



e-ISSN: 2177-8183

A MATEMÁTICA NO COMBATE A EPIDEMIA: ESTUDO SOBRE A COVID-19 NA REGIÃO DO VALE DO SÃO FRANCISCO

MATHEMATICS IN COMBATING THE EPIDEMIC: A STUDY ON COVID-19 IN THE SÃO FRANCISCO VALLEY REGION

MATEMÁTICA EN LA LUCHA CONTRA LA EPIDEMIA: ESTUDIO SOBRE EL COVID-19 EN LA REGIÓN DEL VALLE DE SÃO FRANCISCO

Sergio Floquet
sergio.floquet@univasf.edu.br
Doutorado em Física (UFBA)
Professor da Univasf

Telio Nobre Leite
telio.leite@univasf.edu.br
Doutorado em Física (UFPB)
Professor da Univasf

Rômulo Calado Pantaleão Câmara
romulo.camara@univasf.edu.br
Doutorado em Doutorado em Ciência da Computação (UFPE)
Professor da Univasf

Alison Marcelo Van Der Laan Melo
alison.melo@univasf.edu.br
Doutorado em Matemática pela Universidade Estadual de Campinas
Professor da Univasf

Paulo Gustavo Serafim de Carvalho
paulo.carvalho@univasf.edu
Doutorado em Física - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho
Professor da Univasf

Paulo José Pereira
pjpereira3105@gmail.com
Doutorado em Demografia pela Universidade Estadual de Campinas
Professor da Univasf

Thiago Magalhães Amaral
prof.thiago.magalhaes@gmail.com
Doutorado em Engenharia de Produção (UFPE)
Professor da Univasf

João Pedro da Silva Neto
joao.neto@univasf.edu.br
Professor da Univasf

RESUMO

Neste artigo discutimos pedagogicamente a importância dos modelos epidemiológicos para se estudar a proliferação do Coronavírus (SARS-CoV-2), aplicando os Modelos Determinísticos SIRD, SEIRD e SIQR para analisar a proliferação da COVID19 nas cidades de Juazeiro-BA e Petrolina-PE, que apesar da proximidade geográfica recebem informações separadas dos diferentes estados. Com esses modelos obtemos o Número Básico de Reprodução, o período de duplicação do número de casos e uma estimativa para o número de infectados assintomáticos. Além disso, utilizamos regressões não lineares para estimar o número acumulado de casos confirmados e óbitos da próxima semana, além de prever o período de inflexão do número de casos na região. Tais análises foram realizadas pelo Grupo de Modelos Matemáticos

para COVID-19 do Vale do São Francisco (GMC-VASF) e divulgadas em boletins semanais.

PALAVRAS-CHAVE: Modelos epidemiológicos. COVID-19. Vale do São Francisco.

ABSTRACT

In this article we pedagogically discuss the importance of epidemiological models to study the proliferation of Coronavirus (SARS-CoV-2), applying the Deterministic Models SIRD, SEIRD and SIQR to analyze the proliferation of COVID-19 in the cities of Juazeiro-BA and Petrolina-PE, which despite the geographical proximity receive separate information from different states. With these models we obtain the Basic Reproduction Number, the period of doubling the number of cases and an estimate for the number of asymptomatic infected. In addition, we used non-linear regressions to estimate the cumulative number of confirmed cases and deaths for the next week, in addition to predicting the inflection period for the number of cases in the region. Such analyzes were carried out by the Group of Mathematical Models for COVID-19 in the São Francisco Valley (GMC-VASF) and published in weekly newsletters.

KEYWORDS: Epidemiological models. COVID-19. São Francisco Valley.

RESUMEN

En este artículo discutimos pedagógicamente la importancia de los modelos epidemiológicos para estudiar la proliferación del Coronavirus, aplicando los Modelos Deterministas SIRD, SEIRD y SIQR para analizar la propagación de COVID-19 en las ciudades de Juazeiro-BA y Petrolina-PE, que a pesar de la proximidad recibe información separada de diferentes estados. Con estos modelos obtenemos el Número Básico de Reproducción, el período de duplicación de los casos y una estimación del número de personas infectadas asintomáticas. Además, utilizamos regresiones no lineales para estimar el número de casos confirmados y muertes para la próxima semana, además de predecir el período de inflexión para el número de casos en la región. Dichos análisis fueron realizados por el Grupo de Modelos Matemáticos para COVID-

19 en el Valle de São Francisco (GMC-VASF) y publicados en boletines semanales.

PALABRAS CLAVE: Modelos epidemiológicos. COVID-19. Valle de San Francisco.

INTRODUÇÃO

A China foi o primeiro país a reportar um surto de pneumonia de causa desconhecida, associada a um mercado atacadista de frutos do mar da maior cidade da província de Hubei, Wuhan. Os sintomas clínicos típicos desses pacientes eram febre, tosse seca, dificuldades respiratórias, dor de cabeça e pneumonia. A doença podia resultar em insuficiência respiratória progressiva devido ao dano alveolar, podendo levar a morte. A análise de sequenciamento de amostras do trato respiratório inferior indicou um novo coronavírus, que foi denominado de 2019-nCoV. (HUANG, 2020; Li, 2020). A síndrome respiratória aguda grave 2 (SARS-CoV-2) foi o nome atribuído pelo Comitê Internacional de Taxonomia de Vírus (ICTV) para o novo vírus causador da COVID-19 (WHO, 2020).

Em 3 de fevereiro de 2020, o Ministério da Saúde declarou Emergência de Saúde Pública de Importância Nacional (ESPIN) em decorrência da infecção humana pelo novo Coronavírus (COVID-19), por meio da Portaria MS nº 188, e conforme Decreto nº 7.616 de 17 de novembro de 2011. O primeiro caso no Brasil foi confirmado em São Paulo em 26 de fevereiro de 2020 (Ministério da Saúde, 2020). Foi num homem de 61 anos que voltou de uma viagem na Itália, onde havia um aumento expressivo de casos da doença. A partir de então a doença começou a se espalhar pelo país, tendo hoje casos confirmados nas

capitais e cidades do interior de todos os estados do Brasil (CORONAVIRUS - Brasil, 2021). Neste contexto, não demorou muito para a doença alcançar as duas principais cidades do Submédio do São Francisco, Petrolina-PE e Juazeiro-BA.

Petrolina é um município brasileiro do interior do estado de Pernambuco, com área territorial de 4.561,870 km². Tem uma população estimada de 354.317 habitantes e densidade demográfica de 64,4 hab/km² (IBGE, 2020). Está distante 712 km da capital Recife e possui aeroporto com voos para cidades do país com conexões internacionais. Juazeiro é um município do estado da Bahia, localizado na região submédica da Bacia hidrográfica do São Francisco, distante cerca de 508 km da capital Salvador. Tem área territorial de 6.721,247 km² e sua população é estimada em 218.162 pessoas. A densidade demográfica é de 30,42 hab/km² (IBGE, 2020). As duas cidades situam-se no Sertão da Região Nordeste do Brasil e formam o maior aglomerado urbano do Semiárido brasileiro, fazendo parte da Região Administrativa Integrada de Desenvolvimento do Polo Petrolina e Juazeiro (RPJ), regulamentada a partir do decreto N° 4.366 de 09 de setembro de 2002.

Juazeiro-BA e Petrolina-PE registraram os primeiros casos de COVID-19 no dia 23 de março de 2020, um em cada cidade. Em Petrolina uma paciente que teve histórico de viagem ao exterior e Juazeiro um paciente de 74 anos com o mesmo perfil. Com o aumento sucessivo de casos nas duas cidades, os municípios adotaram medidas de prevenção como higiene adequada, fechamento do comércio local, suspensão de eventos festivos, isolamento social e uso de máscara. Desde então, o Grupo de Pesquisa de Modelos Matemáticos para COVID-19 do Vale do São Francisco (GMC-VASF) vem acompanhando a evolução da pandemia nos dois municípios vizinhos, divulgando os resultados em boletins semanais e relatórios mensais.

Grande parte das informações sobre o avanço da COVID-19 estão centralizadas nas capitais, que abarcam a maioria dos casos da doença. Regiões que ficam entre dois estados, como é o caso dos municípios de Juazeiro-BA e Petrolina-PE que são separadas pela ponte Presidente Dutra com extensão de 801 metros, recebem informações separadas dos seus respectivos estados sem levar em conta a proximidade geográfica entre as duas cidades. Isso reforça a importância de analisar esta região de maneira integrada, levando em conta essa proximidade geográfica que é um fator essencial para a transmissão do vírus.

Com o avanço da pandemia diversos modelos foram aplicados nas análises e descrição dos casos da COVID-19 ao redor do mundo (MOHAMADOU, 2020). Termos técnicos ligados à modelagem epidemiológica se tornaram comuns, aparecendo em telejornais e sites de notícia, fazendo parte do cotidiano da população. Cada modelo abarca as suas especificidades, explorando uma perspectiva sobre a evolução da COVID-19. Sendo aplicados em macrorregiões, tais modelos refletem características globais da expansão da pandemia, sendo difícil imaginar que toda uma região expresse o mesmo comportamento em relação à contaminação da doença.

Com o intuito de aplicar esses modelos ao Vale do São Francisco¹, mas especificamente as cidades de Petrolina-PE e Juazeiro-BA, surgiu o Grupo de Modelos Matemáticos para COVID-19 do Vale do São Francisco (GMC-VASF, 2020) com o seu primeiro boletim publicado em 10/06/2020. Deste de então, são publicados boletins semanais que analisam a evolução dos casos da COVID-19 na região, implementando diversos modelos e trazendo análises e

¹ Ao longo de todo o artigo iremos nos referir ao Vale do São Francisco como as cidades de Juazeiro-Ba e Petrolina-PE, que é o maior aglomerado urbano do semiárido nordestino.

previsões para as duas cidades, com o intuito de informar a população sobre a situação local da pandemia.

