

UM MODELO EPIDEMIOLÓGICO APLICADO À DISSEMINAÇÃO DA COVID-19

Jefferson H. Bezerra

Universidade Estadual da Paraíba

uepbjeff@gmail.com

Aldo Trajano Lourêdo

Universidade Estadual da Paraíba

aldolouredo@gmail.com

Adriano A. Batista

Universidade Federal de Campina Grande

adrianobat@gmail.com

Severino Horácio da Silva

Universidade Federal de Campina Grande

horaciousp@gmail.com

Resumo

Neste trabalho, adaptamos o bem conhecido e testado modelo epidemiológico compartimental SIR de Kermack e Mckendrick (1927) para modelar a dinâmica de disseminação da COVID-19 no Brasil, bem como nos estados da Paraíba e Sergipe e nas cidades de Campina Grande-PB, Aracaju-SE e em Itabaiana-SE. Validamos o nosso modelo epidemiológico com a comparação com dados oficiais dos números de casos confirmados e de óbitos devidos à pandemia no Brasil, na Paraíba e em Sergipe e nas cidades de Campina Grande-PB, Aracaju-SE e em Itabaiana-SE. Obtivemos ótimos ajustes ao permitirmos a variação temporal da taxa de contágio, o que reflete a maior ou menor adesão do distanciamento social pelas populações envolvidas.

Palavras chaves: Modelo epidemiológico; COVID-19.

Abstract

In this work, we adapt the well-known and tested epidemiological compartmental model SIR developed by Kermack and McKendrick (1927) to model the dissemination dynamics of COVID-19 in Brazil, in the states of Paraíba and Sergipe and in the cities of Campina Grande-PB, Aracaju-SE and in Itabaiana-SE. We validate our epidemiological model by comparing the official data of confirmed, and deaths due to the pandemics. We obtained very good fits by allowing a time variation in the rate of contagion, what reflects a lower or higher adherence to social distancing by the involved populations.

Keywords: epidemiological model; COVID-19.

1 Introdução

A pandemia da COVID-19 originou-se na cidade de Wuhan, província de Hubei, na China em dezembro de 2019, e a partir daí espalhou-se pela Ásia e Europa e, posteriormente, para os outros continentes. Segundo a Organização Mundial de Saúde (OMS), embora cerca de 80% das pessoas infectadas apresentem sintomas simples (equivalentes ao de uma gripe comum), as pessoas idosas e as que têm um histórico de outras patologias como diabetes, doenças cardiovasculares e síndrome respiratória crônica podem desenvolver sérios problemas após serem infectadas pelo vírus SARS-CoV-2.

O primeiro caso confirmado de COVID-19 no Brasil ocorreu em 25 de fevereiro de 2020, quando um homem de 61 anos que acabara de retornar da Itália testou positivo. No Brasil e na maioria dos países a política de distanciamento social tem sido adotada para diminuir a velocidade de contágio e assim permitir que os sistemas de saúde não entrem em colapso e tenham condições para tratar os casos mais graves da doença.

Na Paraíba, segundo a Secretaria de Estado da Saúde, o primeiro caso de COVID-19 confirmado foi registrado em 18 de março de 2020. Tratou-se de um homem de 60 anos, residente no município de João Pessoa, com histórico de viagem para a Europa, tendo retornado ao Brasil no dia 29 de fevereiro de 2020. Em 31 de março de 2020 foi registrada a primeira morte no estado.

Em Campina Grande, o primeiro caso de infecção por esse vírus só veio a ser registrado em 27 de março de 2020, quando um homem de 42 anos testou positivo para a COVID-19. A primeira morte pela COVID-19 na cidade só foi registrada em 19 de abril de 2020.

No Estado de Sergipe, segundo a Secretaria de Estado da Saúde, o primeiro caso de COVID-19 confirmado foi registrado em 14 de março de 2020. Tratou-se de uma mulher, com 36 anos, que tinha retornado de uma viagem à Espanha. A primeira morte no estado foi registrada em 02 de abril de 2020 (ver www.saude.se.gov.br/ha-um-ano-sergipe-registrava-primeiro-caso-da-covid-19). Na cidade de Itabaiana, o primeiro caso de COVID-19 foi registrado em 05 de abril de 2020, quando uma mulher de 35 anos testou positivo (ver, itabaiana.pb.gov.br/site/a-prefeitura-de-itabaiana-confirma-o-primeiro-caso-de-covid-19-no-municipio).

Neste trabalho, adaptamos o bem conhecido modelo epidemiológico SIR, proposto por Kermack e McKendrick em 1927 [10] para estudarmos a evolução da disseminação da Covid-19 e do número de mortes causadas por essa enfermidade respiratória contagiosa no Brasil, nos estados da Paraíba e Sergipe e nas cidades de Campina Grande-PB, Aracaju-SE e Itabaiana-SE. O modelo teórico proposto foi validado com a comparação com os dados epidemiológicos dos números de casos confirmados, de recuperados e de óbitos em consequência da COVID-19 no Brasil, nos estados da Paraíba e de Sergipe

e nas cidades de Campina Grande, Aracaju e Itabaiana. Obtivemos ótimos ajustes ao permitirmos que a taxa de contágio varie continuamente com relação ao tempo, o que reflete a maior ou menor adesão das populações estudadas ao distanciamento social.

O modelo SIR é bem testado e tem sido adaptado para aplicações em diversas circunstâncias epidemiológicas (ver, por exemplo, [3], [5], [1], [9], [2], [6] e [7]). O modelo recebe este nome por dividir a população em foco em três grupos: $S(t)$ (suscetíveis), $I(t)$ (infectados) e $R(t)$ (removidos, ou seja, os recuperados e os mortos).

Este trabalho está organizado da seguinte forma: Na Seção 2, introduzimos o modelo epidemiológico proposto e estimamos os parâmetros utilizados no modelo. Também ajustamos algumas hipóteses que, em geral, são assumidas em trabalhos prévios (ver [11] e [13]). Diferentemente do que ocorre no modelo SIR, achamos conveniente assumir variações entre as taxas de natalidade e mortalidade da população, o que deixa o modelo mais realístico, pois só é conveniente considerar estas taxas iguais em um pequeno intervalo de tempo e a pandemia já dura quase dois anos. O modelo matemático aqui proposto, além das variáveis $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$, também considera a evolução do número de mortes, $M(t)$, causadas pela COVID-19.

Além disso, em nosso modelo, devido às variações nas taxas de natalidade e mortalidade, o número de óbitos devido à pandemia não considera o número de óbitos de pessoas que faleceram por outros motivos, mesmo estando possivelmente infectadas pelo SARS-CoV-2.

Na Seção 3, apresentamos nossos resultados e discussões sobre a evolução do vírus no Brasil, nos estados da Paraíba e Sergipe e nas cidades de Campina Grande, Aracaju e Itabaiana. Validamos as previsões de nosso modelo teórico ao ajustar os dados oficiais do número de pessoas infectadas e o número de pessoas que chegaram a óbito em consequência desse vírus.

Finalmente, na Seção 4, escrevemos as conclusões obtidas neste estudo epidemiológico.

2 Modelo epidemiológico

O modelo SIR originalmente proposto em [10] é dado pelo seguinte sistema de equações diferenciais ordinárias

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\kappa SI, \\ \frac{dI}{dt} &= \kappa SI - \frac{I}{\tau}, \\ \frac{dR}{dt} &= \frac{I}{\tau},\end{aligned}\tag{2.1}$$

em que $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ representam, respectivamente, os indivíduos suscetíveis, infectados e os indivíduos que foram removidos (recuperados ou mortos), κ representa a taxa de contágio e τ é o tempo médio de infecção.

No modelo proposto, as variáveis em um dado tempo t são: o número de indivíduos suscetíveis $S(t)$, o número de indivíduos infectados $I(t)$, o número de indivíduos recuperados $R(t)$ e o número de óbitos causados pela epidemia $M(t)$. Para simplificar o modelo vamos supor que a população é homogênea de modo que todos os indivíduos suscetíveis têm a mesma probabilidade de serem infectados, todos os indivíduos infectados têm a mesma probabilidade de se recuperarem e a mesma probabilidade de vierem a óbito em consequência da enfermidade. Vamos supor também que a população evolua de maneira que os novos nascidos são todos suscetíveis e que a taxa de reinfeção seja irrelevante quando comparados com a população, de forma que possamos assumir que os recuperados são todos imunes.

