

# MODELO DE PROPAGAÇÃO DE DOENÇAS EPIDÊMICAS BASEADO EM AUTÔMATOS CELULAR

Roger Amorin Vieira<sup>1</sup>, Sérgio Coral<sup>1</sup>, Kristian Madeira<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Ciência da Computação – Universidade do Extremo Sul Catarinense (UNESC) Av. Universitária, 1105 - CEP: 88806-000 – Criciúma – SC – Brasil

contato@vieiraroger.com.br, sergiocoral@unesc.net, kristian@unesc.net

***Abstract.** Epidemics during human history have caused fatalities in the world. This research aims to simulate the spread of an epidemic disease with the use of cellular automata. The application will receive input data with parameters of the disease and generate a cellular automaton simulating a population and the disease will spread in that location to bring output data that can be used for decisions. To test our cellular automaton, we use the city of Criciúma located in the state of Santa Catarina in Brazil as a base, where we compare the results of our tests with a specific date in this city and find the percentages of difference between the model of the cellular automaton and what actually happened in the city.*

***Resumo.** Epidemias durante a história da humanidade causaram inúmeras fatalidades no mundo. Esta pesquisa tem como objetivo simular o contágio de uma doença epidêmica com o uso de autômatos celulares. A aplicação receberá dados de entrada com parâmetros da doença e gerará um autômato celular simulando uma população, a doença irá se espalhar nesse local e obteremos dados de saída que poderão ser analisados para tomada de decisão. Para testar este autômato celular utilizou-se como base a cidade de Criciúma, Santa Catarina, em que compara-se os resultados dos nossos testes com uma data específica da cidade e encontra-se os percentuais de diferença entre o modelo do autômato celular e o que realmente aconteceu na cidade.*

## 1. Introdução

O mundo já foi atingido por várias doenças ao longo dos séculos, deixando marcos em nossa história, em 1346, por exemplo, a Europa e Ásia foram atingidas pela Peste Negra. “O surto de Peste Negra em 1348 foi, sem dúvida, um dos piores desastres já registrados pelo homem.” [Quirico 2012]. Olhando para o começo do século vinte um nos deparamos com a epidemia do H1N1, que fora denominada pandemia e atingiu mais de 214 países e teve mais 19 mil mortos [Shehzadi et al. 2013].

Atualmente vivemos em um cenário onde uma epidemia atingiu mais de 165 milhões de infectados em mais de 200 países [“WHO Coronavirus Disease (COVID-19) Dashboard” 2020], com esse avanço rápido e crescente essa doença conhecida como coronavírus (SARS2-Covid-19) foi declarada pela Organização Mundial da Saúde uma doença pandêmica [Cucinotta and Vanelli 2020]. Compreender e conhecer as doenças se tornou essencial nos dias atuais.

Segundo White, Martín e Sánchez (2007) os assuntos em relação à saúde pública tem muita importância em nossa sociedade, especialmente a disseminação viral em áreas povoadas. Modelar eventos físicos complexos utilizando computação se tornou uma ferramenta comum para compreendermos o mundo à nossa volta [Ermentrout and Edelstein-Keshet 1993, tradução nossa].

Os dados gerados a partir de um software de simulação podem ajudar as organizações da saúde a tomar melhores decisões, em seu trabalho sobre coronavírus Currie (2020) apresenta como os dados podem ajudar nas seguintes tomadas de decisões: estratégias de quarentena e isolamento de caso; medidas de distanciamento social; como gerenciar o fim do lockdown; entrega dos testes; entrega das vacinações; capacidade de leitos hospitalares e cuidados intensivos; decisões de pessoas; gerenciamento de recursos em uma região; investigação dos limites de admissão e alta dos pacientes; minimizando o impacto em outros pacientes; saúde e bem-estar.

