Revista Eletrônica
Paulista de Matemática

ISSN 2316-9664
Volume 21, dez. 2021
Iniciação Científica

Análise do comportamento da Covid-19 no Brasil via modelo SIR

Analysis of the Covid-19's behavior in Brazil via SIR model

Leonardo Alberto Freire de Almeida
Campus Sorocaba
Universidade Federal de São Carlos
le.leo.sp2017@gmail.com

Graciele Paraguaia Silveira
Campus Sorocaba
Universidade Federal de São Carlos
graciele@ufscar.br

Resumo

A modelagem matemática de problemas epidemiológicos, via sistemas de equações diferenciais compartimentais, aliada aos avanços computacionais, são cada vez mais aplicados em processos de tomada de decisão, prevenção e controle de doenças. Os objetivos deste trabalho foram estudar e executar simulações numéricas do modelo epidemiológico compartimental SIR (suscetíveis, infectados e removidos), via método de Euler; levantar dados reais da Covid-19 no Brasil; estimar os parâmetros do modelo e plotar gráficos capazes de auxiliar na compreensão da dinâmica da pandemia no país. A linguagem de programação adotada foi Python. Os resultados evidenciaram a importância de um ajuste adequado para o parâmetro de transmissão da doença e permitiram realizar previsões futuras.
Palavras-chave: Covid-19. Modelagem matemática. Modelo SIR. Método de Euler.

Abstract

Mathematical modeling of epidemiological problems, via compartmental differential equations systems, combined with computational advances, are increasingly applied in decision-making processes, disease prevention and control. The objectives of this work were to study and perform numerical simulations of the SIR compartmental epidemiological model (susceptible, infected and removed), using the Euler method; collect real data from Covid-19 in Brazil; estimate the model parameters and plot graphs capable of helping to understand the dynamics of the pandemic in the country. The programming language adopted was Python. The results evidenced the importance of an adequate adjustment for the disease transmission parameter and allowed to perform future predictions.
Keywords: Covid-19. Mathematical modeling. SIR model. Euler method.

Artigo recebido em ago. 2021 e aceito em out. 2021

Este artigo está licenciado com uma Licença Creative Commons Attribution 4.0 International, podendo ser usado, distribuído e reproduzido, sem restrições, desde que o trabalho original seja devidamente citado.

1 Introdução

A atual emergência vivida por todo o planeta deve-se ao espalhamento de doenças infecciosas, como a síndrome respiratória aguda grave (SRAG ou SARS), decorrente de variações do até então conhecido coronavírus, sendo a principal delas a Covid-19, causada pelo SARS-CoV-2 ou novo coronavírus. Segundo a Fundação Oswaldo Cruz (2020), o nome Covid é a junção de letras que se referem a (co)rona (vi)rus (d)isease e esta foi descoberta no ano de 2019 após o registro dos primeiros casos na cidade de Wuhan, localizada na República Popular da China. Estudos apontam que o vírus causador da Covid-19 teve sua origem em animais silvestres, como morcegos.

O termo coronavírus passou a ser utilizado a partir de 1965, devido a sua estrutura se assemelhar a uma coroa, mas o vírus já era conhecido e estudado desde o ano de 1937, o qual mesmo sendo capaz de infectar humanos possuía um baixo índice de letalidade e de propagação, sendo encontrado apenas em um número bastante limitado de localizações (BRASIL, 2020).

De acordo com a World Health Organization (2021), a humanidade lida atualmente com sete tipos de coronavírus (HCoVs), que são: HCoV-229E, HCoV-OC43, HCoV-NL63, HCoV-HKU1, MERS-COV (que causa síndrome respiratória do Oriente Médio, proveniente do contato com camelos infectados), SARSCOV (que causam síndromes respiratórias agudas graves) e o mais recente deles conhecido como SARS-CoV-2, ou novo coronavírus. A Covid-19, proveniente deste último, compreende quatro principais grupos de variações, a saber, alpha, beta, gama e delta, todas possuindo diferentes mutações dentro de seu loco. A Covid-19 apresenta atualmente uma taxa de letalidade de aproximadamente 0,6%, com este valor tendo variações ao redor do mundo, como no Brasil onde chega a aproximadamente 2,9%.

No mês de janeiro de 2020 foi declarado pela WHO estado de "emergência de saúde pública de importância internacional" (ESPII), sendo este o maior nível de alerta que pode ser declarado pela organização, diante da gravidade da situação enfrentada pela humanidade em decorrência da Covid-19. Esse tipo de emergência serve de alerta para o risco de saúde pública devido a disseminação internacional, o que exige ações coordenadas de todas as partes visando o controle, tratamento e a prevenção da doença. As dificuldades são grandes, uma vez que o vírus é facilmente disseminado, podendo até ser transmitido por indivíduos assintomáticos.

Com o início da vacinação no Brasil contra a Covid-19, no dia 18 de janeiro de 2021, aliada às medidas protetivas, como distanciamento social e higienização frequente das mãos, espera-se que o nível de alerta diminua, tanto no Brasil quanto ao redor do mundo.

Um dos tópicos que tem estado cada vez mais em evidência no campo da Biomatemática neste período de pandemia, são os modelos epidemiológicos. Estes por sua vez, tem como objetivo analisar de forma compartimental os diferentes status da doença, com a finalidade de realizar previsões e até mesmo comparar resultados teóricos com dados reais frente a diversas situações, como por exemplo, a implementação de medidas protetivas contra a Covid-19.

