



UNIVERSIDADE FEDERAL DE  
CAMPINA GRANDE



# **Modelos Matemáticos em Epidemiologia Aplicação: Evolução Epidêmica da COVID-19 no Brasil e no Estado da Paraíba**

Profa. Dra. Célia Maria Rufino Franco

- Vários registros na história evidenciam impactos desastrosos de epidemias na humanidade. A peste negra foi uma das maiores pandemias já registradas, tendo início na China e se alastrando pela Europa durante o século XIV, matando cerca de um terço da população. Outras doenças também foram registradas tais como: cólera, tuberculose, varíola, gripe, sarampo e malária, que também causaram muitas mortes. Atualmente, tem-se a pandemia da Covid-19.
- Neste contexto, estudos começaram a ser realizados com o objetivo de compreender o desenvolvimento da doença em comunidades, regiões e países e analisar o impacto de medidas de controle, como a vacinação, ou outras medidas imprescindíveis para a sua contenção e erradicação.
- Modelos matemáticos e simulações numéricas são ferramentas úteis para realizar projeções de como uma doença infecciosa se propaga e testar teorias e conjecturas de avaliação quantitativa. Neste material informativo, apresentaremos três modelos matemáticos clássicos em Epidemiologia: SIS, SIR e SIRS. Além disso, resultados da simulação da expansão da COVID-19 no Brasil e no Estado da Paraíba foram obtidos baseados no modelo SIR e serão divulgados aqui.

Com os modelos matemáticos é possível determinar parâmetros e projetar a evolução de epidemias, como por exemplo da Covid-19. Inicialmente os parâmetros são estimados com base no conhecimento acumulado em epidemias anteriores ou da própria epidemia e do seu desenvolvimento em outros locais.

Procura-se responder os seguintes questionamentos:

- Em que condições temos uma epidemia?
- Por que uma epidemia aparentemente desaparece depois de um certo número de pessoas serem contaminadas?
- Quando o número de infectados será decrescente?
- Qual a taxa de infecção da doença?

## Modelos Compartimentais: Modelos SIS, SIR e SIRS

Nos modelos compartimentais, a população é dividida em compartimentos (ou classes) que refletem o estado em que os indivíduos se encontram no desenvolvimento da doença, como por exemplo:

- Suscetíveis ( $S$ ): indivíduos que estão suscetíveis a contrair a doença;
- Infectados ( $I$ ): indivíduos que contraíram a doença e podem transmiti-la aos indivíduos suscetíveis por transmissão direta;
- Removidos ( $R$ ): indivíduos que foram infectados, mas não são mais portadores da doença, por motivo de isolamento, cura (adquirindo ou não imunidade), ou morte.

Assim, pode-se escrever a população total  $N$  como a soma dos indivíduos das classes acima citadas, ou seja:  $N = S + I + R$ .  $N$  é constante, isto é, não é considerado natalidade e mortalidade devido a outros fatores.

## Modelo SIS

No modelos SIS, os indivíduos suscetíveis adquirem a doença, tornam-se infectados e, após a recuperação, não adquirem imunidade, tornando-se suscetíveis novamente. O período de incubação é relativamente pequeno e as pessoas doentes não são isoladas. É chamado modelo SIS uma vez que o caminho típico da transmissão da doença é de  $S$ , passando por  $I$ , até  $S$  novamente.

Considere o caso em que a população total  $N$  é constante e não há dinâmica vital, isto é, na população estudada não são considerados nascimentos nem mortes.

O modelo envolve dois parâmetros importantes:  $\alpha$  e  $\beta$ .  $\alpha$  é a **taxa de transmissão da doença**. Como essa transmissão se dá com o contato entre suscetíveis e infectados, então a variação de indivíduos suscetíveis em relação ao tempo pode ser modelada por  $\alpha SI$ .  $\beta$  é a **taxa de recuperação da doença**. Considerando que a variação dos indivíduos infectados com relação ao tempo é proporcional ao próprio número de indivíduos infectados, então o retorno à classe de suscetíveis será modelado por  $\beta I$ .

Observe que uma fração dos indivíduos suscetíveis, por meio do contato com os indivíduos infectados, adquirem a doença e passam para a classe de infectados. Do mesmo modo, os indivíduos infectados, ao se recuperarem, não adquirem imunidade e retornam à classe de suscetíveis. A dinâmica de uma doença com essas características pode ser descrita pelo sistema de equações diferenciais:

$$(1) \quad \begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI + \beta I \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I \end{cases}, \quad \text{onde } \alpha, \beta > 0 \text{ e } N = S(t) + I(t).$$

Seja  $R_0 = \frac{\alpha S}{\beta}$  a taxa de reprodução básica que significa o número médio de infecções causadas por um indivíduo doente, onde  $\frac{1}{\beta}$  é o tempo médio no qual um indivíduo permanece infectado e  $\alpha S$  é a taxa de propagação da doença provocada pela introdução de um indivíduo infectado numa população de suscetíveis.

Observe que:

Se  $R_0 > 1$  e  $I \neq 0$  então  $\frac{dI}{dt} > 0$  e  $\frac{dS}{dt} < 0$ . O que significa que a epidemia alastra-se pela população.

Se  $R_0 < 1$  e  $I \neq 0$  então  $\frac{dI}{dt} < 0$  e  $\frac{dS}{dt} > 0$ . O que significa que o contágio diminui.

Se  $I = 0$  então  $N = S$  e todas as pessoas são saudáveis, ou seja, não existe infecção.

## Modelo SIR

O modelo de compartimentos do tipo SIR (suscetível-infectado-removido) foi proposto por Kermack e McKendrick, em 1927. A suposição básica deste tipo de modelo é que um indivíduo pode passar sucessivamente por estágios de suscetibilidade ( $S$ ), infecção ( $I$ ) e removidos ( $R$ ) e a imunidade é permanente, isto é, dura toda a vida, ou morrer. Considerando o período de incubação relativamente pequeno e a população constante (contando também com os mortos), tem-se:  $N = S(t) + I(t) + R(t)$ . Levando-se em conta que a variação da população recuperada é proporcional à população infectada, o sistema de equações diferenciais que descreve a dinâmica desta epidemia é dado por:

$$(2) \quad \begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I \\ \frac{dR}{dt} = \beta I \end{cases} \quad \begin{array}{l} \text{Condições iniciais:} \\ R(0) = 0, \\ I(0) = I_0, \\ S(0) = S_0 = N - I_0 \end{array}$$

onde  $\alpha > 0$  é o **coeficiente de transmissão** que determina a taxa a que novas infecções surgem como consequência do contato entre indivíduos suscetíveis e infectados, e  $\beta > 0$  denota a taxa de recuperação.

