



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CAMPUS SOROCABA
DEPARTAMENTO DE FÍSICA, QUÍMICA E MATEMÁTICA

LEONARDO ALBERTO FREIRE DE ALMEIDA

**ANÁLISE DO COMPORTAMENTO DA COVID-19 NO BRASIL E EM SOROCABA
VIA MODELAGEM MATEMÁTICA EPIDEMIOLÓGICA**

Sorocaba

2023

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CAMPUS SOROCABA
DEPARTAMENTO DE FÍSICA, QUÍMICA E MATEMÁTICA
LICENCIATURA EM MATEMÁTICA

LEONARDO ALBERTO FREIRE DE ALMEIDA

**ANÁLISE DO COMPORTAMENTO DA COVID-19 NO BRASIL E EM SOROCABA
VIA MODELAGEM MATEMÁTICA EPIDEMIOLÓGICA**

Monografia apresentada ao Departamento de Física, Química e Matemática da Universidade Federal de São Carlos – Campus Sorocaba, para a obtenção do título de licenciado em matemática

Orientadora: Profa. Dra. Graciele P. Silveira

Sorocaba

2023

Alberto Freire de Almeida, Leonardo

Análise do comportamento da Covid-19 no Brasil e em Sorocaba via modelagem matemática epidemiológica / Leonardo Alberto Freire de Almeida -- 2023. 68f.

TCC (Graduação) - Universidade Federal de São Carlos, campus Sorocaba, Sorocaba

Orientador (a): Graciele Paraguaia Silveira

Banca Examinadora: Paulo César Oliveira, Raphael de Oliveira Garcia

Bibliografia

1. Covid-19. 2. Modelo SIR. 3. Método de Euler. I. Alberto Freire de Almeida, Leonardo. II. Título.

Ficha catalográfica desenvolvida pela Secretaria Geral de Informática (SIn)

DADOS FORNECIDOS PELO AUTOR

Bibliotecário responsável: Maria Aparecida de Lourdes Mariano - CRB/8 6979



FUNDAÇÃO UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS

COORDENAÇÃO DO CURSO DE LICENCIATURA EM MATEMÁTICA DE SOROCABA - CCML-So/CCTS

Rod. João Leme dos Santos km 110 - SP-264, s/n - Bairro Itinga, Sorocaba/SP, CEP 18052-780

Telefone: (15) 32298874 - <http://www.ufscar.br>

DP-TCC-FA nº 3/2023/CCML-So/CCTS

Graduação: Defesa Pública de Trabalho de Conclusão de Curso

Folha Aprovação (GDP-TCC-FA)

FOLHA DE APROVAÇÃO

LEONARDO ALBERTO FREIRE DE ALMEIDA

ANÁLISE DO COMPORTAMENTO DA COVID-19 NO BRASIL E EM SOROCABA VIA MODELAGEM MATEMÁTICA EPIDEMIOLÓGICA

Trabalho de Conclusão de Curso

Universidade Federal de São Carlos – Campus Sorocaba

Sorocaba, 08 de março de 2023

ASSINATURAS E CIÊNCIAS

Cargo/Função	Nome Completo
Orientadora	Profa. Dra. Graciele P. Silveira
Membro da Banca 1	Prof. Dr. Paulo César Oliveira
Membro da Banca 2	Prof. Dr. Raphael de Oliveira Garcia



Documento assinado eletronicamente por **Graciele Paraguaia Silveira, Docente**, em 08/03/2023, às 18:01, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Paulo Cesar Oliveira, Docente**, em 09/03/2023, às 12:58, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado digitalmente
RAPHAEL DE OLIVEIRA GARCIA
Data: 09/03/2023 16:05:57-0300
Verifique em <https://verificador.iti.br>



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site <https://sei.ufscar.br/autenticacao>, informando o código verificador **0971212** e o código CRC **57166905**.

Referência: Caso responda a este documento, indicar expressamente o Processo nº 23112.016179/2021-98

SEI nº 0971212

Modelo de Documento: Grad: Defesa TCC: Folha Aprovação, versão de 02/Agosto/2019

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço a Deus pelo dom da vida e pela graça de mais uma etapa concluída. Agradeço aos meus pais Carlos Alberto de Almeida e Elaine Aparecida Freire de Almeida, meu irmão Carlos Alberto de Almeida Junior e minha namorada Driely Mayara Moraes Alves, por todo apoio durante esta jornada, pela paciência e pelo suporte nos momentos mais difíceis.

Agradeço a todos os professores que passaram por mim durante a graduação, por todo ensinamento, suporte e sabedoria proporcionados a mim. Agradeço de modo especial à professora e minha orientadora Dra. Graciele P. Silveira, pela qual tenho grande respeito e admiração e, que foi sempre muito presente durante a minha vida acadêmica, lecionando grande parte das disciplinas, no desenvolver de uma iniciação científica e agora com este trabalho de conclusão de curso. Sou grato por toda paciência durante o processo de desenvolvimento deste trabalho e por todos os ensinamentos.

Agradeço a todos que me ajudaram durante o desenvolvimento deste TCC, direta ou indiretamente.

Por fim, agradeço à instituição UFSCar – Campus Sorocaba, pois através da universidade fui capaz aprender muito; tanto conteúdos quanto experiências que serão fundamentais para a minha formação social, acadêmica e profissional.

