

# Relatório do EP2 de MAC0209 - IME - USP

Matheus Barbosa Silva

12 de julho de 2020

## Resumo

A atual pandemia de Covid-19 tem demandado múltiplas medidas governamentais para evitar efeitos prejudiciais às esferas sociais e econômicas de diversas regiões do globo. Nesse contexto de necessidade de tomadas de decisão objetivas, faz-se necessário o uso de modelos matemáticos para tornar as ações mais previsíveis e mitigar os efeitos prejudiciais da pandemia à população. Assim, são descritos e comparados dois modelos propostos por Giorgio Sonnino (modelo mais preciso e direcionado a regiões específicas) e por Armando G. M. Neves e Gustavo Guerrero (UFMG, com um modelo mais informativo e flexível) levando em conta suas dinâmicas de funcionamento e aspectos vantajosos.

## Sumário

<b>1</b>	<b>Introdução</b>	<b>2</b>
1.1	Motivação . . . . .	3
1.2	Objetivos . . . . .	3
<b>2</b>	<b>Materiais e métodos</b>	<b>3</b>
<b>3</b>	<b>Modelo de Giorgio Sioninno</b>	<b>4</b>
3.1	Modelagem . . . . .	4
3.2	Simulações . . . . .	5
3.3	Resultados . . . . .	6
<b>4</b>	<b>Modelo de Armando G. M. Neves e Gustavo Guerrero</b>	<b>8</b>
4.1	Modelagem . . . . .	8
4.2	Simulações . . . . .	10
4.3	Resultados . . . . .	12
<b>5</b>	<b>Comparações entre os modelos</b>	<b>12</b>
<b>6</b>	<b>Conclusão</b>	<b>14</b>

# 1 Introdução

A pandemia de Covid-19 que atingiu diversas regiões do mundo nos últimos meses tem sido objeto de preocupação para governantes e populações de diversos países. A alta transmissibilidade deste novo vírus permitiu que a doença se tornasse uma pandemia rapidamente, alastrando-se por grande parte do globo. Então, em resposta aos efeitos danosos previstos pela disseminação em grande escala dessa doença, formou-se um esforço mundial pela contenção do vírus e busca de técnicas e formas de mitigar os efeitos danosos da pandemia neste curto espaço de tempo (diminuindo os prejuízos levados a populações e economias de regiões diversas).

Neste contexto, a modelagem matemática pode ser empregada de modo a acompanhar os reais efeitos da pandemia nas regiões, dado que a coleta de dados neste curto espaço de tempo é, em muitos casos, parcial e priva a resposta governamental a um contexto restrito que nem sempre reflete a realidade da dinâmica na região. Para evitar tais cenários, a associação entre dados coletados e modelos que projetam a disseminação da doença em uma dada região é usada como recurso para conceder um dimensionamento mais preciso às medidas governamentais.

Logo, a análise de adequação de modelos em suas regiões alvo é um aspecto relevante para destacar os modelos com maior confiabilidade para a previsão do cenário da doença nos próximos dias e, também, para o planejamento de medidas efetivas para a diminuição da disseminação do vírus. Com a aplicação de modelagens mais ajustados as suas regiões alvo, é possível proporcionar medidas mais eficazes e, em geral, evitar o acréscimo do número de mortes.

Assim, diante de múltiplas propostas de modelos proporcionados pela produção científica – que empregam técnicas de modelagem e consideram aspectos distintos da dinâmica da doença –, é desejável verificar a precisão destes por meio de simulações de cenários reais pois é possível, assim, aplicar soluções mais efetivas e, essencialmente, reduzir a quantidade de casos e mortes pela doença.

## 1.1 Motivação

A modelagem matemática de fenômenos da natureza (como a disseminação da Covid-19), usualmente requer diversas simplificações da realidade e é necessário, portanto, analisar o efeito dessas simplificações nos resultados finais dos modelos. Durante a atual pandemia de Covid-19, são propostos diversos modelos de pesquisadores distintos que descrevem a disseminação da doença, porém em regiões diferentes e com tipos de modelagem (e níveis de simplificação) distintos. Assim, é desejável que se avalie a adequação dos modelos as suas regiões alvo de modo que a modelagem criada seja confiável, informativa e capaz de indicar fatores que possam mitigar os efeitos negativos da doença nas regiões consideradas.

## 1.2 Objetivos

Este exercício-programa tem por objetivo aplicar e observar conceitos de sistemas caóticos, integração numérica (método de Euler) e geração de números pseudo-aleatórios (como abordados em aula) em modelagens da pandemia de Covid-19 em diversas regiões do globo. Sendo assim possível analisar, além da eficiência de cada um dos dois modelos em descrever suas regiões de interesse, como os conceitos estudados podem surgir naturalmente em modelagens de diversas áreas e determinar soluções ou interpretações para os casos de estudo. Também analisa-se a influência das simplificações da realidade nos modelos e a precisão de seus resultados (nos casos em que se descrevem cenários reais).

