

Evolução Espaço-Temporal de Disseminação de Epidemias Baseado no Modelo Malthus-Verhulst com Autômato Celular

Wellington A. V. Fonseca, Maury M. Gouvêa Jr.

Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica
Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais
Belo Horizonte, Minas Gerais – Brasil

wellington.fonseca@sga.pucminas.br, maury@pucminas.br

***Abstract.** The study of natural phenomena can be a complex task, especially due to their mathematical model. The study of epidemic dynamic is given special attention by researchers due to social and economic reasons. This work presents a model which describes an epidemic time-spatial evolution based on cellular automaton. The model uses local iterations and the Malthus-Verhulst model of population dynamics. With the proposed model, it will be possible to create different dissemination scenarios in order to evaluate epidemics, permitting to create more powerful preventive policies.*

***Resumo.** O estudo de fenômenos naturais pode ser uma tarefa complexa, principalmente em razão do modelo matemático que os descrevem. O estudo da dinâmica de epidemias tem ganhado destaque entre pesquisadores por motivos sociais e econômicos. O presente trabalho apresenta um modelo que descreve a evolução espaço-temporal de epidemias baseado em autômato celular. O modelo utiliza iterações locais e o modelo de Malthus-Verhulst de dinâmica de populações. Com o modelo proposto, torna-se possível criar diferentes cenários de disseminação para a avaliação de epidemias, permitindo a criação de políticas de prevenção mais efetivas.*

6. Introdução

A modelagem matemática é uma forma comum de se representar sistemas presentes no nosso cotidiano, podendo descrever dos mais simples aos mais complexos. O estudo da dinâmica dos mesmos tipicamente é realizado através de simulações de modelos computacionais. Dessa forma, permite-se um estudo mais rápido e eficaz, mais seguro e com a utilização de menos recursos e, por consequência, a validação dos modelos propostos [Gouvêa Jr. e Silva 2013].

O chamado Autômato Celular [Wolfram 1983] é um modelo que proporciona relativa simplificação de sistemas complexos, evitando-se a utilização de Sistemas de Equações Diferenciais, por exemplo. Nesta abordagem, assume-se uma grade composta de células com propriedades individuais e as interações entre as mesmas se dá através de regras de transição, sendo estas as responsáveis pelo comportamento local que culmina na dinâmica da grade, como um todo [Gouvêa Jr. e Silva 2013]. Aplicações típicas dos Autômatos Celulares (AC) se dão em áreas como dinâmica de nuvens, engenharia de tráfego, disseminação de epidemias, criptografia, dentre outras [Rennard 2002].

O presente trabalho tem como objetivo propor um modelo para simular a disseminação de epidemias levando-se em conta a influência da vizinhança e a evolução temporal da população em análise. Para tal, utiliza-se o modelo AC para a interação

entre os indivíduos da grade, simulando a dinâmica da epidemia, e o modelo de Malthus referente ao crescimento populacional. Utiliza-se, portanto, uma grade bidimensional com vizinhança de Von Neumann, na qual cada célula tem ou não um indivíduo presente. Cada célula da grade abriga, ou não, um indivíduo, sendo que este apresenta apenas os estados S (Susceptível) e I (Infectado) do modelo SIR (ou modelo epidêmico).

7. Referencial Teórico

Nesta seção, apresentam-se os conceitos básicos deste trabalho, como os fundamentos dos principais temas utilizados na pesquisa: autômatos celulares e o modelo de crescimento populacional. A primeira subseção apresenta conceitos introdutórios de um autômato celular. A segunda subseção explica o modelo clássico de Malthus-Verhulst, responsável pela evolução temporal de determinada população.

7.1. Autômato Celular

Trata-se de um tipo de sistema discreto em formato de grade, sendo esta última dividida em elementos chamados células. Cada célula presente em um AC pode assumir determinado número de estados e sua interação com as demais células da grade determinam a dinâmica da grade como um todo. As células presentes na vizinhança podem ou não alterar o estado de determinada célula, sendo a alteração determinada através das chamadas regras de transição. As regras de transição de um AC são funções determinísticas responsáveis por gerar o estado de determinada célula em instantes de tempos futuros. Em outras palavras, fornecem o estado $S_i(k+1)$ da i -ésima célula no instante de tempo $k+1$ como uma função dos estados das células pertencentes à vizinhança N_i [Wolfram 1983] [Gouvêa Jr e Silva 2013].