O presente trabalho surgiu a partir de um projeto de iniciação científica, desenvolvido pelo primeiro autor deste artigo em parceria com a segunda autora e a Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Campus Sorocaba. Os objetivos foram estudar modelos matemáticos epidemiológicos; realizar simulações numéricas do modelo epidemiológico compartimental mais simples de suscetíveis, infectados e removidos (recuperados ou mortos) (SIR), via método de Euler; levantar dados reais da Covid-19 no Brasil; estimar os parâmetros do modelo e plotar gráficos capazes de auxiliar na compreensão do fenômeno e na previsão de dados futuros. A linguagem de programação adotada foi *Python*.

Nas próximas seções encontram-se detalhes do problema investigado, do modelo matemático empregado e dos resultados obtidos.

2 Modelagem matemática epidemiológica

De acordo com Bassanezi (2012), o estudo da propagação de doenças transmissíveis era pouco difundido até o início do século XIX, quando foi reconhecido como pesquisa científica a partir dos trabalhos desenvolvidos por Pasteur e Kock. Até então, os eventos envolvendo epidemias eram costumeiramente atribuídos a vinganças divinas ou a espíritos malignos.

A Biomatemática é uma área de estudo que vem crescendo nos tempos atuais e que ocupa-se da análise e compreensão de fenômenos biológicos, por meio da modelagem matemática. O conceito de modelagem matemática está diretamente ligado a tentativa de representar e obter explicações sobre eventos da realidade através de funções, equações, gráficos, dentre outros (BASSANEZI, 2010). As equações diferenciais, aliadas aos avanços computacionais e numéricos, são amplamente utilizadas por viabilizar estudos e simulações de diversos fenômenos, inclusive biológicos, o que pode auxiliar em tomadas de decisões.

Um modelo matemático epidemiológico deve ser capaz de representar toda a dinâmica de um sistema que envolva uma série de fatores, como a variação de indivíduos suscetíveis, infectados, recuperados ou mortos, tudo isso sob a influência de parâmetros que devem ser estimados. Alguns cuidados são necessários para que o sistema não se torne muito complexo, de difícil resolução e utilização, mas que também não seja tão simples a ponto dos resultados não refletirem de algum modo a realidade.

De modo geral as doenças infecciosas podem ser divididas em duas categorias, em relação à forma de transmissão, direta e indireta (EDELSTEIN-KESHET, 2005). Uma doença de transmissão indireta é aquela em que o agente causador se fixa a um organismo chamado de vetor, o qual é responsável por espalhá-la a indivíduos suscetíveis, como é o caso da dengue, cujo vetor é o mosquito *Aedes Aegypti*. Por outro lado, em uma doença de transmissão direta o agente causador é também responsável pela sua transmissão a indivíduos suscetíveis, via meio físico, como é o caso da Covid-19 que é transmitida pelo ar através de fluidos.

2.1 Modelo SIR

A base dos modelos epidemiológicos de doenças causadas por microparasitas consiste em separar os indivíduos doentes daqueles ainda saudáveis, em compartimentos ou classes distintas. Um dos principais modelos matemáticos para epidemias é o modelo SIR, proposto por W. O. Kermack e A. G. McKendrick em 1927, no qual a população é dividida em compartimentos denominados suscetíveis, infectados e removidos, como segue:

- Suscetíveis ($S = S(t)$): indivíduos saudáveis, em condições de adquirirem a doença se tiverem contato com indivíduos infectados, no instante t;
- Infectados ($I = I(t)$): indivíduos antes suscetíveis, que se infectaram após contato com outros indivíduos infecciosos e passaram imediatamente a serem transmissores, no instante t;
- Removidos ($R(t)$): anteriormente infecciosos, não mais apresentam a doença (recuperados) ou foram removidos (em caso de morte).

Uma hipótese fundamental considerada é que os indivíduos infectados estão distribuídos homogeneamente em meio a população e todos têm o mesmo poder de disseminação. Embora simples, elaborado para doenças de transmissão direta, o modelo SIR constitui-se numa ferramenta importante que permite análises preliminares de diferentes epidemias e a partir dele, pode-se aperfeiçoar e adicionar novas hipóteses que incluam características específicas de cada população.

A Figura 1 mostra um esquema representativo do modelo SIR.

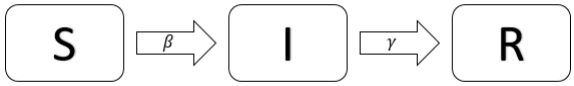

Figura 1: Modelo compartimental do tipo SIR.
Fonte: Elaborado pelo autor.

O encontro de indivíduos suscetíveis com infectados ocasionará o contágio pela doença a uma determinada taxa β, denominada taxa de transmissibilidade, fazendo com que os novos doentes passem para o compartimento "infectado". Indivíduos infectados que se recuperam ou que morrem, passam ao compartimento "removido", segundo uma taxa γ.

O modelo SIR é dado pelo problema de valor inicial:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \end{aligned} \tag{1}$$

com $t \geq 0$ e $S(0) = S_0$, $I(0) = I_0$, $R(0) = R_0$.

Na formulação matemática do Sistema (1), a população de suscetíveis decresce a uma taxa proporcional ao número de encontros com os infectados (βSI, $\beta > 0$); o número de infectados cresce na mesma taxa e perdem os recuperados (ou mortos); a variação dos indivíduos recuperados é proporcional à quantidade de infectados (γI, $\gamma > 0$), onde γ^{-1} é o tempo médio durante o qual um indivíduo permanece infeccioso.

Além disso, é considerado que indivíduos uma vez infectados, não poderão ser infectados novamente e que a população total N permanecerá constante ao longo da evolução temporal, isto é, $N = S + I + R$.