Com base nas considerações acima, baseados em [3] e [5], consideramos a evolução epidemiológica determinada pelo sistema de equações diferenciais ordinárias

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \nu(S + I + R) - \mu S - \kappa(t)SI, \\ \frac{dI}{dt} &= -(\mu + \rho + \lambda)I + \kappa(t)SI, \\ \frac{dR}{dt} &= \rho I - \mu R, \\ \frac{dM}{dt} &= \lambda I,\end{aligned}\tag{2.2}$$

em que ν é a taxa de natalidade da população, μ é a taxa de mortalidade endêmica da população, $\kappa(t)$ é a taxa de contágio, ρ é a taxa de recuperação e λ é a taxa de letalidade da epidemia.

As diferenças entre o modelo proposto (2.2) e o modelo SIR original (2.1) é que em (2.2) consideramos que a população pode variar, permitindo que as taxas de natalidade e de mortalidade podem apresentar discrepâncias significativas e que analisamos de forma explícita a evolução do número de mortos em consequência da pandemia. Além disso, consideramos a taxa de contágio variando com o tempo, o que reflete os momentos (intermitentes) de distanciamento/isolamento social impostos para as populações durante a pandemia.

Antes de prosseguirmos, dividimos as variáveis $S(t)$, $I(t)$, $R(t)$ e $M(t)$ por P_0 , a população total inicial da região considerada, que pode ser uma cidade, um estado, um país ou o mundo todo. Note que com essa normalização o valor de $\kappa(t)$ é multiplicado por P_0 , o que o torna independente de P_0 .

Usando o Teorema de Picard-Lindelöf [8], é fácil verificar que o sistema (2.2) tem solução. Mas precisamente obtemos o seguinte resultado:

Teorema 2.1. *Para um dado tempo $T > 0$ e constantes não negativas $k_1 < k_2$, para cada valor inicial (S_0, I_0, R_0, M_0) com $\kappa(t)$, $\rho(t)$ e $\lambda(t)$ variando continuamente nos intervalos limitados $[\kappa_1, \kappa_2]$, $[\rho_1, \rho_2]$, $[\lambda_1, \lambda_2]$, respectivamente, e com os outros parâmetros fixos, o sistema de equações diferenciais (2.2) admite existência e unicidade de solução no intervalo de tempo $[0, T]$.*

Validamos nosso modelo epidemiológico obtendo ótimos ajustes comparando os dados epidemiológicos de casos confirmados e de óbitos devidos à pandemia da COVID-19 em seis populações: do Brasil, dos estados da Paraíba e de Sergipe e das cidades de Campina Grande, Aracaju e Itabaiana. Para isso, foi fundamental permitir que a taxa de contágio variasse com o tempo, o que é coerente com momentos de maior ou menor adesão às medidas de distanciamento social impostas à população.

Utilizamos os dados de número de casos confirmados, recuperados e óbitos no Brasil obtidos no site:

<https://data.humdata.org/dataset/novel-coronavirus-2019-ncov-cases> e obtivemos as séries temporais de casos confirmados e óbitos dos Estados da Paraíba e Sergipe e dos Municípios de Campina Grande, Aracaju e Itabaiana no site: https://data.Brazil.io/dataset/covid19/_meta/list.html.

3 Estimativas dos parâmetros utilizados no modelo

Vamos agora fazer algumas estimativas para os parâmetros ν , μ , κ , ρ e λ presentes no sistema dinâmico dado na Eq. (2.2).

3.1 Estimativas para as taxas de natalidade e mortalidade

Para tornar mais preciso nosso modelo, obtivemos a taxa de natalidade anual (TNA) e a taxa de mortalidade anual (TMA) dos dados mais recentemente publicados pelo IBGE que são do ano de 2018. No caso da natalidade dividimos o número de nascidos vivos pela estimativa de população de 2018 e no caso da mortalidade dividimos o número de óbitos pela estimativa de população de 2018. Os números de nascidos vivos foram coletados do site <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/2609>, os de óbito do site <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/2654> e as estimativas populacionais do site <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/sociais/populacao/9103-estimativas-de-populacao.html?edicao=22367&t=resultados>.

Baseado nesses dados e nas equações de progressões geométricas (equivalentes à composição de juros compostos), temos

$$\begin{aligned}(1 + \nu)^{365} &= 1 + TNA, \\ (1 - \mu)^{365} &= 1 - TMA.\end{aligned}$$

Dessas duas últimas equações, encontramos as taxas diárias da natalidade e mortalidade, as quais são dadas por

$$\begin{aligned}\nu &= (1 + TNA)^{1/365} - 1 = e^{\frac{1}{365} \ln(1+TNA)} - 1 \\ \mu &= 1 - (1 - TMA)^{1/365} = 1 - e^{\frac{1}{365} \ln(1-TMA)}\end{aligned}\tag{3.1}$$

Por exemplo, no Brasil temos $TNA = 0.0139/\text{ano}$ e $TMA = 6.1560 \times 10^{-3}/\text{ano}$. Daí, obtemos $\nu = 3.7844 \times 10^{-5}/\text{dia}$ e $\mu = 1.6918 \times 10^{-5}/\text{dia}$. Para a Paraíba temos $TNA = 1.4758 \times 10^{-2}/\text{ano}$ e $TMA = 6.5325 \times 10^{-3}/\text{ano}$. Conseqüentemente, resulta $\nu = 4.0139 \times 10^{-5}/\text{dia}$ e $\mu = 1.7956 \times 10^{-5}/\text{dia}$. Na cidade de Campina Grande temos $TNA = 1.5797 \times 10^{-2}/\text{ano}$ e $TMA = 7.1342 \times 10^{-3}/\text{ano}$. Assim, obtemos $\nu = 4.2943 \times 10^{-5}/\text{dia}$ e $\mu = 1.9616 \times 10^{-5}/\text{dia}$.

3.2 Estimativas para as taxas de recuperação e letalidade

É fundamental termos boas estimativas para a taxa de recuperação e a taxa de letalidade. Vamos supor que esses parâmetros se mantenham constantes ao longo dessa epidemia. Para obter essas estimativas vamos utilizar um simples modelo probabilístico. Suponha que se uma pessoa estiver infectada num dado momento n (que pode ser, por exemplo, dia, hora ou minuto), a probabilidade de ela ainda estar doente no momento seguinte $n + 1$ seja q , a probabilidade de ela se recuperar no momento seguinte p e de vir a óbito s , de forma que temos $p + q + s = 1$. Assim, temos a seguinte tabela de probabilidades:

Tabela 1: Modelo probabilístico

Situação \ Instante	0	1	2	...	n	...
Recuperado	p	qp	q^2p	...	$q^n p$...
Óbito	s	qs	q^2s	...	$q^n s$...

Note que

$$\sum_{n=0}^{\infty} q^n p + \sum_{n=0}^{\infty} q^n s = \frac{p + s}{1 - q} = 1,$$

o que implica que esse modelo probabilístico está bem definido.