## 2 Materiais e métodos

Para a construção das implementações dos modelos (presentes no arquivo `EP2_MAC0209.ipynb`, o qual deve ser carregado juntamente com os arquivos em formato `csv` antes de sua execução), usou-se o material indicado no enunciado do EP e um artigo referente ao modelo adicional escolhido. Os artigos que descrevem e simulam os modelos utilizados são listados a seguir:

- SONNINO, Giorgio. Dynamics of the COVID-19 Comparison between the Theoretical Predictions and the Real Data. Bruxelas, 21 de Abril de 2020. Disponível em: <<https://arxiv.org/pdf/2005.11182.pdf>>. Acesso em: 09 de jul. de 2020.
- NEVES, Armando G. M.; GUERRERO, Gustavo. Predicting the evolution of the COVID-19 epidemic with the A-SIR model: Lombardy, Italy and São Paulo state, Brazil. Minas Gerais, 25 de Maio de 2020. Disponível em: <<https://arxiv.org/pdf/2003.13540v5.pdf>>. Acesso em: 09 de jul. de 2020.
- Página da Wikipedia sobre Modelos Compartmentais em Epidemiologia: [https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental\\_models\\_in\\_epidemiology](https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_models_in_epidemiology)

O estudo comparativo dos métodos foi realizado utilizando as saídas de `EP2_MAC0209.ipynb` para diferentes parâmetros de entrada em ambos os modelos.

## 3 Modelo de Giorgio Sioninno

### 3.1 Modelagem

Neste EP, utilizou-se a **quinta versão** do artigo de Giorgio Sonnino como referência para a implementação da modelagem, e a sexta versão (corrigida) do artigo para a construção das planilhas de dados em formato `csv`. O modelo de Giorgio Sonnino é descrito utilizando os seguintes parâmetros principais:

- $\alpha$ : parâmetro positivo ( $\alpha > 0$ ) que descreve a taxa de crescimento proporcional à população de infectados (novos casos da doença) a cada unidade de tempo  $t$ , varia em cada população;
- $\lambda$ : fator relacionado à taxa de replicação média do vírus (descrita no artigo como  $\langle \mu \rangle$ , dependente da quantidade de infectados, tempo de início das medidas restritivas e outros parâmetros), é definido para cada população específica;
- $\eta$ : definido como  $\eta = \frac{2A}{t_0}$ , onde  $A = \frac{K(t)t_0}{2t^2}$ , e  $K(t)$  é a **capacidade de carga** estipulada para a população infectada em um certo instante  $t$  (quantidade máxima de indivíduos infectados a cada instante de tempo). O valor de  $\eta$  é dado pelo autor para cada região estudada de modo a aprimorar o *data fitting* (ajuste e precisão da curva) da aproximação;
- $t_0$ : instante de início (em dias) das medidas restritivas (como o *lockdown*), com relação ao dia inicial da pandemia na região (dia 0);
- $N_0$ : quantidade inicial de casos da doença no dia 0.

A partir dos parâmetros acima, o autor constrói a seguinte equação diferencial ordinária para descrever a função  $N(t)$  (onde  $N(t)$  representa a nova quantidade de casos da doença identificada na região durante o instante  $t$  com relação ao dia inicial da pandemia,  $t = 0$ ):

$$\frac{dN}{dt} = \alpha \left(1 - \frac{N}{\eta t^2}\right) N - \left(\frac{2\lambda t^2 - 1}{t} - \frac{\lambda t_0^2}{t} e^{-\lambda(t-t_0)^2}\right) N$$

Então, pelo Método de Euler, aproxima-se  $dN$  pela diferença finita  $N(t) - N(t - \Delta t)$ , onde  $\Delta t$  é a variação de  $t$  usada entre cada termo da sequência de aproximações gerada para  $N(t)$ . Seja  $N_{ant} = N(t - \Delta t)$ , então:  $\frac{N(t) - N_{ant}}{\Delta t} \approx \alpha \left(1 - \frac{N_{ant}}{\eta t^2}\right) N_{ant} - \left(\frac{2\lambda t^2 - 1}{t} - \frac{\lambda t_0^2}{t} e^{-\lambda(t-t_0)^2}\right) N_{ant} \implies$

$$N(t) \approx N_{ant} + \alpha \left(1 - \frac{N_{ant}}{\eta t^2}\right) N_{ant} \Delta t - \left(\frac{2\lambda t^2 - 1}{t} - \frac{\lambda t_0^2}{t} e^{-\lambda(t-t_0)^2}\right) N_{ant} \Delta t$$

A equação acima foi empregada em `EP2_MAC0209.ipynb` para a Itália, Bélgica e Luxemburgo – tratando-as como ilhas –, sendo cada uma das curvas para  $N(t)$  comparadas aos dados das planilhas `italia.csv`, `belgica.csv` e `luxemburgo.csv`, respectivamente. Em cada região, os

valores dos parâmetros usados são os mesmos fornecidos pelo autor na quinta versão de seu artigo.

