



21º Congresso Nacional de Iniciação Científica

TÍTULO: UTILIZAÇÃO DO MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIR NA DISSEMINAÇÃO DA COVID-19: UMA ANÁLISE EXPLORATÓRIA EM SABARÁ-MG

CATEGORIA: CONCLUÍDO

ÁREA: CIÊNCIAS EXATAS E DA TERRA

SUBÁREA: Matemática

INSTITUIÇÃO: INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA DE MINAS GERAIS - IFMG

AUTOR(ES): PAULA CRISTINA BATISTA RIBEIRO

ORIENTADOR(ES): CARLOS ALEXANDRE SILVA, LILLIA DOS SANTOS BARSANTE SILVA

1. RESUMO

Este artigo apresenta uma análise exploratória de um estudo de caso referente à média móvel de dados oficiais da disseminação da doença COVID-19 no município histórico mineiro, Sabará. Localizada na região metropolitana de Belo Horizonte a cidade possui população estimada em 137.125 habitantes e não possui leitos de UTI. A análise foi feita entre os meses de março de 2020 a junho de 2021. Neste trabalho realizou-se um estudo numérico do modelo matemático epidemiológico SIR, para descrever a dinâmica de transmissão de COVID-19 em Sabará/MG. A simulação da dinâmica do modelo foi resolvida numericamente através do algoritmo de Runge-Kutta de 4ª ordem em linguagem Octave. Apesar de simples, os resultados mostram que o modelo SIR apresentou padrão de comportamento similar quando comparado aos dados oficiais divulgados pela prefeitura de Sabará por meio de boletins epidemiológicos diários. Isso evidencia que o uso de modelos matemáticos epidemiológicos associados a métodos numéricos constitui uma importante ferramenta no auxílio de tomada de decisão para gestores públicos em questões sanitárias.

2. INTRODUÇÃO

A recente pandemia global da COVID-19 é causada pelo coronavírus 2 (Sars-CoV-2), o qual apareceu pela primeira vez em dezembro de 2019 em Wuhan, na China (Zhu, 2020). Em abril de 2020 foram infectados mais de 3 milhões de pessoas (Bollipo et al., 2020) e em setembro de 2021, os dados da Organização Mundial da Saúde (WHO - *World Health Organization*) apresentam mais de 226 milhões de infectados e um número superior a 4,6 milhões de mortos por esta doença pelo mundo. De acordo com a WHO, em 16 de setembro de 2021, o Brasil somava 21.019.830 casos confirmados e 587.797 mortes pela doença (WHO, 2020). Segundo (Li et al., 2020), o número de casos da COVID-19 pode ser superior ao número de casos testados e confirmados.

É bastante comum encontrarmos na literatura a utilização de modelos matemáticos para gerar informação a respeito da transmissão e controle de doenças infecciosas. O trabalho de (Kermack & Mckendrick, 1927) foi um dos pioneiros ao apresentar modelos compartimentais básicos para descrever a dinâmica de doenças transmissíveis e equações diferenciais para representar populações. Na literatura há

uma vasta bibliografia a respeito de modelos matemáticos epidemiológicos. Em (Brauer, 2019) são apresentados modelos de doenças específicas como tuberculose, HIV, influenza, ebola e malária. Doenças não transmissíveis como diabetes, também podem fazer uso destes modelos no intuito de estimar o nível da glicose e a dinâmica da insulina-glicose no organismo (Boutayeb, 2006).

Apesar da pandemia da COVID-19 ser recente, existem diversos estudos envolvendo modelos matemáticos epidemiológicos e algoritmos numéricos para aferir informações relevantes a respeito da dinâmica de transmissão do vírus Sars-CoV-2. Considerando a necessidade de confiabilidade do modelo epidemiológico para prever e estimar a eficácia de medidas de intervenção que preservem a vida humana e equilibre o impacto econômico, (Wang, 2020) traz algumas revisões críticas sobre modelos para o surto de COVID-19, além de apresentar e avaliar modelos considerando características epidemiológicas como números básicos de reprodução, infecções assintomáticas, imunidade de rebanho e impacto das intervenções. Os autores de (Cooper, 2020) desenvolveram um modelo SIR (Suscetível-Infectado-Removido) para investigar a disseminação da COVID-19 de comunidades específicas de janeiro a junho de 2020, considerando a população total não sendo constante, variando de acordo com o número de indivíduos infectados. O modelo SIR é utilizado em (Chen, 2020) para prever a tendência da COVID-19, conseguindo relevante acurácia com erros inferiores a 3% para a previsão diária. É importante salientar a análise do distanciamento social realizado neste trabalho, levando a uma redução do número de reprodução efetiva R_e . O Modelo SEIR (Suscetível-Exposto-Infectado-Recuperado) é utilizado em (He, 2020) e (Baba, 2021). No primeiro trabalho um algoritmo de PSO (*Particle Swarm Optimization*) é aplicado para estimar parâmetros do sistema, enquanto no segundo trabalho, métodos numéricos como de Runge-Kutta e de Euler são utilizados para estudar o efeito do *lockdown* na Nigéria.

