

Uso de Modelagem Epidemiológica SIRD para identificar padrões epidemiológicos da Febre Amarela em Minas Gerais no Sudeste

Ana Clara B. Loconi¹,

Eduarda Veiga Carvalho², Haziél Sanchez³,

Ilum - Escola de Ciência - CNPEM, 13087-548, Campinas/SP.

Resumo As arboviroses, categorizadas como doenças virais veiculadas por artrópodes, predominantemente mosquitos, englobam patologias notáveis como Chikungunya, Dengue, Febre Amarela e Zika, cujo vetor comum é o *Aedes aegypti*. Nesse contexto, a aplicação de modelagem matemática emerge como ferramenta essencial para conduzir análises epidemiológicas, com ênfase na Febre Amarela (FA) em específicos centros urbanos brasileiros. Este estudo focaliza a região Sudeste do Brasil, adotando a abordagem do modelo SIRD (*Susceptibles-Infectious-Recovered-Dead*) sobre conjuntos de dados de saúde, visando representar a propagação e comportamento da doença na região sudeste, a fim de estipular hipóteses para pesquisas futuras relacionadas à vacina.

Palavras-chave: *Arboviroses; epidemiologia; febre amarela; modelagem.*

1. Introdução

A Febre Amarela (FA) representa uma enfermidade infecciosa de considerável gravidade, desencadeada por um vírus pertencente ao gênero *Flavivirus*. Seus sintomas característicos abrangem elevação da temperatura corporal, calafrios, astenia, cefaleia, mialgia, enjoo e episódios de vômito, os quais geralmente perduram por cerca de três dias. A manifestação mais severa desta patologia é infrequente, porém pode surgir em indivíduos aparentemente saudáveis,

¹ana220073@ilum.cnpem.br

²eduarda220054@ilum.cnpem.br

³haziel220065@ilum.cnpem.br

ocasionando complicações hepáticas e renais, icterícia (coloração amarelada nos olhos e pele), hemorragias e extrema exaustão.[Ministério da Saúde do Brasil, a]. Num contexto mais abrangente e regional, observa-se que a FA é uma enfermidade presente nas Américas do Sul e Central, além de alguns países africanos. Sua propagação tem sido registrada tanto em áreas urbanas quanto em ambientes selvagens dessas regiões. [Bio-Manguinhos/Fiocruz,].

Embora casos graves sejam pouco frequentes, é fundamental adotar medidas essenciais para prevenir a disseminação da doença. Entre elas, destacam-se a vacinação e o controle do vetor, dado que não existe um tratamento direcionado à enfermidade, mas sim para os sintomas por ela desencadeados. Nos casos mais severos, é imperativo o atendimento em Unidades de Terapia Intensiva (UTIs). [Ministério da Saúde do Brasil, a].

Em 2017, Bio-Manguinhos, o braço do Instituto Tecnológico em Imunobiológicos pertencente à Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz) no Rio de Janeiro e o único fabricante nacional de vacinas, ampliou sua produção mensal de 4 milhões para 6 milhões de doses, interrompendo as exportações para dar prioridade ao mercado interno [Carlos Fioravanti, 2018]. Contudo, a produção ainda não atende à rápida propagação da febre amarela silvestre. Desde novembro de 2016, o vírus causador da doença - transmitido pelos mosquitos dos gêneros *Haemagogus* e *Sabethes*, que habitam áreas florestais - se disseminou velozmente na região Sudeste que estava previamente isentas da doença.[Carlos Fioravanti, 2018].

Embora a vacina contra a Febre Amarela esteja disponível no Sistema Único de Saúde (SUS) desde 1937, são frequentes os surtos da doença no Brasil, especialmente na região Sudeste. Assim, é fundamental estudar a propagação e o comportamento da Febre Amarela por meio da modelagem matemática, visando estabelecer bases para pesquisas futuras. Estas poderiam abordar não apenas a eficácia da vacina, mas também estratégias para aprimorá-la, como a frequência das vacinações, a cobertura vacinal em diferentes grupos populacionais e a avaliação da resposta imunológica ao longo do tempo.

2 Modelagem Matemática

A modelagem matemática é uma área do conhecimento responsável por representar fenômenos de outras áreas por meio da linguagem matemática e seus conceitos. Assim, o principal objetivo da modelagem é encontrar um

modelo matemático adequado para descrever um determinado problema.