Uma epidemia cresce se o número de indivíduos infectados aumenta. Isto é,  $\frac{dI}{dt} > 0, I \neq 0$ . Assim,

$$\frac{dI}{dt} > 0 \Leftrightarrow \alpha SI - \beta I > 0 \Leftrightarrow \frac{\alpha S}{\beta} > 1 \quad \text{e} \quad \frac{dI}{dt} < 0 \Leftrightarrow \alpha SI - \beta I < 0 \Leftrightarrow \frac{\alpha S}{\beta} < 1$$

Seja  $R_0 = \frac{\alpha S}{\beta}$  a taxa de reprodução que significa o número médio de infecções causadas pela inserção de um indivíduo doente sobre uma população sem imunidade à doença e na ausência de qualquer controle, onde  $\frac{1}{\beta}$  é o tempo médio no qual um indivíduo permanece infectado e  $\alpha S$  é a taxa de propagação da doença provocada pela introdução de um indivíduo infectado numa população de suscetíveis. Logo, se  $R_0 > 1$  a epidemia permanecerá na população. Se  $R_0 < 1$  a doença desaparece.

Quanto maior for a taxa de remoção (recuperação) relativamente à taxa de infecção, mais rapidamente a epidemia cessará. Conhecendo  $R_0$  e  $\beta$ , pode-se determinar a taxa de infecção  $\alpha$ .

## Modelo SIRS

O modelo de epidemia do tipo SIRS (suscetível-infectado-removido-suscetível) foi desenvolvido por Kermack e McKendrick em 1933 para descrever infecções endêmicas. Neste caso, há indivíduos recuperados que perdem a imunidade, após certo período de tempo, voltando a ser suscetíveis. Consideraremos a população total  $N$  constante e que não há dinâmica vital. Seja  $\delta$  a taxa de perda de imunidade. Então, como a perda de imunidade é proporcional ao número de indivíduos recuperados/removidos, a modelagem é dada por  $\delta R$ . O fluxo de transmissão é da classe  $S$  à classe  $I$ , depois para a classe  $R$  e, por fim, devido à não imunidade do indivíduo, de volta à classe  $S$ . Assim, o sistema de equações diferenciais que representa essa dinâmica é da forma:

$$(3) \quad \begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI + \delta R \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I \\ \frac{dR}{dt} = \beta I - \delta R \end{cases}$$

onde,  $\alpha, \beta, \delta > 0$ ,  $\alpha I$  é a taxa de infecção,  $\beta$  denota a proporção de pessoas que deixaram a classe dos infectados para a classe de recuperados. O número total da população é dado por  $N = S + I + R$ , que é um valor constante.

Condições iniciais:

$$R(0) = 0,$$

$$I(0) = I_0,$$

$$S(0) = S_0 = N - I_0$$

## Modelagem matemática da Covid-19 no Brasil (Modelo SIR)

Projeções da COVID-19 vem sendo apresentada baseada no modelo SIR. Mesmo com as medidas de isolamento social adotadas, que reduz a exposição independente de terem sintomas, e a obrigatoriedade da quarentena para indivíduos infectados que evita a transmissão, tem-se que essas medidas não são observadas imediatamente no número de casos, pois existe uma defasagem entre o momento da infecção e o aparecimento de sintomas (período de incubação). O tempo de incubação da COVID-19 é de 5 a 14 dias (tendo referências que citam 5 a 18 e 5 a 21 dias), como é reportado pelo grupo de pesquisadores do Laboratório do Grupo de Dispersão de Poluentes & Engenharia Nuclear (GDISPEN), disponível em <https://wp.ufpel.edu.br/fentransporte/2020/04/09/a-evolucao-epidematica-do-covid-19-modelo-sir/>.

Neste trabalho, considerou-se um período (tempo médio) de 10 dias que um indivíduo infectado se mantém em circulação (taxa de recuperação  $\beta = \frac{1}{10}$ ). A taxa de transmissão da doença  $\alpha$  foi obtida, utilizando-se um código computacional, através de processo de otimização até que os resultados simulados para o número de infectados possam ser considerados suficientemente próximos aos dados fornecidos pelo Ministério da Saúde. Foi possível obter a taxa de reprodução  $R_0 = \frac{\alpha}{\beta}$ , que mede a velocidade com que a epidemia se propaga. Medidas como distanciamento social e quarentena tem o efeito de diminuir a taxa de infecção  $\alpha$ , e conseqüentemente o  $R_0$ . Tem-se:  $[\alpha] = [\text{Dias}^{-1}]$  e  $[\beta] = [\text{Dias}^{-1}]$ .

# Modelagem matemática da Covid-19 no Brasil (Modelo SIR)

A Figura 1 mostra a comparação entre os dados simulados e os dados oficiais fornecidos pelo MS para os infectados no Brasil no período de 25/02/2020 a 23/03/2020 (início da epidemia no Brasil).

Parâmetro obtido:  $\alpha = 0,370057653$ , com coeficiente de determinação  $R^2 = 0,996648215$ . Considerou-se  $\beta = 0,1$ .

Neste caso, a taxa de reprodução da doença é:  $R_0 = 3,700576528$ , que significa o número médio de pessoas que são infectadas por um único indivíduo.