RESUMO

A modelagem matemática de fenômenos epidemiológicos, por meio de sistemas de equações diferenciais, aliada à evolução das técnicas computacionais, contribui cada vez mais em processos de tomada de decisão, prevenção e controle de doenças. O presente Trabalho de Conclusão de Curso tem como tema estudos sobre a pandemia de Covid-19 no Brasil e na cidade de Sorocaba/SP, fazendo-se uso do modelo matemático compartimental SIR (Suscetíveis, Infectados e Removidos), que foi solucionado numericamente via método de Euler. Os objetivos consistiram em executar simulações do modelo, em linguagem Python, levantar dados reais da Covid-19 no país e no município, estimar os parâmetros do sistema e plotar gráficos capazes de auxiliar na compreensão da dinâmica da pandemia. Os dados com respeito ao Brasil foram retirados da plataforma digital Coronavírus Brasil, disponibilizada pelo Governo Federal em parceria com as unidades de saúde do país. Já as informações referentes ao município de Sorocaba foram coletadas na plataforma digital SP Covid-19 Info Tracker, elaborada por um comitê de pesquisadores da Unesp, USP e CeMai, que centralizou os registros em boletins diários da Covid-19, levando em conta os dados fornecidos pelos municípios do estado de São Paulo. Esta pesquisa começou em um projeto de iniciação científica, desenvolvido entre 2020 e 2021 e surgiu da grande necessidade de conhecimento sobre a propagação da doença ao redor do país e da busca por alternativas que fossem apropriadas para a realização de previsões satisfatórias, com o mínimo de recursos possível. Os resultados alcançados evidenciaram a importância de um ajuste adequado para o parâmetro de transmissão da doença e confirmaram que é possível um modelo SIR, relativamente simples, produzir soluções na mesma ordem de grandeza dos dados reais, servindo como ferramenta de previsão até certo ponto da pandemia. Além disso, um modelo como este permite validar a aplicação de medidas públicas, verificando se houve um aumento ou redução no número de casos, em relação ao que era esperado.

Palavras-chave: Covid-19. Modelagem Matemática. Modelo SIR. Método de Euler.

ABSTRACT

Mathematical modeling of epidemiological phenomena, using systems of differential equations, combined with the evolution of computational techniques, increasingly contributes to decision-making processes, prevention and control of diseases. This Course Completion Work has as its theme studies on the Covid-19 pandemic in Brazil and in the city of Sorocaba/SP, making use of the compartmental mathematical model SIR (Susceptible, Infected and Removed), which was solved numerically via Euler's method. The objectives consisted of running simulations of the model, in Python language, collecting real Covid-19 data in the country and in the municipality, estimating the system parameters and plotting graphs capable of helping to understand the dynamics of the pandemic. Data regarding Brazil were taken from the Coronavirus Brasil digital platform, made available by the Federal Government in partnership with the country's health units. The information regarding the municipality of Sorocaba was collected on the SP Covid-19 Info Tracker digital platform, prepared by a committee of researchers from Unesp, USP and CeMai, which centralized the records in daily Covid-19 bulletins, taking into account the data provided by the municipalities of the state of São Paulo. This research began in a scientific initiation project, developed between 2020 and 2021 and arose from the great need for knowledge about the spread of the disease across the country and the search for alternatives that were appropriate for making satisfactory predictions, with a minimum of resources possible. The results achieved showed the importance of an adequate adjustment for the disease transmission parameter and confirmed that it is possible for a relatively simple SIR model to produce solutions in the same order of magnitude as the real data, serving as a forecasting tool to a certain extent of the pandemic. In addition, a model like this allows validating the application of public measures, verifying whether there has been an increase or decrease in the number of cases, in relation to what was expected.

Keywords: Covid-19. Mathematical Modeling. SIR model. Euler's method.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1: Gráficos do número de infectados, possíveis mortes máximas e mínimas em diversas pandemias.	19
Figura 2: Processo de modelagem matemática proposto por Bassanezi.....	29
Figura 3: Modelo compartimental do tipo SIR.	35
Figura 4: Dados de suscetíveis reais (em verde), em relação ao tempo (dias).....	42
Figura 5: Dados de infectados reais (em azul), em relação ao tempo (dias).	43
Figura 6: Dados de removidos reais (em laranja), em relação ao tempo (dias).	43
Figura 7: Gráfico de $\ln S$ em função de R , em azul. Regressão linear ajustada, em vermelho.....	46
Figura 8: : Dados de infectados reais (em azul) e infectados calculados (em vermelho), com γ e β constantes.....	47
Figura 9: Dados de Suscetíveis reais (em verde) e suscetíveis calculados (em vermelho), com γ e β constantes.....	48
Figura 10: Dados de Removidos reais (em laranja) e removidos calculados (em vermelho), com γ e β constantes.....	48
Figura 11: Gráfico de β em função de t , em azul. Ajuste exponencial, em vermelho.	50
Figura 12: Dados de infectados reais nos períodos P1 (em preto), P2 (em verde), P3 (em laranja), P4 (em vermelho), P5 (em roxo) e infectados calculados (em azul), com $\beta = \beta(t)$	51
Figura 13: Dados de suscetíveis reais nos períodos P1 (em preto), P2 (em verde), P3 (em laranja), P4 (em vermelho), P5 (em roxo) e suscetíveis calculados (em azul), com $\beta = \beta(t)$	54
Figura 14: Dados de removidos reais nos períodos P1 (em preto), P2 (em verde), P3 (em laranja), P4 (em vermelho), P5 (em roxo) e removidos calculados (em azul), com $\beta = \beta(t)$	54
Figura 15: Gráfico de β em função de t , em azul. Ajuste exponencial, em vermelho.	57
Figura 16: Dados de infectados reais até outubro de 2021 (em preto) e infectados calculados (em azul), com $\beta = \beta(t)$	58
Figura 17: Dados de suscetíveis reais nos períodos P1 (em preto), P2 (em verde), P3 (em laranja), P4 (em roxo) e suscetíveis calculados (em azul), com $\beta = \beta(t)$	59
Figura 18: Dados de infectados reais nos períodos P1 (em preto), P2 (em verde), P3 (em laranja), P4 (em roxo) e infectados calculados (em azul), com $\beta = \beta(t)$	59
Figura 19: Dados de removidos reais nos períodos P1 (em preto), P2 (em verde), P3 (em laranja), P4 (em roxo) e removidos calculados (em azul), com $\beta = \beta(t)$	60

