

Simulação da Dinâmica de Epidemias Utilizando o Modelo SIR

Isis Maria Oliveira Nilo de Souza^{1,*}

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco, DEINFO, Recife, Brasil

*isis.nilo@ufrpe.br

RESUMO

Este estudo explora a dinâmica de epidemias utilizando o modelo SIR (Suscetível-Infectado-Recuperado), um dos principais modelos matemáticos aplicados à epidemiologia. Para isso, foi desenvolvido um código em Python que simula a propagação de uma doença infecciosa em uma população fechada. A simulação considera diferentes valores do número básico de reprodução (R_0), avaliando seu impacto na taxa de transmissão e na evolução da epidemia ao longo do tempo. Os resultados demonstram como variações no R_0 afetam o pico de infectados e o tempo necessário para a estabilização da doença. A simulação de modelos epidemiológicos é fundamental para prever a propagação de doenças e avaliar estratégias de intervenção.

Introdução

A pandemia de COVID-19 destacou a importância dos modelos matemáticos na epidemiologia, evidenciando seu papel crucial na previsão da propagação de doenças infecciosas, na avaliação de intervenções e no apoio à formulação de políticas públicas. Entre esses modelos, o SIR (Suscetível-Infectado-Recuperado), proposto por Kermack e McKendrick em 1927, continua sendo uma das ferramentas mais fundamentais e amplamente utilizadas para compreender a dinâmica de epidemias.

O modelo SIR divide a população em três compartimentos — suscetíveis, infectados e recuperados — e descreve como as interações entre esses grupos influenciam a evolução de uma doença ao longo do tempo. Um dos conceitos centrais desse modelo é o número básico de reprodução (R_0), que quantifica o potencial de transmissão de uma doença em uma população totalmente suscetível.

Este artigo apresenta a implementação de um código computacional aberto que simula a evolução temporal de uma epidemia, com ênfase no impacto do R_0 , demonstrado como diferentes valores para essa métrica influenciam na velocidade de propagação, o pico de infecção e a fração da população necessária para alcançar a imunidade coletiva. O código fornecido não apenas ilustra os princípios teóricos do modelo SIR, mas também funciona como uma ferramenta prática para explorar cenários epidemiológicos e fornecer suporte na tomada de decisões em saúde pública.

Métodos

Modelo SIR

O modelo SIR, desenvolvido em 1927 por Kermack e McKendrick, é um modelo matemático utilizado na epidemiologia para descrever a disseminação de doenças infecciosas em uma população fechada, sem alteração no número de indivíduos nela. Ele é baseado em um sistema de equações diferenciais que descreve a variação do número de indivíduos em três compartimentos ao longo do tempo. O modelo divide a população da seguinte forma:

1. **Suscetíveis (S):** Indivíduos não infectados.
2. **Infectados (I):** Indivíduos capazes de transmitir a doença.
3. **Recuperados (R):** Indivíduos imunes.

O modelo assume que a população total N permanece constante e que os indivíduos se movem entre esses três estados ao longo do tempo. Assim, temos:

$$N = S(t) + I(t) + R(t)$$

A evolução do número de indivíduos em cada compartimento ao longo do tempo é descrita pelas seguintes equações diferenciais:

Variação dos suscetíveis

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

Os suscetíveis diminuem conforme entram em contato com os infectados e contraem a doença. O termo βSI representa a taxa de novas infecções, onde:

- β é a taxa de transmissão (probabilidade de um contato resultar em infecção).
- S e I representam a interação entre indivíduos suscetíveis e infectados.

Variação dos infectados

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

Os infectados aumentam à medida que suscetíveis são infectados, mas diminuem quando indivíduos se recuperam ou morrem, onde o termo γI representa a taxa de recuperação.

Variação dos recuperados

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

A quantidade de recuperados cresce conforme os infectados se curam.