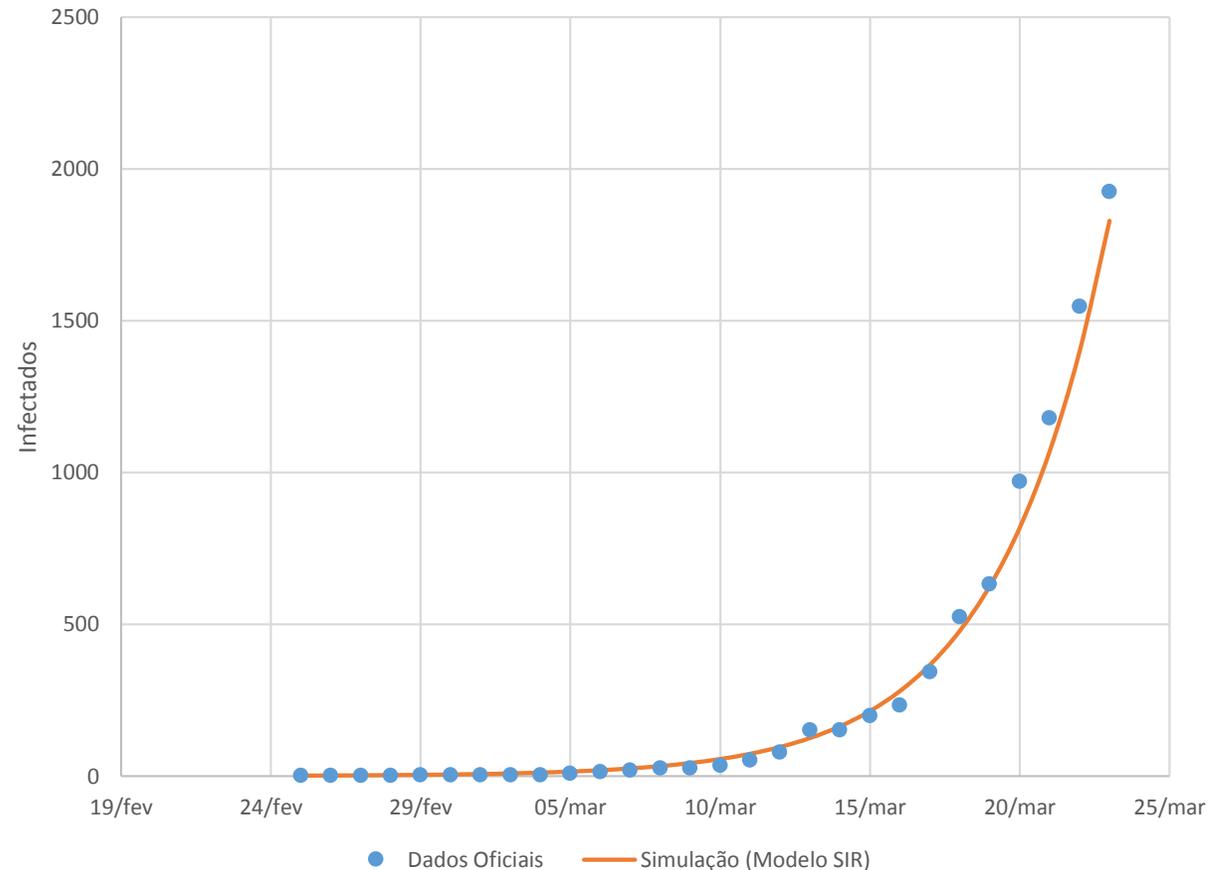


Figura 1

## Modelagem matemática da Covid-19 no Brasil (Modelo SIR)

A Figura 2 mostra a projeção da Covid-19 no Brasil, utilizando os parâmetros  $\alpha = 0,370057653$  e  $\beta = 0,1$ .

Observa-se que o parâmetro  $\alpha$  foi obtido no período em que medidas de isolamento social, fechamento de Universidades e Escolas, fechamento do comércio, entre outras, ainda não tinham sido impostas. Medidas de distanciamento social e de conscientização da população acerca dos sintomas da Covid-19 iniciaram-se por volta de 20 de março de 2020.

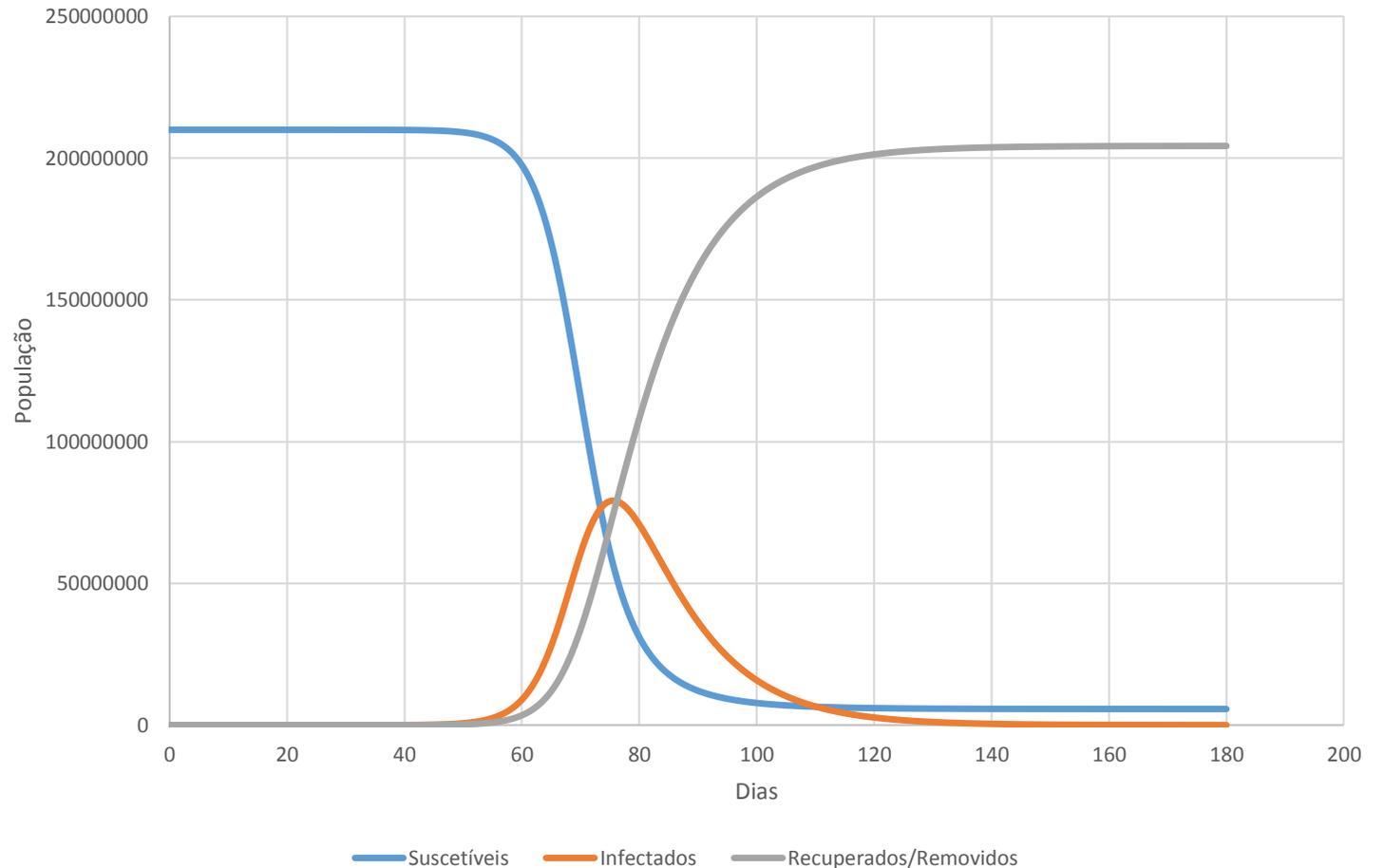


Figura 2

## Modelagem matemática da Covid-19 no Brasil (Modelo SIR)

Com os dados iniciais de infectados no Brasil (25/02/2020 a 23/03/2020), o modelo projeta que o pico máximo da Covid-19 no Brasil ocorreria em 09 de maio de 2020. A curva foi simulada para um período de 180 dias a partir de 25 de fevereiro de 2020. O tempo  $t = 0$  no gráfico corresponde a data de 25/02/2020.