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	11
2. COVID-19 E OUTRAS PANDEMIAS AO REDOR DO MUNDO	15
2.1. A COVID-19	19
2.2. A COVID-19 NO BRASIL	24
3. MODELAGEM MATEMÁTICA EPIDEMIOLÓGICA	27
3.1. MODELAGEM MATEMÁTICA	27
3.2. EQUAÇÕES DIFERENCIAIS E EQUAÇÕES DE DIFERENÇAS	30
3.3. MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS	33
3.4. MÉTODO NUMÉRICO DE EULER	38
4. APLICAÇÕES NO BRASIL	40
4.1. MODELAGEM E SIMULAÇÕES PARA O BRASIL	40
5. MODELAGEM E SIMULAÇÕES PARA SOROCABA	56
6. CONSIDERAÇÕES FINAIS	62
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	65

1. INTRODUÇÃO

O presente Trabalho de Conclusão de Curso (TCC) contempla conteúdos ligados à matemática aplicada e faz uso da modelagem matemática e de métodos numéricos para a resolução de problemas reais. O tema central escolhido para este estudo foi a atual crise epidemiológica vivida pelo mundo, a pandemia de Covid-19, mais especificamente a busca pela estimativa de casos futuros no Brasil e de forma localizada na cidade de Sorocaba, via simulações do modelo SIR (Suscetível, Infectado e Removido).

Para Bassanezi (2010), a modelagem matemática consiste na arte de transformar problemas da realidade em problemas matemáticos e resolvê-los interpretando suas soluções na linguagem do mundo real. Tomando esta perspectiva, o sentido em aplicar conceitos da matemática em outras áreas de estudo, possui como objetivo principal uma nova abordagem de fenômenos através de interpolações, extrapolações e assim como no caso deste trabalho, a realização de previsões de eventos.

Quando se trata da aplicação da matemática em outros campos da ciência, um dos temas que estão em constante ascensão é a junção da matemática com diferentes áreas da biologia, o que dá origem a chamada Biomatemática, a qual busca a explicação de eventos como o crescimento de populações, doenças, o controle de pragas, entre outras. Um dos tópicos que cada vez mais ganha destaque nos estudos da Biomatemática principalmente em um período pandêmico como o atual, é o estudo de modelos epidemiológicos. Estes por sua vez têm como objetivo analisar de forma compartimental diferentes fases de uma doença, visando a realização de previsões e a comparação de dados teóricos e reais, o que pode auxiliar na tomada de decisões. Por exemplo, torna-se possível investigar se a adesão à determinada medida protetiva foi efetiva reduzindo casos ou se este número permaneceu seguindo um mesmo padrão.

Não é a primeira vez que a sociedade enfrenta uma pandemia, tendo já passado até mesmo por vírus mais letais que o da Covid-19, como no caso da chamada Peste Negra, ocorrida no século XIV e que resultou na morte de uma grande parcela da população da Europa.

Contudo, a Covid-19 ocorre em um período em que o mundo se encontra muito mais globalizado, onde é cada vez mais fácil o contato entre as pessoas de diferentes nações, o que auxilia na transmissão de doenças, principalmente respiratórias como a Covid-19 e a Influenza, que são transmissíveis através de fluidos como saliva ou catarro. Estes fatores são responsáveis por gerar um cenário que em aproximadamente três anos já foram confirmados mais de 650 milhões de casos ao redor do mundo, segundo Our World in Data (2023), contemplando aproximadamente 6 milhões de mortes, ou seja uma taxa de letalidade de aproximadamente 1%. Mesmo com o alto número de mortes, seu percentual manteve-se estabilizado, graças a rápida ação de entidades públicas de diversas nações, que buscando evitar circunstâncias ainda piores, rapidamente estudaram a doença, aplicaram medidas para preveni-la, como a regulamentação do uso de máscaras em ambientes públicos e trabalham constantemente na busca de formas para combatê-la, através do desenvolvimento de remédios e vacinas.

