

Simulação dos Impactos de um Evento Super Espalhador em um Modelo Tipo SIRS por Autômatos Celulares Epidêmicos

Fernando A. F. Gomes¹ João F. da C. A. Meyer² Laécio C. de Barros³
UNICAMP, Campinas, SP

Desenvolvemos um tipo de sistema dinâmico discreto para simular sistemas epidemiológicos utilizando o que chamamos de autômatos celulares epidêmicos (ECA's). O modelo é inspirado nas equações tipo SIRS, mas considera componentes espaciais por meio de correlações entre os indivíduos e introduz variáveis aleatórias sob os parâmetros, assim, ampliando as possibilidades de investigação sobre os fatores de espalhamento das doenças. Também são considerados mecanismos de propagação não-locais para simular a geração de novos focos de infecção por meio de transportes. Para este trabalho, iremos investigar as consequências da inclusão de um evento super espalhador na dinâmica do modelo e, realizando o seu rastreamento de casos, serão investigados os impactos deste evento na dinâmica geral da doença.

Um autômato celular epidêmico é definido pela quadra (G, E, U, f_0) [4], onde $G \subset \mathbb{Z}^d$ é o espaço de células, E o conjunto de estados possíveis de cada célula, U a vizinhança de cada célula e f_0 é a função de transição de estado. Usamos $d = 2$ e G uma matriz quadrada centrada na origem. Seja agora $E = \{0, r_1, r_2, \dots, r_b, i_1, i_2, \dots, i_a\} = \{0, 1, 2, \dots, m\}$ tendo, portanto, $m + 1$ valores no conjunto de estados possíveis. Temos essa formulação para descrever os seguintes estados, seja $x \in G$ qualquer, se o estado de x é designado por $\{0\}$, então esse indivíduo é suscetível, se o estado de x é designado por $\{i_1, i_2, \dots, i_a\}$, então esse indivíduo é infectado e se o estado de x é designado por $\{r_1, r_2, \dots, r_b\}$, então esse indivíduo é recuperado. Para U , usando a estrutura aditiva de \mathbb{Z}^2 , definimos a vizinhança $U(x)$, com $x \in G$, a partir da vizinhança da célula fixa em $(0, 0) \in \mathbb{Z}^2$: $U(x) = x + y, \forall y \in U(0)$. A vizinhança de x é, portanto, formada por todos os elementos transladados por $y \in U(0)$. Usaremos duas vizinhanças aleatórias somadas, isto é, são sorteadas k_1 e k_2 posições em um determinado círculo de raio $\|r_1\|_\infty$ e $\|r_2\|_\infty$ [2]. Este tipo de vizinhança objetiva simular a interação via deslocamento dos indivíduos permitindo, portanto, a geração de outros focos de infecção. Para f_0 , definamos o conceito de *ocupação*. Uma *ocupação* sobre x é o mapa $\Phi : U(x) \rightarrow E$ que relaciona as posições de $U(x)$ com algum elemento de E . Seja agora S_0 o conjunto de todos os mapas Φ . Então, uma função local é o mapa $f_0 : S_0 \rightarrow E$ das *ocupações* em estados possíveis. A função de transição f_0 , então, fica dada por:

$$f_0(\Phi) = \begin{cases} m & \text{para } \Phi(0) = 0 \text{ com probabilidade } p(k) \\ 0 & \text{para } \Phi(0) = 0 \text{ com probabilidade } 1 - p(k) \\ \Phi(0) - 1 & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (1)$$

onde $p(k)$ é a probabilidade de contágio de um suscetível dado k contatos.