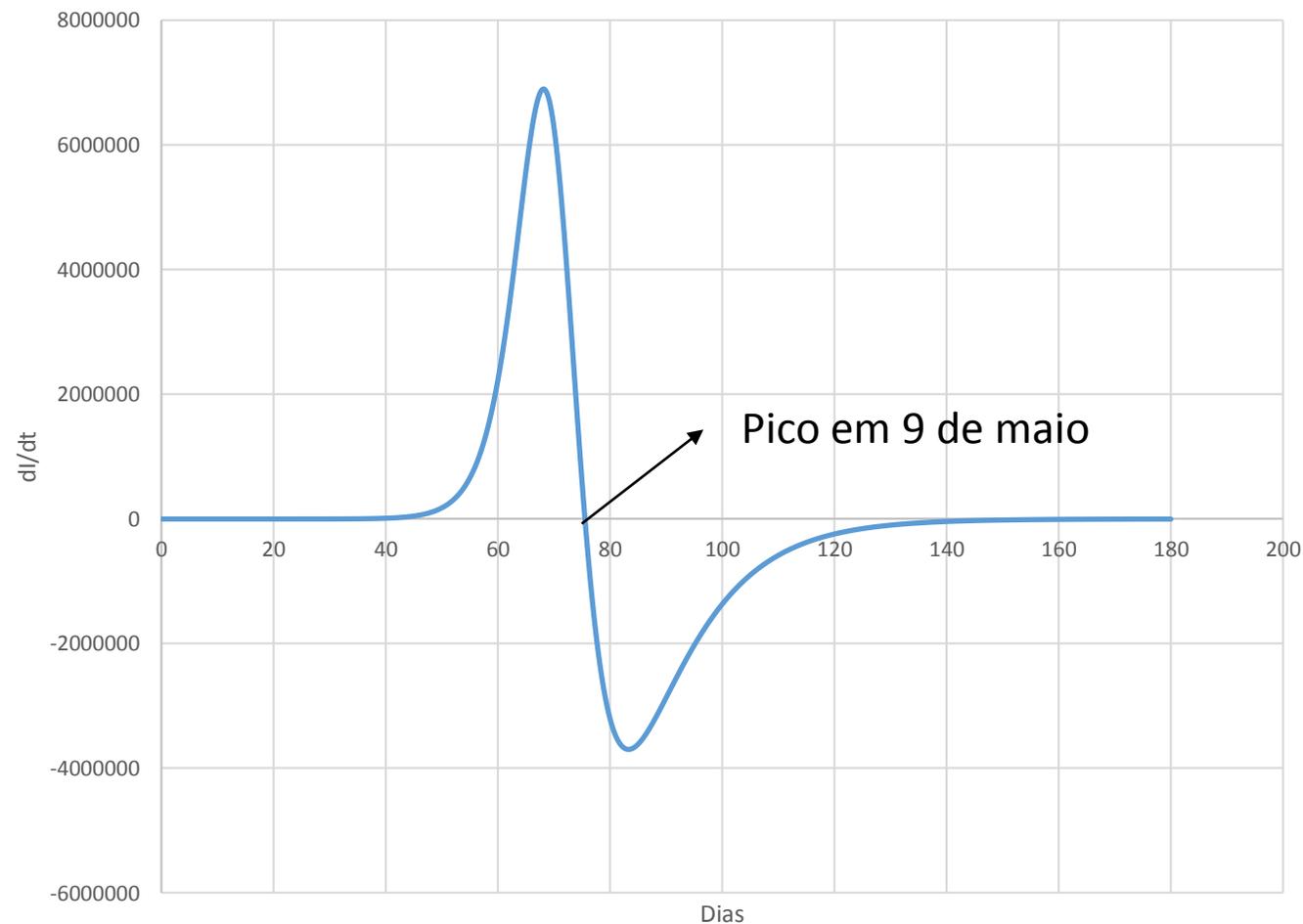


Figura 3

# Modelagem matemática da Covid-19 no Brasil (Modelo SIR)

A Figura 4 mostra a comparação entre os dados simulados e os dados oficiais fornecidos pelo MS para os infectados no Brasil no período de 14/04/2020 a 03/05/2020.

Parâmetro obtido:  $\alpha = 0,171891162$ , com coeficiente de determinação  $R^2 = 0,997826179$ . Considerou-se  $\beta = 0,1$ .

Neste caso, a taxa de reprodução da doença é:  $R_0 = 1,71891162$ . Observa-se redução da taxa de reprodução quando comparado com a simulação anterior, o que mostra o efeito das restrições e medidas de distanciamento social. No entanto, o número de infectados continua crescendo com previsão de 151578 casos nos próximos dias (08/05/2020).