Considerando n suficientemente grande, ou o indivíduo se recupera ou vai a óbito. Então, a partir da Tabela 1 temos que a probabilidade de recuperação de um indivíduo infectado é dada por

$$P_\rho = \sum_{n=0}^{\infty} pq^n = p/(1 - q)$$

e a probabilidade de óbito é dada por

$$P_\lambda = \sum_{n=0}^{\infty} sq^n = s/(1 - q).$$

Usando essas probabilidades encontramos que o número médio de dias de infecção é dado por

$$\bar{n} = \sum_{n=1}^{\infty} (p + s)nq^n = (p + s)F(q) = (1 - q) \sum_{n=1}^{\infty} nq^n, \quad (3.2)$$

em que o somatório $F(q) = \sum_{n=1}^{\infty} nq^n$ pode ser calculado da seguinte forma

$$qF(q) = \sum_{n=1}^{\infty} nq^{n+1} = \sum_{n=2}^{\infty} (n - 1)q^n = \sum_{n=2}^{\infty} nq^n - \sum_{n=2}^{\infty} q^n = F(q) - \sum_{n=1}^{\infty} q^n = F(q) - \frac{q}{1 - q}.$$

Assim, obtemos que

$$F(q) = \frac{q}{(1 - q)^2}. \quad (3.3)$$

Logo, encontramos que o número médio de dias de infecção é

$$\bar{n} = \frac{q}{1 - q}, \quad (3.4)$$

de onde obtemos que $q = \bar{n}/(1 + \bar{n})$. Podemos também encontrar que o número médio de dias até a recuperação é dado por

$$\bar{n}_\rho = pF(q) = \frac{pq}{(1 - q)^2} = P_\rho \bar{n}$$

e que o número de dias até o óbito é

$$\bar{n}_\lambda = sF(q) = \frac{sq}{(1 - q)^2} = P_\lambda \bar{n}.$$

Note que $\bar{n} = \bar{n}_\rho + \bar{n}_\lambda$, ou seja, o tempo médio de infecção é a soma do tempo médio para recuperação e o tempo médio até o óbito. Esses dois processos levam à seguinte equação de diferenças para o número de infectados

$$I(n+1) = I(n) - (p+s)I(n) = I(n) - (1-q)I(n) = I(n) - \frac{1}{1+\bar{n}}I(n).$$

Se tomarmos n para indicar um pequeno intervalo de tempo, tal como o minuto, em que há muito pouca variação nas quantidades S , I , R e M , então podemos aproximar

$$\frac{dI}{dt} \approx \frac{\Delta I}{\Delta t} = -\frac{1}{(1+\bar{n})\Delta t}I(t_n),$$

em que $t_n = n\Delta t$. Nesse caso tomaremos $\Delta t = 1$ minuto = 1 dia/(24 × 60). O tempo médio de infecção pode então ser obtido da seguinte equação $\frac{1}{\tau} = \lambda + \rho = \frac{1}{(1+\bar{n})\Delta t}$. Obtemos então as seguintes expressões para as taxas de letalidade e recuperação

$$\begin{aligned} \lambda &= \frac{\bar{n}_\lambda}{\bar{n}\tau} = \frac{P_\lambda}{\tau}, \\ \rho &= \frac{\bar{n}_\rho}{\bar{n}\tau} = \frac{P_\rho}{\tau}. \end{aligned} \tag{3.5}$$

3.3 Taxa de reprodução básica

É fundamental sabermos se uma doença contagiosa se tornará epidêmica ou não numa população. Também é de fundamental importância saber quando se poderá controlar uma epidemia, ou seja, quando poderemos impedir que ela cresça mais. Isso ocorrerá quando $\frac{dI}{dt} \leq 0$. Da Eq. (2.2), verificamos que essa condição equivale a

$$-(\mu + \rho + \lambda) + \kappa(t)S(t) \leq 0 \implies \frac{\kappa S(t)}{\mu + \rho + \lambda} \leq 1. \tag{3.6}$$

No início do contágio obtemos que o valor da seguinte razão

$$R_0 = \frac{\kappa(t)S_0}{\mu + \rho + \lambda} = \frac{\kappa(t)S_0}{\mu + 1/\tau},$$

conhecida na literatura [12] como taxa de reprodução básica, é quem indica se teremos uma evolução epidêmica ou não. Quando $R_0 > 1$, a doença se propagará, enquanto quando $R_0 < 1$ a contaminação perde força e a disseminação do vírus será controlada. No nosso caso $S_0 = 1$ e $S(t) \leq 1$, assim em qualquer tempo posterior ao início da contaminação da doença, ela deixará de se propagar quando

$$R_0(t) = \frac{\kappa(t)S(t)}{\mu + 1/\tau} \leq 1. \tag{3.7}$$

Temos que $R_0 < 1$ é uma condição suficiente para que a epidemia entre em remissão, mas não é, em geral, uma condição necessária, a condição necessária é que $R_0(t) < 1$. No entanto, como $M(t) \ll 1$, $S(t) \approx 1$, a condição crítica é ainda aproximadamente $R_0 = 1$ e o valor crítico de κ é $\kappa^* = \mu + 1/\tau$.

Como não há ainda um tratamento muito eficaz contra a COVID-19, não se pode alterar com facilidade o tempo médio de infecção τ . Como $1/\tau$ é muito maior do que μ , então a única maneira viável de diminuirmos o contágio é com medidas de distanciamento social de forma a reduzirmos o valor de $\kappa(t)$.

3.4 Estimativas dos casos ativos, recuperados e óbitos

Nesta seção descrevemos um método para estimar o número de casos ativos, isto é, o número de pessoas da população que foram infectadas e estão em condições de transmitir o vírus para outras pessoas. Outras técnicas para estimar os casos ativos podem ser encontradas em [4].

Isolando I na segunda equação de (2.2) e denotando por $A(t_k)$ o número de infectados no instante t_k , temos

$$A(t_k) = - \sum_{i=0}^k q^i P_0 \Delta S(t_{k-i}) = \sum_{i=0}^k q^i \Delta C(t_{k-i})$$

onde $A(t_k) = P_0 I(t_k)$, $\Delta S(t_n) = S(t_n) - S(t_{n-1})$, $C(t_n)$ representa o número de casos confirmados no tempo t_n e $\Delta C(t_n) = C(t_n) - C(t_{n-1})$.

De maneira análoga, para os casos de recuperados e óbitos, obtemos:

$$\Delta R(t_k) = \frac{1}{P_0} \sum_{i=0}^{k-1} q^i p \Delta C(t_{k-1-i})$$

$$\Delta M(t_k) = \sum_{i=0}^{k-1} q^i s \Delta C(t_{k-1-i})$$

onde $R(t_k)$ representa o número de recuperados acumulado no tempo t_k , $M(t_k)$ representa o número de óbitos acumulado no tempo t_k e P_0 a população inicial.

3.5 Taxa de contágio

Procedendo como em [4] e [5], isolando $\kappa(t)$ na segunda equação do sistema (2.2), obtemos

$$\kappa(t_k) = \frac{1}{S(t)} \left[\frac{1}{I(t)} \frac{dI(t)}{dt} + \mu + \frac{1}{\tau} \right],$$

onde podemos realizar a seguinte aproximação

$$\kappa_k = \kappa(t_k) \approx \frac{1}{S(t_k)} \left[\frac{1}{A(t_k)} \beta(t_k) + \mu + \frac{1}{\tau} \right],$$

onde $\beta(t_k)$ representa a inclinação da reta resultante da regressão linear calculada com relação a 7 dias, sendo t_k o dia que consideramos como base.

Os seguintes casos foram considerados com relação ao cálculo de $\beta(t_k)$:

- Se t_k for um dia posterior a um dos sete últimos dias da análise, então calculamos $\beta(t_k)$ com relação aos seis dias anteriores a t_k juntamente com t_k , ou seja,

$$\{A(t_{k-6}), A(t_{k-5}), A(t_{k-4}), A(t_{k-3}), A(t_{k-2}), A(t_{k-1}), A(t_k)\}.$$

- Caso contrário, calculamos $\beta(t_k)$ com base em 7 dias consecutivos, onde o primeiro dia é t_k , ou seja,

$$\{A(t_k), A(t_{k+1}), A(t_{k+2}), A(t_{k+3}), A(t_{k+4}), A(t_{k+5}), A(t_{k+6})\}.$$

3.6 Taxa de letalidade e recuperação

Recordemos que $\rho_k + \lambda_k = \frac{1}{\tau}$ ¹, e que $P_\lambda = \frac{s}{1-q}$. Então, usando a quarta equação em (2.2), fazemos a seguinte estimativa para S_k

$$s_k = \frac{\Delta M(t_k)}{A(t_{k-1})} = \frac{\Delta M(t_k)}{\sum_{i=0}^{k-1} q^i \Delta C(t_{k-1-i})},$$

onde $\Delta M(t_k) = M(t_k) - M(t_{k-1})$. Também obtemos estimativas para $P_\lambda(k)$ e $P_\rho(k)$, pois

$$P_\lambda + P_\rho = \frac{s}{1-q} + \frac{p}{1-q} = \frac{s+p}{1-q} = \frac{1-q}{1-q} = 1$$

e, por fim, de (3.5) conseguimos estimativas para os valores das taxas λ_k e ρ_k

¹O lado esquerdo permanece constante no tempo e igual a $\frac{1}{\tau}$

4 Resultados e Discussões

Para ajustar o modelo aos dados reais, utilizamos a biblioteca Odeint do pacote científico SciPy do Python [14] para integrarmos as Equações em (2.2) com o passo de integração de $dt = 1.0/1440$, o que corresponde a um minuto, em que a unidade de tempo é o dia. Nos casos aqui investigados utilizamos $\tau = 14$ dias e a probabilidade de óbito $P_\lambda = 0.14$. Esse valor adotado de P_λ é bem próximo do que se pode obter ao dividirmos o número de óbitos devido à Covid no Brasil pela soma do número de casos recuperados e número de óbitos. Supomos que essas condições são uniformes no Brasil e não variam apreciavelmente no período da análise. Com esses dados obtemos as taxas de recuperação $\rho = 0.0614/\text{dia}$ e de letalidade $\lambda = 0.01/\text{dia}$.

