Society Interface**, v. 2, n. 4, p. 295–307, 2005. Disponível em: <https://doi.org/10.1098/rsif.2005.0051>. Citado na página 11.
- KLEYKO, D.; FRADY, E. P.; SOMMER, F. T. Cellular automata can reduce memory requirements of collective-state computing. **IEEE Xplore**, 2022. Acesso em: [21 de outubro de 2024]. Disponível em: <https://doi.org/10.1109/TNNLS.2021.3119543>. Citado na página 13.
- LIMA, I. R. **Exploração de um modelo baseado em autômatos celulares estocásticos na dinâmica da COVID-19**. 2022. Monografia - Universidade Presbiteriana Mackenzie. Disponível em: <https://dspace.mackenzie.br/items/43cf101f-b896-4601-8dce-1a012243e9d3>. Citado na página 18.
- LIRA, L. P. d. **Proposta de um Novo Descritor de Imagens Baseado em Autômatos Celulares**. Dissertação (Dissertação de Mestrado) — Universidade Tecnológica Federal do Paraná, 2023. Acesso em: 11 set. 2025. Disponível em: <https://riut.utfpr.edu.br/jspui/bitstream/1/32983/1/descritorimagensautomatoscelulares.pdf>. Citado na página 13.
- Ministério da Saúde do Brasil. **Painel Coronavírus - COVID-19**. 2025. <https://covid.saude.gov.br>. Acesso em: 16 ago. 2025. Citado 4 vezes nas páginas 19, 20, 23 e 26.
- NEUMANN, J. V. **Theory of Self-Reproducing Automata**. Urbana, IL: University of Illinois Press, 1966. Citado na página 13.

- PODOLSKI, P.; NGUYEN, H. S. Cellular automata in covid-19 prediction. **Procedia Computer Science**, Elsevier, v. 192, p. 3634–3641, 2021. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.procs.2021.09.110>>. Citado 4 vezes nas páginas 8, 18, 19 e 20.
- RIZZI, R. L.; SILVA, A. L. d.; SILVA, D. d. O. Autômatos celulares e sistema multiagente para simulação da propagação de doenças. **Revista de Informática Teórica e Aplicada**, v. 23, n. 2, p. 141–158, 2018. Acesso em: 11 set. 2025. Disponível em: <<https://seer.ufrgs.br/index.php/rita/article/download/RITA-VOL23-NR2-141/39359>>. Citado na página 13.
- 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 and the resulting mean field system: A case study in mauritius. **Applied Mathematical Modelling**, Elsevier, v. 109, p. 242–259, 2022. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.apm.2022.07.008>>. Citado na página 18.
- SCIENCE, S. **Uma Visão Geral dos Autômatos Celulares**. 2025. Acesso em: 11 jun. 2025. Disponível em: <<https://scisimple.com/pt/articles/2025-09-04-uma-visao-geral-dos-automatos-celulares--a9ne4m5>>. Citado na página 8.
- SILVA, J.; OLIVEIRA, M. **Introdução à Modelagem Computacional de Epidemias**. 2025. <https://educapes.capes.gov.br/bitstream/capes/1000175/2/Modelagem_final_2025.pdf>. Acesso em: 11 set. 2025. Citado na página 8.
- SIRAKOULIS, G. C.; KARAFYLLIDIS, I.; THANAILAKIS, A. A cellular automaton model for the effects of population movement and vaccination on epidemic propagation. **Ecological Modelling**, v. 133, n. 3, p. 209–223, 2000. Disponível em: <[https://doi.org/10.1016/S0304-3800\(00\)00294-5](https://doi.org/10.1016/S0304-3800(00)00294-5)>. Citado na página 11.
- VIÉGAS, V. S.; CRUZ, C. B. M.; SOUZA, E. M. F. d. R. Autômatos celulares no contexto da modelagem dinâmica: desafios da modelagem de espaços urbanos. **Revista do Departamento de Geografia**, v. 41, 2021. Acesso em: 11 set. 2025. Disponível em: <<https://doi.org/10.11606/eISSN.2236-2878.rdg.2021.181171>>. Citado na página 14.
- WOLFRAM, S. **A New Kind of Science**. Wolfram Media, 2002. Disponível em: <<http://www.wolframscience.com/nks/>>. Citado 2 vezes nas páginas 13 e 17.
- _____. **Cellular Automata and Complexity: Collected Papers**. London: Taylor Francis, 2019. ISBN 9780367091385. Disponível em: <<https://doi.org/10.1201/9780429494093>>. Citado na página 16.