

UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS
FACULDADE DE CIÊNCIAS EXATAS E TECNOLOGIA
PROGRAMA DE MESTRADO PROFISSIONAL EM MATEMÁTICA EM
REDE NACIONAL

RODRIGO HENRIQUE DE OLIVEIRA

**APLICAÇÃO DO MODELO SIR À COVID-19 NO
MATO GROSSO DO SUL**

Dourados - MS

2022

APLICAÇÃO DO MODELO SIR À COVID-19 NO MATO GROSSO DO SUL

Rodrigo Henrique de Oliveira

Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação PROFMAT – Mestrado Profissional em Matemática em Rede Nacional, oferecido pela Universidade Federal da Grande Dourados, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Matemática. Orientador: Prof. Dr. Alexandre Pitangui Calixto

Banca Examinadora

Prof. Dr. Alexandre Pitangui Calixto (Orientador)

Prof^a Dra. Irene Magalhães Craveiro

Prof^a Dra. Marina Rodrigues Maestre

Dourados, 30 de junho de 2022

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).

O48a Oliveira, Rodrigo Henrique De
Aplicação do Modelo SIR à Covid-19 no Mato Grosso do Sul [recurso eletrônico] /
Rodrigo Henrique De Oliveira. -- 2022.
Arquivo em formato pdf.

Orientador: Alexandre Pitangui Calixto .
Dissertação (Mestrado em Matemática)-Universidade Federal da Grande Dourados,
2022.
Disponível no Repositório Institucional da UFGD em:
<https://portal.ufgd.edu.br/setor/biblioteca/repositorio>

1. Epidemiologia Matemática. 2. Modelo SIR. 3. Pandemia de COVID19. I. Calixto,
Alexandre Pitangui. II. Título.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

©Direitos reservados. Permitido a reprodução parcial desde que citada a fonte.



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
FUNDAÇÃO UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS
FACULDADE DE CIÊNCIAS EXATAS E TECNOLOGIA
PROGRAMA DE MESTRADO PROFISSIONAL EM MATEMÁTICA EM REDE
NACIONAL - PROFMAT

Termo de Aprovação

Após a apresentação, arguição e apreciação pela banca examinadora, foi emitido o parecer APROVADO(A), para a dissertação intitulada: "**APLICAÇÃO DO MODELO SIR À COVID-19 NO MATO GROSSO DO SUL**", de autoria de **RODRIGO HENRIQUE DE OLIVEIRA** apresentada ao Programa de Mestrado Profissional em Matemática da Universidade Federal da Grande Dourados.

Prof. Dr. Alexandre Pitanguí Calixto (Orientador-UFGD)
Presidente da Banca Examinadora

Profa. Dra. Irene Magalhães Craveiro
Membro Examinador (UFGD)

Profa. Dra. Marina Rodrigues Maestre
Membro Examinador (UEMS)

Dourados/MS, 30 de junho de 2022

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente, aos meus pais, pois sem eles esse trabalho não seria possível. Agradeço também ao Professor Alexandre, por ter acreditado em mim, quando por vezes eu mesmo não acreditava, por ter me dado liberdade para pesquisar e por ter compreendido os meus atrasos.

Não poderia deixar de agradecer aos professores e colegas de turma que me acompanharam por toda essa jornada. Fica aqui também meu agradecimento a todos professores que passaram pela minha vida, já que eles ajudaram a construir a base de todo esse trabalho.

Por último, e não menos importante, agradeço aos meus amigos e a todos que de alguma forma me deram força e apoio para chegar até aqui.

“Faça ou não faça. Tentativa não há.”

Mestre Yoda

Resumo

A modelagem epidemiológica é usada pela humanidade para compreender e lidar com doenças infecciosas. Nesse contexto, após a pandemia da "gripe espanhola" (1918-20), surgiu a Epidemiologia Matemática, ramo da ciência voltado para criar modelos capazes de descrever e indicar formas de enfrentar problemas causados por infecções. O Modelo SIR (Suscetíveis-Infetados-Removidos) é um dos vários modelos capazes de auxiliar nessa descrição. O objetivo central do trabalho é abordar esse modelo de forma prática e analisar os dados da Pandemia de COVID-19, bem como comparar os dados das simulações feitas com o modelo com os dados obtidos da COVID-19 no estado do Mato Grosso do Sul. Propõe-se assim uma forma de utilizar o modelo, com auxílio da Linguagem R, para apresentar seus resultados. Para obter melhor eficácia na modelagem é necessário que os dados coletados sejam fidedignos com a realidade da infecção, para que a precisão do modelo tenha maior acuracidade. Para que, dessa forma, apresente alternativas sobre as medidas que devem ser indicadas às autoridades competentes no enfrentamento de um surto, epidemia ou pandemia. Sob essa ótica, o Modelo SIR pode ser considerado uma boa opção na modelagem da COVID-19.

Palavras-chave: Epidemiologia Matemática, Modelo SIR, Pandemia de COVID-19.

Abstract

Epidemiological modeling is used by humanity to understand and deal with infectious diseases. In this context, after the "Spanish flu" pandemic (1918-20), Mathematical Epidemiology emerged, a branch of science aimed at creating models capable of describing and indicating ways of dealing with problems caused by infections. The SIR (Susceptible-Infected-Removed) Model is one of several models capable of assisting in this description. The main objective of the work is to approach this model in a practical way and analyze the data from the COVID-19 Pandemic, as well as compare the data from the simulations made with the model with the data obtained from COVID-19 in the state of Mato Grosso do Sul. Thus, it is proposed a way to use the model, with the aid of Language R, to present its results. To obtain better efficiency in the modeling, it is necessary that the data collected be reliable with the reality of the infection, so that the precision of the model has greater accuracy. So that, in this way, it presents alternatives on the measures that must be indicated to the competent authorities in the face of an outbreak, epidemic or pandemic. From this perspective, the SIR Model can be considered a good option in the modeling of COVID-19.

Keywords: Mathematical Epidemiology, SIR Model, COVID-19 Pandemic.

Sumário

Resumo	iii
Abstract	iv
1 Introdução	1
2 Modelagem Epidemiológica e COVID-19	3
2.1 Epidemiologia Matemática	3
2.2 Definições Epidemiológicas	6
2.3 COVID-19	7
3 O Modelo SIR	10
3.1 Introdução ao Modelo SIR, por Kermack e McKendrick	10
3.2 Modelo SIR Simples	15
4 Aplicação do Modelo SIR	18
4.1 Resolvendo o Modelo SIR utilizando a Linguagem R	19
4.2 Aplicação do Modelo SIR em Mato Grosso do Sul, com dados do início da infecção	21
4.3 Aplicação do Modelo SIR em Mato Grosso do Sul, com dados do atuais da infecção	24
5 Considerações Finais	26
Referências Bibliográficas	28

Capítulo 1

Introdução

A Modelagem Epidemiológica é uma ferramenta importante da comunidade científica para prevenção e estimativas da propagação de um agente infeccioso, inclusive para propor medidas que foquem em evitar o escalonamento de um surto epidêmico para uma pandemia global. Por meio de modelos parametrizados, pode-se expor através da análise dos dados quais seriam as melhores ações a serem tomadas com o intuito de mitigar a evolução de uma doença infecciosa. Tanto que, além de auxiliar indicando providências que tornem o avanço da infecção mais brando, também pode modelar o que pode acontecer caso nada seja feito.