Para o estudo de caso proposto, serão usados dados de tempo de infecção [1] e tempo de recuperação da COVID-19 [3]. O evento super espalhador ocorrerá na semana epidemiológica 6

¹fernando.augusto.fgomes@gmail.com

²jmeyer@unicamp.br

³laeciocb@ime.unicamp.br

gerando 10 novos focos de infecção em pontos aleatórios do ECA. Segue abaixo o resultado da dinâmica do autômato celular:

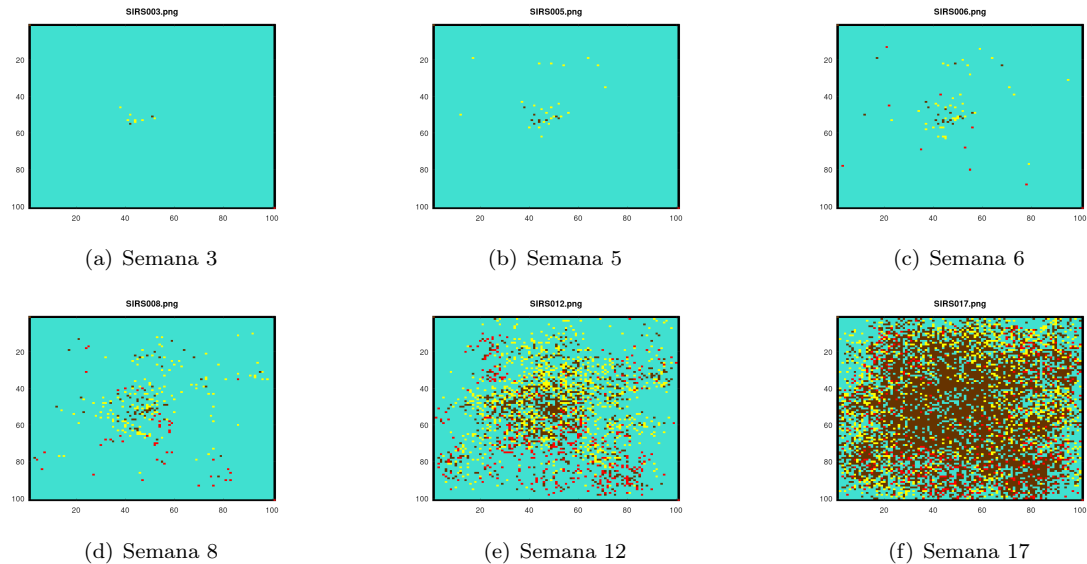


Figura 1: Evolução espacial do ECA com um evento super espalhador. Em azul, suscetíveis. Em amarelo, infectados regular. Em vermelho, infectados via evento super espalhador. Em marrom, recuperados. Fonte: dos autores

Feito o rastreo de casos, a proporção total de infectados gerados a partir das cadeias de infecção deste único evento super espalhador foi de 27,54% do total da dinâmica. A geração abrupta de muitos novos focos de infecção acaba por alterar significativamente a taxa de propagação mostrando como, em populações humanas, a relação entre interconectividade e a capacidade de transporte podem ser muito perigosos do ponto de vista epidemiológico.

O modelo, portanto, permite estudar, através da possibilidade de rastrear cadeias de contágio e das correlações espaciais, como fenômenos específicos podem alterar ou não a dinâmica de contaminação. Esta mesma abordagem pode ser usada, futuramente, para se investigar, por exemplo, o efeito da interação entre variantes de uma mesma doença.

Referências

- [1] **Coronavirus Incubation Period:** <https://www.worldometers.info/coronavirus/coronavirus-incubation-period/>. Accessed: March 13, 2025.
- [2] F. A. F. Gomes. “Formulação de sistemas epidemiológicos por autômatos celulares: comparação com a teoria clássica e simulações para a COVID-19”. Tese de doutorado. [sn], 2023.
- [3] C. J. Reynolds, L. Swadling, J. M. Gibbons, C. Pade, M. P. Jensen, M. O. Diniz, N. M. Schmidt, D. K. Butler, O. E. Amin, S. N. L. Bailey et al. “Discordant neutralizing antibody and T cell responses in asymptomatic and mild SARS-CoV-2 infection”. Em: **Science immunology** 54 (2020), eabf3698. DOI: 10.1126/sciimmunol.abf3698.
- [4] B. Schönfisch. “Propagation of fronts in cellular automata”. Em: **Physica D: Nonlinear Phenomena** 4 (1995), pp. 433–450. DOI: 10.1016/0167-2789(94)00192-S.