Como comentamos na introdução, vamos aplicar nosso modelo no estudo da evolução da Covid-19 nas seguintes populações: Brasil, nos estados da Paraíba e Sergipe e nas cidades de Campina Grande - PB, Aracaju - SE e Itabaiana - SE.

Os dados oficiais utilizados que validam nosso modelo teórico foram coletados pelas plataformas <https://data.humdata.org> e <https://brasil.io>, e os links individuais dos arquivos *csv* estão dispostos na Tabela 2.

Confirmados (Brasil)	time_series_covid19_confirmed_global_narrow.csv
Óbitos (Brasil)	time_series_covid19_deaths_global_narrow.csv
Recuperados (Brasil)	time_series_covid19_recovered_global_narrow.csv
Confirmados, óbitos e recuperados (Paraíba e Campina Grande)	caso.csv
Confirmados, óbitos e recuperados (Sergipe, Aracaju e Itabaiana)	caso.csv

Tabela 2: links para acesso aos dados oficiais

Em todos os casos consideramos a população como sendo a estimada de 2018, como indicado na Tabela 3. Consideramos t_0 e κ_0 os mais convenientes para ajustar o modelo adaptado aos dados oficiais do início da pandemia até o dia 15 de junho de 2021.

4.1 Casos do Brasil

Consideramos a população inicial do Brasil como $P_0 = 211 \times 10^6$. Assim os valores iniciais são: $S(0) = 1$, $I(0) = \frac{1}{P_0}$, $R(0) = 0$ e $M(0) = 0$.

Na Figura 1, fazemos uma comparação entre os dados oficiais (em preto) e os casos previstos pelo modelo proposto (linha contínua em vermelho), mostrando que o modelo está bem ajustado. É válido salientar que estamos considerando a taxa de contágio $\kappa(t)$

local	P_0	t_0	κ_0	ν	μ
Brasil	211049527	19/03/2020	0.425	3.7844e-5	1.6918e-5
Paraíba	4018127	06/04/2020	0.26	4.0139e-5	1.7956e-5
Campina Grande	409731	16/04/2020	0.345	4.2943e-5	1.9616e-5
Sergipe	2298696	28/04/2020	0.234	4.0618e-5	1.4222e-5
Aracaju	657013	28/04/2020	0.243	3.8530e-5	1.3548e-5
Itabaiana	95427	10/05/2020	0.258	4.0016e-5	1.1623e-5

Tabela 3: Dados iniciais das populações estudadas

variando “continuamente”, conforme Figura 3, o que induz de forma natural mudanças contínuas também na taxa de reprodução básica $R_0(t)$.



Figura 1: Gráfico dos casos confirmados no Brasil

Na Figura 2, fazemos uma comparação entre os números de óbitos oficiais (em preto) e os óbitos previstos pelo ajuste teórico (linha contínua em vermelho), indicando mais uma vez que o modelo teórico proposto está bem ajustado. Neste cenário, também utilizamos as mesmas variações para função κ .

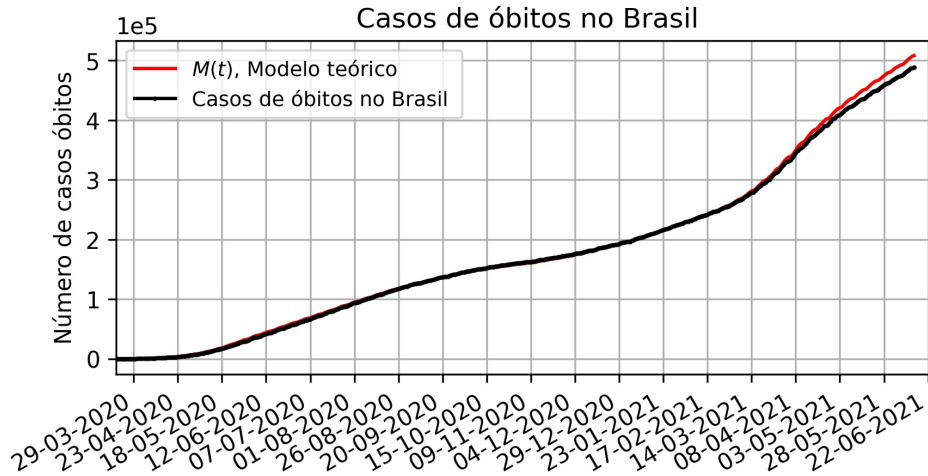


Figura 2: Gráfico dos casos de óbitos no Brasil

Na Figura 3, representamos a evolução temporal da taxa de contágio no Brasil. É notório que no início da pandemia essa taxa estava bastante alta, o que significa que o nível de distanciamento social e a utilização de equipamentos de proteção individual estavam baixos, talvez pela falta de conscientização da população sobre o significado de uma pandemia.

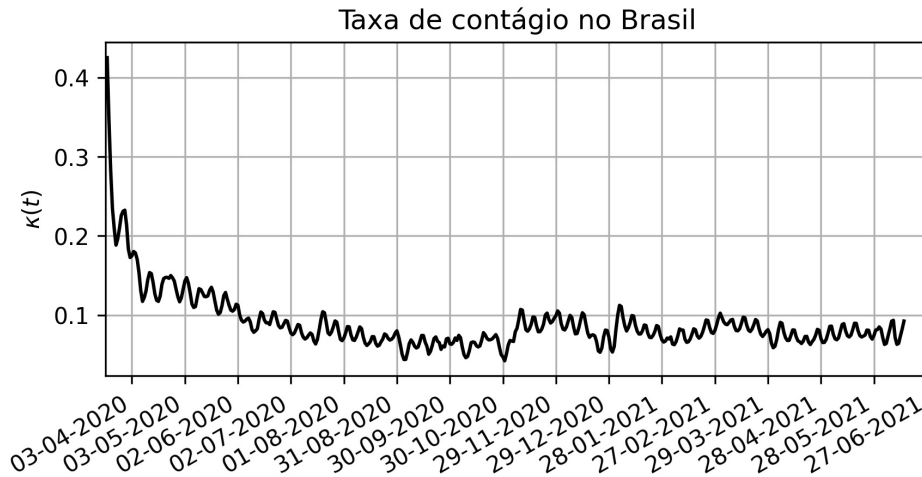


Figura 3: Gráfico da taxa de contágio no Brasil

Assim, observando que o $R_0(t)$ depende principalmente do $\kappa(t)$, conforme vimos em

(3.7), é fácil ver que a evolução do $R_0(t)$ é dada pela Figura 4.

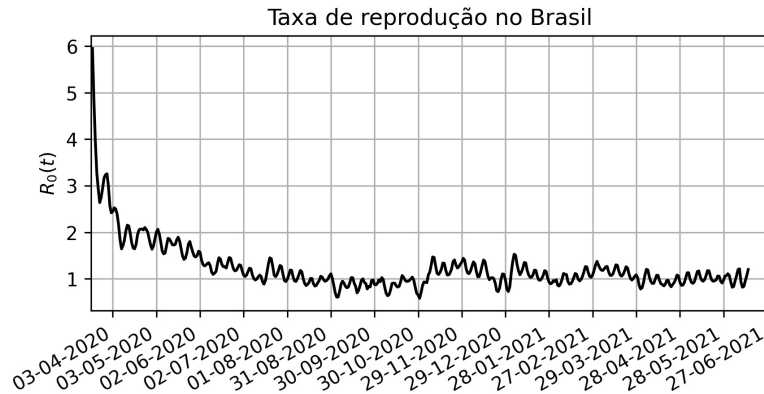


Figura 4: Gráfico da taxa de reprodução básica no Brasil

4.2 Casos da Paraíba

Consideramos a população inicial da Paraíba como $P_0 = 4.018.127$ e obtivemos as séries temporais dos casos confirmados e dos casos de óbitos da Paraíba da página [caso.csv](#).