Nesta pesquisa, a ideia foi utilizar o modelo SIR clássico, tal como apresentado no Sistema (1), para descrever a dinâmica da Covid-19 no Brasil, no período compreendido entre março de 2020 e julho de 2021 e implementá-lo computacionalmente usando o método de Euler. Para tanto, a estimativa dos parâmetros do modelo faz-se necessária e este é o tópico que será exposto na próxima seção.

3 Estimativa dos parâmetros

Conforme mencionado anteriormente, a implementação computacional do modelo SIR somente será possível se valores forem atribuídos para os parâmetros β e γ, de modo que características do fenômeno em estudo sejam incorporadas, neste caso a Covid-19 no Brasil.

3.1 Parâmetro γ

A taxa de recuperação ou taxa de remoção γ está diretamente ligada ao tempo que um indivíduo infectado passa a ser considerado removido, uma vez que não serão distinguidos indivíduos levados

a óbito e indivíduos recuperados. Desta forma, γ^{-1} é definido como o *período infeccioso* (YANG, 2001). Ou ainda, pode-se expressar

$$\gamma = \frac{1}{\text{tempo de recuperação}}. \tag{2}$$

Em todas simulações executadas neste estudo, o tempo foi analisado em dias, portanto, levando-se em conta que o tempo médio de recuperação da Covid-19 é de aproximadamente 15 dias (CENTERS FOR DISEASE CONTROL AND PREVENTION, 2021), tem-se que:

$$\gamma = \frac{1}{15}\,\text{dias}^{-1}. \tag{3}$$

3.2 Parâmetro β constante

O parâmetro β é denominado taxa de transmissibilidade, isto é, relaciona-se com a chance de que um encontro entre um indivíduo suscetível e outro infectado resulte no contágio pela doença. Inicialmente um valor constante para β foi estimado, como será descrito a seguir.

Dividindo a primeira equação do Sistema (1) pela terceira equação do mesmo sistema (PAIVA JÚNIOR, 2015), segue que:

$$\frac{dS/dt}{dR/dt} = -\frac{\beta SI}{\gamma I}.$$

Logo, uma equação diferencial ordinária (EDO) de 1ª ordem é obtida,

$$\frac{dS}{dR} = -\frac{\beta}{\gamma}S. \tag{4}$$

Usando o método de variáveis separáveis, presente em Boyce e Diprima (2017), para a resolução de (4), tem-se

$$\int \frac{dS}{S} = -\frac{\beta}{\gamma}\int dR,$$

cujo resultado fornece

$$\ln S = -\frac{\beta}{\gamma}R + c, \tag{5}$$

onde c é uma constante de integração. Tomando como condições iniciais, no instante $t = 0$, $S(0) = S_0 \neq 0$ e supondo que $R(0) = R_0 = 0$, então

$$c = \ln S_0.$$

Portanto,

$$\ln S = -\frac{\beta}{\gamma}R + \ln S_0, \tag{6}$$

o que conduz a

$$S = S_0 \mathrm{e}^{-\frac{\beta}{\gamma}R}. \tag{7}$$

No entanto, como o propósito é obter um valor para o coeficiente β, note que a Equação (6) pode ser escrita como

$$y = -\frac{\beta}{\gamma}R + n, \tag{8}$$

em que $y = \ln S$ e $n = \ln S_0$.

Verifica-se que a Equação (8) possui a forma $y = -mx + q,\ m > 0$, logo o gráfico de $\ln S \times R$ tem comportamento linear decrescente. Desse modo, $\beta = m\gamma$.

No Brasil, o Ministério da Saúde desenvolveu o Painel Coronavírus[1], veículo oficial para comunicação da situação epidemiológica no país. A atualização dos dados sobre casos e óbitos por Covid-19 é feita diariamente, com informações repassadas pelas secretarias estaduais de saúde. Embora a data do registro oficial do primeiro caso de Covid-19 no Brasil seja 26 de fevereiro de 2020, neste estudo optou-se por considerar o período entre 17 de março de 2020 (22º dia após o surgimento do 1º caso) e 04 de julho de 2021, pois foi somente em março que surgiram as primeiras confirmações sobre o número de removidos (recuperados ou mortos). No início de 2020 foi adotada a estimativa da população brasileira segundo o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2019), que estava em 210.147.125 habitantes. Assim, todos os dados diários sobre a doença, bem como da população brasileira, foram tabelados em uma planilha eletrônica.

A Figura 2 contém a distribuição dos dados amostrais na forma de pontos $(R, \ln S)$ e a reta ajustada via método dos mínimos quadrados.

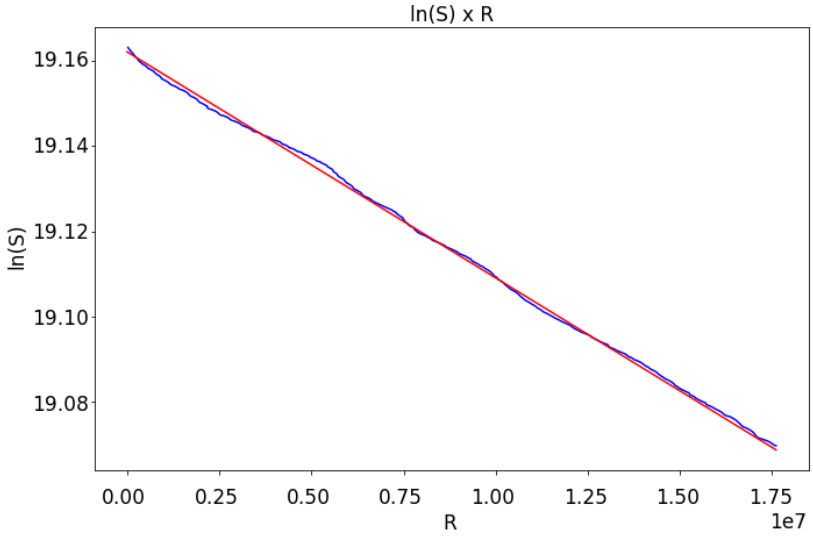

Figura 2: Gráfico de $\ln S$ em função de R, em azul. Regressão linear ajustada, em vermelho.
Fonte: Elaborado pelo autor.