Um AC pode ser usado para representar diversos modelos de sistemas reais. De acordo com a característica do problema envolvido, o AC utilizado apresenta dimensões distintas. Por exemplo, no caso da avaliação da temperatura em uma barra, pode-se utilizar um AC unidimensional, como representado na Figura 1-a. Uma superfície, tipicamente, utiliza AC bidimensional, Figura 1-b, assim como será utilizado no presente trabalho. Para o caso em que se deseja avaliar a variação da umidade, por exemplo, em uma sala, utiliza-se um AC tridimensional, Figura 1-c.

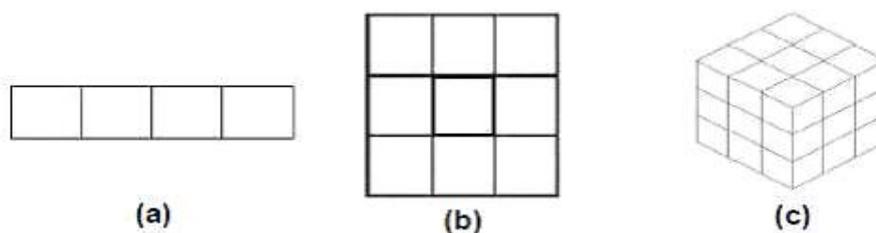


Figura 1: Dimensões Típicas de um AC

A vizinhança de um AC é dada por uma célula central e as demais ao seu redor, podendo-se considerar todas, ou somente as imediatamente acima e abaixo, e à direita e esquerda da célula central; respectivamente chamadas vizinhança de Moore e vizinhança de Von Neumann. A Figura 2 ilustra as vizinhanças de um AC.

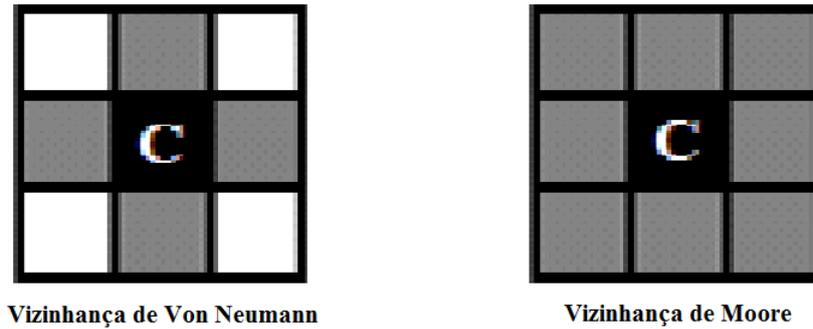


Figure 2: Vizinhanças típicas em um AC

Os autômatos celulares têm aplicações em simulações de sistemas reais, tipicamente [Rennard 2002]: No estudo do comportamento de bactérias, vírus e gases, espalhamento de incêndios, desenvolvimento de populações, sistemas econômicos e crescimento de vegetais; Geração de figuras aleatórias, filtro de imagens e distorção; Geração de melodias, sons e ruídos digitais; Substituição de equações diferenciais; Geração de números aleatórios e na criptografia; e simulação de partículas e geração de texturas.

7.2. Modelo de Crescimento Logístico

O modelo de crescimento populacional proposto por Thomas Malthus define um crescimento proporcional ao tamanho da população, N , como segue:

$$\frac{dN}{dt} = rN \quad (1)$$

Na Equação (1), r representa a taxa de crescimento, i.e., a diferença entre as taxas de natalidade e de mortalidade. A solução dessa equação diferencial define $N(t)$, tamanho da população N em um determinado período de tempo t , como uma função exponencial. Esse modelo é válido para um período de tempo, mas não por um longo período, pois nenhuma população cresce indefinidamente em razão das restrições ambientais, como as climáticas, e de recursos naturais, como a escassez de alimentos.

Com o objetivo de limitar o crescimento populacional em razão das restrições supracitadas, Pierre Verhulst introduziu a equação de crescimento logístico, conferindo ao modelo de Malthus maior fidedignidade [Tavoni e Oliveira 2013]. O modelo de Verhulst é descrito como segue:

$$\frac{dN}{dt} = rN \left(1 - \frac{N}{N_{sat}}\right) \quad (2)$$

Onde N_{sat} é o parâmetro que define a saturação da população. Na sua versão discreta, aproximada pelo método de Euler, o modelo de crescimento populacional de Verhulst dá a dinâmica da população N em função do instante de tempo k , e pode ser descrito como segue:

$$\Delta N = \left[rN \left(1 - \frac{N}{N_{sat}}\right) \right] \Delta t \quad (3)$$

sendo N_{sat} o tamanho da população quando $t \rightarrow \infty$.

