

Análise Computacional da Dinâmica de Propagação de Doenças Infecciosas Utilizando o Modelo Compartimental SIR

Autor: Rennan José da Silva Miranda

Resumo

A modelagem matemática de doenças infecciosas é uma ferramenta crucial para a formulação de políticas de saúde pública. Este estudo apresenta uma simulação computacional baseada no modelo compartimental SIR (Suscetíveis-Infectados-Recuperados) para descrever a evolução temporal de uma epidemia genérica em uma população fechada. Através da resolução numérica de sistemas de equações diferenciais ordinárias, simulou-se um cenário epidêmico com taxa de transmissão (beta) de 0.3 e taxa de recuperação (gamma) de 0.1. Os resultados demonstram que, na ausência de intervenções externas, a epidemia atinge um pico de infectados simultâneos que, embora não englobe a totalidade da população num único instante, resulta na infecção da quase totalidade dos indivíduos suscetíveis ao longo do tempo. O código-fonte e os dados gerados estão disponíveis publicamente para replicação.

Introdução

A capacidade de prever o comportamento de surtos epidêmicos é fundamental para a mitigação de danos em crises sanitárias. Modelos compartimentais, especificamente o modelo SIR proposto originalmente por Kermack e McKendrick, permanecem como a base teórica para o entendimento da dinâmica de transmissão de doenças como Influenza e Dengue. O modelo assume que a população é dividida em três compartimentos mutuamente exclusivos: Suscetíveis (S), Infectados (I) e Recuperados (R), onde o fluxo de indivíduos entre estes estados é governado por parâmetros biológicos específicos.

A relevância deste trabalho reside na implementação computacional deste modelo clássico para demonstrar como variações nos parâmetros cinéticos afetam a curva epidêmica. Em particular, investigamos a relação entre o pico de infecção e a depleção do estoque de suscetíveis, fornecendo uma base quantitativa para compreender conceitos como o "achatamento da curva" e a imunidade de rebanho.

O código-fonte utilizado para esta simulação, bem como o script de geração dos gráficos, encontra-se disponível no repositório: <https://github.com/RennanJSM/epidemiologia>.

Metodologia

A dinâmica da epidemia foi modelada utilizando um sistema de equações diferenciais ordinárias (EDOs) não-lineares, descrito pelas equações:

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

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

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

Onde N representa a população total (constante), β é a taxa de transmissão (contato efetivo) e γ é a taxa de recuperação.

A implementação computacional foi realizada na linguagem **Python 3.10**. Para a integração numérica das equações diferenciais, utilizou-se a biblioteca SciPy (módulo odeint), que aplica métodos de passo variável para garantir a precisão da solução. A manipulação vetorial dos dados foi realizada com a biblioteca NumPy e a visualização gráfica gerada através da biblioteca Matplotlib.

Os parâmetros adotados para a simulação foram: População total $N=1000$; Taxa de contágio $\beta=0.3$; Taxa de recuperação $\gamma=0.1$. O número básico de reprodução, definido como β/γ , foi calculado em 3.0, caracterizando um cenário epidêmico sustentável sem medidas de controle.

Para garantir a consistência numérica da simulação, foi implementado um algoritmo de validação que verifica, a cada passo temporal, a conservação da massa populacional ($S+I+R = N$), assegurando que não houve erros de integração.

Resultados

A simulação foi executada por um período de 160 dias. A evolução temporal dos três compartimentos populacionais é apresentada na Figura 1.

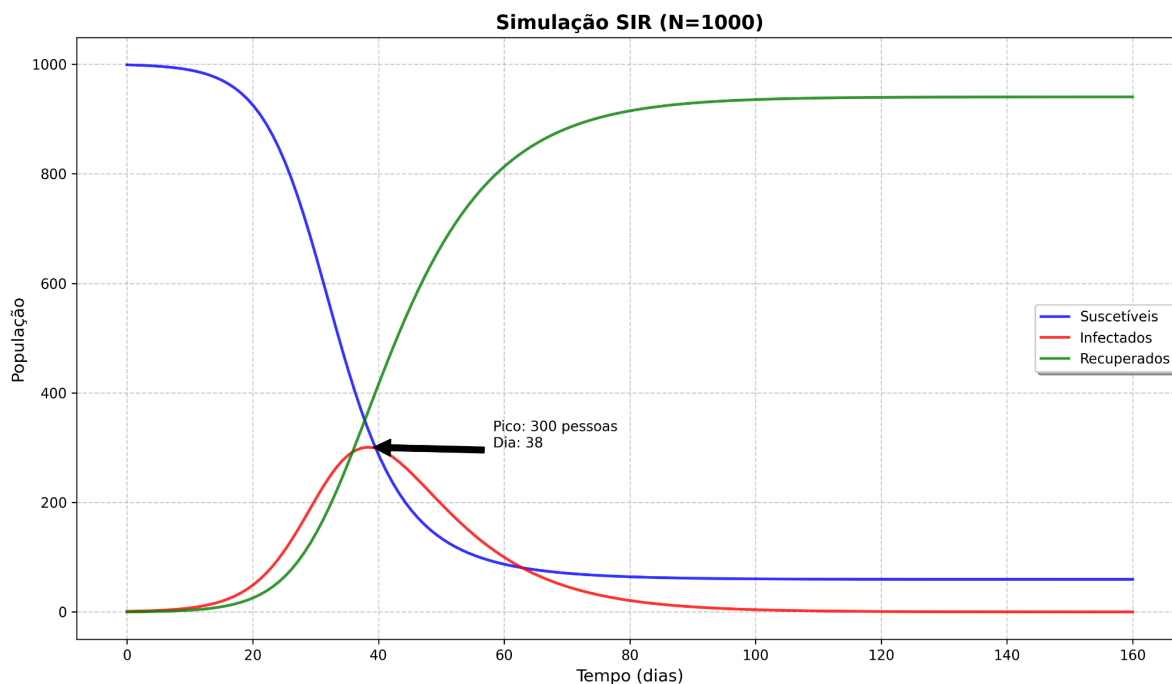


Figura 1: Dinâmica temporal do modelo SIR. A anotação em destaque indica o pico da infecção (aprox. 300 indivíduos). A curva azul representa a população suscetível, a vermelha a população infectada e a verde a população recuperada.

Observa-se um decaimento exponencial da população suscetível (curva azul) concomitante ao crescimento da população infectada (curva vermelha). O pico da infecção ocorreu aproximadamente no dia 40, atingindo cerca de 300 indivíduos infectados simultaneamente. Após este ponto, o número de novos casos tornou-se inferior à taxa de recuperação, levando ao declínio da curva de infecção e à estabilização da população de recuperados (curva verde).

Discussão

Os resultados obtidos evidenciam uma característica não-intuitiva, mas fundamental da epidemiologia matemática: a discrepância entre o pico de infectados e o total acumulado de casos. Embora o pico da curva de infectados (I_{max}) tenha atingido apenas 30% da população simultaneamente, a curva de suscetíveis (S) demonstra uma depleção quase total ao final do período.

Isso ocorre porque o compartimento de infectados funciona como um estágio transitório, análogo a um reservatório com entrada e saída simultâneas. A rápida queda dos suscetíveis confirma que, dado um $R_0 = 3.0$, a doença possui capacidade de permear praticamente toda a população se não houverem intervenções não-farmacêuticas para reduzir o parâmetro beta.

Este modelo simplificado demonstra robustez em capturar a fenomenologia essencial de surtos virais, servindo como ferramenta pedagógica e preditiva para a compreensão da necessidade de controle de parâmetros de transmissão em cenários reais.