

# Aplicação interativa para simulação de epidemias utilizando o modelo SEIRD

Washington Botelho da Rocha Neto<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Estatística e Informática, Bacharelado em Sistemas de Informação, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, Brasil

\*w.neto@ufrpe.br

## ABSTRACT

Este trabalho descreve a implementação de um modelo SEIRD (Suscetível, Exposto, Infectado, Recuperado e Morto) para a simulação de epidemias, com foco em doenças de grande impacto como a COVID-19 e suas variantes. A abordagem metodológica se baseia na utilização da linguagem de programação Python e do framework Streamlit para o desenvolvimento de uma aplicação web interativa. O objetivo é fornecer uma ferramenta acessível para a visualização e análise da dinâmica de propagação de doenças, permitindo a exploração de diferentes cenários e parâmetros epidemiológicos.

## Introdução

Esta ferramenta interativa e acessível visa a compreensão da dinâmica de epidemias de alto impacto, como COVID-19 e sarampo, por meio da implementação de um modelo SEIRD. A aplicação web, desenvolvida em Python e Streamlit, permite aos usuários ajustar parâmetros epidemiológicos e visualizar a evolução da doença em um dashboard intuitivo. Este dashboard inclui gráficos de linha que mostram o número de indivíduos em cada estado (Suscetível, Exposto, Infectado, Recuperado, Morto) ao longo do tempo, além de outros gráficos relevantes para a análise do cenário simulado.

O principal objetivo deste trabalho é implementar o modelo SEIRD para simular a dinâmica de epidemias. Para atingir esse objetivo, serão desenvolvidos os seguintes pontos: desenvolvimento de uma aplicação web interativa, definição de parâmetros do modelo, execução de simulações, visualização de resultados em um dashboard intuitivo e facilitação da análise e compreensão dos dados.

## Referencial Teórico

### Conceitos Fundamentais em Epidemiologia e Modelagem de Epidemias

Para a implementação de um modelo de simulação de epidemias, é fundamental a compreensão dos conceitos que o sustentam, desde a base da modelagem matemática até os parâmetros que descrevem a dinâmica da doença.

#### *Modelos Compartimentais em Epidemiologia*

Modelos compartimentais representam uma abordagem amplamente utilizada na epidemiologia matemática para descrever a dinâmica de doenças infecciosas. Eles dividem a população em grupos mutuamente exclusivos, ou "compartimentos", com base no estado de cada indivíduo em relação à doença. No contexto epidemiológico, esses compartimentos podem representar os estados de suscetibilidade, exposição, infecção e recuperação. O fluxo de indivíduos de um compartimento para outro ao longo do tempo é regido por um conjunto de equações diferenciais, o que constitui a base teórica para a construção do modelo SEIRD.

#### *Modelo SEIR*

O modelo SEIR (Suscetível, Exposto, Infectado, Recuperado) é uma extensão do modelo clássico SIR, particularmente relevante para doenças com um período de incubação significativo. Ele divide a população em quatro compartimentos e simula a evolução dos indivíduos entre esses grupos ao longo do tempo. Os compartimentos são: Suscetíveis (S), que podem contrair a doença; Expostos (E), que foram infectados, mas ainda não são contagiosos; Infectados (I), que estão doentes e podem transmitir o vírus; e Recuperados (R), que se curaram e adquiriram imunidade.

#### *Modelo SEIRD*

O modelo SEIRD é uma variação do modelo SEIR que inclui um compartimento adicional para indivíduos mortos (D). Essa modificação é essencial para a simulação de epidemias com uma taxa de mortalidade notável, como a COVID-19. A inclusão do compartimento D permite que a ferramenta separe os indivíduos que se recuperam com imunidade daqueles que faleceram em decorrência da doença, fornecendo uma análise mais completa e precisa do impacto da epidemia na população.

### Parâmetros Epidemiológicos

Os parâmetros epidemiológicos são os coeficientes que regem as equações diferenciais do modelo, determinando a velocidade e a intensidade do fluxo de indivíduos entre os compartimentos. No contexto do modelo SEIRD, os principais parâmetros são: taxa de contato ( $\beta$ ), período de incubação ( $\alpha$ ), taxa de recuperação ( $\gamma$ ) e taxa de mortalidade ( $\mu$ ).

### Número Básico de Reprodução ( $R_0$ )

O Número Básico de Reprodução ( $R_0$ ) é uma métrica crucial em epidemiologia, representando o número médio de novas infecções causadas por um único indivíduo infectado em uma população completamente suscetível. Se  $R_0 > 1$ , a doença tende a se espalhar, enquanto se  $R_0 < 1$ , ela tende a desaparecer. O  $R_0$  pode ser calculado a partir dos parâmetros do modelo SEIRD.