Neste artigo, pretendemos descrever alguns modelos matemáticos de forma pedagógica, com o mínimo de equações, trazendo a essência por trás das expressões matemáticas e aplicando esses modelos para analisar a pandemia nas cidades de Juazeiro-BA e Petrolina-PE. Inicialmente apresentamos a Metodologia empregada, em seguida discutimos os Modelos Epidemiológicos, em especial os Modelos Determinístico, abordando os Modelos SI, SIR, SIRD, SEIRD e SIQR, sendo os últimos três aplicados aos dados da COVID-19 da região. Implementamos também diversas funções aplicadas no ajuste dos dados da COVID-19, reunindo essas análises para estimar o período de inflexão dos casos confirmados e também compor previsões dos números de casos e óbitos para Juazeiro-BA e Petrolina-PE. Em seguida, é apresentada a Discussão sobre os resultados e para finalizar as Conclusões, as Referências Bibliográficas utilizadas e no Apêndice A um dos Boletins publicados ao longo deste período para fins de exemplificação.

METODOLOGIA

Para a análise da COVID-19 utilizamos os dados disponibilizados pelos Boletins Diários da FACAPE (LIMA, 2020), que contabiliza as informações dos casos confirmados acumulados e número de óbitos acumulados desde o início da pandemia no Vale do São Francisco, em 23 de março de 2020. Além disso, utilizamos os Boletins Diários oficiais das prefeituras de Juazeiro-BA (JUAZEIRO-BA, 2020) e Petrolina-PE (PETROLINA-PE, 2020). Com essa base de dados aplicamos os modelos epidemiológicos determinísticos, além de

regressões não lineares, a fim de analisar o avanço da primeira onda da pandemia entre os dias 23 de março de 2020 a 07 de agosto de 2020.

Os cálculos numéricos foram realizados utilizando o R-cran (R-CRAN, 2013) (linguagem e uma interface gráfica distribuída livremente), o RStudio (RStudio, 2015) (ambiente de desenvolvimento) e o MicroFit (SIQUEIRA, 2014) (software gratuito para criação, uso e comparação de modelos matemáticos preditivos).

A resolução dos sistemas de equações diferenciais ordinárias foi feita utilizando o pacote "deSolve" (SOETAERT, 2010) e a otimização dos parâmetros dos modelos epidemiológicos foi realizada a partir do pacote "DEoptim" (MULLEN, 2011). Para mensurar a diferença entre os valores dos modelos e os dados tabulados da região, aplicamos o RMSE (*Root Mean Square Error*), sendo essa a principal medida de controle, uma vez que este tipo de erro era usado para selecionar o método mais adequado para um determinado conjunto de dados epidemiológicos,

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N (y_i - x_i)^2}{N}} \quad (1)$$

onde N é o número total de dias dos dados, y_i são os dados tabulados e x_i os valores dos modelos. Nosso objetivo não é focar no desenvolvimento matemático e computacional e sim, discutir os modelos epidemiológicos de forma simples e didática, explorando o significado das soluções destes modelos.

MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS

Quando uma doença se espalha rapidamente em diversas regiões chamamos de Epidemia e caso essa epidemia se estenda a níveis mundiais, denominamos de Pandemia. O Brasil possui epidemias constantes de dengue e zika, enquanto a Europa e a Eurásia passaram por uma pandemia de peste bubônica matando respectivamente 75 e 200 milhões de pessoas nessas duas regiões no século XIV, além disso, estima-se que 50% da população europeia foi dizimada devido à esta pandemia (RODRIGUES, 2020; SPYROU, 2016).

A Modelagem Matemática consiste em tentar mapear problemas de interesse a partir da linguagem matemática. Tentamos extrair as propriedades essenciais do problema e representá-las em termos de equações, ou conjunto de equações, cuja solução fornece informações a cerca do sistema estudado. Quanto melhor o modelo matemático representar as características do sistema, esperamos que mais fidedigna será a solução do problema.

Uma questão importante a ser comentada é que, como o próprio nome diz, o que estamos analisando são modelos. São abstrações de problemas concretos e como tal, estão sempre sujeitos à falhas. Um comportamento não se realizou porque um modelo diz que sim. Os fenômenos ocorrem e o que os modelos tentam fazer é estimar uma previsão do que pode acontecer. As soluções dos modelos matemáticos têm que ser estudadas cuidadosamente, pois nem toda solução matemática está necessariamente associada ao problema de interesse, ou seja, podemos obter soluções de um modelo matematicamente corretas mas que não são necessariamente coerente quando associadas ao problema estudado.

A utilização da linguagem Matemática para estudar doenças infecciosas iniciou-se com Daniel Bernoulli (BERNOULLI, 1760; BERNOULLI, 2004) com um

estudo sobre a mortalidade da varíola, no qual argumentava sobre os benefícios da inoculação do patógeno obtido de um indivíduo com um caso leve da doença. Diversos desenvolvimentos foram feitos na época (BACAËR, 2011), mas uma contribuição salutar veio de W. Hamer em 1906 (HAMER, 1906) ao postular que a propagação de uma doença numa população é proporcional ao produto dos indivíduos susceptíveis pelos indivíduos infectados. Em 1911 *sir* Ronald Ross, após ter ganhado o prêmio Nobel de medicina em 1902 pelo seu trabalho sobre a malária, construiu um modelo matemático para estudar a transmissão desta doença a partir da análise de um sistema composto por duas equações diferenciais acopladas (ROSS, 1911).

Foi em 1927 que Kermack e McKendric (KERMACK, 1927) apresentaram um modelo matemático, atualmente conhecido como SIR, compartimentalizando a população em 3 categorias: Susceptíveis (S), Infectados (I) e Recuperados (R), onde a dinâmica deste modelo é ditada por um sistema de 3 equações diferenciais ordinárias. A partir deste modelo podemos calcular diversas características, como por exemplo o Número Básico de Reprodução, denotado por R_0 , que indica o número médio de pessoas que uma pessoa infectada pode transmitir a doença.

Desde então, diversos modelos surgiram na literatura para analisar diversas patologias em diferentes situações (ALLEN, 2008; DALEY, 2001; TAN, 2005). Analisaremos aqui: alguns modelos determinísticos, em que as quantidades de indivíduos susceptíveis (S), infectados (I), recuperados (R), mortos (D), etc., são funções reais no tempo satisfazendo um sistema de equações diferenciais ordinárias e dependendo de um conjunto de parâmetros. A solução destas equações diferenciais, para certos valores dos parâmetros, determina como os diversos indivíduos se comportam ao longo do tempo.

MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS DETERMINÍSTICOS

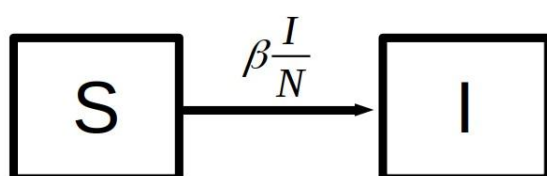
Iremos comentar alguns modelos determinísticos baseados em sistemas de equações diferenciais ordinárias em relação ao tempo, onde imaginamos os indivíduos compartimentalizados em categorias. Nosso objetivo é discutir pedagogicamente as expressões matemáticas e por isso não nos aprofundaremos em aspectos técnicos dos cálculos e em suas aplicações. Esse sistema de equações é regido pela lei de conservação das massas, o que permite representar a dinâmica por meio de um fluxograma onde as categorias são caixas e as setas representam as relações entre os compartimentos. As setas partindo de uma caixa e apontando para outra indica que o fluxo vai da primeira para a segunda. Por sua vez, nas equações o fluxo que sai de uma determinada categoria é subtraído e o fluxo que nela chega é somado aos seus elementos.

MODELO SI

O modelo mais simples que podemos pensar consiste em dividirmos a população em duas categorias: os Susceptíveis a doença (S) e Infectados pela doença (I). Ronald Ross (ROSS, 1911) propôs que a probabilidade de um novo indivíduo ser infectado é proporcional ao número de infectados e ao número de susceptíveis, ou seja, associado a $\beta \frac{S}{N} I$, onde $N = S + I$ é o número total da população do modelo e β é a taxa de infecção. O sistema de equações diferenciais associado é dado pela Equação (2), sendo representado pelo fluxograma da Figura 1.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta I}{N}S \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta I}{N}S\end{aligned}\quad (2)$$

Figura 1 – Modelo SI: Susceptíveis e Infectados.



Fonte: Os autores.

No lado esquerdo da Equação (2) temos a derivada em relação ao tempo, ou seja, a taxa de variação temporal de cada um dos compartimentos. Desta forma, cada linha da Equação (2) representa como ocorre a evolução temporal dos indivíduos Susceptíveis (S) e Infectados (I). No lado direito da primeira linha da Equação (2) temos o sinal de menos representando a diminuição dos indivíduos da categoria S que passam para a I, enquanto na segunda linha da Equação (2) temos o crescimento do número de infectados, sendo que os dois processos são regulados a uma taxa de infecção β .

Na Figura 1 percebemos que a população, inicialmente susceptível, se torna infectada ao longo do tempo a uma taxa β . Quanto maior a taxa de infecção mais rápido as pessoas se infectam com a doença, ou seja, mais rápido as pessoas passam do compartimento Susceptível para o compartimento Infectado. Quanto mais tempo passa, mais as pessoas se tornam infectadas.