Dentro desse cenário, vários modelos são propostos, buscando cobrir a maior gama de situações possíveis. Este trabalho, portanto, tem como objetivo principal apresentar um modelo matemático prático, que dê estimativas dos números na propagação de uma doença infecciosa, de forma que fique fácil comparar a modelagem com os dados reais da infecção.

Diante da situação encontrada em 2022, com a Pandemia de COVID-19 perdurando desde 2020, faz-se necessário buscar modelos para simular como a infecção se comportará no futuro. Nesse contexto, a Epidemiologia Matemática surge para propor modelos eficazes na predição do comportamento de agentes infecciosos. Portanto, buscou-se reunir dados para que, com a ajuda de um modelo já conhecido, possamos descrever como se deu desenvolvimento da COVID-19 no estado de Mato Grosso do Sul.

Defronte dessas circunstâncias, o Modelo SIR (Suscetíveis-Infetados-Removidos) foi escolhido como objeto de estudo em desta pesquisa. Após apresentar o modelo epidemiológico citado, utilizam-se as equações definidas para analisar os dados da pandemia. Com acesso às informações disponibilizadas no Boletim Epidemiológico de Mato Grosso do Sul, verifica-se a eficiência do modelo escolhido. Posteriormente, na expectativa de simular a progressão da pandemia, utiliza-se Modelo SIR para gerar um gráfico geral do que se pode esperar em futuro próximo.

Mediante desse contexto, o Capítulo 2 começa com um breve histórico da Epidemiologia Matemática, para dar um contexto de sua importância na modelagem de uma infecção. No mesmo capítulo, expõe-se alguns termos epidemiológicos, para diferenciar a escala do alcance de um doença e, no fim do capítulo, fala-se um pouco sobre a COVID-19.

Já no Capítulo 3, o modelo escolhido é exposto para ajudar na modelagem matemática da COVID-19. Nele mostra-se alguns cálculos por trás da idealização do modelo, bem como as equações que descrevem o mesmo.

No Capítulo 4, aplica-se o modelo com ajuda da Linguagem R para verificar sua eficácia comparada aos dados reais do início da pandemia de COVID-19. No fim do capítulo, é apresentado um gráfico estimando o futuro da infecção nos próximos meses no estado do Mato Grosso do Sul.

Por fim, encerra-se a pesquisa com comentários sobre as diferenças entre os resultados obtidos com o modelo e os dados disponibilizados sobre a infecção em Mato Grosso do Sul.

Capítulo 2

Modelagem Epidemiológica e COVID-19

Neste capítulo será introduzido um breve contexto sobre o papel da Epidemiologia Matemática no surgimento do Modelo SIR (Suscetíveis-Infetados-Removidos), bem como um pouco sobre as definições de conceitos epidemiológicos e da COVID-19.

2.1 Epidemiologia Matemática

Esta seção será iniciada com uma citação de Stephen Hawking: "A matemática é a única linguagem que temos em comum com a natureza." Partindo dessa premissa, é possível observar que desde os primórdios da humanidade a matemática é usada para tentar descrever os fenômenos naturais. Para isso, cada pensador, em sua época, criava modelos com a finalidade de entender tais fenômenos. Com o avançar das civilizações e o crescimento das cidades, doenças infecciosas surgiam, algumas capazes de matar mais que guerras. Como, por exemplo, a Peste Negra, que estimativas dizem que dizimou cerca de um terço da população europeia, em meados do Século XIV (Ujvari).

Com o avançar dos anos novos surtos surgiam, no início da década de 80 tivemos primeiro caso de AIDS diagnosticado, e dados do Programa Conjunto das Nações Unidas sobre HIV/AIDS (UNAIDS) indicam que cerca de 36 milhões de pessoas

morreram de doenças relacionadas à AIDS desde o início da epidemia. Frequentemente são notificados surtos de gripes pelo mundo, mesmo com monitoramento intenso para controle. No Brasil, temos o caso da dengue, que teve sua chegada no país no Século XVIII e desde então mantem-se em ciclos endêmicos e epidêmicos. Finalmente, nos últimos dois anos vivemos o caso de uma pandemia de COVID-19, que até hoje causa mortes pelo globo.

Isso torna necessário que existam modelos matemáticos que sejam capazes de simular infecções para que as autoridades de saúde possam tomar as devidas providências para evitar que um surto escale para uma pandemia. Na necessidade de compreender a dinâmica no desencadeamento dessas doenças surgiu a epidemiologia matemática, área da ciência que estuda e propõe políticas de controle dessas doenças.

Um dos primeiros estudos significativos foi realizado por Daniel Bernoulli (Dietz) no século XVIII. No entanto, há registros que o interesse no assunto remonta à Hipócrates (460-377 a.C.), em sua obra Epidemias. Com o passar dos anos alguns pesquisadores apresentaram estudos que resultaram em avanços no campo da Epidemiologia Matemática. Dentre eles estão Kermack e McKendrick, que introduziram o Modelo SIR, que será discutido neste trabalho. Os estudiosos publicaram artigos que modelavam a transmissão de uma doença infecciosa por meio de um sistema de equações diferenciais. Este modelo, proposto em 1927, descreve dinâmica de uma população dividida em três compartimentos. Embora apresentem incertezas em relação aos números, devido a velocidade que as infecções mudam e dos dados que nem sempre são precisos, essa ciência acumula o conhecimento de, pelo menos, 250 anos.

Apesar de haver registros que o interesse no assunto remonta à Hipócrates, os estudos Bernoulli foram os primeiros que trouxeram resultados expressivos na área. Ele apresentou o resultado de seus estudos em dois artigos, com parâmetros que são utilizados até hoje para modelar o rumo de doenças infecciosas. O modelo de Bernoulli pode ser considerado predecessor do Modelo SIR, que será apresentado mais à frente nesse trabalho. Seu modelo dividia a população em dois compartimen-

tos, os indivíduos suscetíveis e os indivíduos imunes. Ele utilizou de variáveis que descreviam como as pessoas mudavam de compartimentos. Com o passar dos anos vários pesquisadores apresentaram estudos que resultaram em avanços no campo da Epidemiologia Matemática. Dentre eles, estão os escoceses Willian Ogilvy Kermack (1879-1970) e Anderson Gray McKendrick (1876-1943), do *Royal College of Physicians*, de Edimburgo, que em 1927, publicaram o artigo *A contribution to the mathematical theory of epidemics* (Kermack e McKendrick).

O texto que publicaram modelava a transmissão de uma doença infecciosa por meio de um sistema de equações diferenciais. Este modelo, assim como o de Bernoulli, descreve dinâmica de uma população dividida em compartimentos. Nesse, os grupos são divididos em suscetíveis, infectados e removidos, gerando o nome do modelo por meio das iniciais dos compartimentos, o Modelo SIR. A Figura 2.1 ilustra a dinâmica de como os indivíduos passam de um compartimento para o outro. O Capítulo 3 ilustrará melhor o desenvolvimento do Modelo SIR.

