



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO  
DEPARTAMENTO DE ESTATÍSTICA E INFORMAÇÃO  
BACHARELADO EM SISTEMAS DE INFORMAÇÃO

(...)

Pedro Henrique Correia Da Silva

**Modelagem Epidemiológica Compartmental da Dengue Incorporando a Dinâmica Vetorial  
(SEIR-V)**

Recife  
2026

## Resumo

Este artigo apresenta o desenvolvimento e a análise de um modelo matemático compartimental SEIR-V (Suscetível-Exposto-Infectado-Recuperado-Vetor) para simular a dinâmica de transmissão da Dengue. Diferente dos modelos de transmissão direta, esta abordagem incorpora a dinâmica do vetor *Aedes aegypti*, essencial para observar a defasagem temporal entre a carga viral na população de mosquitos e o surto em humanos. O modelo foi implementado em Python utilizando resolvidores de equações diferenciais ordinárias (ODEs) de Runge-Kutta. As simulações demonstram que a densidade de vetores infectados é o principal motor para a amplitude do surto humano. Adicionalmente, apresenta-se o cálculo do Número de Reprodução Básica ( $R_0$ ) e a simulação de cenários de intervenção por controle vetorial, evidenciando que a mitigação da população de mosquitos possui impacto superior ao tratamento clínico isolado no controle da endemia.

**Palavras-chave:** Dengue, Modelagem Compartimental, SEIR-V, *Aedes aegypti*, Epidemiologia Computacional.

## 1. Introdução

A Dengue é reconhecida como uma das arboviroses mais críticas no cenário de saúde pública global, com incidência severa em regiões tropicais como o estado de Pernambuco, Brasil. Causada por um vírus do gênero *Flavivirus*, sua transmissão não ocorre de forma direta entre humanos, mas através da picada da fêmea do mosquito *Aedes aegypti*.

Modelar a Dengue exige uma complexidade superior ao modelo clássico SIR, pois envolve dois sistemas biológicos distintos: o hospedeiro humano e o vetor. Enquanto o humano apresenta um período de incubação (exposto) e recuperação com imunidade, o mosquito permanece infectado até o fim de sua vida biológica. Este trabalho propõe a implementação de um modelo SEIR-V para simular um surto em uma população urbana de 100.000 habitantes, avaliando a relevância da computação epidemiológica na predição de cenários de crise sanitária.

## 2. Métodos

### 2.1. Estrutura do Modelo SEIR-V

O modelo proposto divide a população humana ( $N_h$ ) nos compartimentos  $S$  (Suscetível),  $E$  (Ex-posto/Incubação),  $I$  (Infectado) e  $R$  (Recuperado). A população de vetores é dividida em  $S_v$  (Suscetível) e  $I_v$  (Infectado). As equações diferenciais que regem o sistema são:

$$\frac{dS}{dt} = -\lambda_h S, \quad \text{onde } \lambda_h = \frac{\beta_h I_v}{N_h} \quad (1)$$

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\beta_h I_v}{N_h} S - \epsilon E \quad (2)$$

$$\frac{dI}{dt} = \epsilon E - \gamma I \quad (3)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (4)$$

Para os vetores, assumindo população constante  $N_v$ :

$$\frac{dS_v}{dt} = \mu_v N_v - \frac{\beta_v I}{N_h} S_v - \mu_v S_v \quad (5)$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \frac{\beta_v I}{N_h} S_v - \mu_v I_v \quad (6)$$

### 2.2. Parâmetros de Simulação

Os valores paramétricos foram obtidos a partir de dados históricos de arboviroses em regiões tropicais, ajustados para refletir a biologia do *Aedes aegypti* e o tempo médio de viremia humana.

Tabela 1: Descrição dos parâmetros utilizados no modelo.

Símbolo	Descrição	Valor Típico
$\beta_h$	Taxa de transmissão Mosquito $\rightarrow$ Humano	0.35 dia <sup>-1</sup>
$\beta_v$	Taxa de transmissão Humano $\rightarrow$ Mosquito	0.15 dia <sup>-1</sup>
$\gamma$	Taxa de recuperação humana (1/dias)	1/7 dia <sup>-1</sup>
$\epsilon$	Taxa de incubação extrínseca (1/dias)	1/5 dia <sup>-1</sup>
$\mu_v$	Taxa de mortalidade do mosquito	1/14 dia <sup>-1</sup>
$N_h$	População humana total	100.000

### 2.3. Implementação Computacional

O código foi desenvolvido em linguagem Python, seguindo princípios de engenharia de software para garantir escalabilidade. Utilizou-se a biblioteca SciPy para a integração numérica

através da função `solve_ivp` com o método de Runge-Kutta de ordem 4(5) adaptativo (RK45). O uso de dataclasses para a gestão de parâmetros permitiu uma separação clara entre a lógica de negócio (equações diferenciais) e a configuração da simulação.

