

Análise da Transição Crítica da Propagação do Sarampo em um Modelo SIR Espacial Usando Box-Counting

Marcelo Antonio de Menezes Júnior¹

¹*marcelo.menezesjunior@ufrpe.br*

¹Departamento de Estatística e Informatica - DEINFO

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife

25 de Janeiro de 2026

Resumo

A compreensão dos limiares críticos na propagação de doenças infecciosas é fundamental para o planejamento de estratégias de controle epidemiológico. Neste trabalho, investigamos a dinâmica espacial do sarampo por meio de um modelo SIR implementado como um autômato celular bidimensional, incorporando interações locais entre indivíduos. A estrutura espacial dos clusters infecciosos foi analisada utilizando o método de Box-Counting, permitindo a estimativa da dimensão fractal no instante de pico da infecção. Simulações computacionais foram realizadas variando sistematicamente a taxa de transmissão β , mantendo fixa a taxa de recuperação. Os resultados revelam a existência de uma transição crítica bem definida, caracterizada por um aumento abrupto da dimensão fractal e da conectividade espacial dos aglomerados infectados. Para valores elevados de β , observa-se a saturação da dimensão fractal, indicando um regime supercrítico limitado pela dinâmica de recuperação. A abordagem adotada evidencia a forte relação entre epidemiologia espacial e fenômenos de percolação, fornecendo uma ferramenta quantitativa robusta para a identificação de limiares epidêmicos em sistemas complexos.

1 Introdução

A propagação de doenças infecciosas pode ser vista como um processo complexo, no qual o contato entre pessoas próximas e a forma como elas estão distribuídas no espaço influenciam diretamente a maneira como a doença se espalha. Modelos computacionais, como os baseados em autômatos celulares e na epidemiologia computacional, permitem estudar esse tipo de processo de forma organizada e controlada, por meio de simulações. O sarampo, por ser altamente transmissível e apresentar surtos recorrentes, é um exemplo relevante para esse tipo de análise, especialmente quando se deseja considerar os efeitos do espaço na disseminação da doença.

Neste trabalho, é utilizado um modelo SIR com estrutura espacial para investigar a propagação do sarampo, observando os padrões que surgem ao longo da simulação por meio da

técnica de box-counting. O objetivo é identificar transições críticas, ou seja, mudanças bruscas no comportamento do sistema que ocorrem quando certos parâmetros são alterados gradualmente. Estudar essas transições ajuda a entender melhor os limites entre situações de baixa e alta propagação da doença, destacando a importância de abordagens computacionais na análise de fenômenos epidemiológicos.

2 Referencial Teórico

2.1 Sarampo

O sarampo é uma doença viral altamente contagiosa que afeta principalmente o sistema respiratório e se espalha com grande facilidade entre pessoas que não estão imunizadas. Essa rápida transmissão pode levar a surtos amplos em pouco tempo. Um dos principais indicadores dessa capacidade de propagação é o número básico de reprodução (R_0), que representa a média de pessoas que um indivíduo infectado pode contagiar em uma população totalmente suscetível. No caso do sarampo, o R_0 costuma variar entre 12 e 18, um valor bastante elevado quando comparado a outras doenças [1]. Isso explica por que a doença pode causar epidemias rapidamente quando a cobertura vacinal é baixa ou insuficiente.

2.2 Modelos Epidemiológicos

Modelos epidemiológicos são ferramentas matemáticas usadas para entender como uma doença se espalha em uma população. Eles mostram como o número de pessoas em diferentes situações muda ao longo do tempo. Esses modelos ajudam a analisar fatores importantes, como a taxa de transmissão (quantas pessoas um infectado pode contaminar) e a taxa de recuperação, permitindo simular diferentes cenários, como a adoção de vacinas ou medidas de isolamento.