A equação da reta obtida pela regressão linear foi

$$y = -0,0000000005289R + 19,2 \tag{9}$$

donde segue que

$$\beta = 0,00000000035266. \tag{10}$$

Simulações computacionais do modelo SIR descrito no Sistema (1), foram efetuadas usando o valor de β dado pela Equação (10) e os resultados serão apresentados e discutidos na Subseção 4.2.

3.3 Parâmetro β variável

Com o avanço da pandemia de Covid-19 no Brasil e todos os seus desdobramentos, os registros diários de casos e mortes passaram por momentos muito distintos. Devido a grande extensão

[1]https://covid.saude.gov.br/

territorial, enquanto determinadas regiões enfrentavam surtos, em outras, ainda poucos casos eram confirmados. Nos primeiros meses haviam muitas incertezas sobre a doença e problemas na computação dos dados. Além disso, no transcorrer da pandemia, posturas muito diferentes e frequentemente divergentes foram adotadas pelos governantes, nas esferas federal, estadual e municipal. A população também não aderiu de forma coesa aos decretos e as recomendações sanitárias, por vários motivos como a necessidade de voltar ao trabalho presencial, uso do transporte público, falta de acesso a água e saneamento básico, dentre outros.

Os primeiros meses de 2021 foram marcados pela explosão no número de casos e óbitos pela doença, o que causou sobrecarga no sistema de saúde. Isto evidenciou as diferenças existentes na estrutura hospitalar das cidades brasileiras. Por outro lado, a vacinação teve início em janeiro de 2021 porém com quantidade pequena de doses e priorizando determinados grupos da população.

Nesta perspectiva, dificilmente a taxa de transmissibilidade β permaneceu constante ao longo dos meses de pandemia, em todas as localidades no Brasil. Desse modo, uma abordagem será proposta para se obter $\beta = \beta(t)$, considerando os dados da doença fornecidos pelo Painel Coronavírus.

Da Equação (6), tem-se

$$\frac{\beta}{\gamma}R = \ln S_0 - \ln S.$$

Portanto,

$$\beta(t) = -\gamma\frac{\ln S}{R} + \gamma\frac{\ln S_0}{R}. \tag{11}$$

A Equação (11) permite calcular um valor de β para cada dia do intervalo de tempo avaliado nesta pesquisa, uma vez que os números da Covid-19 foram tabelados em uma planilha eletrônica. Logo, analisando a dispersão dos pontos $(t, \beta(t))$ verifica-se que o comportamento da função $\beta(t)$ não é linear. Tal fato pode ser observado na Figura 3, gráfico em azul.

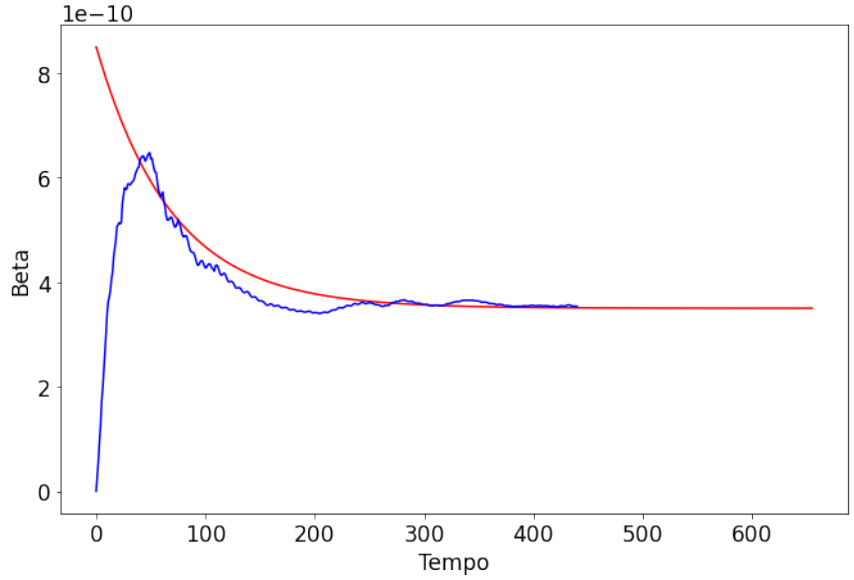

Figura 3: Gráfico de β em função de t, em azul. Ajuste exponencial, em vermelho.
Fonte: Elaborado pelo autor.

Considerando a disposição dos pontos e que β tende para uma constante positiva, à medida que $t \longrightarrow \infty$, uma curva exponencial foi ajustada (ver Figura 3, gráfico em vermelho), a saber,

$$\beta(t) = 0,00000000035 + 0,0000000005\mathrm{e}^{-0,0145t}. \tag{12}$$

Embora a função encontrada na Equação (12) não apresente de forma explícita algumas características distintas da Covid-19, apontadas no início desta subseção, o seu uso na resolução do modelo SIR, Sistema (1), possibilita que diferentes taxas de transmissibilidade sejam consideradas ao longo da evolução temporal, nas simulações.