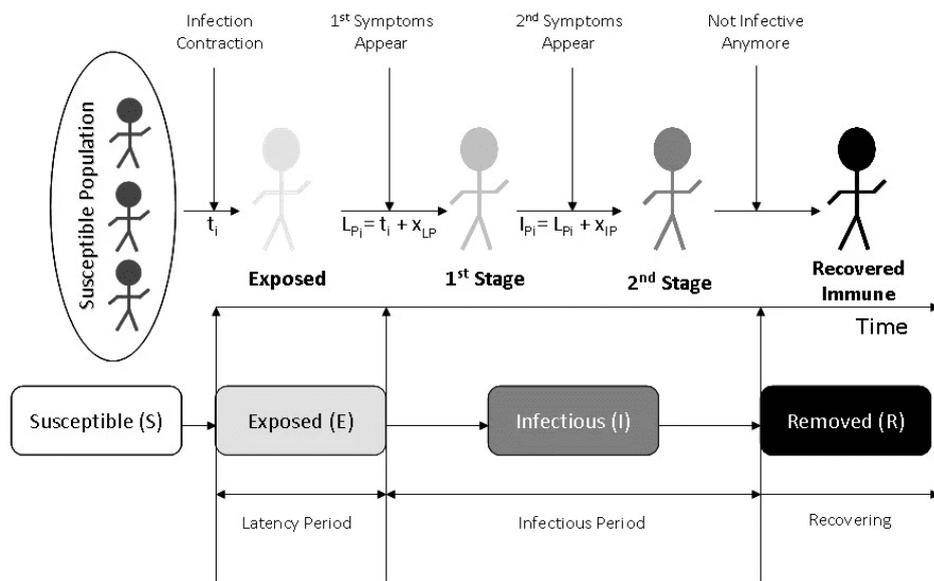
Os Autômatos Celulares (ACs) foram originados nos sistemas descritos por John von Neumann e Stanislaw Ulamin em 1940 [Slimi et al. 2009]. Resumidamente os autômatos celulares são capazes de modelar fenômenos físicos, biológicos ou ambientais complexos de forma simples. Na literatura encontramos os autômatos celulares usados para simular processos de crescimento, sistemas de difusão de reação, modelos de auto reprodução, modelos epidêmicos, incêndios florestais, algoritmos de processamento de imagem, etc [White et al. 2007].

Nosso objetivo dessa pesquisa é simular o contágio de uma doença epidêmica, com o uso de autômatos celulares. Os objetivos específicos consistem em: analisar doenças epidêmicas; compreender o contágio de doenças; conhecer autômatos celulares e suas características; empregar as formas de aplicação de autômatos celulares; demonstrar o uso de um autômato celular para propagação de doenças epidêmicas.

## **2. Materiais e Métodos**

Essa pesquisa é aplicada e de base tecnológica. Desenvolveu-se uma aplicação web que empregou os conceitos de autômatos celulares, para simular o contágio de uma doença epidêmica em uma população.

A forma como a doença irá se comportar na nossa aplicação pode ser representada pelo modelo de infecção *Susceptible, Exposed, Infectious e Removed* SEIR (figura 1), com o adicional de óbito ao longo da doença. Suscetíveis são os indivíduos que podem ser infectados; os incubados são pessoas que já possuem a doença porém ainda não possuem sintomas; os infectados são aqueles que possuem a doença e os sintomas; os removidos/recuperados foram os que já passaram por todo o processo da doença e já não estão mais com elas e não podem pegá-la novamente; e existem aqueles que ao longo da doença vieram a óbito.

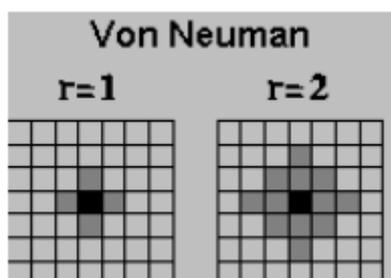


**Figura 1. Diferentes estados do modelo de infecção SEIR, para simular o progresso de uma epidemia em uma população humana [Perez and Dragicevic 2009]**

Essa aplicação web foi dividida em duas partes: os dados de entrada e os dados de saída. Os dados de entrada são as configurações para o autômato celular poder ser executado, eles podem ser colocados manualmente tornando mais fácil usar o autômato para doenças com características diferentes. Os dados de saída são os dados gerados pelo autômato após a execução baseada nos dados de entrada, uma vez alterado os dados de entrada, os de saída podem sofrer alteração.

## 2.1 Autômato celular desenvolvido

O autômato celular desenvolvido possui linhas e colunas definidas dentro do simulador como um dado. Utilizou-se um AC de duas dimensões, com o formato de célula quadrangular e com a vizinhança de Von Neuman, o contorno será fixo e com regras de transição probabilísticas.