Quando falamos em aspectos temporais, estamos nos referindo à forma como a doença evolui ao longo do tempo (por exemplo, quantos casos surgem por dia ou quanto tempo dura um surto). Já os aspectos espaciais dizem respeito à distribuição geográfica da doença, ou seja, onde os casos estão concentrados e como a infecção se espalha entre bairros, cidades ou regiões.

2.3 Modelo SIR

O modelo SIR é um dos modelos compartimentais mais utilizados na epidemiologia matemática para descrever a propagação de doenças infecciosas em uma população fechada. Nesse modelo, a população é dividida em três compartimentos: S (indivíduos suscetíveis), I (indivíduos infectados) e R (indivíduos recuperados). Indivíduos suscetíveis tornam-se infectados por contato com infectados segundo a taxa de transmissão β , enquanto os infectados permanecem nesse estado até a recuperação, que ocorre à taxa γ , assumindo-se imunidade após essa transição. A dinâmica temporal do sistema é descrita por equações diferenciais ordinárias e permite analisar as condições para ocorrência de surtos epidêmicos por meio do número básico de reprodução $R_0 = \beta/\gamma$, que representa o número médio de casos secundários gerados por um indivíduo infectado em uma população totalmente suscetível.

2.4 Autômatos Celulares

Autômatos celulares são modelos computacionais usados para representar sistemas complexos por meio de regras simples aplicadas localmente. O espaço é dividido em uma grade de células, e cada célula pode assumir um número limitado de estados. A evolução ocorre em passos de tempo discretos, e o estado futuro de cada célula depende apenas de seu estado atual e do estado das células vizinhas. Mesmo com regras simples, o conjunto pode gerar padrões espaciais complexos, sendo útil para simular processos como a propagação de doenças.

Para avaliar a complexidade desses padrões, utiliza-se a dimensão fractal, que mede o grau de irregularidade geométrica da estrutura formada. Diferentemente das dimensões clássicas, a dimensão fractal pode assumir valores não inteiros, indicando maior complexidade espacial. Uma forma comum de estimá-la é pelo método Box-Counting, no qual a área é dividida em caixas de tamanho ϵ e contabiliza-se o número $N(\epsilon)$ de caixas que contêm parte do padrão. A relação entre $\log N(\epsilon)$ e $\log(1/\epsilon)$ permite estimar a dimensão fractal, quantificando a organização espacial dos clusters de infectados.

$$D = \lim_{\epsilon \rightarrow 0} \frac{\log N(\epsilon)}{\log(1/\epsilon)} \quad (1)$$

Onde $N(\epsilon)$ é o número de caixas de tamanho ϵ necessárias para cobrir o conjunto analisado.

3 Metodologia

3.1 Estrutura do Modelo Espacial

A simulação foi implementada como um autômato celular bidimensional em uma grade quadrada de dimensão $L \times L$, com $L = 200$. Esse tamanho foi escolhido por representar um compromisso entre resolução espacial adequada e viabilidade computacional, de acordo com o estudo prévio de modelos epidemiológicos espaciais [3, 4].

Cada célula da grade representa um indivíduo e pode assumir um dos três estados do modelo SIR: suscetível (S), infectado (I) ou recuperado (R). A vizinhança considerada foi do tipo Moore (8 vizinhos), permitindo maior conectividade local e melhor representação da propagação respiratória do sarampo.

3.2 Condições Iniciais

Como condição inicial, todos os indivíduos foram considerados suscetíveis, exceto uma única célula infectada posicionada no centro da grade. Essa configuração permite observar a propagação radial da infecção e identificar claramente regimes subcríticos e supercríticos.

3.3 Parâmetros Epidemiológicos

A taxa de recuperação foi fixada em $\gamma = 0,2$. Esse valor implica um tempo médio de infecção de aproximadamente $1/\gamma = 5$ unidades de tempo discretas. [2, 3].

