



UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO  
CENTRO ACADÊMICO DO AGRESTE  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA CIVIL E AMBIENTAL

PEDRO PEREIRA DOS SANTOS

**DINÂMICA POPULACIONAL DA COVID-19 NA CIDADE DE CARUARU:  
modelagem matemática e estudo de casos utilizando modelo SEIR adaptado**

Caruaru  
2021

PEDRO PEREIRA DOS SANTOS

**DINÂMICA POPULACIONAL DA COVID-19 NA CIDADE DE CARUARU:  
modelagem matemática e estudo de casos utilizando modelo SEIR adaptado**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Civil e Ambiental da Universidade Federal de Pernambuco como requisito parcial para obtenção do título de mestre em Engenharia Civil e Ambiental.

Área de concentração: Tecnologia Ambiental.

**Orientador:** Prof. Dr. Alessandro Romário Echevarria Antunes.

**Coorientador:** Prof. Dr. Artur Paiva Coutinho.

Caruaru  
2021

Catálogo na fonte:  
Bibliotecária – Paula Silva - CRB/4 - 1223

S237d Santos, Pedro Pereira dos.  
Dinâmica populacional da COVID-19 na cidade de Caruaru: modelagem matemática e estudo de casos utilizando modelo SEIR adaptado. / Pedro Pereira dos Santos. – 2021. 61 f.; il.: 30 cm.

Orientador: Alessandro Romário Echevarria Antunes.

Coorientador: Artur Paiva Coutinho.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Pernambuco, CAA, Mestrado em Engenharia Civil e Ambiental, 2021.

Inclui Referências.

1. Epidemiologia – Caruaru (PE). 2. Modelos matemáticos. 3. Vírus – Caruaru (PE). 4. Testes imunológicos – Caruaru (PE). 5. Isolamento social – Caruaru (PE). 6. Epidemias – Caruaru (PE). I. Antunes, Alessandro Romário Echevarria (Orientador). II. Coutinho, Artur Paiva (Coorientador). III. Título.

CDD 620 (23. ed.)

UFPE (CAA 2021-267)

PEDRO PEREIRA DOS SANTOS

**DINÂMICA POPULACIONAL DA COVID-19 NA CIDADE DE CARUARU:  
modelagem matemática e estudo de casos utilizando modelo SEIR adaptado**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Civil e Ambiental da Universidade Federal de Pernambuco como requisito parcial para obtenção do título de mestre em Engenharia Civil e Ambiental.

Área de concentração: Tecnologia Ambiental.

Aprovada em: 21 / 12 / 2021.

**BANCA EXAMINADORA**

---

Prof. Dr. Alessandro Romário Echevarria Antunes (Orientador).  
Universidade Federal de Pernambuco.

---

Prof<sup>ª</sup>. Dr<sup>ª</sup>. Mariana Fernandes dos Santos Villela (Examinadora Interna).  
Universidade Federal de Pernambuco.

---

Prof. Dr. César Augusto Rodrigues Castilho (Examinador Externo).  
Universidade Federal de Pernambuco.

---

Prof. Dr. Francisco de Assis da Silva Santos (Examinador Externo).  
Universidade Federal de Pernambuco.  
Associação Caruaruense de Ensino Superior.

## AGRADECIMENTOS

Como seres sociais, vivemos em uma troca de experiências e saberes continuamente. Nessa prática não há hierarquia alguma, portanto, agradeço igualmente a todas as pessoas que fizeram parte de algum modo da minha trajetória de formação profissional e pessoal.

Do período de vivência na universidade, recordo dos funcionários técnicos administrativos que me trataram tão bem, do pessoal da limpeza que socializaram experiências de modo cordial, dos seguranças que coletivizaram debates reflexivos e saudáveis, dos motoristas e cobradores dos ônibus que me atenderam educadamente, das cozinheiras e atendentes da cantina que sempre fizeram me sentir em casa, e dos meus colegas de estudo e de profissão que maximizaram meu desenvolvimento através de trocas de experiências e que, também, proporcionaram momentos de descontração.

Mesmo querendo não citar nomes, não posso deixar de agradecer em especial ao meu orientador, incentivador e amigo Alessandro Romário; ao meu primeiro chefe imediato e amigo que nos ajudou de modo imprescindível, o coorientador Artur Paiva; e a coordenação do PPGECAM por todo o apoio e pelo trabalho excelente desenvolvido sob a coordenação da prof<sup>a</sup>. Giuliana Bono e de toda a sua equipe, principalmente José Marcelo que sempre me atendeu muito bem apesar de tantas demandas.

Enfim, agradeço a todas as pessoas que me ajudaram a estar exatamente onde sempre quis estar. Muito obrigado!

De alguma maneira, cada um se preocupa somente por sua própria sobrevivência. A solidariedade que consiste em guardar distâncias mútuas não é uma solidariedade que permite sonhar com uma sociedade diferente, mais pacífica, mais justa. Não podemos deixar a revolução nas mãos do vírus. Precisamos acreditar que após o vírus virá uma revolução humana. (HAN, 2020, p. [1]).

## RESUMO

Este trabalho é um estudo sobre a dinâmica da COVID-19 na cidade de Caruaru que apresenta estratégias de mitigação da doença. Caruaru é um referencial na área médica, sendo de fundamental importância na composição do sistema de saúde do agreste pernambucano. As cidades circunvizinhas e outras mais distantes contam com profissionais de saúde especializados, equipamentos sofisticados e leitos de hospitais da cidade de Caruaru. Com o surgimento de uma epidemia, a demanda por leitos hospitalares cresce exponencialmente e o risco de colapso do sistema de saúde passa a ser uma realidade constante. Portanto, os objetivos deste trabalho são a adaptação de um modelo compartimentado e a avaliação dos efeitos da epidemia de COVID-19 para se indicar as estratégias melhores possíveis para a diminuição da contaminação pelo vírus causador da doença na cidade. Para tanto, utiliza-se o modelo compartimentado SUQC estruturado em classes diferenciadas por faixas etárias, criando cenários variados associados a medidas de isolamento sociais e testagem populacional. Foi aplicado o design de experimentos para estudo paramétrico do modelo. A taxa de reprodução básica foi calculada para estudo do modelo e dos cenários considerados. Foi constatado que as medidas de isolamento social e de testagem prévia da população são estratégias fortemente eficazes para o combate da doença. Cenários sem pandemia são possíveis com esforços de quarentena e de testagem concentrados mais em populações de 0 a 59 anos de idade.

Palavras-chave: epidemiologia matemática; modelo epidemiológico; SARS-CoV-2; coronavírus; COVID-19.

## ABSTRACT

This work is a study on the dynamics of COVID-19 in the city of Caruaru that presents strategies to mitigate the disease. Caruaru is a reference in the medical field, being of fundamental importance in the composition of the health system in the areas of Pernambuco. The surrounding cities and more distant ones need specialized health professionals, sophisticated equipment and hospital beds in the city of Caruaru. With the emergence of an epidemic, the demand for hospital beds grows exponentially and the risk of collapse of the health system becomes a constant reality. Therefore, the objectives of this work are the adaptation of a compartmented model and the evaluation of the effects of the COVID-19 epidemic to indicate the best possible strategies to reduce the contamination by the virus that causes the disease in the city. Therefore, the SUQC compartmentalized model is used, structured in classes differentiated by age groups, creating different scenarios associated with social isolation measures and population testing. The design of experiments for the parametric study of the model was applied. The basic reproduction rate was calculated to study the model and scenarios considered. It was found that measures of social isolation and prior testing of the population are highly effective strategies to combat the disease. Pandemic-free scenarios are possible with quarantine and testing efforts focused more on populations aged 0-59 years.

Keywords: mathematical epidemiology; epidemiological model; SARS-CoV-2; coronavirus; COVID-19.

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Gráfico 1 - Número de infecções previstas na China pelo modelo SEIR modificado.....	17
Figura 1 - Esquema do modelo SIR.....	23
Figura 2 - Esquema do modelo SEIR.....	24
Figura 3 - SARS-CoV-2 visto através de microscópio.....	25
Figura 4 - Representação do método de <i>design</i> de experimentos.....	34
Figura 5 - Influência dos parâmetros no modelo SUQC.....	38
Diagrama 1 - Diagrama de Pareto com os parâmetros do modelo SUQC.....	39
Figura 6 - Influência dos parâmetros no modelo SUQC estruturado em faixas etárias.....	40
Diagrama 2 - Diagrama de Pareto com os parâmetros do modelo estruturado em classes etárias.....	41
Gráfico 2 - Ajustes dos parâmetros do modelo (3.1).....	43
Gráfico 3 - Ajustes dos parâmetros do modelo (3.2).....	45
Gráfico 4 - $R_0$ em função das taxas de contágio.....	46
Gráfico 5 - $R_0$ em função das taxas de quarentena e de testagem.....	47
Gráfico 6 - Dinâmica populacional por classes e total de infectados.....	48
Gráfico 7 - Dinâmica populacional por compartimento.....	48
Gráfico 8 - Variação de $R_0$ em função da dinâmica do sistema com os parâmetros ajustados. ....	49
Gráfico 9 - Populações de infectados para cada cenário de quarentena.....	50
Gráfico 10 - Taxas de reprodução básica de cada cenário.....	51
Gráfico 11 - Populações de infectados para cada cenário de testagem.....	51
Gráfico 12 - Taxas de reprodução básica de cada cenário de testagem.....	52
Gráfico 13 - Populações de infectados para cada cenário de testagem onde os totais das taxas de quarentena e testagem não foram alterados e foram distribuídos de acordo com os cenários.....	53
Gráfico 14 - Taxa de reprodução básica de cada cenário de testagem onde os totais das taxas de quarentena e testagem não foram alterados e foram distribuídos de acordo com os cenários.....	54

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Divisão das classes.....	20
Tabela 2 - Parâmetros do modelo SUQC.....	30
Tabela 3 - Simbologia do modelo SUQC estruturado em classes etárias.....	32
Tabela 4 - Faixas etárias e populações das classes.....	42
Tabela 5 - Ajuste dos parâmetros do modelo (3.1).....	43
Tabela 6 - Ajuste dos parâmetros do modelo (3.2).....	44
Tabela 7 - Cenários e suas proporções.....	49
Tabela 8 - Número de infectados confirmados em cada cenário de quarentena.....	50
Tabela 9 - Número de infectados confirmados em cada cenário de testagem.....	52
Tabela 10 - Número de infectados confirmados em cada cenário de testagem com o mesmo total das taxas retornadas no ajuste do modelo.....	53

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO.....</b>	<b>11</b>
<b>2</b>	<b>TRABALHOS RELACIONADOS E CONCEITOS.....</b>	<b>14</b>
2.1	ESTRUTURAS ETÁRIAS.....	18
<b>2.1.1</b>	<b>Taxa de reprodução básica (<math>R_0</math>).....</b>	<b>20</b>
2.2	O MODELO SEIR.....	22
2.3	CARACTERÍSTICAS DO PATÓGENO.....	24
<b>2.3.1</b>	<b>O vírus SARS-CoV-2.....</b>	<b>25</b>
<b>2.3.2</b>	<b>A COVID-19.....</b>	<b>27</b>
2.4	O MODELO SUQC.....	28
<b>3</b>	<b>METODOLOGIAS.....</b>	<b>31</b>
3.1	DIVISÃO DO MODELO SUQC EM FAIXAS ETÁRIAS.....	31
3.2	O MÉTODO DE RUNGE-KUTTA.....	33
3.3	<i>DESIGN</i> DE EXPERIMENTOS.....	33
3.4	MÉTODO DA MATRIZ DA PRÓXIMA GERAÇÃO PARA CÁLCULO DE $R_0$ .....	35
<b>4</b>	<b>IMPLEMENTAÇÕES E RESULTADOS.....</b>	<b>38</b>
4.1	ESTUDO PARAMÉTRICO.....	38
4.2	AJUSTES DO MODELO.....	41
4.3	ESTUDOS DE CASOS.....	45
<b>4.3.1</b>	<b>Simulações com <math>R_0</math>.....</b>	<b>45</b>
<b>4.3.2</b>	<b>Simulações de cenários.....</b>	<b>47</b>
<b>5</b>	<b>CONCLUSÕES.....</b>	<b>55</b>
5.1	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	58
	<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>59</b>

## 1 INTRODUÇÃO

Observar padrões aparentes e estudá-los possibilita a compreensão de fenômenos naturais, ajudando a prever comportamentos para que sejam tomadas medidas preventivas. Uma área fenomenológica estudada intensamente é a das doenças, principalmente das que têm a possibilidade de se tornarem epidêmicas, causando efeitos graves nas comunidades, pondo o valor maior do estado em risco: a sua população.

Historicamente, efeitos de endemia e epidemia sempre acompanharam a humanidade, impulsionando conjecturas e estudos sobre o assunto. Assim, surgiu uma área da medicina chamada de epidemiologia que estuda os aspectos diversos que podem contribuir para um estado epidêmico que possa afetar a humanidade significativamente.

Cada ente federativo tem parte da sua administração voltada para a saúde da sua população, dependendo de indicadores numéricos para sua avaliação e para tomada de decisões. Os indicadores mais comuns são as frequências de óbitos e eventos mórbidos por serem os fatores principais que ameaçam a saúde pública. Esses indicadores, apresentados em taxas, geralmente, são obtidos através de registros oficiais de suas ocorrências e norteiam a tomada de ações sanitárias. Assim, indicadores altos significam, para a administração pública, prejuízos sociais irremediáveis. Portanto, são necessários investimentos em prevenções com a finalidade de se evitar ou diminuir tais prejuízos.

Devido a pandemia de gripe que durou de 1918 a 1920, conhecida como *gripe espanhola*, contaminando 25% da população mundial e levando dezenas de milhões de pessoas a óbito (SOUZA, 2008), estudos epidemiológicos ganharam impulso na tentativa de caracterizar as doenças, determinar os fatores causadores e buscar formas de controle

Em meio a essa corrida, alguns pesquisadores utilizaram a modelagem matemática a fim de simular epidemias para poder analisar a sua dinâmica de acordo com alguns parâmetros que podem ser interpretados em ações reais de prevenção. Foi nesse sentido que surgiu o termo epidemiologia matemática.

Kermack e McKendrick (1927, p. 713) propuseram um modelo matemático representado por um sistema de três equações diferenciais que hoje é adotado como paradigma dos modelos compartimentados. O modelo é conhecido por SIR em referência a três compartimentos: o de Suscetíveis, representando as pessoas que podem ser infectadas; o de Infectados, que representa a população infectada; e o de Removidos que é composto pelas pessoas que se recuperam da infecção ou que falecem. Utilizando raciocínio análogo, vários

modelos foram adaptados a partir do modelo SIR acrescentando-se compartimentos e parâmetros novos de acordo com o patógeno em estudo. Variações novas do modelo SIR foram e continuam sendo criadas para representação da dinâmica populacional devido ao SARS-CoV-2, como é o caso do modelo suscetível, infectado não quarentenado, infectado quarentenado e infectado confirmado (ZHAO; CHEN, 2020) que é utilizado neste trabalho.

Inicialmente, os estudos em epidemiologia matemática do autor deste trabalho eram direcionados para o caso da dengue, pois é um problema mundial, constante e que causa milhares de mortes por ano. Por exemplo, nos últimos anos foi estimado mundialmente, entre confirmações e subnotificações, 390 milhões de casos por ano (OPAS, 2019).

Com o surgimento da COVID-19, os estudos foram direcionados para esse tipo de patógeno por ser de infecção mais forte do que a dengue e por não depender de um vetor transmissor, se espalhando mais rapidamente e causando mais mortes em um intervalo de tempo relativamente menor. Em Pernambuco, por exemplo, já foram registrados, até o dia 14 de novembro de 2021, 636.081 casos e 20.118 óbitos, sem considerar as subnotificações (BRASIL, 2021).

A cidade de Caruaru apresenta fundamental importância no agreste pernambucano, apresentando-se como polo econômico e social que converge o fluxo de pessoas de diversos municípios. A cidade fica a 130 km da capital Recife e faz divisa com os municípios de Toritama, Vertentes, Taquaritinga do Norte, Altinho, Agrestina, Bezerros, Frei Miguelinho, Riacho das Almas, São Caetano e Brejo da Madre de Deus. Essas cidades e outras próximas a Caruaru possuem hospitais de porte pequeno, sem equipamentos, profissionais da saúde e leitos suficientes para atender suas respectivas populações em casos de endemias, ou até mesmo em alguns casos comuns. Portanto, Caruaru não é apenas uma capital comercial do agreste, mas também o é em relação à saúde. Seus hospitais (Hospital Mestre Vitalino, Hospital Unimed, Hospital Regional do Agreste, Hospital Santa Efigênia, Hospital São Sebastião, UPA 24h, UPAE Caruaru e outros) recebem pacientes de todas as cidades vizinhas, incluindo outras mais distantes. Desse modo, o sistema de saúde de Caruaru possui uma demanda bem maior do que proporciona à sua população e é de importância vital para a saúde de milhares de pernambucanos. Portanto, Caruaru reflete a saúde do agreste pernambucano e seu sistema de saúde deve ser avaliado constantemente.

Com uma população estimada de 365.278 pessoas (IBGE, 2020), Caruaru já soma 33.513 casos confirmados e 720 óbitos, de acordo com o boletim epidemiológico do dia 14 de novembro de 2021 (CARUARU, 2021), sem considerar as subnotificações.

O primeiro caso de COVID-19 confirmado na cidade de Caruaru ocorreu no dia 23 de março de 2020, seis dias após o decreto estadual de quarentena que paralisou todas as atividades não consideradas essenciais. Tem-se como hipótese que essa medida somada a outras, como o uso de máscaras de proteção hospitalar, por exemplo, contribuíram consideravelmente para que não houvesse indicadores bem piores. Foi pensando em fundamentar essa proposição e em apontar estratégias melhores para a diminuição de casos que esse trabalho foi idealizado. Este trabalho tem dois objetivos principais, a adaptação de um modelo compartimentado e a sua utilização para avaliar a epidemia de COVID-19 na cidade de Caruaru apontando as estratégias melhores para a diminuição do total de pessoas contaminadas.

Como ainda se conhece pouco sobre a COVID-19, primeiro são abordadas as características já conhecidas do vírus e da doença causada. Em seguida, há um panorama de algumas pesquisas sobre a dinâmica populacional em relação a doenças contagiosas. A partir de então, caracteriza-se a metodologia para a realização de simulações de cenários e análise do modelo. Posteriormente, é evidenciada a sensibilidade de um modelo SEIR modificado (SUQC) em relação aos seus parâmetros como critério para a criação de cenários distintos. Por fim, com base nos trabalhos já publicados e no estudo paramétrico do modelo utilizado, são apresentados os resultados das simulações realizadas para alguns cenários possíveis.

Considerando o contexto atual, este trabalho propõe evidenciar as ações que contenham melhor a COVID-19 e, conseqüentemente, o número de óbitos causados.

## 2 TRABALHOS RELACIONADOS E CONCEITOS

Devido ao surgimento do vírus SARS-CoV-2, causador da doença COVID-19, várias frentes de estudos epidemiológicos foram voltadas para essa pandemia. Mesmo assim, e devido ao surgimento há pouco tempo, não se conhece o suficiente sobre a doença para sua estagnação. Nesse cenário, a epidemiologia matemática é de grande utilidade para análise da dinâmica da doença apontando as estratégias melhores para a sua diminuição. Portanto, a seguir, esse texto discorre sobre alguns trabalhos para evidenciar parâmetros que possam influenciar na propagação do vírus.