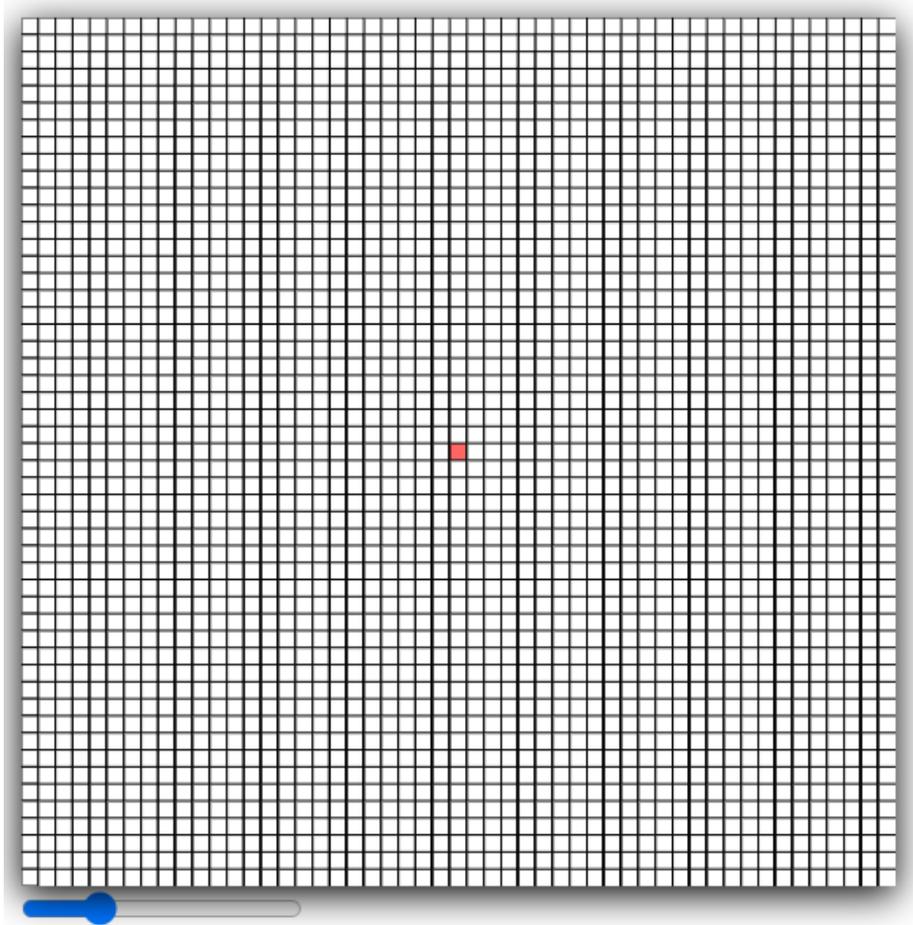


**Figura 2. Vizinhança Von Neuman [Leite et al. 2007]**

Os estados do autômato são baseados no SEIR com óbito: Estado 0 representa os suscetíveis, representados pela cor branca; estado 1 são os incubados, representados pela cor vermelho claro; estado 2 os infectados, representados pela cor vermelho escuro;

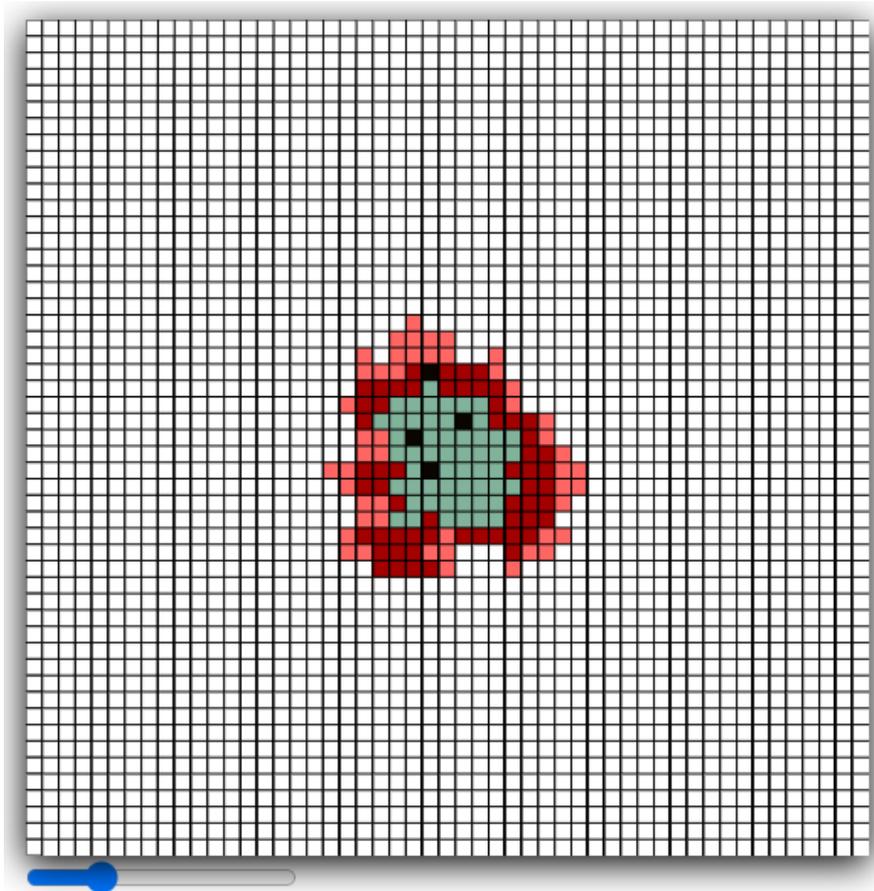
estado 3 os mortos, representado pela cor preta; estado 4 os recuperados, representados pela cor verde claro.