A partir disso, tem-se que no início de uma epidemia, a infecção cresce exponencialmente, pois muitos suscetíveis ainda estão disponíveis. O número de infectados atinge um pico quando o número de indivíduos suscetíveis se torna suficientemente pequeno. Com o tempo, a recuperação aumenta e a infecção desaparece conforme mais indivíduos passam para o compartimento R .

Número Básico de Reprodução (R_0)

O número básico de reprodução R_0 é um parâmetro chave do modelo SIR, definido como:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$$

Ele representa o número médio de pessoas que um infectado pode contaminar em uma população totalmente suscetível. Se:

- $R_0 > 1$, a doença se espalha.
- $R_0 < 1$, a doença tende a desaparecer.

O R_0 afeta diretamente a dinâmica da epidemia pois quanto maior o R_0 , mais rapidamente a doença se espalha e maior a fração da população que precisa ser imunizada para interromper a transmissão. Além disso, um R_0 maior resulta em um pico de infectados mais alto e mais precoce.

Imunidade Coletiva

A fração da população que precisa ser imunizada para alcançar a imunidade coletiva é determinada pelo número básico de reprodução (R_0) da doença. A imunidade coletiva ocorre quando uma fração suficiente da população está imune (por vacinação ou recuperação), de modo que a doença não consegue se espalhar de forma sustentável.

A fração da população que precisa ser imunizada (p_c) para alcançar a imunidade coletiva é dada por:

$$p_c = 1 - \frac{1}{R_0}$$

Com isso, essa parte da população é diretamente determinada pelo R_0 da doença. Quanto maior o R_0 , maior a fração necessária. Esse conceito é fundamental para o planejamento de campanhas de vacinação e outras estratégias de controle de doenças infecciosas.

Código Epidemiológico

Um código epidemiológico é um programa computacional que implementa modelos matemáticos para simular a propagação de doenças infecciosas em uma população. Esses modelos ajudam a entender a dinâmica da doença, prever cenários futuros e avaliar o impacto de intervenções, como vacinação, quarentena ou distanciamento social.

Implementação do Modelo SIR

Este estudo de caso apresenta um código epidemiológico desenvolvido para simular a propagação de uma doença infecciosa em uma população, com base na implementação do modelo SIR. A simulação foi realizada em Python, uma linguagem de programação de alto nível amplamente utilizada em ciência de dados, inteligência artificial, desenvolvimento web e automação.

O código estabelece as equações diferenciais descrevendo a dinâmica da doença, classificando os indivíduos em três grupos: suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R). Essas equações são resolvidas numericamente por meio da função 'odeint', da biblioteca 'scipy', permitindo calcular a evolução das frações de S, I e R ao longo do tempo. A simulação avalia diferentes valores do número básico de reprodução (R_0), que determina a taxa de transmissão da doença. Para cada valor de R_0 , a taxa de transmissão (β) é ajustada, e as curvas de infectados são geradas com a biblioteca matplotlib. O gráfico resultante ilustra a variação do número de infectados ao longo de 100 dias.

Essa abordagem permite analisar como diferentes valores de R_0 influenciam a velocidade de propagação e o pico da epidemia, auxiliando na compreensão da dinâmica da doença e

no impacto de possíveis intervenções. O código completo, com a implementação detalhada, está disponível no **Apêndice** deste documento.

Resultados

O código implementado simula a dinâmica de uma epidemia usando o modelo SIR para três valores diferentes do número básico de reprodução (R_0): 2, 3 e 4. A simulação foi realizada para uma população de 1000 indivíduos, com um único caso inicial de infecção ($I_0 = 1$). A taxa de recuperação (γ) foi fixada em 0.1, o que corresponde a um período infeccioso médio de 10 dias. O resultado geral obtido pode ser visualizado na Figura 1.

