

# **Modelagem Computacional da Dinâmica de Transmissão do Sarampo: Uma Abordagem via Modelo SIR**

Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE)

**Autor:** José Francisco de Medeiros

## **Resumo**

Este trabalho apresenta uma simulação computacional da dinâmica de transmissão do vírus do sarampo, aplicando o modelo compartmental determinístico SIR em uma população teórica. A metodologia baseou-se na criação de um programa em Python, desenvolvido para calcular passo a passo a evolução diária do contágio e as interações entre os grupos populacionais. Os resultados obtidos demonstram o alto potencial de transmissibilidade da doença e um rápido esgotamento do sistema imunológico coletivo na ausência de intervenções.

## **1. Introdução**

O sarampo (*Measles morbillivirus*) é uma doença infecciosa aguda, viral e extremamente contagiosa, capaz de causar complicações graves e óbito, especialmente em crianças desnutridas e imunossuprimidas. Embora o Brasil tenha recebido a certificação de eliminação do vírus em 2016, a reintrodução do patógeno e a baixa cobertura vacinal levaram a novos surtos a partir de 2018 até o presente cenário. Mesmo mantendo o alerta epidemiológico ativo, este trabalho se propõe a compreender a dinâmica matemática do contágio.

Para isso, utiliza-se o modelo compartmental determinístico SIR ou Suscetíveis Infectados Recuperados (KERMACK; MCKENDRICK, 1927), permite simular o comportamento da epidemia em um cenário teórico, calculando a velocidade com que o vírus se espalha e o tempo necessário para que a infecção atinja seu pico e, eventualmente, decline devido ao esgotamento de novos hospedeiros.

## **2. Metodologia**

A simulação foi desenvolvida na linguagem Python, utilizando o método numérico de Euler para resolver o sistema de equações diferenciais que rege as interações entre os grupos:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N}$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Onde S, I e R representam os compartimentos de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados, respectivamente, e N a população total constante.

## 2.1 Parâmetros da Simulação

Os parâmetros utilizados no algoritmo refletem as características biológicas do sarampo:

- **População (N):** 1000 indivíduos (amostra representativa de uma comunidade fechada).
- **Taxa de Recuperação ( $\gamma$ ):** Definida como  $1/7$  ( $\approx 0.14$ ). Na simulação, isso significa que cada indivíduo permanece doente (e transmitindo o vírus) por um período médio de 7 dias.
- **Taxa de Transmissão ( $\beta$ ):** Fixada em 1.96.
- **Número Básico de Reprodução ( $R_0$ ):** Calculado pela razão  $\beta/\gamma$ .

$$R_0 = \frac{1.96}{1/7} = 13.72$$

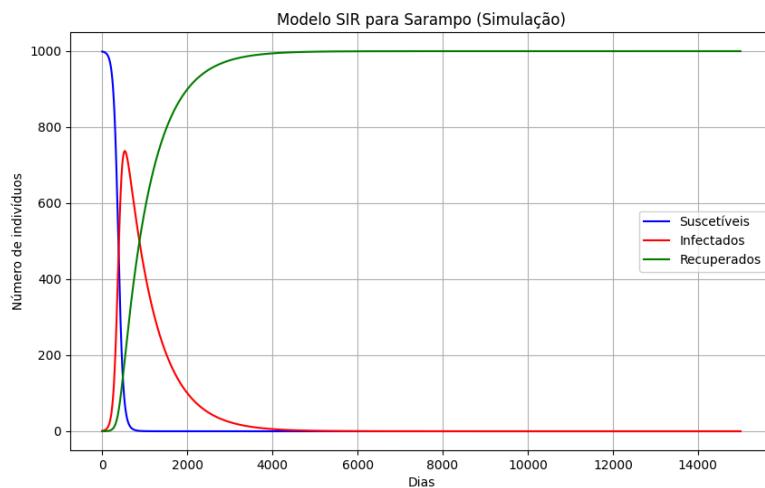
Isso significa que, em uma população totalmente suscetível, cada pessoa infectada transmite o vírus para quase 14 pessoas, simulando a alta contagiosidade característica do sarampo.

## 3. Análise dos Resultados Computacionais

A execução do código gera curvas temporais ao longo de 150 dias. Observa-se um crescimento exponencial inicial do compartimento I (Infectados), característico de doenças com  $R_0 > 1$ . O pico da epidemia ocorre rapidamente devido à alta taxa de contato ( $\beta$ ), resultando em uma redução drástica do estoque de suscetíveis (S).

Ao final da simulação, a curva de Recuperados (R) tende a uma assíntota próxima a N. Esse comportamento evidencia a "imunidade de rebanho natural": a epidemia cessa não porque o vírus desapareceu, mas porque o número de indivíduos suscetíveis caiu abaixo do limiar crítico necessário para sustentar a cadeia de transmissão ( $S < N/R_0$ ). O modelo demonstra

matematicamente como uma doença de alta transmissibilidade esgota rapidamente uma população fechada.



**Figura 1 - Evolução temporal do Sarampo no modelo SIR**

#### 4. Conclusão

A modelagem computacional apresentada valida o comportamento de surtos de sarampo em populações sem imunidade prévia. Os parâmetros  $\beta$  e  $\gamma$  utilizados no código refletem a realidade epidemiológica, demonstrando que o sarampo possui uma altíssima taxa de contágio. A simulação comprova que, dada a alta taxa reprodutiva do vírus, a infecção tende a atingir a quase totalidade dos indivíduos em um curto intervalo de tempo, estabilizando-se apenas quando a maioria da população adquire imunidade natural após a infecção.

#### 5. Referências Bibliográficas

- FERREIRA, E. (ED.). Sarampo: uma doença que ainda preocupa. Disponível em: <<https://telessaude.se.gov.br/2025/06/23/sarampo/>>.
- EISENBERG, J. R0: How Scientists Quantify the Intensity of an Outbreak Like Coronavirus and Its Pandemic Potential | The Pursuit | University of Michigan School of Public Health | Coronavirus | Pandemic. Disponível em: <<https://sph.umich.edu/pursuit/2020posts/how-scientists-quantify-outbreaks.html>>.
- FM, G. et al. The Basic Reproduction Number ( $R_0$ ) of Measles: A Systematic Review. Disponível em: <<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28757186/>>.
- KERMACK, W.; MCKENDRICK, A. Contributions to the mathematical theory of epidemics—I. Bulletin of Mathematical Biology, 1991.