

UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALFENAS  
INSTITUTO DE CIÊNCIAS SOCIAIS APLICADAS

**MATEUS DO NASCIMENTO**

**DINÂMICA DA COVID-19 DESCRITA PELO MODELO  
SIR: estudo de caso para três cidades brasileiras**

VARGINHA - MG

2020

**MATEUS DO NASCIMENTO**

DINÂMICA DA COVID-19 DESCRITA PELO MODELO SIR: estudo de  
caso para três cidades brasileiras

Trabalho apresentado como fase final do Curso  
de Pós-Graduação *Lato sensu* para a obtenção  
do grau de Especialista em Modelagem em Ci-  
ência e Tecnologia pela Universidade Federal  
de Alfenas.

Orientadora: Dra. Cláudia Adam Ramos  
Coorientador: Ph.D. Pablo Javier Grunmann

VARGINHA - MG

2020

**MATEUS DO NASCIMENTO**

**DINÂMICA DA COVID-19 DESCRITA PELO MODELO  
SIR: estudo de caso para três cidades brasileiras**

A Banca examinadora abaixo-assinada, aprova a Monografia apresentada como parte dos requisitos para obtenção do grau de Especialista em Modelagem em Ciência e Tecnologia pelo Instituto de Ciências Sociais Aplicadas da UNIFAL-MG.

Trabalho aprovado em: 19/11/2020

Profa. Dra. Cláudia Adam Ramos

Instituição: ICSA / UNIFAL-MG

---

Prof. Ph.D. Pablo Javier Grunmann

Instituição: ICSA / UNIFAL-MG

---

Profa. Dra. Pamila Cristina Lima Siviero

Instituição: ICSA / UNIFAL-MG

---

Prof. Dr. Silvio Antônio Bueno Salgado

Instituição: ICSA / UNIFAL-MG

---

VARGINHA - MG

2020

## RESUMO

Uma epidemia impacta a humanidade de forma intensa e, ao longo da história, houve grandes esforços para criar maneiras de diminuir a incidência dessas doenças. Apesar dos progressos, não há como evitar o surgimento de novas doenças infecciosas, como é o caso da pandemia que marcou o ano de 2020. A COVID-19, que foi declarada uma pandemia em 11 de março de 2020, é causada pelo coronavírus denominado SARS-COV-2. A transmissão ocorre por meio da disseminação de gotículas e aerossóis, além do contato com superfícies contaminadas, e o diagnóstico é feito por exames laboratoriais. A ideia deste trabalho foi contribuir na compreensão da evolução temporal da COVID-19 nas cidades de Varginha-MG, Belo Horizonte-MG e São Paulo-SP. O caminho para fazer isso foi através da implementação computacional do sistema de equações diferenciais ordinárias que compõe o modelo SIR. O modelo SIR (Suscetíveis-Infetados-Recuperados) é capaz de descrever a propagação de doenças infecciosas cuja transmissão acontece de forma direta, via contato pessoa a pessoa. Ele divide a população em três compartimentos (ou classes) e cada um deles indica o estado atual da doença nos indivíduos. Dessa maneira, cada indivíduo pode pertencer a apenas um compartimento por unidade de tempo. Neste trabalho foi utilizada uma versão modificada do modelo SIR, em que não se considera a população constante nem a homogeneidade dos indivíduos numa mesma classe, hipóteses básicas do modelo SIR clássico. Os dados utilizados para calibrar o modelo foram retirados dos boletins epidemiológicos emitidos pelas secretarias de saúde dos estados de São Paulo e Minas Gerais. O critério adotado na calibragem do modelo foi o de minimizar a soma do quadrado da distância entre os valores do modelo e das observações. Pode-se perceber, a partir do ajuste feito, que quanto maior é a oscilação de dados obtidos em intervalos regulares de tempo durante um período específico, houve maior dificuldade para encontrar bons parâmetros para o modelo SIR foi experimentada.

**Palavras-chave:** *COVID-19, Modelo SIR, Varginha-MG, Belo Horizonte-MG, São Paulo-SP.*

## ABSTRACT

An epidemic has an intense impact on humanity and, throughout history, there have been great efforts to create ways to reduce the incidence of these diseases. Despite progress, there is no way to prevent the emergence of new infectious diseases, such as the pandemic that marked the year 2020. COVID-19, which was declared a pandemic on March 11, 2020, is caused by the coronavirus called SARS-COV-2. Transmission occurs through the spread of droplets and aerosols, in addition to contact with contaminated surfaces, and the diagnosis is made by laboratory tests. The idea of this work was to contribute to the understanding of the temporal evolution of COVID-19 in the cities of Varginha-MG, Belo Horizonte-MG and São Paulo-SP. The way to do this through the computational implementation of the system of ordinary differential equations that makes up the SIR model. The SIR (Susceptible-Infected-Recovered) model is able to describe the spread of infectious diseases whose transmission occurs directly, via person-to-person contact. It divides the population into three compartments (or classes) and each of them indicates the current state of the disease in us. In this way, each individual can belong to only one district per unit of time. In this work, a modified version of the SIR model was used, in which neither a constant population nor a homogeneity of them in a class is considered, basic assumptions of the classic SIR model. The data used to calibrate the model were taken from epidemiological bulletins issued by the health departments of the states of São Paulo and Minas Gerais. The criterion adopted in the calibration of the model was to minimize the sum of the square of the distance between the values of the model and the tools. It can be seen, from the adjustment made, that the greater the oscillation of data at regular intervals of time during a specific period, there was greater difficulty in finding good parameters for the SIR model was experienced.

**Keywords:** *COVID-19, Model SIR, Varginha-MG, Belo Horizonte-MG, São Paulo-SP.*

## Lista de tabelas

Tabela 1 – Parâmetros  $a$  e  $b$  do modelo SIR modificado 3.22, associados à descrição da COVID-19 nas cidades de Varginha-MG, Belo Horizonte-MG e São Paulo-SP. 30

## Lista de ilustrações

Figura 1 – Esquema representativo da dinâmica do Modelo SIR Clássico, em que os parâmetros positivos $\mu$ , $\lambda$ e $\gamma$ representam as taxas de natalidade (e mortalidade), taxa de infecção e taxa de recuperação, respectivamente. . . . .	15
Figura 2 – <b>Dados sobre COVID-19</b> para: <i>São Paulo</i> (são os dois gráficos SUPERIORES), <i>Belo Horizonte</i> (são os dois gráficos CENTRAIS) e <i>Varginha</i> (são os dois gráficos INFERIORES). Coluna à ESQUERDA exhibe os valores semanais de novos casos e novos óbitos em cada cidade. Coluna à DIREITA exhibe os valores acumulados de casos e óbitos para cada município. Em AZUL estão as informações sobre novos casos, com valores no eixo à esquerda; e em VERMELHO estão as informações sobre óbitos, com quantitativo no eixo à direita. . . . .	26
Figura 3 – (À ESQUERDA) Registros semanais dos casos de COVID-19 em Belo Horizonte. (À DIREITA) Exemplo (hipotético) do que poderia ser $I(t)$ depois de ajustados os parâmetros do modelo SIR. . . . .	27
Figura 4 – Esquema explicativo da ideia do ajuste implementado neste trabalho para determinação dos parâmetros $a$ e $b$ . . . . .	28
Figura 5 – Varginha - MG. Relação entre os <i>Infectados Observados</i> e os <i>Infectados Previstos</i> pelo modelo SIR para os parâmetros $a$ e $b$ ótimos. . . . .	28
Figura 6 – Gráfico de $\ln(1 + F(a, b))$ . Ilustração da análise exploratória dos parâmetros $a$ e $b$ do modelo SIR modificado (dados de Varginha-MG). . . . .	29
Figura 7 – Candidatos a mínimo de $F(a, b)$ . Ilustração da análise exploratória dos parâmetros $a$ e $b$ do modelo SIR modificado (dados de São Paulo-SP). . . . .	29
Figura 8 – Infectados na cidade de São Paulo. (À ESQUERDA) Novos infectados semanais. Em <i>preto</i> estão as Observações, e em <i>vermelho</i> está a previsão feita pelo SIR; (À DIREITA) Infectados Acumulados (dados diários). Em <i>preto</i> estão as observações e em <i>vermelho</i> está a previsão do modelo. . . . .	30
Figura 9 – Evolução temporal (diária) da COVID-19, descrita pelo modelo SIR, para a cidade de São Paulo. (À ESQUERDA) População de suscetíveis; (À DIREITA) Populações de Infectados (vermelho, eixo secundário) e Recuperados (verde). . . . .	31
Figura 10 – Infectados na cidade de Belo Horizonte. (À ESQUERDA) Novos infectados semanais. Em <i>preto</i> estão as Observações, e em <i>vermelho</i> está a previsão feita pelo SIR; (À DIREITA) Infectados Acumulados (dados diários). Em <i>preto</i> estão as observações e em <i>vermelho</i> está a previsão do modelo. . . . .	32

Figura 11 – Evolução temporal (diária) da COVID-19, descrita pelo modelo SIR, para a cidade de Belo Horizonte. (À ESQUERDA) População de suscetíveis; (À DIREITA) Populações de Infectados (vermelho, eixo secundário) e Recuperados (verde). . . . .	32
Figura 12 – Infectados na cidade de Varginha. (À ESQUERDA) Novos infectados semanais. Em <i>preto</i> estão as Observações, e em <i>vermelho</i> está a previsão feita pelo SIR; (À DIREITA) Infectados Acumulados (dados diários). Em <i>preto</i> estão as observações e em <i>vermelho</i> está a previsão do modelo. . . . .	33
Figura 13 – Evolução temporal (diária) da COVID-19, descrita pelo modelo SIR, para a cidade de Varginha. (À ESQUERDA) População de suscetíveis; (À DIREITA) Populações de Infectados (vermelho, eixo secundário) e Recuperados (verde). . . . .	33

## Sumário

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b>	<b>8</b>
<b>2</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO</b>	<b>10</b>
<b>2.1</b>	<b>COVID-19</b>	<b>10</b>
<b>2.2</b>	<b>Modelos Matemáticos em Epidemiologia</b>	<b>11</b>
<b>2.3</b>	<b>Uso de Modelos Epidemiológicos Aplicados à COVID-19</b>	<b>13</b>
<b>3</b>	<b>MODELO SIR</b>	<b>15</b>
<b>3.1</b>	<b>Modelo Clássico</b>	<b>15</b>
<b>3.2</b>	<b>Equilíbrios e Estabilidade Local</b>	<b>16</b>
<b>3.2.1</b>	<b>Estabilidade local dos pontos de equilíbrio</b>	<b>18</b>
<b>3.3</b>	<b>Modelo SIR modificado</b>	<b>21</b>
<b>4</b>	<b>CALIBRAGEM DO MODELO SIR</b>	<b>25</b>
<b>4.1</b>	<b>Observações Utilizadas no Ajuste dos Parâmetros</b>	<b>25</b>
<b>4.1.1</b>	<b>Método de Ajustes dos Parâmetros</b>	<b>27</b>
<b>5</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b>	<b>30</b>
<b>6</b>	<b>CONSIDERAÇÕES FINAIS</b>	<b>34</b>
	<b>Referências</b>	<b>35</b>

# 1 INTRODUÇÃO

O ano de 2020 entra para a história como sendo aquele em que se teve início uma pandemia que mudou a forma das pessoas interagirem [14]. A COVID-19 teve seu primeiro caso registrado em 31 de dezembro de 2019, na cidade de Wuhan na China e, em 11 de março de 2020, ela já era declarada pela Organização Mundial da Saúde como uma pandemia [9].

A partir daí a segurança para "ir e vir" sem contagiar-se pelo novo coronavírus tornou-se cada vez mais escassa e as cidades passaram a adotar protocolos sanitários a fim de impedir que o número de casos da doença alcançasse patamares que pudesse colapsar o sistema de saúde [13].

Antever, com certa margem de segurança, o número de infectados ao longo do ano só foi possível graças ao conhecimento - por parte da comunidade científica - acerca da forma de evolução das doenças epidemiológicas. Neste sentido, a Epidemiologia Matemática, através dos modelos matemáticos em epidemiologia, contribuíram para "jogar luz" num cenário de incertezas produzido por uma doença nova, cujos sintomas, passados mais de 10 meses desde seu início, ainda não são todos conhecidos [4].