De acordo com TheConversation, “Modelos matemáticos são usados para criar uma representação simplificada da propagação da infecção em uma população e para entender como uma infecção pode progredir no futuro. Estas previsões podem ajudar-nos a utilizar eficazmente os recursos de saúde pública, como espaços hospitalares ou um programa de vacinação. Por exemplo, saber quantas pessoas numa população têm probabilidade de serem infectadas pode dizer aos hospitais quanto espaço e recursos necessitarão de alocar para tratamento.” [Erin Lafferty, 2015]

No começo de uma epidemia, há pessoas que serão infectadas, outras propensas a serem infectadas e aquelas que podem se recuperar ou sucumbir à doença. Os inicialmente suscetíveis podem contrair o vírus ao entrar em contato com infectados, e as vítimas virão dos que foram contaminados.

A utilização de equações diferenciais para representar modelos matemáticos tem se mostrado uma abordagem eficaz. Isso permite visualizar fenômenos epidemiológicos, como a disseminação de doenças em uma população, considerando variáveis como o número de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados ao longo do tempo, juntamente com as taxas de infecção, recuperação e mortalidade dos infectados. [Ogana et al., 2021]

Matemáticos têm alcançado êxito na modelagem dessa dinâmica entre os grupos de suscetíveis, infectados e recuperados ou falecidos. Em 1927, Kermack & McKendrick elaboraram o modelo matemático denominado Suscetível-Infectado-Recuperado (SIR). Esse modelo pressupõe a existência de três categorias: os suscetíveis (com potencial para adoecer, mas ainda não infectados), os infectados e os removidos (por recuperação ou óbito, com ou sem intervenção medicamentosa). O SIR tornou-se uma ferramenta essencial para os matemáticos ao simplificar a modelagem da propagação de doenças.

Neste projeto, a estratégia adotada foi fundamentada nos modelos empregados na epidemiologia, notadamente nos modelos comportamentais, tais como SI, SIS, SIR e SIRS. O modelo SIRD é uma extensão do modelo SIR, e será utilizado neste trabalho incorporando duas premissas: a recuperação com aquisição de imunidade e a mortalidade.

Esse modelo é amplamente empregado para estudar e prever a propagação de doenças infecciosas, permitindo a análise do impacto de intervenções, como vacinação e medidas de isolamento social. Ele monitora as transições entre esses compartimentos ao longo do tempo, descritas pelas seguintes equações

diferenciais [PREVIDEL, 2021]:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta IS}{N} \quad (2.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta IS}{N} - \gamma I - \mu I \quad (2.2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (2.3)$$

$$\frac{dD}{dt} = \mu I \quad (2.4)$$

$$(2.5)$$

Este artigo, tem foco na representação do modelo com os seguintes compartimentos: Suscetível, Infectado, Removido (Recuperado com imunidade) e Morto, respectivamente. É possível representar esse modelo por meio de um diagrama compartimental que ilustra a dinâmica epidemiológica do SIRD, conforme a figura 1.

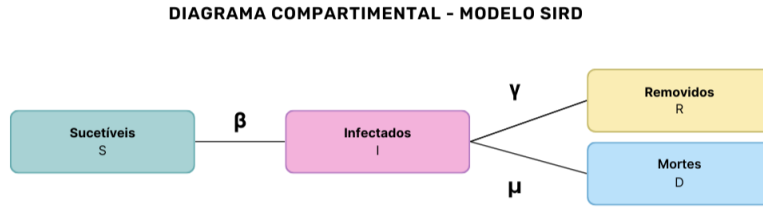


Figura 1: Diagrama Compartimental SIRD. Fonte: Autoral.

As equações diferenciais $\frac{dS}{dt}$, $\frac{dI}{dt}$ e $\frac{dR}{dt}$ representam as taxas de mudança ao longo do tempo para as categorias suscetíveis, infectadas e removidas, respectivamente.

A equação $\frac{dS}{dt}$ descreve como o número de indivíduos suscetíveis diminui ao longo do tempo, baseando-se na taxa de contato (β), no número de suscetíveis, no número de infectados e na população total (N). O sinal negativo indica

a fração de pessoas que deixarão a categoria suscetível. A fração perdida é então somada à categoria infectada, indicando um aumento nessa categoria.