Todas as células começam no estado 0 como sendo um indivíduo suscetível, e uma das células no centro do autômato vai para o estado 1 e a partir desse ponto começam as iterações do AC. A cada iteração as células no estado 1 tentam infectar os seus vizinhos no estado 0 e terá uma probabilidade de infectar ele, esse percentual provém dos dados de entrada e é chamado de PI (probabilidade de infecção).



**Figura 3. Formato inicial do autômato celular**

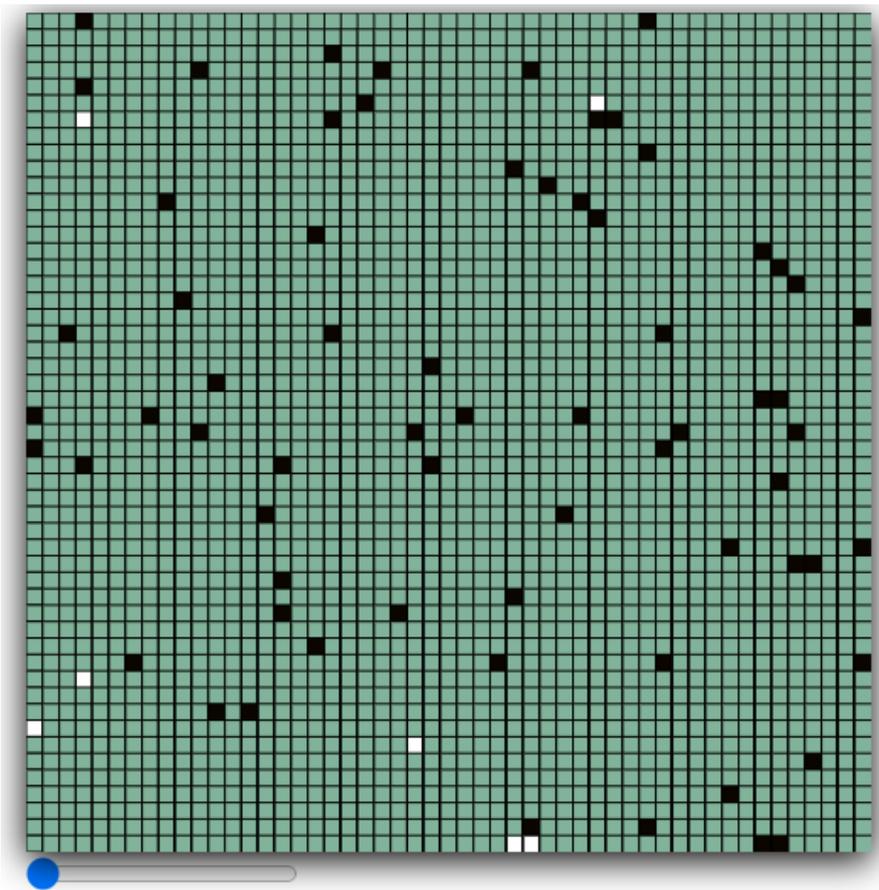
Depois do período de tempo TI (Tempo Incubado) iterações, a célula do estado 1 vai para o estado 2 (infectado), no estado dois ela continua utilizando a mesma PI para infectar os vizinhos, porém nos dados de entrada é possível informar se estamos no modo “Isolamento Social”, caso essa opção esteja ativa essa célula no estado 2 não irá mais infectar os vizinhos, caso contrário a célula irá continuar tentando infectar durante um tempo de TIIF (Tempo de Infectado), após esse período ele vai para o estado 4 como recuperado e não consegue mais infectar.



**Figura 4. Autômato celular após algumas iterações**

Ao longo de todas as iterações a célula no estado 1 ou 2 possui uma probabilidade PO (Probabilidade de vir a Óbito), caso aconteça ele irá para o estado 3 e não consegue mais infectar.