Neste trabalho foram analisados os dados oficiais divulgados pela (PMS, 2021) da pandemia por COVID-19 na cidade de Sabará/MG, no período de 24 de junho de 2020 a 20 de março de 2021, totalizando 270 dados. No dia 05 de novembro de 2020 não ocorreu a divulgação do boletim epidemiológico da doença e para evitar esta lacuna optamos em estimar os dados via interpolação linear. A evolução da COVID-19 foi modelada utilizando o modelo epidemiológico SIR com taxa de infecção diária,

implementado em linguagem Octave por meio do método numérico de Runge-Kutta de 4ª ordem (RK4).

A organização deste trabalho é definida a seguir. A introdução ao tema, bem como uma breve revisão bibliográfica é exposta na seção 2. Os objetivos e a metodologia estão nas seções 3 e 4 respectivamente. O modelo SIR utilizado na pesquisa e a modelagem matemática de seus respectivos compartimentos é apresentado na seção 5. A aplicação do método numérico RK4 ao modelo SIR e a análise dos resultados estão presentes na seção 6. Por fim, a conclusão e considerações finais são postas na seção 7.

3. OBJETIVOS

3.1. Geral

Reproduzir a dinâmica de evolução da COVID-19 em Sabará/MG utilizando um modelo matemático compartimental baseado em equações diferenciais ordinárias não lineares.

3.2. Específicos

- Implementar numericamente o modelo matemático epidemiológico compartimental Suceptível-Infectado-Removido (SIR) e o algoritmo de Runge-Kutta de 4ª ordem (RK4) em linguagem Octave;
- Encontrar analiticamente a taxa de reprodução basal do modelo por meio da matriz de próxima geração;
- Coletar dados diários de novos infectados e de novos recuperados da COVID-19 divulgados nos boletins epidemiológicos oficiais da prefeitura de Sabará/MG entre os meses de março de 2020 a março de 2021;
- Validar o modelo comparando os dados obtidos através de simulações numéricas com os dados oficiais da COVID-19 registrados em Sabará/MG no horizonte de estudo;

4. METODOLOGIA

Neste trabalho realizou-se um estudo numérico do modelo matemático epidemiológico SIR, para descrever a dinâmica de transmissão de COVID-19 em Sabará/MG. A simulação da dinâmica do modelo foi resolvida numericamente através do algoritmo de Runge-Kutta de 4ª ordem em linguagem Octave. O RK4 é amplamente

utilizado dentro da classe de métodos numéricos para resolver uma equação diferencial e encontra-se detalhado em (Filho, 2007). A taxa de reprodução basal da doença foi determinada pela matriz de próxima geração associada ao SIR. Na validação da dinâmica do modelo foi utilizado a média móvel de 7 dias dos dados de novos infectados e de novos recuperados da COVID-19 divulgados nos boletins oficiais da prefeitura de Sabará/MG entre os meses de março de 2020 a março de 2021.

5. DESENVOLVIMENTO

O modelo epidemiológico SIR apresenta três compartimentos para representar a dinâmica de infecção de uma doença em uma população total $N(t)$: indivíduos suscetíveis a contrair a doença são representados por $S(t)$, indivíduos infectados que podem transmitir a doença a indivíduos suscetíveis são representados por $I(t)$ e indivíduos que se recuperaram após serem infectados, ou que faleceram em decorrência da doença, são representados por $R(t)$.

