

# Modelo SEIR-SEI para a Dinâmica de Transmissão da Dengue no Estado de Goiás

Arthur R. S. Vitória<sup>1</sup>, Adriel L. V. Mori<sup>1</sup>, Clarimar J. Coelho<sup>2</sup>, Arlindo R. G. Filho<sup>1</sup>

<sup>1</sup> CEIA, Instituto de Informática – Universidade Federal de Goiás – Goiânia – GO

<sup>2</sup>CEIA, Escola Politécnica – Pontifícia Universidade Católica de Goiás – Goiânia – GO

arthurvitoria@discente.ufg.br, arlindogalvao@ufg.br

**Abstract.** *Dengue stands out as one of the most challenging and prevalent infectious diseases in tropical and subtropical regions. The number of cases has grown alarmingly in recent years, accompanied by a significant increase in mortality rates. Thus, this study uses a compartmental epidemiological model of the SEIR-SEI type. The study case for the state of Goiás for the years 2023 and 2024 resulted in a MAPE of 18.99% and 7.55%, respectively. This approach proved to be a promising approach for the dynamics of dengue transmission in the state of Goiás.*

**Resumo.** *A dengue se destaca como uma das doenças infecciosas mais desafiadoras e prevalentes em regiões tropicais e subtropicais. Apresentando um crescimento alarmante no número de casos nos últimos anos, acompanhado por um aumento significativo nas taxas de mortalidade. Desta forma, este estudo utiliza um modelo epidemiológico compartimental do tipo SEIR-SEI. O estudo de caso para os dados do estado de Goiás para os anos de 2023 e 2024 resultou em um MAPE de 18.99% e 7.55%, respectivamente. Desta forma, esta abordagem se mostrou promissora para o estudo da dinâmica de transmissão da dengue no estado de Goiás.*

## 1. Introdução

A dengue é uma doença viral transmitida principalmente por mosquitos fêmeas infectados da espécie *Aedes aegypti*, e constitui um desafio significativo para a saúde pública de forma global. Tal doença causada por quatro vírus antígenicamente distintos, porém relacionados, conhecidos como sorotipos DENV-1 à DENV-4 [Santana et al. 2022]. A incidência da dengue é predominantemente observada em áreas urbanas e semiurbanas, caracterizadas por climas tropicais e subtropicais. Adicionalmente, sua dinâmica possui variações locais de risco influenciadas por fatores demográficos e ambientais como precipitação, temperatura e rápida urbanização não planejada [PAHO 2024].

O número de casos globais da dengue cresceu drasticamente, sendo reportados 16,2 milhões de casos durante os anos de 2010 e 2019 nas Américas. O ano de 2023 apresentou o maior registro de casos, com um total de 4.565.911, incluindo 7.653 casos graves e 2.340 óbitos [PAHO 2024]. A condição climática tropical com temperaturas entre 25°C e 32°C, aliadas ao processo de urbanização no Brasil, propiciam um ambiente altamente favorável à propagação do *Aedes aegypti*, durante todo o ano, no qual já foram reportados mais de 1 milhão de casos (prováveis e confirmados) até a oitava semana de 2024. Sendo Goiás o quinto estado em termos de número de ocorrências no país.

Previsões baseadas em evidências são essenciais para orientar políticas de saúde pública e alocar recursos de forma eficaz. Desta forma, modelos matemáticos podem ser utilizados para identificar e entender alguns fatores que influenciam a dinâmica da dengue para orientar o desenvolvimento de estratégias de intervenção abrangentes e eficazes.

Modelos baseados em compartimentos vem sendo estudados para descrever a propagação da dengue em diferentes regiões do mundo. O modelo Suscetível-Infestado-Recuperado (SIR) foi utilizado diversas vezes para investigar a propagação da dengue no Brasil, com o objetivo de validar se mesmo um modelo simples é suficiente para antecipar ou controlar certas condições em um cenário de epidemia [Silva et al. 2022]. Adicionalmente, um compartimento de indivíduos Expostos pode ser incluído para representar os indivíduos infectados assintomáticos ou com sintomas leves e não diagnosticados. Desta forma, a relação entre indivíduo Suscetível-Exposto-Infestado-Recuperado e vetor Suscetível-Exposto-Infestado (SEIR-SEI) é modelada com o intuito de determinar o comportamento da patologia ao longo do tempo.