A equação $\frac{dI}{dt}$ representa a taxa de mudança de indivíduos infectados ao longo do tempo. Aqui, o sinal positivo reflete o número de pessoas que deixam a categoria suscetível, contribuindo para a categoria infectada. O número de removidos (recuperados ou falecidos) é determinado pela taxa de remoção (γ) multiplicada pelo número de pessoas infectadas. Essas remoções são subtraídas do número de infectados, refletindo a diminuição dessa categoria.

Sabe-se que o modelo SIRD se diferencia do modelo SIR pela inclusão da equação $\frac{dD}{dt}$, representando a taxa de mortalidade ao longo do tempo. No modelo SIRD, a taxa de mortalidade (μ) é considerada, determinando a taxa de morte das pessoas infectadas. O número de pessoas falecidas é determinado pelo produto da taxa de mortalidade pelo número de infectados. Para ajustar essa perda por morte, o número de pessoas que foram infectadas e morreram é subtraído do número total de infectados, modificando a taxa de variação da infecção ao longo do tempo [Idowu, 2021].

No contexto do problema abordado, o método de Runge-Kutta de 4ª ordem (RK4) foi empregado para alcançar uma solução numérica aproximada do modelo SIRD.

Utiliza-se o método de RK4 para resolver as equações diferenciais propostas, pois é um método numérico amplamente adotado para resolver EDOs, fornecendo soluções aproximadas para uma variedade de equações diferenciais, inclusive aquelas presentes em estudos epidemiológicos. Esse método opera dividindo os passos de resolução da equação em incrementos menores, ajustados a um intervalo de tempo específico. Ao combinar essas estimativas, o método produz uma boa aproximação da solução. Esse é o formato mais utilizado, pois é conhecido por equilibrar eficiência computacional com precisão na solução. Contudo, é importante destacar que esses resultados dependem do parâmetro h , responsável pelos passos na obtenção da solução. Quanto mais passos, maior a precisão, porém maior o custo computacional.

As equações do método de Runge-Kutta de 4ª ordem são expressas da seguinte forma:

$$\begin{aligned}
k_1 &= f(x_n, y_n) \\
k_2 &= f\left(x_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{h}{2}k_1\right) \\
k_3 &= f\left(x_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{h}{2}k_2\right) \\
k_4 &= f(x_n + h, y_n + hk_3) \\
y_{n+1} &= y_n + \frac{h}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4)
\end{aligned}$$

Onde x_n e y_n representam os valores iniciais, h é o tamanho do passo, f é a função que define a EDO, e k_1 , k_2 , k_3 e k_4 são constantes que representam as inclinações da curva em diferentes pontos.

Ao lidar com equações diferenciais na área da epidemiologia, pesquisadores e modeladores frequentemente enfrentam desafios como a necessidade de tratar condições iniciais e a falta de uma solução analítica direta. Nesses casos, o método RK4 pode ser uma ferramenta útil para aproximar numericamente as soluções.

No entanto, é importante observar que o método de Runge-Kutta de 4^a ordem, como qualquer método numérico, pode apresentar erros de aproximação e erros de arredondamento. Portanto, é essencial verificar a precisão e a estabilidade das soluções obtidas com este método, comparando-as a soluções analíticas ou a outros métodos numéricos, sempre que possível.

3 Metodologia

Com o objetivo de compreender o comportamento dos casos de febre amarela na região Sudeste do Brasil, aplica-se os conceitos do modelo epidemiológico SIRD e a aproximação de sua solução numérica pelo método de RK4.

Para desenvolver o trabalho, utilizamos os dados retirados do OpenDataSUS: "Febre Amarela em humanos e primatas não-humanos - 1994 a 2021", uma plataforma de banco de dados que disponibiliza informações que podem servir para subsidiar análises objetivas da situação sanitária, tomadas de decisão baseadas em evidências e elaboração de programas de ações de saúde. O Ministério da Saúde, por meio da Coordenação-Geral de Vigilância das Arboviroses (CGARB) do Departamento de Imunização e Doenças Transmissíveis (DEIDT) da Secretaria de Vigilância em Saúde (SVS), monitora, no âmbito do

Sistema Nacional de Vigilância Epidemiológica da Febre Amarela (FA), as notificações de casos suspeitos da doença em humanos e em primatas não-humanos (PNH) (macacos) [Ministério da Saúde do Brasil, 2021].