O autômato acaba quando não houver mais nenhuma célula em um estado que pode infectar outra pessoa, isso pode acontecer porque todas foram recuperadas ou foram a óbito, ou por não haver mais ninguém para ser infectado.



**Figura 5. Autômato celular finalizado**

Existe um último parâmetro de entrada que pode ser ativado ou desativado, exatamente como o “Isolamento Social”, ele é a “Utilização de Máscara”, caso ativo deverá ser passado uma nova probabilidade: a DPI (Diminuição da Probabilidade de Infectar). A DPI diminui a PI, tornando mais difícil uma célula no estado 1 ou 2 conseguirem infectar uma célula no estado 0, exemplo:

Considerando PI a 10% e “Utilização de Máscara” ativo com DPI de 50%, a nova probabilidade de infectar se torna 5%. Existia a possibilidade de apenas se alterar a PI quando tivesse máscaras, passando já a probabilidade final, porém foi escolhido deixar separado para poder ser mais fácil visualizar a diferença.

O objetivo dos parâmetros “Utilização de Máscara” e “Isolamento Social” é poder comparar uma doença em seu desenvolvimento numa população de forma orgânica com a utilização de mecanismos para conter seu avanço.

Por trabalhar com probabilidades, o AC tem chance de oferecer resultados muito fora do esperado, por isso deve-se sempre utilizar a estatística para obter resultados mais precisos, para isso foi criado um campo onde ao invés de executar apenas uma vez e obter o resultado, é possível que o autômato execute uma determinada quantidade de vezes desejada retornando a média e o desvio padrão além de outros dados que possam auxiliar para chegarmos a uma conclusão.

### 3. Trabalhos Correlatos

Os autômatos celulares foram utilizados para modelar o espalhamento da dengue no trabalho de Bruno Eduardo Soares e Rogério Luís Rizzi publicado na Revista Eletrônica Científica Inovação e Tecnologia (RECIT) em 2013. No trabalho foi apresentada uma comparação com dois modelos, no primeiro é realizado sem contatos em longa distância e no segundo com contatos em longa distância (Redes de mundo Pequeno - RMP). Nas análises efetuadas foi possível notar que ao usar o RMP o espalhamento da doença foi diferente, infectando indivíduos de forma mais rápida [Soares and Rizzi 2013].

No artigo “Um Modelo de Autômato Celulares para o Espalhamento Geográfico de Epidemias” publicado na Sociedade de Matemática Aplicada e Computacional, os autores utilizaram o modelo de infecção SIR para simular a população e três probabilidades para a troca de estados: de suscetível para infectado através de uma probabilidade de contágio; de infectado para recuperado através de outra probabilidade de recuperação; de infectado para óbito ou de recuperado para óbito através de outra probabilidade. Em seu autômato celular começava com toda a população como suscetível e uma pessoa no centro como infectada e então a doença se espalha de acordo com as probabilidades [Emmendorfer e Rodrigues 2011].

### 4. Resultados e discussões

Neste trabalho para testar o AC foi utilizado como base a situação da COVID19 na cidade de Criciúma em Santa Catarina, para isso buscou-se dados da doença para colocar como input no sistema.

O tamanho da população de Criciúma é de 217331, segundo dados do IBGE de 2020, utilizou-se um arredondamento para cima e então a população de teste ficou de 220900, gerando uma matriz de 470 por 470. Essa matriz tem como objetivo simular a cidade em questão.

Segundo a OMS (2020) o Coronavírus varia entre 4 e 7 dias incubado em um ser humano, por isso, para os testes utilizou-se o valor de 6 dias de incubação. E o período de infecção entre 11 e 15 dias que gerou nos testes deste sistema 13 dias de infecção. A probabilidade de óbito ao longo da doença foi calculada através da divisão:

$$PO = TO \div (TO + TR)$$

Onde PO é a probabilidade de óbito, TO e TR se referem respectivamente a total de óbito e total de recuperados. Com essa divisão dos dados da OMS (2021) chega-se a probabilidade de óbito de 3%.

Na questão da utilização de máscaras foi utilizado o probabilidade de 50% de redução na infecção do próximo, essa probabilidade pode variar entre 3% até 86% dependendo de diversas variáveis, como por exemplo o material da máscara [Howard et al. 2020].

A probabilidade de infecção foi a mais difícil de encontrar um valor já que não havia nada semelhante que pudesse ser utilizado para os autômatos celulares. Então para a probabilidade de infecção foi utilizado como base o  $R_0$  (número de indivíduos que uma pessoa com o vírus costuma infectar) do Coronavírus que durante o início da pandemia variava de 2 a 4. O valor ficou 15% de probabilidade de infecção a cada iteração, esse valor foi calculado com base em testes e analisando o  $R_0$  que a aplicação continha sem nenhum outro parâmetro relevante.