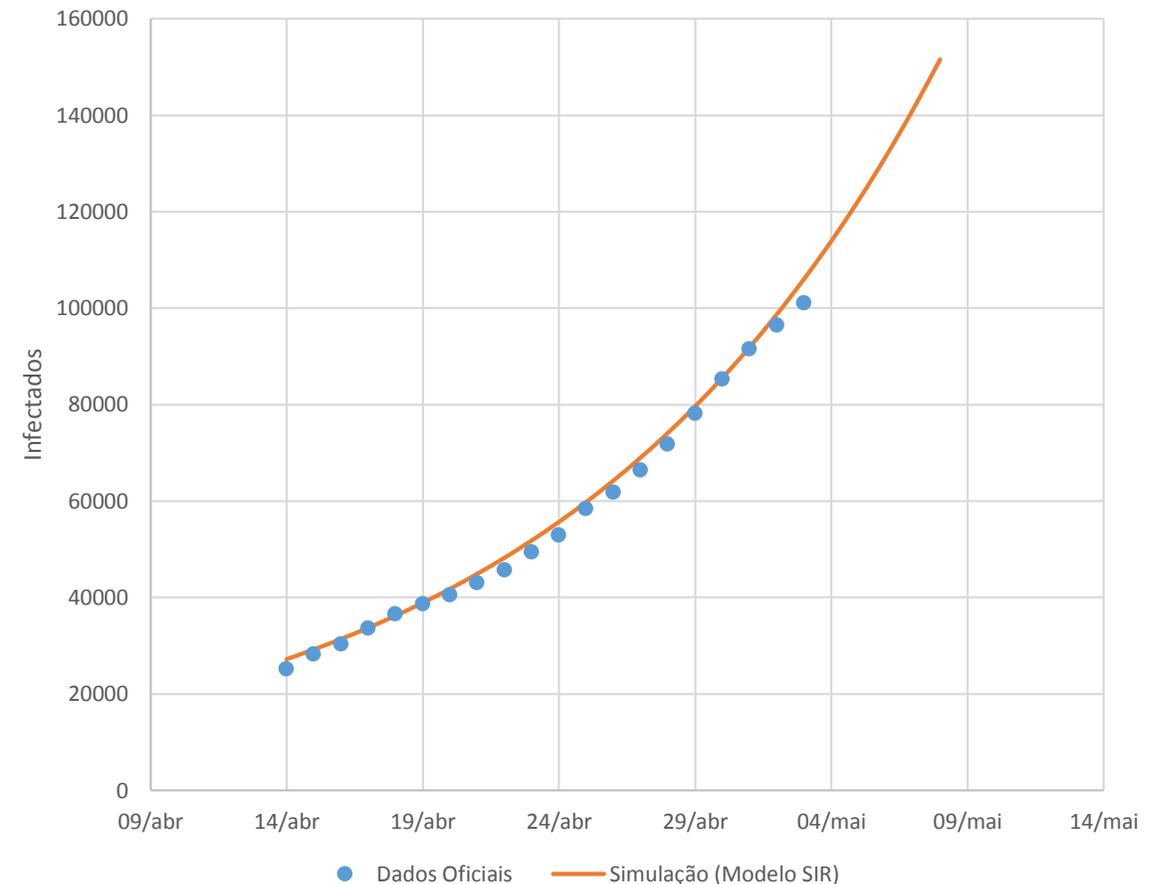


Figura 4

## Modelagem matemática da Covid-19 no Brasil (Modelo SIR)

A Figura 5 mostra a projeção da Covid-19 no Brasil, utilizando os parâmetros  $\alpha = 0,171891162$  e  $\beta = 0,1$ . As curvas foram simuladas para um período de 200 dias a partir de 14 de abril de 2020. O tempo  $t = 0$  no gráfico corresponde a data de 14/04/2020.

Quando comparada com a Figura 2, observa-se uma tendência de achatamento da curva de infectados e um deslocamento do pico máximo para agosto de 2020.

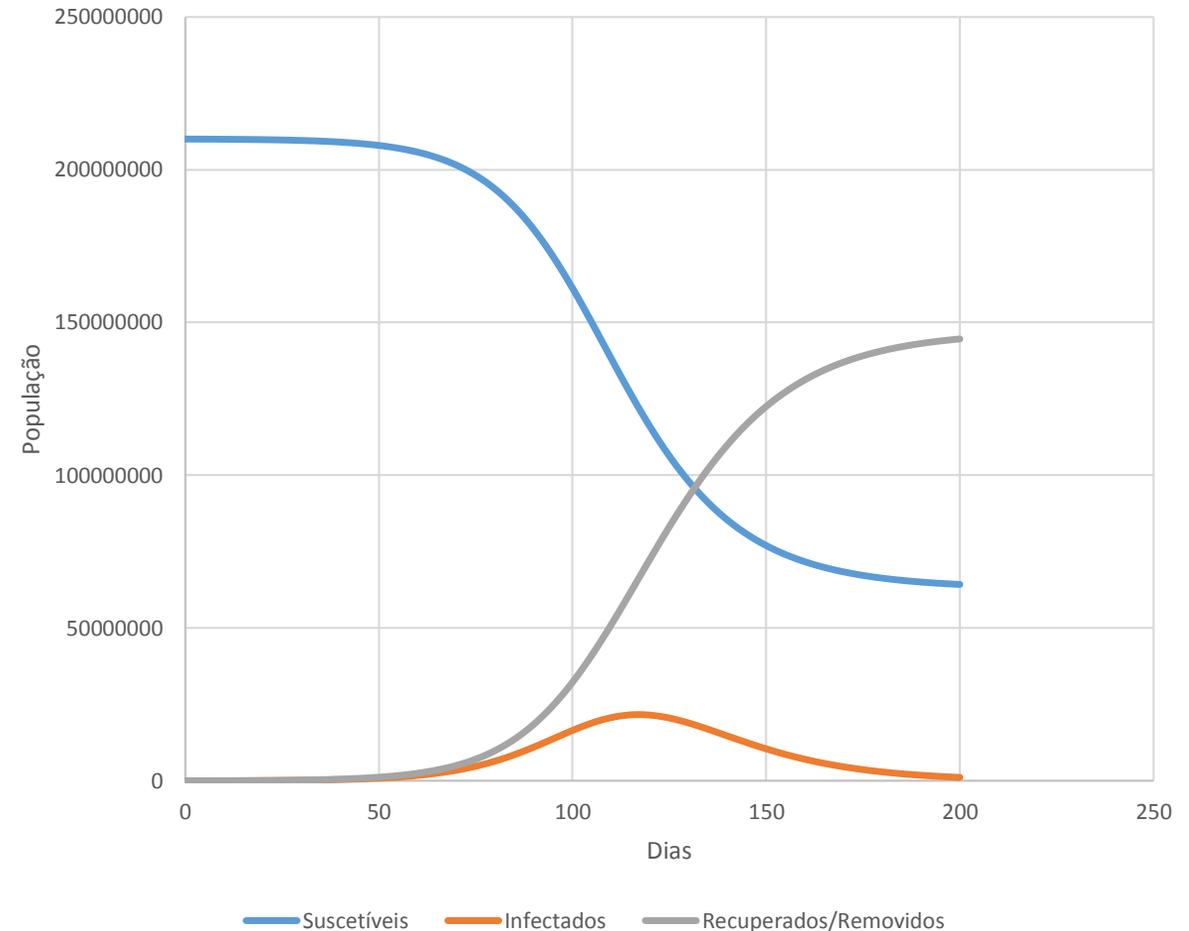


Figura 5

# Modelagem matemática da Covid-19 no Brasil (Modelo SIR)

Considerando os dados de infectados no Brasil no período de 14/04/2020 a 03/05/2020, o modelo prevê uma estimativa para o pico máximo da Covid-19 no Brasil em 15 de agosto de 2020. Destaca-se que este resultado é uma projeção do modelo e nenhuma projeção é exata, principalmente para períodos mais distantes. Alerta-se também para os casos subnotificados. O número de infectados pode ser muito maior. Por outro lado, no decorrer da epidemia, pode surgir um tratamento eficaz para reduzir o seu avanço.