Trata-se de um modelo simples, mas que introduziu algumas ideias fundamentais para os subseqüentes modelos epidemiológicos baseados em equações diferenciais ordinárias

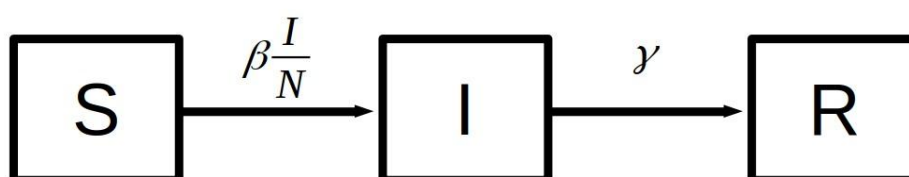
MODELO SIR

O modelo SIR foi proposto em 1927 por Kermack e McKendrick (KERMACK, 1927) e separa a população em três categorias: Susceptíveis (S), Infectado (I) e Removido (R), que são os indivíduos recuperados ou mortos pela doença. Nesse modelo o indivíduo passa de susceptíveis para infectado, similar ao modelo SI, e os infectados podem ser removidos com uma taxa γ , sendo $N = S + I + R$ a população total do modelo, que é um valor constante. Apresentamos as equações diferenciais associadas ao modelo SIR na Equação (3) e o fluxograma na Figura 2.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta I}{N}S \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta I}{N}S - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I\end{aligned}\quad (3)$$

O lado esquerdo da Equação (3) são as variações temporais das quantidades dos indivíduos Susceptíveis, Infectados e Removidos, enquanto o lado direito representa o fluxo de cada um dos compartimento. Podemos perceber que a saída dos indivíduos do compartimento I para R é governada pelo parâmetro γ . A representação gráfica do fluxograma da Figura 2 ajuda a visualizar e entender as transições entre os compartimentos, auxiliando na compreensão do modelo.

Figura 2 – Modelo SIR: Susceptíveis, Infectados e Removidos.



Fonte: Os autores.

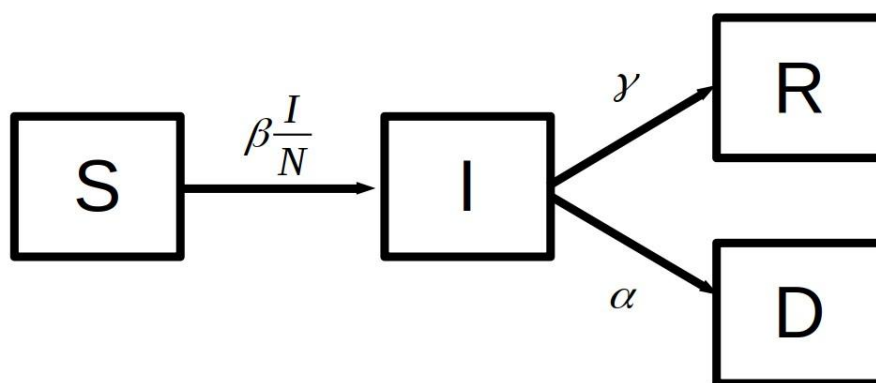
Para o modelo SIR podemos calcular o Número Básico de Reprodução, $\left(R_0 = \frac{\beta}{\gamma}\right)$ que fornece, em média e no período inicial da doença, uma estimativa do número de indivíduos susceptíveis que um único infectado transmite a doença, fornecendo assim um grau de proliferação da enfermidade. O R_0 tomou a vitrine dos noticiários ao fornecer informação sobre como se dá o crescimento dos casos da COVID-19 numa determinada região. Para a COVID-19 com a implementação das medidas de isolamento social e higiene adequadas, temos um valor de R_0 que pode variar entre 1 - 3, enquanto sem essas medidas citadas temos o R_0 maior que 3 (ALIMOHAMADI, 2020; BILLAH, 2020). Os valores de R_0 são destacados em todos os boletins publicados pelo GMC-VASF conforme mostrado na primeira linha da Tabela 1 do Apêndice A.

MODELO SIRD

O modelo SIRD surge a partir do modelo SIR nas situações em que se pretende levar em consideração a mortalidade decorrente da infecção. Isto dá origem a duas categorias: Recuperados (R) e Mortos (D), com a população total do modelo dada por $N = S + I + R + D$. A taxa de recuperação será representada por γ e a taxa de mortalidade será representada por α nas equações. Neste caso temos o modelo SIRD, cujas equações são apresentadas em (4) e o fluxograma na Figura 3.

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta I}{N}S & (4) \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta I}{N}S - \gamma I - \alpha I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \\ \frac{dD}{dt} &= \alpha I \end{aligned}$$

Figura 3 – Modelo SIRD: Susceptíveis, Infectados, Recuperados e Mortos.



Fonte: Os autores.

Ao adicionar um novo compartimento mudamos a dinâmica do modelo, ampliando as possíveis transições dos indivíduos infectados. Quanto mais

compartimentos tivermos mais complexo é o modelo, o que também aumenta o número de equações e parâmetros necessários tornando assim o processamento computacional mais oneroso. Portanto, cada compartimento deve ser pensado para representar uma característica importante da evolução da doença.

O número básico de reprodução para o modelo SIRD é $R_0 = \frac{\beta}{\gamma + \alpha}$, fornecendo

o grau de contágio da doença para este modelo. Como I representa o número de infectados em um determinado instante de tempo, que diminui a medida que os indivíduos se recuperam ou morrem, o número acumulado de indivíduos infectados neste modelo é dado por $C(t) = I(t) + R(t) + D(t)$ (CANTO, 2020).

Aplicamos o modelo SIRD para analisar os casos de COVID-19 nas cidades de Juazeiro-BA e Petrolina-PE. Os três parâmetros do modelo, juntamente com os dados iniciais da epidemia, determinam as principais características da propagação da doença. Como o conjunto de valores podem ser quaisquer, a priori, podemos inserir informações a fim de representar melhor a doença que queremos estudar. Portanto, reescrevendo os parâmetros $\gamma = \frac{1 - m}{T_i}$ e $\alpha = \frac{m}{T_i}$

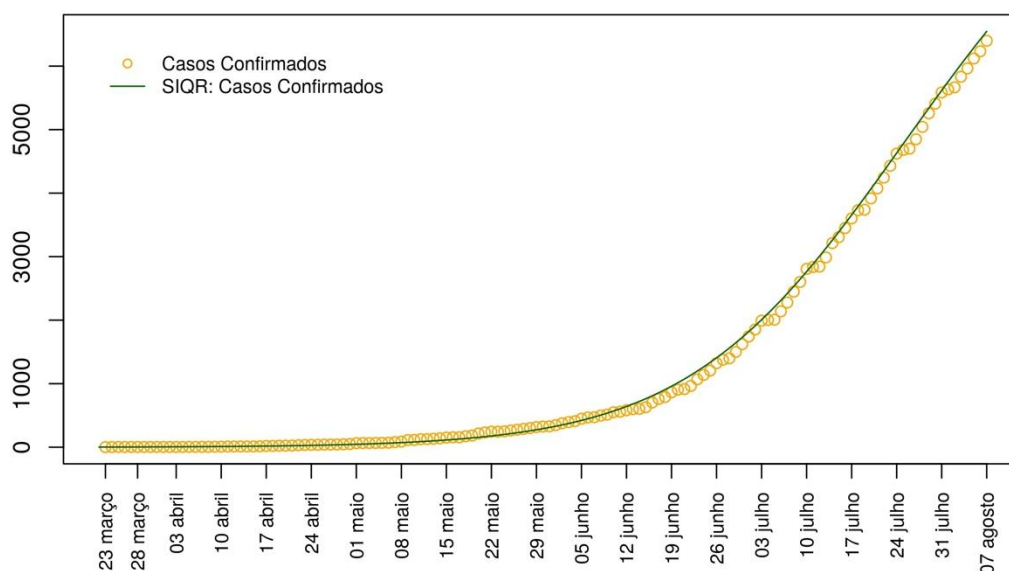
, onde T_i é o tempo médio de infecção da COVID-19, que consideraremos como 10,5 dias (HASAN, 2020). O resultado é apresentado na Figura 4 e os valores dos parâmetros na Tabela 1, onde o valor de N é determinado computacionalmente para proporcionar um melhor ajuste da curva aos dados, pois as medidas de isolamento social restringem parte da população e diminuem os indivíduos efetivamente susceptível a doença.

Tabela 1 – Valores dos parâmetros do modelo SIRD para Juazeiro-BA e Petrolina-PE.

R_0	β	γ	α
1,6343	0,1556	0,0923	0,0030

Fonte: Os autores.

Figura 4 – Modelo SIRD: Susceptíveis, Infectados, Recuperados e Mortos, para os casos de COVID-19 de Juazeiro-BA e Petrolina-PE.



Fonte: Os autores.

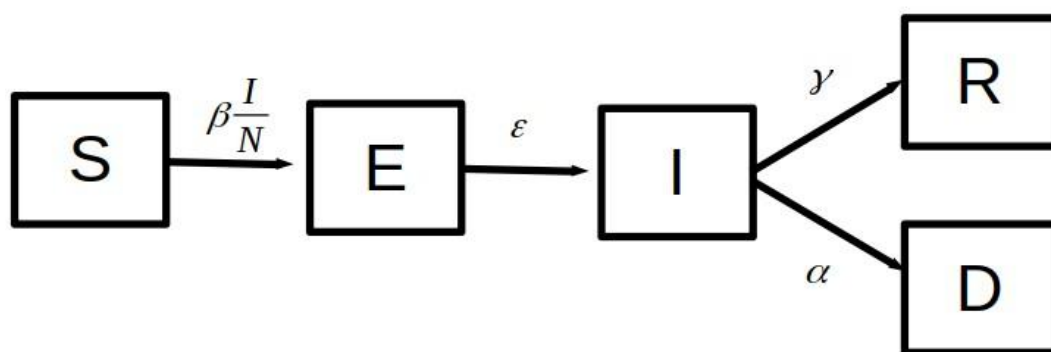
MODELO SEIRD

Em algumas doenças, como é o caso da COVID-19, entre o indivíduo estar susceptível (S) e Infectado (I), existe uma fase de Exposição (E) associada ao

período de incubação da doença. Este período é modelado a partir do parâmetro ε , em que o indivíduo está infectado mas não é infeccioso, ou seja, não transmite a doença para outras pessoas. Neste caso o número total da população é $N = S + E + I + R + D$, onde as equações diferenciais que descrevem o modelo SEIRD estão em (5), com o fluxograma apresentado na Figura 5.