Na Figura 5, fazemos uma comparação entre o número de casos de confirmados oficiais na Paraíba e a previsão teórica. Embora tenham ocorrido flutuações, ainda obtemos um bom ajuste. Para isto, consideramos a taxa de contágio $\kappa(t)$ variando conforme a Figura 7. Esta mesma função foi obtida para ajustar o modelo ao número de casos de óbitos no estado da Paraíba, o qual está ilustrado na Figura 6.

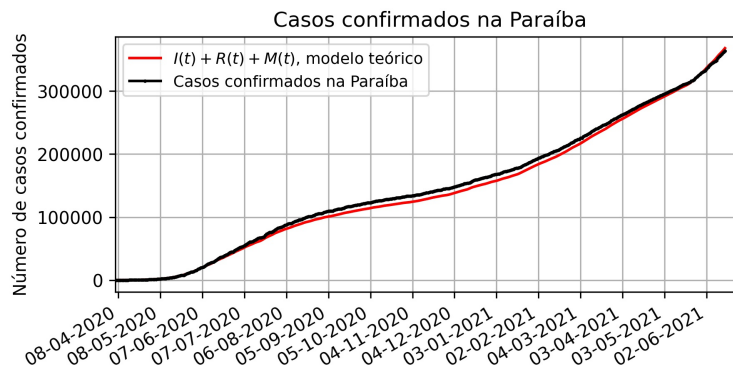


Figura 5: Gráfico dos casos confirmados na Paraíba

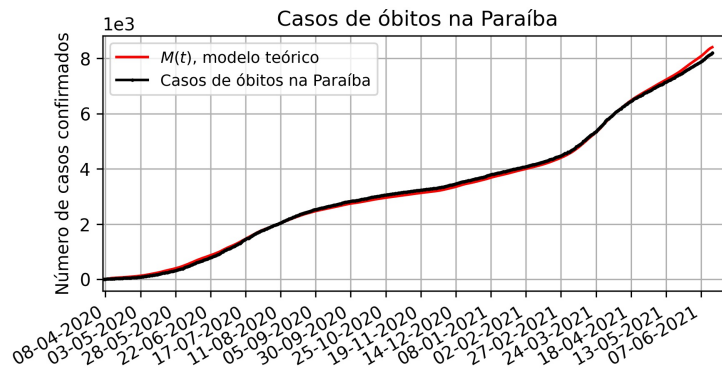


Figura 6: Gráfico dos casos de óbitos na Paraíba

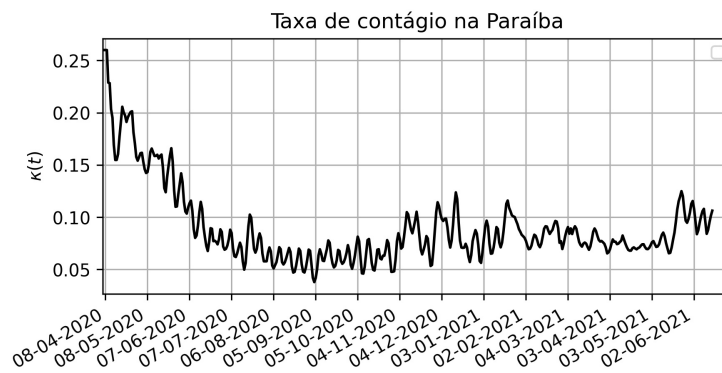


Figura 7: Gráfico da taxa de contágio na Paraíba

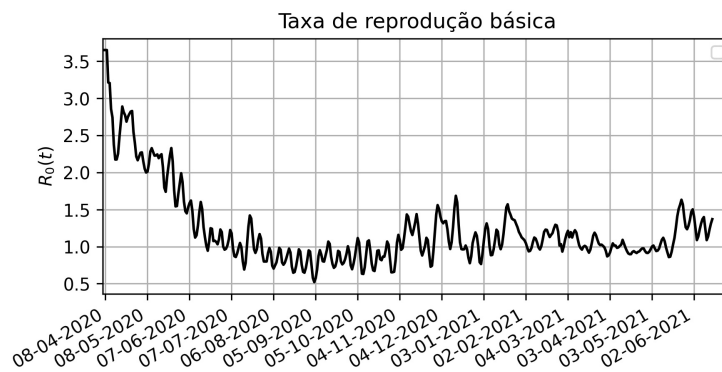


Figura 8: Gráfico da taxa de Reprodução básica na Paraíba

4.3 Casos de Campina Grande

Consideramos na cidade de Campina Grande a população inicial como $P_0 = 409.731$. Assim, novamente, os dados iniciais para esta população são $S(0) = 1$, $I(0) = \frac{1}{P_0}$, $R(0) = 0$ e $M(0) = 0$

Na Figura 9, comparamos o número de casos confirmados de COVID-19 na cidade de Campina Grande com o número previsto pelo modelo teórico. É notório que também obtivemos um bom ajuste e com menos flutuações do que no ajuste dos casos confirmados da Paraíba. Para este cenário utilizamos a função $\kappa(t)$ ilustrada na Figura 11.

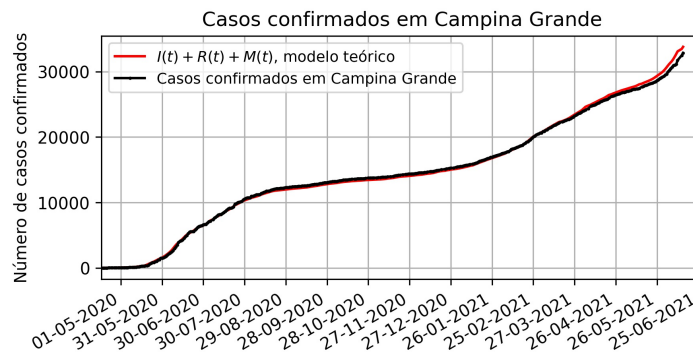


Figura 9: Gráfico dos casos confirmados em Campina Grande

Na Figura 10, comparamos os números de óbitos oficiais (em preto) e os óbitos previstos pelo nosso modelo (linha contínua em vermelho), indicando mais uma vez que o modelo teórico proposto está bem ajustado. Neste cenário, também utilizamos as mesmas variações para função $\kappa(t)$ ilustrada na Figura 11.