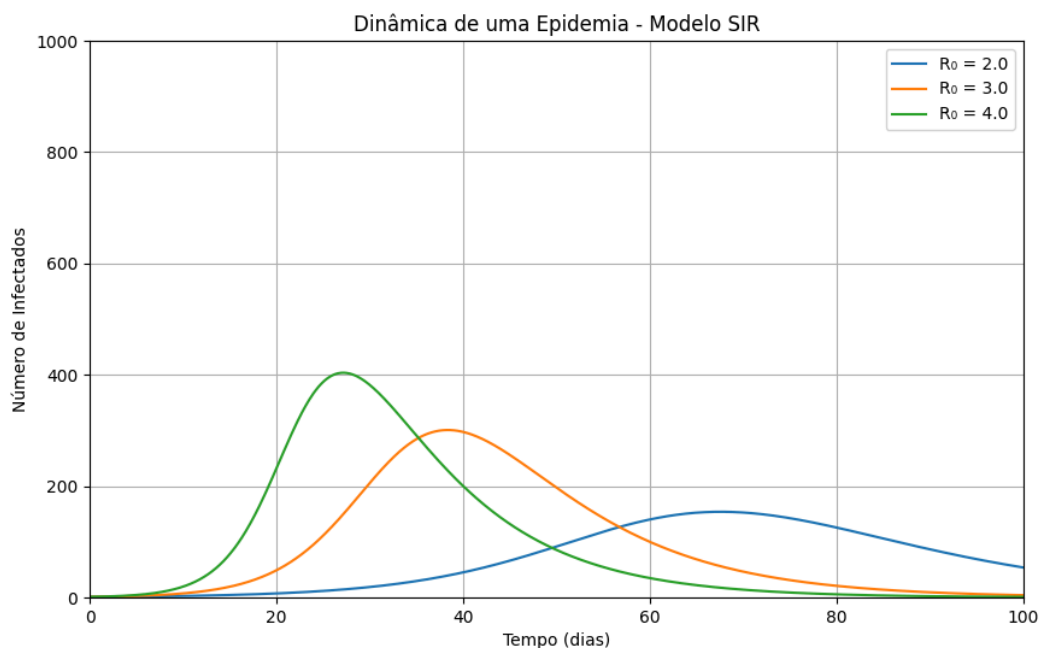


Figura 1. Dinâmica de uma Epidemia - Modelo SIR

Número básico de reprodução (R_0) = 2

Para $R_0 = 2$, cada indivíduo infectado transmite a doença para 2 pessoas, em média, em uma população totalmente suscetível. A dinâmica da epidemia, ilustrada pela Figura 2, mostra que a curva de infectados aumenta gradualmente, atingindo um pico de aproximadamente 180 indivíduos (18% da população) por volta do 65º dia. Após o pico, o número de infectados diminui à medida que mais indivíduos se recuperam e a população suscetível se esgota. A epidemia se estabiliza após cerca de 80 dias, com a maioria da população recuperada. Para alcançar a imunidade coletiva, é necessário que 50% da população seja imunizada, seja por vacinação ou recuperação.