Figura 2.1: Dinâmica do Modelo SIR



Fonte: Autor.

O Modelo SIR trabalha com dois parâmetros de taxa de variação para descrever a passagem dos indivíduos entre os compartimentos do modelo. Usaremos β para descrever a taxa de infecção e γ para a taxa de remoção.

Antes de dar início aos estudos sobre o modelo em questão, segue abaixo um pouco sobre alguns termos usados para descrever infecções.

2.2 Definições Epidemiológicas

Desde o início de 2020, a palavra "pandemia" entrou no cotidiano de todas as pessoas ao redor do mundo. Essa palavra é usada para descrever uma doença que atinge níveis globais de infecção. No entanto, existem outras definições para doenças causadas por agentes infecciosos, que são dadas de acordo com a escala que essas doenças atingem. Abaixo estão expostas algumas definições segundo (Padilha).

Quando um agente infeccioso que se prolifera em um bairro e fica limitado à ele, ou apenas em regiões adjacentes, é dado o nome de surto. Trata-se de um aumento na frequência de casos maior que a normal esperada. Um foco de dengue em uma cidade pode desencadear um surto da doença, por exemplo.

Já se a infecção cresce, se espalhando para diversas regiões, estados ou cidades, causando um aumento no número de casos nesses locais, ela se torna uma epidemia. O número de casos para designação de uma epidemia varia de acordo com o agente e o tamanho, o tipo e suscetibilidade da população exposta, além de fatores como a sazonalidade da aparição da doença. O caso do Ebola na África em 2014 é um exemplo de epidemia.

Como dito antes, quando essa doença chega em níveis globais, temos uma pandemia. A pandemia ocorre quando a doença atinge vários países, quando ela é transmitida através do globo em níveis mundiais, é considerado o pior dos cenários, o que vivemos hoje com a COVID-19. Na próxima seção veremos com mais detalhe desse caso.

Outra definição usada é a de endemia, que é quando uma doença permanece em uma região, mas o número de casos não aumenta e a população convive com ela, que é o caso da, já citada, dengue no Brasil. A endemia não está conectada com escala quantitativa, mas sim com a incidência constante da doença em uma região.

Termos que dizem respeito às taxas da infecção também foram muito discutidos desde o início da Pandemia de Covid-19. A mortalidade e a letalidade de uma doença são indicadores que geralmente são confundidos. A primeira é uma medida do número de mortos em uma população em relação ao tamanho dessa população. A

segunda é a medida do número de mortes entre a quantidade de casos diagnosticados da doença, sendo esta mais difícil de ser verificada, já que casos leves e assintomáticos podem não ser notificados. Essa falta de notificação gera outro termo que passou a ser popular, a subnotificação de casos, que nada mais é do que a falta do registro em relatórios oficiais de um caso assintomático ou leve de uma doença infecciosa.

Como foi citado, a próxima seção trará um detalhamento maior sobre a COVID-19.

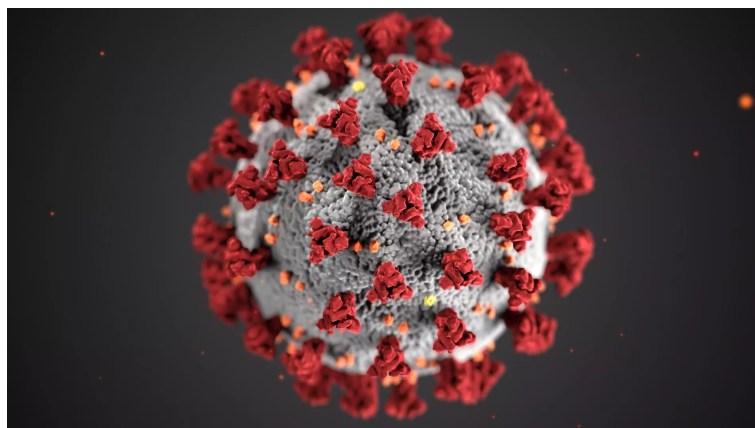
2.3 COVID-19

O nome COVID-19 tornou-se cada vez mais comum desde o início de 2020. Segundo reportagem da BBC, de 11 de fevereiro de 2020, a Organização Mundial de Saúde (OMS) nomeou oficialmente a doença de *Coronavirus Disease 2019* (doença por coronavírus 2019, na tradução livre), tendo como abreviação COVID-19.

Em 11 de março de 2020, a OMS deu a COVID-19 o status de pandemia, quando já estava presente em 114 países, de diferentes continentes. Desde o fim de 2019, a OMS havia sido alertada sobre novos casos de uma doença respiratória na cidade de Wuhan, província de Hebei, na República Popular da China. A suspeita era que a doença tivesse origem animal, pois os primeiros casos confirmados eram de trabalhadores do Mercado Atacadista de frutos do mar da região (Epidemiology Team). Em fevereiro de 2020 a COVID-19 já tinha matado mais que a doença causada pelo coronavírus conhecido como SARS-CoV-1 no início dos anos 2000. Tratava-se de uma nova cepa do coronavírus, que mais tarde receberia o nome de SARS-CoV-2 e entraria para história da humanidade como o causador da Pandemia de COVID-19, que paralisou o mundo em 2020.

Após a OMS declarar pandemia, os países do mundo começaram a entrar em *lockdown*. Nesse período, o número de casos na Europa dobrava entre dois e quatro dias. Termos como “achatamento da curva”, “distanciamento social”, “quarentena”, “*home office*” e “*lockdown*” entraram no cotidiano das pessoas. Segundo reportagem do G1, de 8 de abril de 2020, estima-se que mais de 4 bilhões de pessoas tenham

Figura 2.2: SARS-CoV-2, imagem ilustrativa



Fonte: CDC / Unsplash.

entrado em quarentena nos primeiros meses de pandemia. O mundo praticamente parou devido às medidas tomadas pelas autoridades locais. No começo sabia-se muito pouco sobre a doença e os dados estavam incompletos, dificultando o trabalho dos pesquisadores. A subnotificação de casos, fazia parecer que os modelos apresentados eram mais alarmantes do que a realidade e a crescente veiculação de desinformações sobre a pandemia abalava a confiabilidade desses estudos. Porém, esses mostraram-se de grande valia no enfrentamento da pandemia. Tais estudos, como o do *Imperial College London*(Walker et al), indicavam números alarmantes caso nenhuma providência fosse tomada. Cidades como Milão, na Itália, optaram por não aderir a medidas restritivas de circulação e os números se confirmaram por lá, como admitiu o prefeito na época, de acordo com reportagem do G1, de 27 de março de 2020.

No Brasil, a pandemia começou um pouco mais tarde que nos outros países, mas não menos perigosa. No país, a COVID-19 foi enfrentada num contexto de grande desigualdade social, onde, para algumas famílias, era impraticável o isolamento, devido a condições precárias de habitação e saneamento.