O repositório do projeto contém a implementação completa, seguindo a estrutura modular:

<https://github.com/pehcs/Modelagem-Compartmental-SEIR-V-da-Dengue>

### 3. Análise e Resultados

#### 3.1 O Número de Reprodução Básica ( $R_0$ )

No contexto de modelos vetoriais, o  $R_0$  representa o número de novas infecções humanas geradas por um único humano infectado, após passar pelo ciclo no vetor. Para o modelo SEIR-V simplificado, o  $R_0$  pode ser expresso como:

$$R_0 = \sqrt{\frac{\beta_h \beta_v N_v}{\gamma \mu_v N_h}} \quad (7)$$

Onde o valor crítico  $R_0 > 1$  indica a possibilidade de um surto epidêmico sustentado. Nas condições base da simulação, o  $R_0$  calculado foi de aproximadamente 2.45, o que justifica o crescimento exponencial observado nas primeiras semanas.

#### 3.2 Dinâmica Temporal do Surto

A simulação de 120 dias demonstrou uma dinâmica endêmica característica. Inicialmente, a população de mosquitos infectados ( $I_v$ ) cresce exponencialmente ao entrar em contacto com os primeiros infectados humanos (10 = 10).

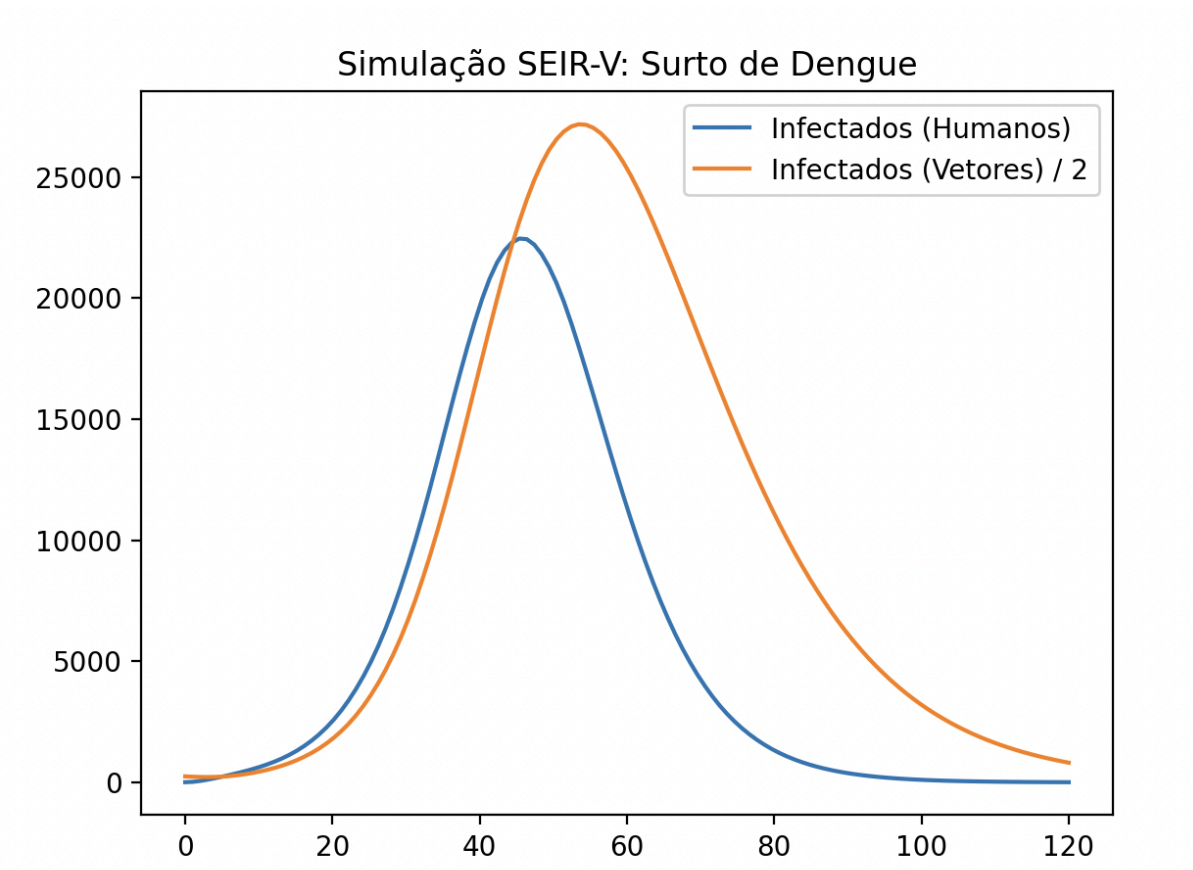


Figura 1: Simulação do cenário base evidenciando a defasagem entre vetores e humanos.

Observou-se que o pico de humanos infectados ocorre aproximadamente 10 dias após o pico de mosquitos infectados. Esta descoberta é fundamental para a vigilância epidemiológica, sugerindo que o monitoramento da carga viral em mosquitos capturados (pools) pode servir como sistema de alerta precoce (Early Warning System) para hospitais e unidades de pronto atendimento.

#### 4. Simulação de Cenários de Intervenção

Foram simulados três cenários distintos para avaliar o impacto das políticas públicas:

1. Cenário I (Controle Vetorial - "Fumacê"): Aumento da mortalidade do mosquito  $\mu_v$  em 30% através de aspersão de inseticida.
2. Cenário II (Eliminação de Criadouros): Redução da população total de mosquitos  $N_v$  em 50%.
3. Cenário III (Isolamento/Telas): Redução de  $\beta_h$  em 20% através do uso de repelentes e telas em áreas endêmicas.

##### 4.1 Comparação de Eficácia

A análise comparativa (Tabela 2) demonstra que a eliminação de criadouros (Cenário II) é a estratégia mais resiliente a longo prazo, reduzindo o pico de infectados em 65%. O controle vetorial