A partir deste banco de dados, selecionamos os campos relevantes para nosso projeto. Optamos por focar nos casos da região sudeste no período de 2016 a 2019, pois foram os dados mais recentes disponíveis para nossa análise (ver 2). Embora o conjunto de dados contivesse informações de anos anteriores, muitos eram incompletos ou referentes a outras regiões do Brasil. Assim, limitamos nossa análise a um intervalo de 4 anos para a aplicação das equações diferenciais.

	ID	MACRORREG_LPI	COD_UF_LPI	UF_LPI	COD_MUN_LPI	MUN_LPI	SEXO	IDADE	SE_IS	MES_IS	ANO_IS	MONITORAMENTO_IS	OBITO
473	474	SE	35	SP	350460.0	BADY BASSITT	M	38.000000	12.0	3.0	2016	2015/2016	SIM
479	480	SE	35	SP	354340.0	RIBEIRÃO PRETO	M	53.145205	51.0	12.0	2016	2016/2017	SIM
480	481	SE	31	MG	311340.0	CARATINGA	F	41.000000	1.0	1.0	2017	2016/2017	IGN
481	482	SE	31	MG	313700.0	LADAINHA	M	35.000000	1.0	1.0	2017	2016/2017	SIM
482	483	SE	31	MG	313700.0	LADAINHA	M	43.000000	52.0	12.0	2016	2016/2017	SIM
...
2715	2716	SE	35	SP	350270.0	APIAÍ	M	57.000000	10.0	3.0	2019	2018/2019	NÃO
2716	2717	SE	35	SP	354300.0	RIBEIRÃO BRANCO	F	16.000000	12.0	3.0	2019	2018/2019	NÃO
2718	2719	SE	35	SP	353620.0	PARIQUERA-AÇU	M	54.000000	18.0	5.0	2019	2018/2019	NÃO
2719	2720	SE	35	SP	350860.0	CACHOEIRA PAULISTA	M	64.000000	17.0	4.0	2019	2018/2019	IGN
2723	2724	SE	35	SP	352215.0	ITAÓCA	M	69.000000	8.0	2.0	2019	2018/2019	NÃO

2217 rows x 13 columns

Figura 2: Dataset para casos de FA na região Sudeste. Fonte: Open Data SUS.

Foi necessário utilizar um segundo conjunto de dados, disponibilizado pelo TabNet do DataSUS, especificamente para obter informações populacionais da região sudeste ao longo de um período de 4 anos ([Ministério da Saúde do Brasil, b]). Este dataframe continha dados sobre a população residente por ano, abrangendo todas as regiões ou unidades federativas do Brasil, no período de 1992 a 2021. No entanto, fizemos uma seleção específica, optando por considerar somente os anos de 2016 a 2019, a fim de vincular o número de casos por ano.

3

	2016	2017	2018	2019
0	86356952	86949714	87711946	88371433

Figura 3: População residente da região Sudeste.

Para determinar o valor total da população (N), calculamos o desvio padrão dos valores populacionais. Caso o desvio padrão fosse baixo, poderíamos utilizar a média como uma representação confiável do valor total de N , como mostrado na figura 4.

```
Média dos dados: 87347511.25
Desvio padrão dos dados: 0      879522.354652
dtype: float64
Coeficiente de variação (%): 0      1.006923
dtype: float64
```

Figura 4: Desvio Padrão e Média da população residente na região sudeste. Fonte: Autoral.

Tabela 1: Valores das variáveis do modelo epidemiológico

Expressão	Significado	Valor
N	População total	87.347.511
I	População Infectada	2217
R	População Recuperada	1390
D	Mortos	752
S	População Suscetível	$N - I - R - D$
β	Taxa de transmissão	0,4
γ	Taxa de recuperação	0,035
μ	Taxa de mortalidade	0,005

A tabela 1 apresenta as variáveis fundamentais usadas no contexto deste estudo. Vale ressaltar que este sistema não incorpora uma nova taxa de suscetibilidade de infecção para a população recuperada.