Com esses dados de entrada foi proposto 4 tipos de testes:

1. Padrão: sem máscara e sem isolamento social;
2. Isolado: sem máscara e com isolamento social;
3. Mascarado: com máscara e sem isolamento social;
4. Completo: com máscara e com isolamento social.

Afim de criar uma comparação entre os testes e a realidade foi proposto utilizar os dados da doença no dia 419 desde sua origem na cidade, que em Criciúma se referiria ao dia 13 de maio de 2021. O autômato celular a cada iteração se refere a um dia na realidade, então todos os dados se referem ao autômato desenvolvido com 419 iterações.

#### **4.1 Amostra**

Inicialmente, a partir da execução do autômato celular até o dia 419, foi obtida uma amostra piloto para cada tipo de teste com dez iterações cada para que se pudesse calcular os parâmetros necessários para a obtenção da amostra, quer seja, os valores da média e da variância (Tabela 1, 2,3 e 4).

Tabela 1. Valores obtidos por meio da execução do autômato celular teste padrão (n = 10).

<b>Suscetíveis</b>	<b>Incubados</b>	<b>Infectados</b>	<b>Óbitos</b>	<b>Recuperados</b>
175278	1310	2538	1166	40608
174940	1422	2623	1153	40762
173027	1436	2679	1220	42538
175311	1264	2567	1157	40601
173799	1410	2697	1271	41723
174793	1384	2505	1191	41027
172997	1277	2719	1206	42701
172549	1420	2735	1243	42953
173043	1339	2620	1216	42682
175584	1372	2491	1177	40276

Fonte: dados da pesquisa, 2021.

Tabela 2. Valores obtidos por meio da execução do autômato celular teste isolado (n = 10).

<b>Suscetíveis</b>	<b>Incubados</b>	<b>Infectados</b>	<b>Óbitos</b>	<b>Recuperados</b>
178870	1274	2610	1083	37063
181107	1188	2312	993	35300
180706	1163	2196	1011	35824
180738	1159	2428	1014	35561
181329	1168	2247	1025	35131
183251	1172	2173	945	33359
179720	1209	2294	1067	36610
178731	1271	2416	1061	37421
178206	1244	2364	1099	37987
181397	1200	2423	989	34891

Fonte: dados da pesquisa, 2021.

Tabela 3. Valores obtidos por meio da execução do autômato celular teste mascarado (n = 10).

<b>Suscetíveis</b>	<b>Incubados</b>	<b>Infectados</b>	<b>Óbitos</b>	<b>Recuperados</b>
206946	414	762	350	12428
208058	385	673	324	11460
208916	396	720	303	10565
207964	395	680	334	11527
207424	406	797	357	11916
207656	401	738	351	11754
208613	382	723	281	10901
207128	413	801	352	12206
207664	377	820	345	11694
208212	380	705	325	11278

Fonte: dados da pesquisa, 2021.

Tabela 4. Valores obtidos por meio da execução do autômato celular teste completo (n = 10).

<b>Suscetíveis</b>	<b>Incubados</b>	<b>Infectados</b>	<b>Óbitos</b>	<b>Recuperados</b>
220899	0	0	1	0
220826	0	0	2	72
220896	0	0	1	3
220897	0	0	1	2
220847	0	0	0	53
220899	0	0	0	1
220872	0	0	0	28
220817	0	0	1	82
220877	0	0	0	23
220862	0	0	1	37

Fonte: dados da pesquisa, 2021.

Em seguida, o cálculo do mínimo da amostra foi realizado para cada parâmetro, por meio da aplicação da fórmula proposta por Barbetta, Reis e Bornia (2010, p. 193):

$$n_0 = \frac{z_\gamma^2 \sigma^2}{E_0^2}$$

Em que,  $\gamma$  refere-se ao nível de significância adotado pelo pesquisador, nesse caso 5%;  $z_\gamma$  refere-se a estatística normal padronizada bilateral atrelada ao nível de significância, que resultou em 1,96;  $\sigma^2$  trata-se da variância obtida para cada parâmetro avaliado;  $E_0$  trata-se do erro amostral máximo tolerável pelo pesquisador obtido para cada parâmetro avaliado, nesse caso, 0,01; por fim  $n_0$  trata-se do tamanho mínimo da amostra que resultou em:

1. Padrão: 82 repetições;
2. Isolado: 120 repetições;
3. Mascarado: 211 repetições;
4. Completo: 39352 repetições.

## 4.2 Testes

Em Criciúma no dia 13 de maio de 2021, segundo o Informe Epidemiológico 133/2021, haviam 1025 pessoas infectadas, 29386 recuperadas e 460 óbitos. Essa informação foi utilizada para poder comparar com os 4 modelos de testes.