8. Modelo de Disseminação de Epidemias Proposto

Para permitir a simulação da disseminação de uma epidemia em um período de tempo superior ao ciclo reprodutivo de uma população, pode ser importante considerar a evolução natural desta população. Assim, deve-se considerar o modelo de crescimento populacional da população em estudo.

O modelo neste artigo é baseado no modelo de crescimento logístico proposto por Verhulst [Tavoni e Oliveira 2013] e por uma regra de disseminação de epidemias por contaminação direta entre vizinhos. Na grade do AC, cada célula possui um indivíduo ou está vazia. A contaminação é probabilística, em função do número de vizinhos contaminados.

A população inicial é disposta aleatoriamente na grade do AC e seu crescimento ocorre em função do modelo de crescimento de Verhulst perturbado pelo número de mortes decorrente da epidemia em estudo. Para a representação da população, cada um dos N indivíduos pode apresentar dois estados diferentes: *susceptível* ou *infectado*. A cada iteração, um indivíduo pode evoluir de *susceptível* para *infectado*, e deste último para morte, desaparecendo da célula, ou se recuperar, voltando a ser susceptível, como mostra a Figura 3. De *susceptível*, S , o indivíduo pode infectar-se em função de uma variável aleatória com distribuição normal $N(\beta, \sigma)$ definida por uma média γ e desvio padrão σ , onde β é a probabilidade de o indivíduo se tornar infectado. De *infectado*, I , o indivíduo pode ir a óbito, célula vazia, segundo uma variável aleatória com distribuição normal $N(\gamma, \sigma)$ ou se recuperar com distribuição normal $N(1 - \gamma, \sigma)$, tornando-se susceptível novamente, sendo γ a probabilidade de morte e a probabilidade de recuperação, $1 - \gamma$.

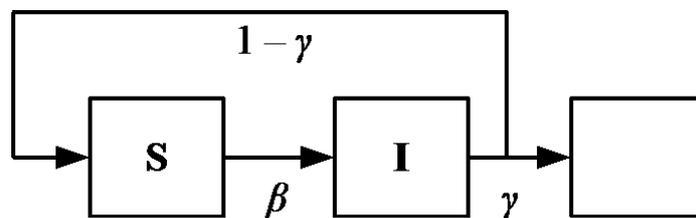


Figure 3: Diagrama do modelo de contaminação proposto

Propõe-se também uma variação da média em função do número de vizinhos, N_A , da célula avaliada. Assim, quanto maior o número de vizinhos infectados, maior será a probabilidade de contaminação. A probabilidade média de contaminação é, pois, uma função do número de vizinhos, expressa como segue:

$$f(N_A) = \frac{\beta - \beta_{\min}}{4} N_A + \beta_{\min}$$

(4)

sendo $\beta_{\min} = 0,2$. Como o tempo de disseminação de epidemias é normalmente menor que o de crescimento populacional, para cada iteração do modelo de Malthus-Verhulst ocorre n iterações do modelo epidêmico.

9. Resultados de Simulação

Com a finalidade de analisar a dinâmica do modelo proposto, foram feitas simulações, em ambiente Matlab, em uma grade 10x10. Alguns parâmetros do sistema foram variados para que seus impactos sobre o comportamento do modelo fossem analisados. Para cada simulação, foram realizadas 300 iterações. Os parâmetros utilizados foram o

crescimento populacional, $r = 10\%$, $\beta = \{0,2; 0,6\}$, $\alpha = \{0,1; 0,5\}$, $N(0) = \{20; 40\} \%$ e $N_{sat} = 50\%$ da grade ocupada. A Tabela 1 mostra como foram ajustados os parâmetros do modelo entre as simulações. A taxa de contaminação ou morte igual a 0% significa que foi utilizado o modelo original Malthus-Verhulst sem o modelo de disseminação de epidemias proposto.