A aplicação de vacinas teve início na metade de 2020 e considerando todas as doses aplicadas, já são mais de 13 bilhões de doses ao redor do mundo, de acordo com dados fornecidos pela World Health Organization (2023). Esse tipo de cenário só é possível graças a união de conhecimentos de vários lugares do planeta em diferentes contextos vividos no passado. Este agrupamento de conhecimentos e o desejo de contribuir de forma positiva no estudo da Covid-19 motivaram a realização de uma iniciação científica, entre 2020 e 2021, que culminou na escrita e publicação de um artigo científico (ver Almeida e Silveira, 2021) e, por fim, resultou neste trabalho, que consiste em uma expansão dos estudos até então efetuados.

Olhando para o Brasil, o país serve como referência quando se trata de controle biológico, vivenciando recentemente outras epidemias, principalmente de Dengue, Zika, Chikungunya e Febre Amarela, sendo a última, uma doença já curável através de vacinas, as quais são bastante aceitas pela população e comumente obrigatórias em países Latino Americanos e da África. Contudo, diferentemente dos vírus citados anteriormente, a Covid-19 é transmitida de pessoa para pessoa, não por um terceiro, isto aliado à dificuldade na adesão de políticas públicas estabelecidas ao redor do país, fez com que o Brasil em alguns momentos nos últimos anos fosse líder de casos ao redor do mundo.

De acordo com a plataforma informativa Painel Coronavírus (2023), ao todo estimam-se aproximadamente 36 milhões de casos e 700 mil mortes ocasionadas pela doença nos últimos três anos; embora tenha havido certa relutância na adesão às medidas protetivas, segundo a Our World in Data (2023), houve alta adesão às vacinas, tendo aproximadamente 85% da população recebido ao menos a primeira dose. O alto número de casos e a rápida disseminação da doença também podem estar associados ao fato do país estar localizado em território tropical, o que proporciona o clima ideal para a propagação de algumas doenças.

Já na cidade de Sorocaba o cenário é bastante semelhante, localizada próxima ao maior centro urbano do Brasil. Em Sorocaba, assim como em outras cidades do interior de São Paulo, houve uma alta incidência de casos, totalizando até janeiro de 2023, mais de 140 mil casos confirmados e a morte de aproximadamente 3 mil habitantes, segundo a plataforma digital SP Covid-19 Info Tracker (2023). Com uma disposição de dados semelhantes aos do Brasil, o estudo da pandemia na cidade de Sorocaba possibilita o trabalho com números em escalas menores, tornando viável a comparação entre resultados, para averiguar eventuais diferenças e similaridades.

Devido a emergência atual, muitos trabalhos sobre a Covid-19 estão sendo escritos, alguns destes trabalhos na área da matemática podem ser citados, como no caso de Silva (2021), em que a ideia foi desenvolver um modelo matemático capaz de descrever o comportamento do número de casos de COVID-19 no Estado de São Paulo, em função do tempo, através de um modelo logístico, baseado em um Sistema de Regras Fuzzy. Um segundo trabalho escrito por Marques (2020) buscou estudar o número de casos e óbitos por Covid-19 em Curitiba, Paraná e no Brasil, utilizando o Método dos Quadrados Mínimos. Por fim, um terceiro trabalho escrito por Moreira (2022) teve uma proposta semelhante a que será apresentada neste TCC e trabalhou com o modelo epidemiológico compartimental SEIR na cidade de Belo Horizonte.

Este trabalho possui como objetivos:

- Estudar alternativas de modelos matemáticos epidemiológicos;
- Desenvolver em linguagem computacional Python, o modelo epidemiológico compartimental de suscetíveis, infectados e removidos (SIR), via método numérico de Euler;

- Fazer um levantamento de dados reais a respeito da Covid-19 no Brasil e na cidade de Sorocaba e estimar os parâmetros da taxa de infecção e de recuperação em ambos os lugares;
- Realizar simulações e plotar gráficos considerando ambos os parâmetros constantes tanto para o Brasil quanto para Sorocaba;
- Implementar simulações e plotar gráficos considerando a taxa de transmissibilidade variável tanto para o Brasil quanto para Sorocaba;
- Comparar resultados visando compreender o fenômeno e realizar previsões de dados futuros.

A caracterização do objeto de estudo, juntamente de uma análise histórica da ocorrência de eventos semelhantes no passado e a contextualização dos territórios à serem abordados serão apresentados no Capítulo 2. Já o Capítulo 3 terá como finalidade apresentar o conceito de modelagem matemática, nas perspectivas de Bassanezi (2002) e Barbosa (2001), além de apresentar brevemente conceitos de equações diferenciais e de diferenças, a fim de distingui-las. Em seguida, será mostrada uma breve fundamentação teórica acerca da modelagem matemática epidemiológica, acompanhada da formulação do modelo SIR junto de sua resolução através do método numérico de Euler. No Capítulo 4 será aplicado o modelo desenvolvido no capítulo anterior, primeiramente para todo o território brasileiro e em seguida no Capítulo 5, para a cidade de Sorocaba, apresentando em ambos os casos, os gráficos e resultados obtidos. Por fim, no Capítulo 6 será desenvolvida de forma breve a conclusão do trabalho conectando os resultados e estabelecendo metas futuras. E, finalmente, as referências consultadas e citadas ao longo da monografia serão listadas.