Neste modelo assume-se que a região modelada se comporta como uma "ilha" no período analisado, isto é, não ocorrem grandes oscilações no tamanho da população e não existe algum fluxo de pessoas que exerça grande influência sobre a dinâmica do vírus. Essa simplificação do modelo é feita dado que fatores como entrada de pessoas de outras ilhas que carregam um vírus com características diversas as do vírus já presente na região, ou ainda movimentos migratórios (pendulares ou não) reuniriam vírus com variadas características na região, tornando o modelo mais complexo e, talvez, impraticável.

No caso de múltiplas ilhas com parâmetros aleatórios, foram gerados valores aleatórios para os parâmetros (dentro de intervalos razoáveis para cada um deles) e estes foram armazenados em uma matriz de parâmetros no arquivo de implementação. Os valores são posteriormente usados para gerar a sequência de aproximações para  $N_i(t)$ ,  $i = 0, \dots, 4$  e, com esses resultados, forma-se a curva que ilustra a evolução de novos casos da doença a cada dia nas ilhas.

Para o produto cartesiano entre duplas de valores de  $N_i(t) \in \mathbb{R}$  são gerados pontos em  $\mathbb{R}^2$  e, para melhorar a visualização, acrescentou-se o valor de  $t$  correspondente à cada coordenada, formando um ponto em três-dimensões. Assim, formam-se 10 curvas em  $\mathbb{R}^3$  correspondentes a cada um dos produtos cartesianos. Esse formato da curva em  $\mathbb{R}^3$  pode trazer alguns aspectos facilitadores à interpretação do gráfico, como será analisado posteriormente.

Finalmente, o gráfico para  $|v|$  foi criado usando a função do pacote de álgebra linear indicada no arquivo e, então, desenhado em um plano.

## 3.2 Simulações

Para a simulação da disseminação do vírus em diversas regiões, foram aplicados os parâmetros indicados pelos autores para as regiões de estudo (nos casos das ilhas isoladas) e estes foram, então, comparados aos dados reais coletados nas regiões – estes dados também são apresentados no artigo e foram compilados em arquivos no formato `csv` (`italia.csv`, `belgica.csv` e `luxemburgo.csv`,) para cada uma das três regiões estudadas.

As simulações dinâmicas aplicadas aos casos das ilhas isoladas registram o avanço da curva  $N(t)$  de cada ilha, preenchendo a curva até o instante  $t$  indicado pelo usuário no seletor. Para isso, a cada instante  $t$  da animação desenham-se os pontos compreendidos entre 0 e  $t$  com passo  $\Delta t$  – esses valores não precisam ser recalculados a cada momento pois estão guardados em um *array* com os resultados obtidos anteriormente.

No caso da **simulação dinâmica** das curvas para  $N(t)$  de múltiplas ilhas, o processo de criação da animação é semelhante ao descrito anteriormente, mas aqui se optou por utilizar uma janela auto-ajustável para os dados, fornecendo uma visualização mais precisa a cada instante  $t$  (dado que existem 5 curvas na janela a todo momento).

Também foram criados **vídeos** no formato `mp4` contendo rotações nos casos de gráficos em 3 dimensões ou o trajeto completo das simulações dinâmicas.

### 3.3 Resultados

Experimentalmente, observou-se que para as regiões estudadas pelo autor, as aproximações obtidas pela função  $N(t)$  propostas são boas e criam uma curva bem ajustada aos valores que foram observados. Ainda assim, é necessário considerar os erros inerentes à aproximação da integral pelo método de Euler, o que se acumula ao erro do modelo e pode, em alguns casos, causar desvios inadequados à curva.

Com os resultados obtidos, as três curvas demonstram ser confiáveis para prever o cenário das regiões para os próximos dias. Um aspecto a ser notado é que pelos testes realizados com a implementação apresentada, nem sempre diminuir o valor para  $\Delta t$  implicava em erros menores (melhor ajuste da curva), o que possivelmente evidencia erros do modelo de acordo com algumas de suas simplificações.

Um primeiro aspecto observável é que o sistema é sensível ao valor de  $N_0$  pois pequenas variações em seu valor podem causar grandes deslocamentos nos números de casos nos próximos dias (nota-se isso gerando a curva  $N(t)$  para a Itália, Bélgica ou Luxemburgo aumentando e diminuindo o valor inicial de  $N$ ). Esse fato é razoável, já que a identificação excessiva de casos sintomáticos da doença no início da pandemia aumenta o número de infectados antes da adoção de medidas de contenção.