Os modelos epidemiológicos são modelos matemáticos que buscam traduzir, por meio de equações, as principais características da evolução temporal da doença estudada [35]. Como mencionado no parágrafo anterior, uma das utilidades destes modelos é sua capacidade de previsão. No entanto, ela não é a única. A construção e/ou manipulação dos modelos epidemiológicos também são úteis para auxiliar na identificação de quais são os principais fatores que impactam na evolução e/ou controle de uma epidemia [35].

Se, por um lado, os modelos epidemiológicos vem sendo utilizados, desde o início da pandemia, para descrever a dinâmica temporal da COVID-19 [20], por outro lado, tem-se que (no que diz respeito ao início da fase em que o aumento no número de casos se tornou mais intenso) diferentes regiões tiveram evolução temporal distintas [8].

O presente trabalho insere-se neste contexto, ou seja, o objetivo aqui é, através do modelo epidemiológico SIR, descrever a evolução da pandemia da COVID-19 em três cidades distintas: São Paulo/SP; Belo Horizonte/MG; e Varginha/MG. A escolha destes três municípios não foi aleatória. Neste sentido, um primeiro fato a ser destacado é que todas elas pertencem à região Sudeste, uma das mais afetadas pela pandemia.

No caso da cidade de São Paulo, em particular, 17 foi o local onde houve o primeiro registro da doença no país [24]; Já Belo Horizonte, é a cidade mais populosa de Minas Gerais, estado vizinho ao de São Paulo; já Varginha é uma cidade de porte médio, situada na macroregião Sul de Minas, equidistante dos outros dois municípios. Adicionalmente, apesar de vizinhos, os estados de São Paulo e Minas Gerais, segundo os registros oficiais, exibem conti-

gente de infectados muito distintos [24]. Assim, justifica-se um estudo em que estes municípios sejam tomados como objetos centrais.

O texto do presente trabalho foi construído obedecendo a seguinte estrutura:

- **Capítulo 2:** *Referencial Teórico*. Neste capítulo são abordados três grandes temas: primeiro são abordadas as principais características da COVID-19; depois são apresentados os modelos epidemiológicos, mencionando alguns dos mais utilizados; e, na sequência, são destacados alguns dos principais trabalhos em que os modelos epidemiológicos foram utilizados para descrever a pandemia ocasionada pelo novo coronavírus.
- **Capítulo 3:** *Modelo SIR*. Este capítulo foi dedicado a descrever o modelo determinístico SIR. Nesta etapa foram determinados os pontos de equilíbrio do modelo clássico e analisada a estabilidade desses pontos. Na sequência, foi apresentado o modelo SIR modificado, que é o que considera algumas hipóteses distintas da versão clássica.
- **Capítulo 4:** *Calibragem do Modelo SIR*. Nesta etapa são tratados dois tópicos: inicia-se com a descrição do banco de dados utilizado na pesquisa; e segue com a discussão sobre a estratégia para determinação dos parâmetros do modelo SIR.
- **Capítulo 5:** *Resultados e Discussão*. Este capítulo traz os resultados para a dinâmica temporal da COVID-19 nas três cidades de interesse e, adicionalmente, faz uma discussão acerca dos resultados obtidos.
- **Capítulo 6:** *Considerações Finais*. A etapa final destaca as principais conclusões da pesquisa, apresenta os desafios a serem superados para a elaboração de um estudo que traduza de forma mais precisa a realidade, e também descreve as perspectivas para trabalhos futuros.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

O objetivo deste capítulo é apresentar as principais características da COVID-19, cuja evolução temporal é objeto de estudo neste trabalho; descrever o que são modelos (matemáticos) epidemiológicos; e, numa última etapa, fazer um apanhado geral do que tem sido pesquisado/desenvolvido em relação à modelagem da dinâmica da COVID-19 via modelos epidemiológicos.

### 2.1 COVID-19

A COVID-19 é uma doença causada pelo novo coronavírus. A expressão coronavírus (CoV) refere-se a uma família de vírus que pode infectar animais e seres humanos, causando doenças respiratórias, hepáticas, gastrointestinais e neurológicas [34]. Dos diversos já identificados, é o SARS-CoV-2 o responsável pela COVID-19 [31], sendo que o seu período de incubação é de 5 dias, com intervalo que pode variar de 2 a 24 dias [5].

Em relação aos sintomas da COVID-19 o espectro é amplo, sendo que os observados com mais frequência foram os respiratórios como febre, tosse e fraqueza, além de sintomas digestivos como perda de apetite, diarreia e vômitos [16].

No entanto, uma das razões para que esta doença tenha se transformado em um problema de saúde pública foi porque uma parcela significativa dos infectados não apresentaram quaisquer sintomas (são assintomáticos ou oligossintomáticos<sup>1</sup>) [31], o que fez com que a doença tenha se espalhado de forma mais rápida. Uma alternativa para contornar este problema poderia ter sido a testagem massiva da população<sup>2</sup>.

A suscetibilidade à infecção é universal, isto é, qualquer indivíduo pode ser infectado, sendo que a transmissão ocorre por meio da disseminação de gotículas e aerossóis, além do contato com superfícies contaminadas [5]. Em razão disso é que, na ausência de vacina e de tratamento específico, uma forma de controlar a disseminação da doença é via distanciamento social [35].

Cerca de 10% a 20% dos pacientes graves tem seu quadro de saúde evoluindo para síndrome do desconforto respiratório agudo (SDRA) que resulta em edema pulmonar não cardiogênico e na necessidade de ventilação mecânica [25]. O grupo de risco (para um mau prognóstico da doença) é composto por idosos e por pessoas com hipertensão arterial sistêmica, cardiopatias, diabetes mellitus, doenças respiratórias crônicas, doenças imunodepressoras, dentre outros [36].

<sup>1</sup> apresentam poucos sintomas.

<sup>2</sup> este trabalho está sendo escrito em out/2020, logo, imunizar a população não era (e não é) uma alternativa viável, haja vista que ainda não se tem disponível vacina aprovada pelos órgãos sanitários.

Em 22 de outubro de 2020, no Brasil, constavam no registro oficial 5.519.528 infectados pela doença, dos quais 159.562 haviam evoluído para óbito [24], ou seja, de acordo com os registros oficiais a COVID-19 levou a óbito 2,9% dos infectados. A taxa de letalidade, apesar de ser conceitualmente simples, pode ser imprecisa à medida que haja subnotificação no registro de casos e óbitos causados pela doença [35].

Desde o início da contaminação pelo novo coronavírus em que foi observado o seu alto potencial de espalhamento [3], pesquisadores de diferentes países têm trabalhado no desenvolvimento de uma vacina para controlar o avanço da doença [19]. Sabe-se, no entanto, que pode levar meses até que se tenha doses disponíveis para toda a população mundial, inclusive porque ainda se tem muitas perguntas sobre a resposta de imunidade ao vírus, o que pode se colocar como um obstáculo para o desenvolvimento de uma vacina segura e eficaz [35].

Neste sentido, a modelagem matemática continua se colocando como uma ferramenta potencialmente útil, pois através dela é possível, por exemplo, simular computacionalmente diferentes estratégias de vacinação (a fim de identificar qual seria a escolha ótima), especialmente num contexto de dispor de recursos limitados para a imunização.

A próxima seção é dedicada à apresentação dos modelos matemáticos em epidemiologia.

## 2.2 Modelos Matemáticos em Epidemiologia

De acordo com [30], a Epidemiologia é a

"ciência que estuda o processo saúde-doença em coletividades humanas, analisando a distribuição e os fatores determinantes das enfermidades, danos à saúde e eventos associados à saúde coletiva, propondo medidas específicas de prevenção, controle, ou erradicação de doenças, e fornecendo indicadores que sirvam de suporte ao planejamento, administração e avaliação das ações de saúde".

Já a Epidemiologia Matemática é uma área multidisciplinar, formada por epidemiologistas, biólogos, matemáticos e físicos que, através da construção de modelos matemáticos, trabalham unidos para descrever e compreender a dinâmica das doenças epidemiológicas [28].

Os modelos epidemiológicos compartimentais são aqueles em que se admite que a população total pode ser dividida em compartimentos que refletem o momento, ou o estado, em que os indivíduos se encontram no desenvolvimento da doença. Nestes modelos um mesmo indivíduo não pode fazer parte, simultaneamente, de dois compartimentos diferentes [35].

Trabalhar com modelagem matemática para descrever problemas reais significa eleger, dependendo do problema e do propósito da solução, algumas características para serem representadas pelas equações e outras para serem ignoradas. Assim, são hipóteses dos modelos

compartimentais [35]:

- **Homogeneidade dos indivíduos:** considera-se que os indivíduos que se encontram num mesmo compartimento possuem a mesma chance de ficar doentes.
- **Homogeneidade do fluxo:** considera-se que o contato entre os indivíduos de compartimentos distintos se dá de forma igual entre todos os elementos do compartimento.

Se, por um lado, pode-se dizer que ao assumir as hipóteses anteriores produz-se um modelo que ignora aspectos que impactam no desenvolvimento de epidemias<sup>3,4</sup>, por outro lado, ao introduzir mais compartimentos ao modelo matemático, estas limitações podem ser contornadas.

Na literatura podem ser encontrados modelos compartimentais famosos [35], como é o caso de: SI (suscetível-infectado)<sup>5</sup>, SIS (suscetível - infectado - suscetível).<sup>6</sup>, SIR (suscetível - infectado - recuperado)<sup>7</sup> A partir destes derivam-se outros, como é o caso do modelo SIRS, que permite que os indivíduos recuperados voltem a ser suscetíveis; o modelo SEIR, em que contempla um compartimento para os indivíduos considerados expostos (E) à doença; o MSIR, que inclui a classe de imunes (M)<sup>8</sup>; MSEIR, que é o modelo SEIR adicionado da imunidade (M); ou o MSEIRS, que pode descrever as doenças em que parte dos recuperados tornam-se novamente suscetíveis [29].

As características da doença determinam o tipo de modelo a ser escolhido. Os modelos epidemiológicos podem ser elaborados de forma a traduzir o caráter estocástico ou determinístico do problema. Neste trabalho, o modelo escolhido para ser aplicado à modelagem da COVID-19 foi o modelo determinístico SIR.

A próxima seção é dedicada a trazer um compilado do uso de modelos epidemiológicos compartimentais para descrever a doença ocasionada pelo novo coronavírus.

<sup>3</sup> nem todos os indivíduos têm a mesma probabilidade de ficar doentes: já que esta probabilidade varia de acordo com as características biológicas (idade, estado do sistema imunológico, predisposição genética) e sociais (hábitos, grau de exposição) do indivíduo.

<sup>4</sup> contato entre os indivíduos das populações de doentes e saudáveis não ocorre por igual: no caso de populações fechadas e pequenas esta hipótese está de acordo com o observado, mas não é verdadeira em uma população grande e com pouca mobilidade.

<sup>5</sup> Exemplo de doença descrita pelo modelo: AIDS. Este modelo descreve o comportamento de doenças sem cura conhecida.

<sup>6</sup> A Dengue pode ser um exemplo de doença a ser descrita por este modelo. Aqui, o destaque a ser feito, é que a dengue é uma doença de transmissão indireta, ou seja, é necessário um vetor (mosquito) para contaminar, a partir de um indivíduo doente, outro que esteja saudável.

<sup>7</sup> este é um bom modelo para descrever, por exemplo, as doenças infantis (sarampo, rubéola, etc), bem como, até onde se sabe, a COVID-19.

<sup>8</sup> que pode ser interessante, especialmente para aqueles casos em que a imunidade, obtida ao recuperar-se da doença, não é definitiva.

## 2.3 Uso de Modelos Epidemiológicos Aplicados à COVID-19

Diferentes modelos matemáticos em epidemiologia têm sido utilizados para entender a dinâmica da COVID-19 e prever qual seria sua evolução temporal. É importante destacar que o uso dos modelos epidemiológicos, dependendo do estágio da evolução da doença, tem propósitos distintos.