2. COVID-19 E OUTRAS PANDEMIAS AO REDOR DO MUNDO

O mundo é assolado atualmente por uma crise biológica, decorrente de uma pandemia causada pela propagação do vírus da Covid-19. No entanto, não é a primeira vez que a humanidade enfrenta desafios do tipo. Outras doenças perduram por mais tempo e foram responsáveis por muitas mortes ao longo da história, servindo assim de terreno para pesquisas em várias áreas da ciência, para que o mundo fosse capaz de se preparar para eventuais colapsos.

Os campos da matemática e da computação têm sido uma forte ferramenta no estudo de doenças, abrindo espaço para uma perspectiva numérica de eventos, que inicialmente eram atribuídos à intervenções divinas e tornando possível prever a velocidade com a qual uma doença pode se propagar, auxiliando então na tomada de decisões através de práticas governamentais. Antes de se abordar a Covid-19, é necessário definir o que é uma pandemia, além de analisar brevemente outras pandemias vivenciadas no passado, para que se possa estabelecer paralelos entre o momento atual e o de outras ocasiões.

É definida pela Fundação Oswaldo Cruz (2021) que uma pandemia se caracteriza pela disseminação mundial de uma nova doença e o termo passa a ser usado quando uma epidemia, surto que afeta uma região, se espalha por diferentes continentes com transmissão sustentada de pessoa para pessoa. Por sua vez, um surto é caracterizado por um alto número de infectados por uma doença de forma repentina, e quando há a ocorrência de vários surtos dentro de uma mesma região é dada origem então a uma epidemia.

A primeira epidemia de que se tem registros é a conhecida por Peste do Egito, ocorrida em 430 a.C. E se tratava da propagação da bactéria da Febre Tifoide. De acordo com a Fundação Oswaldo Cruz (2021), esta enfermidade fatal debilitou o domínio de Atenas, mas a virulência completa da doença preveniu sua expansão para outras regiões, de modo que a infecção era capaz de exterminar seus hospedeiros a uma velocidade mais rápida que a taxa de infecção, a tornando assim uma breve, porém letal epidemia.

Uma das pandemias mais conhecidas é a pandemia ocasionada pela Peste Bubônica, responsável por devastar populações algumas vezes ao longo da história. A primeira delas aconteceu por volta de 521 a 542, registrada pela primeira vez no

Império Romano do Oriente, tendo se espalhado pelos portos do mar Mediterrâneo, Ásia menor, Grécia e Itália. Segundo Feehan e Apostolopoulos (2021), estima-se que a primeira pandemia ocasionada pela Peste Bubônica tenha aniquilado entre 15 e 100 milhões de pessoas quando a população mundial estimada no ano de 500 era de aproximadamente 300 milhões, ou seja algo próximo de 30% da população mundial. A segunda pandemia de Peste Bubônica, mais popularmente conhecida por Peste Negra (causada pela bactéria *Yersinia pestis*, transmitida por pulgas) ocorreu entre 1346 e 1353, mais de 800 anos após a primeira e contaminou a Europa, além do norte da África e a Ásia, ainda por Feehan e Apostolopoulos (2021), estima-se que esta doença tenha sido responsável pela morte de algo entre 75 e 200 milhões de habitantes, ou seja, até 60% da população mundial neste período. Um terceiro surto de Peste Bubônica aconteceu entre os anos de 1855 e 1960, iniciado na China, mas se espalhando para outros países por meio do contato em cidades portuárias, devido ao alto número de roedores infectados que transitavam entre elas. Esta pandemia foi a mais duradoura (por volta de 105 anos), e o número total de mortes ficou entre 12 e 15 milhões.

Outra pandemia que marcou a humanidade foi a da Gripe Aviária, mais popularmente conhecida por Gripe Espanhola (causada pelo vírus da influenza H1N1), ocorrida entre 1918 e 1920. Devido à época e ao avanço nos estudos de epidemias, tornou-se possível o registro de um número aproximado de infectados pela doença. Segundo a Fundação Oswaldo Cruz (2021), estima-se que 500 mil pessoas tenham sido contaminadas, aproximadamente um quarto da população mundial na época. De acordo com Feehan e Apostolopoulos (2021), a Gripe Espanhola é considerada a doença mais mortal da Era Moderna, pois assim como no momento atual, foram estabelecidas medidas regionais de prevenção como quarentena dos doentes, distanciamento físico, uso de máscaras e em alguns casos o fechamento de fronteiras, mas que foram inconsistentes e dificultadas pelos eventos do fim da Primeira Guerra Mundial, que por sua vez mantinham pessoas de militares em espaços confinados, muitas vezes com padrões de higiene precários, servindo assim de excelentes vetores da doença, ao transportá-la para seu país de origem e outras nações.