4 Implementação computacional e resultados

4.1 Método de Euler

Considere um Problema de Valor Inicial (PVI), conhecido como problema de *Cauchy*, definido por:

$$\begin{cases} \dfrac{dy}{dt} = f(t, y), \qquad t \in I \subset \mathbb{R} \\ \\ y(0) = y_0 \end{cases}, \tag{13}$$

em que $f : I \times \mathbb{R} \to \mathbb{R}$ é uma função conhecida e $y = y(t)$, $y : I \to \mathbb{R}$, é a função a ser encontrada (RUGGIERO; LOPES, 1996).

Para o método numérico adotado neste trabalho, método de Euler, a seguinte discretização foi feita. Considere um PVI conforme apresentado em (13), definido para $t \in [0, t_f] \subset \mathbb{R}$. Seja

$$\Pi \ : 0 = t_0 < t_1 < \ldots < t_N = t_f$$

uma partição regular de $[0, t_f]$ com N subintervalos e espaçamento $h = (t_f - t_0)/N$.

No esquema de Euler explícito de primeira ordem, a solução aproximada y_{k+1} é definida por

$$y_{k+1} = y_k + hf(t_k, y_k), \qquad k = 0, \ldots, N-1. \tag{14}$$

Adaptando as equações do Sistema (1) de acordo com o método de Euler, isto é, considerando a variação de cada classe discretizada, tem-se

$$dS \cong \Delta S = S_{k+1} - S_k, \quad dI \cong \Delta I = I_{k+1} - I_k, \quad dR \cong \Delta R = R_{k+1} - R_k \ \text{ e } \ dt \cong \Delta t = t_{k+1} - t_k = h,$$

para $k = 0, \ldots, N-1$. Logo, o sistema discretizado fica

$$\begin{cases} S_{k+1} &= S_k + h(-\beta S_k I_k) \\ I_{k+1} &= I_k + h(\beta S_k I_k - \gamma I_k) \\ R_{k+1} &= R_k + h(\gamma I_k) \end{cases}. \tag{15}$$

Como as estimativas dos parâmetros do Sistema (15) já foram realizadas, o próximo passo será tratar das simulações numéricas executadas e dos resultados alcançados.

4.2 Simulações

Para esta etapa, dados reais da Covid-19 com relação a população brasileira foram tabelados, contendo o número de pessoas suscetíveis, infectadas e removidas (recuperadas e mortas), dia a dia, no intervalo de 17 de março de 2020, que foi quando surgiu o primeiro indivíduo removido, isto é $R \neq 0$, até o dia 4 de julho de 2021, totalizando um intervalo de 475 dias.

Assim, as condições iniciais para o Sistema (15) são: $S(0) = S_0 = 210.146.834$, $I(0) = I_0 = 290$, $R(0) = R_0 = 1$ e $t \in [0,\ 475]$. Para o método de Euler foi escolhido $h = 0,001$, com implementações computacionais via códigos próprios, elaborados em linguagem *Python*.

Inicialmente considerando γ dado pela Equação (3), isto é, $1/15$ e β constante, cujo valor foi encontrado na Equação (10), $\beta = 0,00000000035266.$, a solução numérica obtida pelo método de Euler para a população de infectados é apresentada na Figura 4, em vermelho. Na mesma figura, em azul, constam os registros reais de infectados por Covid-19 no Brasil, durante o período estudado.

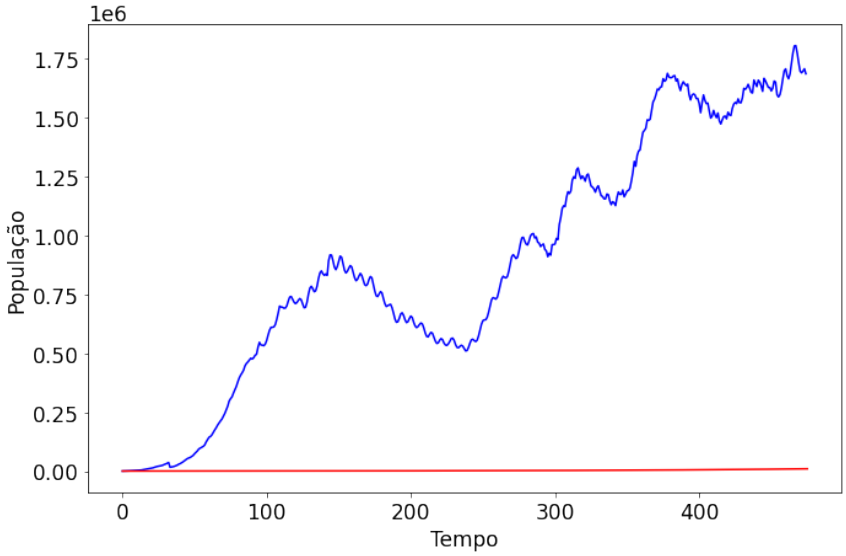

Figura 4: Dados de infectados reais (em azul) e infectados calculados (em vermelho), com β constante.

Fonte: Elaborado pelo autor.

Observa-se que o uso da taxa de transmissibilidade constante no modelo SIR, para a Covid-19, tal como foi calculada na Subseção 3.2, não propiciou resultados satisfatórios. Enquanto a população de indivíduos infectados (dados reais) cresce, não é possível averiguar um crescimento significativo da solução numérica.

Diante disso, nas simulações seguintes a escolha foi pela utilização de β variável, definido na Equação (12). As condições iniciais, o parâmetro γ, o espaçamento h e t_f foram mantidos.

A Figura 5 mostra a solução numérica encontrada, para a população de infectados.

Neste caso, percebe-se que o modelo SIR proposto com $\beta = \beta(t)$ foi capaz de capturar o crescimento da população de infectados, assim como o início da tendência de decrescimento, presente nos dados reais. Além disso, os resultados numéricos permaneceram na mesma ordem de grandeza dos valores reais.