Na fase inicial, objetiva-se utilizar seus resultados como um alerta do que pode vir a ocorrer, caso nenhuma medida de controle seja utilizada. Em se tratando de epidemias / pandemias, esta é a fase em que o “objetivo” do pesquisador é que suas previsões não se concretizem. Na fase intermediária, em que se tem informações mais sólidas sobre a dinâmica da doença, os pesquisadores podem prover previsões mais realísticas. Já na fase final, ou após o término da pandemia, é momento de estudar quais foram os aspectos que precisam ser melhorados/ajustados, a fim de que seus modelos gerem melhores prognósticos.

Em especial, para o modelo SEIR, o mesmo foi utilizado tanto na sua abordagem estocástica, ou seja, quando o estado é indeterminado e também em sua versão determinística afim de determina os resultados, exatamente, a partir das condições iniciais. Os autores em [6] simularam, utilizando abordagem estocástica, em abril/2020, diferentes cenários para a dinâmica da COVID-19 na Índia. Na ocasião, suas simulações indicaram que o pico da doença no país ocorreria em julho e que, se nada fosse feito, em maio o sistema de saúde no país estaria sobrecarregado. Acredita-se que, a exemplo de outros países que viveram o início da pandemia tardiamente (em relação à China e Europa), a Índia também teve a trajetória da doença modificada a partir do conhecimento técnico, pois o “pico” do número de casos ocorreu em 17 de setembro de 2020, com o registro de 97.894 novos casos da doença no país<sup>9</sup> [22].

Pesquisadores de outros países também utilizaram o modelo SEIR em seus estudos. O autores em [15] aplicaram o modelo SEIR para estudar estratégias de controle da pandemia para a província Hubei na China. Os autores utilizaram, neste trabalho, inteligência artificial (*PSO algorithm*) para determinar os parâmetros do modelo. Os autores em [26] subdividiram o compartimento de infectados no modelo SEIR em infectados sintomáticos e infectados assintomáticos. Com estas hipóteses, o modelo mostrou que medidas de controle, tais como, distanciamento social, uso de máscaras em público, lavagem frequente das mãos, bem como evitar viagens não essenciais, são medidas eficientes para o controle da COVID-19.

Um grupo de pesquisadores brasileiros utilizaram o modelo SEIR para analisar a eficácia do distanciamento social vertical para o controle da evolução da COVID-19. No trabalho desenvolvido por [12], eles consideraram a população total dividida em faixas etárias. Ao fazerem isso, constataram que o distanciamento social vertical não era uma estratégia de controle eficiente. Outra equipe brasileira utilizou o modelo SIR para gerar previsões do número de infectados pelo SARS-CoV-2 para metrópoles brasileiras [33]. Esta equipe considerou que

<sup>9</sup> Em 22 de outubro de 2020 o país acumulava 7.761.312 de casos e 117.306 óbitos.

nenhuma medida de controle seria aplicada para conter a doença. Considerando uma taxa de letalidade de 1%, as simulações indicavam que o Rio de Janeiro seria a capital com maior número de contaminados, enquanto Florianópolis seria a com contingente menor.

Outras pesquisas utilizando o modelo SIR foram desenvolvidas com dados do Brasil. Os autores em [21] utilizaram o modelo para prever a ocorrência de COVID-19 em uma cidade de médio porte no interior do estado do Paraná. Já Ribeiro (2020), fez projeções da população de contaminados para todos os estados brasileiros.

Os autores em [2] utilizaram o modelo SIR como forma de saber como a pandemia poderia evoluir no tempo e, assim, tentar refletir/responder qual seria o impacto econômico da COVID-19 nos Estados Unidos.

De forma geral, pode-se afirmar que os modelos compartimentais foram amplamente utilizados no sentido de dar ideia do que se esperar da pandemia (tanto no que diz respeito ao tempo de duração dela, quanto em seu impacto social).

Dando sequência ao tema, é descrito no próximo capítulo, o modelo epidemiológico compartimental SIR, base dos estudos desenvolvidos neste trabalho.

### 3 MODELO SIR

#### 3.1 Modelo Clássico

Dentre os modelos (epidemiológicos) compartimentais, o modelo SIR, proposto pelos autores em [18] no ano 1927, é um dos mais simples. Apesar disso, ele é bastante eficiente ao representar a dinâmica de doenças infecciosas. Neste modelo a população é considerada constante, o que significa que as taxas de natalidade e mortalidade são as mesmas. Para o modelo SIR um indivíduo faz parte, obrigatoriamente, de um único compartimento.

No modelo SIR a população total está dividida em três compartimentos distintos: suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R). A primeira destas categorias (S) é formada pelos indivíduos que ainda não tiveram contato com o vírus e podem vir a ficar doentes; a segunda (I) é constituída por pessoas que já tiveram contato com o vírus e agora são agentes transmissores da doença; já a terceira (R) refere-se aos indivíduos que já estiveram doentes e agora apresentam imunidade.

A Figura 1 mostra como funciona a dinâmica do modelo, sendo que as setas indicam a direção do movimento dos indivíduos. Nele considera-se que todo indivíduo que nasce é suscetível a contrair o vírus (ou seja, não há nenhum tipo de imunidade que a mãe possa transmitir ao bebê). As taxas de natalidade e mortalidade são representadas por  $\mu$  ( $\mu > 0$ ), enquanto que a população total é designada por  $N$  ( $N > 0$ ). Assim, o total de nascimentos é representado por  $\mu N$ . Por outro lado, tem-se que  $S + I + R = N$ , então o total de mortes é representado por  $\mu N = \mu S + \mu I + \mu R$ .

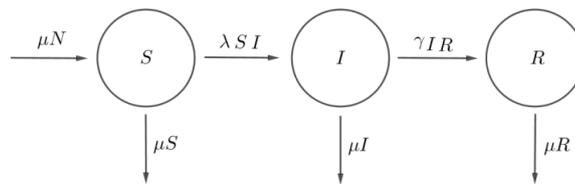


Figura 1 – Esquema representativo da dinâmica do Modelo SIR Clássico, em que os parâmetros positivos  $\mu$ ,  $\lambda$  e  $\gamma$  representam as taxas de natalidade (e mortalidade), taxa de infecção e taxa de recuperação, respectivamente.

O termo  $\lambda I$  representa a força da infecção. Existem diferentes possibilidades de se traduzir matematicamente esse conceito. Neste trabalho optou-se por, como é frequente na modelagem clássica, considerar o *princípio da ação das massas* que diz que a força de transmissão/infecção depende da taxa de contato entre indivíduos suscetíveis e infectados.

A dinâmica do modelo SIR é descrita pelo conjunto de equações diferenciais:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \lambda SI - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \lambda SI - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \end{cases}, \quad (3.1)$$

com condições iniciais  $R(0) = 0$ ,  $I(0) = I_0$ ,  $S(0) = S_0 = N - I_0$  e  $\lambda, \gamma > 0$ . O termo  $\lambda SI$  representa a parcela de suscetíveis que torna-se infectados e  $\gamma I$  refere-se à parcela de infectados que recupera-se da doença.

### 3.2 Equilíbrios e Estabilidade Local

Consideremos a equação diferencial ordinária:

$$x' = f(x), \quad (3.2)$$

em que  $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$  é um campo de vetores de classe  $C^1$ .

**Definição 3.2.1.** Uma função diferenciável  $\varphi : I \rightarrow \mathbb{R}^n$  é uma solução da equação diferencial ordinária

$$x' = f(x),$$

no intervalo  $I$  se

$$\frac{d\varphi}{dt}(t) = f(\varphi(t)) \text{ para todo } t \in I.$$

Na literatura existem diversas definições de estabilidade, nesse texto utilizaremos a definição de estabilidade no sentido de Lyapunov.

A grosso modo, uma solução  $\phi(t)$  para um sistema de equações diferenciais é estável quando toda solução com valores iniciais próximos aos de  $\phi(t)$  está definida para todo  $t \geq 0$  e permanece próxima de  $\phi(t)$  para todo  $t \geq 0$ . Formalmente temos a seguinte definição:

**Definição 3.2.2** (Estabilidade [32]). Seja  $\phi(t)$  uma solução de (3.2) definida para  $t \geq 0$ . Diz-se que  $\phi(t)$  é estável se para todo  $\epsilon > 0$  existir  $\delta > 0$  tal que se  $\psi(x)$  é solução de (3.2) e  $\|\psi(x) - \phi(x)\| < \delta$  então  $\psi(x)$  está definida para todo  $t \geq 0$  e  $\|\psi(x) - \phi(x)\| < \epsilon$  para todo  $t \geq 0$ . Se além disso existir  $\delta_1 > 0$  tal que  $\|\psi(x) - \phi(x)\| < \delta_1$  implica  $\lim_{t \rightarrow 0} \|\psi(x) - \phi(x)\| = 0$ , então  $\phi(x)$  diz-se assintoticamente estável.

Um caso especial de soluções que apresentaremos a seguir são os pontos de equilíbrio. É para este tipo de solução que estamos interessados em estudar estabilidade.

**Definição 3.2.3** ([32]). Um ponto  $x^* \in \mathbb{R}^n$  é um ponto de equilíbrio do sistema (3.2) se  $f(x^*) = 0$ .

Se  $x^* \in \mathbb{R}^n$  é um ponto de equilíbrio do sistema (3.2), então a solução  $\phi$  de (3.2) iniciando em  $x^*$  no tempo  $t = 0$  é a função constante, ou seja,  $\phi(t) = x^*$  para todo  $t \in \mathbb{R}$ .

Os conceitos propostos a seguir caracterizam a estabilidade de pontos de equilíbrio.

**Definição 3.2.4** ([32]). Um ponto de equilíbrio  $x^*$  de (3.2) é estável se, para cada  $\epsilon > 0$ , existir um  $\delta > 0$  tal que, para toda condição inicial  $x_0$  satisfazendo  $\|x_0 - x^*\| < \delta$  tem-se  $\|\phi(t, x_0) - x^*\| < \epsilon$  para todo  $t \geq 0$ .

**Proposição 3.2.1** (Pontos de equilíbrio[35]). O modelo (3.1) admite dois pontos de equilíbrio:  $(S_1^*, I_1^*) = (N, 0)$ , chamado de equilíbrio livre da infecção; e  $(S_2^*, I_2^*) = (\frac{\gamma+\mu}{\lambda}, \frac{\mu N}{\gamma+\mu} - \frac{\mu}{\lambda})$ , denominado equilíbrio endêmico.

*Demonstração.* Como  $N = S + I + R$  tem-se que  $R = N - (S + I)$ . Logo, a solução de equilíbrio do Sistema (3.1) poderá ser obtida resolvendo o sistema

$$\begin{cases} 0 = \mu N - \lambda SI - \mu S \\ 0 = \lambda SI - \gamma I - \mu I \end{cases} \quad (3.3)$$

A solução de equilíbrio de um sistema é aquela que faz com que as variáveis de estado não variem, ou seja, procura-se  $(S^*, I^*)$  tais que  $\frac{dS}{dt} = \frac{dI}{dt} = 0$ . Ou seja,

Da segunda equação do Sistema (3.3) tem-se que

$$0 = \lambda SI - \gamma I - \mu I \Rightarrow 0 = I(\lambda S - \gamma - \mu)$$

ou seja,

$$I^* = 0 \quad (3.4)$$

ou

$$S^* = \frac{\gamma + \mu}{\lambda}. \quad (3.5)$$

Substituindo a Equação (3.4) na primeira equação do Sistema (3.3) tem-se:

$$0 = \mu N - \lambda SI - \mu S \Rightarrow 0 = \mu N - \mu S.$$

Logo,

$$S^* = N, \quad (3.6)$$

e, portanto, mostramos que

$$(S_1^*, I_1^*) = (N, 0). \quad (3.7)$$

Ao substituir a Equação (3.5) na primeira equação do Sistema (3.3) obtem-se:

$$0 = \mu N - \lambda SI - \mu S \Rightarrow 0 = \mu N - \lambda \frac{\gamma + \mu}{\lambda} I - \mu \frac{\gamma + \mu}{\lambda} \Rightarrow (\gamma + \mu)I = \mu N - \mu \frac{\gamma + \mu}{\lambda}.$$

Logo temos:

$$I^* = \frac{\mu N}{\gamma + \mu} - \frac{\mu}{\lambda}. \quad (3.8)$$

Portanto:

$$(S_2^*, I_2^*) = \left( \frac{\gamma + \mu}{\lambda}, \frac{\mu N}{\gamma + \mu} - \frac{\mu}{\lambda} \right). \quad (3.9)$$

■

Segundo [1] a taxa básica de reprodução de uma epidemia,  $R_0$ , que é um dos principais conceitos em epidemiologia matemática, é o parâmetro que expressa o número de casos secundários que um caso primário é capaz de produzir em uma população totalmente suscetível. Esse parâmetro é dado por:

$$R_0 = \frac{\lambda}{\gamma + \mu}. \quad (3.10)$$

Note que substituindo a Equação (3.10) em (3.9) obtem-se que:

$$S_2^* = \frac{\gamma + \mu}{\lambda} \Rightarrow S_2^* = \frac{1}{\frac{\lambda}{\gamma + \mu}} \Rightarrow S_2^* = \frac{1}{R_0},$$

e

$$I_2^* = \frac{\mu N}{\gamma + \mu} - \frac{\mu}{\lambda} \Rightarrow I_2^* = \frac{\mu}{\lambda} \left( \frac{\lambda}{\gamma + \mu} N - 1 \right) \Rightarrow I_2^* = \frac{\mu(NR_0 - 1)}{\lambda},$$

ou seja,

$$(S_2^*, I_2^*) = \left( \frac{1}{R_0}, \frac{\mu(NR_0 - 1)}{\lambda} \right). \quad (3.11)$$

O parâmetro  $R_0$  determina se uma doença epidemiológica tende a ser erradicada ou não.