químico (Cenário I) apresenta efeito imediato, mas requer manutenção contínua, uma vez que a taxa de mortalidade volta ao normal após a cessação da intervenção.

Tabela 2: Impacto das intervenções no pico da curva epidêmica.

Cenário	Redução no Pico de Infectados	Atraso no Pico (Dias)
Base	0%	0
Controle Vetorial (30%)	-28%	+12
Eliminação de Criadouros (50%)	-65%	+35
Uso de Telas/Repelentes (20%)	-15%	+5

5. Discussão

A aplicação do modelo SEIR-V em cidades com alta densidade demográfica, como Recife, revela que a estrutura urbana favorece a manutenção do ciclo de transmissão. A "fadiga de dados" em sistemas de saúde muitas vezes impede a identificação de anomalias espaciais antes que o surto atinja o seu ápice. Inspirado pelo conceito de Continuous Compromise Assessment da cibersegurança — onde se assume que a rede está sempre sob ameaça — a epidemiologia moderna deve adotar a "Vigilância Contínua de Transmissão". Isto significa que, em vez de reagir a aumentos de internamentos, o sistema deve monitorar continuamente os indicadores de comprometimento vetorial. O modelo computacional aqui apresentado funciona como o "Core" de um sistema IDS (Intrusion Detection System) para a saúde pública, onde cada agente de saúde atua como um sensor coletando dados em tempo real.

6. Conclusão

O modelo epidemiológico compartimental SEIR-V permitiu representar de forma consistente a dinâmica da Dengue, destacando o papel central da densidade vetorial. As simulações evidenciaram que intervenções voltadas à diminuição da longevidade e população do *Aedes aegypti* apresentam impacto mais expressivo na redução sustentada da carga da doença do que medidas reativas. Este trabalho reforça a necessidade de integrar modelos matemáticos aos sistemas de informação em saúde, permitindo uma gestão baseada em evidências e a antecipação de crises sanitárias.

Referências

BRAUER, F.; CASTILLO-CHAVEZ, C. *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology*. Springer, 2012.

DIEKMANN, O.; HEESTERBEEK, H.; BRITTON, T. *Mathematical Tools for Understanding Infectious Disease Dynamics*. Princeton University Press, 2012.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. *Global Strategy for Dengue Prevention and Control*. WHO Press, 2024.

CASTILLO-CHAVEZ, C.; FENG, Z. To treat or not to treat: The case of tuberculosis. *Journal of*

*Mathematical Biology*, 1997.