Tabela 1: Parametrização das Simulações

Sim.	Taxa de Contaminação	Taxa de Mortalidade	Pop. Inicial
(i)	0 20% 60%	10%	20%
(ii)	20%	0 10% 50%	40%

Na simulação (i), o objetivo foi avaliar diferentes taxas de contaminação do modelo proposto em relação a uma taxa de mortalidade baixa para uma população pequena em relação ao tamanho da matriz. Assim, pode-se observar o impacto da epidemia em relação a um cenário favorável, i.e., uma epidemia com baixa taxa de mortalidade disseminada em uma população pequena. A Figura 4 mostra a evolução da população na simulação (i). A legenda apresentada da Figura 4(a) rotula, também para as Figuras 4(b)-(c), as curvas de Malthus-Verhulst, em azul contínuo, do modelo proposto com $\beta = 0,2$, em verde tracejado, e do modelo proposto com $\beta = 0,6$, em vermelho traço-pontilhado.

O modelo original Malthus-Verhulst teve o comportamento esperado, isto é, com uma taxa de crescimento positiva, a população, $N(k)$, cresce monotonamente até o valor de saturação definido, $N_{sat} = 50\%$ da grade ocupada. No caso $\beta = 0,2$, curva verde tracejada, a população também cresce, mas com menor intensidade até o valor de saturação. Ao atingir N_{sat} , na iteração 150, aproximadamente, $N(k)$ segue oscilando em razão da perturbação gerada pelas ocorrências de morte causadas pela epidemia. Essa curva sugere que $N(k)$ continuaria crescendo, assim como no modelo Malthus-Verhulst, caso não houvesse as limitações propostas no modelo de Verhulst. As baixas taxas de contaminação e mortalidade, $\beta = 0,2$ e $\alpha = 0,1$, não são suficientes para evitar o crescimento da população, apenas o perturba. A população inicial pequena, 20% de ocupação na matriz, não influenciou a dinâmica da epidemia, caso contrário, o número de mortes aumentaria com o crescimento da população.

As curvas do número de infectados e mortes das Figuras 4(b)-(c) podem ser relacionadas entre si, pois ao aumentar o número de infectados, o número de mortes tende a aumentar. Nas Figuras 4(b)-(c), observa-se picos de crescimentos de infectados e mortes. Isso ocorre porque o número de infectados tende a aumentar até um limite em que os indivíduos atingem uma concentração máxima, i.e., um indivíduo possuirá 4 vizinhos. Nesse momento, o número de mortes em decorrência da epidemia tende a aumentar em decorrência do aumento da probabilidade de contaminação (função do número de vizinhos). Na comparação entre as populações com diferentes β , há um número maior de infectados e mortes na população com maior taxa de contaminação. Assim, as curvas de número de infectados e mortes da população com essa taxa de contaminação maior, vermelha traço-pontilhada, apresenta maior número de picos.

Na simulação (ii), o objetivo foi avaliar diferentes taxas de mortalidade do modelo proposto em relação a uma taxa de mortalidade baixa para uma população de tamanho médio em relação à dimensão da matriz. Nesse caso, analisa-se o impacto da epidemia em relação a um cenário menos favorável em relação ao experimento (i). A Figura 5 mostra a evolução dos parâmetros da população na simulação (ii). Assim como na Figura 4, a legenda apresentada da Figura 5(a) rotula as curvas também para as Figuras 5(b)-(c).

A Figura 5(a) mostra a evolução da população para as três condições impostas pela simulação (ii). Como a população inicial, $N(0)$, foi próxima do valor de saturação, N_{sat} , o número de indivíduos no modelo Malthus-Verhulst saturou rapidamente. No caso $\gamma = 0,1$, as baixas taxas de mortalidade e contaminação, $\beta = 0,2$, não foram suficientes para impedir o crescimento da população.