Nesse contexto conturbado, 2020 passou e entrou-se em 2021 na espera de uma vacina eficaz contra o vírus. Os esforços científicos trouxeram as vacinas, mas com níveis de eficácia diferentes e nenhuma capaz de imunizar completamente, porém

eficazes o suficiente para amenizar os sintomas. Chega-se em 2022 com essa realidade.

Dessa forma, em 2022, a variante predominante no mundo é a Ômicron, mas existem outras que ficam sob observação. Essas mutações, características dos vírus, fazem com que sejam necessários cada vez mais estudos na área e, desde o início da pandemia, a comunidade científica tem se esforçado para modelar a infecção, de forma a dar às autoridades alternativas para enfrentar essa situação. Várias pesquisas e estudos foram feitas desde então e o objetivo deste trabalho é apresentar um modelo e uma forma de aplicá-lo, como vários outros trabalhos feitos antes.

Capítulo 3

O Modelo SIR

Neste capítulo será dada uma breve introdução aos estudos de Kermack e McKendrick (Kermack e McKendrick), para depois apresentar o Modelo SIR simples, que será usado no Capítulo 4 na aplicação e análise dos dados.

3.1 Introdução ao Modelo SIR, por Kermack e McKendrick

Para começar os estudos sobre o Modelo Epidemiológico SIR (Suscetíveis-Infectedos-Removidos), primeiro considera-se a duração de uma epidemia observada em intervalos de tempo, onde a infecção aparece na mudança entre os intervalos, e não durante eles. As equações que descrevem a infecção são definidas nessa mudança de intervalos. O tamanho de cada intervalo é considerado constante como a unidade de tempo e denota-se $v_{t,\theta}$, como a quantidade de indivíduos no intervalo t que foram infectados por θ intervalos. Ou seja, t denota em qual intervalo o indivíduo foi infectado e θ a quantidade de intervalos que o indivíduo fica infectado. O total de pessoas infectadas no intervalo t é dado por

$$y_t = \sum_{\theta=0}^t v_{t,\theta}.$$

Denota-se por v_t como o número de novos infectados, onde em geral

$$v_t = v_{t,0},$$

Tabela 3.1: Processo de Infecção

Novas infecções	Número de infectados	Número de doentes
v_0	$v_{0,0}$	y_0
	↘	
v_1	$v_{1,0}$ $v_{1,1}$	y_1
	↘ ↘	
v_2	$v_{2,0}$ $v_{2,1}$ $v_{2,2}$	y_2
	↘ ↘ ↘	
v_3	$v_{3,0}$ $v_{3,1}$ $v_{3,2}$ $v_{3,3}$	y_3
	↘ ↘ ↘ ↘	
v_4	$v_{4,0}$ $v_{4,1}$ $v_{4,2}$ $v_{4,3}$ $v_{4,4}$	y_4

exceto na origem da infecção, onde assumimos um número y_0 de infectados. Dessa forma,

$$v_{0,0} = v_0 + y_0. \quad (3.1)$$

Todo o processo de infecção é indicado na Tabela 3.1, onde a seta indica a evolução da infecção em cada indivíduo até ele ser removido.

Ao denotar como o grau de remoção, tem-se o número de removidos para cada grupo θ no final do intervalo t igual à $\Psi_\theta v_{t,\theta}$, que também pode ser dado por

$$\Psi_\theta v_{t,\theta} = v_{t,\theta} - v_{(t+1),(\theta+1)}.$$

Portanto,

$$\begin{aligned} v_{t,\theta} &= v_{(t-1),(\theta-1)} - \Psi_{(\theta-1)} \cdot v_{(t-1),(\theta-1)} \\ v_{t,\theta} &= v_{(t-1),(\theta-1)} \cdot (1 - \Psi_{(\theta-1)}) \\ v_{t,\theta} &= v_{(t-2),(\theta-2)} \cdot (1 - \Psi_{(\theta-2)}) \cdot (1 - \Psi_{(\theta-1)}) \\ &\vdots \\ v_{t,\theta} &= v_{(t-\theta),0} \cdot B_\theta, \end{aligned} \quad (3.2)$$

onde $B_\theta = (1 - \Psi_{(\theta-2)}) \cdot (1 - \Psi_{(\theta-1)}) \cdot \dots \cdot (1 - \Psi_0)$.

Dessa forma v_t é o número de indivíduos que foram infectados no intervalo t , e deve ser

$$v_t = x_t \cdot \sum_{\theta=1}^t \Phi_{\theta} \cdot v_{t,\theta},$$

Ψ_{θ} onde x_t é o número de indivíduos que não foram infectados e Φ_{θ} é o grau de infecção no momento θ . Neste trabalho assume-se que um indivíduo não é infeccioso no início da infecção, portanto considera-se $\Phi_0 = 0$. Segue então que a chance de acontecer uma nova infecção é proporcional ao número de indivíduos infectados e o número de não infectados.

Dessa forma, a quantidade de novas infecções é dada por

$$v_t = x_t \cdot \left(\sum_{\theta=1}^t \Phi_{\theta} \cdot v_{t,\theta} \right).$$

Por 3.2, segue que

$$v_t = x_t \cdot \left(\sum_{\theta=1}^t \Phi_{\theta} \cdot B_{\theta} \cdot v_{(t-\theta,0)} \right).$$

E, por 3.1, conclui-se que

$$v_t = x_t \cdot \left(\sum_{\theta=1}^t A_{\theta} \cdot v_{(t-\theta)} + A_t \cdot y_0 \right), \quad (3.3)$$

onde $A_{\theta} = \Phi_{\theta} \cdot B_{\theta}$.

Por outro lado, para o número de pessoas não infectadas, segue que

$$x_t = N - \sum_{t=0}^t v_{t,0}$$

$$x_t = N - (v_{0,0} + v_{1,0} + v_{2,0} + \cdots + v_{t,0})$$

Sabendo que $v_t = v_{t,0}$ (exceto para $v_{0,0}$) e pela Equação 3.1, tem-se

$$x_t = N - \sum_{t=0}^t v_t - y_0, \quad (3.4)$$

onde N é a população total, que é considerada constante.

Definindo z_t como o número de indivíduos removidos, então

$$x_t + y_t + z_t = N. \quad (3.5)$$

Dessa maneira, como definimos $y_t = \sum_{\theta=0}^t v_{t,\theta}$, obtêm-se

$$y_t = B_\theta \cdot (v_{0,0} + v_{1,0} + v_{2,0} + \cdots + v_{t-\theta,0})$$

$$y_t = \sum_{\theta=0}^t B_\theta \cdot v_{(t-\theta)} + B_t \cdot y_0. \quad (3.6)$$

Para descobrir o número de não infectados de um intervalo, basta subtrair as novas infecções no intervalo anterior da quantidade de não infectados no intervalo anterior, ou seja,

$$x_{(t+1)} = x_t - v_t$$

Reorganizando a equação tem-se

$$-v_t = x_{(t+1)} - x_t. \quad (3.7)$$

Daí, a Equação 3.3 pode ser escrita como

$$x_t - x_{(t+1)} = x_t \cdot \left(\sum_{\theta=1}^t A_\theta \cdot v_{(t-\theta)} + A_t \cdot y_0 \right). \quad (3.8)$$

Para descobrir o número de indivíduos removidos no fim do intervalo t basta subtrairmos z_t de $z_{(t+1)}$, donde

$$z_{(t+1)} - z_t = \sum_1^t \Psi_\theta \cdot v_{t,\theta},$$

onde considera-se que no início da infecção não há remoção, logo $\Psi_0 = 0$.