O parâmetro de transmissão β foi variado sistematicamente no intervalo $0,05 \leq \beta \leq 0,50$, com incrementos de 0,01. Essa faixa foi escolhida de modo a abranger regimes com número

básico de reprodução $R_0 = \beta/\gamma$ tanto abaixo quanto acima do limiar epidêmico ($R_0 = 1$), permitindo a identificação da possível transição crítica.

Para cada valor de β , foram realizadas 30 simulações independentes, e os resultados apresentados correspondem à média das execuções, reduzindo efeitos de flutuações estocásticas.

3.4 Dinâmica de Atualização

A dinâmica do autômato celular foi implementada com atualização síncrona. A cada passo temporal:

- Um indivíduo suscetível torna-se infectado com probabilidade β caso possua ao menos um vizinho infectado.
- Um indivíduo infectado torna-se recuperado com probabilidade γ .

As simulações foram executadas até a extinção completa da infecção ou até um limite máximo de 500 passos temporais.

3.5 Cálculo da Dimensão Fractal

A dimensão fractal foi estimada pelo método de Box-Counting. A grade foi subdividida em caixas quadradas de lado ϵ , com ϵ assumindo valores potências de dois no intervalo $1 \leq \epsilon \leq L/2$. Para cada escala, foi determinado o número $N(\epsilon)$ de caixas contendo ao menos uma célula infectada.

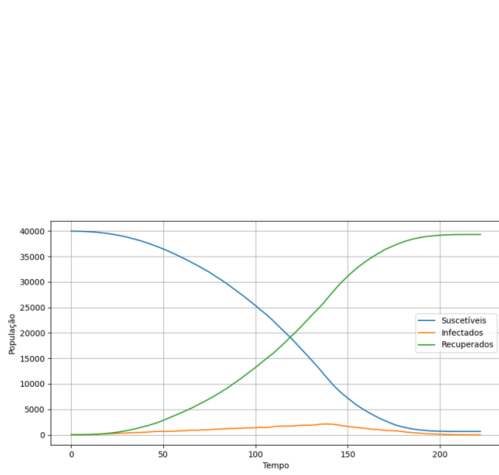
A dimensão fractal D foi obtida a partir da inclinação do ajuste linear da relação:

$$\log N(\epsilon) \sim D \log(1/\epsilon) \quad (2)$$

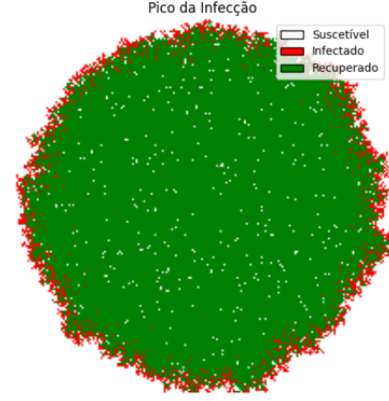
A identificação da transição crítica foi realizada por meio da análise da variação de D em função do parâmetro β , buscando mudanças abruptas ou máximos locais associados ao limiar epidêmico.

4 Resultados

Os resultados evidenciam que a dinâmica de propagação da doença depende fortemente da taxa de transmissão β . Para valores baixos desse parâmetro, a infecção não se mantém na população, extinguindo-se rapidamente após poucos ciclos de atualização, caracterizando um cenário de transmissão limitada e surtos localizados. À medida que β aumenta, observa-se crescimento progressivo do número de indivíduos infectados e maior dispersão espacial da doença, indicando aumento do potencial de disseminação.



(a) Evolução temporal das populações suscetível (S), infectada (I) e recuperada (R) para um valor representativo de β . Observa-se crescimento inicial da infecção seguido de declínio devido ao esgotamento de suscetíveis.



(b) Configuração espacial do autômato celular no instante de pico da infecção. Células vermelhas representam indivíduos infectados, brancas suscetíveis e verdes recuperados. Nota-se a formação de um cluster espacialmente conectado.