Outro aspecto importante a se destacar é que, a disposição dos pontos que representam os registros oficiais (gráfico azul), mostra uma primeira onda (aproximadamente entre 0 e 250 dias) e o que seria uma parte de uma segunda onda, no restante do período. Como o modelo SIR tem a característica de apenas um pico para a população de infectados, a função obtida numericamente retrata um pico médio.

Nas Figuras 6 e 7 estão expostos os gráficos referentes às populações de suscetíveis e removidos (recuperados e mortos), plotados com dados reais da Covid-19 (em azul) e com dados simulados (em vermelho).

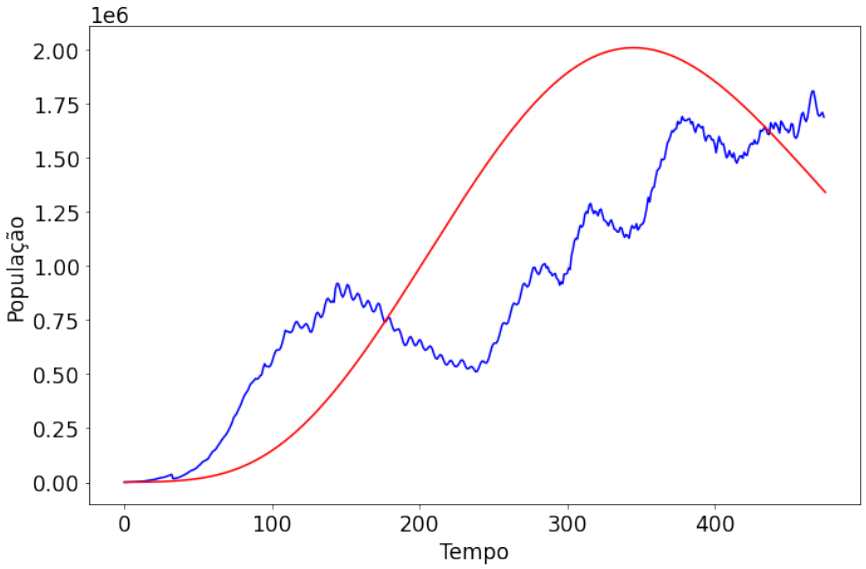

Figura 5: Dados de infectados reais (em azul) e infectados calculados (em vermelho), com $\beta = \beta(t)$.
Fonte: Elaborado pelo autor.

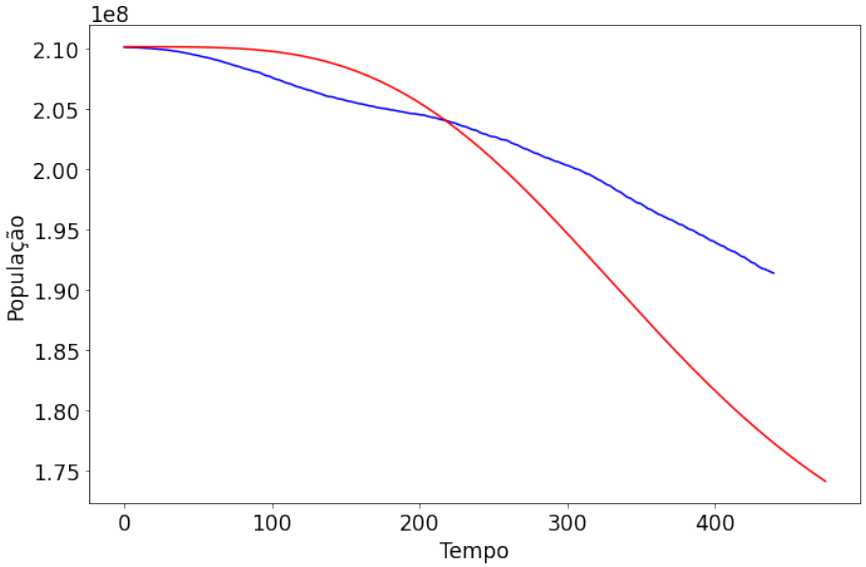

Figura 6: Dados de suscetíveis reais (em azul) e suscetíveis calculados (em vermelho), com $\beta = \beta(t)$.
Fonte: Elaborado pelo autor.

Novamente o modelo SIR proposto com β variável conseguiu acompanhar o decrescimento da população de suscetíveis, na mesma ordem de grandeza (Figura 6) e a tendência de crescimento na população de removidos, ver Figura 7.

Extrapolando o tempo final, t_f, para 2, 4 e 6 meses após o último registro real considerado neste trabalho, obteve-se os gráficos (em vermelho) apresentados respectivamente, nas Figuras 8, 9 e 10. Em todas estas implementações as condições iniciais, assim como os demais parâmetros permaneceram inalterados. Os dados reais ainda constam nos gráficos, na cor azul.

Nas extrapolações realizadas, as soluções numéricas mostram a continuidade da tendência de queda no número de infectados pela Covid-19, no Brasil, nos próximos meses.