Dessa forma, como foi feito anteriormente com o somatório e utilizando as Equações 3.1 e 3.2, conclui-se que

$$z_{(t+1)} - z_t = \sum_1^t \Psi_\theta \cdot B_\theta \cdot v_{(t-\theta)} + \Psi_t \cdot B_t y_0.$$

Fazendo $C_\theta = \Psi_\theta \cdot B_\theta$, segue que

$$z_{(t+1)} - z_t = \sum_1^t C_\theta \cdot v_{(t-\theta)} + C_t \cdot y_0. \quad (3.9)$$

Assim, pela Equação 3.5, pode-se montar o Sistema 3.10.

$$\begin{cases} x_{t+1} + y_{t+1} + z_{t+1} = N \\ x_t + y_t + z_t = N. \end{cases} \quad (3.10)$$

Subtraindo a segunda equação da primeira, no Sistema 3.10, tem-se

$$\begin{aligned} x_{(t+1)} - x_t + y_{(t+1)} - y_t + z_{(t+1)} - z_t &= 0 \\ y_{(t+1)} - y_t &= x_t - x_{(t+1)} - (z_{(t+1)} - z_t) \end{aligned}$$

Assim, pelas Equações 3.8 e 3.9, sai que

$$y_{(t+1)} - y_t = x_t \cdot \left(\sum_1^t A_\theta \cdot v_{(t-\theta)} + A_t \cdot y_0 \right) - \left(\sum_1^t C_\theta \cdot v_{(t-\theta)} + C_t \cdot y_0 \right). \quad (3.11)$$

Se cada intervalo for dividido em subintervalos cada vez menores, então, no limite, as Equações 3.4,3.7,3.8 e 3.9 se tornam

$$x_t + y_t + z_t = N, \quad (3.12)$$

$$v_t = -\frac{dx_t}{dt}, \quad (3.13)$$

$$\frac{dx_t}{dt} = -x_t \cdot \left(\int_0^t A_\theta \cdot v_{(t-\theta)} d\theta + A_t \cdot y_0 \right), \quad (3.14)$$

$$\frac{dz_t}{dt} = \int_0^t C_\theta \cdot v_{(t-\theta)} d\theta + C_t \cdot y_0. \quad (3.15)$$

e da Equação 3.6 sai que

$$y_t = \int_0^t B_\theta v_{(t-\theta)} d\theta + B_t y_0, \quad (3.16)$$

onde $B_\theta = e^{-\int_0^\theta \Psi(a) da}$, $A_\theta = \Phi_\theta \cdot B_\theta$ e $C_\theta = \Psi_\theta \cdot B_\theta$.

No entanto, a resolução dessas equações é complexa para o intuito desse trabalho. Indica-se que o leitor busque no trabalho de Kermack e McKendrick (Kermack e McKendrick) para melhor compreensão. Nesse sentido, a próxima seção trabalhará com sua forma mais conhecida, a partir do que foi exposto até aqui.

3.2 Modelo SIR Simples

A partir da Equação 3.12, a fim de usar as letras que dão nome ao modelo, chama-se $x_t = s$, $y_t = i$ e $z_t = r$, de forma que agora tem-se

$$s + i + r = N, \quad (3.17)$$

onde s , i e r estão em função de t .

Para trabalhar com valores proporcionais da população total, será usado $S = \frac{s}{N}$, $I = \frac{i}{N}$ e $R = \frac{r}{N}$, de modo que a Equação 3.17 fique

$$S + I + R = 1, \quad (3.18)$$

onde S , I e R representam, respectivamente, os indivíduos Suscetíveis, Infectados e Removidos.

Com o intuito de usar o Modelo SIR básico normalizado, serão usadas as seguintes hipóteses (Tavares) para facilitar sua análise. São elas:

H1 A população analisada é muito numerosa, portanto desconsideram-se efeitos aleatórios pertinentes à particularidades dos indivíduos entre outros fatores;

H2 A população é considerada homogeneamente misturada, de forma que suscetíveis e infectados estão distribuídos aleatoriamente na área analisada;

H3 A doença é transmitida por proximidade ou contato entre suscetível e infectado;

H4 Não considera-se período de latência da doença, isto é, o indivíduo fica infectado logo após a transmissão;

H5 Uma vez removidos, os infectados são considerados imunes à doença, pelo menos no período de análise;

H6 As taxas de natalidade e mortalidade, exceto pela doença, são desconsideradas.

A Figura 3.1 traz o esquema de funcionamento da taxa de variação entre os compartimentos do Modelo SIR. A variação proporcional ao número de elementos Suscetíveis e Infectados multiplicados pela taxa de infecção β mostra quantos indivíduos mudaram de S para I por unidade de tempo. O número de indivíduos que

Figura 3.1: Taxas de Variação no Modelo SIR



Fonte: Autor.

passa de I para R é proporcional ao número de Infectados multiplicado pela taxa de remoção γ . Dessa forma, o modelo é dado pelas equações abaixo:

$$\frac{dS}{dt} = -SI\beta; \quad (3.19)$$

$$\frac{dI}{dt} = SI\beta - I\gamma; \quad (3.20)$$

$$\frac{dR}{dt} = I\gamma. \quad (3.21)$$

Pela hipótese **H6** nota-se que o número de indivíduos suscetíveis S é decrescente e o número de indivíduos removidos R é crescente, durante o período de análise.

Dadas as equações, pergunta-se quando a infecção cresce, a ponto de tornar-se um surto, epidemia ou pandemia?

Note que a infecção cresce se o número de infectados aumenta, ou seja, se a taxa de mudança de infectados $\frac{dI}{dt} > 0$. Assim, I aumenta se e somente se a derivada de I em relação a t for maior que zero, ou seja,

$$I_a \Leftrightarrow \frac{dI}{dt} > 0,$$

onde I_a significa que o número de indivíduos infectados I aumenta. Logo,

$$\frac{dI}{dt} = S \cdot I \cdot \beta - I \cdot \gamma = (S \cdot \beta - \gamma) \cdot I > 0.$$

Segue que,

$$(S \cdot \beta - \gamma) \cdot I > 0 \Leftrightarrow S \cdot \beta > \gamma \Leftrightarrow \frac{S \cdot \beta}{\gamma} > 1.$$

Dessa maneira, temos

$$I_a \Leftrightarrow \frac{S \cdot \beta}{\gamma} > 1,$$

onde $S \cdot \beta$ é a taxa de infectados causadores de novas doenças e $\frac{1}{\gamma}$ é o tempo médio no qual um indivíduo fica infectado.

Como, no início da infecção, o número de suscetíveis é praticamente igual ao da população total, temos $S \approx 1$. Define-se então que,

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}, \quad (3.22)$$

onde R_0 é o número básico de reprodução de uma doença infecciosa. O R_0 mede a transmissibilidade de um agente infeccioso. Ele é a medida média de infecções causadas por um indivíduo.