O modelo utilizado descarta (i) natalidade na população $S(t)$, (ii) mortalidade nas populações e (iii) reinfecções à doença. O sistema de equações diferenciais que representa a dinâmica da doença é descrito por:

$$\frac{dx_i(t)}{dt} = V_i(x) - W_i(x), \quad (1)$$

em que $i = 1, 2, 3$, x_i é o i -ésimo elemento do vetor $x = (S, I, R)^T$. V_i é a taxa de aparecimento de novas infecções em cada compartimento. W_i é a taxa de transição entre os compartimentos e pode ser decomposta como $W_i = W_i^+ - W_i^-$ em que, W_i^+ corresponde à taxa de transferência de indivíduos de outro compartimento para dentro do compartimento especificado e, analogamente, W_i^- corresponde à transferência para outro compartimento a partir do compartimento desejado (Driessche, 2002). Neste caso, as matrizes V e W são definidas por:

$$V = \begin{bmatrix} 0 \\ \frac{\beta}{N} S(t) I(t) \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e } W = \begin{bmatrix} \frac{\beta}{N} S(t) I(t) \\ \gamma I(t) \\ -\gamma(t) \end{bmatrix},$$

em que β representa a taxa de transmissão da doença por unidade de tempo, $\frac{\beta}{N} S(t) I(t)$ é o número de novas infecções por unidade de tempo e γ representa a taxa

de recuperação da doença por unidade de tempo.

A definição com sentido biológico para a região do espaço de estados do modelo SIR é:

$$\Psi = \{(S, I, R) \in \mathbb{R}_+^3 | S \geq 0; I \geq 0; R \geq 0 \text{ e } N(t) = S(t) + I(t) + R(t)\}.$$

O valor da taxa de reprodução basal (R_0) do modelo SIR é muito importante na Epidemiologia, pois ele mensura a velocidade de transmissão da doença, ou seja, determina o número médio de novos infectados que um único indivíduo infectado consegue infectar por unidade de tempo em uma população completamente suscetível (Heesterbeek, 2002). Haverá um crescimento do número de novos infectados quando o R_0 assumir valor superior a um. Por outro lado, a diminuição e contenção da doença são caracterizadas quando o R_0 for inferior a um. O valor de R_0 foi determinado pelo raio espectral da matriz de próxima geração VW^{-1} , em que as matrizes são definidas pelas respectivas jacobianas $V_{ij} = \frac{\partial V_i}{\partial x_j} |_{P_0=(1,0,0)}$ e $W_{ij} = \frac{\partial W_i}{\partial x_j} |_{P_0=(1,0,0)}$. Assim,

$$V = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\beta}{N} & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ e } W = \begin{bmatrix} 0 & \frac{\beta}{N} & 0 \\ 0 & \gamma & 0 \\ 0 & -\gamma & 0 \end{bmatrix}$$

Portanto, a taxa de reprodução basal é dada por

$$R_0 = \frac{\beta N}{\gamma} \quad (2)$$

Como a população total do SIR é constante, consideramos seus compartimentos por meio de taxas percentuais, cujo somatório é igual à unidade.

6. RESULTADOS

Sabar é uma cidade histrica da regio metropolitana de Belo Horizonte e no possui leitos de Unidade de Terapia Intensiva (UTI), dependendo assim de leitos da capital mineira. Em 2020, o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatstica (IBGE, 2021) estimou a populao do municpio em 137.125 mil habitantes. Sabar vem acumulando casos e mortes, alm do descaso de parte da populao em relao s restrioes sanitrias de preveno e propagao da COVID-19.

Desde agosto de 2020, a cidade segue o plano Minas Consciente (MC, 2020) do Governo do Estado de Minas Gerais, que visa restabelecer a economia de acordo com o desenvolvimento da pandemia. O plano se divide em ondas verde, amarela, vermelha e roxa de acordo com o nível de infestação da pandemia em que a cidade se encontra. A onda verde é considerada a mais branda e a onda roxa a mais restritiva. O primeiro caso de COVID-19 na cidade de Sabará foi confirmado no dia 26 de março de 2020 e até o dia 16 de setembro de 2021, a cidade quantificava 5.773 casos confirmados, 5.497 casos recuperados e 225 óbitos causados pela doença.