O vírus H1N1 voltou a se propagar em grande proporção ao redor do mundo entre os anos de 2009 e 2010. Devido a globalização, sua disseminação ocorreu em

alta equivalência, tendo sido registrados um valor por volta de 0,7 a 1,4 bilhões de casos, o que equivale a aproximadamente 11 a 21 % da população mundial neste momento. Contudo, mesmo com o alto número de infectados, a doença se mostrou pouco letal, tendo aproximadamente 284 mil mortes de acordo com Feehan e Apostolopoulos (2021). O baixo número de mortes e o rápido controle da doença, que mesmo em larga escala durou apenas um ano, pode ser atribuído aos avanços tecnológicos e avanço nas pesquisas sobre a doença, de modo que a humanidade já estava preparada para reagir em uma eventual crise.

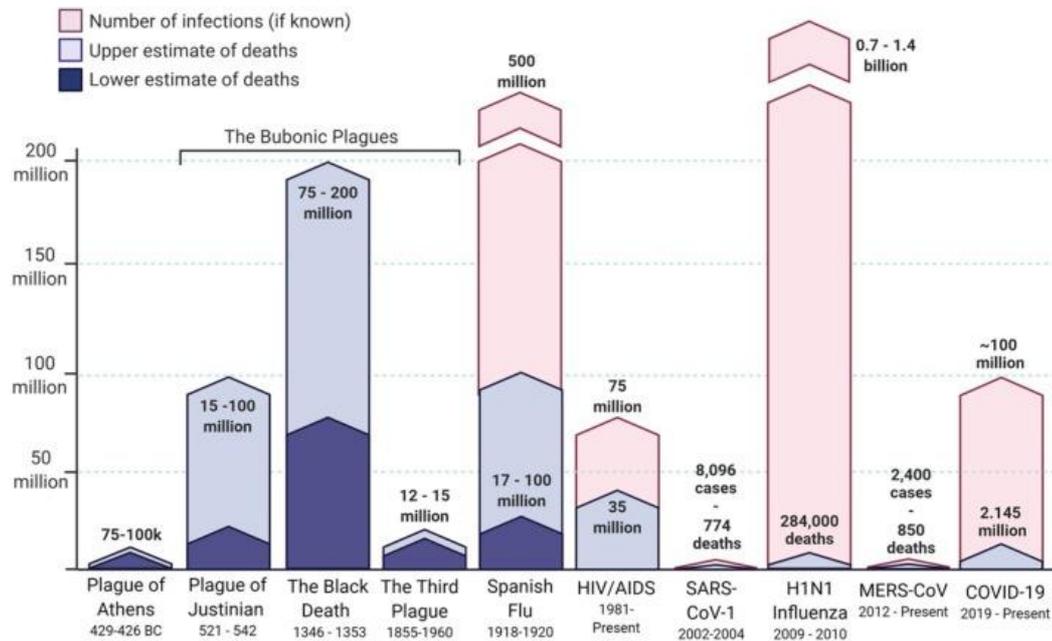
Na Era Moderna, outra pandemia bastante significativa é a do Vírus da Imunodeficiência Humana (HIV), que teve início em 1981. Segundo Feehan e Apostolopoulos (2021), desde seu início já houveram cerca de 75 milhões de infecções e aproximadamente 35 milhões de mortes, o valor elevado no número de mortes pode ser atribuído principalmente ao fato do HIV se tratar de uma doença crônica e até então incurável. Contudo, graças aos avanços tecnológicos, o alto investimento em estudos à respeito da doença e à adesão a métodos preventivos, cada vez mais o número de casos e principalmente de mortes apresentados pelo vírus tem diminuído. Conforme dados da UNAIDS (2021), houve uma redução do número de mortes de 68% com relação ao pico da doença em 2004, onde cerca de 1,4 milhões de pessoas foram levadas à óbito e uma redução de 54% em novas infecções em comparação ao pico ocorrido no ano de 1996, que foi de aproximadamente 3,2 milhões. Embora o avanço nos estudos tenha reduzido a letalidade do vírus, a falta de divulgação de informações a respeito da doença pode ser o principal fator responsável pelo crescimento do número de casos entre jovens, como apontado pela Faculdade de Medicina UFMG (2021), onde nos anos de 2020 e 2021 foram registrados um aumento significativo no número de novos casos de 20,2% entre jovens de 20 e 24 anos e um aumento de 29% na faixa etária de 15 a 29 anos. Trata-se de um período em que ocorrem mais relações sexuais, com mais pessoas e com pouco acesso à informação, de modo que não se encontram muitas divulgações corretas na mídia sobre questões preventivas e que principalmente, nas famílias não há o diálogo sobre da doença. Além disso, houve a interrupção da discussão sobre sexualidade nas escolas, o que acarreta na desinformação do público mais jovem.

O estudo de pandemias passadas é um importante artifício para se compreender o estado da atual pandemia de Covid-19, pois torna possível observar

padrões que facilitam a tomada de decisões. Por exemplo, da mesma forma que a Gripe Suína, a Covid-19 é uma doença de fácil transmissão e ocorre em um momento da história em que a globalização se faz muito presente, de tal forma que o contato entre pessoas de nações diferentes é cada vez mais facilitado, o que favorece sua transmissão e explica o alto número de infectados em comparações a outras pandemias em tão pouco tempo. No entanto em ambos os casos, apesar do alto número de infectados há percentualmente um menor número de mortes, o que pode ser justificado devido a experiência adquirida pela humanidade ao enfrentar outras pandemias, além de que em ambos os casos não é a primeira vez que os vírus agem na Terra. Isto torna possível o preparo prévio para vivenciar tais situações.