Outro fator que demonstrou ser determinante na quantidade de casos nas regiões é o parâmetro  $t_0$ . Ainda que o aumento de seu valor não crie, imediatamente, uma curva com maiores números de casos a cada dia (para esse modelo), este aspecto predispõe a curva a uma maior inclinação que levará a região a um pico de casos mais alto pelos próximos dias e, ainda, "alonga" a curva – fazendo com que a pandemia estenda-se por mais dias com altos números de casos diários. Assim, para a diminuição do número de pessoas afetadas pela doença nas regiões, o que demonstra ser mais eficaz pelo modelo (dentre os parâmetros **controláveis**) é a rápida adoção de medidas de contenção. As variações de  $t_0$  são exemplificadas nas figuras 1, 2 e 3 para a Itália.

Para a simulação de ilhas aleatórias (que compartilham entre si apenas o valor de  $N_0$ ), é possível observar diretamente a influência de cada um dos parâmetros citados anteriormente. A pandemia toma menores proporções quanto ao número de casos com  $\alpha$ ,  $\eta$  e  $\lambda$  pequenos, como esperado pela própria definição para  $N(t)$ .

Já a norma de  $v(t) = [N_0, N_1, N_2, N_3, N_4](t)$  permite a interpretação da pandemia em uma região (estado ou país, por exemplo) composta de outras 5 regiões interpretadas como ilhas – aspecto que é, em muitos casos, uma simplificação do modelo já que usualmente há fluxos de pessoas entre as regiões. A interpretação de  $|v(t)|$  fornece um modelo mais ajustado para o conjunto de regiões, pois os dados serão mais precisos em cada uma das ilhas do que o que ocorreria representando todas as regiões por uma única curva  $N(t)$  com parâmetros únicos – assim sendo, o cálculo de  $|v(t)|$  é uma alternativa para empregar o método em grandes regiões, seccionando-as em múltiplas subregiões menores.

Para o gráfico em 3 dimensões com os produtos cartesianos entre os valores de  $N(t)$ , pode-se verificar a evolução conjunta da pandemia para cada dupla de ilhas. Assim, em cada curva no

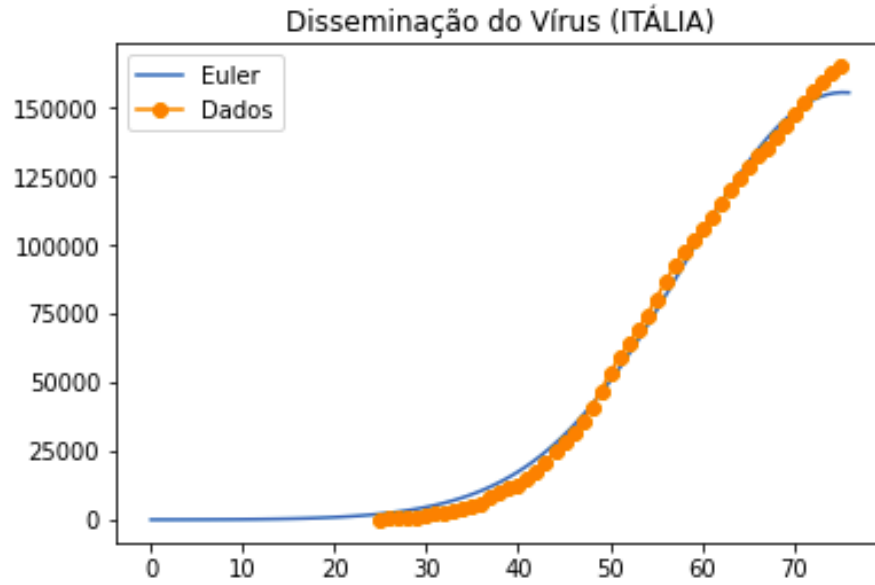


Figura 1: Curva para  $N(t)$  na Itália usando  $t_0 = 70.6$ , o valor observado na região e indicado no artigo.

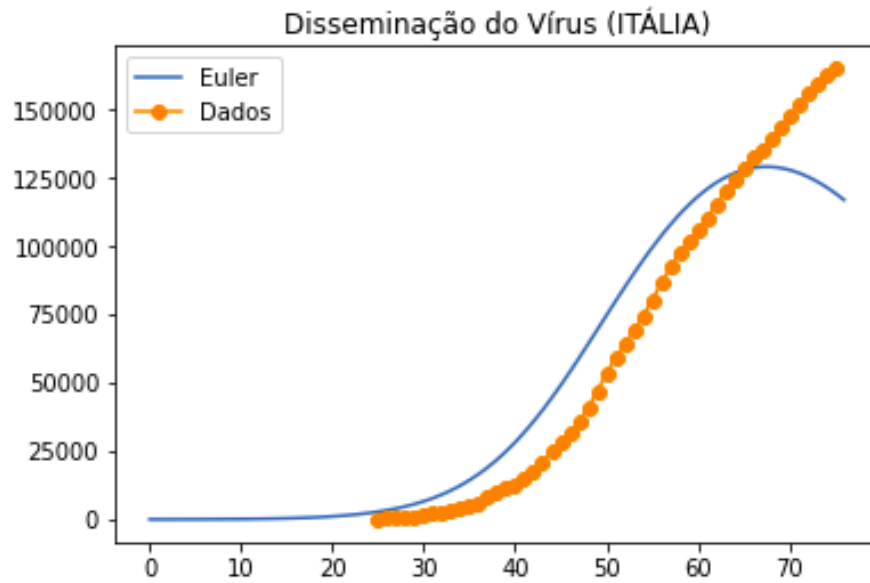


Figura 2: Curva para  $N(t)$  na Itália usando  $t_0 = 60$ , menor que o observado na região.