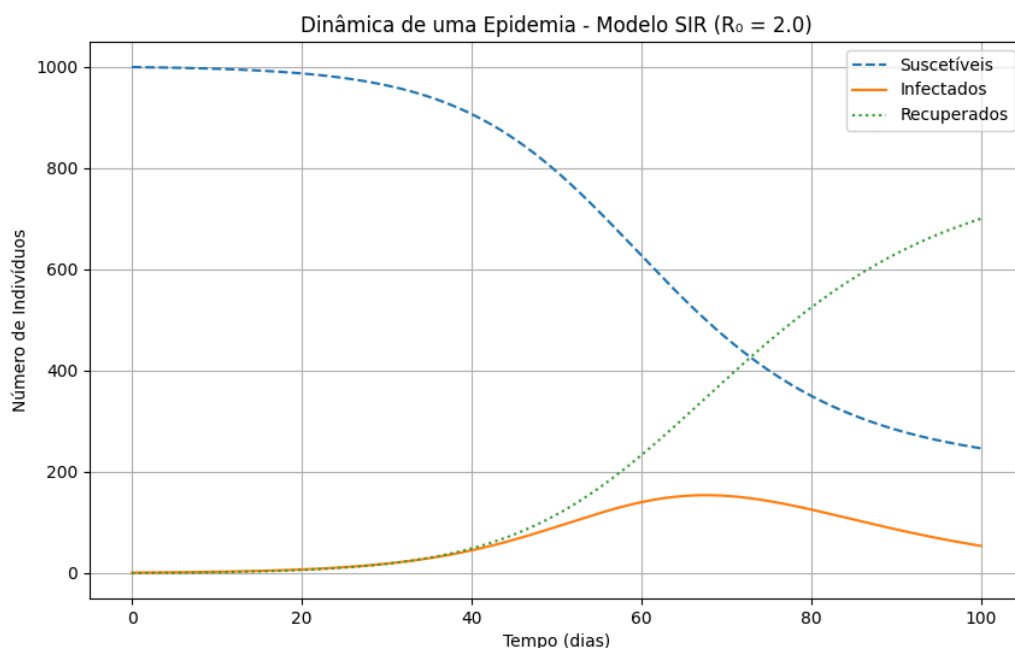


Figura 2. Dinâmica de uma Epidemia - Modelo SIR ($R_0 = 2.0$)

Número básico de reprodução (R_0) = 3

Para $R_0 = 3$, cada indivíduo infectado transmite a doença para 3 pessoas. A curva de infectados aumenta mais rapidamente, atingindo um pico de aproximadamente 300 indivíduos (30% da população) por volta do 35º dia, como mostrado na Figura 3. O pico é mais alto e ocorre mais cedo em comparação com $R_0 = 2$, refletindo uma transmissão mais rápida. A epidemia se estabiliza após cerca de 60 dias, com a maioria da população recuperada. Neste caso, a fração da população que precisa ser imunizada para alcançar a imunidade coletiva é de 66,7%.

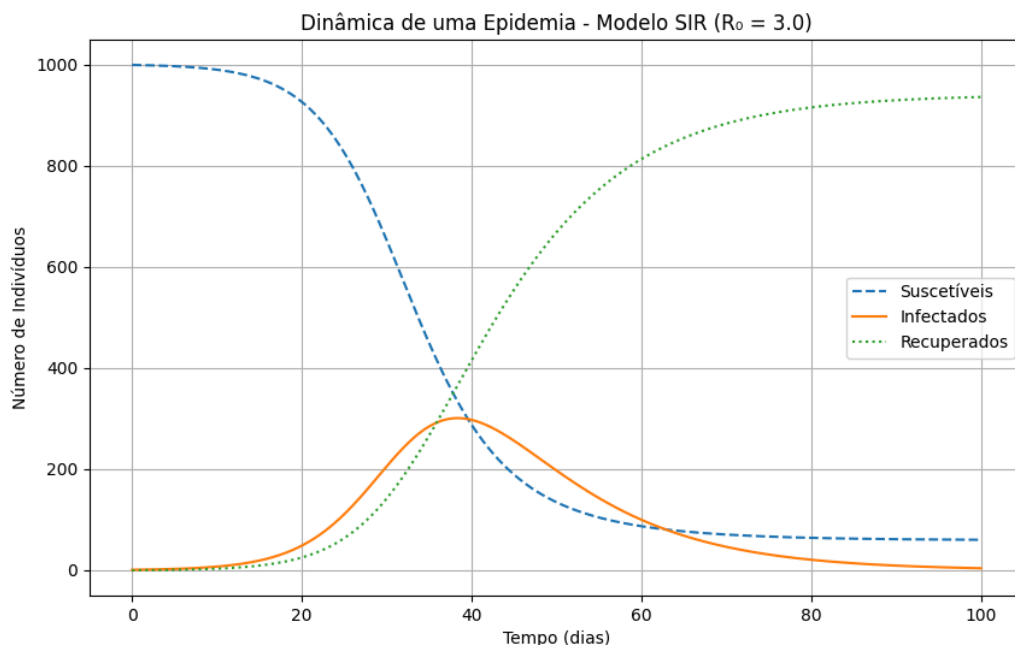


Figura 3. Dinâmica de uma Epidemia - Modelo SIR ($R_0 = 3.0$)