As Figuras 1, 2 e 3 ilustram, respectivamente, o número acumulado mensal de novos casos de infectados, recuperados e de óbitos pela COVID-19 em Sabará no período de 26 de março de 2020 a 31 de março de 2021. É possível perceber que a maior incidência de novos casos da doença ocorreu em março de 2021, quando foram registradas 695 novas infecções, representando aproximadamente 18,85% do total. O montante de novos infectados no primeiro trimestre do ano corrente supera o encontrado até o mês de agosto de 2020, e retrata a pior fase da pandemia no município no horizonte de estudo. O registro de pessoas recuperadas somente foi contabilizado nos boletins diários a partir do dia 10 de junho de 2020 e também teve maior ocorrência em março de 2021, quando acumulava 638 novos recuperados. Este montante representa 20,45% do total. Em relação aos óbitos, o município registrou sua primeira notificação em 17 de junho de 2020 e a maior incidência foi registrada em agosto de 2020 com 27 mortes, representando aproximadamente de 23,68% do total.

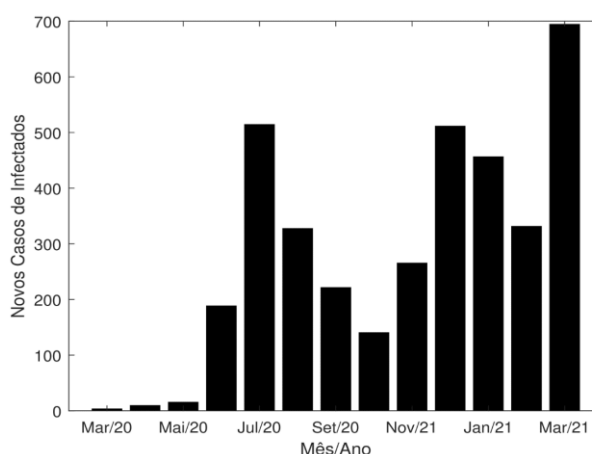


Figura 1. Número acumulado mensal de novos casos de infectados pela COVID-19 em Sabará/MG de mar/2020 a mar/2021.

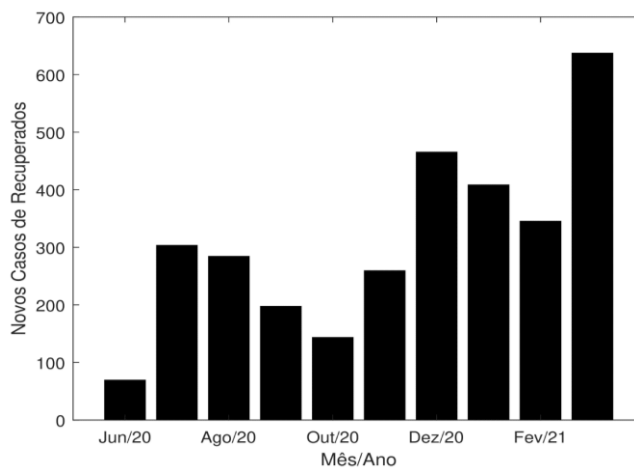


Figura 2. Número acumulado mensal de novos casos de recuperados pela COVID-19 em Sabará/MG de jun/2020 a mar/2021.

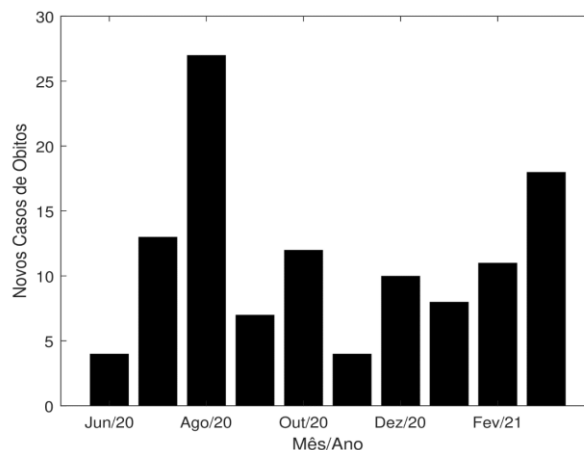


Figura 3. Número acumulado mensal de novos casos de recuperados pela COVID-19 em Sabará/MG de jun/2020 a mar/2021.