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta I}{N}S & (5) \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta I}{N}S - \varepsilon E \\ \frac{dI}{dt} &= \varepsilon E - \gamma I - \alpha I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \\ \frac{dD}{dt} &= \alpha I \end{aligned}$$

Figura 5 – Modelo SEIRD: Susceptíveis, Expostos, Infectados, Recuperados e Mortos.



Fonte: Os autores.

Esse novo compartimento (E) onde os indivíduos foram expostos ao vírus, é regulado pelo parâmetro ε que é uma característica específica da doença. Para a COVID-19 consideramos o período de incubação do vírus como sendo em média 3 dias (PHAN, 2020), portanto essa informação foi fixada no nosso modelo para termos uma solução que represente da melhor forma a doença que estamos interessados. Novamente deixamos o número total de indivíduos do modelo variando, a fim de representar que parte da população se encontra em isolamento social, não estando efetivamente susceptíveis a doença.

Para este modelo o número básico de reprodução é similar ao SIRD, dado por

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma + \alpha},$$

com o número de casos infectados acumulado igual a $C(t) = I(t) +$

$R(t) + D(t)$ (CANTO, 2020). Aplicamos o modelo SEIRD aos casos

confirmados e óbitos da COVID-19 das cidades de Juazeiro-BA e Petrolina-PE, onde novamente consideramos que $\gamma = \frac{1 - m}{T_i}$ e $\alpha = \frac{m}{T_i}$,

com $T_i = 10,5$ dias (HASAN, 2020). O resultado é apresentado na Figura 6 e os valores dos parâmetros na Tabela 2.

Tabela 2 – Valores dos parâmetros do modelo SEIRD para Juazeiro-BA e Petrolina-PE.

R_0	ε	β	γ	α
1,8722	$\frac{1}{3}$	0,1783	0,0923	0,0030

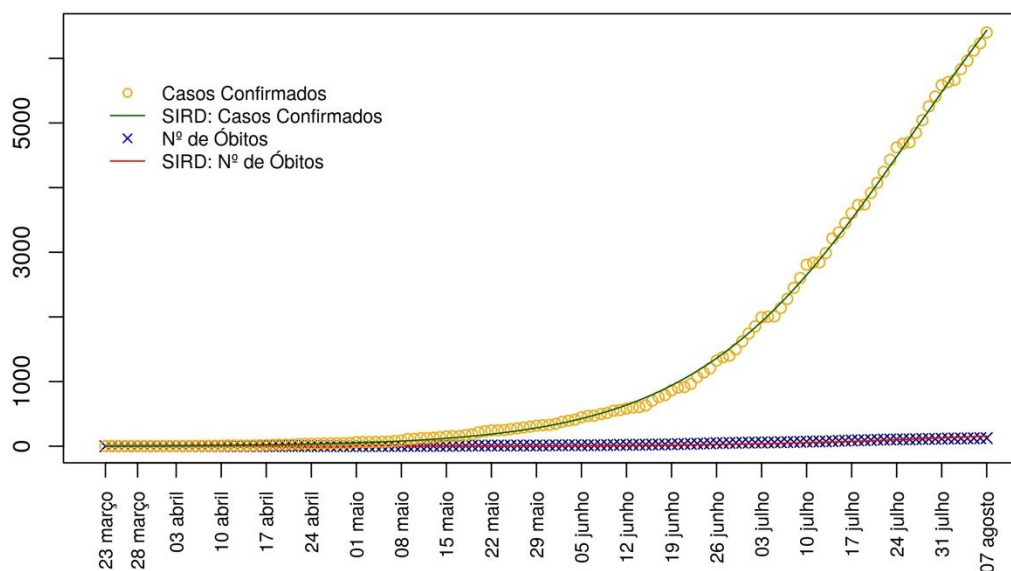
Fonte: Os autores.

MODELO SIQR

Uma outra perspectiva para a dinâmica da doença consiste no modelo SIQR (CROKIDAKIS, 2020a; CROKIDAKIS, 2020b; PEDERSEN, 2020), onde os indivíduos Infectados (I) englobam os indivíduos que não irão desenvolver a doença, casos assintomáticos, e pacientes sintomáticos que ainda não foram testados positivamente. Por sua vez, pacientes isolados pois testaram positivamente para a doença encontram-se em Quarentena (Q). Parte dos pacientes infectados podem se recuperar naturalmente ou infelizmente morrer, assim como os indivíduos em quarentena, passando para a classe dos Removidos (R).

Os indivíduos infectados são removidos a uma taxa α , enquanto os indivíduos que foram testados e positivados com o vírus são removidos a uma taxa γ . Esses parâmetros, neste modelo, possuem um significado diferente dos anteriores, indicando uma nova perspectiva para a proliferação do vírus levando em conta os casos assintomáticos. O sistema de equações diferenciais do modelo SIQR é descrito na Equação (6) e o fluxograma exposto na Figura 7.

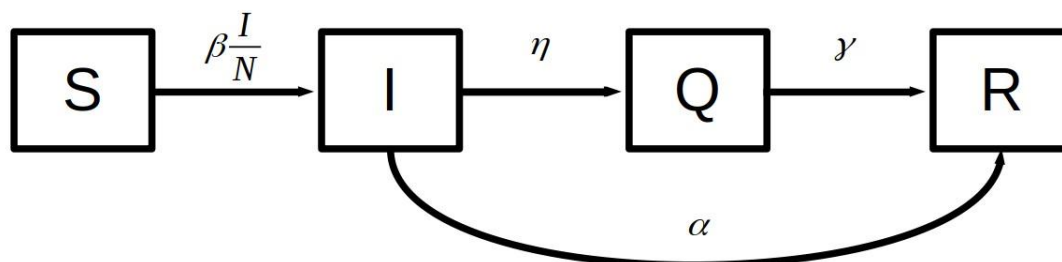
Figura 6 – Modelo SEIRD: Susceptíveis, Expostos, Infectados, Recuperados e Mortos, para os casos de COVID-19 em Juazeiro-BA e Petrolina-PE.



Fonte: Os autores.

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta I}{N} S & (6) \\
 \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta I}{N} S - \alpha I - \eta I \\
 \frac{dQ}{dt} &= \eta I - \gamma Q \\
 \frac{dR}{dt} &= \gamma Q + \alpha I
 \end{aligned}$$

Figura 7 – Modelo SIQR: Susceptíveis, Infectados, Quarentenas e Recuperados.



Fonte: Os autores.

Neste modelo o número básico de reprodução é $R_0 = \frac{\beta}{\alpha + \eta}$ e o número de casos confirmados acumulados é dado por $C(t) = Q(t) + R(t)$ (CROKIDAKIS, 2020a; CROKIDAKIS, 2020b; PEDERSEN, 2020). O modelo SIQR permite calcular também, a partir dos parâmetros, outras informações importantes para entender a evolução da pandemia, tais como: o período de duplicação do número de casos (τ), que fornece, em média, em quantos dias o número de casos confirmados duplica

$$\tau = \frac{\ln 2}{\beta - \alpha - \eta} \quad (7)$$

e a razão do número de infectados sobre os casos confirmados $\left(\frac{I}{Q}\right)$, que

permite estimar o número de assintomático do modelo

$$\frac{I}{Q} = \frac{\gamma + \beta - \alpha - \eta}{\eta} \quad (8)$$

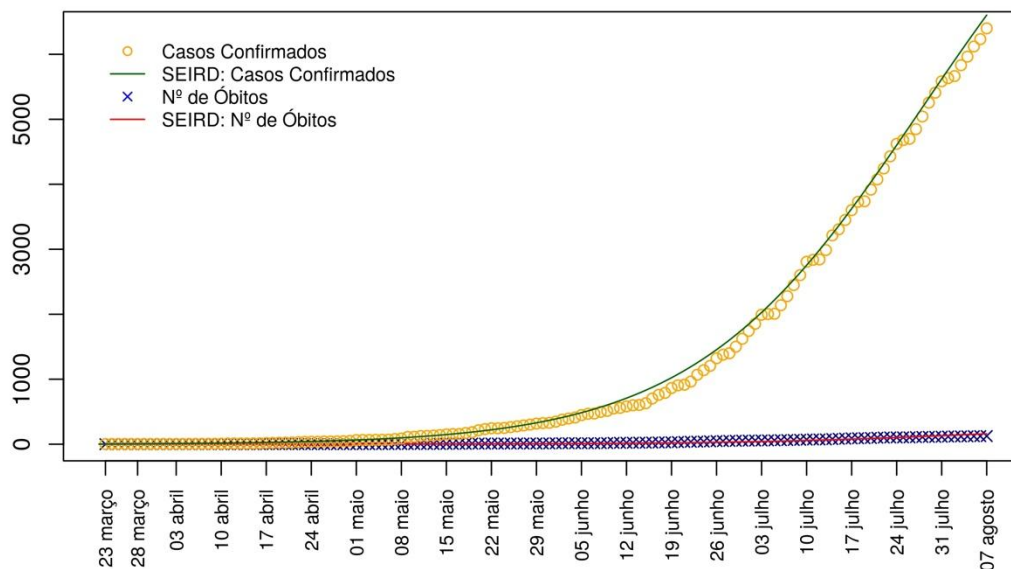
Aplicamos o modelo SIQR as cidades de Juazeiro-BA e Petrolina-PE, novamente tomando a população total do modelo como uma incógnita, e apresentamos os resultados na Figura 8 e os valores dos parâmetros na Tabela 3.

Tabela 3 – Valores dos parâmetros do modelo SIRQ para Juazeiro-BA e Petrolina-PE.

R_0	τ	$\frac{I}{Q}$	β	η	γ	α
1,5390	10,8519	6,4222	0,1824	0,0664	0,3627	0,0521

Fonte: Os autores.

Figura 8 – Modelo SIQR: Susceptíveis, Infectados, Quarentenas (Q) e Recuperados, para os casos de COVID-19 de Juazeiro-BA e Petrolina-PE.



Fonte: Os autores.