A dinâmica de transmissão da dengue envolve entender as taxas de infecção, transmissão, recuperação e mortalidade da doença, além de fatores ambientais e comportamentais que afetam sua disseminação [Yue et al. 2019]. Neste sentido, o objetivo deste estudo é implementar um modelo epidemiológico do tipo SEIR-SEI para a dinâmica de transmissão da dengue no Estado de Goiás. O modelo SEIR-SEI permite simular a propagação da doença, fornecendo *insights* valiosos para auxiliar políticas de saúde pública.

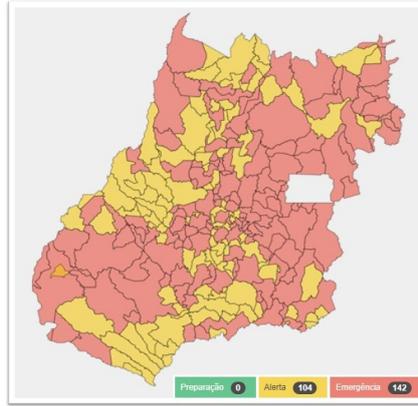
Este artigo está organizado da seguinte forma. Na Seção 2, descrevem-se os materiais e métodos utilizados, também detalha a formulação do modelo epidemiológico SEIR-SEI e como é avaliado. Na Seção 3, os resultados são discutidos, incluindo os padrões sazonais de transmissão da dengue. Finalmente, na Seção 4, discutimos as implicações desses resultados para o controle e prevenção da dengue.

## 2. Material e Métodos

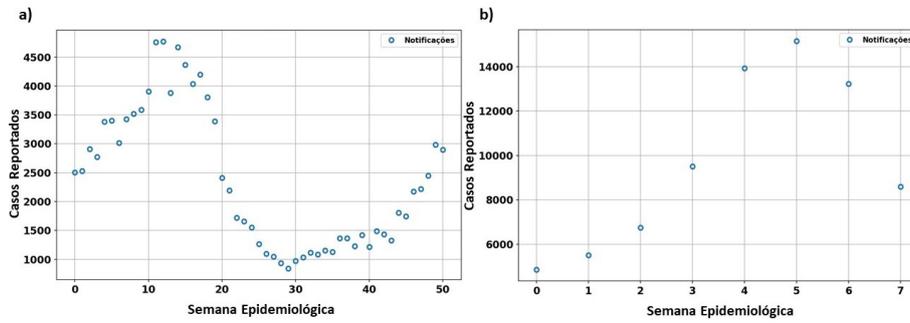
O conjunto de dados utilizados para ajustar o modelo é composto por notificações de casos de dengue reportadas no estado de Goiás nos anos de 2023 e 2024. Este conjunto oferece um panorama detalhado da prevalência da dengue na região. Os dados, que incluem casos de dengue reportados em nível municipal, são coletados e registrados pelo Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN), que monitora doenças de notificação compulsória, incluindo a dengue [SINAN 2024]. A divisão do estado de Goiás a nível de municípios pode ser observada na Figura 1, onde a maioria dos municípios estão em situação de emergência devido ao número de ocorrências da dengue.

Este estudo é conduzido para analisar a prevalência da dengue em Goiás em 2023 e 2024. O estudo considerou a totalidade das notificações para o estado de Goiás, agrupando por municípios, resultando em 52 observações semanais para notificações de dengue em 2023 e 8 observações para 2024, como observado nas Figuras 2a e 2b, respectivamente.

