



## **INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS ESPACIAIS**

### INTRODUÇÃO À MODELAGEM DO SISTEMA TERRESTRE

#### Epidemic Propagation

**Jaidson Nandi Becker**

**Rafael Marão**

Este trabalho reproduz parte do modelo computacional descrito no artigo de Sirakoulis, Karafylidis e Thanailakis, “A cellular automaton model for effects of population movement and vaccination on epidemic propagation”, publicado na revista Ecological Modelling (Elsevier) em 2000.

O artigo trata da utilização de autômatos celulares para a modelagem da propagação de endemias. O modelo de propagação de endemias foi incrementado de modo a inferir no processo o movimento de populações e a vacinação da doença.

Originalmente, a cada célula foi atribuído as variáveis:

- P: proporção de infectados,
- INF: bandeira de infecção,
- IMF: bandeira de imunização.

Os estados possíveis das células são:

- Suscetible:  $INF = 0$  e  $IMF = 0$ ,
- Infected:  $INF = 1$ ,  $IMF = 0$  e  $P > 0$ ,
- Immunized:  $INF = 0$  e  $IMF = 1$ .

Todas as células iniciam susceptíveis e tornam-se infectadas se possuírem algum vizinho infectado. Após determinado tempo de infecção ( $t_{in}$ ) a célula torna-se imune e após algum tempo imune ( $t_{im}$ ) a célula torna-se novamente susceptível.

A proporção de infectados ( $P$ ) influencia na transição da célula do estado susceptível para o infectado. Entretanto o artigo não demonstra de forma clara suficiente para ser reproduzido. O artigo descreve como calcular o  $P$ , mas não como esta variável interage sobre a transição.

O movimento da população é representado pela variação do valor da variável P. De modo normalizado (a fim de se manter o valor P global) é incrementado ao modelo “movimento” fluxos de percentuais de P dentro de uma distância controlada (vizinhança). A vacinação é representada pelo incremento de células impossibilitadas de tornarem-se infectadas, independente do momento ou condição.

Este trabalho reproduziu somente a base do modelo, que diz respeito a propagação da endemia sem o incremento do movimento da população ou da vacinação.

Utilizou-se parâmetros idênticos ao do artigo:

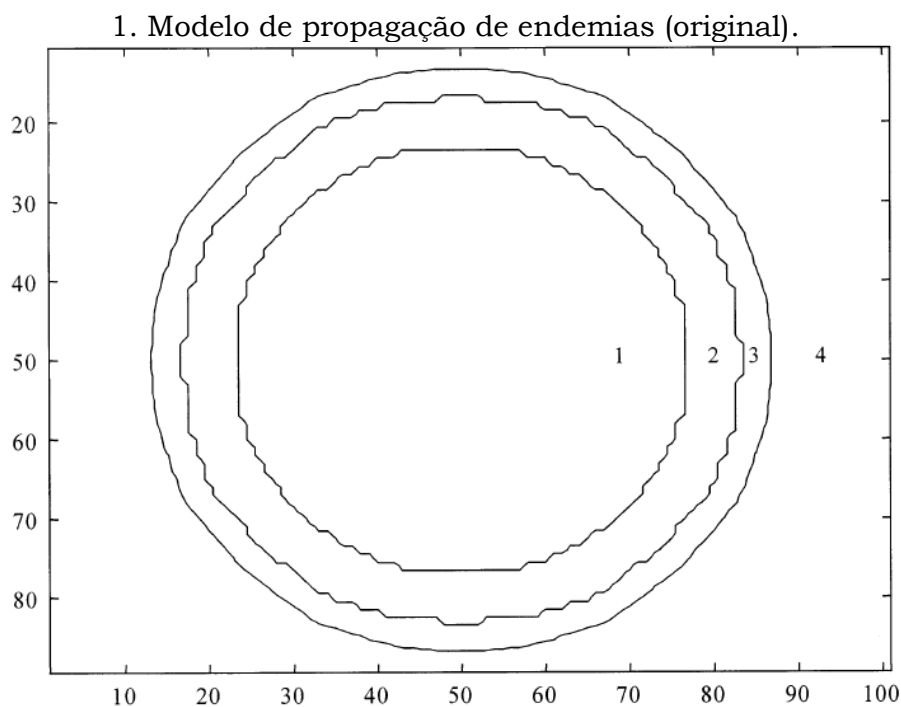
Espaço celular: 100 x 100,

tin: 5,

tim: 10,

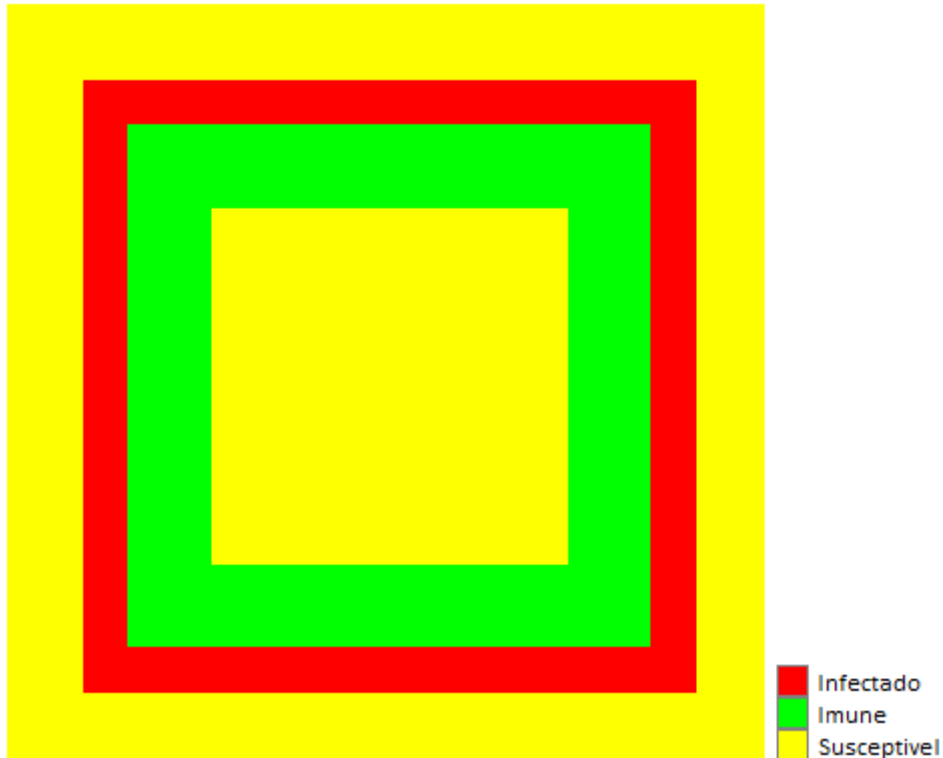
tempo de execução: 40.

A baixo estão apresentados os resultados do original e os reproduzidos.