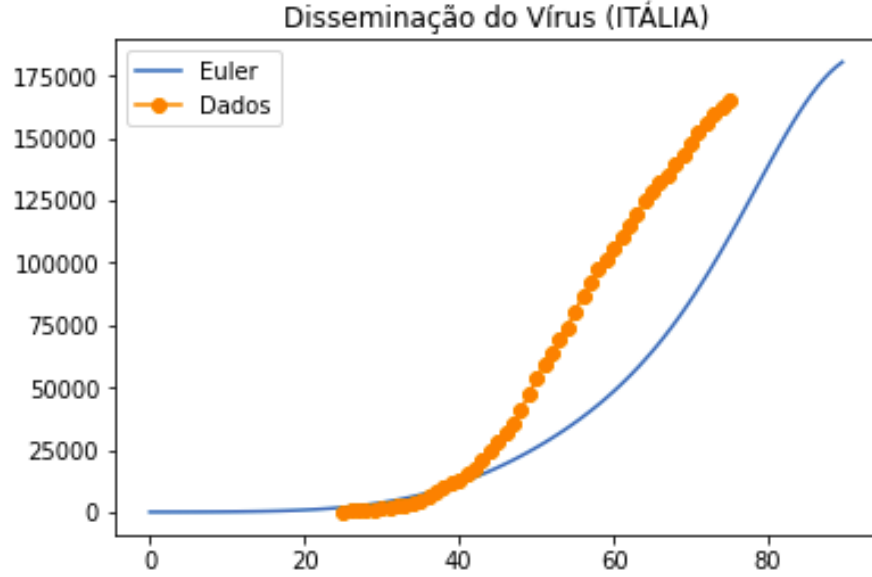


Figura 3: Curva para  $N(t)$  na Itália usando  $t_0 = 90$ , maior que o observado na região.

espaço, a análise de cada eixo proporciona uma visão independente de uma ilha, e com  $t \rightarrow \infty$ , todas as curvas tendem a  $(t, 0, 0)$ , o momento do fim da pandemia para todas as ilhas.

## 4 Modelo de Armando G. M. Neves e Gustavo Guerrero

### 4.1 Modelagem

O modelo criado por Armando G. M. Neves e Gustavo Guerrero, da UFMG apresenta uma dinâmica diferente da reproduzida pelo modelo anterior. No modelo destes pesquisadores da UFMG, usa-se o **modelo de compartimentos** – técnica clássica de modelagem em estudos epidemiológicos. Estes modelos consistem em dividir uma população local em grupos – neste casos, usam-se os grupos A-SIR – e, por meio das equações descritas posteriormente, transicionam-se os indivíduos da população entre cada um dos compartimentos (grupos).

Os autores do artigo propõem o seguinte **sistema de equações diferenciais ordinárias**, onde fixa-se um passo  $\Delta t$  e, assim, no cálculo de  $A(t)$ ,  $A_{ant} = A(t - \Delta t)$  e analogamente para os demais grupos:



$$\begin{cases} A'(t) = \beta_0(1 - \xi)(I_{ant} + \mu A_{ant})S_{ant} - \gamma_a A \\ S'(t) = -\beta_0(I_{ant} + \mu A_{ant})S_{ant} \\ I'(t) = \beta_0\xi(I_{ant} + \mu A_{ant})S_{ant} - \gamma_s I_{ant} \\ R'_s(t) = \gamma_s I_{ant} \end{cases}$$

Para calcular os valores para  $A(t)$ ,  $S(t)$ ,  $I(t)$ ,  $R_s(t)$  e  $D(t)$ , deve-se considerar os casos onde há a aplicação de medidas de contenção ou não:

- $A(t)$ : indivíduos **afetados** pela doença no instante  $t$ , porém sintomas brandos ou inexistentes. O autor rotula os indivíduos desse grupo como **MSA** (***mildly symptomatic or asymptomatic***). São os responsáveis pela transmissão do vírus por períodos mais longos. Por Euler:  $A(t) = A_{ant} + \Delta t \beta_0(1 - \xi)(I_{ant} + \mu A_{ant})S_{ant} - \Delta t \gamma_a A$ .
- $S(t)$ : indivíduos **suscetíveis** à infecção no instante  $t$ . No início da pandemia ( $t = 0$ ), assume-se que 100% da população pertence a esse grupo. Por Euler:  $S(t) = S_{ant} - \Delta t \beta_0(I_{ant} + \mu A_{ant})S_{ant}$ .
- $I(t)$ : indivíduos **infectados** pelo vírus e sintomáticos (geralmente transmitem a doença por menos tempo, dado que são, usualmente, hospitalizados). Por Euler:  $I(t) = I_{ant} + \Delta t \beta_0 \xi(I_{ant} + \mu A_{ant})S_{ant} - \Delta t \gamma_s I_{ant}$ .
- $R_s(t)$ : são os **removidos sintomáticos** (número acumulado) no instante  $t$ . O conceito de remoção do sistema compreende mortes e curas, são todos aqueles que apresentavam sintomas e deixaram de transmitir a doença. Por Euler:  $R_s(t) = R_{sAnt} + \Delta t \gamma_s I_{ant}$ .
- $D(t)$ : quantidade acumulada de **mortes** na região, representa uma fração dos removidos sintomáticos. Por definição:  $D(t) = \omega R_s(t)$ , onde  $\omega$  é um parâmetro relacionado à fatalidade dos casos em uma região.

Dentre os parâmetros utilizados no modelo e presentes nas equações dos grupos descritos acima, estão:

- $\lambda_+$ : maior autovalor da matriz  $M$  dada na fórmula 3 do artigo, o valor desse parâmetro é dado pelos autores nos casos descritos;
- $\xi$ : probabilidade de que uma infecção desenvolva-se em um quadro sintomático da doença (portanto,  $\xi \in (0, 1)$ );
- $\mu$ : fator tal que  $\mu\beta_0$  é a taxa de infecção dos indivíduos MSA (portanto,  $\mu \in (0, 1]$ );
- $\gamma_a$ : constante com valor  $\frac{1}{21}$  (dias)<sup>-1</sup>, é o inverso do tempo médio de remoção de indivíduos infectados assintomáticos (que por não apresentarem sintomas, continuam sendo indivíduos afetados e não removidos durante todo o ciclo da doença, que dura em torno de 21 dias);

- $\gamma_s$ : constante com valor  $\frac{1}{7}$  (dias)<sup>-1</sup>, é o inverso do tempo médio de remoção de indivíduos infectados sintomáticos (que por apresentarem sintomas, geralmente são hospitalizados ou entram em quarentena durante os 7 primeiros dias da doença);
- $\beta_0$ : taxa de infecção dos indivíduos sintomáticos, é dado por:

$$\beta_0 = \frac{(\lambda_+ + \gamma_s)(\lambda_+ + \gamma_a)}{(\lambda_+ + \gamma_s)\xi + (\lambda_+ + \gamma_a)\mu(1 - \xi)}$$

- $\rho$ : altura aproximada constante do platô para os indivíduos removidos sintomáticos ( $R_s(t)$ ), dado por:

$$\rho = 1 - \frac{\beta_0(1 - \xi)}{\lambda_+ + \gamma_a + \beta_0(1 - \xi)(1 - \mu)}$$

- $\epsilon_1$ : intensidade das (primeiras) medidas de contenção da disseminação do vírus. O modelo prevê, também, a adição de diversas intensidades dessas medidas com tempos distintos, mas aqui foi fixado um único  $\epsilon$  determinado  $\epsilon_1$  para simplificar a implementação.

Para os casos onde é aplicada alguma medida de contenção, nota-se que o parâmetro  $\beta_0$  passa a ser variável de acordo com o tempo  $t$  e é descrito como:  $\beta(t) = \beta_0 r(t)$ , onde  $r(t) = 1 - (1 - \epsilon_1)\theta(t - 14)$  e  $\theta(t) = \frac{1 + \text{erf}(t)}{2}$  – já  $\text{erf}(t)$  é uma função de erro conhecida e presente nos pacotes utilizados na implementação do modelo em `EP2_MAC0209.ipynb`. Assim, este valor de  $\beta(t)$  passa a ser usado no lugar de  $\beta_0$  nas equações que definem  $A(t)$ ,  $S(t)$  e  $I(t)$ .

Usando os parâmetros com os valores indicados e o sistema de equações dado, pode-se construir a transição dos indivíduos entre os cinco grupos citados.

## 4.2 Simulações

Nas simulações para este modelo, foram usados os casos de São Paulo com e sem medidas de contenção abordados no artigo, variando apenas  $\xi$  e  $\epsilon_1$  com valores aleatórios a cada execução – permitindo assim uma melhor análise dos resultados do modelo e das implicações de diferentes intensidades para as medidas de contenção. Os resultados obtidos são como os exemplificados nas figuras 4 e 5.