O método de Runge-Kutta de 4ª ordem (RK4) foi implementado em Octave e utilizado para simular a dinâmica da transmissão do vírus, por meio do modelo (1). Foram considerados para as condições iniciais do modelo os valores $I_0 = \frac{5,86}{N}$, $R_0 = \frac{2,86}{N}$ e $S_0 = 1 - I_0 - R_0$ sendo, respectivamente, a fração de indivíduos infectados, recuperados e suscetíveis no primeiro dia de análise.

O período médio de infecção da COVID-19 varia entre 5 e 14 dias (MS, 2020). Segundo (GDISPEN, 2020), a literatura estima que R_0 para a COVID-19 varia entre 2 e 4, e este valor se modifica ao longo da evolução da doença. Essa variação acontece, pois o parâmetro incorpora o resultado de ações feitas ao longo do tempo para prevenir o aumento de novos casos, como por exemplo, quarentena,

distanciamento social, uso de máscara entre outras. A taxa de infecção da doença foi obtida substituindo os valores de R_0 e γ na equação (2). Considerando a proximidade de Sabará e a capital mineira, o parâmetro R_0 foi estimado com base no trabalho de (Figueiredo, 2020) que utilizou o método de distribuição Gamma relativo a COVID-19 em Belo Horizonte.

A Figura 4 apresenta a comparação da evolução diária da média móvel dos dados oficiais e simulada de novos infectados pela COVID-19 em Sabará no horizonte de estudo. A partir dos resultados é possível observar que o modelo apresentou um padrão de comportamento entre os dados simulados e oficiais, o que evidencia seu potencial como ferramenta auxiliar em vigilância e controle epidemiológico.

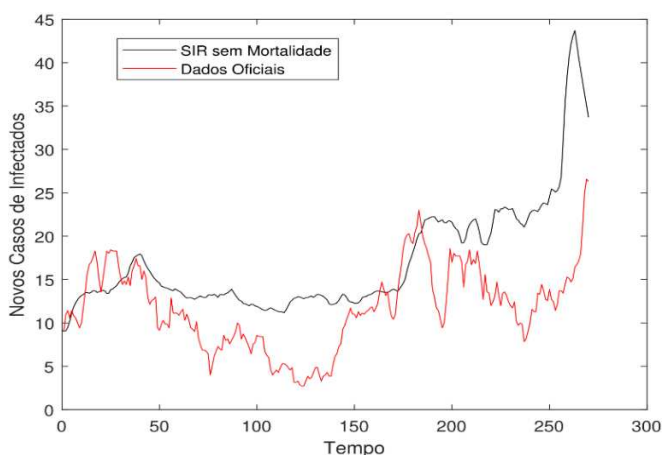


Figura 4. Média móvel oficial e simulada de novos infectados diariamente pela COVID-19 em Sabará/MG de jun/2020 a mar/2021.

7. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Apesar da simplicidade do modelo SIR apresentado, os resultados mostram que o mesmo demonstrou padrão de comportamento similar quando comparado aos dados oficiais da evolução da pandemia de COVID-19 em Sabará/MG. Isso evidencia que o uso de modelos matemáticos epidemiológicos associados a métodos numéricos constitui uma importante ferramenta no auxílio de tomada de decisão para gestores públicos em questões sanitárias. Este trabalho mostrou-se bastante promissor, podendo prever as ondas de maior impacto de transmissão da doença no município. Ações mais eficazes de prevenção e controle poderiam ter sido implantadas no município visto que o total de novos infectados no primeiro trimestre do ano corrente

superou o encontrado até o mês de agosto de 2020. O descaso por parte da população em relação às restrições sanitárias de prevenção e propagação da COVID-19, pode ser causa refletida na propagação da doença no período estudado.

Como proposta de continuidade do trabalho almeja-se utilizar modelos epidemiológicos mais complexos e técnicas de otimização e de estatística com o intuito de estimar as taxas epidemiológicas da COVID-19 no município, melhorando assim a acurácia dos resultados.

8. FONTES CONSULTADAS

Baba, I.A., Yusuf, A., Nisar, K.S., Abdel-Aty, A.-H. and Nofal, T.A. (2021), Mathematical model to assess the imposition of lockdown during COVID-19 pandemic. Results in Physics, v. 20, p. 103716, DOI: 10.1016/j.rinp.2020.103716.