- Se  $R_0 > 1$ , então, em média, cada indivíduo infectado contamina mais de um membro da população, e assim um grupo auto-sustentado de infectados propagará.
- Se  $R_0 < 1$ , então a epidemia não pode se manter por muito tempo porque, em média, cada indivíduo doente contaminaria menos de um membro da população.

### 3.2.1 Estabilidade local dos pontos de equilíbrio

Uma questão importante para qualquer sistema dinâmico diz respeito à maneira pela qual um equilíbrio estável é eventualmente considerado. Por exemplo, podemos estar interessados se as trajetórias sofrem oscilações conforme se aproximam do estado de equilíbrio ou tendem a atingir o estado estacionário suavemente. O modelo SIR é um exemplo de oscilador

amortecido, o que significa que a dinâmica inerente contém um forte componente oscilatório, mas a amplitude dessas flutuações diminui com o tempo à medida que o sistema se equilibra.

Aqui, vamos apresentar as ideias e métodos necessários para determinar a estabilidade dos pontos de equilíbrio. Embora estejamos, especificamente, preocupados com o modelo SIR aqui, a descrição dos conceitos será feita de forma generalizada, podendo inclusive ser aplicada a outros modelos. Suponha que tenhamos  $n$  variáveis de interesse,  $N_i (i = 1, 2, \dots, n)$ . Seja  $f$  definida por  $f : \Omega \subset \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$  em que  $\Omega$  é um aberto de  $\mathbb{R}^n$ . A dinâmica do sistema é governada por  $n$  equações diferenciais ordinárias acopladas (No modelo SIR,  $n = 3$ ):

$$\frac{dN_i}{dt} = f_i(N_1, N_2, \dots, N_n), i = 1, 2, \dots, n. \quad (3.12)$$

Para explorar a dinâmica de equilíbrio, devemos primeiro determinar o estado (ou estados) de equilíbrio do sistema. Isso foi feito em (3.9) ao mostrar o equilíbrio endêmico, nesta generalização é preciso resolver para as  $N_1^*, N_2^*, \dots, N_n^*$  variáveis de interesse, observando que podem existir várias soluções. Sabemos que se o sistema está em equilíbrio, ele permanecerá em equilíbrio. Vamos investigar o que acontece quando o sistema é (inevitavelmente) perturbado por esse estado. Matematicamente, estamos interessados em determinar as consequências de pequenas perturbações no estado de equilíbrio. Isso é obtido observando as taxas de variação dessas variáveis quando cada variável é ligeiramente deslocada de seu valor de equilíbrio. Fazendo as substituições  $N_i = N_i^* + e_i$ , em que  $e_i$  denota a perturbação, nas equações em (3.1) e explorando o crescimento ou declínio dos termos de perturbação,  $e_i$ , ao longo do tempo. Em qualquer caso específico, podemos realizar cada uma dessas etapas, mas existe uma metodologia mais genérica.

Para um sistema de  $n$  equações diferenciais, haverá  $n$  autovalores e a estabilidade será garantida se a parte real de todos os autovalores for menor que zero, esses autovalores geralmente são números complexos. Tendo estabelecido a utilidade dos autovalores, precisamos explicar como calcular esses termos. Antes de fazermos isso, vamos apresentar uma matriz,  $\mathbf{J}$ , conhecida como Jacobiana:

$$\mathbf{J} = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1^*}{\partial N_1} & \frac{\partial f_1^*}{\partial N_2} & \cdots & \frac{\partial f_1^*}{\partial N_n} \\ \frac{\partial f_2^*}{\partial N_1} & \frac{\partial f_2^*}{\partial N_2} & \cdots & \frac{\partial f_2^*}{\partial N_n} \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n^*}{\partial N_1} & \frac{\partial f_n^*}{\partial N_2} & \cdots & \frac{\partial f_n^*}{\partial N_n} \end{pmatrix} \quad (3.13)$$

A matriz Jacobiana representa a melhor aproximação linear de uma função  $F$  diferenciável nas vizinhanças de um ponto. Semelhante à aproximação de funções de uma variável pela derivada, uma função vetorial diferenciável num ponto  $x_0$  pode ser aproximada por

$$F(x) \approx F(x_0) + J_F(x_0) \cdot (x - x_0)^T$$

sendo  $x$  um ponto próximo de  $x_0$ . Essa aproximação é de grande importância no cálculo numérico, onde a Jacobiana e o seu determinante são utilizados para resolver sistemas não-lineares pelo método de Newton (ou método do Gradiente Iterativo).

Os termos  $f_i^*$  referem-se às funções  $f_i(N_1, N_2, \dots, N_n)$  calculadas no equilíbrio, ou seja,  $f_i(N_1^*, N_2^*, \dots, N_n^*)$ . Os autovalores  $a_i (i = 1, 2, \dots, n)$  são as soluções do determinante  $(\mathbf{J} - \mathbf{AI}) = \mathbf{0}$ , em que  $\mathbf{I}$  é a matriz de identidade. Esta operação dará origem a um polinômio em  $a$  de ordem  $n$ . Este polinômio é chamado de polinômio característico, que, quando definido como igual zero e resolvido, dá origem aos autovalores  $(a_1, a_2, \dots, a_n)$ .

Agora, vamos aplicar essas ideias ao sistema de equações do modelo SIR. A matriz Jacobiana associada ao modelo SIR é dada por:

$$\mathbf{J} = \begin{pmatrix} -\lambda I^* - \mu & -\lambda & 0 \\ \lambda I^* & \lambda S^* - (\mu + \gamma) & 0 \\ 0 & \gamma & -\mu \end{pmatrix}. \quad (3.14)$$

Logo, o polinômio característico será:

$$(\lambda I^* - \mu - a)[\lambda S^* - (\mu - \gamma) - a + \lambda I^* \lambda S^* (\mu - a)] = 0. \quad (3.15)$$

Observe que  $(\mu - A)$  pode ser fatorado imediatamente, fornecendo um autovalor  $a_1 = -\mu$  que é negativo. As duas soluções restantes  $a_2$  e  $a_3$  são encontradas resolvendo a seguinte equação quadrática:

$$(\lambda I^* - \mu - a)[\lambda S^* - (\mu - \gamma) - a + \lambda I^* \lambda S^*] = 0. \quad (3.16)$$

Vamos primeiro considerar o equilíbrio livre de doenças. Com as substituições apropriadas ( $S_1^* = N$  e  $I_1^* = 0$ ), temos:

$$(-\mu - a)[\lambda N - (\mu + \gamma) - a] = 0. \quad (3.17)$$

Equação (3.17) tem duas soluções,  $a_2 = -\mu$  e  $a_3 = \lambda N - (\mu + \gamma)$ . Para que esse equilíbrio seja estável, precisamos garantir que todos os autovalores sejam negativos, portanto, o critério de estabilidade torna-se  $\lambda N < \mu + \gamma$ , o que se traduz em garantir  $R_0 < 1$ .

Para explorar o equilíbrio endêmico, novamente substituímos as expressões de  $S_2^*$  e  $I_2^*$  no sistema (3.3) e exploramos a condição necessária para que os dois autovalores restantes sejam negativos. Depois de fazer algumas simplificações, chegamos à seguinte equação quadrática:

$$a^2 + \mu R_0 a + (\mu + \gamma)\mu(R_0 - 1) = 0, \quad (3.18)$$

cujas soluções resultam:

$$a_{2,3} = \frac{-\mu R_0 \pm \sqrt{(\mu R_0)^2 - 4[\mu(R_0 - 1)(\mu + \gamma)]}}{2}. \quad (3.19)$$

Podemos progredir um pouco mais com (3.19) para alcançarmos um possível resultado que nos traga um pouco mais de informações. Para isto, basta notar que  $(\mu R_0)^2$  é pequeno o bastante para ser ignorado e, portanto, podemos aproximar as soluções  $a_{2,3}$  para:

$$a_{2,3} \approx \frac{-\mu R_0}{2} \pm \frac{i}{\sqrt{\mu(R_0 - 1)(\mu + \gamma)}}, \quad (3.20)$$

em que  $i = \sqrt{-1}$ . Portanto, o equilíbrio endêmico é viável apenas quando  $R_0$  é maior do que um, mas é sempre estável. Sejam  $\lambda_i, i = 1, 2, \dots, n$  o conjunto de autovalores calculados tal que um deles seja dominante, ou seja,  $|\lambda_1| > |\lambda_2| \geq |\lambda_3| \geq \dots \geq |\lambda_n| > 0$ . Como os autovalores dominantes que calculamos são complexos, o equilíbrio é alcançado por meio de dinâmica oscilatória, isso porque ele depende de um período, que é o tempo necessário para completar uma oscilação. O período dessas oscilações amortecidas,  $P$ , é determinado pelo inverso da parte imaginária dos autovalores multiplicado por  $2\pi$ :

$$P \sim 2\pi \sqrt{\mu(R_0 - 1)(\mu + \gamma)}. \quad (3.21)$$

### 3.3 Modelo SIR modificado

Quando se objetiva utilizar um modelo matemático para descrever a evolução temporal de uma doença, é importante se perguntar se as principais características da doença são contempladas pelas equações. No caso da COVID-19, algumas características a conduziram ao status de pandemia. Ou seja, em se tratando da doença causada pelo novo coronavírus a densidade populacional, alta transmissibilidade, alta mobilidade dos indivíduos, não homogeneidade da população, além da indisponibilidade de uma vacina adequada, são características que precisam ser consideradas na formulação.

Nesta seção está a descrição do modelo SIR, modificado em relação à sua forma clássica, e proposta por [8]. Esta será a versão utilizada nesta monografia.

Uma das principais suposições do modelo SIR clássico é que há uma mistura homogênea das populações infectadas e suscetíveis e que a população total é constante no tempo. No modelo SIR clássico, a população suscetível diminui monotonicamente, conforme vimos na seção anterior, para zero. No entanto, essas suposições não são válidas no caso da disseminação do vírus COVID-19, uma vez que novos epicentros surgem em épocas diferentes. Para dar conta disso, a proposta feita pelos autores para a modificação do modelo SIR não considera a população total ao invés disso toma a população suscetível como uma variável a ser ajustada em

vários momentos para afim de contabilizar novos indivíduos infectados que se espalham por uma comunidade, resultando em um aumento na população suscetível, ou seja, aos chamados surtos.

O modelo SIR modificado que usaremos aqui herda algumas semelhanças de seu precursor, já que também é dado por um sistema de três equações diferenciais ordinárias além disso, pode ser usado para obter uma melhor compreensão de como o vírus se espalha dentro de uma comunidade de população variável [8]. É importante ressaltar que ele pode ser usado para fazer previsões do número de infecções e mortes que podem ocorrer no futuro e fornecer uma estimativa da escala de tempo para a duração do vírus dentro de uma comunidade. Ele também nos fornece pistas sobre como podemos diminuir o impacto do vírus, o que é quase impossível discernir apenas pelos dados registrados. Conseqüentemente, o modelo SIR modificado que vamos reutilizar para as cidades estudadas neste trabalho pode fornecer uma estrutura teórica e previsões que podem ser usadas por autoridades governamentais para controlar a disseminação de COVID-19.