No início da pandemia, uma das conjecturas levantadas foi de que o vírus tem baixa resistência a temperaturas altas, podendo ser um fator que amenizaria o contágio em regiões tropicais, como em Pernambuco, por exemplo. Na tentativa de mostrar esse fato, o trabalho de Shi Peng et al. (2020) toma como dados a temperatura média de 344 cidades da China, onde se iniciou a pandemia, em regiões com os números maiores de casos, de 20 de janeiro a 29 de fevereiro de 2020. Para examinar a relação entre temperatura e taxa de contágio, foram utilizadas regressão localmente ponderada, gráfico de dispersão de suavização, modelos não lineares e um modelo compartimentado adaptado do tipo SEIR. Dentro de um intervalo de temperatura de vinte e dois graus Celsius negativos a vinte seis graus Celsius positivo, foi constatado que a taxa de contágio tem uma capacidade maior em temperaturas de oito a dez graus Celsius em relação às outras temperaturas. Porém, isso não significa a não reprodução do vírus em temperaturas menores e maiores, mas foi evidenciado, também, uma diminuição na capacidade de infecção<sup>1</sup> do vírus com o aumento da temperatura. Em resumo, podemos dizer que temperaturas baixas favorecem o contágio por COVID-19 e que em regiões de temperatura mais elevada o contágio é um pouco menor, mas não sendo de ordem significativa para se ter medidas diferenciadas de prevenção entre localidades com temperaturas diferentes.

Observada a relação possível do clima com o poder de contágio do SARS-CoV-2, os pesquisadores Mecenas et al. (2020) avaliaram diversos trabalhos publicados que contêm referências a umidade relativa do ar e a temperatura relacionadas ao contágio do vírus. De uma revisão de 517 artigos, 17 foram selecionados por conterem informações suficientes sobre sazonalidade no contexto da COVID-19, constatando-se homogeneidade na conclusão de que as “condições frias e secas foram fatores potenciadores da propagação do vírus”

---

1 Neste trabalho, o substantivo infecção é sempre utilizado com sinônimo de contaminação.

(MECENAS et al., 2020, p. 1, tradução nossa). Porém, não foi evidenciado que essas duas variáveis possam “[...] explicar a maior parte da variabilidade na transmissão da doença” (MECENAS et al., 2020, p. 1 tradução nossa). Embora o clima não seja um fator crucial no contágio da COVID-19, uma influência pequena de temperaturas baixas pode tender a transformar a doença em doença sazonal, o que é um fato preocupante porque pode contribuir para a continuidade do vírus no planeta.

Algumas doenças, assim como a dengue, por exemplo, precisam de um vetor para a sua disseminação. Logo no início da pandemia se verificou que a COVID-19 não tem essa característica por se tratar de um coronavírus que é transmitido por seres da mesma espécie através do contato físico e pelas vias aéreas. Portanto, as medidas preventivas imediatas foram o distanciamento social, o uso de máscaras hospitalares e a higienização das mãos. De modo natural, tais medidas foram contestadas, principalmente quando as medidas restritivas de circulação de pessoas e funcionamento de estabelecimentos foram tomadas, ficando apenas os serviços essenciais em funcionamento. Com isso, diversas pesquisas foram realizadas a fim de evidenciar a importância dessas medidas preventivas. Um desses trabalhos foi desenvolvido na Índia por conta do registro de 1.251 casos e 32 óbitos por COVID-19 no dia 30 de março de 2020 (CHATTERJEE et al., 2020). Os autores utilizaram um modelo SEIR adaptado e o implementaram no *software MatLab*. Seus resultados mostraram que as medidas de isolamento e distanciamento social, além das medidas de higiene, podem diminuir os casos da doença e as mortes causadas por ela em até 90%.

Para se avaliar a influência de parâmetros em um modelo epidemiológico, deve-se verificar como a contaminação se comporta em função desses parâmetros. Para isso, em modelos epidemiológicos, costuma-se utilizar uma medida chamada de número básico de reprodução ( $R_0$ ). Seu significado é simples, para valores acima de 1, há indício de que a população atual de infectados está gerando uma outra população maior, e para valores abaixo de 1 indica que a população atual de infectados está gerando populações menores, indicando que a epidemia está diminuindo, tendendo ao seu fim. Quando  $R_0 > 1$ , dizemos que temos um estado epidêmico e que as medidas preventivas mais eficazes devem ser evidenciadas. (Esse assunto será abordado novamente mais adiante).

Os primeiros casos de COVID-19 no Brasil se iniciaram nos estados de São Paulo e Rio de Janeiro, se espalhando para os outros estados, se tornando o centro de contaminação da América do Sul. Yuanji Tang et al. (2020) desenvolveram um modelo matemático e o aplicaram aos casos dos estados de São Paulo, Rio de Janeiro, Amazonas, Ceará e Pernambuco, com a finalidade das autoridades brasileiras tomarem medidas críticas. O estudo

mostra que o número básico de reprodução variava de 2,2 a 4,5 antes das medidas cautelares, diminuindo para valores de 0,82 a 1,78, ou seja, os dados mostraram uma eficiência grande do isolamento e distanciamento social.

Ainda de acordo com o trabalho de Yuanji Tang et al. (2020), os primeiros casos registrados em Pernambuco ocorreram em 12 de março e se referiam a um casal recém-chegado da Itália, onde a pandemia já estava em estado avançado. As medidas de isolamento social foram impostas pelo governo do estado no dia 17 de março. Em média, após um mês da medida de isolamento, a porcentagem de quarentenados foi de 45,3%, e de 58,9% para o segundo mês posterior. Com isso, o número básico de reprodução  $R_0$ , após dois meses do registro dos primeiros casos, ficou em 1,49 para o estado e em 1,43 para a capital. Com o aumento de casos, no dia 16 de maio foi decretado *Lockdown*<sup>2</sup> nas cidades de Recife, Olinda, Jaboatão dos Guararapes, Camaragibe e São Lourenço da Mata, indo até o último dia do mês. Com esses dados, foram realizadas algumas estimativas. Duas delas foram o registro de 40 casos novos por dia no fim de junho e um total 68.600 casos (TANG et al., 2020, p. 1455). No dia 12 de outubro foram registrados 78 casos em 24 horas, totalizando 58.107 casos da doença, mostrando uma aproximação razoável do modelo com a realidade.

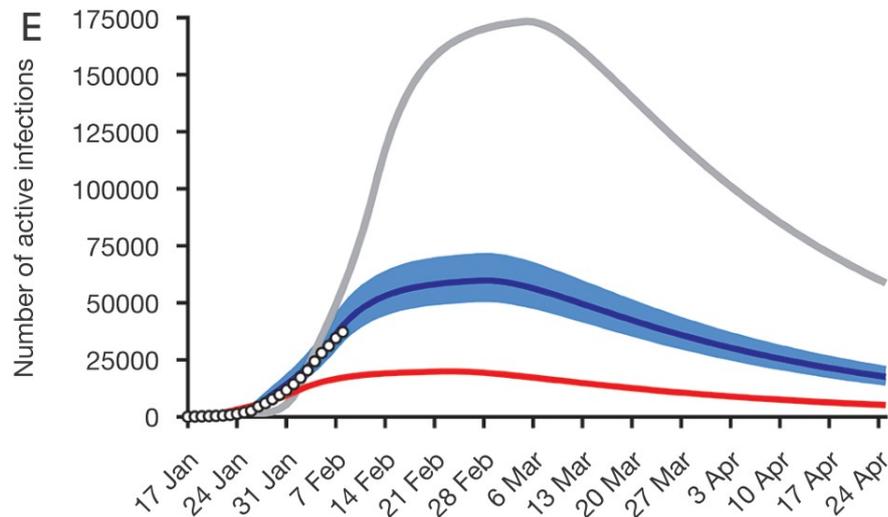
Neste trabalho, adota-se apenas modelos do tipo SEIR, embora haja outras estratégias diversas. Por exemplo, Zifeng Yang et al. (2020) utilizaram um modelo de inteligência artificial (IA) já adaptado para casos de SARS (síndrome respiratória aguda grave) ocorridos em 2003, mostrando que os dados obtidos foram relativamente próximos aos obtidos por um modelo SEIR adaptado, proposto, também, no mesmo trabalho. Ambos modelos produziram um resultado preocupante: o atraso ou o adiantamento das medidas preventivas em poucos dias podem implicar no aumento ou diminuição, respectivamente, dos casos de infecção de modo muito significativo. Em simulações considerando-se a população da China [gráfico (1)], comparou-se o número de infectados preditos de acordo com a data real em que as medidas restritivas foram tomadas (linha azul) com os casos em que se atrasaria a implementação das restrições em cinco dias (linha cinza) e em que se adiantaria essas medidas em cinco dias (linha vermelha). No caso do adiantamento, a diferença provocada no número de infectados foi de aproximadamente 100%, e no caso do atraso, a diferença chegou perto de 300%. Observação: as bolinhas brancas presentes no gráfico representam o número real de infectados e faixa em azul-claro representa uma margem de erro possível na predição do

---

2 No Brasil não há uma definição precisa que caracterize o termo *lockdown*. Nos casos supracitados, houve fechamento de fábricas e lojas, excetuando-se os setores considerados essenciais para a sobrevivência, redução da circulação de pessoas e proibição de aglomerações.

número de infectados considerando-se a data real em que as medidas restritivas foram tomadas.

Gráfico 1 - Número de infecções previstas na China pelo modelo SEIR modificado.



Fonte: Yang et al. (2020, p. 171).

Em várias pesquisas foram utilizados modelos adaptados do modelo compartimentado SIR. As adaptações tentam deixar o modelo mais próximo da realidade, para se ter uma acurácia melhor. Por exemplo, no trabalho de Zifeng Yang et al. (2020) são consideradas entradas e saídas de pessoas nos compartimentos de pessoas suscetíveis e expostas, a fim de simular os fenômenos migratórios de algumas regiões da China. Já alguns trabalhos utilizam faixas etárias (CASTILLO-CHAVEZ et al., 1989; INABA, 2006; THIEME, 2001; ZHOU et al., 2019), criando um sistema de equações para cada uma, devido a uma diferença significativa nas taxas de mortalidade.

Os trabalhos analisados até aqui evidenciaram o quanto o método dos modelos compartimentados podem ajudar na análise da dinâmica do SARS-CoV-2. Esses modelos foram adaptados de acordo com as características conhecidas do patógeno. Essas adaptações implicam, na maioria dos casos, no aumento de compartimentos e parâmetros que acabam melhorando a precisão do modelo, de acordo com os resultados dos trabalhos que foram analisados para a produção deste estudo. O contágio e os efeitos da doença em relação com as idades das pessoas infectadas foram observados no início da pandemia, colocando a idade como uma das propriedades mais importantes a serem analisadas. Portanto, a seguir são abordados alguns trabalhos que implementaram a idade da população.

## 2.1 ESTRUTURAS ETÁRIAS

Os modelos epidemiológicos compartimentados são muito gerais, considerando-se os parâmetros constantes como sendo médias de uma população. A maioria das doenças se manifestam de modo diferente de acordo com a heterogeneidade de uma comunidade, mas muitos modelos consideram a população homogênea, implicando em modelos matemáticos simplificados. Portanto, é matéria de discussão sobre como a divisão da população em faixas etárias pode influenciar em modelos compartimentados.

Na literatura científica, os modelos epidemiológicos compartimentados já comprovaram a sua eficiência em demonstrar quais são os principais parâmetros que afetam a disseminação de uma doença. Porém, esses modelos não são seguros para se fazer previsões precisas. Por exemplo, um modelo pode estimar o número total de infectados em um intervalo temporal, mas esse número pode variar muito, pois não há uma margem segura de erro. Quanto mais um modelo se adéqua às peculiaridades de uma população, mais ele fornece dados próximos da realidade e, portanto, oferece mais segurança para a análise de possíveis cenários. Tornar um modelo mais versátil implica em mais parâmetros e variáveis que tornam o sistema de equações mais complicado para análise e aumenta o custo computacional. Então, procura-se implementar poucas características. Assim, surge uma retórica sobre quais peculiaridades da população implicam em uma heterogeneidade maior em relação à doença em questão. Linhua Zhou et al. (2019) afirmam que a divisão da população por idade é um dos fatores que mais cooperam para inhomogeneidade populacional em relação a doenças contagiosas.

“A distribuição da idade é um dos fatores mais importantes que contribuem para a heterogeneidade das populações e, portanto, influencia muito o curso do tempo e os resultados da transmissão e propagação de doenças infecciosas. Mais importante ainda, os padrões e frequências de interações individuais podem ser drasticamente diferentes entre os grupos de idade e essas diferenças produzem um grande grau de heterogeneidade nas taxas de transmissão. Indivíduos em diferentes idades também podem ter diferentes níveis de imunidade contra doenças infecciosas. Essas diferenças podem afetar as taxas de mortalidade específicas por idade e as taxas de recuperação de uma infecção. Modelar o impacto da estrutura etária de uma população na transmissão de uma doença infecciosa é crucial para a compreensão da complexidade da dinâmica da doença e para o controle e prevenção eficazes da doença.” (ZHOU et al., 2019, tradução nossa).

A princípio, há duas características imediatas em relação à idade das pessoas que influenciam na dinâmica de doenças contagiosas. Primeiro, quando divide-se uma população em faixas etárias, sempre tem-se uma quantidade diferente de pessoas em cada faixa, ou seja, temos densidades demográficas diferentes para cada grupo etário, o que influencia o contágio (KERMACK; MCKENDRICK; WALKER, 1927). Segundo, a circulação de pessoas, que implica no contato direto aumentando o contágio, se concentra mais nas faixas que englobam a maior parte da classe trabalhadora que não tem como seguir medidas de quarentena. Além disso, as características do patógeno podem ter relação com a idade das pessoas, como é o caso da COVID-19, pois, de acordo com os dados registrados pelos órgãos de saúde, sabe-se que a taxa de casos graves e de mortalidade por COVID-19 aumentam de forma diretamente proporcional à idade das pessoas.

A divisão da população em grupos etários pode implicar em alguns aspectos da dinâmica da doença. Como exemplo, Castillo-Chaves et al. (1989) propuseram um modelo sem imunidade permanente, permitindo efeitos de oscilação, e com divisão populacional em faixas etárias a fim de se analisar os efeitos da imunidade cruzada (uma pessoa pode se tornar imune a uma cepa por ter sido contaminado por outra cepa). Um dos resultados desse trabalho afirma que a taxa de mortalidade diferenciada de acordo com a idade do infectado foi o fator que mais contribuiu para que a doença se tornasse periódica, ou seja, apenas uma característica de valores diferentes para idades diferentes pode ser suficiente para implicar na sazonalidade da doença. O sistema foi aplicado ao caso da influenza considerando-se duas cepas (H1N1 e H3N3), mostrando que as diferenças entre elas reforçam a continuidade da doença, mas que diferenças muito grandes fazem com que a dinâmica populacional se divida em duas independentes uma da outra para cada cepa. No entanto, as diferenças de efeitos da doença devido à idade das pessoas influenciam a perpetuação da doença, seja na presença de uma ou duas cepas.

No trabalho de Castilho et al. (2020), os autores utilizaram um modelo SEIR com duas modificações principais, o acréscimo do compartimento das pessoas em quarentena (Q) e a divisão da população em três classes etárias, como indicado na tabela (1). Além da diferença da letalidade por COVID-19 em relação à idade do infectado, a quantidade proporcional de pessoas em cada classe no Brasil é considerada, fazendo com que o modelo considere mais a heterogeneidade da população em que é aplicado. Assim como nos demais trabalhos analisados, o número de infectados é inversamente proporcional ao esforço de quarentena. Além disso, a partir de um certo grau de distanciamento social o número de infectados passa a decrescer mais rapidamente. Esse resultado pode ser otimizado reforçando-se o isolamento

social entre adultos (classe 2), sem considerar a interação entre as classes, e entre jovens (classe 1) e adultos. Pensando em uma estratégia melhor para a diminuição da quantidade de óbitos, Castilho et all. (2020) concluíram que deve haver um esforço de quarentena maior das pessoas com mais de 60 anos. Ao contrário do que foi dito no início da pandemia, observou-se, também, que a imposição de quarentena apenas das pessoas mais idosas não produz um resultado significativo na diminuição da quantidade de infectados.

Tabela 1 - Divisão das classes.

Classe	Intervalo de idade (anos)
1	[0, 19]
2	[20, 59]
3	[60, 100]

Fonte: Castilho *et al.* (2020, p. 4).

A estruturação de um modelo em faixas etárias pode implicar em estratégias novas de contenção da propagação de doenças. Por exemplo, é de consenso científico que a vacinação é o melhor meio para erradicação ou controle de uma doença, mas na impossibilidade de vacinação imediata de toda a população, que é o que acontece em relação à COVID-19 no planeta, deve-se seguir caminhos que otimizem a contenção da doença. Horst Thieme (2001) aponta que as estratégias melhores de vacinação inicial envolvem uma ou duas faixas etárias no máximo.

### 2.1.1 Taxa de reprodução básica ( $R_0$ )

Nos modelos compartimentados do tipo SEIR é trivial saber-se quando há a possibilidade de uma endemia ou não. Nos modelos que consideram populações homogêneas, é determinado um valor chamado de taxa de reprodução básica ou número de reprodução basal (MARTCHEVA, 2015, p. 21), representado por  $R_0$ . Como já foi citado na introdução, quando  $R_0 < 1$ , significa que a quantidade atual de infectados está contaminando uma outra quantidade menor de suscetíveis, dentro do intervalo de tempo em que o infectado pode transmitir a doença, ou seja, indica que o contágio está diminuindo; já quando  $R_0 > 1$ , a população atual de infectados está gerando uma outra população maior de infectados, indicando um possível estado endêmico.

O  $R_0$  pode ser estimado a partir dos dados reais de uma população, mas a sua precisão depende do quanto esses dados são verossímeis. No caso da COVID-19, sabe-se que temos

muitas subnotificações. A maior parte da testagem é restrita aos casos hospitalares que representam de dez a vinte por cento dos casos totais (ZAPAROLLI, 2020), comprometendo uma estimativa razoável do número de reprodução básica. Assim, pode ser mais seguro fazer uma estimação por simulação numérica do que confiar nos dados divulgados pelo Ministério da Saúde.

Nos modelos mais simples SIR, onde temos apenas uma taxa de contágio  $\alpha$  e uma taxa de recuperação  $\mu$ , é fácil deduzir a taxa de reprodução básica:

$$R_0 = \frac{\alpha}{\mu}.$$

Porém, a medida que os modelos são mais elaborados para representar melhor um tipo de patógeno, se torna mais complicado a determinação da taxa de reprodução básica. Por exemplo, se um modelo considera três classes etárias, testagem prévia de parte da população e subnotificações, então temos, no mínimo, três taxas de contágio e nove taxas de remoção que não podem ser apenas somadas para se estimar  $R_0$  se cada uma está relacionada a peculiaridades de cada população.

Sergio Luis (2014) expõe em sua dissertação quatro maneiras de se calcular  $R_0$ : o método da função de sobrevivência; o método da matriz da próxima geração; o método do Jacobiano; e o método do termo constante do polinômio característico.

A escolha de um método depende das particularidades do modelo. Por exemplo, se o método possui função de sobrevivência  $f(a)$ , função que indica a probabilidade de que um indivíduo infectado recentemente permaneça como um agente infectante por um determinado período de tempo  $a$ , e se se considera o crescimento da população de suscetíveis, então o *método função de sobrevivência* pode ser utilizado. Nesse caso, a taxa de reprodução básica é dada por

$$R_0 = \int_0^{\infty} b(a)f(a)da,$$

onde  $b(a)$  representa o número médio de pessoas infectadas por uma pessoa infectada durante um período de tempo  $a$  (HEFFERNAN; SMITH; WAHL, 2005).

Esse método se torna complicado quando há mais de um vetor responsável pela transmissão da doença e é indicado para modelos estocásticos que contenha funções probabilísticas envolvendo a transmissibilidade. Ele pode ser aplicado em modelos definidos por equações diferenciais ou não.

Um dos métodos mais utilizado é o *método do jacobiano* (HEFFERNAN; SMITH; WAHL, 2005), onde  $R_0$  é associado ao autovalor máximo de uma matriz jacobiana. Uma

desvantagem desse método é a sua aplicação a sistemas com muitas equações, pois a matriz jacobiana é formada pelas derivas parciais de cada equação e seus autovalores devem ser determinados e avaliados. Se todos os autovalores forem negativos, o sistema é estável, em caso contrário, o sistema é instável.