Bollipo, S., Kapuria, D., Rabiee, A., Ben-Yakov, G., Lui, N., Lee, H. W., Kumar, G., Siau, K., Turnes, J. and Dhanasekaran, R. (2020), One world, one pandemic, many guidelines: management of liver diseases during COVID-19, Gut, vol 69, issue 8, pages 1369-1372. DOI: 10.1136/gutjnl-2020-321553.

Boutayeb, A. and Chetouani, A. (2006), A critical review of mathematical models and data used in diabetology. BioMed Eng OnLine 5, 43. DOI: 10.1186/1475-925X-5-43.

Brauer, F., Castillo-Chavez, C. and Feng, Z. (2019), Mathematical models in epidemiology. New York: S.pringer. DOI: 10.1007/978-1-4939-9828-9.

Chen, Y.-C., Lu, P.-E., Chang, C.-S. and Liu, T.-H. (2020), A time-dependent SIR model for COVID-19 with undetectable infected persons. IEEE Transactions on Network Science and Engineering, v. 7, n. 4, p. 3279-3294. DOI: 10.1109/TNSE.2020.3024723.

Cooper, I., Mondal, A. and Antonopoulos, C. G. (2020), A SIR model assumption for the spread of COVID-19 in different communities. Chaos, Solitons & Fractals, v. 139, p. 110057. DOI: 10.1016/j.chaos.2020.110057.

Driessche, P.V.D. and Watmough, J. (2002), Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission, Mathematical Biosciences 180 (1–2).

Filho, F. F. C. (2007), Algoritmo Numéricos, LTC, Rio de Janeiro, Brasil.

Figueiredo, F. (2020), Estimativas de $R(t)$ por estados do Brasil, Disponível em: <https://github.com/flaviovd/covid19>.

GDISPEN. Grupo de Dispersão de Poluentes & Engenharia Nuclear – 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: 1 dez. 2020.

He, S., Peng, Y. and Sun, K. (2020), SEIR modeling of the COVID-19 and its dynamics. Nonlinear Dynamics, v. 101, n. 3, p. 1667-1680. DOI: 10.1007/s11071-020-05743-y.

Heesterbeek, J.A.P. (2002), A brief history of r_0 and a recipe for its calculation. *Acta biotheoretica*, Springer, v. 50, n. 3, p. 189–204.

IBGE Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/mg/sabara/panorama>, Acesso: 21 julho 2021.

Kermack, W.O. and McKendrick, A.G. (1927), Contributions to the mathematical theory of epidemics. Part I. *Proceedings of the Royal Society*, 115(772): 700-721. DOI: 10.1098/rspa.1927.0118.

Li, R., Pei, S., Chen, B., Song, Y., Zhang, T., Yang, W., Shaman, J. (2020), Substantial undocumented infection facilitates the rapid dissemination of novel coronavirus (SARS-CoV-2), *Science*, American Association for the Advancement of Science, vol 368, issue 6490, pages 489-493, 2020. DOI:10.1126/science.abb3221.

MC. Minas Consciente, 2020. Disponível em: <https://www.mg.gov.br/minasconsciente>. Acesso: 20 abr. 2021

MS. Ministério da Saúde - Coronavírus, 2020. Disponível em: <https://coronavirus.saude.gov.br/> e <https://covid.saude.gov.br/>. Acesso: 3 nov. 2020.

PMS. Prefeitura Municipal de Sabará - Informações sobre o COVID-19 Coronavírus. Disponível em: <http://site.sabara.mg.gov.br/covid/>. Acesso em: 1 abr. 2021.

Wang, N., Fu, Y., Zhang, H. and Shi, H. (2020), An evaluation of mathematical models for the outbreak of COVID-19, *Precision Clinical Medicine*, Volume 3, Issue 2, Pages 85–93. DOI: 10.1093/pcmedi/pbaa016.

WHO. Brazil: WHO Coronavirus Disease (COVID-19) Dashboard With Vaccination Data — WHO Coronavirus (COVID-19) Dashboard With Vaccination. Disponível em: <https://covid19.who.int/region/amro/country/br>, Acesso em: 10 ago. 2021.

Zhu, H., Wei, L. and Niu, P. The novel coronavirus outbreak in Wuhan, China. *Global health research and policy*, volume 5, issue 1, pages 1-3, 2020. DOI: 10.1186/s41256-020-00135-6