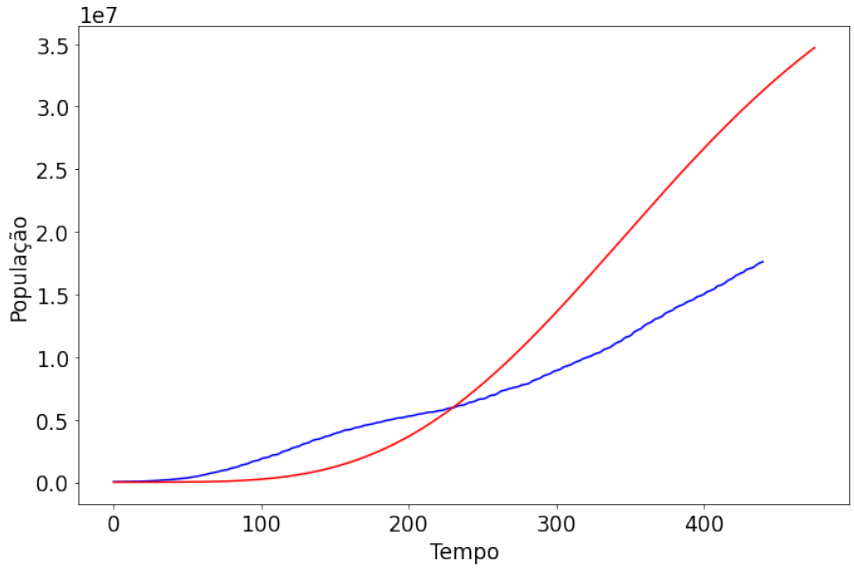

Figura 7: Dados de removidos reais (em azul) e removidos calculados (em vermelho), com $\beta = \beta(t)$.
Fonte: Elaborado pelo autor.

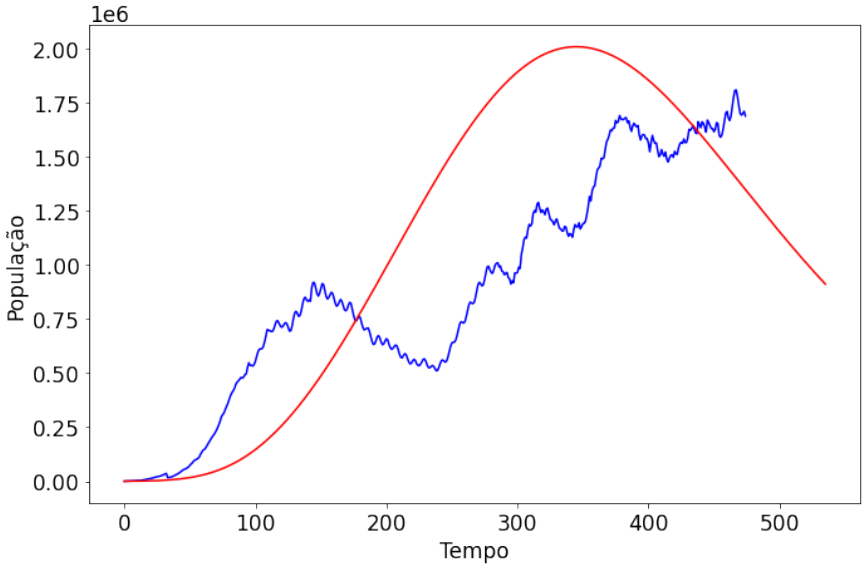

Figura 8: Solução numérica obtida para uma extrapolação de 2 meses.
Fonte: Elaborado pelo autor.

Desse modo, o modelo SIR proposto com coeficiente de transmissibilidade variável, embora simples e com apenas três compartimentos, sem considerar termos explícitos para a dinâmica vital e para a vacinação, foi capaz de exibir em suas soluções as principais tendências observadas nos registros reais. Além disso, foi possível extrapolar as simulações e apontar previsões futuras.

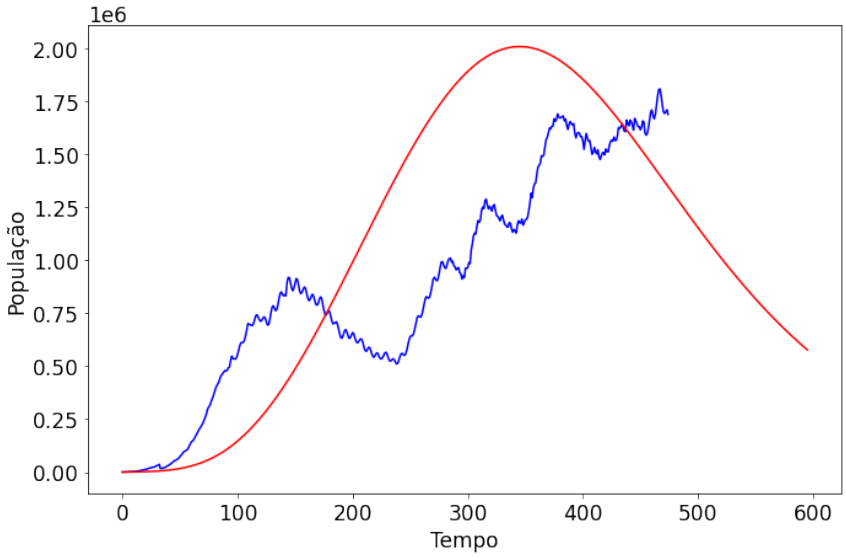

Figura 9: Solução numérica obtida para uma extrapolação de 4 meses.
Fonte: Elaborado pelo autor.