Então,

$$I_a \Leftrightarrow R_0 > 1.$$

Uma consequência disso é que a infecção diminui se $R_0 < 1$, fazendo com que a infecção desapareça. Por isso que o valor de R_0 é de muita importância para descrever o desenvolvimento de uma infecção. No próximo capítulo será mostrado como pode-se usar o R_0 para definir os parâmetros utilizados no Modelo SIR.

Capítulo 4

Aplicação do Modelo SIR

Neste capítulo será apresentada uma forma de usar a linguagem R para obter a modelagem do Modelo SIR a partir de valores iniciais. Foram coletados dados da Secretaria de Saúde do Mato Grosso do Sul (SES) para gerar e comparar os valores obtidos com os valores reais da Pandemia de COVID-19. Uma vez que seja compreendido o modelo, pode-se utiliza-lo para aplicar em qualquer localidade, no entanto, o objeto de desta observação será o estado do Mato Grosso do Sul.

Para resolução do Modelo SIR, será introduzido o conceito de Problema de Valor Inicial (PVI), que trabalha as Equações 3.19, 3.20 e 3.21 com valores iniciais para S , I e R , que chamaremos de S_i , I_i e R_i , respectivamente, onde i representa o dia zero de observação do início da infecção. Os valores S_i , I_i e R_i , serão os valores iniciais para cada compartimento do Modelo SIR no início da infecção, ou no momento que se deseje fazer a observação.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -S \cdot I \cdot \beta \\ \frac{dI}{dt} = S \cdot I \cdot \beta - I \cdot \gamma \\ \frac{dR}{dt} = I \cdot \gamma \\ S = S_i, I = I_i \text{ e } R = R_i \end{cases} \quad (4.1)$$

O Sistema 4.1 é resolvido pelo método Runge-Kutta (Asano e Colli). A seguir será aplicado o Modelo SIR em um exemplo, fazendo uso da Linguagem R para adaptação ao modelo e mostrar um método de determinar os parâmetros β e γ .

4.1 Resolvendo o Modelo SIR utilizando a Linguagem R

Suponha um agente infeccioso com $R_0 = 1,7$ e tempo médio de infecção de 3,8 dias. Como mostrado na Equação 3.22, $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$, tem-se

$$\beta = R_0\gamma.$$

Sabendo que o tempo médio de infecção é dado por $\frac{1}{\gamma}$, tem-se os parâmetros $\gamma = 0,2632$ e $\beta = 0,4474$. Para simular a infecção serão usados os valores iniciais S_i , I_i e R_i para população a partir de $N = 100$, $s = 99$, $i = 1$ e $r = 0$. Os gráficos da infecção serão analisados por um período de 90 dias.

Tabela 4.1: Códigos Utilizados

Código	Descrição
<code>parameters <- c(beta=0.4474, gamma=0.2632)</code>	Atribui valores aos parâmetros β e γ .
<code>initials <- c(S=99/100,I=1/100,R=0)</code>	Atribui valores iniciais aos compartimentos de indivíduos S , I e R .
<code>sir <- SIR(pars=parameters,init=initials,time=0:90)</code>	Resolve o Modelo SIR, utilizando os valores anteriormente atribuídos e o tempo estipulado.
<code>PlotMods(sir)</code>	Plota os gráficos de cada compartimento do Modelo SIR.

Para resolver e gerar os gráficos do Sistema 4.1 será usada a linguagem R, por meio do Software RStudio versão 4.2.0, utilizando o pacote *EpiDynamics* (Santos e Silveira). Uma vez dentro do software citado, com o pacote carregado, utiliza-se dos códigos

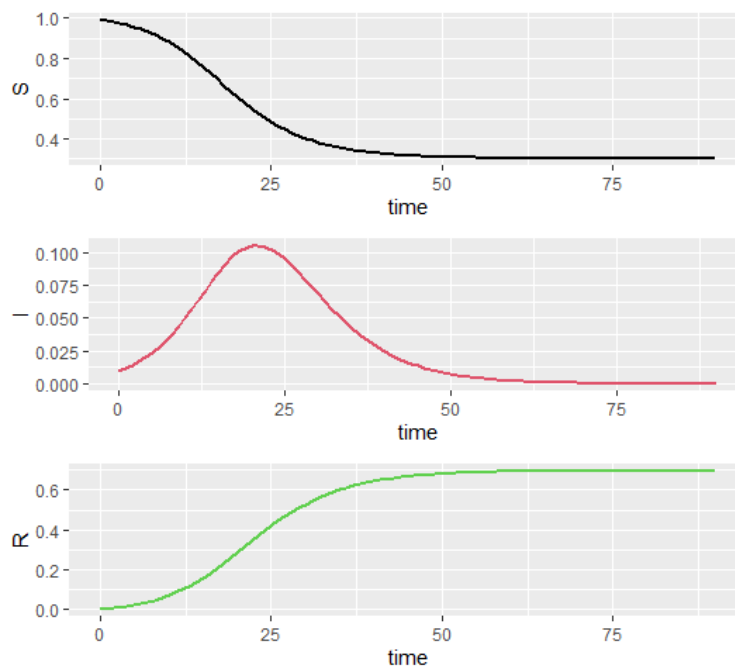
contidos na Tabela 4.1. A Tabela 4.2 traz os resultados do 10 primeiros dias de infecção, com os parâmetros dados no exemplo. A Figura 4.1 traz o gráfico dos compartimentos do Modelo SIR da infecção apresentada como exemplo.

Tabela 4.2: Resultados dos 10 primeiros dias de infecção

Dia	Suscetíveis	Infectados	Removidos
0	0,9900000	0,0100000	0,0000000
1	0,9851597	0,0119569	0,0028833
2	0,9794131	0,0142618	0,0063250
3	0,9726104	0,0169641	0,0104254
4	0,9645937	0,0201116	0,0152946
5	0,9551937	0,0237505	0,0210557
6	0,9442359	0,0279205	0,0278434
7	0,9315482	0,0326498	0,0358019
8	0,9169718	0,0379481	0,0450800
9	0,9003738	0,0438000	0,0558261
10	0,8816628	0,0501567	0,0681804

Os valores do Modelo SIR, no final da análise são de $S = 0,3025$, $I = 4,5581 \times 10^{-5}$ e $R = 0,6974$. A infecção tem seu pico de indivíduos infectados no dia 21, com $I = 1,0547 \times 10^{-1}$. Após esse dia o número de infectados começa a diminuir, até chegar no patamar citado acima, no nonagésimo dia.

Figura 4.1: Exemplo



Fonte: Autor.