Assim como nos modelos, os métodos para cálculo de  $R_0$  são modificados gerando modelos derivados. O *método do termo constante do polinômio característico* é uma variação do método do jacobiano. O  $R_0$  é obtido a partir de condições de modo que os autovalores do polinômio característico da matriz jacobiana tenham uma parte real negativa (HEFFERNAN; SMITH; WAHL, 2005).

Quando o número de infectados em um modelo envolve mais de um compartimento, o *método da matriz da próxima geração* é indicado (HEFFERNAN; SMITH; WAHL, 2005). Como o modelo utilizado para simulações neste trabalho envolve três compartimentos com indivíduos contaminados, então esse método foi escolhido para determinação da taxa de reprodução básica e sua implementação será discutida na metodologia.

Nos trabalhos citados de Linhua Zhou et al. (2019) e de Hisashi Inaba (2006) que consideram as idades dos indivíduos, foi comprovado que a interpretação do número de reprodução básica dos modelos mais simples se manteve, ou seja, que  $R_0 > 1$  indica que o número de infectados continua aumentando e que  $R_0 < 1$  sugere o contrário. Além disso, Horst R. Thieme (2001) comprovou matematicamente, para sistemas compartimentados do tipo SEIR e estruturado em faixas etárias, que  $R_0 > 1$  implica na instabilidade do sistema, enquanto  $R_0 < 1$  implica na estabilidade e indica um estado não epidêmico.

## 2.2 O MODELO SEIR

O modelo SEIR foi uma das primeiras variações do modelo SIR proposto por Kermack e Mckendrick (1927). A sigla se refere aos nomes dados aos compartimentos que compõem a população: Suscetíveis; Expostos; Infectados; e Removidos<sup>3</sup>.

Kermack e Mckendrick (1927) defenderam que o surgimento de uma epidemia depende da densidade da população e da infecciosidade da doença. De acordo com o poder de infecção do patógeno, há um limite de densidade populacional que quando é ultrapassado,

---

3 Kermack e Mckendrick não utilizaram a sigla SIR para indicar os compartimentos, mas sim a simbologia  $x$ ,  $y$  e  $z$ , respectivamente.

surge um estado epidêmico, e em caso contrário, um número relativamente pequeno de pessoas é contaminado e a doença tende a desaparecer. Nesse sentido, a compreensão da dinâmica de uma epidemia é simples. Inicialmente, toda a população é considerada suscetível (S) ao patógeno. Assim, há uma densidade favorável para a contaminação. Com o surgimento das infecções, as pessoas suscetíveis que são infectadas passam para o compartimento dos infectados (I). As pessoas infectadas ou se recuperam ou morrem, passando para o compartimento das removidas (R). Desse modo, o número de indivíduos no compartimento S é diminuído pelas pessoas que passam a integrar os compartimentos I e R. Nessa dinâmica, a taxa de infecção segue positivamente até que duas possibilidades ocorram: ou a densidade da população de suscetíveis diminua até abaixo do limite favorável à infecção; ou que a “virulência do organismo causador venha diminuindo gradativamente” (KERMACK; MCKENDRICK; WALKER, 1927, p. 701–702, tradução nossa). Há várias medidas que podem acelerar o processo das duas possibilidades. Por exemplo, o desenvolvimento e aplicação de uma vacina pode tanto diminuir a densidade de suscetíveis como contribuir para a diminuição da capacidade de infecção da doença.

Considerando as taxas de infecção ( $\alpha$ ) e remoção ( $l$ ) constantes, sendo  $t$  a variável do sistema que representa o tempo, e utilizando a notação SIR, Kermack e Mckendrick (1927, p. 713) propuseram o modelo

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\alpha SI \\ \frac{dI}{dt} &= \alpha SI - lI \\ \frac{dR}{dt} &= lI\end{aligned}\tag{2.1}$$

O produto  $\alpha SI$  representa a taxa de recém-infectados a cada unidade de tempo e o produto  $lI$  a taxa de recém-recuperados. Um esquema gráfico desse modelo pode ser visto na figura (1). A unidade de tempo utilizada é de um dia.

Figura 1 - Esquema do modelo SIR.



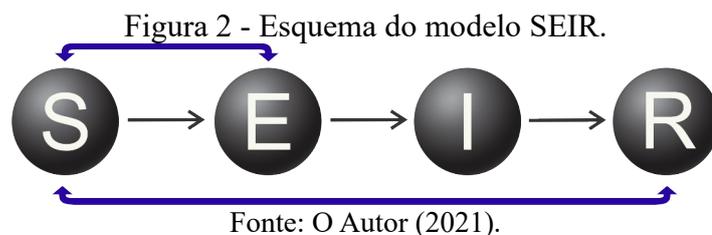
Fonte: O Autor (2021).

A maioria dos patógenos necessita de um intervalo de tempo após a contaminação para que os sinais e sintomas clínicos da doença apareçam no hospedeiro (período de incubação) (MARTCHEVA, 2015, p. 3). Nesse período, dependendo do patógeno, a pessoa infectada pode ser um agente infectante (proliferador da doença) ou não. Considerando que o

hospedeiro não transmite a doença durante o período de incubação<sup>4</sup>, tem-se um grupo de pessoas contaminadas não transmissoras que, depois de um tempo, serão infectantes e farão parte dos infectados ( $I$ ). Portanto, o sistema de equações (2.1) é modificado criando-se o compartimento dos expostos ( $E$ ). Considerando  $\beta$  como sendo a taxa com que os expostos passam a serem proliferantes, temos o modelo SEIR:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\alpha SI \\ \frac{dE}{dt} &= SI - \beta E \\ \frac{dI}{dt} &= \beta E - lI \\ \frac{dR}{dt} &= lI\end{aligned}\tag{2.2}$$

Como se pode observar, o modelo SIR pode ser modificado de acordo com as especificidades de cada patógeno. No modelo (2.2), por exemplo, os recuperados são considerados imunes, pois não voltam para o compartimentos dos suscetíveis. Nesse caso, considera-se, também, a quantidade da população total constante. Sendo  $N$  a população total, temos que  $N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$ . Caso a pessoa infectada se recupere e volte a ser suscetível, podemos utilizar o mesmo sistema acrescentando-se as taxas com que os expostos e os removidos voltam a serem suscetíveis, como indicado pelas setas azuis da figura (2) que representa um esquema gráfico do modelo SEIR.



Os modelos compartimentados são adaptados para simulação de diversos tipos de doenças na tentativa de caracterizar as interações populacionais. As possibilidades são infinitas e, portanto, deve-se conhecer os agentes causadores da doença e os envolvidos em sua transmissão o melhor possível para se ter um modelo mais completo e fidedigno.

### 2.3 CARACTERÍSTICAS DO PATÓGENO

4 O período em que um indivíduo infectado passa sem transmitir a doença até se tornar um transmissor é chamado de período de latência (MARTCHEVA, 2015, p. 3).

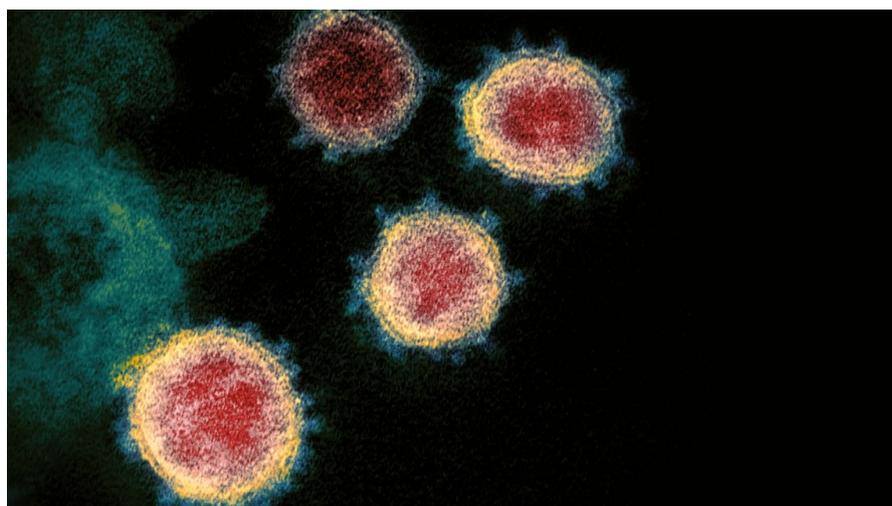
A seguir, são apresentadas algumas características já conhecidas sobre o vírus SARS-CoV-2 e da doença causada por ele que justificam o uso do modelo que será apresentado em seguida. Posteriormente, são expostos o método numérico empregado para a discretização das equações governantes, o método de estudo paramétrico e o método para determinação do número de reprodução básica.

### 2.3.1 O vírus SARS-CoV-2

O vírus SARS-CoV-2, conhecido popularmente por coronavírus, é da ordem *Nidovirales*, da família dos *Coronaviridae* – uma subfamília dos *Coronavirinae* (MARTIN et al., 2020).

O termo corona se refere a “um ou mais círculos coloridos de modo prismático que rodeiam concentricamente o disco do Sol, da Lua ou de um astro quando encobertos por nuvem tênue” (HOUAISS, 2009). Ao observar os *Coronavirinae* em microscópio, como indicado na figura (3), vê-se uma corona devido a cobertura de lipídios que esses vírus possuem, o que explica a utilização do termo coronavírus.

Figura 3 - SARS-CoV-2 visto através de microscópio.



Fonte: NIAID-RML (National Institute of Allergy and Infectious Diseases - Rocky Mountain Labs Overview, 2019).

Em 1965 ocorreu o primeiro registro de coronavírus em humanos. O HCoV foi identificado na mucosa de algumas pessoas com resfriado em Londres (MARTIN et al., 2020). Desde então até o início do século XXI, outras quatro variações foram identificadas,

mas foi em 2002 que a primeira variação letal surgiu na China, o SARS-CoV<sup>5</sup>, levando 774 chineses a óbito e algumas dezenas de outras pessoas nos demais países. Em 2012 o coronavírus MERS<sup>6</sup> foi identificado pela primeira vez em uma pessoa no Oriente Médio, se espalhando para 27 países e causando a morte de ao menos 858 humanos em um período de 7 anos (MARTIN et al., 2020).

A partir de dezembro de 2019 até o dia 03 de janeiro de 2020, o governo chinês relatou à OMS (Organização Mundial de Saúde) casos de pneumonia de causa desconhecida. Esses casos ocorreram na cidade de Wuhan, localizada na província de Hubei. No dia 07 do mesmo mês, a causa foi associada a um tipo recente de coronavírus que hoje chamamos de SARS-CoV-2. A doença causada por esse vírus é chamada de COVID-19, em que a sigla se refere a expressão inglesa *Coronavirus Disease*, que pode ser traduzida para o português por doença do coronavírus, e em que o número se refere ao ano do seu surgimento (2019).

De acordo com pesquisas genéticas, o SARS-CoV-2 não é uma evolução da MERS ou da SARS-CoV (MARTIN et al., 2020, p. 13), o que seria plausível pensar com o surgimento de cepas novas com capacidade de contaminação e efeitos nocivos maiores. Ainda não há pesquisas que comprovem a origem verdadeira do SARS-CoV-2. Acredita-se que ele possa ser uma mutação do coronavírus SARS-like, encontrado em morcegos na China, por ser o mais próximo geneticamente (cerca de 85,5% a 92,4% de similaridade) (MARTIN et al., 2020).

Um fato preocupante é que quanto mais pessoas o vírus contamina, mais mutações ocorrem. De modo natural, as mutações que desfavorecem o contágio tendem a desaparecer e as que aumentam o poder de contaminação tendem a continuar, se sobrepondo às cepas anteriores e podendo causar mais danos. Esse fato já ocorreu em vários países, incluindo o Brasil. Até abril de 2021, já se estimava de 60 a 100 variantes do coronavírus circulando no Brasil (LUIZA, 2021), sendo algumas consideradas *variantes de preocupação* por serem, provavelmente, mais transmissíveis. Além disso, existe a possibilidade de variantes novas serem mais resistentes às vacinas existentes e de serem mais letais.

A OMS adotou o alfabeto grego para classificar as *variantes de preocupação* que surgem para evitar estigmas às regiões onde elas são identificadas (GAMEIRO, 2021). As variantes novas são classificadas em três tipos:

---

5 A sigla SARS vem do termo inglês *Severe Acute Respiratory Syndrome* que pode ser traduzido para o português por síndrome respiratória aguda grave. Já a abreviação Cov se refere ao termo coronavírus.

6 O termo MERS se refere ao termo inglês *Middle East Respiratory Syndrome*, podendo ser traduzido para síndrome respiratória do Oriente Médio.

[...] de interesse, de preocupação e de alta consequência. Segundo os pesquisadores, a de interesse chama atenção das autoridades no começo e apresenta alterações menores no ponto de ligação entre o vírus e a célula humana, além da redução da neutralização por anticorpos ou da eficácia de algum tratamento, mas nada ainda relacionado à gravidade ou que possa interferir no diagnóstico da enfermidade. Já as de preocupação, como a Alfa, Beta, Gama e Delta, podem alterar as propriedades do vírus, interferir no aumento da transmissibilidade, evidenciar doença mais grave ou o agravamento das manifestações clínicas, e ainda afetar a eficácia de algum tratamento ou vacina. As variantes de alta consequência podem dificultar o diagnóstico, reduzir significativamente a efetividade das vacinas e provocar aumento na proporção de internações. (GAMEIRO, 2021).

Até agora, não foram identificadas variantes de alta consequência em nenhum país. Atualmente, a variante delta, uma das três sublinhagens da variante B.1.617, é a que mais preocupa por ter um poder de transmissão maior do que as outras, dificultando sua neutralização (MENEZES, 2021). Além disso, os sintomas iniciais apresentados pelo hospedeiro são um pouco diferentes dos que são contaminados por cepas diferentes, podendo serem confundidos facilmente com os sintomas de um resfriado, dificultando o diagnóstico inicial. Estudos apontam que as vacinas já produzidas são eficazes contra a variante delta, mas a capacidade de neutralização é um pouco menor em comparação com outras cepas (MENEZES, 2021).

### **2.3.2 A COVID-19**

O primeiro registro de COVID-19 no Brasil ocorreu no dia 26 de fevereiro e o primeiro óbito no dia 16 de março de 2020. Em Pernambuco, o primeiro registro foi de um casal no dia 12 de março e o primeiro óbito foi registrado no dia 25 do mesmo mês (TANG et al., 2020). Já em fevereiro e início de março de 2020, o mundo observava o poder de transmissão do vírus na China, Itália, Espanha, Irã e França, levando o governo pernambucano a publicar decreto iniciando as medidas preventivas em 14 de março de 2020.

A transmissão do SARS-CoV-2 se dá pelo seu contato com a mucosa do indivíduo. Desse modo, a transmissão pode ser direta entre as pessoas ao falarem, tossirem ou espirrarem; ou pode ser indireta através de superfícies que contenham o vírus, pois o contato

com o objeto pode contaminar as mãos da pessoa que pode, facilmente, levar as mãos à boca, olhos ou nariz. A ciência ainda não pode afirmar que há outras formas de contágio, mas há vários estudos nesse sentido. Por exemplo, há indícios de que o vírus possa ficar suspenso na atmosfera por algum tempo e ser aspirado pelo indivíduo (FOSTER; KINZEL, 2021; PASSOS; SILVEIRA; ABRAHÃO, 2021).

De acordo com Brandão et al. (2020), a doença é discretizada em três fases. Desconsiderando-se as pessoas contaminadas assintomáticas, 80% das infectadas passam pela primeira fase e se recuperam. Os sintomas frequentes dessa fase são febre e tosse. De modo ocasional podem ocorrer diarreia, mialgia, dor de garganta, anosmia, ageusia e coriza. A indicação nessa fase é o isolamento domiciliar. Em média, 15% dos sintomáticos não se recuperam desses sintomas, passando para a segunda fase, conhecida por fase pulmonar, e podem desenvolver dispneia, taquipneia e hipóxia, devendo ficar em isolamento hospitalar com suporte de oxigênio. A terceira fase (hiperinflamação) é composta por aproximadamente 5% dos sintomáticos e é a mais grave. As pessoas nessa fase desenvolvem hipóxia grave, choque, disfunção de múltiplos órgãos (DMO) e síndrome respiratória aguda grave (SRAG); devem ser internadas em leitos de unidade de terapia intensiva (UTI) e, geralmente, necessitam de ventilação mecânica (VM). É nesse último estágio que ocorrem os óbitos, principalmente se não houver atendimento hospitalar adequado.

Além do risco de óbito, a COVID-19 pode causar a superlotação dos hospitais, causando mais mortes devido há outros patógenos por falta de atendimento adequado. De modo geral, qualquer pandemia que demande atendimento clínico pode causar um colapso do sistema de saúde e, inclusive, do sistema funerário. Isso já ocorreu em relação à COVID-19 em alguns países, inclusive no Brasil.

Estudos mais atuais apontam que a COVID-19 pode ocasionar sequelas de longo prazo ou permanentes, como dispneia, fadiga, fibrose pulmonar, miocardite, inflamação vascular, disfunções olfativas e gustativas, sarcopenia e nutrição insuficiente, além de problemas psicológicos (NOGUEIRA et al., 2021).

## 2.4 O MODELO SUQC

O modelo SUQC simula a dinâmica entre pessoas saudáveis (passíveis de contaminação) e infectadas (agentes proliferadores) pelo SARS-CoV-2. As pessoas saudáveis

são representadas pelo compartimento dos Suscetíveis (S); já as infectadas são classificadas em três grupos, as não confirmadas e que não estão em quarentena (U), as não confirmadas e que estão em quarentena (Q) e as confirmadas (C). O modelo considera que as pessoas que têm a infecção confirmada são postas em quarentena.

Para um entendimento mais conciso, devemos ter em mente que o significado do termo quarentena aplicado neste trabalho, implica no isolamento do indivíduo para que ele não tenha nenhum contato físico ou aproximação com outras pessoas ao ponto de não poder oferecer algum risco de contaminação.

Para a utilização do modelo SUQC, Zhao e Chen (2020) consideram que uma pessoa contaminada pela COVID-19 pode transmiti-la durante o período de incubação. As subnotificações e o atraso dos testes para a confirmação da infecção não são considerados no referido trabalho. Esse modelo não considera que os recuperados possam voltar a serem suscetíveis, portanto, não é considerado possíveis efeitos de periodicidade de estados epidêmicos.

O modelo é composto pelas equações a seguirem.

$$\begin{aligned}
 \frac{dS(t)}{dt} &= -\alpha U(t)S(t)/N \\
 \frac{dU(t)}{dt} &= \alpha U(t)S(t)/N - \gamma_1 U(t) - (1 - \gamma_1)\delta U(t) \\
 \frac{dQ(t)}{dt} &= \gamma_1 U(t) - [\gamma_2 + (1 - \gamma_2)\sigma]Q(t) \\
 \frac{dC(t)}{dt} &= [\gamma_2 + (1 - \gamma_2)\sigma]Q(t) + (1 - \gamma_1)\delta U(t)
 \end{aligned}
 \tag{2.3}$$

A dinâmica de contágio desse modelo se dá exclusivamente pelo contato de pessoas suscetíveis com pessoas contaminadas que não estão em quarentena, compondo o compartimento U. As pessoas recém-contaminadas ou continuam no compartimento U de modo assintomático, ou entram em quarentena, indo para o compartimento Q, ou têm a infecção confirmada, passando diretamente para o compartimento C – essa passagem direta do compartimento U para o compartimento C depende da testagem da população. As pessoas do compartimento Q que passam a apresentar sintomas são testadas. Em caso positivo do teste, elas passam para o compartimento das pessoas confirmadas, mas há muitos casos em que a confirmação não acontece no primeiro teste, sendo necessários mais testes. Uma descrição resumida sobre cada parâmetro é dado na tabela (2).

Tabela 2 - Parâmetros do modelo SUQC.