Número básico de reprodução (R_0) = 4

Neste caso, cada indivíduo infectado transmite a doença para 4 pessoas. A curva de infectados aumenta rapidamente, atingindo um pico de aproximadamente 400 indivíduos (40% da população) por volta do 27º dia. O pico é significativamente mais alto e ocorre mais cedo em comparação com $R_0 = 2$ e $R_0 = 3$, indicando uma transmissão muito rápida. A epidemia se estabiliza após cerca de 50 dias, com a maioria da população recuperada. Para interromper a transmissão, é necessário que 75% da população seja imunizada.

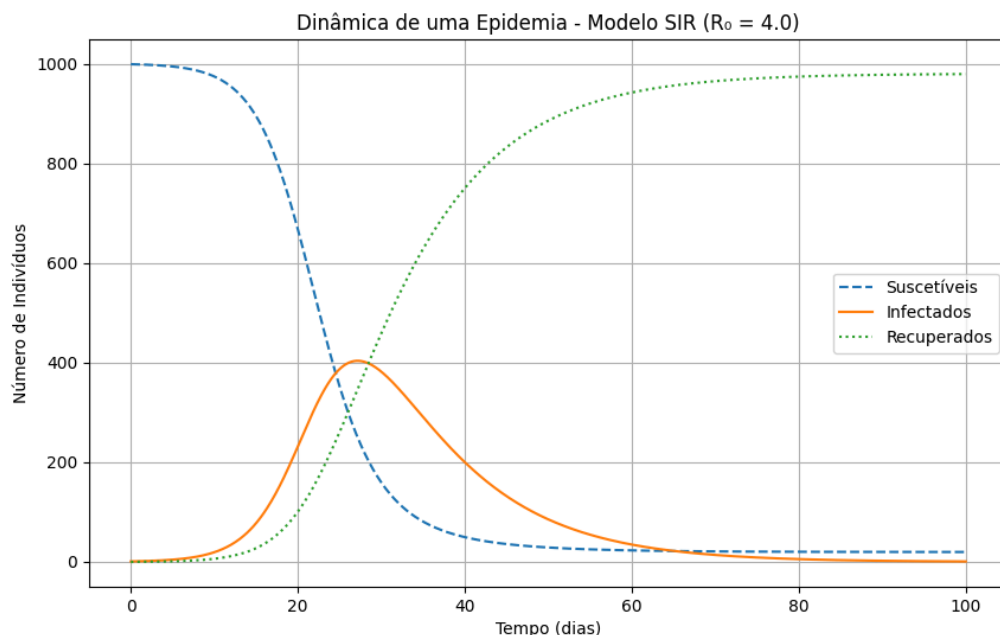


Figura 4. Dinâmica de uma Epidemia - Modelo SIR ($R_0 = 4.0$)

Discussão

Os resultados da simulação destacam a importância do número básico de reprodução (R_0) na dinâmica de uma epidemia. Valores mais altos de R_0 resultam em uma propagação mais rápida, picos de infecção mais altos e uma maior fração da população necessária para alcançar a imunidade coletiva. Esses dados são cruciais para o planejamento de intervenções, como campanhas de vacinação e medidas de distanciamento social, que visam reduzir a transmissão e controlar a propagação da doença. O código fornecido pode ser adaptado para estudar diferentes cenários epidemiológicos, tornando-se uma ferramenta valiosa para a saúde pública.

Referências

1. KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society A*, v. 115, n. 772, p. 700-721, 1927. Disponível em: <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>. Acesso em: 27/02/2025.
2. KEELING, M. J.; ROHANI, P. *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton: Princeton University Press, 2008.
3. WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). Coronavirus disease (COVID-19) pandemic. 2020. Disponível em: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>. Acesso em: 01/03/2025.

APÊNDICE

[Código Python \(GitHub\)](#)