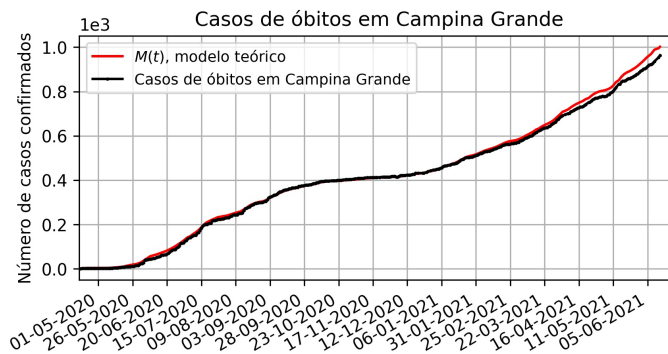


Figura 10: Gráfico dos casos de óbitos em Campina Grande

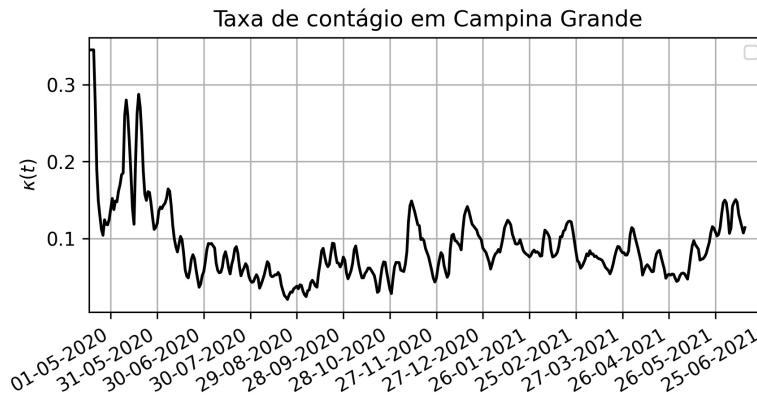


Figura 11: Gráfico da taxa de contágio em Campina Grande

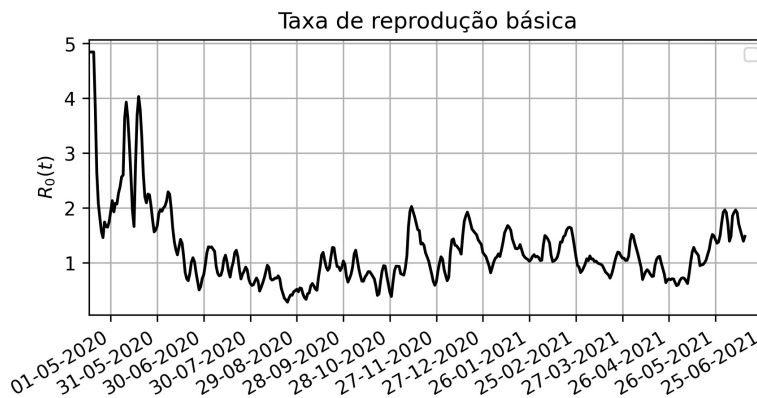


Figura 12: Gráfico da taxa de reprodução básica em Campina Grande

4.4 Casos de Sergipe

Consideramos a população inicial de Sergipe como $P_0 = 2.298.696$ e obtivemos as séries temporais dos casos confirmados e dos casos de óbitos de Sergipe da página [caso.csv](#).

Na Figura 13, fazemos uma comparação entre o número de casos confirmados oficiais em Sergipe e a previsão teórica. Embora tenham ocorrido flutuações, ainda obtemos um bom ajuste. Para isto, consideramos a taxa de contágio $\kappa(t)$ variando conforme Figura 15. Esta mesma função foi obtida para ajustar o modelo ao número de casos de óbitos no estado de Sergipe, o qual está ilustrado na Figura 14.

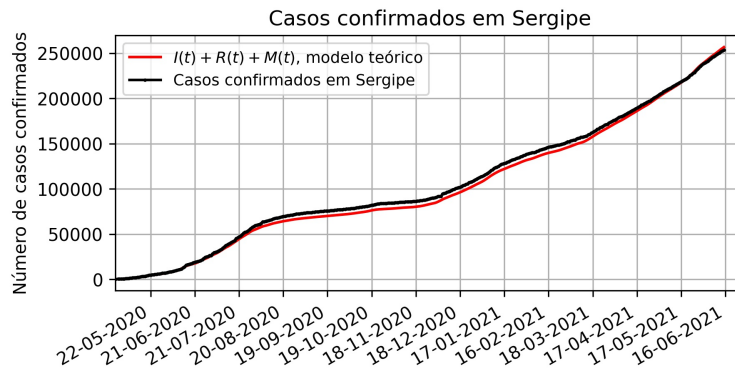


Figura 13: Gráfico dos casos confirmados em Sergipe

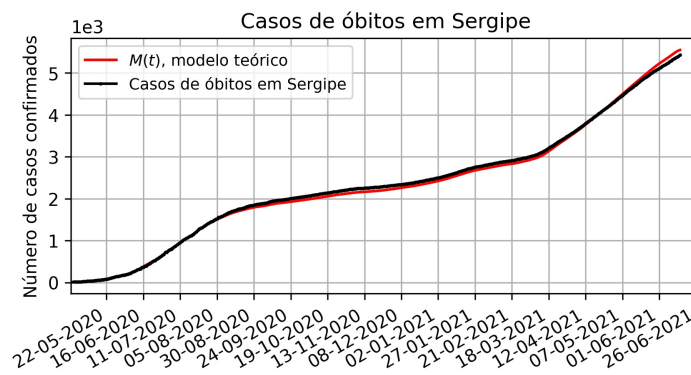


Figura 14: Gráfico dos casos de óbitos em Sergipe

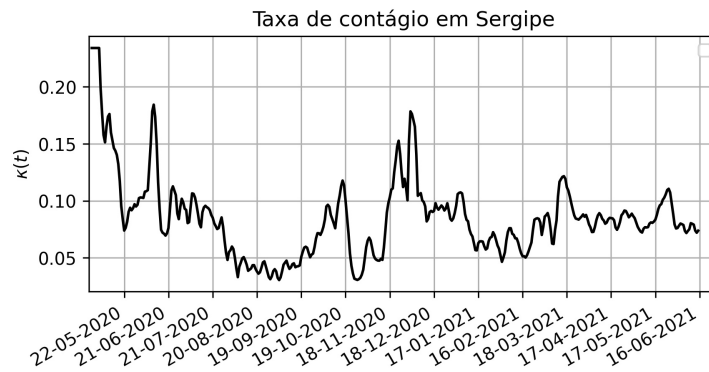


Figura 15: Gráfico da taxa de contágio em Sergipe

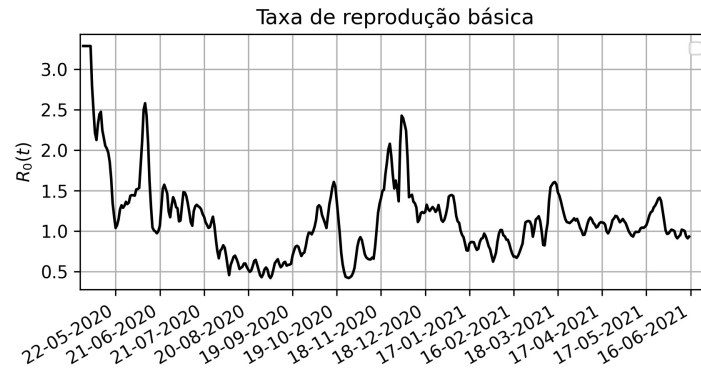


Figura 16: Gráfico da taxa de Reprodução básica em Sergipe

4.5 Casos de Aracaju

Na cidade de Aracaju, consideramos como população inicial $P_0 = 657.013$. Assim, novamente, os dados iniciais para esta população são $S(0) = 1$, $I(0) = \frac{1}{P_0}$, $R(0) = 0$ e $M(0) = 0$.

Na Figura 17, comparamos o número de casos confirmados de COVID-19 na cidade de Aracaju com o número previsto pelo modelo teórico. É notório que também obtivemos um bom ajuste e com menos flutuações do que no ajuste dos casos confirmados em Sergipe. Para este cenário utilizamos a função $\kappa(t)$ ilustrada na Figura 19.

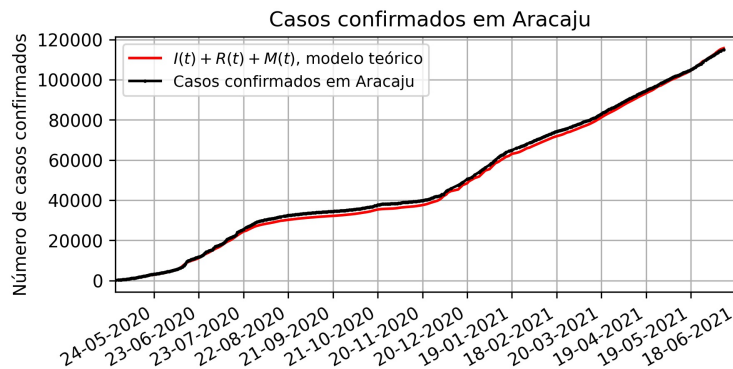


Figura 17: Gráfico dos casos confirmados em Aracaju

Na Figura 18, comparamos os números de óbitos oficiais (em preto) e os óbitos previstos pelo nosso modelo (linha contínua em vermelho), indicando mais uma vez que o modelo teórico proposto está bem ajustado. Neste cenário, também utilizamos as mesmas variações para função $\kappa(t)$ ilustrada na Figura 19.