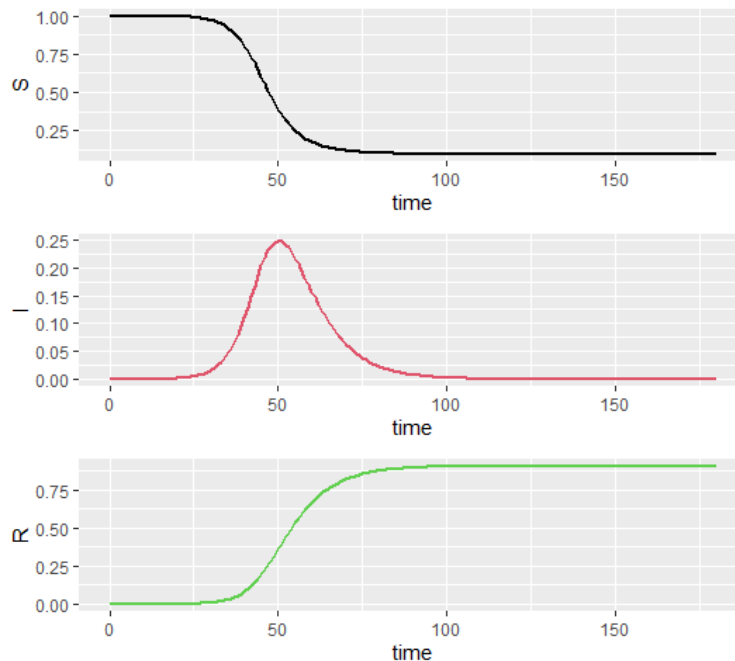
A próxima seção traz a aplicação do Modelo SIR no início da infecção no estado do Mato Grosso do Sul e sua comparação com os dados reais da infecção.

4.2 Aplicação do Modelo SIR em Mato Grosso do Sul, com dados do início da infecção

Inicialmente, como visto no exemplo acima, para estimar os parâmetros de análise, precisa-se dos valores de R_0 e γ . Pode-se ver que, segundo (Gu et al), estima-se $R_{0_1} = 2,6$ para março de 2020, já em (UFPB) tem-se $R_{0_2} = 1,52$, para a data de primeiro de abril de 2020. Para este trabalho será utilizado o tempo médio de infecção de 7 dias. Dessa forma tem-se $\gamma = 0,1429$, $\beta_1 = 0,3714$ (referente à R_{0_1}) e $\beta_2 = 0,2171$ (referente à R_{0_1}). Para os valores iniciais serão usados $N = 2.800.000$, $s = 2.799.952$, $i = 48$ e $r = 0$, com dados do Boletim Epidemiológico de 26 de fevereiro de 2021. Serão feitas duas simulações no RStudio, uma para cada valor de β descoberto, e serão comparadas aos dados reais da infecção. O tempo de

observação da infecção será de 180 dias.

Figura 4.2: Simulação com β_1



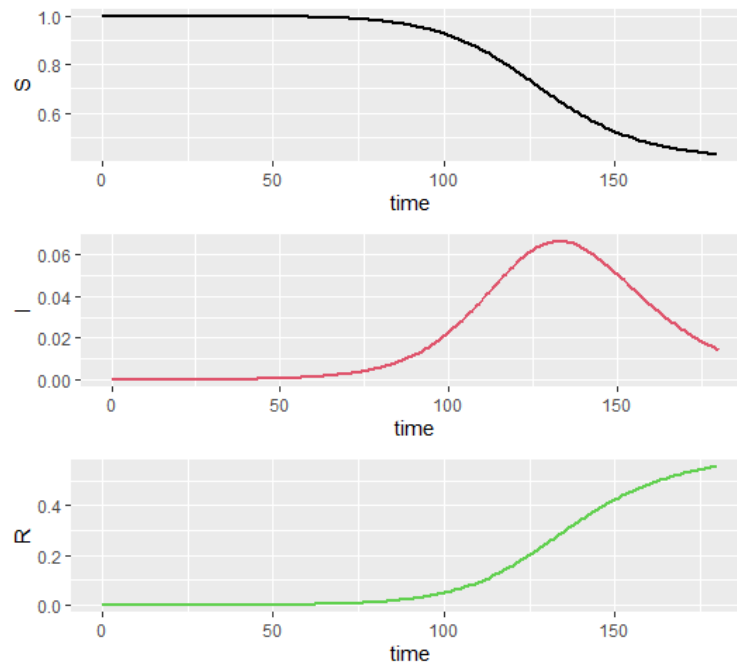
Fonte: Autor.

As Figuras 4.2 e 4.3 representam os resultados para os parâmetros β_1 e β_2 , respectivamente. Enquanto a Figura 4.4 representa o Boletim Epidemiológico de Mato Grosso do Sul, obtido em 26 de fevereiro de 2021. Vale ressaltar que o valor de R_{0_1} de (Gu et al) foi publicado em março de 2020, antes de ter-se dados mais precisos da pandemia. Enquanto o valor R_{0_2} , de (UFPB), é um dado coletado em junho de 2022, para o número básico de reprodução do vírus em primeiro de abril de 2020, quando as informações já estavam mais concretas.

Comparando pelos gráficos, pose-se observar que há mais semelhança entra o gráfico da Figura 4.3 com o da Figura 4.4, do que o Figura 4.2 com o gráfico do boletim epidemiológico. Isso se dá pelo fato de os dados já estarem consolidados.

O período de 180 dias, que compreendem as simulações, vai de primeiro de abril de 2020 a 28 de setembro de 2020. Na Figura 4.4, tem-se vários picos de número de infectados. Porém no período observado, tem-se um número próximo dos 8.000 infectados em meados de setembro de 2020. Na Figura 4.3 o gráfico de I tem valor

Figura 4.3: Simulação com β_2



Fonte: Autor.

máximo no dia 133, que seria exatamente no dia 12 de agosto de 2020, com o valor de $I = 0,0665$, que indica o total de 186.226,05 infectados nessa data. Já na Figura 4.2, tem-se o valor máximo de I no dia 50, no dia 21 de maio de 2020, com o valor de $I = 2,4770 \times 10^{-1}$, dando 691.877,2 infectados nessa data.

Figura 4.4: Boletim Epidemiológico de Casos Ativos de COVID-19



Fonte: Boletim Epidemiológico COVID-19 de Mato Grosso do Sul.

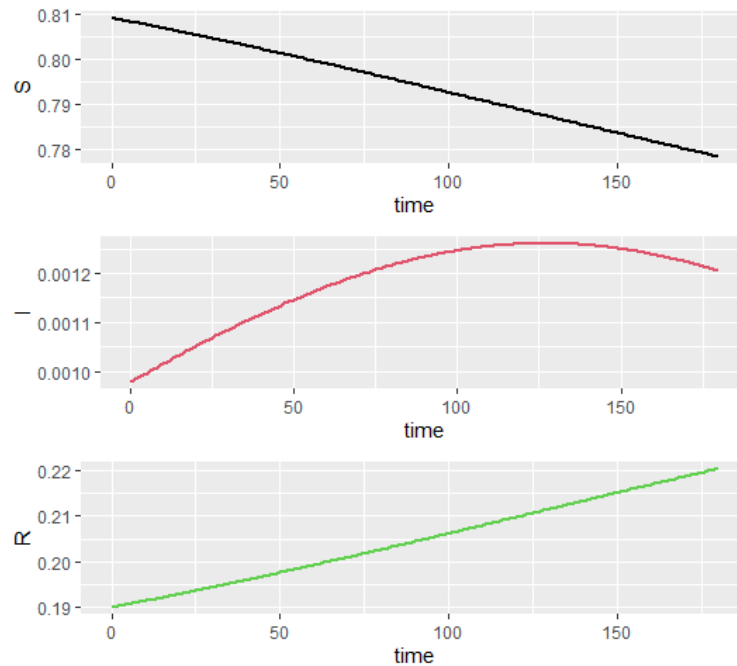
(31/05/2022)

Dessa forma, pode-se concluir que a coleta de dados é de suma importância para o melhor funcionamento do Modelo SIR. Pois, com valores mais precisos, consegue-se que o modelo fique cada vez mais próximo à realidade.