AJUSTES BASEADOS EM REGRESSÕES

Dentro da Estatística, Regressão consiste em métodos para investigar a relação entre duas ou mais variáveis (YAN, 2009). Sua origem está relacionada com os trabalhos de Legendre em 1805 e Gauss em 1809, que aplicaram o Método dos Mínimos Quadrados (MMQ) para determinar a órbita de corpos celestes. Podemos separar as regressões em três tipos: as Regressões Lineares, que assumem que as relações entre as variáveis são lineares nos parâmetros, ou seja,

$$y = \beta_0 + \beta_1 x + \varepsilon, \tag{9}$$

onde a relação entre as variáveis y e x é definida linearmente sobre os parâmetros β_0 e β_1 , e ε é o erro aleatório que assumimos seguir uma distribuição normal com média $E(\varepsilon) = 0$ e variância $Var(\varepsilon) = \sigma^2$; as Regressões Multilineares, que consideram que y depende de várias variáveis $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$

$$y = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \dots + \beta_n x_n + \varepsilon, \quad (10)$$

linearmente descrita pelos parâmetros $\{\beta_0, \beta_1, \beta_2, \dots, \beta_n\}$, cujo erro segue uma distribuição normal de média nula e variância σ^2 , e as Regressões Não-Lineares onde a relação entre as variáveis é descrita por uma relação não linear nos parâmetros, como por exemplo

$$y = \frac{\alpha}{1 + e^{\beta x}} + \varepsilon, \quad (11)$$

com α e β parâmetros do ajuste.

Ao invés de esperar que os dados da COVID-19 sigam o comportamento de uma única regressão, consideramos diversas regressões a fim de descrever o número acumulado de casos confirmados e óbitos, com o intuito de levar em consideração diferentes formas de crescimento da doença. Analisamos os erros das estimativas e consideramos os melhores ajustes a fim de construir um intervalo para previsão dos valores.

Modelo Logístico

Podemos modelar o crescimento dos casos da COVID-19 como uma função positiva, crescente até atingir um determinado valor limite representando o

percentual da população infectada. O modelo logístico de crescimento, ou modelo Verhulst, pode ser representado a partir da equação diferencial

$$\frac{dC(t)}{dt} = rC(t) \left(1 - \frac{C(t)}{K}\right) \quad (12)$$

onde r representa a taxa de crescimento exponencial e K representa o limite máximo de saturação, ou seja, a população máxima infectada pela doença.

Resolvendo a equação diferencial, temos (WANG, 2020).

$$(13) C(t) = \frac{K}{1 + \left(\frac{K}{C_0} - 1\right) e^{-rt}}$$

$$(14) = \frac{K}{1 + e^{-r(t-t_0)}}$$

onde a Equação (13) explicita a condição inicial C_0 , o número de casos em $t = 0$, e a Equação (14) evidencia o tempo que ocorre a inflexão da curva. $t_0 = \frac{1}{r} \ln \left(\frac{K}{C_0} - 1\right)$

O período de inflexão é quando a curva muda de concavidade, neste caso vem com a concavidade convexa, voltada para cima, indicando um crescimento acelerado do número de casos, e passa a ter uma concavidade côncava, voltada para baixo, indicando uma desaceleração deste crescimento. Portanto, esse ponto de inflexão indica o período em que deverá haver uma diminuição da transmissão da doença.

Modelo Logístico Generalizado

Está generalização do modelo Logístico consiste em considerar um expoente p no termo $C(t)$, como apresentado na Equação (15), dando mais liberdade para contemplar diferentes tipos de crescimento

$$\frac{dC(t)}{dt} = r(C(t))^p \left(1 - \frac{C(t)}{K}\right) \quad (15)$$

Modelo de Richards

No modelo de Richards (RICHARDS, 1959) proposto em 1959, modifica o modelo logístico adicionando uma potência α no termo $\frac{C(t)}{K}$, resultando em

Equação (16)

$$\frac{dC(t)}{dt} = rC(t) \left[1 - \left(\frac{C(t)}{K}\right)^\alpha\right] \quad (16)$$

A solução analítica da Equação (16) é dada por (WANG, 2020; MA, 2020)

(17)

$$C(t) = \frac{K}{\left\{1 + \alpha e^{-\alpha r(t - t_0)}\right\}^{\frac{1}{\alpha}}}$$

$$t_0 = \frac{1}{r\alpha} \ln \left[\frac{1}{\alpha} \left(\left(\frac{K}{C_0} \right)^\alpha - 1 \right) \right]$$

onde C_0 é a condição inicial da função $C(t)$ e o período de inflexão é justamente dado pela Equação (17), em que a curva muda de concavidade (TSOULARIS, 2002). Este modelo tem uma relação com o modelo SIR (WANG,

2020) e foi aplicado na análise da COVID-19 em vários países, como por exemplo em (ACUNA, 2020).

Modelo de Richards Generalizado

A generalização do Modelo de Richards, similar ao modelo Logístico, consiste em considerar o expoente p na Equação (16) (WU, 2020)

$$\frac{dC(t)}{dt} = r(C(t))^p \left[1 - \left(\frac{C(t)}{K} \right)^\alpha \right] \quad (18)$$

Modelo q-exponencial

O modelo de q-exponencial consiste em considerar que $K \rightarrow +\infty$ no Modelo Logístico Generalizado dado pela Equação (15), ou seja, que a função pode crescer indefinidamente resultando em

$$\frac{dC(t)}{dt} = r(C(t))^p \quad (19)$$

cuja solução analítica é dada por

$$\begin{aligned} C(t) &= \left[(C_0)^{1-q} + (1-q)rt \right]^{\frac{1}{1-q}} \quad (20) \\ &= C_0 e_q \left(\frac{rt}{(C_0)^{1-q}} \right). \end{aligned}$$

Na Equação (20) para $p = 1$ temos justamente o caso exponencial usual. Esta equação tem relação com a função q-exponencial, e_q , baseada na estatística de Tsallis e também foi utilizada na análise da COVID-19 (VASCONCELOS, 2020).

Modelo q-gaussiano generalizado

Um ajuste baseado numa generalização da q-Gaussiana, inspirado também na estatística de Tsallis (TSALLIS, 2020), ajustou dados da COVID-19 em vários países do mundo e é dado pela equação

$$\begin{aligned} C(t) &= K(t - t_0)^\alpha e_q^{-\beta(t-t_0)^\gamma} & (21) \\ &= \frac{K(t - t_0)^\alpha}{[1 + (q - 1)\beta(t - t_0)^\gamma]^{1/(q-1)}} \end{aligned}$$

que carrega a não extensividade a partir do parâmetro $q > 1$.

Modelo Gaussiano e Polinomial

Abordagens utilizando funções mais usuais foram propostas por (LEÓN, 2020; FANG, 2020) empregando funções Gaussianas, tais como

$$C(t) = Ke^{-\frac{(t - t_0)^2}{\sigma}} \quad (22)$$

e a sua integração, além das funções polinomiais de 2º, 3º e 4º ordem.

$$C_2(t) = a_0 + a_1t + a_2t^2, \quad (23)$$

$$C_3(t) = a_0 + a_1t + a_2t^2 + a_3t^3,$$

$$C_4(t) = a_0 + a_1t + a_2t^2 + a_3t^3 + a_4t^4$$

Previsões

Nos boletins semanais divulgados pelo grupo de pesquisa GMC-VASF apresentamos previsões para a próxima semana dos números acumulados de casos confirmados e óbitos, baseados nos ajustes previamente discutidos, aos dados de Juazeiro-BA e Petrolina-PE. Reforça-se que todas essas previsões foram tomadas de forma conjunta, ou seja, os resultados não foram individualizados para cada uma das cidades. A partir dos valores e dos erros obtidos, analisamos as previsões e formamos um intervalo contendo uma previsão para o avanço da COVID-19 para a próxima semana. Além disso utilizamos os modelos Logísticos e de Richards para prever o período de inflexão da curva. Na Tabela 4 apresentamos as previsões obtidas com esses ajustes e os valores oficiais divulgados pelas prefeituras.

Tabela 4 – Previsão para próxima semana do período de inflexão e do número acumulado de casos confirmados e óbitos de Juazeiro-BA e Petrolina-PE.

Boletim	Previsão Para o Dia	Casos Confirmados	Previsão Casos Confirmados	Óbitos	Previsão Óbitos	Período de Inflexão
Nº01	19/06/2020	865	696 – 752	29	22 – 24	18/07/2020
Nº02	26/06/2020	1323	894 – 972	48	30 – 34	22/07/2020

Nº03	03/07/2020	1992	1500 - 1659	57	52 - 59	06/08/2020
Nº04	10/07/2020	2807	2605 - 2736	71	75 - 84	02/08/2020
Nº05	17/07/2020	3602	3375 - 3742	90	80 - 90	01/08/2020
Nº06	24/07/2020	4622	4622 - 4995	105	99 - 109	01/08/2020
Nº07	31/07/2020	5585	5409 - 6014	115	121 - 132	03/08/2020
Nº08	07/08/2020	6399	6437 - 6969	125	133 - 140	07/08/2020

Fonte: Os autores.

DISCUSSÃO

Apesar da grande relevância histórica dos modelos SI e SIR, optamos por não os aplicar aos dados da COVID-19, pois uma característica importante desta doença é que parte dos infectados não se recuperam, vindo a óbito. Devido à baixa testagem das cidades brasileiras, os dados de mortalidade são importantes e representam uma informação que reflete a realidade da evolução da pandemia.

Para o modelo SIR percebemos que o grau de contágio representado pelo R_0 , é definido como a razão da taxa de contágio β pela taxa γ . Portanto para diminuir o valor de R_0 percebemos duas possibilidades, uma é diminuir a taxa de contágio, o que pode ser feito diminuindo o número de pessoas que se infectam com a doença a partir das medidas de isolamento social, distanciamento, uso correto de máscara e medidas de higiene. A outra maneira

seria aumentar o parâmetro γ por meio de um tratamento capaz de reduzir o tempo de infecção. Como no caso da COVID-19 aumentar o parâmetro γ é algo inviável, visto que não há medicamentos comprovadamente eficazes para o tratamento da COVID-19 e os leitos de UTI são insuficientes para atender o aumento exponencial de casos na maioria das cidades brasileiras. Portanto os modelos matemáticos ajudam a perceber que a medida mais eficiente para combater o Coronavírus é diminuindo a contaminação, o que pode ser feito respeitando as regras do distanciamento social, utilizando corretamente a máscara e realizando as medidas de higiene.