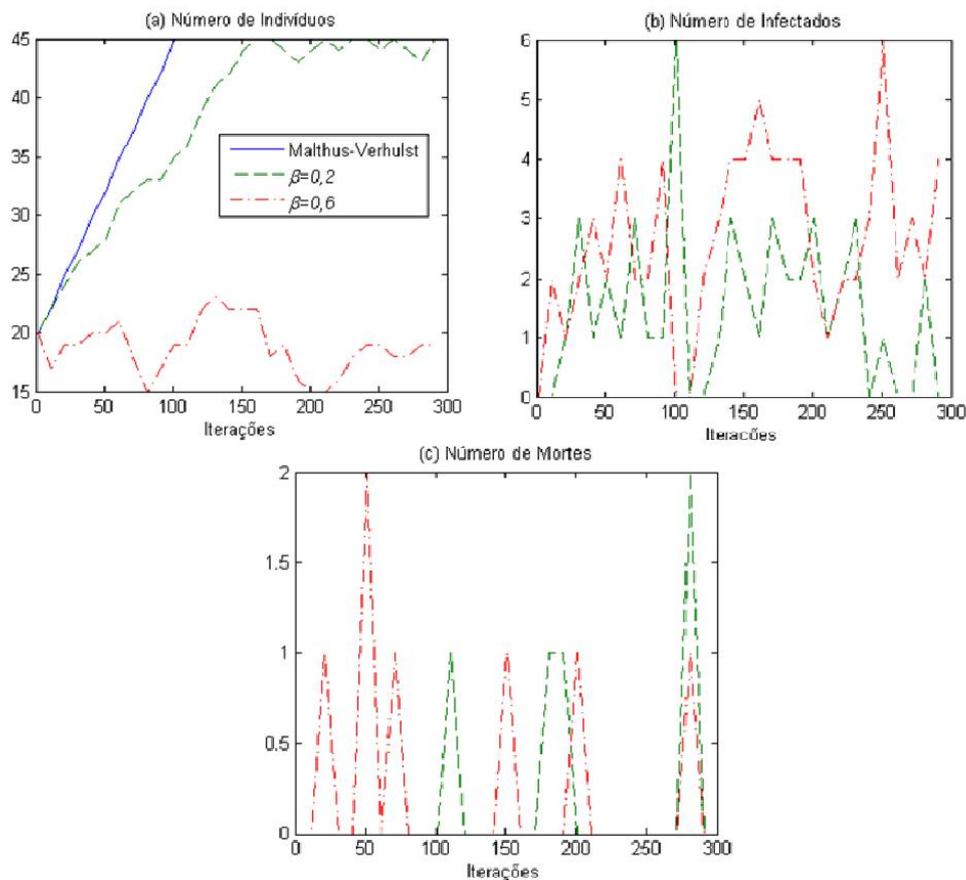


Figure 4: Evolução de uma população na simulação (i): (a) modelo original Malthus-Verhulst; (b) modelo proposto com $\beta = 0,2$; (c) modelo proposto com $\beta = 0,6$

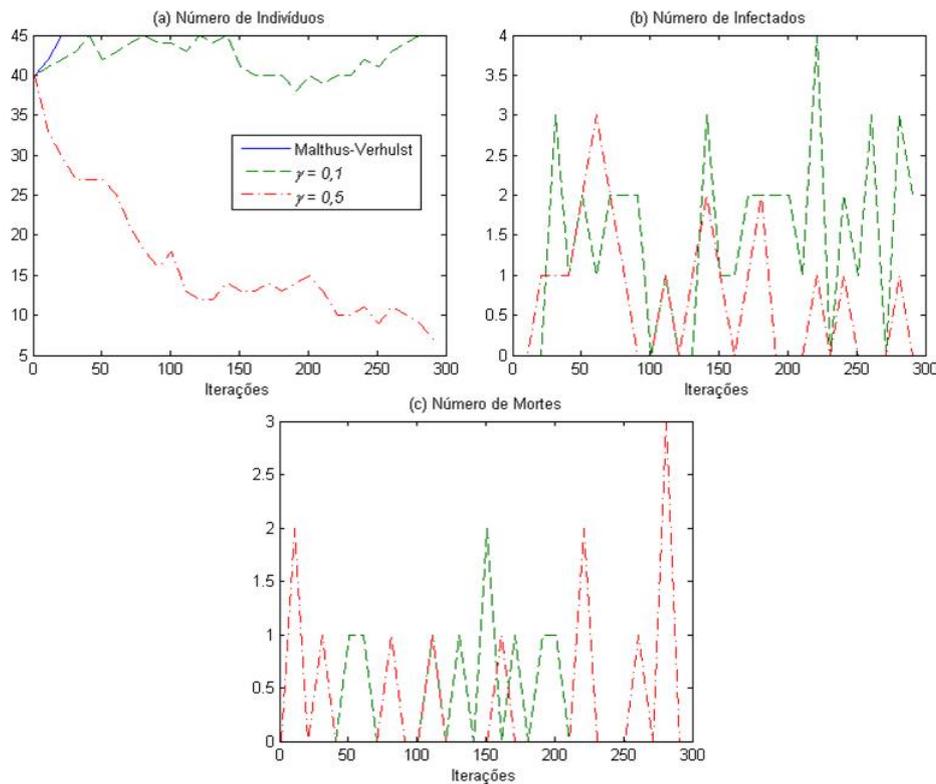


Figure 5: Evolução de uma população na simulação (ii): (a) modelo original Malthus-Verhulst; (b) modelo proposto com $\gamma = 0,1$; (c) modelo proposto com $\gamma = 0,5$

A oscilação após a saturação foi maior que na simulação (i) com as mesmas taxas de contaminação e mortalidade. Essa situação pode ser atribuída à maior população inicial que pode ter constituído um número maior de agrupamentos – aumentando a taxa de contaminação em razão do número maior de vizinhos. No caso $\gamma = 0,5$, a população declinou, assim como na simulação (i), pois, apesar de uma taxa de contaminação mais baixa, a taxa de mortalidade foi elevada.