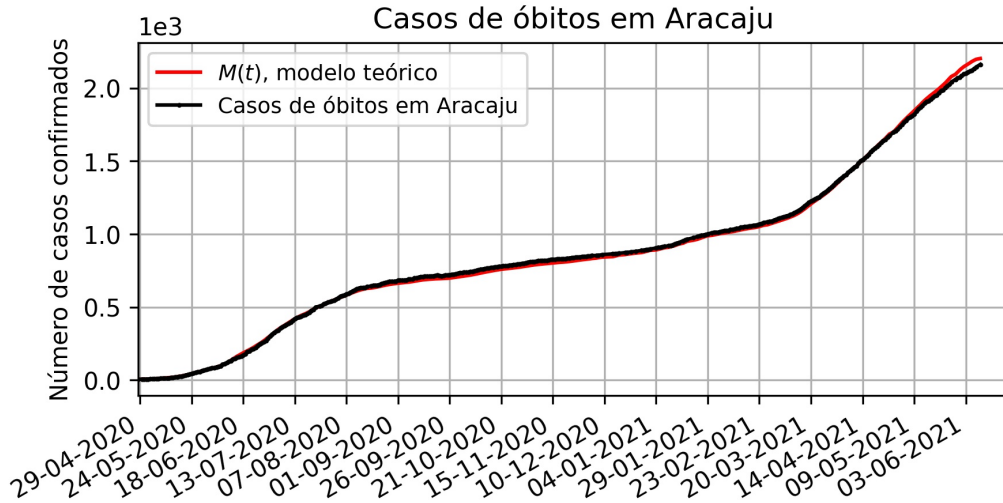


Figura 18: Gráfico dos casos de óbitos em Aracaju

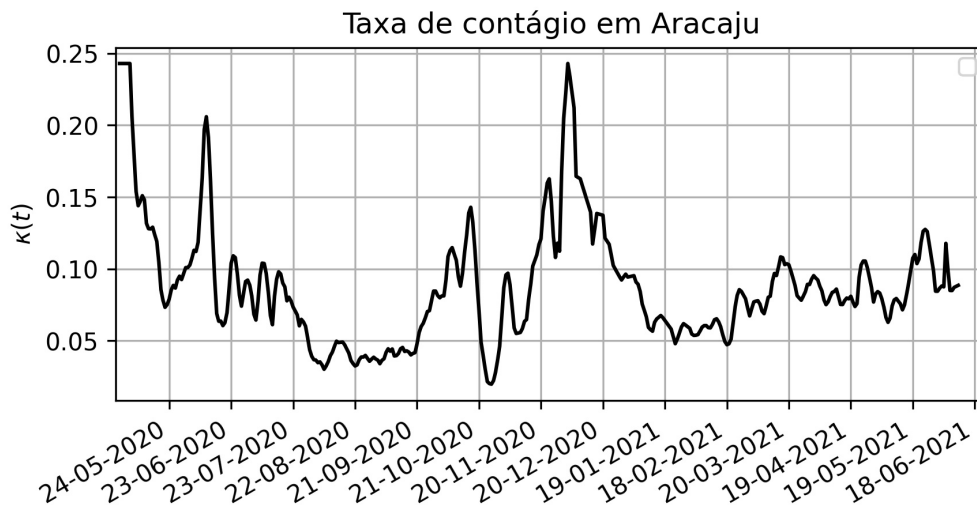


Figura 19: Gráfico da taxa de contágio em Aracaju



Figura 20: Gráfico da taxa de reprodução em Aracaju

4.6 Casos de Itabaiana

Na cidade de Itabaiana, consideramos como população inicial $P_0 = 95.427$. Assim, novamente, os dados iniciais para esta população são $S(0) = 1$, $I(0) = \frac{1}{P_0}$, $R(0) = 0$ e $M(0) = 0$.

Na Figura 21, comparamos o número de casos confirmados de COVID-19 na cidade de Itabaiana com o número previsto pelo modelo teórico. É notório que também obtivemos um bom ajuste e com menos flutuações do que no ajuste dos casos confirmados de Sergipe. Para este cenário utilizamos a função $\kappa(t)$ ilustrada na Figura 23.

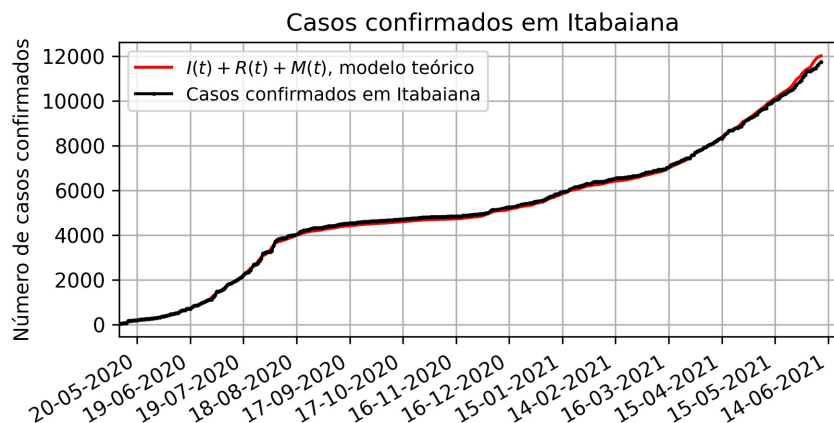


Figura 21: Gráfico dos casos confirmados em Itabaiana

Na Figura 22, comparamos os números de óbitos oficiais (em preto) e os óbitos previstos pelo nosso modelo (linha contínua em vermelho), indicando mais uma vez que o modelo teórico proposto está bem ajustado. Neste cenário, também utilizamos as mesmas variações para função $\kappa(t)$ ilustrada na Figura 23.