Explicitamos em todos os modelos o valor de R_0 , pois reforça dois pontos importantes. O primeiro, como vimos, é que o cálculo de R_0 depende do modelo empregado, ou seja, do modelo implementado para representar a dinâmica da doença, quais compartimentos são utilizados para descrever a evolução dos indivíduos e como esses compartimentos se relacionam. Portanto, diferentes modelos podem resultar em diferentes expressões para o R_0 , cada uma considerando diferentes aspectos do crescimento da pandemia. Em segundo lugar, essas expressões de R_0 reforçam que dentro das atuais possibilidades a maneira mais eficaz para diminuir a proliferação da COVID-19 é diminuindo a transmissibilidade da doença.

Os modelos SIRD, SEIRD e SIQR, Figuras 4, 6 e 8 respectivamente, apresentam um bom ajuste aos dados da COVID-19 para as cidades de Juazeiro-BA e Petrolina-PE. Além disso, nas Tabelas 1, 2 e 3 obtemos os parâmetros destes modelos que são coerentes com outras referências (SILVA, 2020; CALAFIORE, 2020; COUTO, 2020; PICCOLOMIINI, 2020; CROKIDAKIS, 2020a; CROKIDAKIS, 2020b). Isso nos permite considerar que os parâmetros obtidos nestas análises representam a realidade da pandemia nas duas cidades.

Pelo modelo SIRD, temos o número básico de reprodução $R_0 = 1,6343$, já para o modelo SEIRD obtemos $R_0 = 1,8722$ e com o modelo SIQR temos $R_0 = 1,5390$. Os diferentes valores estão associados a diferentes perspectivas sobre a forma de transmissão entre indivíduos susceptíveis, fornecendo resultados próximos. Desta forma, 100 pessoas infectadas transmitiram a doença, em média, para 154 a 187 pessoas ao longo da pandemia. Como tivemos medidas de *lockdown*, a transmissão não foi homogênea ao longo de todo o período analisado, mas os modelos epidemiológicos permitem perceber como ocorreu a proliferação da doença nas duas cidades e reforçam a necessidade das medidas de controle citadas a fim de diminuir o R_0 , que em situações sem tais medidas teria um valor maior que 3 (ALIMOHAMADI, 2020; BILLAH, 2020). Em particular no Boletim 03/2020, apresentado no Apêndice A, e no Relatório Mensal 02 do GMC-VASF, disponíveis em (GMC-VASF, 2020), discutimos que depois de um período de 10 e 20 dias após as prefeituras relaxarem as medidas de distanciamento social houve uma aceleração no contágio, que se refletiu num aumento na inclinação do gráfico de casos confirmados de COVID-19 na região.

A taxa de infecção β , assim com a taxa de mortalidade, α , e a taxa de recuperação, γ , nos modelos SIRD, SEIRD e SIQR, permitem analisar como a população infectada com a doença evoluiu na região. Comparando essas taxas com as obtidas em outras regiões, com os mesmos modelos, podemos analisar o grau de agressividade que a COVID-19 teve nas duas cidades. Tais valores presentes nas Tabelas 1, 2 e 3, podem servir como valores de referência para a região.

Um fato interessante do modelo SIQR é considerar os indivíduos Infectados e as pessoas em Quarentena, que foram efetivamente testadas e receberam resultado positivo. A pouca testagem nas cidades brasileiras, aliada aos casos

assintomáticos do vírus, impossibilita mensurarmos o número real de pessoas que foram contaminadas com a doença. A partir deste modelo temos que a razão $\frac{I}{Q}$ fornece uma estimativa da proporção de pessoas que foram

infectadas, mas não realizaram o teste, seja por ter tido sintomas leves da doença, seja por não ter conseguido realizar o teste. Pela Tabela 3, $\frac{I}{Q} = 6,4222$

o que indica que em 07 de agosto de 2020 teríamos um total de aproximadamente 41096 pessoas assintomáticas em Juazeiro-BA e Petrolina-PE. Vale a pena salientar que tal estimativa está ligada intimamente à precisão dos dados e representatividade do modelo, mas é capaz de nortear o tamanho da disseminação do vírus nas duas cidades.

Outro resultado que o modelo SIQR possibilita é o período de duplicação do número de casos, τ , que pela Tabela 3 é $\tau = 10,8519$, isto é, estimasse que a cada 11 dias aproximadamente o número de casos duplique. Pela Tabela 4 percebemos que essa estimativa se concretiza, o que reforça a ideia que o modelo está conseguindo capturar a realidade da disseminação da doença. Tal estimativa é útil pois no estágio inicial da doença, permite-nos projetar o número de infectados num determinado período auxiliando na tomada das decisões e na preparação para os cenários futuros da doença, servindo também como um valor de referências para balizar a evolução da COVID-19 no início da pandemia.

A razão $\frac{I}{Q}$ e o período de duplicação τ são sensíveis aos ajustes dos

parâmetros do modelo e se modificam dependendo dos dados analisados, refletindo as características da evolução da pandemia para um determinado período. Portanto é necessário reajustar os parâmetros do modelo sempre que novos dados são disponibilizados. Desta forma, os modelos podem capturar

mudanças de comportamento da população que podem advir de uma melhor compreensão sobre a doença ou de determinações das autoridades que podem reforçar ou relaxar o distanciamento social.

Na previsão do número de casos confirmados e óbitos, utilizamos diversas funções na literatura para ao invés de estimar um valor específico, obtermos uma faixa de valores. A forma do crescimento do número de casos e óbitos é muito sensível às medidas restritivas aderidas pelas prefeituras, que são decididas e implementadas em período de dias, assim como a disponibilidade dos leitos de UTI e a quantidade de testes realizados pelas prefeituras. Tudo isso impacta rapidamente e diretamente nos dados obtidos das duas cidades. Ainda assim, conseguimos acertar três estimativas para o número de casos confirmados e nos boletins Nº 04 e 08 erramos por 97 e 38 casos respectivamente, e acertamos três estimativas para o número de óbitos, dos oito boletins divulgados até o dia 07/08/2020.

Utilizando os modelos Logístico e de Richards estimamos o período de inflexão para os casos da COVID-19 em Juazeiro-BA e Petrolina-PE. Percebemos pela Tabela 4 que essa previsão varia nos boletins Nº 01 e 02, provavelmente devido à mudanças na forma do crescimento da pandemia, mas concentra-se na primeira semana de agosto nos demais boletins, fato este que se concretizou. Desta forma, a partir do uso desses modelos, o grupo foi capaz de prever, com antecedência de um mês, o período em que os casos da COVID-19 iriam começar a diminuir nas duas cidades. Tal informação foi divulgada amplamente nos boletins semanais do grupo e poderia ter sido utilizada para auxiliar na tomada das decisões das medidas restritivas na região.

CONCLUSÃO

Neste artigo discutimos detalhadamente a aplicação dos modelos epidemiológicos determinísticos SIRD, SEIRD e SIQR, que foram empregados na análise da COVID-19 nas cidades de Juazeiro-BA e Petrolina-PE. Discutimos a relevância desses modelos e como eles podem ser utilizados para auxiliar no acompanhamento da evolução da doença na região. Os três modelos citados mostraram um bom ajuste quando aplicados aos dados, com parâmetros compreendidos numa faixa que representa as características da COVID-19. Isso reforça a ideia de que os ajustes realizados representam bem a proliferação da pandemia nas duas cidades, permitindo uma análise baseada nesses valores.

Fomos capazes de estimar o número básico de reprodução, R_0 , da COVID-19 para as cidades de Juazeiro-BA e Petrolina-PE, obtendo que em média 100 pessoas infectadas transmitiram a doença para 154 a 187 pessoas na região. Calculamos também o período em que o número de casos deve duplicar, no período inicial da doença, que correspondeu em média a aproximadamente 11 dias. Por fim, estimamos que deve haver 41096 indivíduos assintomáticos em 07 de agosto de 2020, o que representa mais de 6 vezes o número de casos confirmados da doença.

Apresentamos algumas equações e expressões matemáticas para justificar nossas análises, com o objetivo de debater os conceitos pertinentes para o entendimento dos modelos, focando nas suas consequências e interpretações. Os dados obtidos neste artigo podem ser utilizados como parâmetros de referência para a região, possibilitando uma comparação da evolução da pandemia nas duas cidades com outras regiões do país, assim como o grau de adequação às medidas restritivas.

Utilizamos diversas funções conhecidas na literatura para ajustar os dados da COVID-19, o que resultou em estimativas para o número de casos e óbitos na região. Tais valores ajudaram a perceber como ocorreria o crescimento dos casos da COVID-19. Além disso, fomos capazes de prever com sucesso o período de inflexão do número de casos com um mês de antecedência, o que poderia ter ajudado as prefeituras das duas cidades, assim como a população em geral, no combate ao avanço do vírus.

Como limitação deste trabalho, todas as estimativas dos boletins publicados pelo GMC-VASF foram realizadas conjuntamente para as duas cidades, o que pode refletir uma não correspondências com as políticas públicas de saúde de cada município, uma vez que cada estado ou cidade tomou medidas distintas para o combate ao COVID-19 em diferentes momentos da pandemia.

Os boletins semanais do grupo estão disponíveis em (GMC-VASF, 2020), contendo diversas análises feitas até os dias atuais, e pretendem continuar sendo feitas até o encerramento da pandemia em Juazeiro-BA e Petrolina-PE.