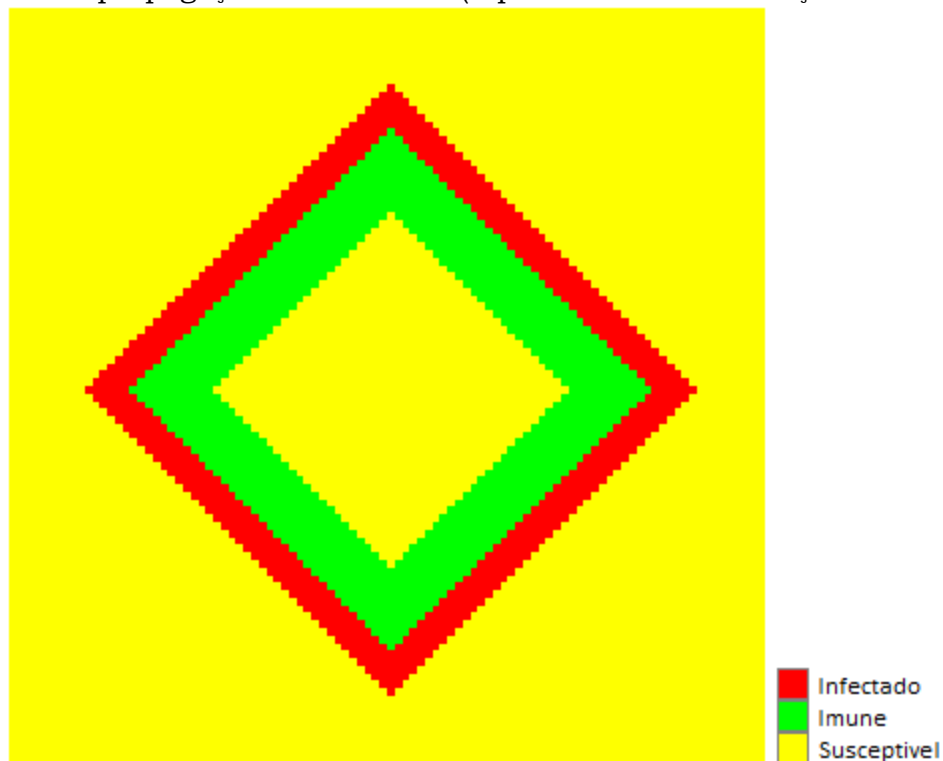


A epidemia começou no centro do modelo. As células estão divididas em quatro regiões: 1 susceptível, 2 imune, 3 infectada e 4 susceptível.

2. Modelo de propagação de endemias (reproduzido – vizinhança de Moore).



3. Modelo de propagação de endemias (reproduzido – vizinhança de Von Neumann).



A vizinhança utilizada no modelo original é a de Moore. A propagação da endemia apresenta forma circular devido aos vizinhos adjacentes da célula infectada receberem maior peso na transição de estado (susceptível para adjacente) que as células diagonais. Este peso é calculado pela variável  $P$  e o artigo não demonstra como esta interação sobre a transição.

## Conclusões

A forma circular de propagação do modelo original não atribui maior veracidade sobre o modelo que as demais formas utilizadas na reprodução. A disseminação de endemias estão condicionadas a questões ambientais, sociais e culturais, não obedecendo uma geometria específica. Por isto, não houve esforços para se reproduzir o efeito.

Embora esteja escrito em vários trechos do artigo, assim como no título, que o modelo analisa o efeito do movimento de indivíduos esta é feita de forma muito pobre, pouco reproduzindo a realidade. Pela não descrição de como a variável P interage sobre a transição do estado da célula susceptível para infectado fica impossível reproduzir o estudo em seu todo.

O estudo contribui conceitualmente para o emprego de autômatos celular na modelagem de endemias, embora a questão do movimento de população esteja pouco consistente e a vacinação não traga inovação.

## Código

```
--EPIDEMIC PROPAGATION - Jaidson e Rafael
```

```
--estados
```

```
INFECTED = 1
```

```
IMMUNIZED = 2
```

```
SUSCEPTIBLE = 3
```

```
--espaço celular
```

```
epidemicPropagation = CellularSpace{
```

```
    xdim = 100,
```

```
    ydim = 100
```

```
}
```

```
--vizinhança
```

```
epidemicPropagation:createNeighborhood{
```

```
    --strategy = "vonneumann"
```

```
    strategy = "moore",
```

```
    self = false
```

```
}
```

```
--estado inicial
```

```
initialState = function(cell)
```

```
cell.infected = 0
```

```
cell.immunized = 0
```

```
    cell.state = SUSCEPTIBLE
```

```
end
```

```
forEachCell(epidemicPropagation, initialState)
```

```
--infecção inicial
```

```
coord = Coord {x = 50, y = 50}
```

```
cell = epidemicPropagation: getCell(coord)
```

```
cell.state = INFECTED
```

```
epidemicPropagation:notify()
```

```

--regras
update = function(cell)
  if cell.past.state == SUSCEPTIBLE then
    forEachNeighbor(cell, function(cell, neighbor)
      if neighbor.past.state == INFECTED then
        cell.state = INFECTED
      end
    end)
  elseif cell.past.state == INFECTED then
    if cell.infected >= 5 then
      cell.state = IMMUNIZED
      cell.infected = 0
    else
      cell.infected = cell.infected + 1
    end
  elseif cell.past.state == IMMUNIZED then
    if cell.immunized >= 10 then
      cell.state = SUSCEPTIBLE
      cell.immunized = 0
    else
      cell.immunized = cell.immunized + 1
    end
  end
end
end

--roda o modelo
t = Timer{
  Event{action = function(event)
    epidemicPropagation:synchronize()
    forEachCell(epidemicPropagation, update)
    epidemicPropagation:notify()
  end}
}

--legenda
coverLeg = Legend {
  grouping = "uniquevalue",
  colorBar = {
    {value = INFECTED, color = "red"},
    {value = IMMUNIZED, color = "green"},
    {value = SUSCEPTIBLE, color = "yellow"}
  }
}

--plota
Observer {
  subject = epidemicPropagation,
  attributes = {"state"},
  legends = {coverLeg}
}

--executa o timer
t:execute(40)

```