Na Figura 1, pode-se observar dados de pandemias transcorridas ao longo da história. Em vermelho estão representados o número de casos confirmados, em azul claro a estimativa máxima de mortes ocasionadas pela doença e em azul escuro a estimativa mínima de mortes ocasionadas pela enfermidade. Há alguns fatores que devem ser destacados, como a possibilidade de se estimar o número total de casos a partir da Gripe Espanhola em 1918, graças aos avanços da ciência e da tecnologia. Um segundo fator importante que pode ser associado ao avanço da ciência é a redução na letalidade das pandemias vividas na Era Moderna, o que somente tem sido possível graças à rápida ação humana em conter as doenças.

Figura 1: Gráficos do número de infectados, possíveis mortes máximas e mínimas em diversas pandemias.



Fonte: Feehan e Apostolopoulos (2021)

Com a importância de se estudar surtos virais definida, serão apresentados a seguir os dados referentes ao atual cenário pandêmico vivido pelo mundo, dando ênfase principalmente nos dados do Brasil e da cidade de Sorocaba no interior de São Paulo, que são os focos principais deste Trabalho de Conclusão de Curso.

2.1. A COVID-19

As atuais emergências vivenciadas pelo planeta, com relação a doenças infecciosas, são atribuídas a patologias como a síndrome respiratória aguda grave (SRAG ou SARS), enfermidade originária da família de vírus *Coronaviridae*, que é responsável por uma série de variações que contaminam partes do mundo, sendo o principal deles o conhecido por Sars-Cov-2, responsável pela infecção do novo Coronavírus, ou então mais recentemente intitulada Covid-19.

Segundo a Fundação Oswaldo Cruz (2020a), o nome Covid é a junção de letras que se referem a (co)rona (vi)rus (d)isease e conforme a Organização Pan-Americana de Saúde (2023b), no dia 31 de dezembro de 2019, a Organização Mundial da Saúde (OMS) foi alertada sobre vários casos de pneumonia na cidade de Wuhan, província de Hubei, na República Popular da China. Tratava-se de uma nova cepa (tipo) de Coronavírus, que até então não havia sido identificada em seres humanos e após uma semana houve então a confirmação pelas autoridades chinesas de um novo

tipo de Coronavírus, doença que naquele momento se tratava de um resfriado comum e que raramente era responsável pela causa de doenças graves em humanos.

Para Khalil e Khalil (2020), três fatores são importantes para compreender a origem do novo Coronavírus em território chinês. O primeiro deles é que o vasto território associado à diversidade climática possibilita a grande biodiversidade, como a de morcegos (principais vetores da doença) e a de vírus, tanto que mais de 50% das variações do Coronavírus foram identificados e classificados por cientistas chineses. Outro fator importante à ser salientado é que as pulações de morcegos presentes no país vivem próximos a centros urbanos, facilitando a transmissão de doenças a humanos e gado. Por fim, a cultura alimentar chinesa se apoia no fato de que os animais vivos recentemente abatidos são mais nutritivos, e essa crença pode aumentar a transmissão viral, uma vez que não há tempo hábil para a identificação da presença de vírus em seus alimentos.

Ao todo já foram identificados sete tipos de Coronavírus humanos (HCoVs), a saber, HCoV-229E, HCoV-OC43, HCoV-NL63, HCoV-HKU1, SARS-COV (que causa síndrome respiratória aguda grave), MERS-COV (que causa síndrome respiratória do Oriente Médio) e o mais recente, novo Coronavírus, que no início foi temporariamente nomeado 2019-nCoV, mas que no dia 11 de fevereiro de 2020 teve seu nome alterado para SARS-COV-2, sendo este o vírus responsável por causar a Covid-19.

No dia 30 de janeiro de 2020 foi declarado pela OMS que o surto viral causado pelo novo Coronavírus constituía uma emergência de saúde pública de importância internacional (ESPII), o mais alto nível de alerta da organização. De acordo com a Organização Pan-americana de Saúde (2023b), este tipo de alerta é somente atribuído a um evento extraordinário que pode constituir um risco de saúde pública para outros países devido a disseminação internacional de doenças, e potencialmente requer uma resposta internacional coordenada e imediata.

Além da Covid-19, houveram apenas outros cinco surtos nos quais este estado de emergência foi declarado, sendo eles: a pandemia de H1N1 em 2009, a disseminação de Poliovírus no ano de 2014, o surto de Ebola na África Ocidental também em 2014, o vírus Zika e o aumento de casos de microcefalia em 2016 e o surto de Ebola na República Democrática do Congo em 2018. Por fim, no dia 11 de março de 2020 foi decretado pela OMS que o surto do novo Coronavírus constituía

uma pandemia. De acordo com a Our World in Data (2023), ao redor do mundo até janeiro de 2023 já houveram ao todo mais de 650 milhões de casos confirmados de Covid-19 e um total de mais de 6 milhões de mortes em virtude da doença.

