

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics

População modelada por autômatos celulares e estruturada em grupos.

Aurélio Briani Matias Ramos¹
Pedro Henrique Triguís Schimit²

Programa de Pós-Graduação em Informática e Gestão do Conhecimento, Universidade Nove de Julho, São Paulo, SP

Quando populações são usadas em estudos epidemiológicos, os contatos entre indivíduos são realizados de dois a dois, ou seja, um indivíduo suscetível à doença encontra um indivíduo infectado que a propaga e há uma probabilidade de infecção por parte do indivíduo suscetível [2]. Isso não representa a realidade dos contatos entre indivíduos de uma população. Imagine uma pessoa que usa transporte público para chegar ao escritório do trabalho, e estuda à noite. Ela faz parte de diferentes grandes grupos ao longo do dia, e se em algum desses grupos há pessoas infectadas, há uma probabilidade de infecção, ou seja, um indivíduo pode ter contato com uma grande quantidade de pessoas dentro de grupos, não necessariamente em contatos dois a dois. Portanto, o objetivo do trabalho é modelar uma população que contemple movimentações dos indivíduos para formação de grupos. Usa-se um Autômato Celular (AC) bi-dimensional de dimensão $n \times n = N$ em que cada célula do reticulado representa um indivíduo. Para evitar efeitos de borda, a coluna de células da esquerda se conecta com a coluna de células da direita, assim como a linha superior à linha inferior, formando uma superfície toroidal.

A vizinhança de cada indivíduo consiste de uma área do reticulado de raio r , ou seja, com o indivíduo no centro dessa área, tem-se um quadrado de lado $2r+1$ como sendo a área de sua vizinhança. Vizinhos a uma distância 1 desse indivíduo estão na primeira camada da vizinhança, com $i = 1$ (vizinhança de Moore [3]), vizinhos a uma distância 2, tem-se $i = 2$ e assim por diante. A probabilidade de um indivíduo entrar em contato com um vizinho da camada i é dada por $q_{i,r} = (r + 1 - i)/(r^2 + r - \sum_{j=1}^r j)$ [2], que reflete uma maior probabilidade de movimentação para células mais próximas do indivíduo. Os estados e transições de estados do autômatos são definidos pelo modelo a ser usado. No caso de um espalhamento de uma doença, pode-se usar o modelo SIR, de estados Suscetível, Infectado e Removido, por exemplo [2].

Além disso, adiciona-se à essa regra de movimentação uma dinâmica baseada na teoria de grafos evolucionários: cada indivíduo tem uma probabilidade de permanecer em sua célula, e uma probabilidade de sair e se movimentar de acordo com a regra descrita. Portanto, o indivíduo fica em sua célula com probabilidade $h/(h + d)$, sendo h a fidelidade do indivíduo à sua célula e d a quantidade de vizinhos. O objetivo de trazer

¹aurelio_bmrbrm@uninove.edu.br

²schimit@uni9.pro.br

essa dinâmica adicional à movimentação é usar uma medida geral de movimentação em grafos evolucionários: a *temperatura*. Além da definição analítica, a temperatura de um grafo é a probabilidade de um indivíduo não ficar sozinho após a movimentação de toda a população [1].

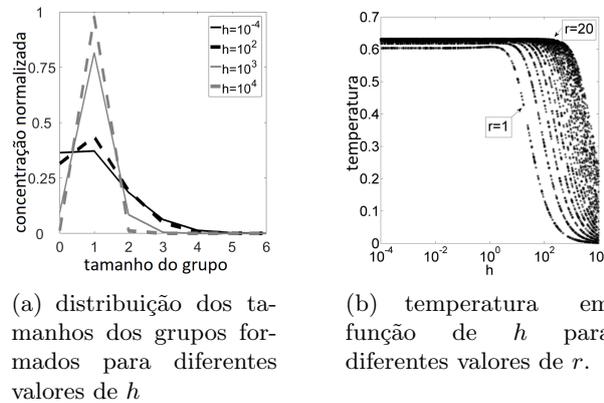


Figura 1: Influência da dinâmica de movimentação na formação de grupos na população.

Usando $n = 200$ ($N = 40000$), as Figuras 1.a e 1.b contêm a influência da dinâmica de movimentação na formação de grupos na população. Na Figura 1.a, com $r = 4$, tem-se a distribuição dos tamanhos dos grupos para diferentes valores de h . Para h “alto” os indivíduos não saem de suas células, enquanto que para h “pequeno”, há a existência de grupos maiores. Além disso, a Figura 1.b contém a temperatura, calculada como descrito acima, em função de h para diferentes valores de r . Essa dinâmica de movimentação mostra que com pouca variação dos parâmetros é possível simular diferentes comportamentos para uma certa população. Para os próximos passos desse estudo, pretende-se: avaliar a dinâmica populacional em termos de quantas movimentações por passo de tempo cada indivíduo faz e; usar o modelo para simular a propagação de uma doença contagiosa.

Agradecimentos

P.H.T.S tem suporte para pesquisa da FAPESP (#2017/12671-8) e do CNPq (#303743/2016-6 e #402874/2016-1).

Referências

- [1] M. Broom, C. Lafaye, K. Pattni and J. Rychtar, A study of the dynamics of multi-player games on small networks using territorial interactions, *Springer - Journal of Mathematical Biology*, 71:1551–1574, 2015.
- [2] P. H. T. Schimit and L. H. A. Monteiro, On the basic reproduction number and the topological properties of the contact network: An epidemiological study in mainly locally connected cellular automata, *Ecological Modelling*, 220:1034–1042, 2009.
- [3] S. Wolfram, Cellular automata as models of complexity, *Nature - Journal of science*, 311:419–424, 1984.