Parâmetro	Descrição
$\alpha$	Taxa de infecção dada pela interação entre U e S.
$\gamma_1$	Taxa em que pessoas infectadas do compartimento U entram em quarentena.
$\gamma_2$	Taxa de confirmação das pessoas infectadas em quarentena (Q) no primeiro teste.
$\delta$	Taxa de confirmação das pessoas infectadas que não estão em quarentena (U).
$\sigma$	Taxa de confirmação por testes adicionais das pessoas infectadas em quarentena (Q).

Fonte: O Autor (2021).

Nota: Baseado no trabalho de Zhao e Chen (2020).

Em seu trabalho, os autores Zhao e Chen (2020) desconsideraram a existência de confirmação de pessoas que não estão em quarentena, simplificando o sistema eliminando o termo  $(1 - \gamma_i)\delta_i U_i(t)$  da segunda e quarta equações do sistema (2.3). Essa simplificação é plausível quando não há testagem da população em geral, havendo testagem, no máximo, das pessoas quarentenadas que apresentam sintomas que possam indicar a infecção por SARS-CoV-2.

Com esse modelo, Zhao e Chen (2020) estimaram uma taxa de reprodução básica maior do que um no início da pandemia e, em seguida, menor do que um após as medidas de prevenção (uso de máscaras, distanciamento e isolamento social). Em concordância com os trabalhos já citados, os autores demonstraram a eficiência das medidas de restrição de circulação. Além disso, o modelo previu 80.511 casos acumulados na China para o fim de março de 2020. No dia 31/03/2020 o país totalizou 82 mil casos confirmados. Esse resultado tem duas implicações importantes: que o modelo é suficiente para a simulação da dinâmica populacional; e que os valores dos parâmetros foram bem próximos da realidade.

### 3 METODOLOGIAS

Este trabalho tem como base um modelo determinístico compartimentado representado por um sistema de equações diferenciais que será apresentado logo adiante. Esse sistema de equações diferenciais governantes é resolvido numericamente utilizando-se o método de Runge-Kutta de ordem quatro. Para avaliar a sensibilidade do modelo em relação a cada parâmetro, utilizou-se o método DOE (do termo em inglês *Design of Experiments*). Para o cálculo do número de reprodução básico, o método da matriz de próxima geração foi utilizado.

#### 3.1 DIVISÃO DO MODELO SUQC EM FAIXAS ETÁRIAS

Algumas características importantes da COVID-19 estão relacionadas com a idade do hospedeiro humano. A primeira e mais preocupante é em relação à taxa de óbitos que aumenta proporcionalmente em relação à idade da pessoa contaminada. A idade influencia, também, o isolamento social, pois a maioria da classe trabalhadora é composta de pessoas de 18 à 65 anos de idade que precisam se locomover. Inclusive, a primeira característica influencia na segunda, pois os idosos temem mais a doença por serem mais vulneráveis aos seus efeitos e muitos jovens e adultos não contam com a possibilidade de desenvolvimento de um quadro clínico grave.

Dividindo a população em três classes de faixas etárias, de acordo com a tabela (1), temos a classe das crianças a partir de 0 anos até os adultos de 19 anos, a classe dos adultos de 20 anos até os 59 anos, e a classe dos adultos e idosos a partir dos 60 anos.

Indexando a três faixas etárias por  $i = 1, 2, 3$  (classe 1, classe 2 e classe 3), tem-se o sistema de equações (3.1). Como o modelo original utiliza indexação para distinguir dois parâmetros, foi realizada uma adaptação na simbologia dos parâmetros para que fosse possível utilizar indexação representando as classes etárias. A simbologia e descrição completa dos parâmetros estão apresentadas na tabela (3).

$$\begin{aligned}
\frac{dS_i(t)}{dt} &= -\frac{1}{N} \sum_{j=1}^3 [\alpha_{ij} U_j(t) S_i(t)] \\
\frac{dU_i(t)}{dt} &= \frac{1}{N} \sum_{j=1}^3 [\alpha_{ij} U_j(t) S_i(t)] - \gamma_i U_i(t) - (1 - \gamma_i) \delta_i U_i(t) \\
\frac{dQ_i(t)}{dt} &= \gamma_i U_i(t) - [\epsilon_i + (1 - \epsilon_i) \sigma_i] Q_i(t) \\
\frac{dC_i(t)}{dt} &= [\epsilon_i + (1 - \epsilon_i) \sigma_i] Q_i(t) + (1 - \gamma_i) \delta_i U_i(t)
\end{aligned} \tag{3.1}$$

Tabela 3 - Simbologia do modelo SUQC estruturado em classes etárias.

Simbologia	Descrição
$S_i$	Pessoas suscetíveis da classe $i$ .
$U_i$	Pessoas infectadas da classe $i$ que não estão em quarentena.
$Q_i$	Pessoas infectadas da classe $i$ que estão em quarentena.
$C_i$	Pessoas infectadas confirmadas da classe $i$ .
$\alpha_{ij}$	Taxa de infecção entre as pessoas das classes $i$ e $j$ , com $\alpha_{ij} = \alpha_{ji}$ .
$\gamma_i$	Taxa de quarentena das pessoas infectadas que não estão em quarentena da classe $i$ .
$\delta_i$	Taxa de confirmação das pessoas infectadas que não estão em quarentena.
$\epsilon_i$	Taxa de confirmação das pessoas em quarentena no primeiro teste.
$\sigma_i$	Taxa de confirmação das pessoas em quarentena em testes adicionais.

Fonte: O Autor (2021).

O contágio se dá pelo contato das pessoas infectadas que não estão em quarentena com as suscetíveis de acordo com as taxas de infecções  $\alpha_{ij}$  - quando  $i = j$ , temos a taxa de infecção dentro da própria classe. O somatório presente na primeira e segunda equações simula as interações entre as classes. O compartimento das pessoas infectadas que não estão em quarentena é aumentada pelas infecções novas e diminuída pelas que entram em quarentena  $[\gamma_i U_i(t)]$  e pelas que são testadas positivamente  $[(1 - \gamma_i) \delta_i U_i(t)]$ . As pessoas infectadas, porém não testadas, que entram em quarentena  $[\gamma_i U_i(t)]$  compõem o compartimento  $Q_i(t)$  que é diminuído pelas que são testadas  $\{[\epsilon_i + (1 - \epsilon_i) \sigma_i] Q_i(t)\}$ . Essas pessoas testadas e as testadas que não estão em quarentena  $[(1 - \gamma_i) \delta_i U_i(t)]$  compõem a classe  $C_i(t)$ .

Sendo assim, o modelo matemático compreende um conjunto de 12 equações diferenciais e 18 parâmetros que simulam a dinâmica do contágio pelo vírus SARS-CoV-2 de uma população dividida em três classes etárias.

### 3.2 O MÉTODO DE RUNGE-KUTTA

O método de Runge-Kutta é utilizado para se obter uma solução numérica aproximada de uma ou mais equações diferenciais com um valor de início. Esse método “É relativamente simples de usar e suficientemente preciso para tratar muitos problemas [...]” (BOYCE; DIPRIMA, 2010).

Há variações do método que melhoram sua precisão ou a sua eficiência computacional. Como ele já é um método bastante preciso para vários casos (incluindo as equações deste trabalho), a maior parte das modificações tenta minimizar o custo computacional na sua implementação. Neste trabalho, considerou-se o “método clássico de Runge-Kutta de quarta ordem em quatro estágios” (BOYCE; DIPRIMA, 2010) que é considerada uma forma padrão de uso do método.

Representando cada equação diferencial do sistema por  $y' = f(y)$ , com o valor inicial  $y(t_0) = y_0$ , e sendo  $h$  o incremento ( $t_{n+1} = t_n + h$ ), tem-se que

$$y_{n+1} = y_n + \frac{h}{6} (k_{n1} + 2k_{n2} + 2k_{n3} + k_{n4}),$$

onde

$$k_{n1} = f(y_n)$$

$$k_{n2} = f\left(y_n + \frac{1}{2}hk_{n1}\right)$$

$$k_{n3} = f\left(y_n + \frac{1}{2}hk_{n2}\right)$$

$$k_{n4} = f\left(y_n + hk_{n3}\right)$$

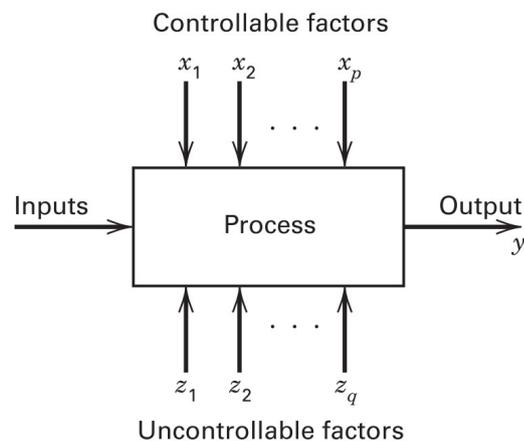
O incremento  $h$  influencia na precisão do modelo, pois a diminuição do seu valor implica no aumento do número de passos (*loops*) para se completar uma unidade de tempo. O valor utilizado em todas as simulações foi  $h = 0,1$ .

### 3.3 DESIGN DE EXPERIMENTOS

Pode-se verificar diretamente nos valores de retorno da implementação do modelo compartimentado, ou através de gráficos compostos por esses retornos, a influência de cada parâmetro ao ser modificado. Porém, em um sistema com muitos parâmetros essa prática pode se tornar inviável. Portanto, optou-se utilizar o método conhecido por *design* de experimentos, também conhecido pela sigla DOE originária da expressão inglesa *Design of Experiments*.

Dado um sistema com  $n$  parâmetros, são estipulados dois ou mais valores para cada um a fim de representar uma ou mais variações de cada um deles. Feito isso, são montadas as combinações possíveis, onde cada uma representa um cenário distinto dos demais que é implementado para se obter uma resposta. Observando-se os resultados, consegue-se verificar o quanto cada parâmetro alterou o resultado do sistema. Todo esse processo é representado na figura (4), onde temos os dados iniciais de entrada (*inputs*) que são processados de acordo com o sistema em questão que contém fatores que podem e que não podem ser controlados (*controllable factors* e *uncontrollable factors*), produzindo uma saída  $y$  (*output*) de acordo com cada alteração das variáveis de controle. De modo geral, o *design* de experimentos é uma ferramenta que auxilia o entendimento das relações de causa e efeito em um sistema (MONTGOMERY, 2012).

Figura 4 - Representação do método de *design* de experimentos.



Fonte: Montgomery (2012, p. 3).

Quando há um número grande de parâmetros<sup>7</sup>, é inviável ou torna-se impossível simular todas as combinações possíveis em relação aos valores dos fatores de controle que podem ocorrer. Uma forma de contornar ou diminuir esse problema é utilizar a randomização para a escolha dos valores dos fatores de controle, criando-se cenários aleatórios. Como não é seguro saber se os cenários produzidos foram suficientes para se assegurar quais parâmetros

<sup>7</sup> Experimentos com dois ou mais fatores são chamados de *experimentos fatoriais*.

influenciaram os resultados significativamente, é aconselhável a replicação do processo algumas vezes, de modo que cada replicação seja independente das demais fazendo com que os cenários de cada replicação sejam diferentes.

A quantidade de valores que um parâmetro pode assumir no *design* de experimentos é chamado de nível. Geralmente, se atribui o mesmo nível para todos os parâmetros. Se em um modelo temos  $p$  parâmetros (ou fatores de controle) e  $n$  níveis, temos  $n^p$  cenários distintos possíveis. Neste trabalho foram considerados dois níveis para os dezoito parâmetros do sistema de equações (3.1).

Para auxílio da aplicação desse método, programas de computador são utilizados. “Esses programas geralmente apresentam as execuções no projeto experimental em ordem aleatória. Essa ordem aleatória é criada usando um gerador de números aleatórios” (MONTGOMERY, 2012). Neste trabalho, foi utilizada a ferramenta *Factorial Design* do *software Minitab*. Foram considerados dois níveis, dezoito fatores, quarenta e oito execuções (esse número de execuções é utilizado pelo software para indicar como a randomização será feita para a montagem dos cenários) e três replicações.

### 3.4 MÉTODO DA MATRIZ DA PRÓXIMA GERAÇÃO PARA CÁLCULO DE $R_0$

Como já foi citado, não é muito simples calcular a taxa de reprodução básica ( $R_0$ ) de modelos compartimentados com muitos parâmetros e equações, que é o caso do modelo utilizado neste trabalho. Como há três tipos de populações ( $U_i, i = 1, 2, 3$ ) no modelo (3.1) que são responsáveis pela propagação da doença, é utilizado o método da matriz da próxima geração.

A seguir, o método é apresentado de acordo com o trabalho de Hefferman, Smith e Wahl (2005, p. 282–284). Uma condição primeira para a utilização desse método é que cada função seja contínua e diferenciável ao menos duas vezes em cada variável (P. VAN DEN DRIESSCHE; WATMOUGH, 2002).

Suponha um sistema com  $n$  compartimentos onde o vetor  $\bar{x} = x_i$  representa o número de indivíduos em cada compartimento  $i$ . Seja  $F_i(\bar{x})$  a taxa de surgimento de casos novos de infecção no compartimento  $i$  – essa taxa não contempla a transferência de infectados entre os compartimentos. Sejam  $V_i^+$  e  $V_i^-$  as taxas de transferência de indivíduos para dentro e para

fora do compartimento  $i$ , respectivamente, sem considerar casos novos de infecção, fornecendo a matriz  $V_i(\bar{x}) = V_i^-(\bar{x}) - V_i^+(\bar{x})$ . Sendo  $m$  o número de compartimentos com infectados, tem-se as matrizes

$$F = \left[ \frac{\partial F_i(x_0)}{\partial x_j} \right] \text{ e } V = \left[ \frac{\partial V_i(x_0)}{\partial x_j} \right],$$

onde  $i = 1, 2, \dots, n$ ,  $j = 1, 2, \dots, m$  e  $x_0$  é o equilíbrio livre da doença. Com essas matrizes, define-se a matriz de próxima geração que é dada por  $FV^{-1}$ . O cálculo da taxa de reprodução básica é dado pelo raio espectral da matriz de próxima geração, ou seja,  $R_0$  é dado pelo autovalor dominante da matriz  $FV^{-1}$  (HEFFERNAN; SMITH; WAHL, 2005).

Além das funções serem contínuas e admitirem derivada de até segunda ordem, ao menos,  $V_i^+(\bar{x})$ ,  $V_i^-(\bar{x})$  e  $F_i(\bar{x})$  devem satisfazer as cinco condições descritas no trabalho de P. Van den Driessche e James Watmough (2002, p. 31).

Mesmo com um número grande de equações, esse método pode ter um custo computacional relativamente baixo, pois são necessárias apenas as equações responsáveis pela propagação da doença para a montagem da matriz de próxima geração. A determinação de quais equações são responsáveis pela disseminação da doença não depende apenas da estrutura das equações do modelo, mas, também, da interpretação biológica do modelo (P. VAN DEN DRIESSCHE; WATMOUGH, 2002, p. 30).

No sistema SUQC estruturado nas três faixas etárias (sistema 3.1), há três equações responsáveis pela disseminação da doença. São nos compartimentos  $U_i$  que ocorrem as novas infecções, pois ela se dá na interação entre os infectados que não estão em quarentena com os suscetíveis. Subtende-se que os infectados em quarentena e os infectados confirmados não interagem com os suscetíveis.

Das equações  $U_i$  do sistema (3.1), temos que

$$F_i(\bar{x}) = \frac{S_i}{N} \sum_{j=1}^3 \alpha_{ij} U_j \text{ e } V_i = \gamma_i U_i + (1 - \gamma_i) \delta_i U_i,$$

para  $i = 1, 2, 3$ . Assim, temos as matrizes,

$$F = \left[ \begin{array}{ccc} \frac{S_1^* \alpha_{11}}{N} & \frac{S_1^* \alpha_{12}}{N} & \frac{S_1^* \alpha_{13}}{N} \\ \frac{S_2^* \alpha_{21}}{N} & \frac{S_2^* \alpha_{22}}{N} & \frac{S_2^* \alpha_{23}}{N} \\ \frac{S_3^* \alpha_{31}}{N} & \frac{S_3^* \alpha_{32}}{N} & \frac{S_3^* \alpha_{33}}{N} \end{array} \right] \text{ e}$$

$$V = \left[ \begin{array}{ccc} \gamma_1 - \delta_1 (\gamma_1 - 1) & 0 & 0 \\ 0 & \gamma_2 - \delta_2 (\gamma_2 - 1) & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_3 - \delta_3 (\gamma_3 - 1) \end{array} \right].$$

Na matriz  $F$ ,  $S_i^*$  indica um estado livre da doença. Desse modo,  $\sum_{i=1}^3 S_i^* = N$  e os compartimentos de infectados são nulos. Sendo  $p_1$ ,  $p_2$  e  $p_3$  as percentagens da populações  $S_1$ ,  $S_2$  e  $S_3$ , respectivamente, tem-se que  $S_i = p_i N$ , para  $i = 1, 2, 3$ . Assim, a matriz  $F$  pode ser dada por

$$F = \begin{bmatrix} \alpha_{11} p_1 & \alpha_{12} p_1 & \alpha_{13} p_1 \\ \alpha_{21} p_2 & \alpha_{22} p_2 & \alpha_{23} p_2 \\ \alpha_{31} p_3 & \alpha_{32} p_3 & \alpha_{33} p_3 \end{bmatrix}.$$

Assim,

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{\alpha_{11} p_1}{\delta_1 + \gamma_1 - \delta_1 \gamma_1} & \frac{\alpha_{12} p_1}{\delta_2 + \gamma_2 - \delta_2 \gamma_2} & \frac{\alpha_{13} p_1}{\delta_3 + \gamma_3 - \delta_3 \gamma_3} \\ \frac{\alpha_{21} p_2}{\delta_1 + \gamma_1 - \delta_1 \gamma_1} & \frac{\alpha_{22} p_2}{\delta_2 + \gamma_2 - \delta_2 \gamma_2} & \frac{\alpha_{23} p_2}{\delta_3 + \gamma_3 - \delta_3 \gamma_3} \\ \frac{\alpha_{31} p_3}{\delta_1 + \gamma_1 - \delta_1 \gamma_1} & \frac{\alpha_{32} p_3}{\delta_2 + \gamma_2 - \delta_2 \gamma_2} & \frac{\alpha_{33} p_3}{\delta_3 + \gamma_3 - \delta_3 \gamma_3} \end{bmatrix} \quad (3.2)$$

Os autovalores da matriz de próxima geração ( $FV^{-1}$ ) são expressões muito grandes, portanto, não são apresentadas aqui e optou-se pelo seu cálculo numérico. A matriz de próxima geração é implementada dentro do algoritmo de implementação do sistema para cálculo da taxa de reprodução básica para análise de  $R_0$  a cada passo, permitindo a determinação dos momentos em que a doença está aumentando em que momentos está diminuindo. Foi construído, também, um algoritmo com a matriz de próxima geração para análise da taxa de reprodução básica em função da variação de cada parâmetro.

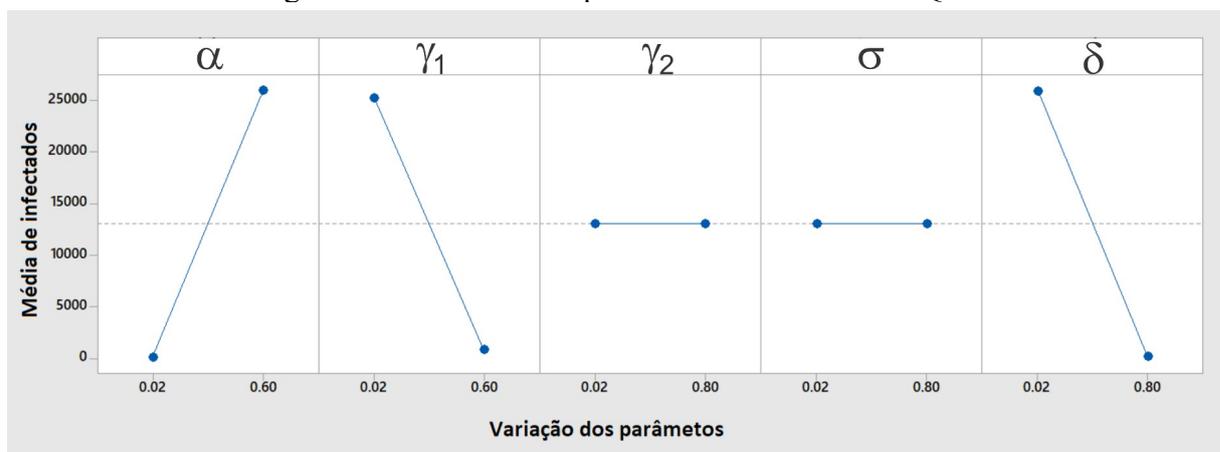
## 4 IMPLEMENTAÇÕES E RESULTADOS

Neste capítulo, são apresentados os resultados do estudo paramétrico, com a finalidade de avaliar a influência de cada parâmetro, e é realizado um ajuste do modelo, para que os valores dos parâmetros produzam resultados mais próximos aos dados reais. Com esses resultados, são realizadas simulações dos valores da taxa de reprodução básica e das populações em alguns cenários distintos a fim de se evidenciar as estratégias melhores de combate à COVID-19.