Para cada gráfico, são geradas 6 curvas representando:  $A(t)$ ,  $S(t)$ ,  $I(t)$ ,  $R_s(t)$ ,  $D(t)$  e a constante  $\rho$ . Também é gerado um gráfico auxiliar para  $\frac{I(t)}{I(t) + A(t)}$  (como na figura 5), representando a fração dos casos de pessoas infectadas sintomáticas (casos rastreáveis e contados pelos órgãos governamentais) dentre o total de casos na região – assim, dá-se um real dimensionamento do quanto se conhece da disseminação da pandemia no local –; este é um índice sugerido pelos autores.

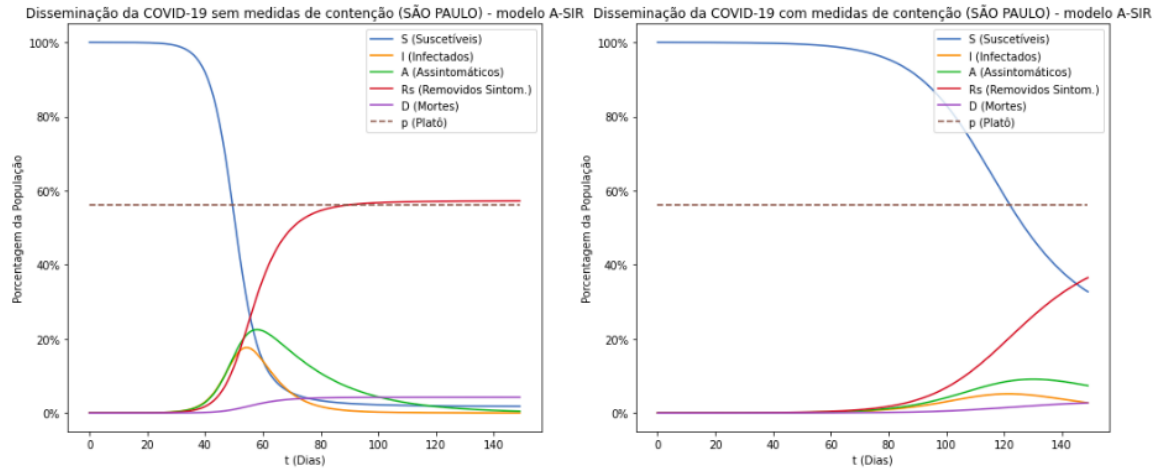


Figura 4: Gráficos gerados pela implementação dos modelos de Armando G. M. Neves e Gustavo Guerrero com os parâmetros dados, usando  $\xi = 0.582423471234998$  e  $\epsilon_1 = 0.4998629550677202$  aleatórios.

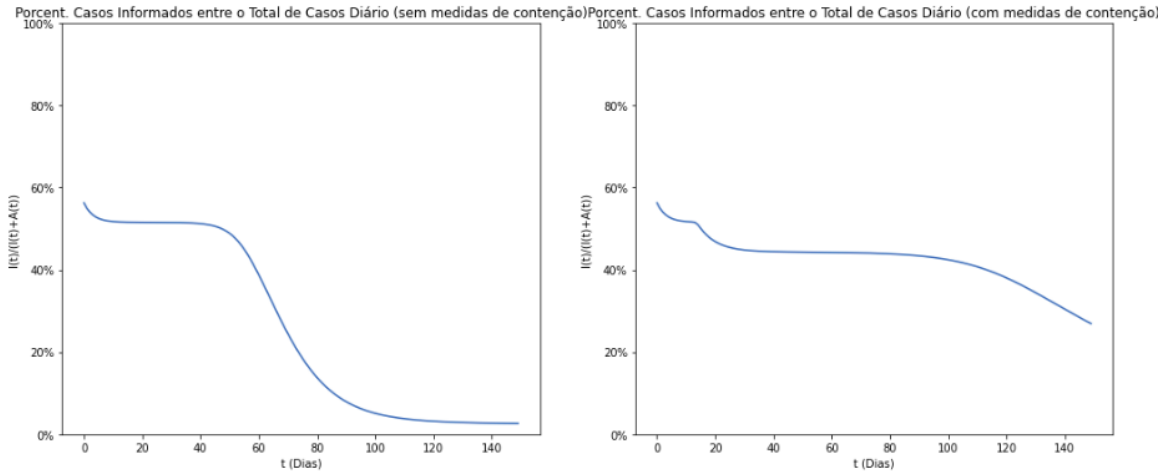


Figura 5: Gráficos gerados para o índice  $\frac{I(t)}{I(t)+A(t)}$  com os parâmetros da figura 4.

### 4.3 Resultados

Os resultados apresentados para os casos que empregam medidas de contenção são, em geral, muito mais controlados do que os casos que não apresentam essas medidas. Isto é, as medidas de contenção promovem uma tendência à diminuição do número de infectados sintomáticos e assintomáticos (o que implica em uma maior quantidade de indivíduos suscetíveis), mortes e, ainda, fazem com que a quantidade de casos reconhecida ( $I(t)$ ) pelos órgãos controladores da pandemia seja mais expressiva dentro o total de casos no local – o que torna a resposta governamental mais acertiva e efetiva.