Além disso, é importante salientar que as taxas de transmissão, recuperação e mortalidade, representadas por β , γ e μ respectivamente, foram obtidas de fontes literárias. É possível que existam soluções mais precisas ou mais próximas da realidade para esses valores (ver [Idowu, 2021])."

Todo o desenvolvimento do código e a organização dos dados para cada equação diferencial foram realizados em Python 5. O código foi disponibilizado de forma aberta no GitHub e pode ser acessado através do repositório de "Biomatemática aplicada à epidemiologia".


```
# Definindo as constantes e valores iniciais
N = 87347511
S0 = N - 2217 - 1390 - 752
I0 = 2217
R0 = 1390
D0 = 752

beta = 0.4 # Taxa de transmissão
gamma = 0.035 # Taxa de recuperação
mi = 0.005 # Taxa de mortalidade

# Definindo as equações diferenciais do modelo SIRD
def dS_dt(S, I, R):
    return (-beta * I * S) / N

def dI_dt(S, I, R):
    return ((beta * I * S) / N) - (gamma * I) - (mi * I)

def dR_dt(I, R):
    return gamma * I

def dD_dt(I):
    return mi * I
```

Figura 5: Implementação das Equações Diferenciais. Fonte: Autoral.

O cerne da nossa pesquisa reside no modelo SIRD (Susceptíveis-Infectados-Recuperados-Falecidos), que oferece uma representação matemática dos processos subjacentes à disseminação da doença. Nesse sentido, na representação matemática e no nosso código utilizamos o método de Runge-Kutta [FRÓES, 2019], uma ferramenta que capacita a materialização do modelo SIRD. Recorrendo a esta metodologia numérica, desmembramos o tempo em passos discretos, computamos as taxas de variação em cada um destes passos e, seguidamente, atualizamos as variáveis do modelo, conforme a imagem 6.

```

# Implementando o método de Runge-Kutta de quarta ordem
def runge_kutta(S, I, R, D, h, num_steps):
    s_vals, i_vals, r_vals, d_vals = [S], [I], [R], [D]

    for _ in range(num_steps):
        k1_S = h * dS_dt(S, I, R)
        k1_I = h * dI_dt(S, I, R)
        k1_R = h * dR_dt(I, R)
        k1_D = h * dD_dt(I)

        k2_S = h * dS_dt(S + 0.5 * k1_S, I + 0.5 * k1_I, R + 0.5 * k1_R)
        k2_I = h * dI_dt(S + 0.5 * k1_S, I + 0.5 * k1_I, R + 0.5 * k1_R)
        k2_R = h * dR_dt(I + 0.5 * k1_I, R + 0.5 * k1_R)
        k2_D = h * dD_dt(I + 0.5 * k1_I)

        k3_S = h * dS_dt(S + 0.5 * k2_S, I + 0.5 * k2_I, R + 0.5 * k2_R)
        k3_I = h * dI_dt(S + 0.5 * k2_S, I + 0.5 * k2_I, R + 0.5 * k2_R)
        k3_R = h * dR_dt(I + 0.5 * k2_I, R + 0.5 * k2_R)
        k3_D = h * dD_dt(I + 0.5 * k2_I)

        k4_S = h * dS_dt(S + k3_S, I + k3_I, R + k3_R)
        k4_I = h * dI_dt(S + k3_S, I + k3_I, R + k3_R)
        k4_R = h * dR_dt(I + k3_I, R + k3_R)
        k4_D = h * dD_dt(I + k3_I)

        S += (1 / 6) * (k1_S + 2 * k2_S + 2 * k3_S + k4_S)
        I += (1 / 6) * (k1_I + 2 * k2_I + 2 * k3_I + k4_I)
        R += (1 / 6) * (k1_R + 2 * k2_R + 2 * k3_R + k4_R)
        D += (1 / 6) * (k1_D + 2 * k2_D + 2 * k3_D + k4_D)

        s_vals.append(S)
        i_vals.append(I)
        r_vals.append(R)
        d_vals.append(D)

    return s_vals, i_vals, r_vals, d_vals

```

Figura 6: Implementação Runge-Kutta de 4^o Ordem. Fonte: Autoral.