A modificação proposta pelos autores em [8] tem sua utilidade destacada pois possibilita que o novo modelo seja implementado e usado para obter uma melhor compreensão de como o vírus COVID-19 se espalha dentro de comunidades de várias populações no tempo, incluindo a possibilidade de picos nas populações suscetíveis. Assim, o modelo SIR modificado é projetado para remover muitas das complexidades associadas à evolução em tempo real da propagação do vírus, de uma forma que seja útil tanto quantitativa quanto qualitativamente. Além de continuar com três equações diferenciais ele também preserva as características dos indivíduos da população sendo os indivíduos suscetíveis,  $S(t)$ , aqueles que não estão infectados, mas podem ser infectados. Um indivíduo suscetível pode ser infectado ou permanecer suscetível. Conforme o vírus se espalha de sua fonte ou novas fontes ocorrem, mais indivíduos serão infectados, portanto, a população suscetível aumentará por um período de tempo (período de pico), indivíduos infectados,  $I(t)$ , São aqueles indivíduos que já foram infectados pelo vírus e podem transmiti-lo àqueles indivíduos suscetíveis. Um indivíduo infectado pode permanecer infectado e pode ser removido da população infectada para se recuperar ou morrer, indivíduos removidos,  $R_m(t)$ , são aqueles indivíduos que se recuperaram do vírus e são considerados imunes,  $R_m(t)$  ou morreram,  $D(t)$ . Além disso, presume-se que a escala de tempo do modelo seja curta o suficiente para que nascimentos e mortes (exceto mortes causadas pelo vírus) possam ser negligenciados e que o número de mortes pelo vírus seja pequeno em comparação com a população viva.

Com base nesses pressupostos e conceitos, as taxas de mudança das três populações são regidas pelo seguinte sistema de equações diferenciais, o que constitui o modelo SIR

modificado que iremos utilizar

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} &= -aS(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= aS(t)I(t) - bI(t) , \\ \frac{dR_m(t)}{dt} &= bI(t) \end{cases} \quad (3.22)$$

em que  $a$  e  $b$  são parâmetros reais, positivos, do crescimento exponencial inicial e decadência exponencial final da população infectada  $I$ .

A evolução da população infectada  $I$  é governada pela segunda equação diferencial de (3.22), em que  $a$  é uma constante que representa a taxa de transmissão e  $b$  a constante da taxa de remoção. Os autores definem em [8] a taxa reprodutiva efetiva básica  $R_e = aS(t)/b$ , pois dela depende o destino da evolução da doença. Se  $R_e$  for menor do que um, a população infectada  $I$  diminuirá monotonicamente para zero e se for maior do que um, aumentará, ou seja, se  $dI(t)/dt < 0 \Rightarrow R_e < 1$  e se  $dI(t)/dt > 0 \Rightarrow R_e > 1$ . Assim, a taxa reprodutiva efetiva  $R_e$  atua como um limite que determina se uma doença infecciosa morrerá rapidamente ou se levará a uma epidemia.

Os dados utilizados são o total de casos  $I_{tot}^d$ , número de indivíduos infectados  $I^d$  e óbitos  $D^d$ . Conseqüentemente, o número de remoções pode ser estimado a partir dos dados por

$$R_m^d = I_{tot}^d - I^d - D^d. \quad (3.23)$$

Uma vez que queremos ajustar as soluções numéricas para o novo modelo SIR para os dados obtidos em [17], para cada conjunto de dados (São Paulo, Belo Horizonte e Varginha), também consideramos as condições iniciais no intervalo  $[0, 1]$  e escalonamos por uma escala fator  $f$  para ajustar os dados registrados por inspeção visual. Em particular, as condições iniciais para as três populações são definidas de modo que  $S(0) = 1$  (ou seja, todos os indivíduos são considerados suscetíveis inicialmente),  $I(0) = R_m(0) = I_{max}^d/f < 1$ , onde  $I_{max}^d$  é o número máximo de indivíduos infectados  $I^d$ . Conseqüentemente, os parâmetros  $a$ ,  $b$ ,  $f$  e  $I_{max}^d$  são calibrados manualmente para ajustar os dados registrados da melhor forma possível, com base em uma abordagem de tentativa e erro e inspeções visuais.

Neste contexto,  $S$ ,  $I$  e  $R_m \geq 0$  em qualquer  $t \geq 0$ . O sistema (3.22) pode ser resolvido numericamente para obter como as populações escalonadas (por  $f$ ) suscetíveis  $S$ , infectadas  $I$  e  $R_m$  removidas evoluem com o tempo, em boa concordância com os dados registrados.

Notoriamente, o que é importante ao estudar a propagação de um vírus é o número de mortes  $D$  e as recuperações  $R$  no tempo. Como esses números não são fornecidos diretamente pelo modelo SIR, estimamos primeiro, plotando os dados para mortes  $D^d$  versus as remoções  $R_m^d$ , onde  $R_m^d = D^d + R^d = I_{tot}^d - I^d$  e, então, ajustar os dados traçados com a função não

linear:

$$D = D_0(1 - e^{-kR_m}), \quad (3.24)$$

em que  $D_0$  e  $k$  são constantes estimadas pelo ajuste não linear. A função é expressa apenas em termos de valores do modelo e é ajustada à curva dos dados. Assim, tendo obtido  $D$  do ajuste não linear, o número de recuperações  $R$ , pode ser descrito no tempo pela simples observação que é dado pelas remoções escalonadas,  $R_m$  do modelo SIR modificado, menos o número de mortes,  $D$ :

$$R = R_m - D. \quad (3.25)$$

## 4 CALIBRAGEM DO MODELO SIR

De acordo com Bassanezi ([4]):

"A calibração de um modelo matemático se refere ao processo de ajuste de parâmetros deste modelo para que ele seja capaz de representar a área em estudo de uma forma adequada, coerente com a realidade observada. Nesse processo, em geral, necessita-se dispor de um conjunto de dados medidos, correlacionados. A partir do ajuste que leva à reprodução de um evento, o modelo passa a ser testado para outros eventos e seu comportamento avaliado de forma a verificar a adequação dos ajustes, para situações diversas daquela para a qual os parâmetros foram definidos é a chamada validação."

Assim, o objetivo deste capítulo é determinar, com base nos registros da COVID-19 disponibilizados pelas Secretarias Estaduais de Saúde<sup>1</sup>, os parâmetros  $a$  e  $b$  para o Modelo SIR modificado (3.22).

### 4.1 Observações Utilizadas no Ajuste dos Parâmetros

Os parâmetros  $a$  e  $b$  do Modelo SIR modificado (3.22) foram determinados a partir do ajuste entre a saída do modelo e os registros de novos casos de COVID-19.

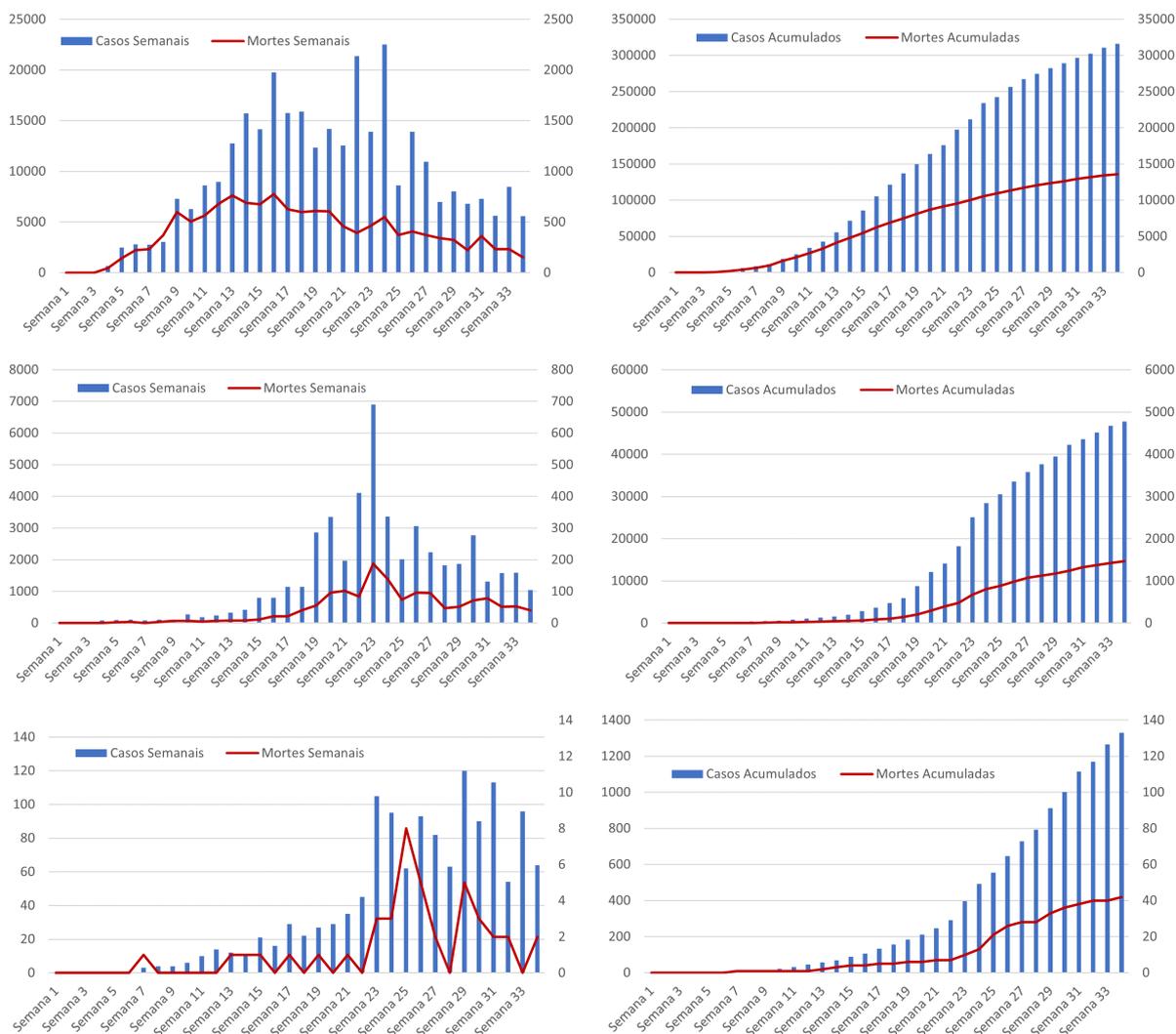
As informações observadas, utilizadas no ajuste, foram extraídas dos boletins epidemiológicos emitidos pelas Secretarias Estaduais de Saúde dos estados de São Paulo e Minas Gerais [17]. Estes continham informações diárias sobre o número total de casos da doença, para cada uma das cidades do referido estado, e também o número total de óbitos ocasionados pelo novo coronavírus.

Para facilitar a análise e utilização destes dados, eles foram agrupados por semanas epidemiológicas. Ou seja, semanas que passaram a ser contabilizadas a partir do registro do primeiro caso de COVID-19 no Brasil. Este primeiro caso foi registrado na cidade de São Paulo no dia 26 de fevereiro de 2020.

A Figura 2 exibe os dados utilizados para o ajuste do modelo SIR. Nela é possível visualizar a evolução da pandemia, desde o seu início, nas cidades de São Paulo (SP), Belo Horizonte (MG) e Varginha (MG).

Esta mesma figura (Figura 2) evidencia, por um lado, o momento em que a pandemia ganha força em cada uma das cidades; e, por outro lado, mostra a diferença na dimensão das

<sup>1</sup> os dados das Secretarias Estaduais de Saúde foram obtidos através do repositório BRASIL.IO (2020) que é uma plataforma que, por meio de voluntários, compila diariamente as informações divulgadas pelos boletins epidemiológicos dos órgãos oficiais de saúde.