O modelo de Ross-Macdonald foi inicialmente proposto para a dinâmica da malária, e vem sendo utilizado como base de muitos modelos epidemiológicos em que a doença é transmitida por mosquitos vetores. Neste trabalho é utilizado um modelo compartimental para modelar a interação entre indivíduo-vetor, assim como proposto por



**Figura 1. Divisão do estado de Goiás à nível de município e sua devida situação em relação ao número casos notificados de dengue.**



**Figura 2. Número de notificações reportadas por semana. a) Para o ano de 2023. b) Para o ano de 2024.**

[Saha et al. 2023]. A transição entre a população de indivíduos e mosquitos pode ser visualizada na Figura 3. O modelo indivíduo-vetor utilizado divide a população de indivíduos (hospedeiros) em quatro compartimentos: Suscetíveis ( $S_h$ ), Expostos ( $E_h$ ), Infectados ( $I_h$ ) e Recuperados ( $R_h$ ). Enquanto a população de mosquitos (vetores) é definida por três compartimentos: Suscetíveis ( $S_v$ ), Expostos ( $E_v$ ) e Infectados ( $I_v$ ). Com uma população constante em que  $S_h + E_h + I_h + R_h = N$  o sistema que descreve a população de indivíduos é dado por:

$$\frac{dS_h}{dt} = (N_h - S_h)\mu_h - \beta_h b \frac{S_h I_v}{N} \quad (1)$$

$$\frac{dE_h}{dt} = \beta_h b \frac{S_h I_v}{N} - (\mu_h + \sigma_h)E_h \quad (2)$$

$$\frac{dI_h}{dt} = \sigma_h E_h - (\mu_h + \gamma_h)I_h \quad (3)$$

$$\frac{dR_h}{dt} = \gamma_h I_h - \mu_h R_h \quad (4)$$

onde,  $\beta_h$  é a taxa de infecção dos humanos,  $\gamma$  é a taxa de recuperação,  $\sigma_h$  é a taxa de progressão dos expostos para o compartimento de infectados,  $\mu_h$  é a taxa de mortalidade não relacionado a doença e  $b$  é a frequência média em que um mosquito pica uma pessoa por dia.

Assumindo os mosquitos vetores com uma população constante em que  $\Lambda = S_v + E_v + I_v$ , as equações utilizadas para descrever a sua dinâmica de transmissão são dadas por:

$$\frac{dS_v}{dt} = \Lambda - \beta_v b \frac{S_v I_h}{N} - \mu_v S_v \quad (5)$$

$$\frac{dE_v}{dt} = \beta_v b \frac{S_v I_h}{N} - (\mu_v + \sigma_v) E_v \quad (6)$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \sigma_v E_v - \mu_v I_v \quad (7)$$

em que,  $\Lambda$  é a população total de mosquitos,  $\mu_v$  é a taxa de mortalidade do mosquito,  $\beta_v$  é a taxa de infecção do mosquito vetor e  $\sigma_v$  é a taxa de progressão dos mosquitos expostos para infectados.

Desta forma, o modelo é avaliado de forma com que tenhamos uma comparação dos indivíduos Infectados com os casos reais reportados pelo SINAN. Os resultados são avaliados de forma qualitativa e quantitativa por meio das métricas da Raiz do Erro Quadrático Médio (*Root Mean Squared Error*, RMSE) e Erro Absoluto Percentual Médio (*Mean Absolute Percentual Error*, MAPE), dado pelas equações:

$$MAPE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{|y_i - \hat{y}_i|}{y_i} * 100 \quad (8)$$

$$MAE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |y_i - \hat{y}_i| \quad (9)$$

em que  $n$  representa a quantidade de observações avaliadas,  $\hat{y}_i$  é o valor estimado pelo modelo e  $y_i$  é o valor real reportado pelo SINAN.