Os aspectos citados demonstram ser ainda mais expressivos para  $\epsilon_1 \rightarrow 1$ , ainda que o resultado seja dependente do valor de  $\xi$  sorteado. O valor de  $\xi$  demonstrou ser determinante na disseminação da doença e, principalmente, na parcela de mortes (dado que para  $\xi$  grande, a população da região possui alguma predisposição a desenvolver complicações da doença). Assim sendo,  $\xi$  grande relaciona-se à curvas para  $A(t)$  e  $I(t)$  com maiores picos e maior mortalidade no local (o que ainda pode ser atenuado com rígidas medidas de contenção).

O parâmetro  $\rho$  demonstrou-se uma boa aproximação para o platô da curva  $R_s(t)$  nos casos testados sem medidas de contenção, sendo  $\rho$  uma superestimação do platô da curva quando estas existem.

Quanto ao período de duração da pandemia nas regiões analisadas, este é geralmente maior (com curvas mais "largas") nos casos onde não há medidas de restrição ou quando essas são muito tênues considerando o valor de  $\xi$ . Portanto, a adoção de rígidas medidas de restrição demonstram ser, para esse modelo, boas providências para retardar um maior surto do número de casos, diminuir o número de mortes e infecções sintomáticas (aspectos importantes para os sistemas de saúde) e, ademais, fornecer um controle mais preciso para as autoridades de saúde da região (com dados coletados mais precisos quanto ao número de infectados).

## 5 Comparações entre os modelos

Nota-se que os modelos apresentam formatos de funcionamento distintos. Modelos compartimentais são mais clássicos nos tratamentos de epidemias desses tipos e possuem múltiplas variações considerando aspectos diversos da dinâmica de grandes cidades ou países, por exemplo. Enquanto o modelo proposto por Giorgio Sioninno apresenta alguns aspectos que se adequam muito bem às regiões de estudo, embora adote uma dinâmica mais simplificada e direta.

O modelo dos pesquisadores da UFMG detém diversos indicadores auxiliares (como o parâmetro  $\rho$ , a estimativa do número de mortes e quantidade real de indivíduos infectados pela doença) que o tornam mais flexível (por conta da possibilidade de indicar múltiplos períodos com medidas de contenção de intensidades distintas) e informativo em um contexto que não se restrinja apenas à adequação da curva do número de casos. Assim, há mais fatores que podem indicar sua adequação à dinâmica da região mais facilmente, mesmo que esse modelo não reproduza números muito próximos dos reais em todos os casos.

Por outro lado, o modelo de Giorgio Sioninno demonstra criar curvas muito próximas às

reais nas regiões de estudo, sendo uma opção de implementação mais direta e que pode ser usada como uma boa previsão para o número de casos em uma região nos próximos dias. Assim como no modelo anterior, existem fatores aos quais esse modelo é sensível e, portanto, devem ser coletados ou calculados com precisão para que se produzam bons resultados.

Portanto, como observado no enunciado do EP, nota-se aqui que todos os modelos são criados admitindo erros, mas na necessidade de escolher algum dos modelos apresentados para orientar tomadas de decisões, deve-se levar em conta o contexto da utilização e informações que se deseja coletar (além da precisão necessária).

## 6 Conclusão

A aplicação de modelos para orientar a escolha de ações é permeada por aspectos de risco que são ainda mais relevantes no contexto da atual pandemia de Covid-19, dado que cada decisão tomada tem o potencial de poupar vidas e atingir esferas econômicas e sociais em escala regional, nacional ou global. Sendo assim, a escolha de um bom modelo deve partir do pressuposto de que há erros, mas ainda assim, estes podem levar mais previsibilidade e segurança nas escolhas das medidas para a mitigação dos incontáveis desequilíbrios causados pela recente pandemia.

Para o modelo implementado a partir do artigo de Giorgio Sioninno aplicando a integração pelo método de Euler, constataram-se pequenos erros relativos e uma boa adequação da curva à região de interesse. Já o modelo de Armando G. M. Neves e Gustavo Guerrero (UFMG) apresenta mais aspectos informativos e descritivos do que se dedica à precisão dos dados reproduzidos. De qualquer forma, ambos apontam a adoção de medidas de contenção (dado que este é um dos poucos fatores controláveis diante da pandemia) como uma ótima forma de diminuição dos casos de infecção por Covid-19.

Portanto, como observado nos resultados e análises dos modelos, todos eles têm vantagens e desvantagens inerentes aos seus formatos e simplificações adotadas. Contudo, muitos deles fornecem informações de grande utilidade (quanto à precisão, informatividade etc) para que as decisões sejam tomadas de forma racional e clara, evitando a exposição da população a efeitos ainda mais danosos.