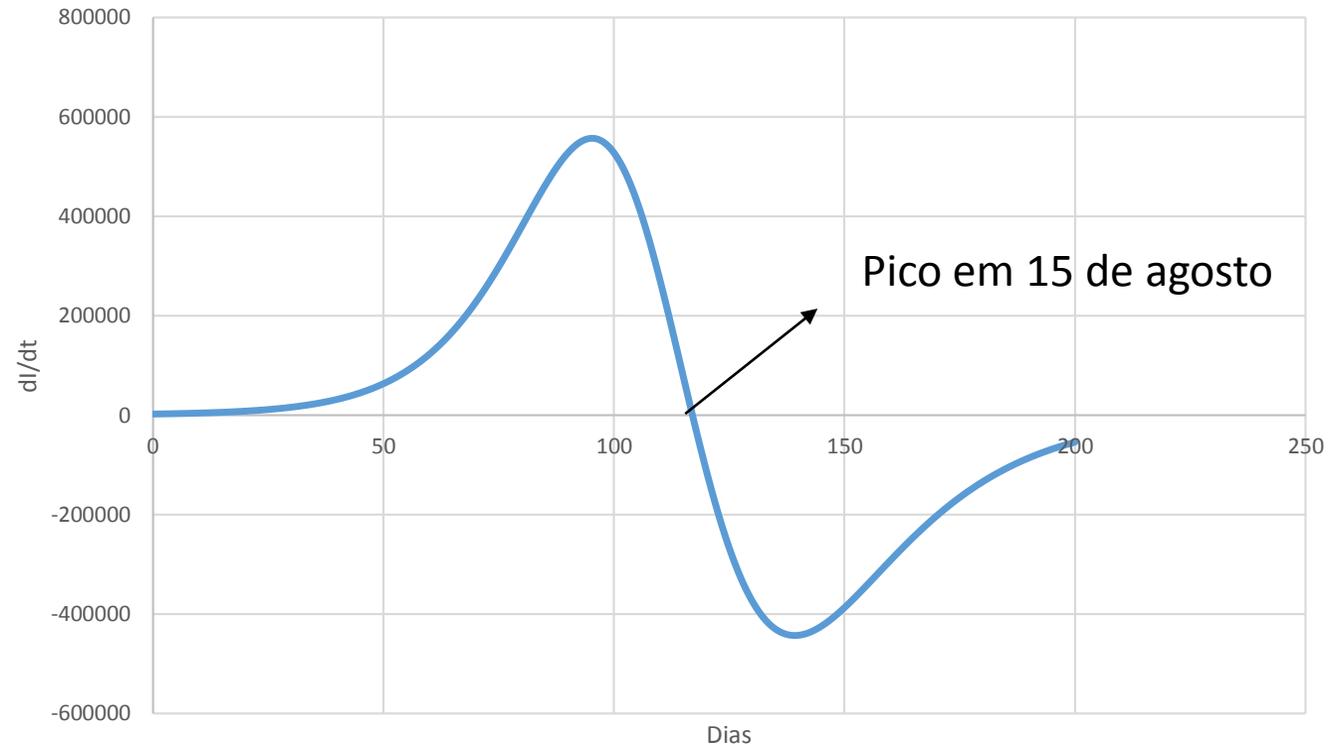


Figura 6

# Modelagem matemática da Covid-19 no Estado da Paraíba (Modelo SIR)

A Figura 7 mostra a comparação entre os dados simulados e os dados oficiais de infectados pela Covid-19 no Estado da Paraíba no período de 28/03/2020 a 03/05/2020.

Parâmetro obtido:  $\alpha = 0,223588607313835$ .  
Considerou-se  $\beta = 0,1$ .

Neste caso, a taxa de reprodução da doença é:  $R_0 = 2,236$ . A previsão para os próximos dias é de crescimento dos casos na Paraíba, atingindo aproximadamente 2170 casos em 08/05/2020.