### 3. Resultados

No estudo do modelo SEIR-SEI, a calibração das variáveis é um aspecto crucial para refletir com precisão a dinâmica de transmissão da dengue. A taxa de infecção dos humanos  $\beta_h$  e a taxa de infecção do vetor  $\beta_v$  são ajustadas com base na taxa de contato entre humanos e mosquitos, bem como na probabilidade de transmissão do vírus [Smith et al. 2007]. A taxa de progressão dos expostos para o compartimento de infectados  $\sigma_h$  e  $\sigma_v$  é determinada pela duração do período de incubação da doença tanto em humanos quanto em mosquitos [Anderson and May 1991]. A taxa de recuperação,  $\gamma$ , é ajustada considerando

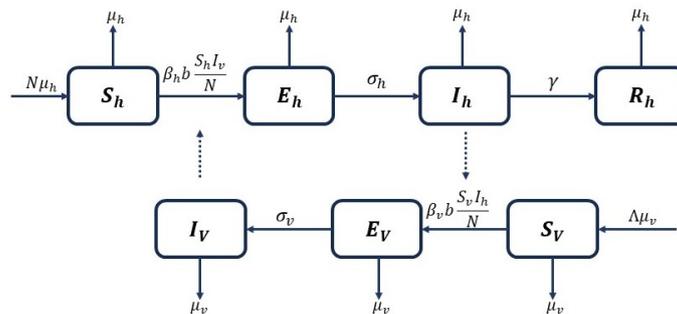
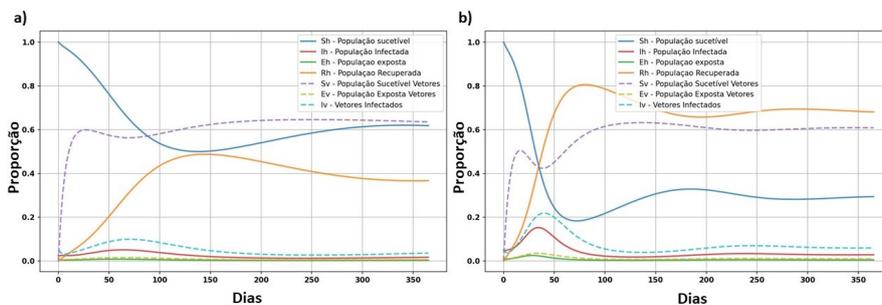


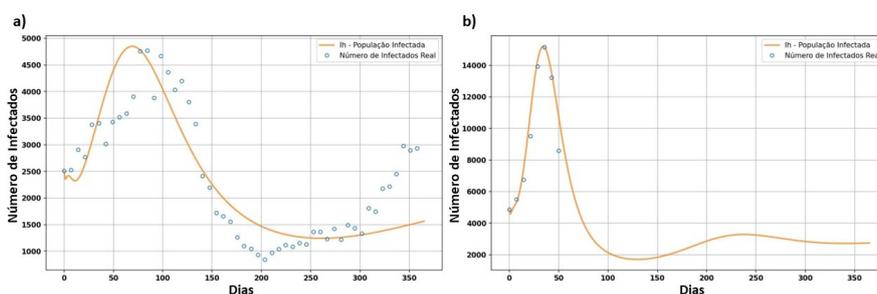
Figura 3. Modelo SEIR-SEI para a dinâmica epidemiológica da dengue.

a duração média da infecção [Diekmann et al. 1990]. A taxa de mortalidade não relacionada à doença  $\mu_h$  e a taxa de mortalidade do mosquito  $\mu_v$  são estimadas com base na expectativa de vida média dos humanos e mosquitos, respectivamente [Martens et al. 1997]. A frequência média em que um mosquito pica uma pessoa por dia  $b$  é ajustada com base no comportamento alimentar dos mosquitos [Scott et al. 2000]. Os ajustes permitem que o modelo SEIR-SEI capture de forma mais precisa a dinâmica de transmissão da dengue.



**Figura 4. Modelo epidemiológico SEIR-SEI para a dinâmica de transmissão da dengue. a) Representação do modelo para o ano de 2023. b) Representação do modelo para o ano de 2024.**

Dado que os parâmetros do modelo são ajustados de forma empírica para melhor descrever a dinâmica de transmissão da dengue no estado de Goiás, a Figura 4 mostra a dinâmica da doença para o ano de 2023 [4a] e 2024 [4b]. Apesar de observarmos um alto número de casos reportados no ano de 2023 (Figura 5a), o modelo apresenta um comportamento de pico nas primeiras semanas e logo se estabiliza com um número de infectados mais baixo, se aproximando dos números reais. Adicionalmente, para as métricas avaliadas, para o ano de 2023 o RMSE obtido foi de 0.0066 e o MAPE de 18.99%. Para o ano de 2024, até a semana epidemiológica reportada o RMSE obtido foi de 0.0103 com um MAPE de 07.55%.