No teste padrão com 419 iterações do sistema e com 82 repetições, chegou-se resultado 2617 pessoas infectadas, 41122 recuperadas e 1183 óbitos, ou seja, comparando com a realidade foi obtido uma diferença muito grande, principalmente em infectados e em óbitos. Esse primeiro teste, é uma simulação do que aconteceria se não houvesse nenhuma medida para conter o avanço da doença.

No segundo teste, o teste isolado com 419 iterações do sistema e com 120 repetições, chegou-se ao resultado de 2219 pessoas infectadas, 34445 recuperadas e 988 óbitos, o que comparado com o primeiro teste chegou mais perto da realidade. Nesse teste comparado com o primeiro consegue-se perceber que houve uma diminuição de mais de 15% nos casos de infectados, recuperados e óbitos.

No terceiro teste, o teste mascarado com 419 iterações do sistema e 211 repetições, chegou-se ao resultado de 738 pessoas infectadas, 11348 recuperadas e 327 óbitos. Comparando com os outros testes, esse foi um dos que mais se aproximou da realidade nas variáveis pessoas infectadas e óbitos, ficando apenas 30% menor do que o valor real. Nesse teste comparando com os outros acima, percebe-se que reduziu em muito os números, o principal fator para isso é que as máscaras influenciam diretamente a probabilidade de uma pessoa infectar a outra, obtendo obter redução de aproximadamente 71% comparada ao teste padrão e 66% comparada ao teste isolado.

No quarto teste, o teste completo com 419 iterações do sistema e 39.352 repetições, chegou-se ao resultado de 0 pessoas infectadas, 20 recuperados e apenas um óbito. Diferente dos outros testes, esse teste acabou antes das 419 iterações, depois de apenas 42 dias de doença ela simplesmente foi extinta da população de teste.

Tabela 5. Valores médios obtidos por meio da execução do autômato celular em cada caso de teste com suas devidas repetições

Teste	Suscetíveis	Incubados	Infectados	Óbitos	Recuperados
Padrão	1746929	1349	2617	1183	41122
Isolado	182100	1148	2219	988	34445
Mascarado	208103	384	738	327	11348
Completo	220879	0	0	1	20
Realidade	Sem informação	Sem informação	1025	460	29386

Fonte: dados da pesquisa, 2021.

## 5. Conclusão

Este trabalho teve como objetivo simular o contágio de uma doença epidêmica com o uso de autômatos celulares. Três modelos de testes conseguiram se aproximar da realidade, com um erro de 30% na maior parte dos parâmetros, exceto o teste completo que teve resultados bem distantes da realidade.

Comparando o os testes com o resultado do trabalho de Velásquez e Lara, onde através de algoritmos de inteligência artificial conseguiram atingir um coeficiente de correlação de 98,91% utilizando 82 dias de aprendizado, percebe-se que modelos matemáticos mais complexos conseguem um grau de precisão maior [Arias Velásquez and Mejía Lara 2020].

Acredita-se que as variáveis que não foram levadas em conta possam ter influenciado a diferença dos testes com a realidade, além também de alguns problemas enfrentados na interpretação dos dados da doença. Essas variáveis e problemas influenciaram principalmente o teste completo já que possui os parâmetros que mais condizem com a realidade, porém não chegou perto do que realmente aconteceu.

A primeira variável seria o caso da própria doença, com o coronavírus existem pessoas assintomáticas que tem o mesmo tempo de infecção, porém não sabem que estão com a doença e então seria impossível isolar essas pessoas através do isolamento social, afinal ela não sabem que estão com a doença.

A segunda variável é em relação ao uso de máscara e o isolamento social, nessa aplicação sempre considerou-se que todas as pessoas estão utilizando máscaras o tempo inteiro e que todos que possuem sintomas estão se isolando, porém na realidade isso nem sempre acontece.

A terceira variável é a quantidade de pessoas já infectadas em uma cidade antes da primeira iteração, nessa aplicação iniciou-se com apenas uma pessoa infectada no centro da cidade e então ela passa a doença adiante, porém podem acontecer duas coisas: existir mais de uma pessoa infectada na cidade que trouxe ela de outro lugar e também pode acontecer que no meio do ciclo da doença outra pessoa viajou e trouxe a doença para a cidade. Percebemos que também seria interessante levar em conta a imigração da doença.