**Figura 2 – Dados sobre COVID-19** para: *São Paulo* (são os dois gráficos SUPERIORES), *Belo Horizonte* (são os dois gráficos CENTRAIS) e *Varginha* (são os dois gráficos INFERIORES). Coluna à ESQUERDA exhibe os valores semanais de novos casos e novos óbitos em cada cidade. Coluna à DIREITA exhibe os valores acumulados de casos e óbitos para cada município. Em AZUL estão as informações sobre novos casos, com valores no eixo à esquerda; e em VERMELHO estão as informações sobre óbitos, com quantitativo no eixo à direita.

populações que foram contaminadas pelo coronavírus em cada um dos municípios. No caso de São Paulo o acumulado está na casa de centenas de milhares de pessoas; Belo Horizonte tem total de contaminados que somam dezenas de milhares de indivíduos; já em Varginha, o acumulado atinge milhares de pessoas.

Enquanto São Paulo e Belo Horizonte, na 33ª semana, já dão sinais de desaceleração no crescimento da curva de contaminados, Varginha parece ainda estar em expansão deste quadro - apesar da sua curva de óbitos acumulados não seguir esta tendência (o que é um fato positivo, pois sinaliza uma possível diminuição da letalidade da doença no município).

Apesar dos casos de COVID-19 e mortes causadas pela doenças estarem esboçadas num mesmo gráfico, é importante destacar o grau de magnitude destas duas informações. Aqui cabe o destaque que a escala de valores associada aos óbitos numa localidade é 10 (dez) vezes menor (valores constantes no eixo à direita) que a escala de valores associada ao número de casos.

Finalmente, um último aspecto que merece destaque em relação aos dados diz respeito à variabilidade nas informações. É importante perceber que a variabilidade torna-se, proporcionalmente, maior a medida que o contingente de casos for menor. Esta é a razão, por exemplo, para perceber em relação aos óbitos, uma variabilidade acentuada nos registros em Varginha. Trata-se de uma localidade que soma, ao final do período considerado<sup>2</sup> 42 mortes. Assim, quando na 28<sup>a</sup> semana não houve registro de óbitos na cidade (sendo que na semana anterior havia ocorrido 5 casos, e na posterior 2 casos) pareceu que a letalidade havia sofrido uma queda brusca. No entanto, quando se analisa os valores absolutos nota-se, por exemplo, que na 25<sup>a</sup> semana em Belo Horizonte houve uma variação no número de óbitos muito maior do que em VArginha (na 24<sup>a</sup> semana foram 138 casos; na 25<sup>a</sup> 74 casos; e na 26<sup>a</sup> 96 casos), mas que num contexto de ter um total de 1465 mortes, a diferença de 74 casos da 24<sup>a</sup> para a 25<sup>a</sup> semana não foi tão perceptível.

A próxima seção traz a forma com que, a partir dos dados recém apresentados, os parâmetros do modelo SIR foram determinados.

#### 4.1.1 Método de Ajustes dos Parâmetros

Como mencionado anteriormente no texto, o objetivo do ajuste dos parâmetros do modelo SIR consiste em determinar  $a$  e  $b$  de tal forma que o modelo epidemiológico consiga reproduzir da melhor forma possível o que é visto nas observações (registros de COVID-19). A Figura 3 exemplifica isso.

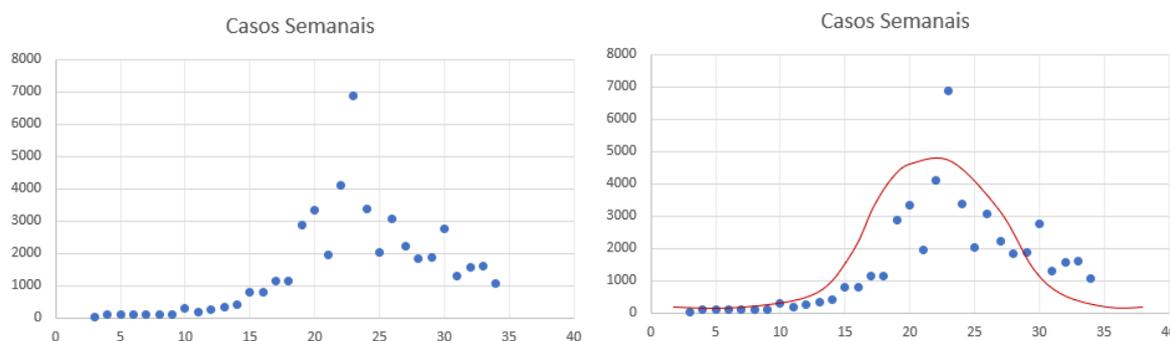


Figura 3 – (À ESQUERDA) Registros semanais dos casos de COVID-19 em Belo Horizonte. (À DIREITA) Exemplo (hipotético) do que poderia ser  $I(t)$  depois de ajustados os parâmetros do modelo SIR.

<sup>2</sup> os dados foram considerados até 30 de outubro de 2020, término da 33<sup>a</sup> semana epidemiológica no Brasil.

Existem diversas formas de se realizar o ajuste tal como é o necessário aqui. Se, por um lado, existem alternativas que produzem resultados mais (ou menos) precisos, por outro lado, tem-se que o preço pago por um eventual ganho de precisão, geralmente, envolve um aumento na complexidade da resolução numérica e implementação computacional.

Levando em consideração a estrutura dos dados da COVID-19 optou-se por, neste trabalho, considerar que o melhor ajuste para a curvas  $I(t)$  é aquele cujo quadrado da distância entre a função (solução do modelo SIR) e os pontos de observação é a menor possível. A Figura 4 exibe a estrutura desta ideia para a curva  $I(t)$ .

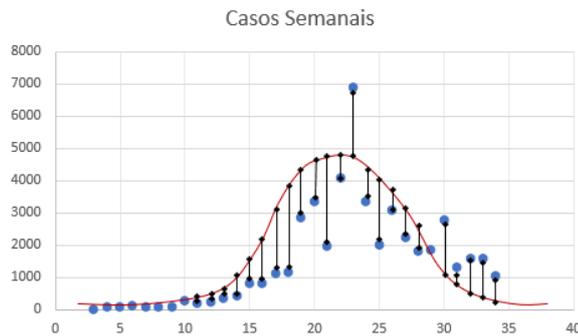


Figura 4 – Esquema explicativo da ideia do ajuste implementado neste trabalho para determinação dos parâmetros  $a$  e  $b$

Numericamente, o problema a ser resolvido consiste em determinar  $a$  e  $b$  que minimize  $F(a, b)$  definida por:

$$F(a, b) = \sum_{i=1}^N (I_{nova}(a, b, x_i) - Obs_I(x_i))^2, \quad (4.1)$$

com  $N$  sendo o número de dias com observações disponíveis;  $I_{nova}(a, b, x_i)$  a função de infectados, solução do modelo SIR, e que depende dos parâmetros  $a$  e  $b$ ; e  $Obs_I(x_i)$  a quantidade de infectados nos pontos  $x_i$ .

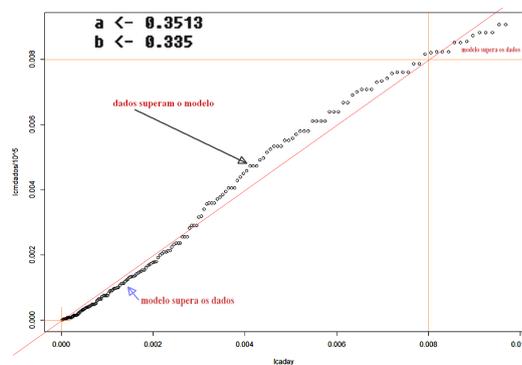


Figura 5 – Varginha - MG. Relação entre os *Infectados Observados* e os *Infectados Previstos* pelo modelo SIR para os parâmetros  $a$  e  $b$  ótimos.

A Figura 5 ilustra (para a cidade de Varginha-MG) os parâmetros  $a$  e  $b$  que minimizam a  $F(a, b)$ . Na 5 é possível identificar os pontos em que o modelo SIR sub e/ou superestima os infectados, se comparado com as observações. Apesar de intuitivo o critério de escolha dos parâmetros (como estando associado à minimização do quadrado da distância entre as observações e o modelo), na prática, trata-se de um método que esconde um complicador: o de não se saber, com antecedência, qual é a faixa de valores que deve ser considerada para  $a$  e  $b$ , uma vez que a única restrição assumida para estes parâmetros é que eles precisavam ser valores positivos.

Isso significa que é necessário fazer uma varredura nos parâmetros em questão verificando se, para o intervalo considerado,  $F(a, b)$  foi minimizada. Caso não tenha sido, é necessário que uma faixa maior de valores seja investigada. Ou seja, a estratégia adotada consistiu em investigar os valores de  $F$  em função de  $(a, b)$ . A Figura 6 exibe uma coleção de pontos que minimizam  $F(a, b)$  e a Figura 7 exibe quando a solução é encontrada.

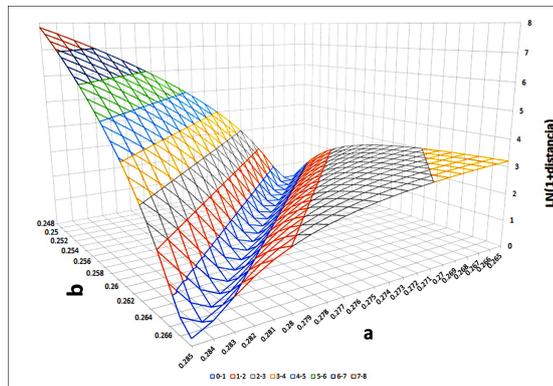


Figura 6 – Gráfico de  $\ln(1 + F(a, b))$ . Ilustração da análise exploratória dos parâmetros  $a$  e  $b$  do modelo SIR modificado (dados de Varginha-MG).

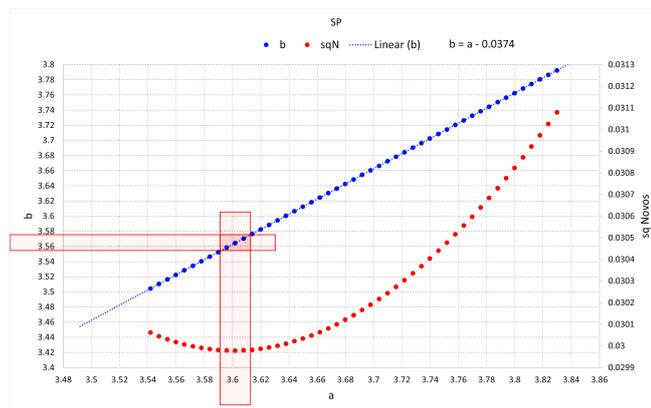


Figura 7 – Candidatos a mínimo de  $F(a, b)$ . Ilustração da análise exploratória dos parâmetros  $a$  e  $b$  do modelo SIR modificado (dados de São Paulo-SP).

A solução do modelo SIR foi encontrada numericamente através do método Euler Modificado, com passo de tempo  $\frac{1}{5} = 0.2$  de dia, e implementação computacional realizada utilizando o *software* livre R, via plataforma R - Studio (R, 2015).

## 5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Este capítulo traz os resultados gerados, a partir do modelo SIR modificado 3.22, para a evolução temporal da pandemia de COVID-19 nas cidades de Varginha-MG, Belo Horizonte-MG e São Paulo-SP.

Com base na estratégia de ajuste dos parâmetros apresentada no capítulo anterior, tem-se que os valores de  $a$  e  $b$  que fazem com que o modelo SIR melhor se ajuste aos dados observados são exibidos na Tabela 1.

Tabela 1 – Parâmetros  $a$  e  $b$  do modelo SIR modificado 3.22, associados à descrição da COVID-19 nas cidades de Varginha-MG, Belo Horizonte-MG e São Paulo-SP.

	$a$	$b$
São Paulo-SP	3,6018	3,5644
Belo Horizonte-MG	4,3286	4,2906
Varginha-MG	0,3762	0,3202

O modelo SIR ajustado para a cidade de São Paulo indica que o pico de contaminação, ao menos em relação à primeira onda de contágios, já ocorreu. A Figura 8 exibe a comparação entre as observações (registros de COVID-19) e a curva descrita pelo modelo.