4.3 Aplicação do Modelo SIR em Mato Grosso do Sul, com dados do atuais da infecção

Agora a observação será feita a partir de dados atuais, para simular o que se pode esperar, por meio do Modelo SIR, da evolução da infecção. Por (UFPB), obtém-se o valor de $R_0 = 1,2701$, para data de 6 de junho de 2022. O tempo médio de infecção será o mesmo usado acima, que dá $\gamma = 0,1429$ e, conseqüentemente, $\beta = 0,1814$. Para os valores iniciais serão usados $N = 2.800.000$, $s = 2.265.358$, $i = 2.740$ e $r = 531.902$, com dados do Boletim Epidemiológico de 31 de maio de 2022. A simulação no RStudio terá o tempo de observação da infecção de 180 dias.

Figura 4.5: Simulação com dados atuais



O período de 180 dias, que compreende a simulação, vai de 6 de junho de 2022 a 3 de dezembro de 2022. O Modelo SIR indica um aumento no número de casos. Na Figura 4.5 o gráfico de I tem valor máximo no dia 127, que será exatamente no dia 11 de outubro 2022, com o valor de $I = 0,001261300$, que dará o total de 3.531,64 infectados nessa data.

Pelo que foi mostrados dos dados passados, a previsão não chega a ser precisa, mas pode nortear possíveis medida que possam ser tomadas.

A seguir, será feita uma análise dos dados apresentados nesse capítulo, bem como nossas considerações sobre o Modelo SIR.

Capítulo 5

Considerações Finais

No decorrer da pesquisa, foi possível testar a capacidade de previsão do Modelo SIR. No Capítulo 4 é notório que quanto mais precisos os dados melhor se sai a simulação, mesmo assim, as simulações passaram longe de dizer exatamente o que ocorreu na época em que foi observada a infecção. No entanto, foi perceptível notar os efeitos positivos que a modelagem matemática ofereceu no caso do enfrentamento da COVID-19. Afinal, foi a partir do anúncio da OMS, que a COVID-19 tinha escalado para uma pandemia, que medidas restritivas foram tomadas por todo o mundo. Tais medidas foram influenciadas pela enxurrada de pesquisas epidemiológicas feitas na época. E, mesmo com as discussões político-econômicas que surgiram no início da pandemia, foi possível evitar cenários mais catastróficos, apontados em alguns estudos.

Na comparação dos gráficos, nota-se a diferença de três meses entre os picos de números de infectados das simulações feitas. A falta de dados e a própria dinâmica de mutação do vírus dificulta o alcance de maior precisão com o Modelo SIR. Na busca de atingir resultados mais satisfatórios, vê-se a necessidade de aprimorar o modelo para refletir melhor a realidade. Os estudos feitos requerem mais reflexões para adaptar o Modelo SIR para cobrir mais aspectos de uma infecção. Nesse trabalho foram trabalhadas hipóteses que generalizavam a população, desconsiderando alguns espectros, como faixa etária, por exemplo. Contudo, o modelo, na forma que foi apresentada, pode ser usado de maneira eficaz para modelagem da COVID-19, desde

que ajustado sempre que dados melhores sejam coletados. Levando em consideração que o vírus está em constante adaptação com o ambiente, o modelo deve seguir o mesmo caminho.

Há na literatura modelos derivados e semelhantes ao Modelo SIR. O Modelo SIRS é um deles, pois admite a reinfeção, o que descreve melhor a situação da COVID-19. Tal modelo não foi explorado no trabalho devido a falta de ferramentas de resolução.

Porém, o Modelo SIR mostra sua robustez para períodos curtos de infecção, de maneira que assim como o vírus muda, pode-se mudar as condições iniciais dadas, para atingir uma melhor precisão na modelagem.

Fica claro a importância da existência de mais estudos na área de Epidemiologia Matemática, de forma que os modelos tracem com mais acuracidade a dinâmica das doenças infecciosas.

Referências Bibliográficas

- [Ujvari] UJVARI, S. C. **História das epidemias**. Editora Contexto, 2020.
- [Dietz] DIETZ, K & HEESTERBEEK, J.A.P. Daniel Bernoulli's epidemiological model revisited. **Mathematical biosciences**, v. 180, n. 1-2, p. 1-21, 2002.
- [Padilha] PADILHA, L. L. FUNDAMENTOS DE ESTATÍSTICA E EPIDEMIOLOGIA. 1ª Edição, 2019.
- [Epidemiology Team] TEAM, Epidemiology. The epidemiological characteristics of an outbreak of 2019 novel coronavirus diseases (COVID-19) - China, 2020. **China CDC weekly**, v. 2, n. 8, p. 113, 2020.
- [Walker et al] WALKER, P. G.T. & WHITTAKER, C. & WATSON, O. *et al.* The Global Impact of COVID-19 and Strategies for Mitigation and Suppression. **Imperial College London**. 2020. DOI: <https://doi.org/10.25561/77735>
- [Kermack e McKendrick] KERMAK, W. O. & MCKENDRICK, A. G. 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**, v. 115, n. 772, p. 700-721, 1927.
- [Tavares] TAVARES, J. N. Modelo SIR em epidemiologia. **Revista Ciências Elementar** V5(2):020. DOI <http://doi.org/10.24927/rce2017.020>
- [SES] SECRETARIA DE ESTADO DO MS, ALERTA CORONAVÍRUS MS. c2022. Disponível em: <<http://www.coronavirus.ms.gov.br/>>. Acesso em: 06 de junho de 2022.

- [Asano e Colli] ASANO, C. H. & COLLI, E. . Cálculo Numérico-Fundamentos e Aplicações. **Departamento de Matemática Aplicada, IME-USP** v. 15, 2009.
- [Santos e Silveira] SANTOS, O.B. & SILVEIRA, F. M. EpiDynamics: Dynamic Models in Epidemiology. **R package version 0.3.0**, 2015.
- [Gu et al] GU, C.& JIANG, W. & ZHAO, T. & ZHENG, B. Mathematical recommendations to fight against COVID-19. **Available at SSRN 3551006**, 2020.
- [UFPB] Covid-19: Estimação do Número Reprodutivo Efetivo. **Observatório de Síndromes Respiratórias da UFPB**, 2022. Disponível em: <https://shiny.de.ufpb.br/rt_estim/>. Acesso em: 06 de junho de 2022.
- [De Barros] DE BARROS, A. M. R. Modelos matemáticos de equações diferenciais ordinárias aplicados à epidemiologia. **Revista de Ciências Exatas e Tecnologia**, v. 2, n. 2, p. 62-67, 2007.