### 4.1 ESTUDO PARAMÉTRICO

Zhao e Chen (2020) desconsideraram que houvesse testagem da população simplificando o modelo (2.3). Mas, fazendo o estudo paramétrico utilizando *design* de experimentos, verifica-se que o parâmetro  $\delta$  (interpretado como a taxa de testagem da população que não está em quarentena) tem influência significativa no número de infectados que o modelo retorna. O resultado do estudo considerando cada parâmetro individualmente pode ser visto na figura (5).

Figura 5 - Influência dos parâmetros no modelo SUQC.



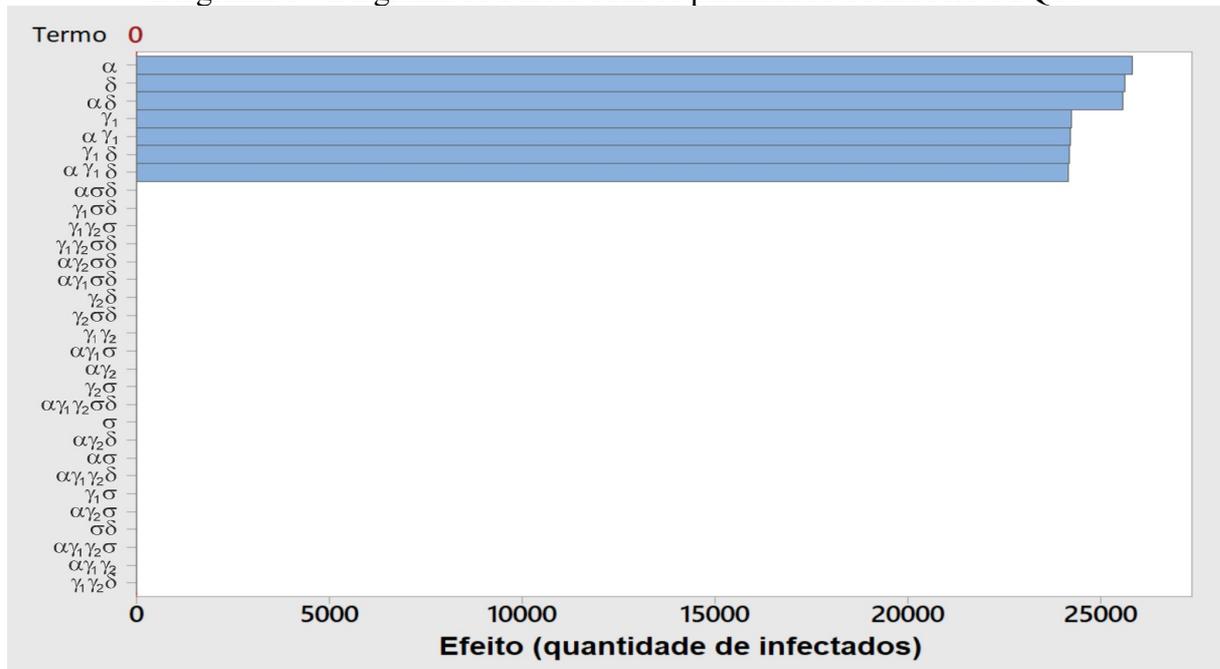
Fonte: O Autor (2021).

Os resultados indicam que a taxa de infecção ( $\alpha$ ), a taxa de quarentena ( $\gamma_1$ ) e a taxa de confirmação dos não quarentenados ( $\delta$ ) são os parâmetros que mais influenciam nos

resultados produzidos pelo modelo – em uma análise separada de cada parâmetro. O aumento da taxa de infecção aumenta o número de infectados. O aumento das taxas de quarentena e de testagem populacional implicam na diminuição de infectados. Já a testagem das pessoas em quarentena, seja com o auxílio de testes extras ou não, não altera o número de infectados, o que já é esperado porque o modelo só considera os infectados não quarentenados como agentes transmissores da doença.

Considerando a variação de conjuntos de parâmetros, três resultados influenciaram o modelo consideravelmente:  $\alpha$  e  $\delta$ ;  $\alpha$  e  $\gamma_1$ ; e  $\alpha$ ,  $\gamma_1$  e  $\delta$ . O resultado completo, considerando os parâmetros individualmente e em conjunto, são mostrados no diagrama de Pareto presente no diagrama (1). O gráfico foi gerado por *software* estatístico utilizando-se o método de *design* de experimentos (MONTGOMERY, 2012).

Diagrama 1 - Diagrama de Pareto com os parâmetros do modelo SUQC.



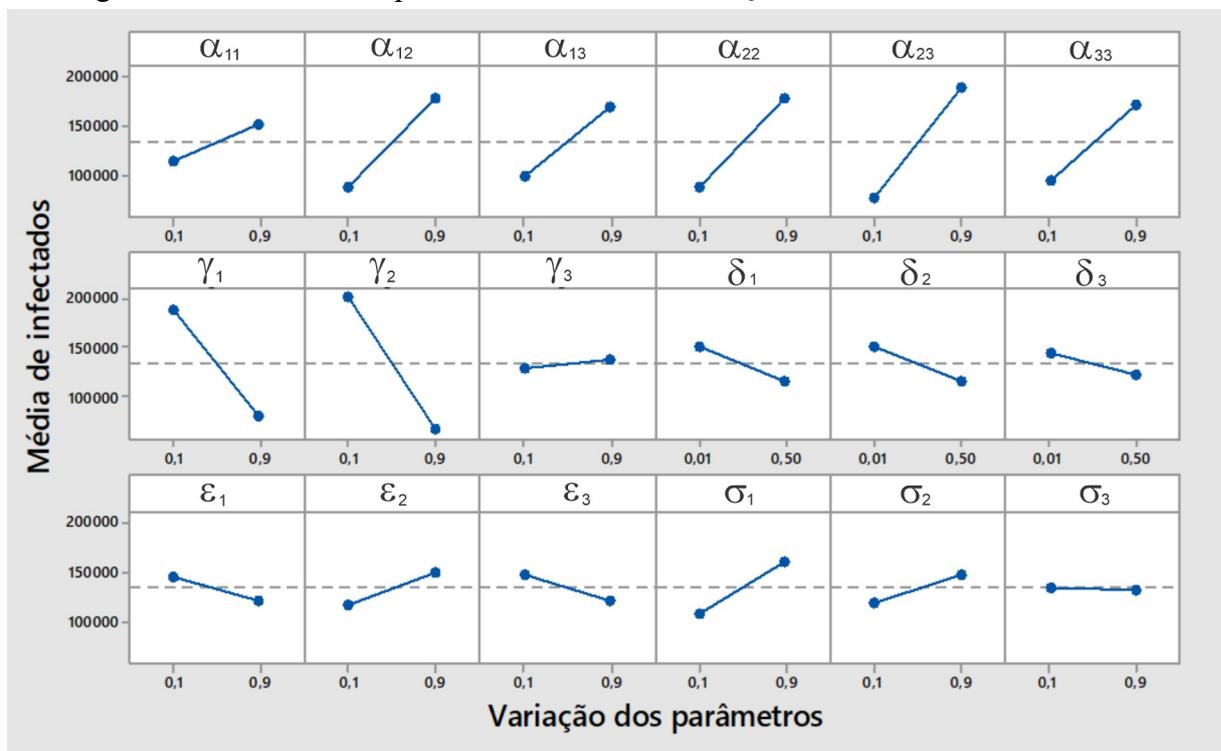
Fonte: O Autor (2021).

Realizando o mesmo estudo com o sistema (3.1), foram considerados dois níveis para cada parâmetro. Para as taxas de testagem da população que não está em quarentena ( $\delta_i$ ) foram atribuídos os valores 0,001 e 0,5, representando porcentagens de testagem de 0,1% e 50%, respectivamente. Para os demais parâmetros, os valores atribuídos foram 0,1 e 0,9, representando porcentagens de 10% e 90%.

Os resultados estão representados na figura (6) onde há três linhas com seis parâmetros cada. Na primeira linha verifica-se que a influência de todas as taxas de contaminação são significativas, sendo a taxa de contaminação entre pessoas da classe 1 a menor delas. Em relação aos outros parâmetros, as taxas em que as pessoas contaminadas

entram em estado de quarentena das classes 1 e 2, foram as que mais influenciaram no número total de infectados, como pode ser visto na segunda linha. A taxa de quarentena da classe 3 foi uma das taxas que menos influenciou no contágio, o que é plausível porque se considera que a maioria dessas pessoas já estão em estado de quarentena e porque essa classe possui a densidade demográfica menor. Ainda na segunda linha, pode-se verificar que as testagens das três populações tiveram influência significativa, embora menores do que as que já foram mencionadas. As taxas de confirmação das populações em quarentena no primeiro teste e em testes adicionais estão agrupadas na terceira linha, onde verifica-se que todas têm influência significativa com exceção da confirmação da classe 3 em testes adicionais.

Figura 6 - Influência dos parâmetros no modelo SUQC estruturado em faixas etárias.

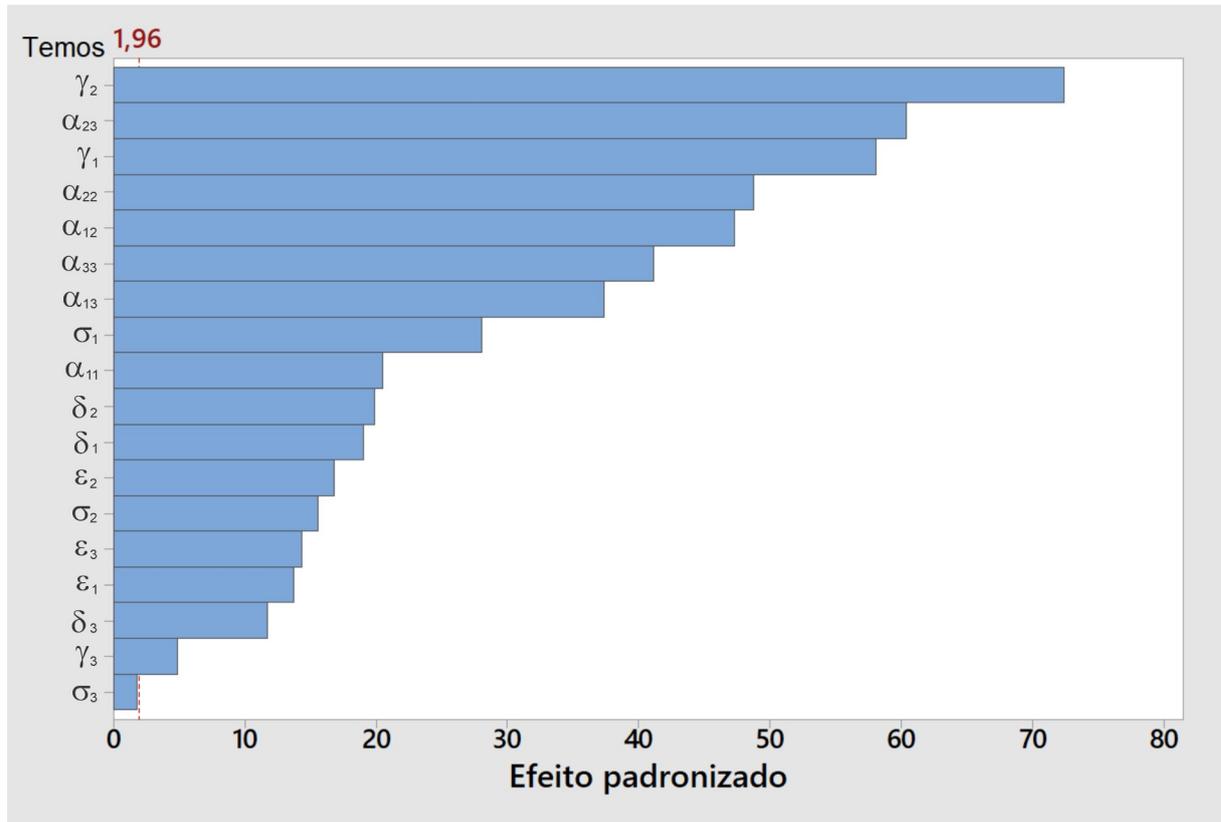


Fonte: O Autor (2021).

Esses resultados estão ordenados de acordo com o grau de influência de cada parâmetro no diagrama (2). Observa-se que a taxa em que as pessoas da classe 2 entram em quarentena é a que mais influencia no resultado, seguida pela taxa de contágio entre as classes 2 e 3 e pela taxa de quarentena da classe 1. Após esses três parâmetros, seguem as taxas de contágio dentro da classe 2, entre as classes 1 e 2, dentro da classe 3 e entre as classes 1 e 3. Esse resultado é esperado porque a contaminação se dá no contato entre as pessoas contaminadas que não estão em quarentena e as suscetíveis. Como a efetividade do contágio é dada por  $\alpha_{ij}$ , então é razoável que as taxas de quarentena e de infecção liderem o *ranking* apresentado no diagrama (2) com exceções da taxa de contágio dentro da classe 1 e da taxa de

quarentena da classe 3: supõe-se que as classes 1 e 3 são as menos expostas (as que tendem a ficar mais em quarentena) e de densidades menores em comparação com a classe 2.

Diagrama 2 - Diagrama de Pareto com os parâmetros do modelo estruturado em classes etárias.



Fonte: O Autor (2021).

Para o modelo estruturado nas classes etárias, a testagem preventiva continua tendo sua importância, principalmente nas classes 1 ( $\delta_1$ ) e 2 ( $\delta_2$ ). Em relação aos outros testes, se destacou a testagem da classe 1 em quarentena ( $\sigma_1$ ) por meio de testes adicionais.

Esses resultados obtidos do estudo paramétrico serão retomados mais adiante em comparação com as simulações realizadas.

## 4.2 AJUSTES DO MODELO

Os modelos dinâmicos determinísticos dependem de valores iniciais para que a simulação seja consumada. Além disso, pequenas mudanças dos valores iniciais podem produzir resultados bem diferentes. Por exemplo, de acordo com o estudo paramétrico,

pequenas alterações nas taxas de contágio e de quarentena devem fazer com que o modelo (3.1) produza resultados bem diferentes. Então, quando se aplica um modelo a uma população com casos preexistentes de contaminação, é exequível que se faça uma adaptação dos parâmetros com os dados existentes.

Antes de se fazer a adaptação dos parâmetros, foi colhida a estimativa da população atual total de Caruaru (365.278 habitantes) e das classes etárias de acordo com o IBGE (2020, p. 4). As faixas etárias, o número de pessoas de cada classe e as percentagens são apresentadas na tabela (4).

Tabela 4 - Faixas etárias e populações das classes.

<i>Classe</i>	<i>Faixa etária (anos)</i>	<i>Número de pessoas</i>	<i>Percentagem</i>
1	0 a 19	123.793	33,89%
2	20 a 59	204.409	55,96%
3	60 ou mais	37.076	10,15%

Fonte: O Autor (2021).

Para se fazer o ajuste, foi realizada uma adaptação do algoritmo em linguagem *Matlab* presente no livro de Maia Martcheba (2015, p. 127–129), que minimiza o quadrado das distâncias entre os dados reais e os de infectados confirmados produzidos pelo sistema. Esse processo pode entrar em um *loop* infinito se cada parâmetro não tiver um intervalo de variação ou o processamento pode ter um custo computacional grande caso se tenha muitos parâmetros. O código utilizado faz uso da função *fmincon* do *Matlab* para encontrar o menor valor do somatório do quadrado das distâncias entre os valores reais de infectados e os gerados pelo sistema. O software realiza milhares de simulações e retorna os parâmetros que geraram a menor distância entre os dados reais e os do sistema. A função possui um limite de simulações geradas, evitando *loops* infinitos ou processamentos muito demorados. Esse limite foi atingido na adaptação do modelo (3.1). Então, primeiro foi realizado o ajuste do sistema (2.3) para que os resultados retornados fossem utilizados como valores iniciais para o ajuste do modelo (3.1), gerando resultados mais confiáveis.

Os dados reais são dos casos confirmados e registrados pelo Ministério da Saúde (BRASIL, 2021) referentes à cidade de Caruaru. O valor inicial dos dados reais se refere ao primeiro dia em que houve o primeiro registro de caso de COVID-19 em Caruaru (28/03/2020), seguindo por mais 596 dias (14/11/2021) e totalizando 35.926 confirmações (esse valor é um pouco diferente do divulgado no boletim oficial da cidade do dia 14/11/21). Para a otimização, considerou-se como restrição o intervalo  $[0, 1; 1, 2]$  para cada parâmetro de contágio,  $[0, 001; 0, 8]$  para os parâmetros de testagem e o intervalo  $[0, 01; 0, 8]$  para os demais.

As populações iniciais consideradas foram  $S = 365.271$ ,  $U = 5$ ,  $Q = 1$  e  $C = 1$ . Esses dados foram considerados para o ajuste dos dois modelos.

Os valores iniciais dos parâmetros e os valores retornados do ajuste do modelo (2.3) estão expostos na tabela (5). Esses valores são utilizados para se estimar os valores iniciais para adaptação do modelo dividido em classes etárias.

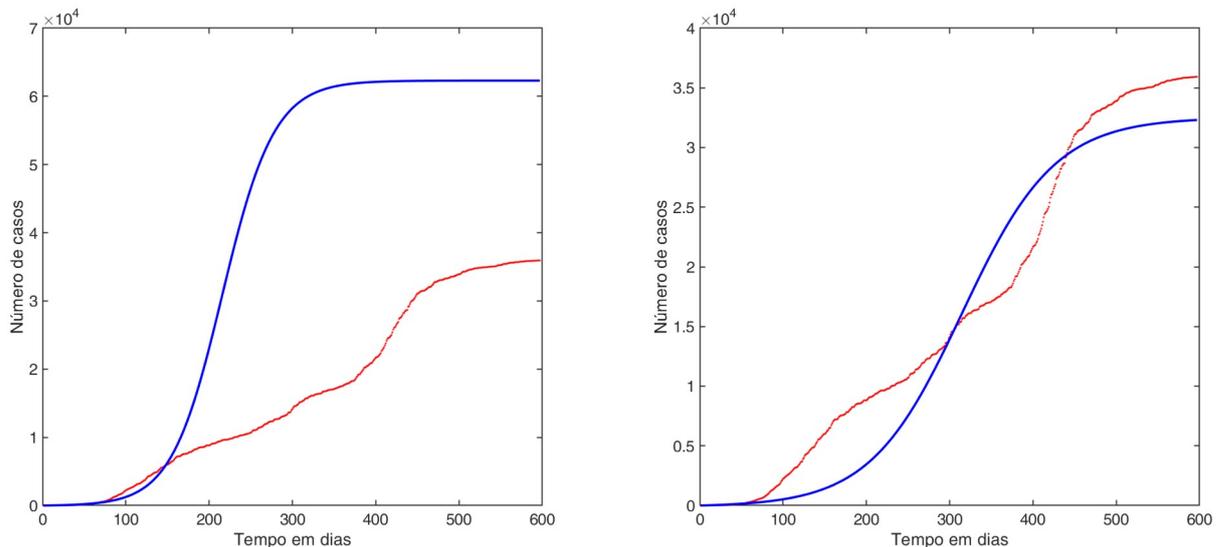
Tabela 5 - Ajuste dos parâmetros do modelo (3.1).