## Modelo SIR para Covid-19 no Estado da Paraíba

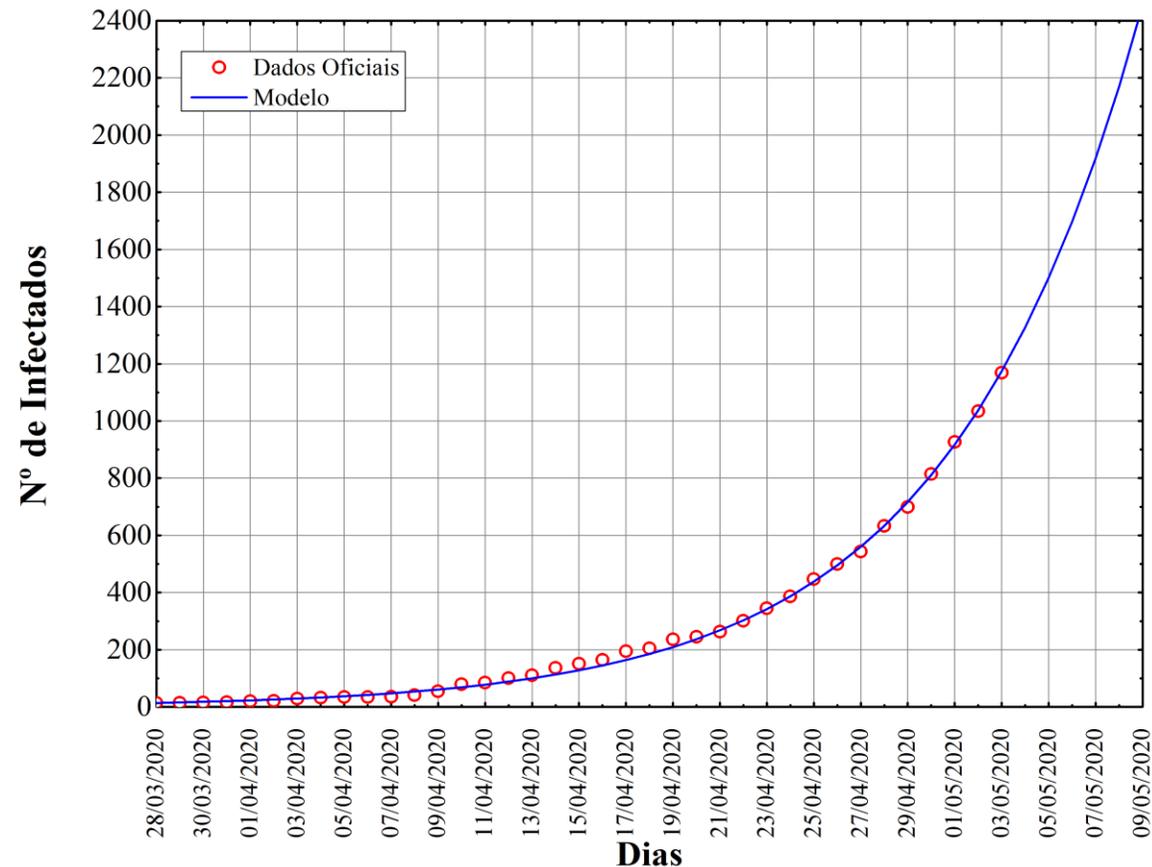


Figura 7

# Modelagem matemática da Covid-19 no Estado da Paraíba (Modelo SIR)

## Modelo SIR para Covid-19 no Estado da Paraíba

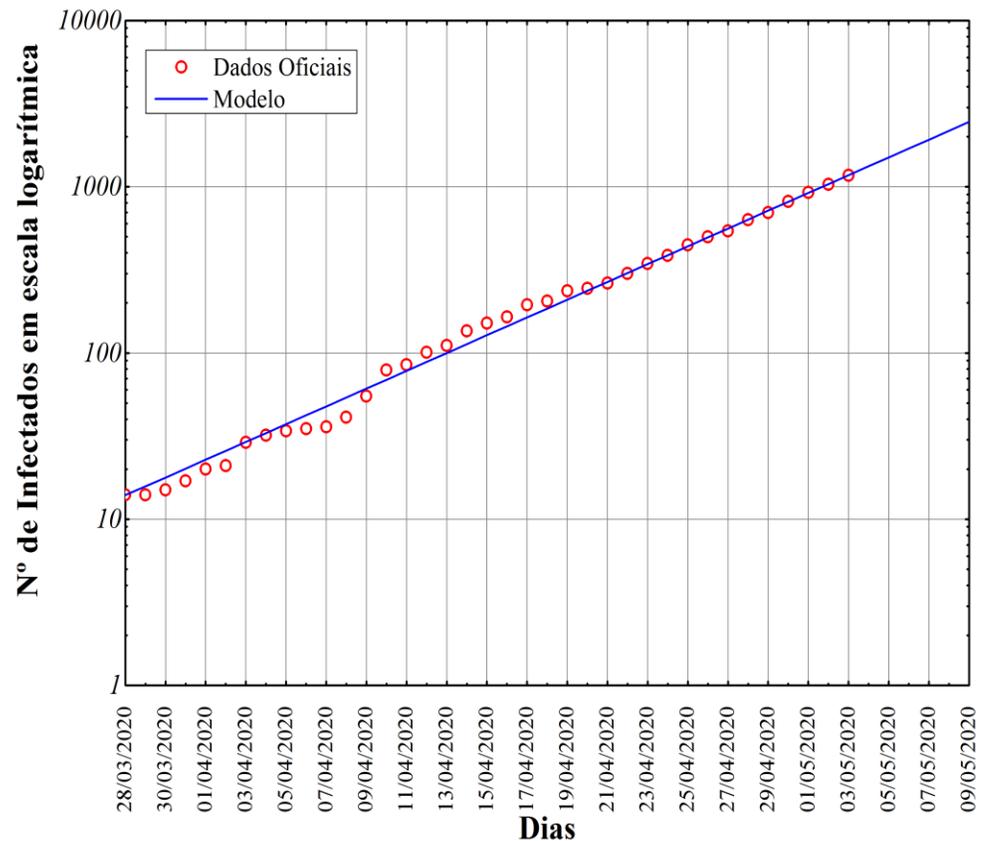


Figura 8

A Figura 9 mostra a projeção da Covid-19 no Estado da Paraíba, utilizando os parâmetros  $\alpha = 0,223588607313835$  e  $\beta = 0,1$ .

## Modelo SIR para Covid-19 no Estado da Paraíba

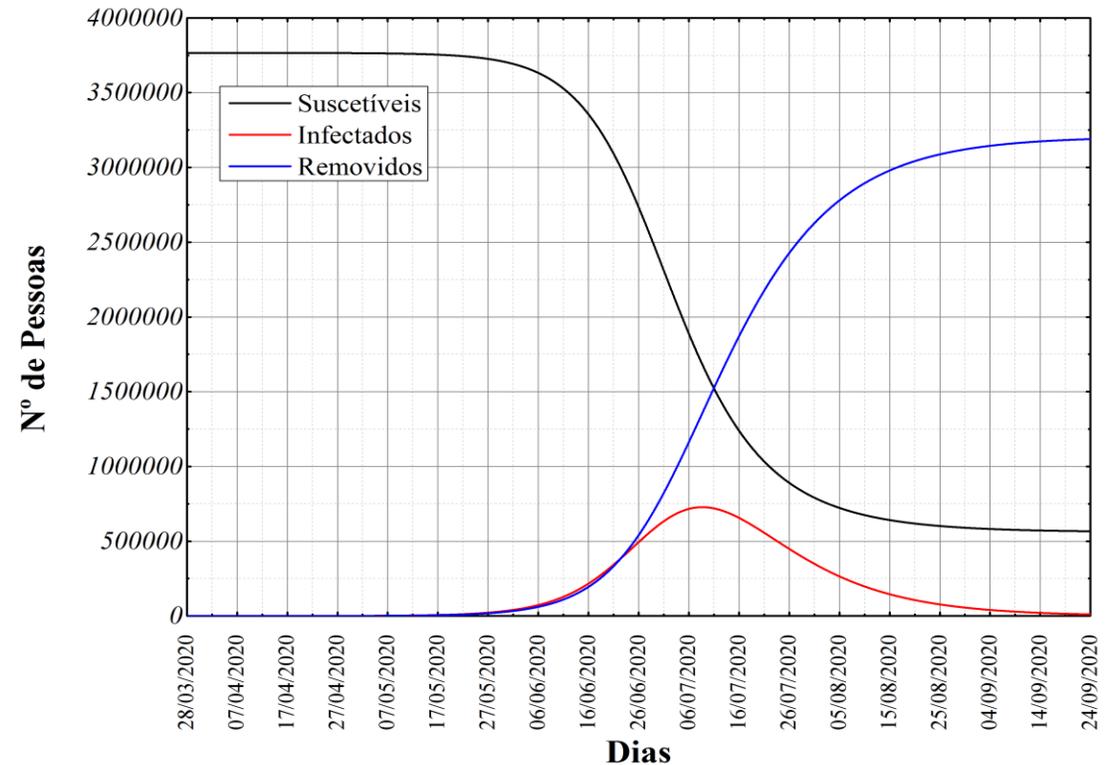


Figura 9

# Modelagem matemática da Covid-19 no Estado da Paraíba (Modelo SIR)

Considerando os dados de infectados no Estado da Paraíba no período de 28/03/2020 a 03/05/2020, o modelo prevê uma estimativa para o pico máximo da Covid-19 no Estado em 8 de julho de 2020. Destaca-se que este resultado é uma projeção do modelo e nenhuma projeção é exata, principalmente para períodos mais distantes. Além disso, acredita-se que a Paraíba é um dos Estados que menos testa e, conseqüentemente, apresenta a maior taxa de letalidade do país.