A quarta variável se refere aos *lockdown* que foram realizados na cidade de testes, onde houve uma redução no espalhamento da doença durante os quinze dias e os fins de semanas em que o *lockdown* aconteceu. Pensa-se que seria interessante definir os dias em que eles teriam acontecido e definir um percentual de redução na taxa de transmissão da doença.

Um problema encontrado no desenvolvimento dessa aplicação foi a taxa de transmissão de vírus, ou a Probabilidade de Infecção (PI). Por padrão é muito utilizado o  $R_0$ , porém não existe uma forma fácil de transformar  $R_0$  para a PI, justamente pela quantidade de vizinhos do autômato, por exemplo: caso  $R_0$  fosse igual a 5, nunca poderia conseguir simular com o autômato celular desenvolvido, porque cada célula conseguiria infectar no máximo quatro. Nesta aplicação foram utilizados 15% como PI, porém não consegue-se garantir que esse PI resulte no  $R_0$  em todas as ocasiões.

Propõe-se que em trabalhos futuros sejam adicionadas novas variáveis e corrigidos os problemas encontrados. Algo que deve ser analisado para trabalhos futuros é a questão dos dias de incubado e infectado, durante os testes foi utilizado as médias como valores finais, porém não há garantias de que essa seja a melhor abordagem para a aplicação.

Conclui-se que caso essas novas variáveis forem aplicadas ao autômato celular desenvolvido ou a algum outro modelo matemático mais complexo, e consigam resolver o problema de transformar o  $R_0$  para PI se chegará a resultados mais satisfatórios e mais condizentes com a realidade.

## 6. Referências

Arias Velásquez, R. M. and Mejía Lara, J. V. (2020). Forecast and evaluation of COVID-19 spreading in USA with reduced-space Gaussian process regression. *Chaos, Solitons and Fractals*, v. 136.

BARBETTA, Pedro Alberto. Estatística para cursos de engenharia e informática. 3. São Paulo Atlas 2010

Cucinotta, D. and Vanelli, M. (2020). WHO declares COVID-19 a pandemic. *Acta Biomedica*. <https://doi.org/10.23750/abm.v91i1.9397>, [accessed on Jul 27].

Currie, C. S. M., Fowler, J. W., Kotiadis, K., et al. (2020). How simulation modelling can help reduce the impact of COVID-19. *Journal of Simulation*, v. 14, n. 2.

Ermentrout, G. B. and Edelstein-Keshet, L. (1993). Cellular automata approaches to

biological modeling. *Journal of Theoretical Biology*, v. 160, n. 1.

Howard, J., Huang, A., Li, Z., et al. (12 apr 2020). Face Masks Against COVID-19: An Evidence Review.

Informe Epidemiológico Criciúma 133 (2021), Secretaria Municipal de Saúde de Criciúma.

Leite, I. O. B., Lins, J. C. d. S. e Cerqueira, M. G. d. C. 2007. Especificações na Construção de um Sistema Autômato Celular.

Perez, L. and Dragicevic, S. (2009). An agent-based approach for modeling dynamics of contagious disease spread. *International Journal of Health Geographics*, v. 8, n. 1.

Quírico, T. (2012). Peste Negra e escatologia : os efeitos da expectativa da morte sobre a religiosidade do século XIV. *Mirabilia: electronic journal of antiquity and middle ages*, v. 0, n. 14.

Shehzadi, A., Shakoori, F. R. and Shakoori, A. R. (2013). Immunoinformatics study of promiscuous HLA binding antigenic nanomers of surface glycoproteins of influenza a (H1N1) pdm09 of Asian origin. *Pakistan Journal of Zoology*, v. 45, n. 3.

Slimi, R., El Yacoubi, S., Dumonteil, E. and Gourbière, S. (2009). A cellular automata model for Chagas disease. *Applied Mathematical Modelling*, v. 33, n. 2.

Soares, B. E. and Rizzi, R. L. (2013). MODELAGEM DE ESPALHAMENTO DA DENGUE ATRAVÉS DE AUTÔMATOS CELULARES. *Revista Eletrônica Científica Inovação e Tecnologia*, v. 4, n. 7.

White, S. H., Del Rey, A. M. and Sánchez, G. R. (2007). Modeling epidemics using cellular automata. *Applied Mathematics and Computation*, v. 186, n. 1.

WHO Coronavirus Disease (COVID-19) Dashboard (2020). *Bangladesh Physiotherapy Journal*, v. 10, n. 1.

Matemática Aplicada e Computacional, v2.