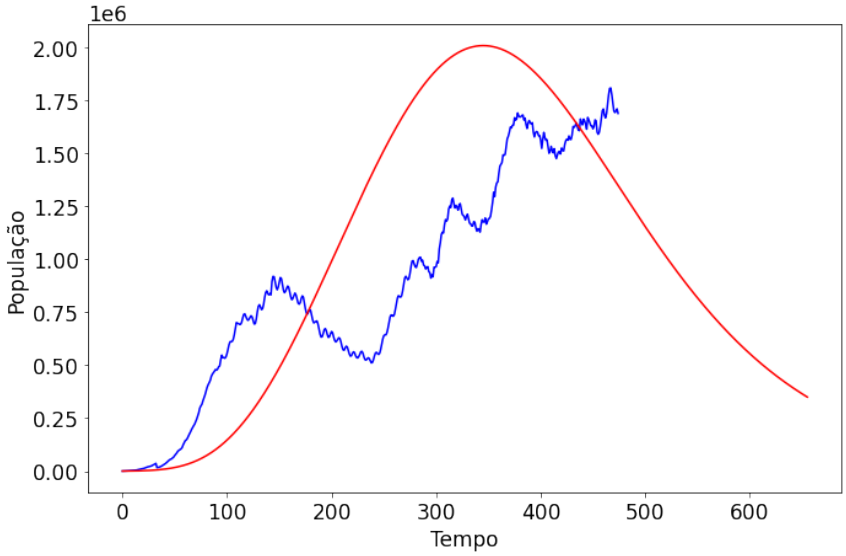

Figura 10: Solução numérica obtida para uma extrapolação de 6 meses.
Fonte: Elaborado pelo autor.

5 Considerações finais

A pandemia de Covid-19 tem se mostrado um grande desafio à ser vencido pela sociedade brasileira e mundial. Muitos esforços vêm sendo empreendidos por parte de pesquisadores, visando descobrir formas eficientes de prevenção e controle da doença.

Durante esta pesquisa, ficou evidente que a forma pela qual se trata a taxa de transmissibilidade β, impacta diretamente no resultado final. As simulações numéricas mostraram a importância de se considerar a taxa sob a qual a população de suscetíveis se torna infectada, variando ao longo do tempo. Ainda mais em um país como o Brasil, com grande extensão territorial e regiões com características muitos distintas.

Com relação aos resultados alcançados utilizando β variável, por mais que tenham sido satisfatórios no sentido de capturar tendências de crescimento/decrescimento, além de preservarem as ordens de grandezas dos dados reais, outros estudos fazem-se necessários para aperfeiçoamento do modelo SIR. Isto se deve a fatores como a simplicidade do modelo, que foi dividido em apenas três compartimentos. Em trabalhos futuros planeja-se o acréscimo de outras classes, como a divisão do compartimento de removidos em recuperados e pessoas levadas a óbito; a separação do compartimento de infectados, em infectados sintomáticos e assintomáticos, entre outros, todos estes munidos de seus respectivos parâmetros.

Entretanto, tais acréscimos vão tornar o modelo cada vez mais complexo, o que exigirá um maior conhecimento sobre o fenômeno, assim como um banco de dados reais mais completo. Outro fator essencial a ser considerado em futuros trabalhos é a vacinação e como esta impacta na curva de infectados ao longo do tempo, uma vez que indivíduos suscetíveis passam diretamente para o grupo de removidos. Também é de suma importância avaliar futuramente se com a entrada da vacinação as previsões apresentadas para dois, quatro e seis meses, após o último dia dos dados reais, é condizente com o que de fato vai acontecer.

6 Agradecimentos

O primeiro autor agradece ao CNPq e a UFSCar pela bolsa de Iniciação Científica do PIBIC.

7 Referências Bibliográficas

BASSANEZI, R. C. **Temas e modelos.** Santo André: UFABC, 2012.

BASSANEZI, R. C. **Ensino-aprendizagem com modelagem matemática:** uma nova estratégia. 3. ed. São Paulo: Contexto, 2010.

BOYCE, W. E.; DIPRIMA, R. C. **Equações diferenciais elementares e problemas de valores de contorno.** 10. ed. Rio de Janeiro: LTC, 2017.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Entenda a diferença entre Coronavírus, Covid-19 e Novo Coronavírus.** 2020. Disponível em: https://www.gov.br/pt-br/noticias/saude-e-vigilancia-sanitaria/2020/03/entenda-a-diferenca-entre-coronavirus-covid-19-e-novo-coronavirus. Acesso em: 30 ago. 2021.

CENTERS FOR DISEASE CONTROL AND PREVENTION. **Interim clinical guidance for management of patients with confirmed coronavirus disease (COVID-19).** 2021. Disponível em: https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/hcp/clinical-guidance-management-patients.html. Acesso em: 30 ago. 2021.

EDELSTEIN-KESHET, L. **Mathematical models in Biology**. Philadelphia: SIAM, 2005.

FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ. **Por que a doença causada pelo novo coronavírus recebeu o nome de Covid-19?** 2020. Disponível em: https://portal.fiocruz.br/pergunta/por-que-doenca-

causada-pelo-novo-coronavirus-recebeu-o-nome-de-covid-19. Acesso em: 30 ago. 2021.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Estimativas da População Residente no Brasil e unidades da federação com data de referência em 1º de julho de 2019.** 2021. Disponível em: https://www.ibge.gov.br/estatisticas/sociais/populacao/9103-estimativas-de-populacao.html?edicao=28674&t=downloads. Acesso em: 15 jun. 2021.

PAIVA JÚNIOR, F. P. **Modelagens alternativas para a meningite no Maranhão.** 2015. 59 f. Dissertação (Mestrado em Matemática Aplicada e Computacional) - Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 2015.

RUGGIERO, M. A. G.; LOPES, V. L. R. **Cálculo numérico:** aspectos teóricos e computacionais. 2. ed. São Paulo: Pearson, 1996.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. **Origins of the SARS-CoV-2 virus.** 2021. Disponível em: https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019. Acesso em: 05 ago. 2021.

YANG, H. M. **Epidemiologia matemática:** estudo dos efeitos da vacinação em doenças de transmissão direta. Campinas: Editora da Unicamp, 2001.