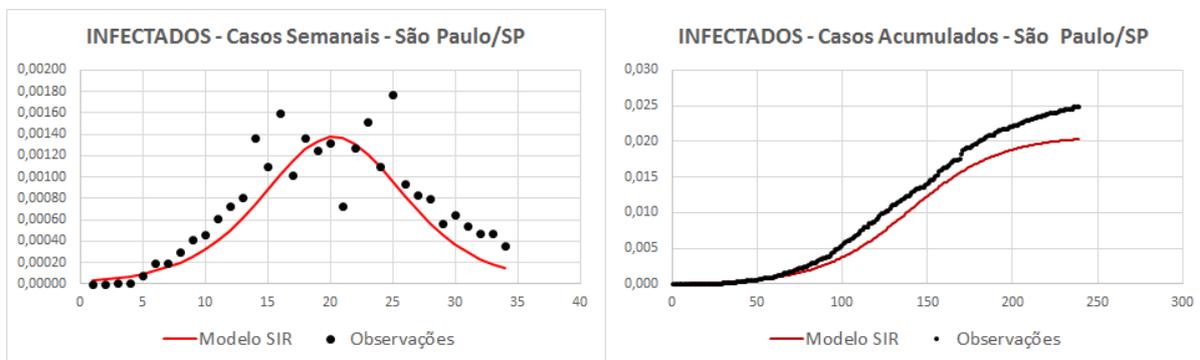


Figura 8 – Infectados na cidade de São Paulo. (À ESQUERDA) Novos infectados semanais. Em *preto* estão as Observações, e em *vermelho* está a previsão feita pelo SIR; (À DIREITA) Infectados Acumulados (dados diários). Em *preto* estão as observações e em *vermelho* está a previsão do modelo.

O gráfico à esquerda, na Figura 8, exibe a comparação entre os novos casos semanais de COVID-19, disponibilizados pela Secretaria de Saúde do estado de SP, e a previsão feita pelo modelo SIR. É possível notar que de uma forma geral o modelo tende a subestimar o número de infectados. Até a vigésima semana os valores previstos pelo modelo estavam diferindo pouco do observado. No entanto, a partir deste marco o modelo passou e as observações começaram a se distanciar ainda mais. Através do gráfico à direita, da Figura 8, é possível identificar melhor o momento em que o modelo passa a informar menos infectados que o observado.

Nota-se (pela Figura 8 que em torno do 170º dia, o número de registros de COVID-19 exhibe um pequeno salto. É interessante observar que isso coincide com o momento (24 de maio de 2020) a partir do qual a taxa de isolamento social em São Paulo passa a ficar abaixo de 55% [10]<sup>1</sup>

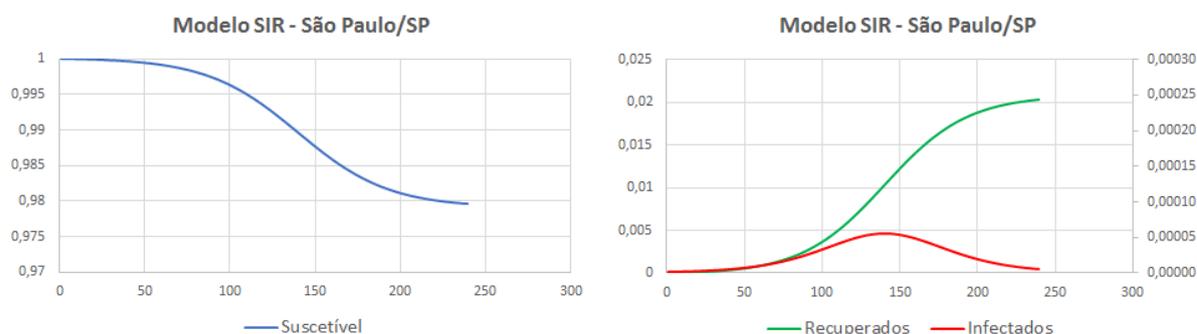


Figura 9 – Evolução temporal (diária) da COVID-19, descrita pelo modelo SIR, para a cidade de São Paulo. (À ESQUERDA) População de suscetíveis; (À DIREITA) Populações de Infectados (vermelho, eixo secundário) e Recuperados (verde).

A Figura 9 exhibe a dinâmica temporal da COVID-19 modelada pelas equações do modelo epidemiológico SIR, considerando os parâmetros  $a$  e  $b$  determinados com as técnicas descritas no capítulo anterior. É importante destacar que a população de suscetíveis, apesar de diminuir, não tende para zero. E isso é bom e está totalmente de acordo com a realidade, uma vez que o valor 1 (um) representa a população total da cidade de São Paulo, ou seja, em torno de 12,3 milhões de pessoas. De acordo com a Secretaria de Saúde da cidade de São Paulo [11], até 30 de outubro de 2020 quase 512 mil pessoas receberam alta após passarem pelos hospitais de campanha instalados na cidade.

Neste sentido é interessante observar que, de acordo com as observações exibidas na Figura 2, ou seja, de acordo com os dados oficiais, o número total (acumulado) de infectados até 30 de outubro de 2020 somava cerca de 300 mil, isto é, menos que os 512 mil liberados dos hospitais de campanha. Este destaque é importante pois ele revela que ainda existe uma falta de atualização nos dados oficiais, o que é essencial para poder entender de forma mais acertada a dinâmica da doença.

No caso de Belo Horizonte-MG, o ajuste entre as observações e a saída do modelo pode ser vista da Figura 10. É possível notar que até a 15ª semana (término 03 de junho de 2020) o modelo e os dados praticamente coincidiam. No entanto, a partir do 110º dia a diferença entre os valores destas duas séries começou a aumentar. É interessante perceber que isso coincide com os dias seguintes à divulgação da primeira fase de flexibilização da quarentena na cidade (25 de maio) que teve início em 08 de junho de 2020 [23].

<sup>1</sup> apesar da Organização Mundial da Saúde (OMS) recomendar uma taxa de isolamento social de 70% para que o espalhamento do novo coronavírus diminua de velocidade, entende-se que 55% é o mínimo aceitável para que a pandemia esteja sob controle ([31]).

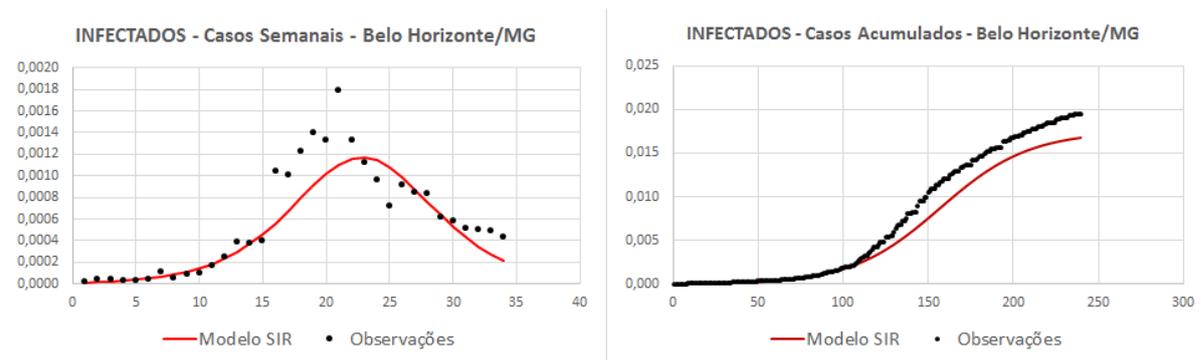


Figura 10 – Infectados na cidade de Belo Horizonte. (À ESQUERDA) Novos infectados semanais. Em *preto* estão as Observações, e em *vermelho* está a previsão feita pelo SIR; (À DIREITA) Infectados Acumulados (dados diários). Em *preto* estão as observações e em *vermelho* está a previsão do modelo.

Através das Figuras 10 e 11 pode-se concluir que o pico de contaminações na cidade de Belo Horizonte já ocorreu e que valores maiores que os observados na 24<sup>a</sup> semana (em torno do 160<sup>o</sup> dia) só devem ser registrados caso ocorra uma segunda onda de contaminação.

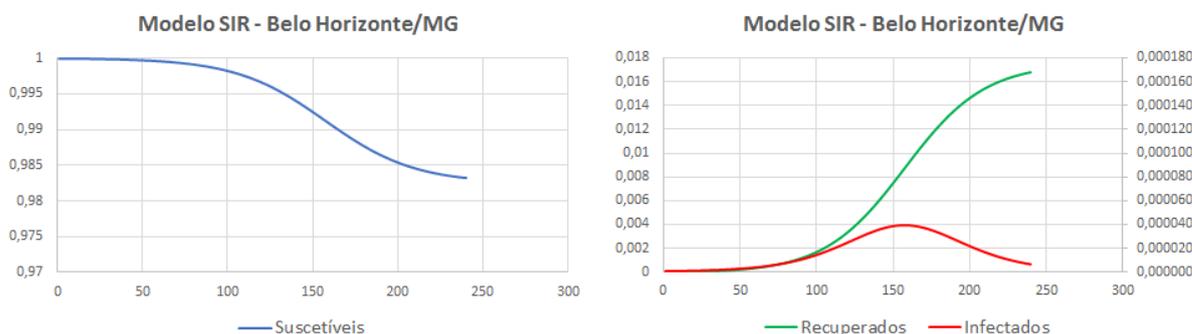


Figura 11 – Evolução temporal (diária) da COVID-19, descrita pelo modelo SIR, para a cidade de Belo Horizonte. (À ESQUERDA) População de suscetíveis; (À DIREITA) Populações de Infectados (vermelho, eixo secundário) e Recuperados (verde).

Vale destacar que o valor 1 (um) para a Belo Horizonte representa um valor em torno de 2,5 milhões de habitantes. De acordo com o modelo SIR, em torno de 40 mil indivíduos deixaram de ser suscetíveis. Já em Varginha (Figura 13), o pico ocorreu entre a 20<sup>a</sup> e a 25<sup>a</sup> semana epidemiológica, ou seja, durante o mês de julho.

Pela Figura 12 nota-se que o modelo SIR está com tendência a superestimar os valores de infectados, afetando a estimativa das populações de suscetíveis e recuperados.

Das 3 (três) cidades analisadas, Varginha era a que exibia séries temporais com maior variabilidade nos valores de infectados. Varginha foi também a cidade cuja curva ajustada ficou mais distante dos dados observados. Apesar disso, há um aspecto interessante na evolução temporal da doença na cidade. Das três localidades estudadas foi a menor delas a que teve o menor

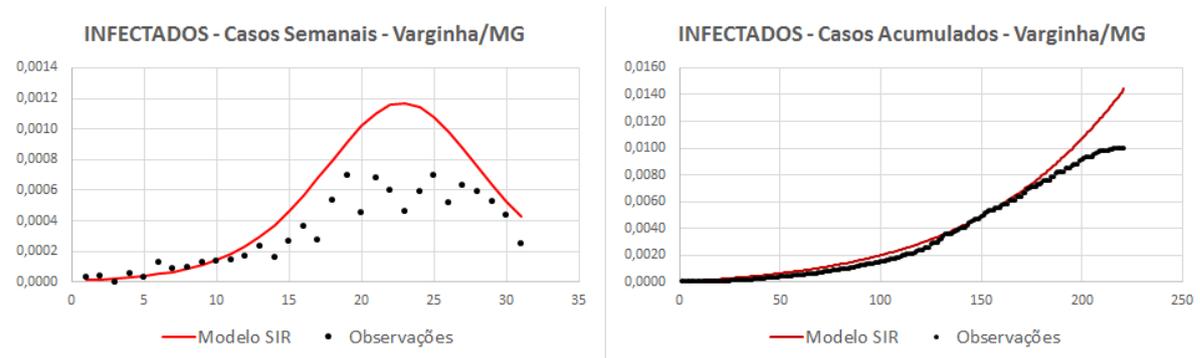


Figura 12 – Infectados na cidade de Varginha. (À ESQUERDA) Novos infectados semanais. Em *preto* estão as Observações, e em *vermelho* está a previsão feita pelo SIR; (À DIREITA) Infectados Acumulados (dados diários). Em *preto* estão as observações e em *vermelho* está a previsão do modelo.