<i>Parâmetro</i>	<i>Valor inicial</i>	<i>Valor retornado</i>
$\alpha$	0,3800	0,4047
$\gamma_1$	0,3400	0,3181
$\gamma_2$	0,2000	0,3624
$\sigma$	0,3000	0,4044
$\delta$	0,0100	0,0999

Fonte: O Autor (2021).

O gráfico (2) mostra os gráficos dos valores gerados pela simulação (linha azul) da população infectada ( $C$ ) e dos valores reais observados (linha vermelha). No gráfico da esquerda, tem-se o número de infectados retornados pelo sistema (2.3) considerando-se as populações iniciais supracitadas e os valores iniciais dos parâmetros indicados na tabela (5). Modificando-se os valores dos parâmetros para os valores de retorno da tabela (5), tem-se o gráfico da direita, mostrando uma aproximação melhor dos dados reais com os dados gerados.

Gráfico 2 - Ajustes dos parâmetros do modelo (3.1).



Fonte: O Autor (2021).

Os valores retornados da tabela (5) foram distribuídos seguindo-se interpretações biológicas e sociais para o ajuste do modelo (3.1). Como não se sabe ainda se a taxa de contágio varia de acordo com a idade do transmissor, considerou-se  $\alpha_{ij} = 0,4047$ , para  $i, j = 1, 2, 3$ . A taxa de quarentena foi distribuída nas classes 1, 2 e 3 a proporções de 1/3, 1/6

e 1/2, respectivamente, visto que a classe 3 é a que mais adere à quarentena e que a classe 2 é a que mais necessita de locomoção. Para a testagem dos infectados que não estão em quarentena, o que pode ser interpretado como testagem precoce da população, considerou-se o mesmo valor da adaptação do modelo (2.3),  $\delta_i = 0,0999$ , para  $i = 1, 2, 3$  – essa interpretação é plausível visto que não existiu testagem no início da pandemia e que mesmo havendo depois não atingiu parte significativa da população. As taxas de testagem das pessoas em quarentena no primeiro teste e em testes adicionais foram  $\epsilon_i = 0,3624$  e  $\sigma_i = 0,4044$ , respectivamente, para  $i = 1, 2, 3$ , de acordo com a adaptação realizada do sistema (2.3). As populações iniciais de suscetíveis foram as descritas na tabela (4), menos dois casos iniciais de infecção que foram diminuídos das classes 2 e 3 (um de cada). Assim, tem-se que:  $S_1 = 123.793$ ,  $S_2 = 204.408$ ,  $S_3 = 37.075$ ,  $U_2 = C_3 = 1$  e  $U_1 = U_3 = Q_1 = Q_2 = Q_3 = C_1 = C_2 = 0$ . A adaptação foi realizada uma vez e os valores retornados foram utilizados para uma segunda adaptação – os valores retornados nessas duas adaptações não foram muito diferentes, indicando que a adaptação foi suficiente logo na primeira vez.

As taxas de contágio retornadas foram:

$$\alpha_{ij} = \begin{bmatrix} 0,5076 & 0,4269 & 0,7089 \\ 0,4269 & 0,5104 & 0,6523 \\ 0,7089 & 0,6523 & 0,5031 \end{bmatrix}.$$

Os valores dos demais parâmetros, iniciais e retornados, estão dispostos na tabela (6).

Tabela 6 - Ajuste dos parâmetros do modelo (3.2).

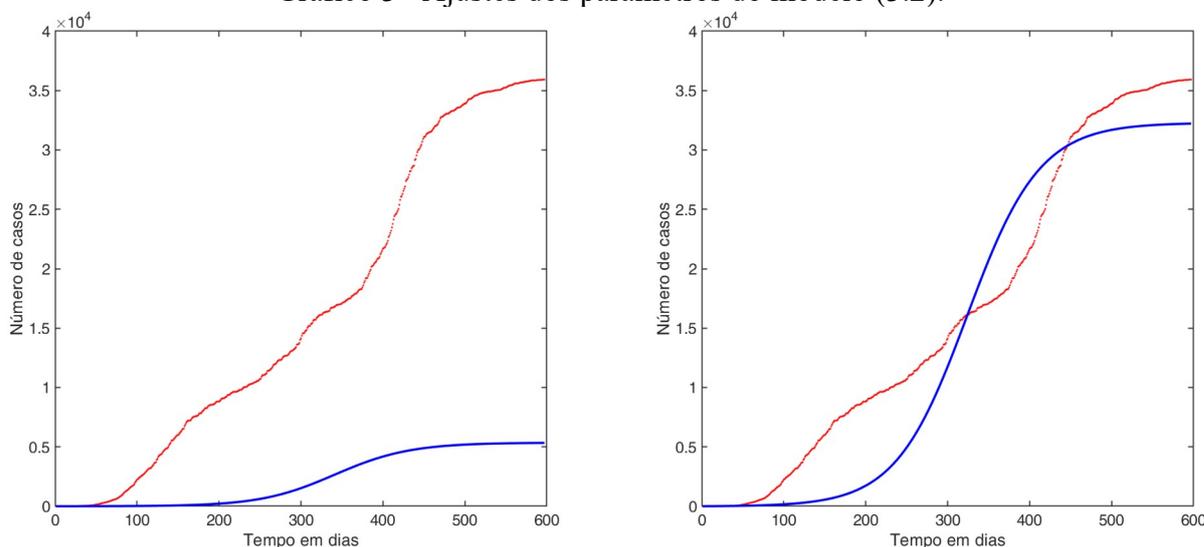
<i>Parâmetro</i>	<i>Valor inicial</i>	<i>Valor retornado</i>
$\gamma_1$	0,1060	0,4018
$\gamma_2$	0,0530	0,3483
$\gamma_3$	0,1591	0,3003
$\delta_1$	0,0999	0,0399
$\delta_2$	0,0999	0,2848
$\delta_3$	0,0999	0,2793
$\epsilon_1$	0,3624	0,7999
$\epsilon_2$	0,3624	0,6617
$\epsilon_3$	0,3624	0,4465
$\sigma_1$	0,4044	0,2028
$\sigma_2$	0,4044	0,6618
$\sigma_3$	0,4044	0,4522

Fonte: O Autor (2021).

O gráfico (3) mostra o gráfico da população de infectados com os valores iniciais dos parâmetros (gráfico da esquerda) e o gráfico com os parâmetros retornados do ajuste (gráfico da direita). A linha vermelha representa os valores reais dos casos registrados.

Os dados obtidos nesta seção são utilizados para as simulações de diversos cenários descritos na próxima seção.

Gráfico 3 - Ajustes dos parâmetros do modelo (3.2).



Fonte: O Autor (2021).

### 4.3 ESTUDOS DE CASOS

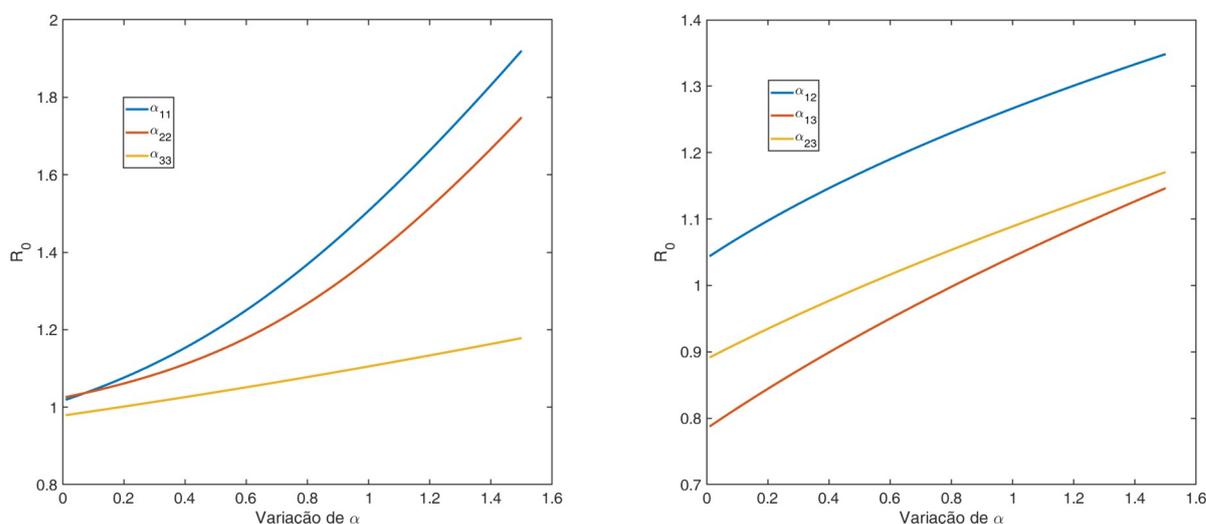
Com as simulações a seguir pretende-se verificar em que casos pode haver um estado de epidemia e quais são os cenários possíveis para evitá-lo. Além dos cenários, os valores da taxa de reprodução básica são computados como forma de se indicar a existência de uma epidemia (HEFFERNAN; SMITH; WAHL, 2005; INABA, 2006; WATMOUGH, 2002; THIEME, 2001).

#### 4.3.1 Simulações com $R_0$

Primeiro, realizou-se cálculos numéricos do valor da taxa de reprodução básica utilizando-se os valores dos parâmetros ajustados do modelo (3.1). Cada parâmetro foi considerado uma variável partindo de 0,0 até 1,5, mantendo-se os demais estáticos.

Em relação às taxas de contaminação dentro das classes,  $\alpha_{11}$  foi quem mais influenciou a taxa de reprodução básica, indo de 1,0191 a 1,9203. Já em relação às interações, a interação entre as classes 1 e 2 foi a que produziu o valor maior de  $R_0$ , partindo de 1,0439 até 1,3484. Os gráficos de  $R_0$  para cada  $\alpha_{ij}$  estão representados no gráfico (4). Apesar de influenciarem menos do que as outras taxas,  $\alpha_{33}$ ,  $\alpha_{23}$  e  $\alpha_{13}$  apresentaram valores de  $R_0$  abaixo de 1 quando nulas, sendo  $\alpha_{13}$  a que atingiu o valor maior para que a taxa de reprodução básica chegasse a 1 (em torno de 0,9000). É interessante observar que as curvas de  $R_0$  tendem a crescer exponencialmente para taxas de contágio dentro das classes e que o mesmo não acontece para as taxas de contágio das interações.

Gráfico 4 -  $R_0$  em função das taxas de contágio.

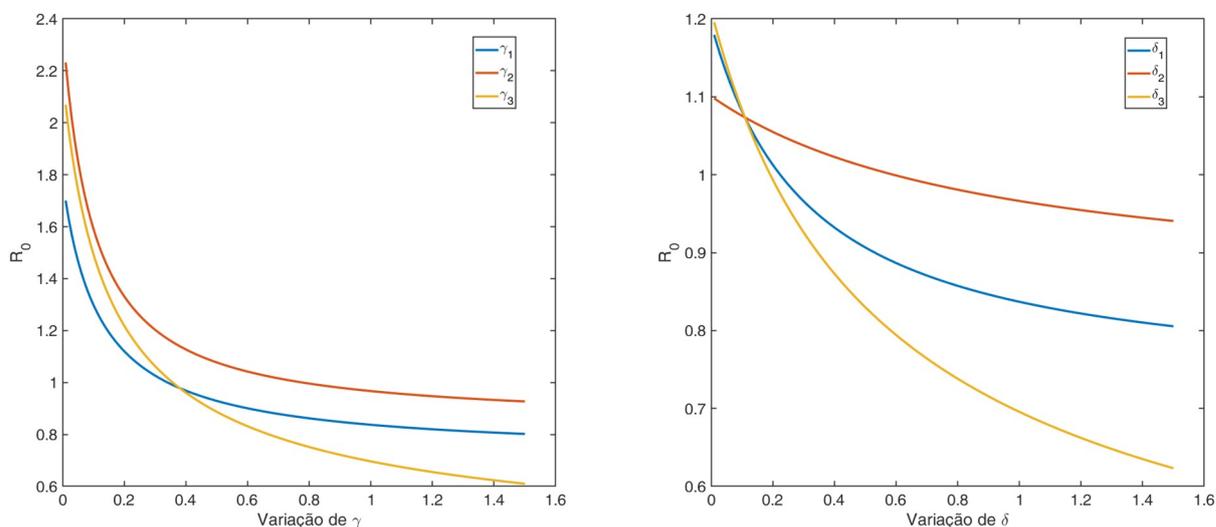


Fonte: O Autor (2021).

De acordo com os estudos paramétricos dos sistemas (2.3) e (3.1), as taxas de quarentena e de testagem das pessoas que não estão em quarentena podem modificar a dinâmica das populações significativamente. Todos os parâmetros implicaram em valores de  $R_0$  maiores do que 1 quando nulos, sendo que as taxas de quarentena geraram os valores maiores. Os resultados estão representados graficamente no gráfico (5). Nota-se que as taxas de quarentena e testagem da população da classe 3 afetaram bastante a taxa de reprodução básica gerando as amplitudes maiores. Esse fato pode ser interpretado a partir das taxas de contaminação, pois seus valores maiores se concentram nas interações com as classes 1 e 3 e com as classes 2 e 3. Esses resultados reafirmam as conclusões dos trabalhos analisados (CASTILHO et al., 2020; CASTILLO-CHAVEZ et al., 1989; CHATTERJEE et al., 2020; INABA, 2006; SHI et al., 2020; TANG et al., 2020; YANG et al., 2020; ZHAO; CHEN, 2020) de que o isolamento social é a forma inicial mais eficaz para o combate de doenças infecciosas. As testagens, principalmente das classes 2 e 3, se mostraram autossuficientes para

a diminuição da pandemia, sendo, também, uma medida de combate à COVID-19 de grande importância.

Gráfico 5 -  $R_0$  em função das taxas de quarentena e de testagem.



Fonte: O Autor (2021).

Em relação às taxas de testagem das pessoas infectadas que estão em quarentena no primeiro teste ( $\epsilon_i$ ) e em testes adicionais ( $\sigma_i$ ), não se determinou  $R_0$  porque esses parâmetros não fazem parte da matriz de próxima geração (3.2). Isso ocorre porque essas taxas não possuem relações com as populações de suscetíveis e de infectados que não estão em quarentena, que são as populações responsáveis pela disseminação da doença.

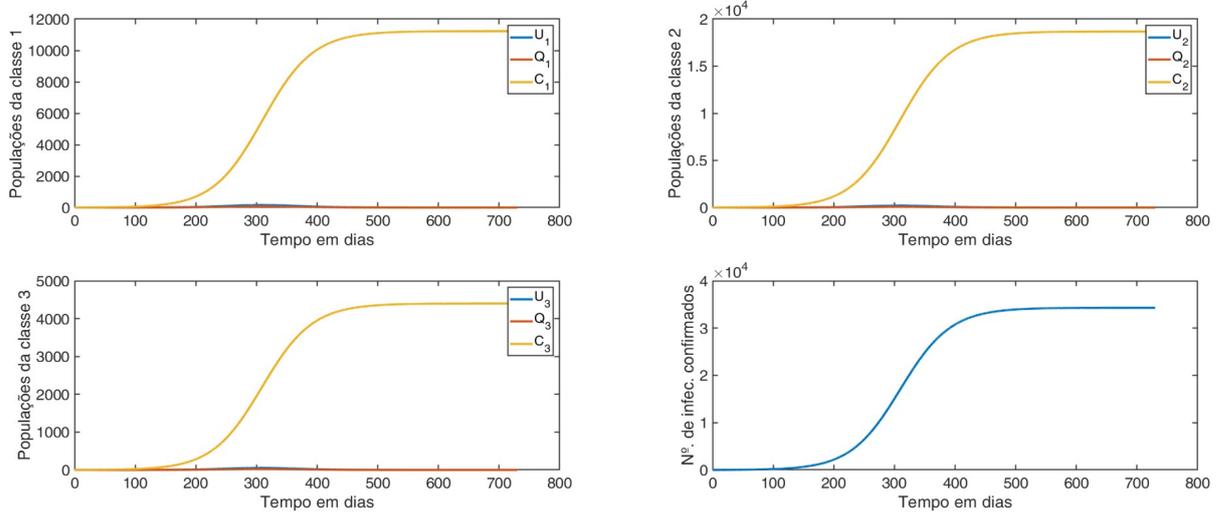
#### 4.3.2 Simulações de cenários

Considerando os parâmetros ajustados do modelo (3.1), foi realizada a simulação para um tempo de dois anos. O *software* contabilizou um total de 34.305 de casos confirmados. Foram construídos dois conjuntos de resultados gráficos; um traz a dinâmica das populações de infectados de cada classe e o total de casos confirmados [gráfico (6)]; o outro mostra os gráficos de cada compartimento mostrando a dinâmica de cada classe [gráfico (7)].

No sistema (3.1), os casos confirmados são armazenados de modo acumulado e os casos de infecções de indivíduos que não estão e que estão em quarentena são dados momentaneamente. Por essa razão, as curvas  $C_i$  são sempre crescentes e a taxa maior de crescimento coincide com o pico das curvas  $U_i$  que representam as populações responsáveis pelo contágio, como pode ser visto no gráfico (7). O pico das curvas de infectados ocorreu no

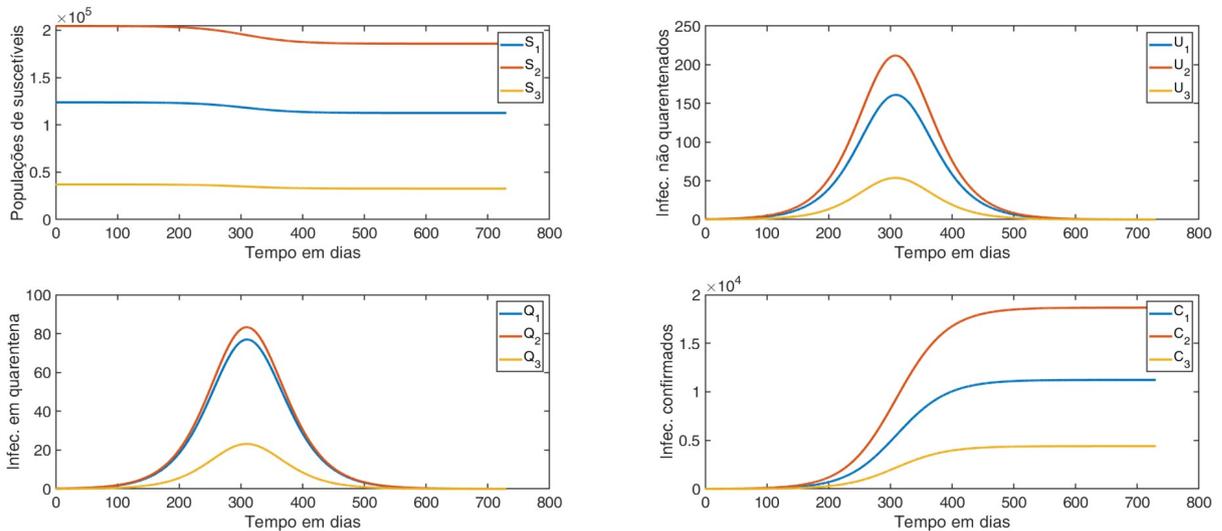
dia 313 (correspondente a data 01/02/21). De acordo com a simulação, houve 11.227 casos de pessoas mais jovens infectadas, 18.678 casos de adultas de 29 a 59 anos e 4.400 casos de pessoas com 60 anos ou mais.

Gráfico 6 - Dinâmica populacional por classes e total de infectados.



Fonte: O Autor (2021).

Gráfico 7 - Dinâmica populacional por compartimento.