**Figura 5. Comparação da população infectada dada pela modelagem SEIR-SEI com os casos reais notificados. a) Para o ano de 2023. b) Para o ano de 2024.**

Apesar da imunidade para um determinado sorotipo ser dita como vitalícia, para outros sorotipos essa imunidade é parcial e temporária. Desta forma, o modelo SEIR-SEI não é suficiente para antecipar o cenário de aumento de casos, com a circulação de outro sorotipo, que começamos a observar no final do ano de 2023. Da mesma forma, na Figura [5b], pode-se observar um número consideravelmente maior de casos reportados

nas primeiras semanas de 2024 em comparação com 2023. Embora o modelo se aproxime bastante dos casos reais, é plausível esperar um comportamento similar ao ano de 2023 com a possibilidade de um segundo pico ao longo do tempo devido as condições climáticas sempre favoráveis e à circulação de mais de um sorotipo da doença.

#### 4. Conclusões

Os resultados obtidos usando o modelo SEIR-SEI destacam a importância de uma ferramenta capaz de aprimorar a compreensão e previsão da propagação da dengue. O estudo de caso para os dados do estado de Goiás para os anos de 2023 e 2024 resultou em um MAPE de 18.99% e 7.55%, respectivamente. Uma análise adicional sugere que considerar uma dinâmica de transmissão da dengue com diferentes sorotipos circulando de forma simultânea pode ser assertiva nos estados Brasileiros.

#### Referências

- Anderson, R. and May, R. (1991). *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*. Oxford University Press.
- Diekmann, O., Heesterbeek, J., and Metz, J. (1990). On the definition and the computation of the basic reproduction ratio  $r_0$  in models for infectious diseases in heterogeneous populations. *Journal of Mathematical Biology*, 28:365–382.
- Martens, W., Jetten, T., and Focks, D. (1997). Sensitivity of malaria, schistosomiasis and dengue to global warming. *Climatic Change*, 35:145–156.
- PAHO, O. P.-A. d. S. (2024). Dengue. <https://www.paho.org/pt/topicos/dengue>.
- Saha, P., Sikdar, G. C., and Ghosh, U. (2023). Transmission dynamics and control strategy of single-strain dengue disease. *International Journal of Dynamics and Control*, 11(3):1396–1414.
- Santana, L. M. R., Baquero, O. S., Maeda, A. Y., Nogueira, J. S., and Chiaravalloti Neto, F. (2022). Spatio-temporal dynamics of dengue-related deaths and associated factors. *Rev. Inst. Med. trop.*, 64:e30.
- Scott, T., Amerasinghe, P., Morrison, A., Lorenz, L., Clark, G., Strickman, D., Kittayapong, P., and Edman, J. (2000). Longitudinal studies of aedes aegypti (diptera: Culicidae) in thailand and puerto rico: blood feeding frequency. *Journal of Medical Entomology*, 37:89–101.
- Silva, G. C., Utsumi, A. G., and Sousa, N. G. (2022). Dengue transmission dynamics analysis and simulation in minas gerais-brazil. *IEEE Latin America Transactions*, 20(6):1012–1017.
- SINAN, S. d. I. d. A. d. N. (2024). Dengue. <https://portalsinan.saude.gov.br/dengue>.
- Smith, D., McKenzie, F., Snow, R., and Hay, S. (2007). Revisiting the basic reproductive number for malaria and its implications for malaria control. *PLoS Biology*, 5:e42.
- Yue, Y., Liu, X., Xu, M., Ren, D., and Liu, Q. (2019). Epidemiological dynamics of dengue fever in mainland china, 2014-2018. *Int J Infect Dis.*, 86:82–93.