Modelo SIR para Covid-19 no Estado da Paraíba

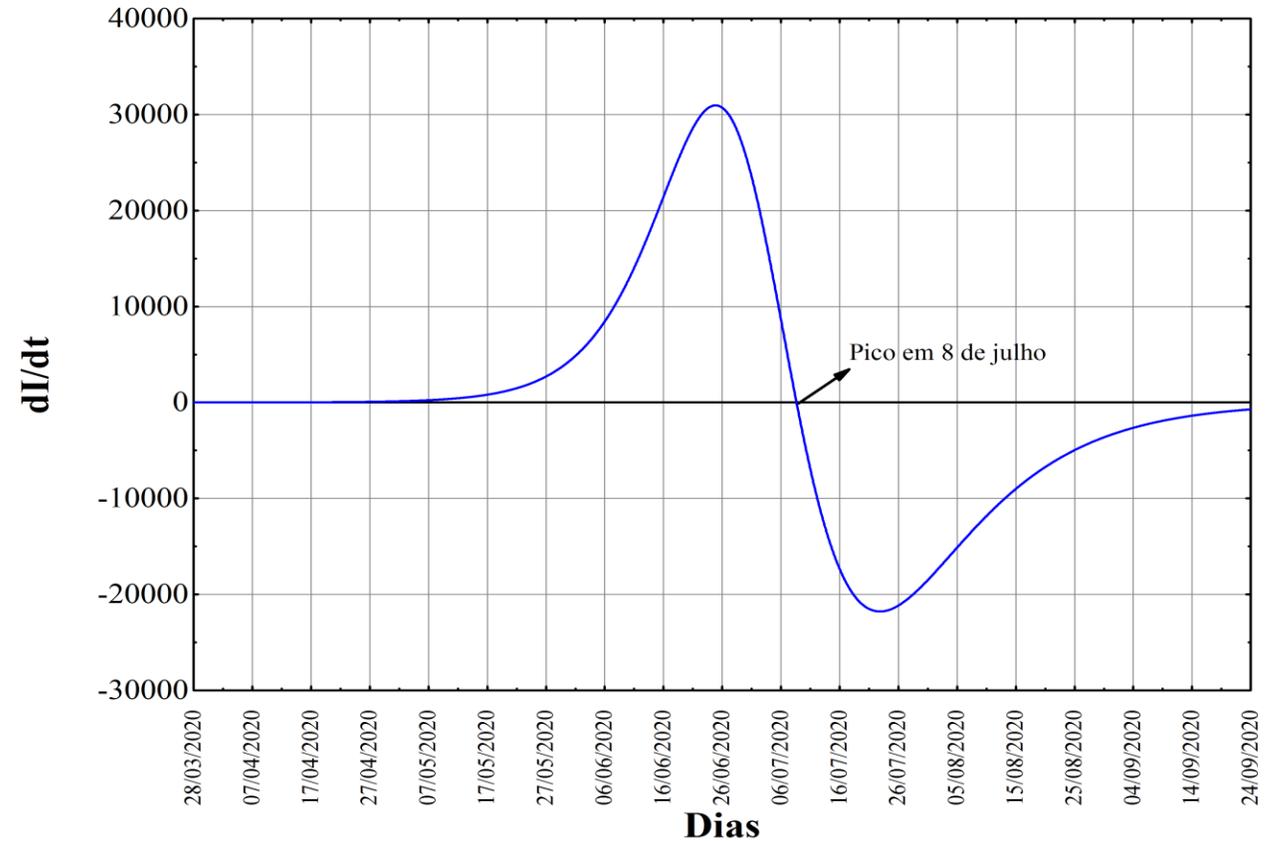


Figura 10

## Comentários Finais

O modelo SIR utilizado nesse estudo é a sua versão mais simples. Existem modelos mais robustos que se aproximam ao máximo da realidade e envolvem outras variáveis e, conseqüentemente, um número maior de equações. No entanto, quanto mais real é o modelo, mais complexa é a sua solução.

De acordo com os parâmetros estatísticos foi possível concluir que o Modelo SIR descreve bem os dados de infectados no Brasil e no Estado da Paraíba para os períodos analisados. As projeções para períodos mais distantes podem não ser tão exatas (segundo a literatura o erro pode chegar a 50% ou mais) e o número de pessoas infectadas com a Covid-19 pode ser muito maior do que os casos notificados. No decorrer da epidemia, os parâmetros vão sendo melhor definidos uma vez que a característica da epidemia vai sendo identificada.

Pode-se inferir que a diminuição de  $R_0$  é devido as medidas de distanciamento social, já que não existe atualmente nenhuma vacina (diminuindo o número de pessoas suscetíveis) e/ou tratamentos eficazes que diminuam o tempo de recuperação, ou seja, essas medidas preventivas são atualmente as melhores formas para conter a epidemia, evitando um colapso no sistema de saúde do Brasil.

## Comentários Finais

Por fim, foi possível verificar o efeito das medidas de distanciamento social na taxa de reprodução ( $R_0$ ) da doença. Na ausência de um tratamento específico até o momento, reforçamos a importância de medidas preventivas, recomendadas pela OMS, para reduzir a taxa  $R_0$  para um valor  $< 1$ , o qual caracteriza a erradicação da epidemia.

## Referências

- ✓ BASSANEZI, R. C.; FERREIRA Jr., W. C. Equações Diferenciais com Aplicações. São Paulo: HARBRA Ltda, 1988.
- ✓ LUIZ, M. H. R. Modelos Matemáticos em Epidemiologia. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Instituto de Geociências e Ciências Exatas. 2012.
- ✓ A evolução epidêmica do COVID-19 – Modelo SIR. Disponível em <https://wp.ufpel.edu.br/fentransporte/2020/04/09/a-evolucao-epidemica-do-covid-19-modelo-sir/>. Acesso em 02 de maio de 2020.
- ✓ <https://covid.saude.gov.br/>



Profa. Dra. Célia Maria Rufino Franco  
Professora de Matemática da UFCG  
UAFM/CES  
celiarufino@ufcg.edu.br

Colaboração

Renato Ferreira Dutra  
Doutorando em Física  
Instituto de Física da UFAL  
renatodutra@ufrn.edu.br