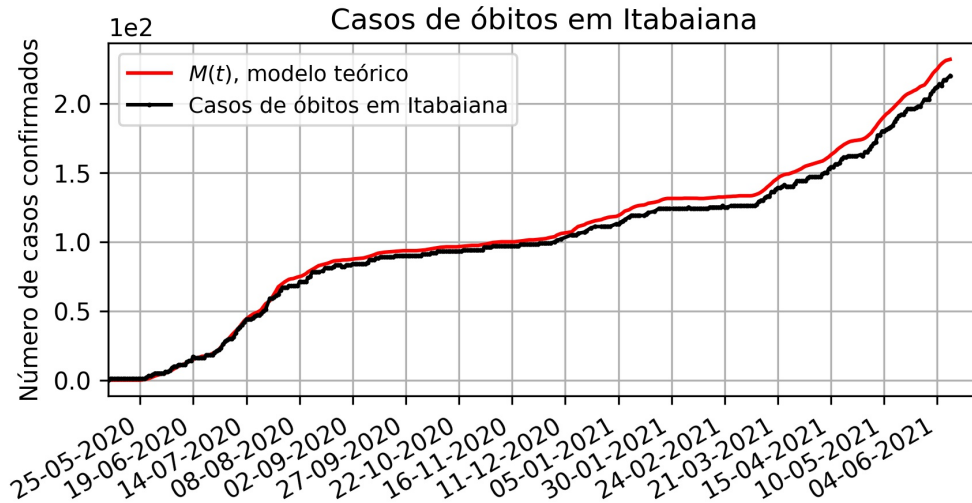


Figura 22: Gráfico dos casos de óbitos em Itabaiana

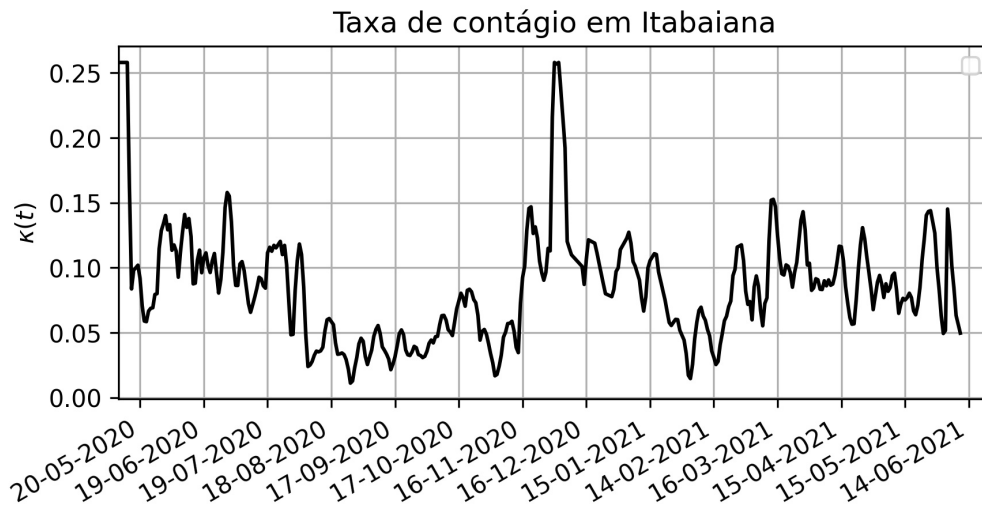


Figura 23: Gráfico da taxa de contágio em Itabaiana

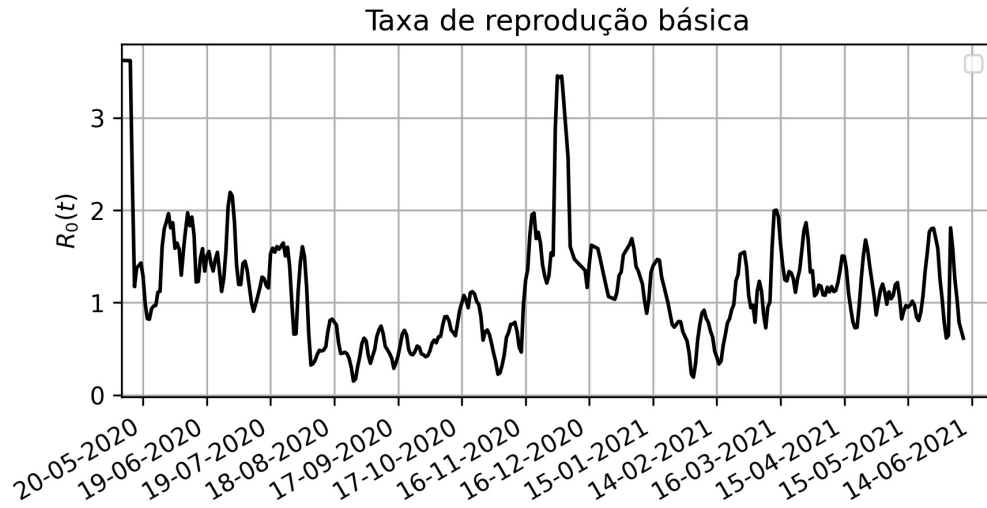


Figura 24: Gráfico da taxa de reprodução básica em Itabaiana

5 Conclusão

Neste trabalho abordamos um modelo epidemiológico, com dinâmica vital, que generaliza o Modelo SIR proposto em [10] (veja também [13] e [7]). Em nosso modelo, diferentemente do modelo SIR, separamos a classe dos removidos em duas classes distintas (recuperados e mortos), consideramos que a população pode variar, permitindo que as taxas de natalidade e de mortalidade podem ser diferentes entre si, e permitimos que a taxa de contágio varie continuamente com o tempo, o que torna o modelo proposto bem mais realístico. Além disso, em nosso modelo, devido às variações nas taxas de natalidade e mortalidade, o número de óbitos devido à pandemia não considera o número de óbitos de pessoas que faleceram por outros motivos, mesmo estando possivelmente infectadas pelo SARS-CoV-2.

Conforme os resultados expostos na seção anterior, nosso modelo foi bem ajustado para os dados do Brasil, dos estados da Paraíba e Sergipe e das cidades de Campina Grande, Aracaju e Itabaiana. Nas seis populações estudadas, concluímos com base nos ajustes do modelo proposto que a taxa de contágio $\kappa(t)$ (e consequentemente o $R_0(t)$) sofreram oscilações no período analisado. Além disso, salientamos que nossos ajustes foram obtidos antes dos efeitos do processo de vacinação, o que vem contribuindo para a diminuição das taxas de contágios nas populações estudadas.

Esperamos que este trabalho seja motivador para os alunos de graduação, na área de Ciências Exatas, que precisam estudar Equações Diferenciais Ordinárias e linguagens

de programação como o Python, pois com estas ferramentas é possível ter um bom entendimento do processo de disseminação de um vírus, como o do SARS-CoV-2, que provocou a pandemia da COVID-19.

6 Apêndice

Neste apêndice disponibilizamos o link de acesso à um repositório no GitHub, nele o leitor encontrará os códigos usados para gerar as soluções do sistema (2.2) e os gráficos expostos na seção [Resultados e Discussões](#).

Os arquivos estão em https://github.com/Jeffhenri/codigos_e_graficos. Além das linhas de códigos, também estão os arquivos cvs contendo os dados oficiais usados, assim como os gráficos obtidos.

7 Agradecimentos

Os autores agradecem aos revisores anônimos pela leitura minuciosa e pelas sugestões que contribuíram para enriquecer este trabalho. O primeiro autor agradece ao CNPq/UEPB, pois foi bolsista de Iniciação Científica durante o desenvolvimento deste trabalho. O Segundo autor é apoiado pela Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado da Paraíba (FAPESQ), termo de Outorga nº 3024/2021.

Referências

- [1] G. G. Alcaraz, C. Vargas-De-León, Modeling control strategies for influenza A H1N1 epidemics: SIR models. *Revista Mexicana de Física*, **58** (2012), no. 1, 37-43.
- [2] S. B. Bastos, B. Saulo, D. O. Cajueiro, Modeling and forecasting the Covid-19 pandemic in Brazil. *ArXiv*, (2020).
- [3] A. A. Batista, S. H. Da Silva, Um Modelo Epidemiológico tipo SIR Aplicado à Dinâmica de Disseminação da COVID-19 no Brasil, na Paraíba e em Campina Grande, *Research Gate* (2020), 1-25.
- [4] A. A. Batista, S. H. Da Silva, An epidemiological compartmental model with automated parameter estimation of the spread of COVID-19 with analysis of data from Germany and Brazil, *Research Gate* (2020), 1-30.
- [5] A. A. Batista, S. H. Da Silva, An epidemiological compartmental model with automated parameter estimation and forecasting of the spread of COVID-19 with analysis of data from Germany and Brazil, *Frontiers in Applied Mathematics and Statistics*, **8** (2022), 1–20.
- [6] N. Crokidakis, Data analysis and modeling of the evolution of COVID-19 in Brazil. *arXiv preprint arXiv:2003.12150*, (2020).
- [7] A. V. Farias; *Um estudo da modelagem epidemiológica SIR usando conceitos de derivadas de ordem inteira e fracionária*, UFRGS, Porto Alegre-RS, 2017.
- [8] J. K. Hale, *Ordinary Differential Equations*, **17**, Krieger Publishing Company Malabar, Florida, 2009.
- [9] R. Isea, K. E. Lonngren, On the mathematical interpretation of epidemics by Kermack and McKendrick. *Gen. Math. Notes*, **19** (2013), no. 2, 83-87.
- [10] W. O. Kermack, A. G. McKendrick, A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, **115** (1927), no. 772, 700–721.
- [11] W. O. Kermack, A. G. McKendrick, Contributions to the mathematical theory of epidemics. III. Further studies of the problem of endemicity. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A, containing papers of a mathematical and physical character*, **141** (1933), no. 843, 99–122.

- [12] J. D. Murray, *Mathematical Biology: I. An Introduction*, **17**, Springer Science & Business Media, Berlin Heidelberg, 2007.
- [13] J. N. Tavares, Modelo SIR em epidemiologia. *Revista de Ciência Elementar*, **5** (2017), no. 2, 83-87.
- [14] P. Virtanen, R. Gommers and others, SciPy 1.0: Fundamental Algorithms for Scientific Computing in Python. *Nature Methods*, **17** (2020), 261-272.
- [15] WHO Director-General’s opening remarks at the media briefing on COVID-19 - 11 March 2020. <https://www.who.int/dg/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19—11-march-2020>, Accessed on 05/27/2020,