### Trabalhos Relacionados

A implementação do modelo SEIRD em Python foi elaborada com base nas diretrizes e metodologias apresentadas no artigo de Tannenbaum. Este trabalho serviu como pilar fundamental, orientando cada etapa do processo. O artigo detalha o cálculo das equações diferenciais, a definição dos parâmetros epidemiológicos, a execução do modelo e a criação de um gráfico interativo para visualização dos resultados.

### Método

Nesta seção, detalhamos a abordagem metodológica adotada para a implementação da aplicação interativa de simulação de epidemias. Apresentamos os materiais e as ferramentas de desenvolvimento, a arquitetura do modelo e o processo de criação da interface gráfica.

### Modelagem e Simulação da Dinâmica da Epidemia

Para a simulação da dinâmica de epidemias, utilizamos o modelo SEIRD. Este modelo compartimental foi implementado através de um sistema de equações diferenciais ordinárias (EDOs), utilizando a biblioteca NumPy para operações numéricas e SciPy para a resolução das EDOs.

As equações do modelo são descritas da seguinte forma:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta SI}{N} \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \sigma E \\ \frac{dI}{dt} &= \sigma E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \\ N &= S + E + I + R + D\end{aligned}$$

Onde S, E, I, R e D representam o número de indivíduos em cada compartimento, e N é a população total. Os parâmetros  $\beta$ ,  $\alpha$ ,  $\gamma$  e  $\mu$  são as taxas de transmissão, incubação, recuperação e mortalidade, respectivamente.

### Definindo parâmetros para as variantes da COVID19

Os parâmetros utilizados no projeto para simular a COVID e suas variantes foram inferidos com base em uma série de artigos científicos, incluindo revisões sistemáticas e meta-análises, para se obter dados primários para cada variante, como o período de incubação, a taxa de mortalidade e o número de reprodução ( $R_0$ ). Os dados ausentes foram obtidos através de estimativas com base em informações publicadas na literatura científica que indicavam maior transmissibilidade e letalidade dessa variante em comparação com a original. Com esses dados em mãos, os parâmetros foram calculados: a taxa de incubação ( $\sigma$ ) foi derivada como o inverso do período de incubação, e a taxa de infecção ( $\beta$ ) foi calculada a partir do  $R_0$  e das taxas de mortalidade e recuperação, garantindo que os valores fossem coerentes com a dinâmica epidemiológica observada. Este processo permitiu criar um conjunto de parâmetros robusto e cientificamente fundamentado para cada variante, que é essencial para a modelagem precisa da propagação da doença.

### Desenvolvimento da Aplicação Web e Interface

A aplicação web foi desenvolvida utilizando a linguagem de programação Python e o framework Streamlit. O Streamlit foi escolhido por sua capacidade de transformar scripts Python em interfaces interativas de forma rápida. O desenvolvimento da interface seguiu as etapas de controles de entrada (widgets como sliders e caixas de texto), visualização de dados com a biblioteca 'plotly' e a organização do dashboard.

# Resultados

O resultado final foi uma aplicação Streamlit com uma interface simples e intuitiva. A página inicial apresenta o projeto, explica brevemente o modelo e os parâmetros utilizados. Na interface, a coluna da esquerda contém a seleção do preset da doença e os campos para modificação dos parâmetros, além de um botão para rodar a simulação. A maior parte da tela é ocupada pela visualização dos resultados, incluindo gráficos de evolução dos compartimentos e métricas-chave como o  $R_0$ , o pico de infectados e o percentual de óbitos.