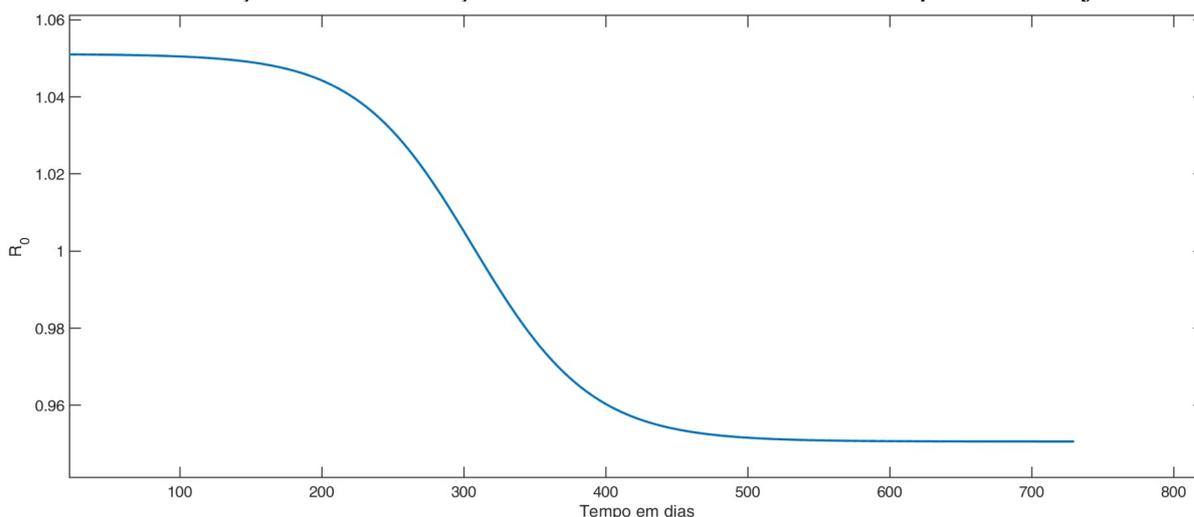
Fonte: O Autor (2021).

As pessoas infectadas da classe 2, tanto as que estão em quarentena quanto as que não estão, lideraram o número de casos, o que era esperado por ser a população de densidade maior.

Como as populações mudam no decorrer das simulações, então a taxa de reprodução básica varia ao mesmo tempo. Portanto,  $R_0$  foi implementado junto com o sistema (3.1) como forma adicional de análise dos cenários considerados. Para os valores dos parâmetros

ajustados, a taxa de reprodução básica iniciou com o valor de 1,0510 e seguiu decrescendo até 0,9506. É interessante observar que  $R_0$  chegou a 1 praticamente no mesmo dia do pico das curvas de infectados, indicando o que já apontava a teoria de Horst R. Thieme (2001), ou seja,  $R_0 = 1$  indica um ponto de inflexão entre o estado epidêmico e o de diminuição da pandemia.

Gráfico 8 - Variação de  $R_0$  em função da dinâmica do sistema com os parâmetros ajustados.



Fonte: O Autor (2021).

A criação dos cenários foi dividida em dois grupos, um simulando estratégias diferentes de quarentena e outro considerando-se estratégias de testagem. Em ambos os casos foram fixadas taxas que foram divididas entre as classes etárias de seis modos diferentes, sendo três deles concentrando a maior taxa em cada uma das classes e a outras concentrando a taxa em duplas de classes. As proporções utilizadas estão expressas na tabela (7), totalizando 12 cenários distintos.

Tabela 7 - Cenários e suas proporções.

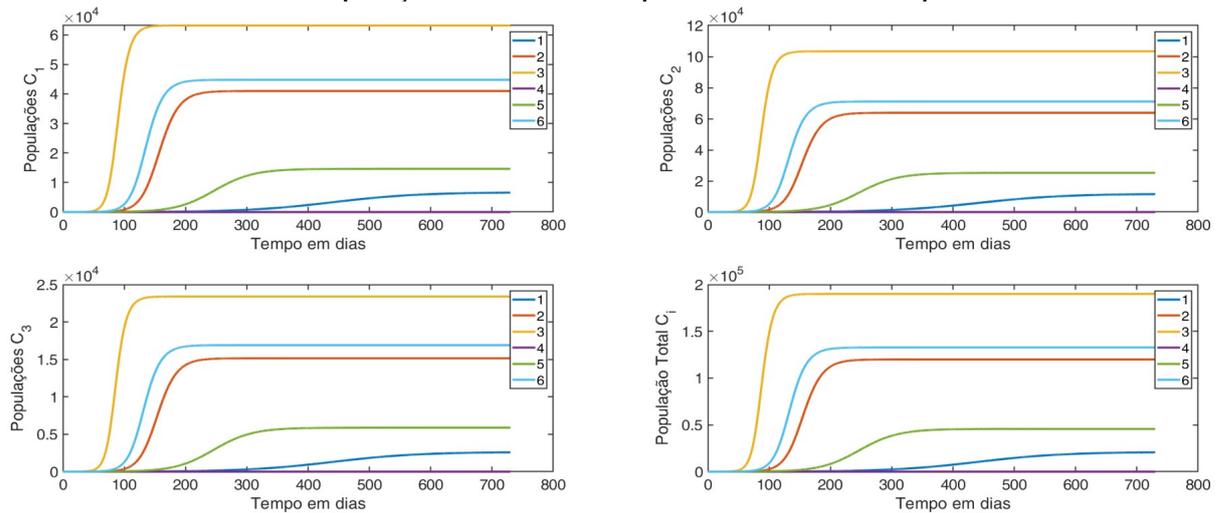
Cenário parâmetros	$\gamma_1, \delta_1$	$\gamma_2, \delta_2$	$\gamma_3, \delta_3$
1	2/3	1/6	1/6
2	1/6	2/3	1/6
3	1/6	1/6	2/3
4	5/12	5/12	1/6
5	5/12	1/6	5/12
6	1/6	5/12	5/12

Fonte: O Autor (2021).

A taxa total de quarentena a ser dividida entre as classes foi de 1,2, visto que a soma dessas taxas dos valores retornados do ajuste do modelo foi um pouco maior do que 1. A representação gráfica das populações de infectados confirmados de cada classe e o total são representadas no gráfico (9). Considerando um esforço de quarentena maior em cada classe

(cenários 1, 2 e 3), o cenário 1 se mostrou como o mais eficiente, enquanto o cenário 3 foi o pior deles, gerando a população maior de infectados em todos os casos. Já quando se concentra um esforço maior de quarentena em duas classes (cenários 4, 5 e 6), apenas o cenário 4 se mostrou eficiente, gerando um total de apenas 12 casos confirmados. Os valores numéricos retornados das simulações estão descritos na tabela (8).

Gráfico 9 - Populações de infectados para cada cenário de quarentena.



Fonte: O Autor (2021).

Tabela 8 - Número de infectados confirmados em cada cenário de quarentena.

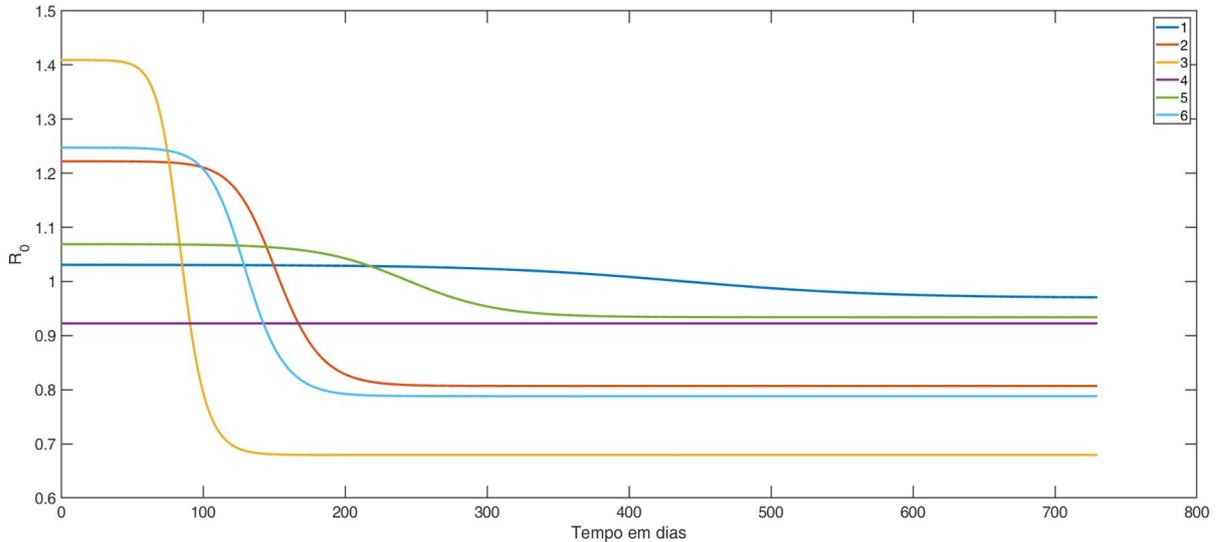
Cenário	$C_1$	$C_2$	$C_3$	Total
1	6.585	11.532	2588	20.705
2	40.988	63.861	15.152	120.001
3	63.179	103.401	23.409	189.989
4	3	7	2	12
5	14.634	25.212	5.875	45.721
6	44.775	71.105	16.906	132.786

Fonte: O Autor (2021).

O gráfico (10) indica o comportamento da taxa de reprodução básica de cada cenário. Verifica-se que apenas o cenário 4 produziu valores abaixo de 1 para  $R_0$ , enquanto todos os outros produziram valores iniciais acima de um que decaíram com o tempo. Observa-se, também, que quanto maior o valor inicial de  $R_0$ , mais ele tende a decair rapidamente e atingir valores menores, enquanto os valores iniciais mais próximos de 1 (e maiores do que 1) demoram mais a decair e tendem a valores mais próximos e abaixo de 1, indicando um avanço mais prolongado da epidemia, porém com um número menor de infectados em comparação com valores iniciais maiores de  $R_0$ . No caso do cenário 4,  $R_0$  foi quase constante, com

variações máximas da ordem de  $10^{-5}$ , indicando estabilidade do sistema com estado epidêmico quase nulo.

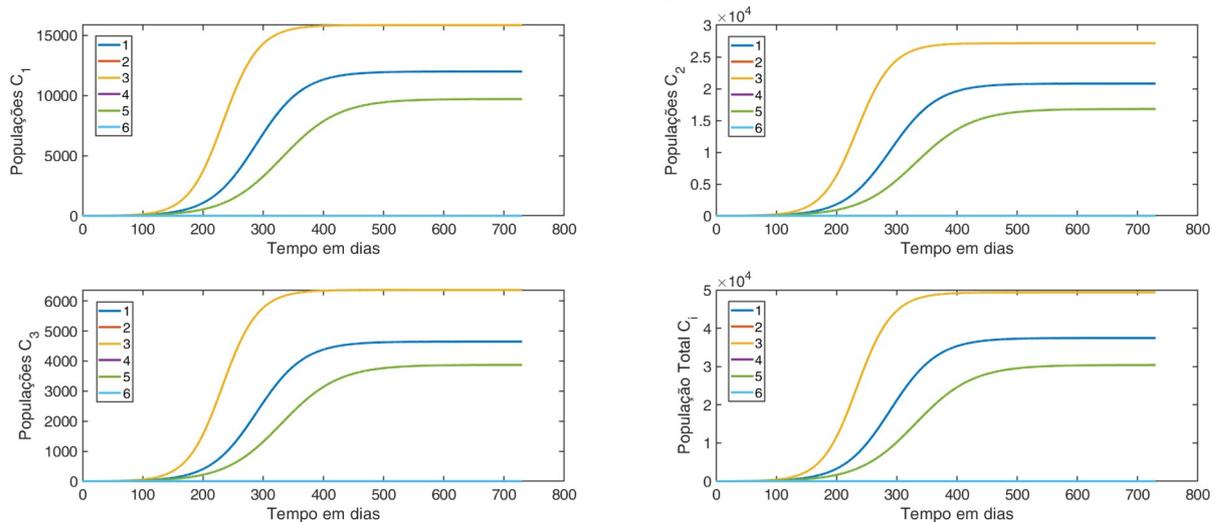
Gráfico 10 - Taxas de reprodução básica de cada cenário.



Fonte: O Autor (2021).

Para os cenários de testagem, considerou-se uma taxa de 0,8 (0,196 a mais do que a soma das taxas de testagem dos valores adaptados do sistema) que foi dividida de acordo com as proporções da tabela (7). As representações gráficas dos infectados confirmados de cada classe para cada cenário podem ser vistas no gráfico (11).

Gráfico 11 - Populações de infectados para cada cenário de testagem.



Fonte: O Autor (2021).

Concentrando a testagem em cada classe, apenas o cenário 2 se mostrou eficaz, indicando um estado epidêmico quase nulo, produzindo 12 casos confirmados, indicando que um esforço de testagem concentrado em adultos de 20 a 59 anos é eficaz. Considerando a

testagem de pares de classes, apenas o cenário 5 se mostrou ineficaz, totalizando 30.386 casos confirmados em dois anos – a quantidade de infectados confirmados retornados para cada cenário pode ser vista na tabela (9). Os cenários 1, 3 e 5 indicam um estado epidêmico, enquanto os cenários 2, 4 e 6 foram suficientes para que a disseminação da doença não ocorresse.

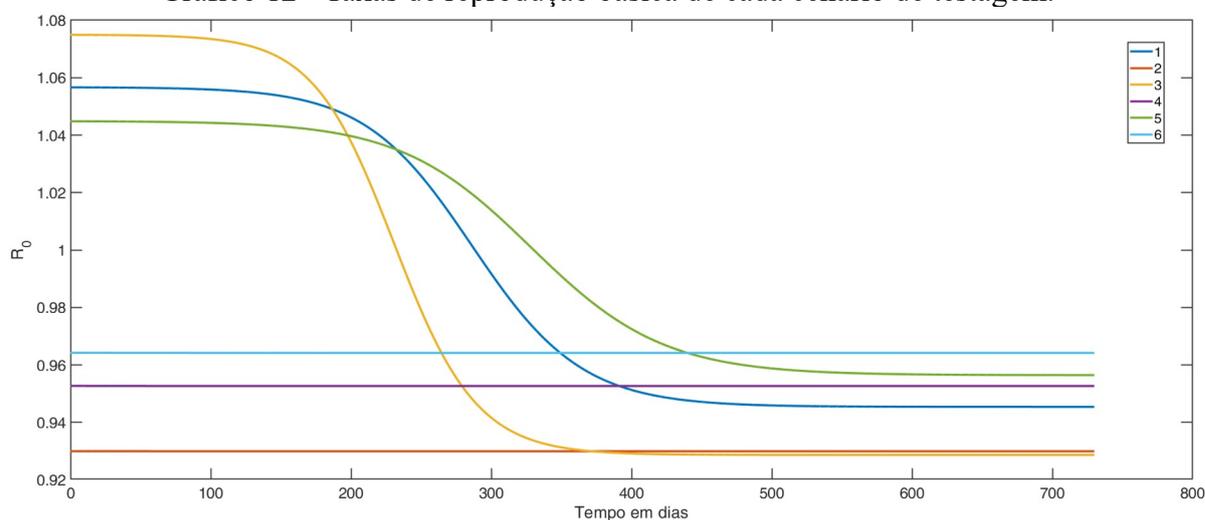
Tabela 9 - Número de infectados confirmados em cada cenário de testagem.

Cenário	$C_1$	$C_2$	$C_3$	Total
1	11.995	20.805	4649	37.449
2	3	7	2	12
3	15.851	27.157	6.365	49.373
4	6	11	3	20
5	9.707	16.806	3.873	30.386
6	8	14	4	26

Fonte: O Autor (2021).

O gráfico (12) mostra as curvas da taxa de reprodução básica para cada cenário. Novamente, para valores iniciais abaixo de 1,  $R_0$  tende a ser contante, indicando o equilíbrio do sistema, com variações máximas da ordem de  $10^{-3}$ . Pode-se observar que as taxas de testagem influenciaram menos o número de infectados e os valores de  $R_0$  em comparação com os cenários de quarentena, de acordo com o indicado pelo estudo paramétrico.

Gráfico 12 - Taxas de reprodução básica de cada cenário de testagem.



Fonte: O Autor (2021).

Nas simulações anteriores, as somas das taxas de quarentena e de testagem das pessoas não quarentenadas foram aumentadas, ou seja, foi considerado um esforço maior de quarentena e de testagem em comparação com a realidade. Então, os mesmos cenários foram simulados sem haver qualquer aumento nos totais dessas taxas como forma de se verificar em qual classe, ou classes, se deve reforçar essas ações.

Todos os cenários geraram um estado epidêmico. Com exceção do cenário 4, os demais produziram quantidades alarmantes de casos confirmados, como pode ser verificado na tabela (10) e no gráfico (13).

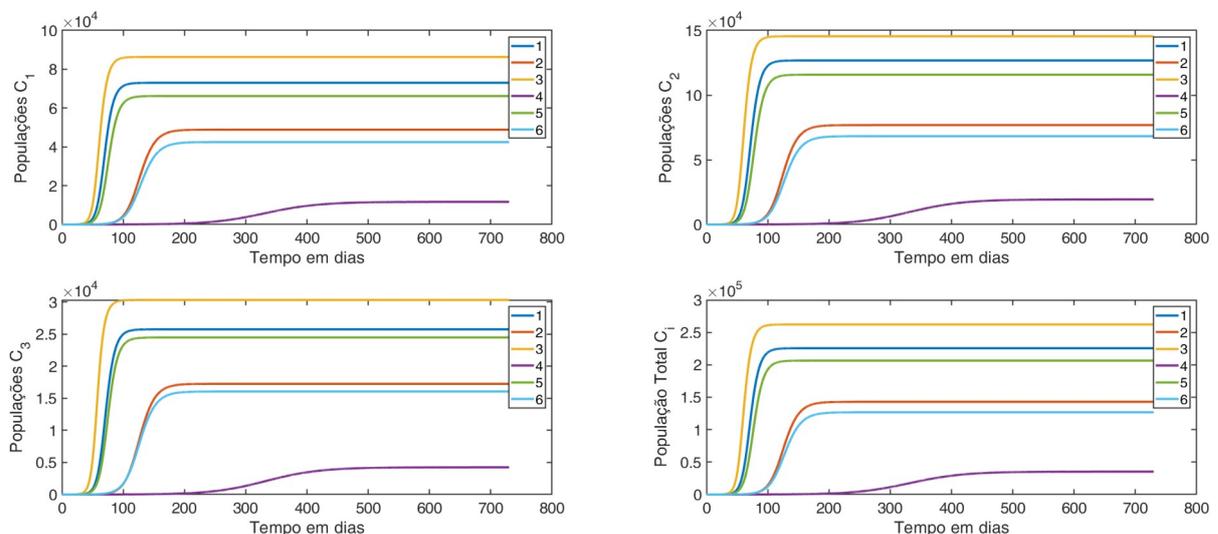
Tabela 10 - Número de infectados confirmados em cada cenário de testagem com o mesmo total das taxas retornadas no ajuste do modelo.

Cenário	$C_1$	$C_2$	$C_3$	Total
1	73.022	126.801	25.765	225.588
2	48.876	76.837	17.264	142.977
3	86.325	145.514	30.346	262.185
4	11.669	19.390	4.242	35.301
5	66.190	115.789	24.497	206.476
6	42.472	68.279	16.067	126.818

Fonte: O Autor (2021).

Concentrar os esforços de quarentena e de testagem apenas na classe 1, ou apenas na classe 3, ou nas classes 1 e 3, produziu os resultados piores. Concentrar esses esforços apenas na classe 2, ou nas classes 2 e 3, fez com que o total de infectados confirmados diminuísse, mas ainda permaneceram em patamares muito altos. O cenário 4 (concentração dos esforços nas classes 1 e 2) foi o melhor de todos, fornecendo um total de 35.301 casos confirmados. Esse valor é bem próximo ao valor retornado do sistema adaptado e do valor real dos casos registrados na cidade de Caruaru, indicando que os recursos do município estão sendo aplicados no combate à COVID-19 com concentração maior nas pessoas de 0 a 59 anos – vale lembrar que esse estudo não considera outras medidas de combate à doença, como por exemplo o uso de máscaras e a vacinação que já está ocorrendo.