REFERÊNCIAS

ACUNA-ZEGARRA, Manuel Adrian; COMAS-GARCÍA, Andreu; HERNÁNDEZVARGAS, Esteban; SANTANA-CIBRIAN, Mario; VELASCO-HERNANDEZ, Jorge. *The SARS-CoV-2 epidemic outbreak: a review of plausible scenarios of containment and mitigation for Mexico*. **MedRxiv**, 2020.

ALIMOHAMADI, Yousef; TAGHDIR, Maryam; SEPANDI, Mojtaba. *Estimate of the basic reproduction number for COVID-19: a systematic review and meta-*

analysis. *Journal of Preventive Medicine and Public Health*, v. 53, n. 3, p. 151, 2020.

ALLEN, Linda J. S. *Mathematical epidemiology*, Berlin: Springer, p. 81-130, 2008.

BACAËR, Nicolas. *A short history of mathematical population dynamics*. Londres: Springer-Verlag, 2011.

BERNOULLI, Daniel. *Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite vérole, et des avantages de l'inoculation pour la prévenir*. *Mem. Math. Phy. Acad. Roy. Sci. Paris*, p. 1-45, 1760.

BERNOULLI, Daniel; BLOWER, Sally. *An attempt at a new analysis of the mortality caused by smallpox and of the advantages of inoculation to prevent it*. *Reviews in Medical Virology*, v. 14, n. 5, p. 275, 2004.

BILLAH, Md Arif; MIAH, Md Mamun; KHAN, Md Nuruzzaman. *Reproductive number of coronavirus: A systematic review and meta-analysis based on global level evidence*. *PloS one*, v. 15, n. 11, p. e0242128, 2020.

CALAFIORE, Giuseppe C.; NOVARA, Carlo; POSSIERI, Corrado. *A time-varying SIRD model for the COVID-19 contagion in Italy*. *Annual Reviews in Control*, 2020.

CANTO, Fernando Javier Aguilar; AVILA-VALES, Eric José. *Fitting parameters of SEIR and SIRD models of COVID-19 pandemic in Mexico*. Disponível em: <https://www.researchgate.net/profile/Eric_Avila/research>. Acessado em: 08 de fevereiro de 2021.

CORONAVIRUS - BRASIL, 2021. Disponível em: <<https://covid.saude.gov.br>>. Acessado em: 08 de fevereiro de 2021.

COUTO, Bráulio; ALVIM, André Luiz; DA CUNHA JÚNIOR, Joaquim; STARLING, Carlos. Cenários Atuais de Transmissão da COVID-19 em Belo Horizonte/MG e Itabuna/BA: análise das primeiras 4 semanas da pandemia. ***Journal of Infection Control***, v. 9, n. 2, p. 51-57, 2020.

CROKIDAKIS, Nuno. *COVID-19 spreading in Rio de Janeiro, Brazil: do the policies of social isolation really work?*. **MedRxiv**, 2020.

CROKIDAKIS, Nuno. *Data analysis and modeling of the evolution of COVID-19 in Brazil*. **ArXiv**: 2003.12150, 2020.

DALEY, Daryl J.; GANI, Joe. ***Epidemic modelling: an introduction***. Cambridge: Cambridge University Press, 2001.

DE LEO, S., MAIA, G. G. , SOLIDORO, L., *Analysing and comparing the COVID-19 data: The closed cases of Hubei and South Korea, the dark March in Europe, the beginning of the outbreak in South America*. ***Journal of Medical Internet Research***, 19320, 2020.

FANG, Yaqing; NIE, Yiting; PENNY, Marshare. *Transmission dynamics of the COVID19 outbreak and effectiveness of government interventions: A data-driven analysis*. ***Journal of Medical Virology***, v. 92, n. 6, p. 645-659, 2020.

GMC-VASF, Grupo de Modelos Matemáticos para Covid-19 do Vale do São Francisco, Disponível em: <<https://gmcvasf.univasf.edu.br/home/>>. Acessado em: 08 de fevereiro de 2021.

HAMER, William Heaton. *Epidemic disease in England: the evidence of variability and of persistency of type*. **The Lancet**, v. 167, p. 569-574, 1906.

HASAN, Agus; SUSANTOB, H.; TJAHJONOD, V.R.; KUSDIANTARAE, R.; PUTRID, E.R.M.; HADISOEMARTOF, P.; NURAINIE, N. *A new estimation method for COVID19 time-varying reproduction number using active cases*. **ArXiv**: 2006.03766, 2020.

HUANG, Chaolin; WANG, Yeming; LI, Xingwang; REN, Lili; ZHAO, Jianping; HU, Yi; ZHANG, Li; FAN, Guohui; XU, Jiuyang; GU, Xiaoying; CHENG, Zhenshun; YU, Ting; XIA, Jiaan; WEI, Yuan; WU, Wenjuan; XIE, Xuelei; YIN, Wen; LI, Hui; LIU, Min; XIAO, Yan; GAO, Hong; GUO, Li; XIE, Jungang; WANG, Guangfa; JIAN, Rongmeng; GAO, Zhancheng; JIN, Qi; WANG, Jianwei; CAO, Bin. *Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China*. **The Lancet**, v.395, n.10223, p.497506, 2020.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, 2021. Disponível em: <<https://cidades.ibge.gov.br>>. Acessado em: 08 de fevereiro de 2021.

PREFEITURA DE JUAZEIRO-BA, Boletim Diário Covid-19. Disponível em:

<http://www.juazeiro.kinghost.net/app/transparencia/container_painel/>.

Acessado em: 30 de dezembro de 2020.

KERMACK, William Ogilvy; MCKENDRICK, Anderson G. *A contribution to the mathematical theory of epidemics*. **Proceedings of the Royal Society of London A**, v. 115, n. 772, p. 700-721, 1927.

LEÓN, Ugo A.; PÉREZ, Ángel G. C.; AVILA-VALES, E., *A data driven analysis and forecast of an SEIARD epidemic model for COVID-19 in Mexico*, **ArXiv**: 2004.08288, 2020.

LI, Qun; GUAN, Xuhua; WU, Peng; WANG, Xiaoye; ZHOU, Lei; TONG, Yeqing; REN, Ruiqi; LEUNG, Kathy; LAU, Eric; WONG, Jessica; XING, Xuesen; XIANG, Nijuan; WU, Yang; LI, Chao; CHEN, Qi; LI, Dan; LIU, Tian; ZHAO, Jing; LIU, Man; TU, Wenxiao; CHEN, Chuding; JIN, Lianmei; YANG, Rui; WANG, Qi; ZHOU, Suhua; WANG, Rui; LIU, Hui; LUO, Yinbo; LIU, Yuan; SHAO, Ge; LI, Huan; TAO, Zhongfa; YANG, Yang; DENG, Zhiqiang; LIU, Boxi; MA, Zhitao; ZHANG, Yanping; SHI, Guoqing; LAM, Tommy; WU, Joseph; GAO, George; COWLING, Benjamin; YANG, Bo; LEUNG, Gabriel; FENG, Zijian. *Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-Infected pneumonia*. **New England Journal of Medicine**, v.382, n.13, p.1199-1207, 2020.

LIMA, João R. F. de; MACEDO, Maria do S. C.; FERREIRA, Caliane B. *Report Diário para o Vale do São Francisco*. Disponível em: <<https://1732-26884.el-alt.com/83732/>>. Acessado em: 08 de fevereiro de 2021.

MA, Junling. *Estimating Epidemic Exponential Growth Rate And Basic Reproduction Number*. **Infectious Disease Modelling**, , v. 5, p. 129-141, 2020.

PEDERSEN, Morten; MENEGHINI, Matteo. *Quantifying undetected COVID19 case and effects of containment measures in Italy*. Disponível em: <https://www.researchgate.net/profile/Morten_Pedersen2>. Acessado em: 08 de dezembro de 2021.

PETROLINA-BA, *Coronavirus Boletins Diários*. Disponível em:

<<https://petrolina.pe.gov.br/coronavirus/coronavirus-boletins-diarios/>>.

Acessado em: 08 de fevereiro de 2021.

PHAN, Lan; NGUYEN, Thuong; LUONG, Quang; NGUYEN, Thinh; NGUYEN, Hieu; LE, Hung; NGUYEN, Thuc; CAO, Thang; PHAM, Quang. *Importation and humanto-human transmission of a novel coronavirus in Vietnam. **New England Journal of Medicine***, v. 382, n. 9, p. 872-874, 2020.

PICCOLOMIINI, Elena Loli; ZAMA, Fabiana. *Monitoring Italian COVID-19 spread by an adaptive SEIRD model. **MedRxiv***, 2020.

R Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing*. Disponível em: <<https://cran.r-project.org>>. Acessado em: 08 de fevereiro de 2021.

RICHARDS, F. J. *A flexible growth function for empirical use. **Journal of Experimental Botany***, v. 10, n. 2, p. 290-301, 1959.

ROSS, R. *Some Quantitative Studies in Epidemiology. **Nature***, v. 87, p. 466–467 (1911).

RStudio Team. *RStudio: Integrated development for R. RStudio, Inc.* Disponível em: <<http://www.rstudio.com>>. Acessado em: 08 de fevereiro de 2021.

Ministério da Saúde (BR). Painel de casos de doença pelo coronavírus 2019 (Covid19) no Brasil pelo Ministério da Saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2020. Disponível em: <<https://covid.saude.gov.br>>. Acessado em: 08 de fevereiro de 2021.

MOHAMADOU, Youssoufa; HALIDOU, Aminou; KAPEN, Pascal Tiam. *A review of mathematical modeling, artificial intelligence and datasets used in the*

study, prediction and management of COVID-19. **Applied Intelligence**, v. 50, n. 11, p. 3913-3925, 2020.

MULLEN, Katharine; ARDIA, David; GIL, David; WINDOVER, Donald; CLINE, James. *DEoptim: An R package for global optimization by differential evolution*. **Journal of Statistical Software**, v. 40, n. 6, p. 1-26, 2011.