Próximo a um valor limiar de β , a propagação torna-se significativamente mais extensa, com formação de grandes aglomerados de indivíduos infectados. Esse comportamento sugere a existência de um ponto crítico a partir do qual a doença deixa de se restringir a focos isolados e passa a apresentar características compatíveis com uma epidemia sustentada.

Para valores elevados de β , a infecção se espalha de forma ampla pela malha, atingindo grande parte da população suscetível, cenário compatível com surtos epidêmicos de grande magnitude. A análise da dimensão fractal dos clusters de infectados indicou aumento da complexidade espacial próximo ao limiar epidêmico, refletindo maior conectividade entre indivíduos infectados.

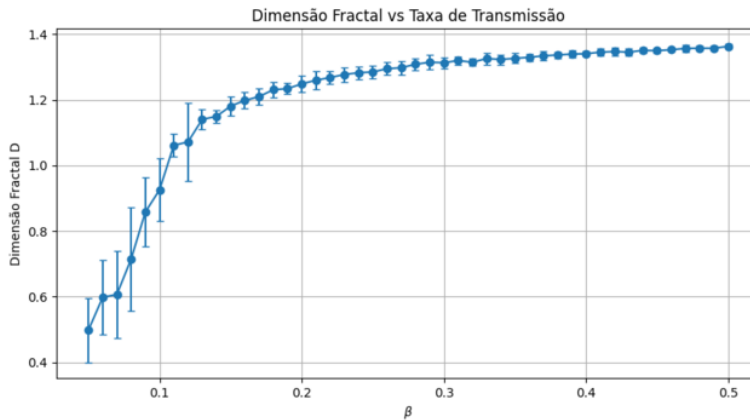


Figura 2: Dimensão fractal média dos clusters de infectados em função da taxa de transmissão β , com barras de erro representando o desvio padrão das simulações. Observa-se aumento da complexidade espacial próximo ao limiar epidêmico, indicando transição entre surtos localizados e epidemias amplamente disseminadas.

Do ponto de vista epidemiológico, os resultados sugerem que pequenas variações na transmissibilidade podem produzir mudanças substanciais no padrão de disseminação da doença. Con-

siderando o elevado potencial de transmissão do sarampo, os achados reforçam a importância de manter níveis adequados de cobertura vacinal para evitar que o sistema ultrapasse o limiar crítico e evolua para um cenário de epidemia sustentada.

Próximo a um valor limiar de β , a propagação torna-se significativamente mais extensa, com formação de grandes aglomerados de indivíduos infectados. Esse comportamento sugere a existência de um ponto crítico a partir do qual a doença deixa de se restringir a focos isolados e passa a apresentar características compatíveis com uma epidemia sustentada.

Para valores elevados de β , a infecção se espalha de forma ampla pela malha, atingindo grande parte da população suscetível, cenário compatível com surtos epidêmicos de grande magnitude. A análise da dimensão fractal dos clusters de infectados indicou aumento da complexidade espacial próximo ao limiar epidêmico, refletindo maior conectividade entre indivíduos infectados.

5 Conclusão

Os resultados indicam que o modelo SIR espacial implementado via autômato celular apresenta evidências de transição crítica na propagação do sarampo. A dimensão fractal obtida por Box-Counting mostrou-se uma métrica eficaz para detectar mudanças estruturais na propagação espacial da infecção. A integração entre epidemiologia computacional e teoria de sistemas complexos fornece uma abordagem promissora para análise de limiares epidêmicos.

Referências

- [1] Guerra FM, Bolotin S, Lim G, Heffernan J, Deeks SL, Li Y & Crowcroft NS. *The basic reproduction number (R_0) of measles: a systematic review*.
- [2] Hethcote, H. W. (2000). The mathematics of infectious diseases. *SIAM Review*, 42(4), 599–653.
- [3] Keeling, M. J., & Rohani, P. (2008). *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton University Press.
- [4] Sattenspiel, L., & Dietz, K. (1995). A structured epidemic model incorporating geographic mobility. *Mathematical Biosciences*, 128, 71–91.