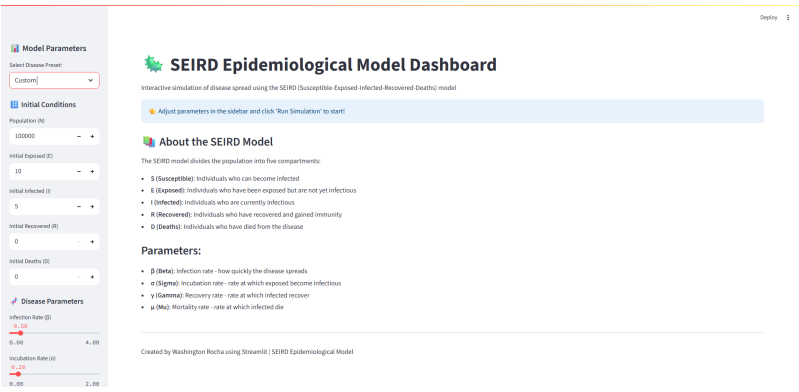


Figure 1. Página inicial da aplicação. 2025

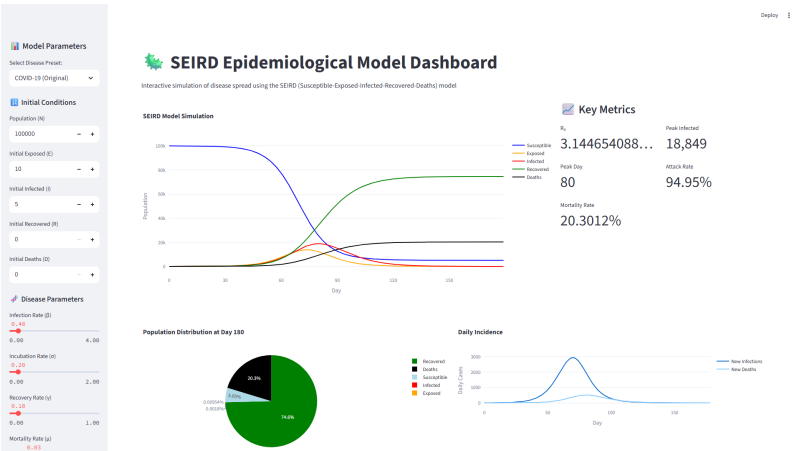
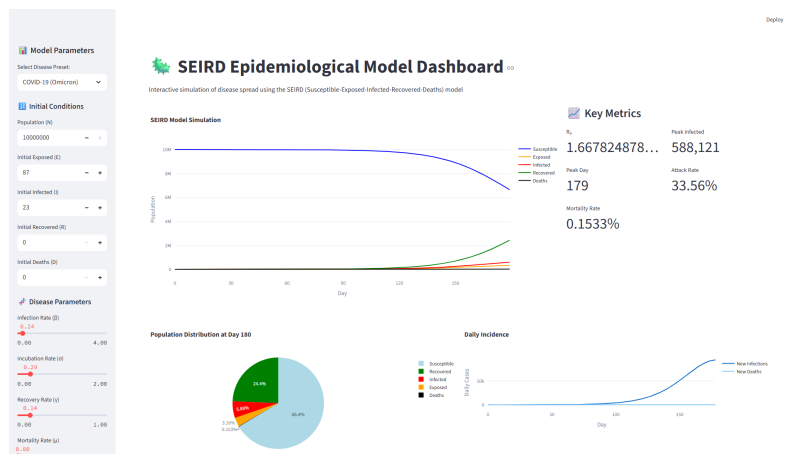


Figure 2. Resultado da simulação da COVID-19 original. 2025



**Figure 3.** Resultado da simulação da variante Omicron. 2025

## Conclusão

Este trabalho teve como objetivo principal a construção de um simulador de epidemias, utilizando o modelo epidemiológico SEIRD para representar a dinâmica de propagação da COVID-19 e suas variantes. O principal desafio técnico enfrentado foi a parametrização do modelo, que exigiu a coleta e a adaptação de dados complexos sobre as taxas de infecção, incubação, recuperação e mortalidade. Os resultados alcançados demonstram que a simulação, embora seja uma aproximação da realidade baseada nos dados disponíveis, é funcional e validada. Concluímos que a maior força do modelo reside na sua flexibilidade: os parâmetros podem ser ajustados com um conjunto de dados mais preciso para refletir com maior exatidão diferentes cenários epidemiológicos. Assim, a plataforma desenvolvida não se limita à COVID-19 e se projeta como uma ferramenta adaptável para simular a propagação de outras doenças que se encaixem no padrão do modelo SEIRD, abrindo caminho para futuros trabalhos focados na análise de estratégias de intervenção em epidemias.

## References

TANNENBAUM, Michael. Simulating compartmental models in epidemiology using Python + Jupyter Widgets. Medium, 13 jan. 2021. Disponível em: <https://medium.com/data-science/simulating-compartmental-models-in-epidemiology-using-python-jupyter-widgets-8d76bdaff5c2>

WU, Y. et al. Incubation Period of COVID-19 Caused by Unique SARS-CoV-2 Strains: A Systematic Review and Meta-analysis. 2022.

XAVIER, C. R. et al. Characterisation of Omicron Variant during COVID-19 Pandemic and the Impact of Vaccination, Transmission Rate, Mortality, and Reinfection in South Africa, Germany, and Brazil. BioTech, 2022.

YADAV, S. K.; KUMAR, V.; AKHTER, Y. Modeling Global COVID-19 Dissemination Data After the Emergence of Omicron Variant Using Multipronged Approaches. Current Microbiology, v. 79, n. 286, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00284-022-02985-4>.

HE, W. et al. Estimation of the basic reproduction number, average incubation time, asymptomatic infection rate, and case fatality rate for COVID-19: Meta-analysis and sensitivity analysis. 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1101/2020.04.28.20083758>.

FOERSTER, D. et al. Parametrization of Worldwide Covid-19 data for multiple variants: How is the SAR-Cov2 virus evolving?. 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1101/2024.04.09.24305557>.

## Agradecimentos

Agradecemos à Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) e ao Departamento de Estatística e Informática pelo suporte durante o desenvolvimento deste trabalho.