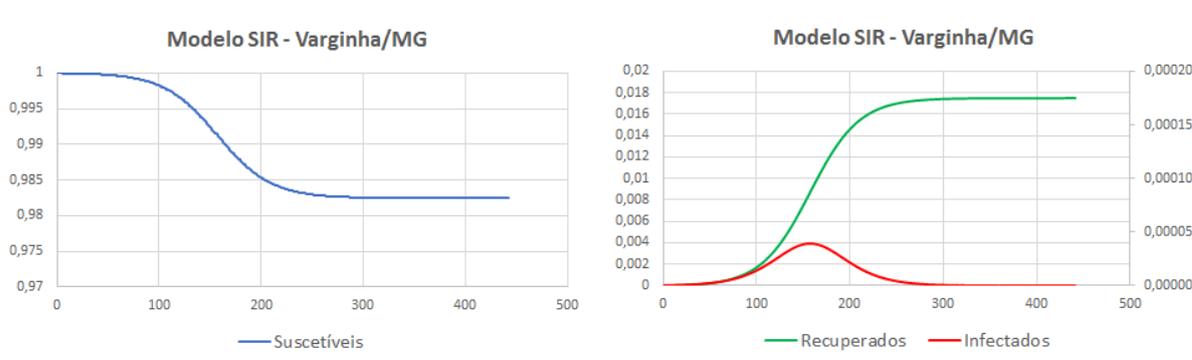


Figura 13 – Evolução temporal (diária) da COVID-19, descrita pelo modelo SIR, para a cidade de Varginha. (À ESQUERDA) População de suscetíveis; (À DIREITA) Populações de Infectados (vermelho, eixo secundário) e Recuperados (verde).

tempo de quarentena<sup>2</sup>. Apesar disso, de acordo com os dados oficiais, a doença permaneceu sob controle.

<sup>2</sup> O comércio reabriu a partir de 20 de abril de 2020.

## 6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

As respostas à pandemia do novo coronavírus são um desafio gigantesco. A especificidade do conhecimento e das intervenções deve estar articulada à construção de um pensamento epidemiológico abrangente.

Tem-se que a COVID-19 é uma das doenças que mais mata por dia no Brasil e no mundo [7]. Esta doença trouxe mudanças radicais nos hábitos da população mundial, principalmente com a adoção de medidas de distanciamento e/ou isolamento social, com foco em tentar conter a expansão das contaminações.

Apoiado em conhecimentos de matemáticos (teóricos e de cálculo numérico) e em programação, este trabalho de monografia usou o modelo epidemiológico SIR para descrever o comportamento da pandemia ocasionada pelo novo coronavírus nas cidades de São Paulo-SP, Belo Horizonte-MG e Varginha-MG.

Percebeu-se que foi possível determinar, com base nos registros obtidos dos boletins epidemiológicos para cada uma das cidades, os parâmetros  $a$  e  $b$  do modelo SIR que descreviam as taxas de infecção e recuperação, respectivamente.

Com posse destes parâmetros foi feito o ajuste do modelo para cada uma das localidades. Através da simulação do modelo SIR ajustado foi possível inferir que o pico de contágios nas cidades de São Paulo, Belo Horizonte e Varginha já ocorreu. Ainda com base nas simulações, o modelo SIR para as cidades de São Paulo e Belo Horizonte exibiram uma tendência a subestimar os infectados, enquanto que em Varginha foi verificado o oposto.

Houve indícios de que os dados referentes à pandemia são diferentes a depender da fonte que os divulga e que, possivelmente, tal qual foi mencionado por Prado et. al. [27], pode haver um cenário de subnotificação nos registros de casos de COVID-19.

Adicionalmente, foi possível constatar que quanto mais oscilam os registros de COVID-19, mais dificuldade se tem para determinar (bons) parâmetros que façam com que as soluções do SIR reproduzam o comportamento dos dados observados.

Entende-se que o trabalho pode se tornar ainda mais interessante e com resultados significativos se forem introduzidas a mortalidade como uma variável de estado, e as taxas de infecção e recuperação como funções que considerem distanciamento social e condição socioeconômica. Estas alterações mencionadas fazem parte dos trabalhos a serem desenvolvidos no futuro.

## Referências

- [1] R. M. ANDERSON, R. B. ANDERSON, and R. M. MAY. *Infectious diseases of humans: dynamics and control*. Oxford university press, 1992.
- [2] A. ATKESON. What will be the economic impact of covid-19 in the us? rough estimates of disease scenarios. Technical report, National Bureau of Economic Research, 2020.
- [3] A. K. AZKUR, M. AKDIS, D. AZKUR, M. SOKOLOWSKA, W. VEEN, M. BRUGGEN, L. OMAHONY, Y. GAO, K. NADEAU, and C. AKDIS. Immune response to sars-cov-2 and mechanisms of immunopathological changes in covid-19. *Allergy*, 75(7):1564–1581, 2020.
- [4] R. C. BASSANEZI. *Temas & Modelos*. Universidade Federal do ABC, 2012.
- [5] J. P. T. BATISTA, L. A. S. MARZANO, and C. J. MACHADO. Covid-19: perguntas e respostas centro de telemedicina da ucs. caxias do sul, 2020.
- [6] K. CHATTERJEE, A. KUMAR, and S. SHANKAR. Healthcare impact of covid-19 epidemic in india: A stochastic mathematical model. *Medical Journal Armed Forces India*, 2020.
- [7] CONASS. Disponível em: <https://www.conass.org.br/conass-lanca-painel-sobre-excesso-de-mortalidade/>. Acesso em: 11 nov 2020, 2020.
- [8] I. COOPER, A. MONDAL, and C. G. ANTONOPOULOS. A sir model assumption for the spread of covid-19 in different communities. *Chaos, Solitons & Fractals*, 139:110057, 2020.
- [9] J. H. R. CRODA and L. P. GARCIA. Resposta imediata da vigilância em saúde à epidemia da covid-19, 2020.
- [10] F. de São Paulo. Disponível em: <https://agora.folha.uol.com.br/sao-paulo/2020/09/estado-de-sp-tem-menor-taxa-de-isolamento-desde-marco.shtml>. Acesso em: 11 nov 2020, 2020.
- [11] C. de São Paulo Saúde. Disponível em: [https://www.prefeitura.sp.gov.br/cidade/secretarias/saude/vigilancia\\_em\\_saude/doencas\\_e\\_agrivos/coronavirus/index.php?p=304373](https://www.prefeitura.sp.gov.br/cidade/secretarias/saude/vigilancia_em_saude/doencas_e_agrivos/coronavirus/index.php?p=304373). Acesso em: 11 nov 2020, 2020.
- [12] L. H. DUCZMAL, A. C. L. ALMEIDA, D. B. DUCZMAL, C. R. L. ALVES, F. C. O. MAGALHÃES, M. S. LIMA, I. R. SILVA, and R. H. C. TAKAHASHI. Vertical social distancing policy is ineffective to contain the covid-19 pandemic. *Cadernos de Saúde Pública*, 36, 2020.

- [13] S. FARIAS, H. O avanço da covid-19 e o isolamento social como estratégia para redução da vulnerabilidade. *Espaço e Economia. Revista brasileira de geografia econômica*, 2020.
- [14] S. GALEA, R. M. MERCHANT, and N. LURIE. The mental health consequences of covid-19 and physical distancing: The need for prevention and early intervention. *JAMA internal medicine*, 180(6):817–818, 2020.
- [15] S. HE, Y. PENG, and K. SUN. Seir modeling of the covid-19 and its dynamics. *Nonlinear Dynamics*, pages 1–14, 2020.
- [16] B. ISER, I. SILVA, V. T. RAYMUNDO, M. B. POLETO, F. SCHELTER-TREVISOL, and F. BOBINSKI. Definição de caso suspeito da covid-19: uma revisão narrativa dos sinais e sintomas mais frequentes entre os casos confirmados. *Epidemiologia e Serviços de Saúde*, 29:e2020233, 2020.
- [17] A. JUSTEN. O brasil em dados libertos. Disponível em: <<https://brasil.io/home/>>. Acesso em: 1º nov 2020, 2020.
- [18] W. O. KERMACK and A. G. MCKENDRICK. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character*, 115(772):700–721, 1927.
- [19] T. LE, Z. ANDREADAKIS, A. KUMAR, R. G. ROMAN, S. TOLLEFSEN, M. SAVILLE, and S. MAYHEW. The covid-19 vaccine development landscape. *Nat Rev Drug Discov*, 19(5):305–306, 2020.
- [20] V. L. MARIA, R. R. DÍAZ, W. B. RODRÍGUES, N. C. V. ONEGA, and W. M. LEZCA. Modelos matemáticos para el control epidemiológico. *Educación Médica Superior*, 34(2), 2020.
- [21] C. M. MARTINS, R. Z. GOMES, E. V. MULLER, P. K. O. BORGES, C. E. CORADASSI, and E. M. S. MONTIEL. Modelo preditivo da ocorrência de covid-19 em município de médio porte no brasil (ponta grossa-paraná). *Texto & Contexto-Enfermagem*, 29, 2020.
- [22] J. H. U. . MEDICINE. Coronavirus resource center. Disponível em: <<https://coronavirus.jhu.edu/map.html>>. Acesso em: 22 out 2020, 2020.
- [23] G. U. MINAS GERAIS. Disponível em: <https://g1.globo.com/mg/minas-gerais/noticia/2020/06/05/o-que-pode-funcionar-em-bh-veja-a-lista-de-atividades-do-comercio-que-a-prefeitura-ja-liberou-para-reabrir.ghtml>. Acesso em: 12 nov 2020, 2020.
- [24] MINISTÉRIO DA SAÚDE. Banco de dados do sistema Único de saúde - datasus. Disponível em: <<https://covid.saude.gov.br/>>. Acesso em: 22 out 2020, 2020.

- [25] B. B. MINUSSI, E. A. PALUDO, J. P. B. PASSOS, M. J. SANTOS, O. MOCELLIN, and M. A. MAEYAMA. Grupos de risco do covid-19: a possível relação entre o acometimento de adultos jovens “saudáveis” e a imunidade/covid-19 risk groups: the possible relationship between the impairment of “heathy” young adults and immunity. *Brazilian Journal of Health Review*, 3(2):3739–3762, 2020.
- [26] S. MWALILI, M. KIMANTHI, V. OJIAMBO, D. GATHUNGU, and R. W. MBOGO. Seir model for covid-19 dynamics incorporating the environment and social distancing. 2020.
- [27] M. F. PRADO, B. B. D. P. ANTUNES, L. D. S. L. BASTOS, I. T. PERES, and e. a. SILVADO. Análise da subnotificação de covid-19 no brasil. *Revista Brasileira de Terapia Intensiva*, 2020.
- [28] C. A. RAMOS. *Dinâmica do caos em modelos epidemiológicos e estratégias de vacinação*. PhD thesis, Universidade Regional do Noroeste do Estado do Rio Grande do Sul, 10/12/2004., 2004.
- [29] D. I. C. ROCHA. Modelos matemáticos aplicados à epidemiologia. 2012.
- [30] M. Z. ROUQUAYROL. Epidemiologia e saúde.
- [31] O. M. D. SAÚDE. Coronavirus disease (covid-19) pandemic. Disponível em: <<https://www.who.int/>>. Acesso em: 22 out 2020, 2020.
- [32] J. SOTOMAYOR. *Lições de equações diferenciais ordinárias*, volume 11. Instituto de Matemática Pura e Aplicada, CNPq, 1979.
- [33] G. J. B. SOUSA, T. S. GARCES, V. R. F. CESTARI, T. M. M. MOREIRA, R. S. FLORENCIO, and M. L. D. PEREIRA. Estimação e predição dos casos de covid-19 nas metrópoles brasileiras. *Rev. Latino-Am. Enfermagem*, 28:e3345, 2020.
- [34] S. R. WEISS and J. L. LEIBOWITZ. Coronavirus pathogenesis. In *Advances in virus research*, volume 81, pages 85–164. Elsevier, 2011.
- [35] H. M. YANG. *Epidemiologia matemática: estudo dos efeitos da vacinação em doenças de transmissão direta*. Editora da Unicamp, 2001.
- [36] M. ZHOU, X. ZHANG, and J. QU. Coronavirus disease 2019 (covid-19): a clinical update. *Frontiers of medicine*, pages 1–10, 2020.