4. Resultados

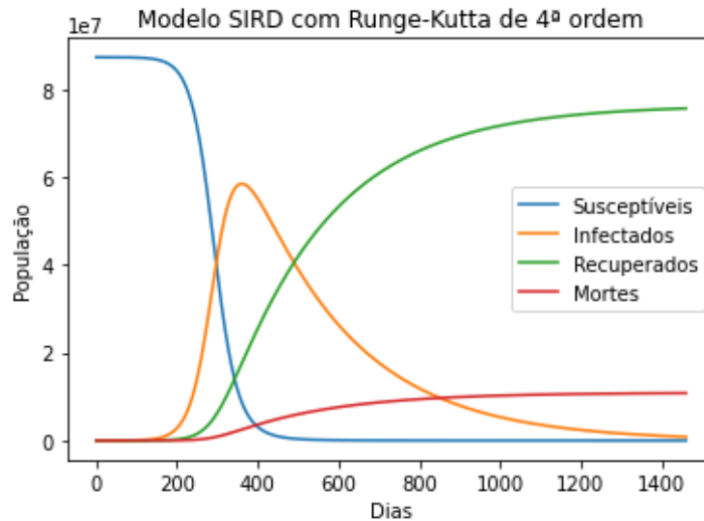


Figura 7: Gráfico Modelo SIRD. Fonte: Autoral.

A figura 7, mostra a evolução dos compartimentos de Suscetíveis (S), Infectados (I), Recuperados (R) e Falecidos (D) ao longo do tempo de 4 anos, em um modelo SIRD.

1. Eixo X (Dias): O eixo horizontal representa o tempo em dias ao longo do período de simulação, que é de 4 anos (1461 dias), como definido no código.
2. Eixo Y (População): O eixo vertical representa o número de indivíduos em cada compartimento do modelo SIRD. O número de indivíduos é uma representação relativa e pode não corresponder diretamente à escala da população real.
3. Linhas: A linha azul descreve a evolução do número de Suscetíveis (S) ao longo do tempo. No início, a maioria das pessoas é suscetível à doença, e essa quantidade diminui à medida que as pessoas são infectadas. A linha laranja ilustra a evolução do número de Infectados (I) ao longo do tempo. Inicialmente, há um pequeno número de infectados, que cresce à medida que a doença se propaga. Eventualmente, o número de infectados atinge

um pico e começa a diminuir à medida que as pessoas se recuperam. A linha verde representa a evolução do número de Recuperados (R) ao longo do tempo. Inicialmente, há poucos recuperados, mas esse número cresce à medida que os indivíduos se recuperam da doença. A curva vermelha mostra os indivíduos que foram infectados e morreram (D) devido à doença.

É importante ressaltar que o período de 4 anos é relativamente curto para compreender plenamente a dinâmica de um vírus. Embora tenhamos uma quantidade considerável de dados para os anos analisados, o intervalo de tempo disponível é limitado, conforme a imagem 8.

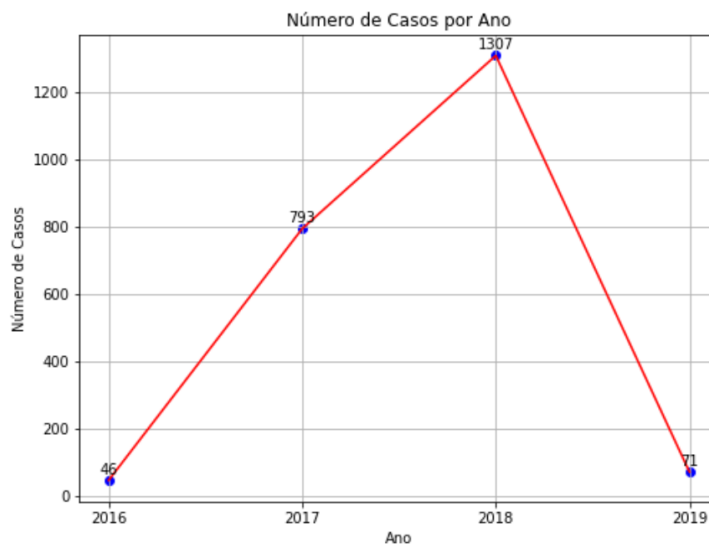


Figura 8: Gráfico Casos X Ano. Fonte: Autoral.