A Figura 5(b) mostra o número de infectados na simulação (ii). Observa-se que o número médio de infectados no caso $\gamma = 0,1$ é maior que no caso $\gamma = 0,5$, apesar de em ambos os casos a taxa de contaminação utilizada ter sido a mesma, $\beta = 0,2$. Essa situação pode ser atribuída à maior taxa de mortalidade do segundo caso, $\gamma = 0,5$, que convertia a morte em um número maior de infectados que no primeiro caso, $\gamma = 0,1$. Essa conclusão pode ser reforçada na Figura 5(c), que mostra um número médio de mortes maior no caso $\gamma = 0,5$, curva vermelha traço-pontilhada.

10. Conclusão

Este trabalho apresentou um modelo de dinâmica de epidemias integrado ao modelo de crescimento populacional Malthus-Verhulst utilizando autômato celular. No modelo proposto, cada célula do AC pode conter ou não um indivíduo, classificado como *susceptível* ou *infectado* de acordo com taxas de contaminação e mortalidade da epidemia em estudo. No modelo proposto, o crescimento da população é baseado no modelo Malthus-Verhulst, que é perturbado pelas regras de transição de estado.

Foram realizadas simulações com o objetivo de analisar a dinâmica do modelo proposto. Dois tipos de simulações foram realizadas, (i) fixando a taxa de mortalidade e

variando a taxa de contaminação; e (ii) fixando a taxa de contaminação e variando a taxa de mortalidade. No experimento (i), estudou-se um cenário mais favorável, pois usou-se uma população inicial e taxa de mortalidade da epidemia baixas. No experimento (ii), o cenário foi menos favorável, pois a população inicial foi maior, formando um número maior de agrupamento de indivíduos, e uma das taxa de mortalidade foi elevada (50%).

Os estudos mostraram que taxas elevadas de contaminação ou mortalidade do modelo proposto tendem a declinar o número de indivíduos de uma população. Em populações maiores, o impacto do modelo se torna maior, pois a probabilidade de contaminação aumenta quando um indivíduo possui mais vizinhos contaminados. Assim, como populações maiores possuem mais agrupamentos, mais indivíduos serão contaminados.

Em trabalhos futuros, pretende-se comparar o modelo proposto com epidemias já estudadas na literatura e, assim, validar este estudo inicial. Dessa forma, será possível utilizar o modelo proposto em planejamento de políticas públicas de saúde, analisando o impacto de epidemias sobre populações humanas ou de bactérias e sobre os recursos públicos necessários para contê-la.

Agradecimentos

Os autores agradecem à Capes, pelo suporte financeiro na forma de bolsa de pesquisa, e à Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais que forneceram suporte para realização deste trabalho.

Referências

- Silva, A. K. C. ; Gouvêa JR., M. M. “Dinâmica de Epidemias Baseada no Modelo SIR com Autômato Celular”. In: Franca Arenare Jeunon, Wolney Lobato, Sérgio de Moraes Hanriot. (Org.). Iniciação Científica: destaques 2013. 1ed. Belo Horizonte: Editora PUC Minas, 2014, v. 1, p. 161-173.
- Wolfram, S. “Cellular Automata”. Los Alamos Science, 1983.
- Rennard, J.P. “Implementation of logical functions in the game of life”. In: Adamatzky A (ed) Collision-based computing. Springer, London, pp 491–512
- Tavoni, Robinson; Oliveira, Renata Zotin G. “Os modelos de crescimento populacional de Malthus e Verhulst - Uma motivação para o ensino de logaritmos e exponenciais”.
- 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, v. 115, n. 772, 700-721, 1927.
- Alvarenga, Lucymara de Resende. “Modelagem de epidemias através de modelos baseados em indivíduos”. 2008. 130f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Elétrica) - Programa de Pós-graduação em Engenharia Elétrica, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.