RODRIGUES, Letícia. Conheça as 5 maiores pandemias da história. **Revista Galileu**. Disponível em: <<https://revistagalileu.globo.com/Ciencia/Saude/noticia/2020/03/conheca-5-maiorespandemias-da-historia.html>>. Acessado em: 25 de março de 2021.

SILVA, Rafael M. Usando o modelo SIRD para caracterizar a disseminação da COVID-19 nos estados do Paraná, Rio Grande do Sul e Santa Catarina. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/SciELOPreprints.764>>. Acessado em: 08 de fevereiro de 2021.

SPYROU, Maria A; TUKHBATOVA, Rezeda; FELDMAN, Michal; DRATH, Joanna; KACKI, Sacha; HEREDIA, Julia; ARNOLD, Susanne; SITDIKOV, Airat; CASTEX, Dominique; WAHL, Joachim; GAZIMZYANOV, Ilgizar; NURGALIEV, Danis; HERBIG, Alexander; BOS, Kirsten; KRAUSE, Johannes. *Historical Y. pestis Genomes Reveal the European Black Death as the Source of Ancient and Modern Plague Pandemics*. **Cell Host & Microbe**, v. 19, p. 874–881, 2016.

SIQUEIRA, Alisson A.; CARVALHO, Paulo G. S.; MENDES, Marianne L. M.; SHIOSAKI, Ricardo K. MicroFit: um software gratuito para desenvolvimento e ajuste de modelos matemáticos de crescimento bacteriano. **Brazilian Journal of Food Technology**, v. 17, n. 4, p. 329–339, 2014.

SOETAERT, Karline; PETZOLDT, Thomas; SETZER, Woodrow. *Solving differential equations in R: package deSolve*. **Journal of Statistical Software**, v. 33, n. 9, p. 1–25, 2010.

TSALLIS, Constantino; TIRNAKLI, Ugur. *Predicting COVID-19 peaks around the world*. **MedRxiv**, 2020.

YAN, Xin; SU, Xiaogang. **Linear regression analysis: theory and computing**. Singapura: World Scientific, 2009.

TAN, Wai-Yuan; WU, Hulin. **Deterministic and stochastic models of AIDS epidemics and HIV infections with intervention**. Singapura: World Scientific, 2005.

TSOULARIS, Anastasios; WALLACE, James. *Analysis of logistic growth models*. **Mathematical Biosciences**, v. 179, n. 1, p. 21-55, 2002.

VASCONCELOS, Giovani; MACÊDO, Antônio; OSPINA, Raydonal; ALMEIDA, Francisco; DUARTE-FILHO, Gerson; BRUM, Arthur; SOUZA, Inês. *Modelling fatality curves of COVID-19 and the effectiveness of intervention strategies*. **PeerJ – Life and Environment**, v.8, p. e9421, 2020.

WANG, Xiang-Sheng; WU, Jianhong; YANG, Yong. *Richards model revisited: Validation by and application to infection dynamics*. **Journal of Theoretical Biology**, v. 313, p. 12-19, 2012.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. *Coronavirus disease (COVID-19) outbreak*. Disponível em: <<https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>>. Acessado em: 08 de fevereiro de 2021.



e-ISSN: 2177-8183

WU, Ke; DAR CET, Didier; WANG, Qian; SORNETTE, Didier. *Generalized logistic growth modeling of the COVID-19 outbreak in 29 provinces in China and in the rest of the world. **Nonlinear Dynamics**, v. 101, n. 3, p. 1561-1581, 2020.*

APÊNDICE A - BOLETIM Nº 03 DE 26 DE JUNHO DE 2020

BOLETIM SEMANAL COVID-19

03/2020



GRUPO MODELOS MATEMÁTICOS PARA COVID-19 GMC-VASF

Sergio Floquet | Colegiado Acadêmico de Engenharia Civil
Rômulo Câmara | Colegiado Acadêmico de Engenharia da Computação
Denisson Leal | Programa de Pós Graduação de Ciências da Saúde e Biológicas
Aristóteles Cardona | Colegiado Acadêmico de Medicina/Petrolina
Telio Leite | Colegiado Acadêmico de Engenharia Civil
Alison Melo | Colegiado Acadêmico de Administração
Paulo de Carvalho | Colegiado Acadêmico de Engenharia Agrícola e Ambiental

Quem somos:

O GMC-VASF é um grupo multidisciplinar de pesquisadores da Univasf reunidos para analisar, por meio de modelos epidemiológicos, a evolução da pandemia de COVID-19 nas cidades de Petrolina-PE e Juazeiro-BA.

Propósito do BOLETIM GMC-VASF

Contribuir para a informação do público e das autoridades da região sobre a evolução da pandemia de COVID-19 em Petrolina e Juazeiro.



O que são modelos epidemiológicos?

Modelos epidemiológicos são equações matemáticas que descrevem a evolução da pandemia

Este boletim baseia-se em modelos epidemiológicos usados internacionalmente no estudo da COVID-19.

O GMC-VASF adapta tais modelos aos dados do Relatório Diário do Vale do São Francisco (FACAPE, 2020).

Para compreender os números:

Os modelos epidemiológicos envolvem cálculos e métodos computacionais avançados. Destes cálculos extraímos alguns números fundamentais para a compreensão da evolução da doença, entre eles:

R_0 : é a taxa básica (média) de propagação da doença em seu momento inicial. Por exemplo, se $R_0 = 1,53$ então 100 pessoas infectadas contaminam outras 153 pessoas, já se $R_0 = 2,10$ isto quer dizer que 100 pessoas infectadas contaminam outras 210 pessoas e assim por diante.

O número R_0 é importante por que determina a quantidade de pessoas que precisam ser imunizadas na população para terminar a epidemia.

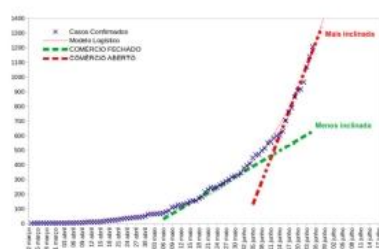
t_0 : é o momento em que o número diário de infectados começa a diminuir. Nos referimos a este número como período de inflexão.

O número t_0 é importante para orientar o momento de relaxar medidas de distanciamento social.

¹ SIRD (CANABARRO, 2020), SEIRD (PICCOLOMIINI, 2020), SIRQ (CROKIDAKIS, 2020).

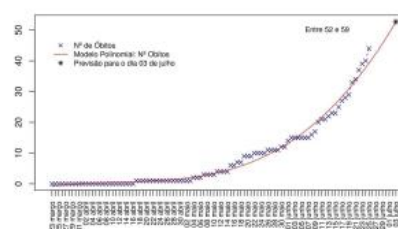
Cenário Atual e Projeções:

Figura 1: Nº de acumulado de casos confirmados em Juazeiro-BA e Petrolina-PE (Modelo Logístico). A reta vermelha (mais inclinada) mostra o aumento do número de contaminados após abertura do comércio e a verde (menos inclinada), o comportamento antes desta abertura. O modelo matemático sugere um considerável aumento de casos confirmados após abertura do comércio nestas cidades.



Fonte: Os autores.

Figura 2: Nº acumulado de óbitos em Juazeiro-BA e Petrolina-PE (Modelo Polinomial). A linha vermelha é a previsão de óbitos dada pelo modelo matemático que prevê para o dia 03 de julho de 2020 entre 52 e 59 mortes pela Covid-19 para as duas cidades.



Fonte: Os autores.

Estimativas para a próxima semana:

Tabela 1: Análises e estimativas para Petrolina/Juazeiro.

Vale do São Francisco	Dados
Nº Básico de Reprodução (R)	[1,61 - 1,72]
Período de duplicação do nº de casos (τ)	14 dias
Razão do nº de infectados e os casos confirmados	5,3 infectados para cada caso confirmado
Período de inflexão (t)	Aproximadamente em 06 de agosto
Estimativa do nº de casos para 03 de julho de 2020	Entre 1500 e 1659 casos confirmados
Estimativa do nº de óbitos para 03 de julho de 2020	Em torno de 52 à 59 óbitos
Período provável em que 60% da população da região estaria infectada	segunda semana de setembro

Fonte: Os autores.

Limitações do método:

Os modelos matemáticos orientam a tomada de decisão de vários governos em todo o mundo. Não obstante, estes modelos apresentam limitações de várias naturezas. Estas limitações podem ser intrínsecas ao próprio modelo, falta de capacidade computacional ou advir de imprecisões ou insuficiência de dados. Portanto, as projeções aqui apresentadas não têm o intuito de descrever com exata fidelidade o cenário futuro. Tais estimativas podem variar bastante a depender de mudanças: na taxa de isolamento social; no nível de testagem da população ou na metodologia de confirmação de casos de COVID-19 pelas vigilâncias sanitárias das duas cidades. Este boletim se coloca como mais um instrumento para auxiliar a compreensão e tomada de decisões estratégicas no que se refere à corrente pandemia de COVID-19 nas cidades vizinhas de Petrolina e Juazeiro.

Referências Bibliográficas:

- [1] CANABARRO, Askery et al. Data-Driven Study of the COVID-19 Pandemic via Age-Structured Modelling and Prediction of the Health System Failure in Brazil [...]. medRxiv, 2020.
- [2] CROKIDAKIS, Nuno. Data analysis and modeling of the evolution of COVID-19 in Brazil. arXiv preprint arXiv: 2003.12150, 2020.
- [3] PICCOLOMINI, Elena Loli; ZAMA, Fabiana. Monitoring Italian COVID-19 spread by an adaptive SEIRD model. medRxiv, 2020.
- [4] Report sobre o avanço do Covid-19 no Brasil e no mundo. Facapê. Disponível em: <https://1732-26884.el-alt.com/8373-2/>.

Agradecimentos:

Sec. de Saúde de Juazeiro, Colegiado de Economia da FACAPE, Prof. Sérgio Motta (design gráfico), Francisco Lopes F. (imagem)

Contato:

Através do e-mail gmcvasf@univasf.edu.br