O gráfico gerado ilustra o padrão típico de uma epidemia, com um aumento inicial de infectados, seguido por uma diminuição à medida que mais pessoas se recuperam ou falecem. Eventualmente, a doença atinge um ponto de estabilidade, com a redução dos suscetíveis a um nível que não sustenta mais a transmissão.

5. Conclusões

Considerando a limitação de dados e o curto período de análise, algumas considerações importantes para a continuação e melhoria do projeto se destacam:

A modelagem epidemiológica é um processo complexo e iterativo. À medida que novos dados são obtidos e o entendimento sobre a doença aumenta, o modelo pode ser ajustado e refinado para melhorar sua precisão e aplicabilidade na tomada de decisões.

O modelo SIRD, uma variação do SIR que inclui a categoria de indivíduos que faleceram pela doença, foi implementado usando o método numérico Runge-Kutta de 4^a ordem. Essa abordagem permite uma simulação mais precisa da dinâmica da doença ao longo do tempo.

A falta de disponibilidade de informações destaca a negligência em relação à saúde pública. Continuar a busca por dados mais completos e precisos é essencial para aprimorar não apenas a modelagem, mas também as estratégias de prevenção e controle em cenários epidemiológicos.

Agradecimentos

Gostaríamos de expressar nossa mais profunda gratidão ao Prof^o Dr^o Vinícius Wasques por sua orientação excepcional e todo ensino ao longo deste projeto.

Agradecemos ainda, a Ilum - Escola de Ciência, que gentilmente nos proporcionou toda a infraestrutura necessária para que pudéssemos concretizar nossas ideias.

Referências

- [Bio-Manguinhos/Fiocruz,] Bio-Manguinhos/Fiocruz. Febre amarela: sintomas, transmissão e prevenção - bio-manguinhos/fiocruz || inovação em saúde || vacinas, kits para diagnóstico e biofármacos. <https://www.bio.fiocruz.br/index.php/br/febre-amarela-sintomas-transmissao-e-prevencao>. (Accessed on 11/29/2023).
- [Carlos Fioravanti, 2018] Carlos Fioravanti, P. F. (2018). Examinando a vacina contra febre amarela : Revista pesquisa fapesp. <https://revistapesquisa.fapesp.org/>.

fapesp.br/examinando-a-vacina-contr-febre-amarela/. (Accessed on 11/29/2023).

[Erin Lafferty, 2015] Erin Lafferty, G. K. (2015). How maths can help us fight infectious diseases. <https://theconversation.com/how-maths-can-help-us-fight-infectious-diseases-44848>.

[FRÓES, 2019] FRÓES, K. D. C. (2019). Modelagem e simulação da disseminação da febre amarela. <https://www.ime.usp.br/~mapweb/tcc/2019/KarinaFroesV1.pdf>.

[Idowu, 2021] Idowu, I. (2021). Sird model | modelling the spread of diseases with sird model. <https://www.analyticsvidhya.com/blog/2021/08/mathematical-modelling-modelling-the-spread-of-diseases-with-sird-model/>.

[Ministério da Saúde do Brasil, a] Ministério da Saúde do Brasil. Febre amarela. <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/f/febre-amarela>.

[Ministério da Saúde do Brasil, b] Ministério da Saúde do Brasil. Tabnet win32 3.2: População residente - estimativas para o tcu - brasil. <http://tabnet.datasus.gov.br/cgi/deftohtm.exe?ibge/cnv/poptuf.def>. TabNet DATASUS.

[Ministério da Saúde do Brasil, 2021] Ministério da Saúde do Brasil (2021). Febre amarela em humanos e primatas não-humanos - 1994 a 2021. <https://opendatasus.saude.gov.br/dataset/febre-amarela-em-humanos-e-primatas-nao-humanos>. OPENDATASUS.

[Ogana et al., 2021] Ogana, W., Juma, V. O., e Bulimo, W. (2021). A sird model applied to covid-19 dynamics and intervention strategies during the first wave in kenya. *medRxiv (Cold Spring Harbor Laboratory)*.

[PREVIDEL, 2021] PREVIDEL, B. A. (2021). Sistemas dinâmicos e modelos epidemiológicos. XXIX Congresso de Iniciação Científica - Unicamp.