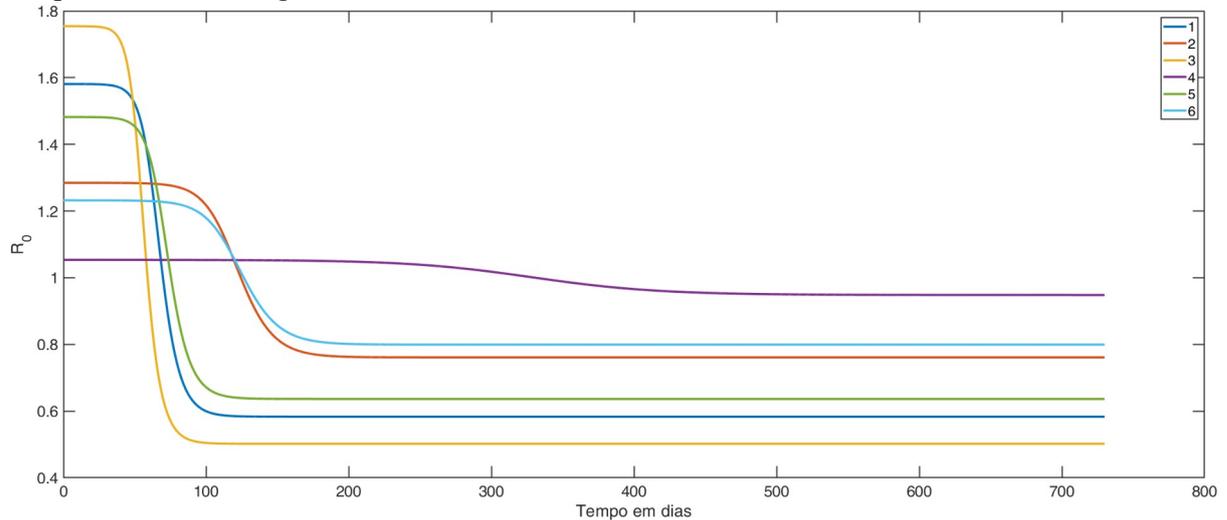
Gráfico 13 - Populações de infectados para cada cenário de testagem onde os totais das taxas de quarentena e testagem não foram alterados e foram distribuídos de acordo com os cenários.



Fonte: O Autor (2021).

Assim como foi verificado em todas as outras simulações, as taxas de reprodução básica foram maiores inicialmente nos cenários piores e decaíram mais rapidamente e para os valores menores, como pode ser verificado no gráfico (14).

Gráfico 14 - Taxa de reprodução básica de cada cenário de testagem onde os totais das taxas de quarentena e testagem não foram alterados e foram distribuídos de acordo com os cenários.



Fonte: O Autor (2021).

O modelo utilizado para as simulações não considera os casos de reinfecção, ou seja, a população de suscetíveis é sempre diminuída no decorrer do tempo. Além disso, as taxas são constantes. Portanto, os valores de  $R_0$  são sempre decrescentes, ou constantes nos casos em que já iniciam com valores abaixo de 1. Então, pode-se pensar que ao considerar os casos de reinfecção, taxa de natalidade, que retroalimentam a população de suscetíveis, e uma taxa de quarentena que varia de acordo com decisões estatais e datas comemorativas (por exemplo), fará com que a taxa de reprodução básica varie de modo decrescente e crescente em alguns momentos. Para que essa situação seja simulada matematicamente, são necessários mais dados específicos (que não há ou que não estão disponíveis no momento) e a modificação do modelo. Portanto, essa ação exige estudos e análise de um modelo novo, implicando em outro trabalho.

## 5 CONCLUSÕES

A pandemia de COVID-19 atingiu todos os países do planeta levantando questões sobre o vírus SARS-CoV-2 e sobre a doença causada por ele. Os efeitos dessa pandemia na cidade de Caruaru foram avaliados neste trabalho através de um modelo compartimentado do tipo SEIR a fim de se verificar as melhores estratégias de combate e prevenção.

Caruaru é considerada a capital do agreste de Pernambuco por convergir fluxos de pessoas devido ao seu comércio, a sua indústria, a sua estrutura na parte da saúde e devido a sua representação cultural.

Utilizando-se os dados epidemiológicos da cidade, foi realizado um estudo paramétrico onde se constatou que as taxas de contágio, de quarentena e testagem são as que mais influenciam na dinâmica populacional. Esse resultado teve como exceções os parâmetros de quarentena e de testagem da classe 3. A influência baixa de  $\gamma_3$  já dá indícios de um dos resultados verificados no trabalho de Castilho et al. (2020) em que os autores afirmam a ineficiência de se concentrar o esforço de quarentena na classe 3. Além disso, deve-se observar que a classe 3 possui a densidade menor das classes, indicando um cenário menos favorável para a pandemia de acordo com Kermack e Mckendrick (1927). Portanto, de acordo com o estudo paramétrico, conclui-se que as estratégias de quarentena e de testagem são eficientes para o combate à COVID-19 se concentradas nas classes 1 e 2.

Com os dados reais de casos confirmados da cidade de Caruaru, o modelo (3.1) foi ajustado retornando-se valores para os parâmetros. Com esses resultados, a simulação contabilizou um total de 34.305 casos confirmados em dois anos, que é um valor próximo ao da realidade para 597 dias. Em ordem decrescente, as classes com os maiores números de infectados foram a 2, a 1 e a 3.

No estudo da taxa de reprodução básica se constatou que todas as taxas de contágio, separadamente, são suficientes para gerar um estado epidêmico. As contaminações dentro das classes contribuíram mais para o avanço da pandemia em comparação com as contaminações entre as classes, sendo  $\alpha_{33}$  a que menos influenciou esse estado. Na realidade, essas taxas podem ser diminuídas com ações particulares simples, como por exemplo o uso de máscaras e higienização das mãos e superfícies. Portanto, essas ações devem ser consideradas de importância extrema no combate à COVID-19.

Ainda em relação às simulações de  $R_0$ , observou-se que taxas de quarentena e de testagem, observadas separadamente, são suficientes para a redução de  $R_0$  para valores abaixo

de 1, implicando no controle da pandemia. Apenas para a testagem da classe 2 se constatou a necessidade de um esforço muito grande para que o número de casos diminuísse, implicando em uma epidemia maior e mais prolongada. Considerando-se todos valores nulos, as taxas de quarentena produziram taxas de reprodução maiores, mas se mostraram mais eficientes do que as taxas de testagem para a diminuição da taxa de reprodução básica.

Observado o poder de influência das taxas de quarentena e de testagem nos estudos paramétrico e de  $R_0$ , foram criados cenários para a simulação de esforços de quarentena e de testagem de acordo com a tabela (7). Para esses cenários, foram considerados esforços maiores de quarentena e de testagem em relação aos existentes no modelo adaptado.

Concentrando os esforços de quarentena em cada uma das classes, o cenário 1 se mostrou mais eficaz, mas, mesmo assim, produziu um estado epidêmico com um total de 20.705 casos confirmados. Manter mais as pessoas com 60 anos ou mais em quarentena (cenário 3), como foi sugerido no início da pandemia, foi a estratégia pior de todas, produzindo uma população de pessoas infectadas confirmadas de pouco mais de 50% da população total – esse resultado é comum ao obtido no estudo paramétrico e ao trabalho de Castilho et al. (2020). Ao concentrar as taxas de quarentena em duas classes, os resultados melhoraram, pois o cenário 4, que concentra a quarentena nas classes 1 e 2, produziu um total de 12 casos confirmados. Já os cenários 5 e 6 implicaram em estados epidêmicos, mas com números de casos menores do que os produzidos pelos cenários 2 e 3. Portanto, concentrar os esforços de isolamento e de distanciamento social nas pessoas de 0 a 59 é a estratégia melhor a ser seguida.

Em relação aos parâmetros de testagem, os resultados foram melhores. A concentração de esforços de testagem na classe 2 e nos pares de classes 1-2 e 2-3 implicaram em resultados satisfatórios com número de casos confirmados variando de 12 a 26. Aplicar testagens mais na classe 1 ou na classe 2 ou em ambas ao mesmo tempo, não foi suficiente para se evitar uma epidemia – nesses cenários, os totais de casos confirmados variaram entre 36.000 e 50.000. Portanto, em todos os cenários de testagem efetivos para o combate à COVID-19, a classe 2 está sempre presente podendo estar em conjunto com a classe 1 ou com a classe 3 – isso mostra, também, que o ideal seria haver a testagem de todas as classes.

Em todos os cenários simulados, os valores das taxas de reprodução básica foram calculados [figuras (Erro: Origem da referência não encontrada) e (Erro: Origem da referência não encontrada)]. As taxas iniciais mais altas produziram os valores maiores de contágio, porém, foram as que decaíram mais rápido para valores abaixo de 1. Verificou-se que para valores iniciais de  $R_0$  próximos a 1 e maiores do que 1, tem-se um prolongamento da

pandemia, mas com número de casos de infectados menores do que para valores iniciais maiores. Esse fato pode ser interpretado pela teoria da densidade (KERMACK; MCKENDRICK; WALKER, 1927), pois para taxas grandes os suscetíveis são contaminados mais rapidamente e a densidade dessa população diminui proporcionalmente ao aumento das populações de infectados – em caso contrário, o contágio acontece de modo mais lento, fazendo com que a densidade favorável ao contágio permaneça por mais tempo.

Fazendo-se as simulações com os mesmos totais de taxas de quarentena e testagem que foram retornadas na adaptação do modelo, verificou-se que a concentração de esforços de quarentena e testagem nas classes 1 e 2 foi o cenário com o número menor de casos confirmados, se aproximando dos dados reais e dos dados do modelo adaptado. Portanto, sem se considerar outras medidas, as simulações indicam que a administração pública está no caminho da minimização do número de infectados concentrando as medidas de isolamento e testagem nas pessoas de 0 a 59 anos. Se o município tivesse concentrado essas ações apenas nas pessoas com 60 anos ou mais, teria o resultado pior com mais de 70% da população contaminada em um intervalo de tempo menor, o que implicaria em colapso do sistema de saúde e em mais mortes. Apesar das pessoas mais idosas sofrerem mais com os sintomas da COVID-19, não é uma estratégia boa de combate da doença a concentração de esforços nessa população.

Chatterjee et all. (2020) concluíram que as medidas de isolamento e distanciamento social podem diminuir os casos de COVID-19 em até 90%. Yuanji Tang et all. (2020) mostraram que as taxas de reprodução básica nos estados de São Paulo, Rio de Janeiro, Amazonas, Ceará e Pernambuco variaram de 2,2 a 4,5 no início da pandemia, caindo para uma variação de 0,82 a 1,78 após as primeiras medidas de isolamento e distanciamento social. Castilho et all. (2020) evidenciaram o quanto o esforço de quarentena pode diminuir a taxa de reprodução básica. Portanto, os resultados deste trabalho se mostraram que estão de acordo com os estudos atuais da área da epidemiologia matemática, evidenciando a importância das medidas preventivas de combate à COVID-19. Além disso, essas mesmas medidas podem produzir resultados diferentes se implementadas em tempos diferentes, assim como indica o trabalho de Zifeng Yang et all. (2020), ou seja, não basta ter a certeza da eficiência da medida preventiva, ela tem que ser tomada o quanto antes.

De acordo com o que foi apresenta neste trabalho, a administração pública de Caruaru pode diminuir mais ainda os casos de COVID-19 aumentando e concentrando os esforços de isolamento e distanciamento social na população de 0 a 59 anos. Esse resultado pode ser

melhorado através da testagem de sua população se concentrando mais nas pessoas de 20 a 59 anos de idade.

## 5.1 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os cenários considerados neste trabalho formam uma parte pequena do conjunto de todos os cenários que podem ser criados com os parâmetros do sistema. Além disso, o sistema pode ser alterado para que simule: o retorno de infectados para o compartimento de suscetíveis, pois há a comprovação de diversos casos de reinfecção; a imunização por vacinação; e a dinâmica de cepas diferentes. Esses são alguns exemplos que abrem espaço para outros trabalhos importantes que nos faça entender melhor esse patógeno novo (para nós humanos) nos possibilitando um controle maior da doença e uma qualidade de vida melhor.

## REFERÊNCIAS

BOYCE, W. E.; DIPRIMA, R. C. **Equações diferenciais elementares e problemas de valores de contorno**. Rio de Janeiro: Grupo Gen - LTC, 2010.

BRANDÃO, S. C. S. et al. **COVID-19, Iminidade, Endotélio e Coagulação: compreenda a interação**. e-book. Disponível em: <<https://repositorio.ufpe.br/handle/123456789/37570>>. Acesso em: 17 fev. 2021.

BRASIL. **Ministério da Saúde: Covid-19 Casos e Óbitos**. Disponível em: <[https://susanalitico.saude.gov.br/extensions/covid-19\\_html/covid-19\\_html.html](https://susanalitico.saude.gov.br/extensions/covid-19_html/covid-19_html.html)>. Acesso em: 20 mar. 2021.

CARUARU. **Boletim Epidemiológico | Prefeitura Municipal de Caruaru**, 2021. Disponível em: <<https://caruaru.pe.gov.br/covid-19-boletim-diario-da-secretaria-de-saude-14-11-21/>>. Acesso em: 17 nov. 2021

CASTILHO, C. et al. Assessing the Efficiency of Different Control Strategies for the Coronavirus (COVID-19) Epidemic. **arXiv:2004.03539 [q-bio]**, 7 abr. 2020.

CASTILLO-CHAVEZ, C. et al. Epidemiological models with age structure, proportionate mixing, and cross-immunity. **Journal of Mathematical Biology**, v. 27, n. 3, p. 233–258, 1 maio 1989.

CHATTERJEE, K. et al. Healthcare impact of COVID-19 epidemic in India: A stochastic mathematical model. **Medical Journal, Armed Forces India**, v. 76, n. 2, p. 147–155, abr. 2020.

FOSTER, A.; KINZEL, M. Estimating COVID-19 exposure in a classroom setting: A comparison between mathematical and numerical models. **Physics of Fluids**, v. 33, n. 2, p. 021904, 1 fev. 2021.

GAMEIRO, N. **Novas cepas da Covid-19 podem surgir no país, dizem especialistas – Fiocruz Brasília**. Fiocruz, 2021. Disponível em: <<https://www.fiocruzbrasil.fiocruz.br/novas-cepas-da-covid19-podem-surgir-no-pais-dizem-especialistas/>>. Acesso em: 7 out. 2021

HAN, B.-C. **O coronavírus de hoje e o mundo de amanhã, segundo o filósofo Byung-Chul Han**. Disponível em: <<https://brasil.elpais.com/ideas/2020-03-22/o-coronavirus-de-hoje-e-o-mundo-de-amanha-segundo-o-filosofo-byung-chul-han.html>>. Acesso em: 17 maio. 2021.

HEFFERNAN, J. M.; SMITH, R. J.; WAHL, L. M. Perspectives on the basic reproductive ratio. **Journal of The Royal Society Interface**, v. 2, n. 4, p. 281–293, 22 set. 2005.

HOUAISS, A. **Dicionário Eletrônico Houaiss da língua portuguesa**. [s.l.] Objetiva Ltda, 2009.

IBGE. **Cidades e Estados**. Disponível em:  
<<https://www.ibge.gov.br/cidades-e-estados/pe/caruaru.html>>. Acesso em: 17 fev. 2021.

INABA, H. Mathematical analysis of an age-structured SIR epidemic model with vertical transmission. **Discrete and Continuous Dynamical Systems, Series B**, v. 6, p. 69–96, 1 jan. 2006.

KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G.; WALKER, G. T. 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, 1 ago. 1927.

LUISA, I. **Brasil, um possível celeiro de novas variantes do coronavírus**. Disponível em:  
<<https://saude.abril.com.br/medicina/brasil-um-possivel-celeiro-de-novas-variantes-do-coronavirus/>>. Acesso em: 7 out. 2021.

MARTCHEVA, M. **An Introduction to Mathematical Epidemiology**. Boston, MA: Springer US, 2015. v. 61

MARTIN, P. DA S. et al. História e Epidemiologia da COVID-19. **ULAKES JOURNAL OF MEDICINE**, v. 1, 20 jul. 2020.

MECENAS, P. et al. Effects of temperature and humidity on the spread of COVID-19: A systematic review. **PLOS ONE**, v. 15, n. 9, p. e0238339, 18 set. 2020.

MENEZES, M. **Pesquisa sugere maior risco de reinfecção pela variante Delta**. Disponível em: <<https://portal.fiocruz.br/noticia/pesquisa-sugere-maior-risco-de-reinfeccao-pela-variante-delta>>. Acesso em: 7 out. 2021.

MONTGOMERY, D. C. **Design and Analysis of Experiments**. 8th Edition ed. Hoboken, NJ: John Wiley & Sons, 2012.

NOGUEIRA, T. L. et al. Pós covid-19: as sequelas deixadas pelo Sars-Cov-2 e o impacto na vida das pessoas acometidas. **Archives of Health**, v. 2, n. 3, p. 457–471, 20 jun. 2021.

OPAS. **Folha informativa – Dengue e dengue grave**. Disponível em:  
<[https://www.paho.org/bra/index.php?option=com\\_content&view=article&id=5963:folha-informativa-dengue-e-dengue-grave&Itemid=812](https://www.paho.org/bra/index.php?option=com_content&view=article&id=5963:folha-informativa-dengue-e-dengue-grave&Itemid=812)>. Acesso em: 17 fev. 2021.

P. VAN DEN DRIESSCHE; WATMOUGH, J. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. **Mathematical Biosciences**, v. 180, n. 1–2, p. 29–48, nov. 2002.

PASSOS, R. G.; SILVEIRA, M. B.; ABRAHÃO, J. S. Exploratory assessment of the occurrence of SARS-CoV-2 in aerosols in hospital facilities and public spaces of a metropolitan center in Brazil. **Environmental Research**, v. 195, p. 110808, 1 abr. 2021.

SERGIO, L. M. L. **Estimação do número de reprodução basal em modelos compartimentais**. Mestre em Estatística—Campinas: Universidade Estadual de Campinas, 24 fev. 2014.

SHI, P. et al. Impact of temperature on the dynamics of the COVID-19 outbreak in China. **The Science of the Total Environment**, v. 728, p. 138890, 1 ago. 2020.

SOUZA, C. M. C. DE. A epidemia de gripe espanhola: um desafio à medicina baiana. **História, Ciências, Saúde-Manguinhos**, v. 15, n. 4, p. 945–972, dez. 2008.

TANG, Y. et al. Epidemiology of COVID-19 in Brazil: using a mathematical model to estimate the outbreak peak and temporal evolution. **Emerging Microbes & Infections**, v. 9, n. 1, p. 1453–1456, 1 jan. 2020.

THIEME, H. R. Disease extinction and disease persistence in age structured epidemic models. **Nonlinear Analysis: Theory, Methods & Applications**, Proceedings of the Third World Congress of Nonlinear Analysts. v. 47, n. 9, p. 6181–6194, 1 ago. 2001.

YANG, Z. et al. Modified SEIR and AI prediction of the epidemics trend of COVID-19 in China under public health interventions. **Journal of Thoracic Disease**, v. 12, n. 3, p. 165–174, mar. 2020.

ZAPAROLLI, D. **O desafio de calcular o R**. Disponível em: <<https://revistapesquisa.fapesp.br/o-desafio-de-calcular-o-r/>>. Acesso em: 29 jul. 2021.

ZHAO, S.; CHEN, H. Modeling the epidemic dynamics and control of COVID-19 outbreak in China. **Quantitative Biology (Beijing, China)**, p. 1–9, 11 mar. 2020.

ZHOU, L. et al. Global dynamics of a discrete age-structured SIR epidemic model with applications to measles vaccination strategies. **Mathematical Biosciences**, v. 308, p. 27–37, 1 fev. 2019.