A Covid-19 é uma doença que afeta o sistema respiratório e a Organização Pan-americana de Saúde (2023a) aponta que seus principais sintomas são bastante semelhantes ao de uma gripe, sendo os mais comuns a febre, cansaço e tosse seca. No entanto, alguns outros sintomas também são relatados com menos frequência, como perda de paladar ou olfato, congestão nasal, conjuntivite, dor de garganta, dor de cabeça, dores nos músculos ou juntas, diferentes tipos de erupção cutânea, náusea ou vômito, diarreia, calafrios ou tonturas. É salientado também pela Câmara Municipal de São Paulo (2023), que em alguns casos os sintomas são mais graves, principalmente em idosos e portadores de outras doenças. Nessas pessoas pode ocorrer a síndrome respiratória aguda e outras complicações que são capazes levar o contaminado à morte. Outro fator bastante importante a respeito da contaminação é que uma parcela dos infectados são assintomáticos, isto é, são vetores da doença, mas não apresentam sintomas, facilitando a transmissão do vírus para outras pessoas.

Segundo o Ministério da Saúde (2021a), a contaminação pelo vírus pode acontecer de variadas formas, onde três delas são as principais: a transmissão da infecção por meio do contato direto com uma pessoa infectada (por exemplo, durante um aperto de mão seguido do toque nos olhos, nariz ou boca), ou com objetos e superfícies contaminados; a transmissão da infecção por meio da exposição a gotículas respiratórias expelidas, contendo vírus, por uma pessoa infectada quando esta tosse ou espirra, principalmente quando ela se encontra a menos de um metro de distância da outra pessoa e a contaminação por meio de gotículas respiratórias menores (aerossóis) contendo vírus e que podem permanecer suspensas no ar, serem levadas por distâncias maiores que um metro e por períodos mais longos (geralmente horas), sendo esta última a mais incomum, necessitando de condições especiais para sua ocorrência. Por exemplo, estar em um espaço fechado dentro do qual várias pessoas podem ter sido expostas a uma pessoa infectada ao mesmo tempo, ou logo após a saída da pessoa infectada, ou então estar sob exposição prolongada a partículas respiratórias, muitas vezes geradas por esforço respiratório

(gritar, cantar, fazer exercícios) que aumentam a concentração de gotículas respiratórias em suspensão.

Uma vez contaminado, o vírus passará por um período de incubação, estimado entre um e quatorze dias. Com relação à transmissibilidade, ainda não foi definido um período pelo qual o vírus passa a ser transmissível, contudo o Ministério da Saúde (2021a) destaca a incidência de casos em que a doença passou a ser transmitida até 48 horas antes do início dos sintomas. Além disso, estudos apontam que indivíduos sintomáticos estão mais propensos a transmitir o vírus que indivíduos assintomáticos. Ainda não foi estabelecida a possibilidade de se adquirir a imunidade à doença e nem o tempo que isto levaria, todavia, reinfecções são incomuns no período de 90 dias após a primeira infecção.

A identificação da doença pode ser realizada através de diferentes exames laboratoriais. Conforme indica a Fundação Oswaldo Cruz (2020b), os principais são o exame de detecção do vírus por PCR (Reação em cadeia da Polimerase) e os testes sorológicos (anticorpos presentes no sangue). O PCR é um método de biologia molecular, no qual o material genético do vírus é ampliado e identificado; é realizado utilizando amostras de secreções nasais, da garganta ou escarros. O exame pode resultar positivamente no período inicial após a presença de sintomas, mas perde a eficácia em infecções com mais de sete dias.

Já os testes sorológicos dosam no sangue os anticorpos e substâncias produzidas pelo sistema imunitário para o combate ao vírus. Para a Covid-19 os anticorpos passam a surgir no corpo após aproximadamente sete dias do início dos sintomas no caso da IgM (imunoglobulina M) e duas semanas no caso da IgG (imunoglobulina G). Um teste de IgM positivo significa que o indivíduo já foi exposto e está na fase ativa da Covid-19, havendo a possibilidade do microrganismo estar circulando no paciente naquele momento, já o caso positivo de IgG pode indicar que a pessoa está na fase crônica e/ou convalescente ou já teve contato com a Covid-19 em algum momento da vida.

Em caso de infecção é orientado pelo Ministério da Saúde (2021b) a busca médica, além do constante uso de máscaras, higienização das mãos e do ambiente e o distanciamento social, estas medidas são tomadas visando o controle na propagação da doença. Medicamentos para o combate ao vírus ainda estão sendo

desenvolvidos e testados, já existindo algumas recomendações, mas que devem possuir prescrições médicas. Em casos mais graves em que o paciente apresenta muita dificuldade em respirar este deve imediatamente ser internado e entubado.

Como citado anteriormente, as principais recomendações médicas para uma pessoa infectada pela Covid-19 são medidas protetivas para reduzir o contágio à outras pessoas e isolamento de casos suspeitos, confirmados e quarentena dos contatos dos casos de Covid-19. Além disso, outros países e até mesmo o Brasil passaram por períodos de *lockdown*, onde seus habitantes tiveram que obrigatoriamente, mediante determinação pública, permanecer em suas residências visando o total distanciamento social. Este é o caso de algumas cidades da China, onde são decretados constantes *lockdowns* conforme o surgimento de novos casos.

Além das medidas públicas adotadas pela população, muito se investe na cura para a Covid-19. Somente no Brasil é previsto segundo o Tesouro Nacional Transparente (2022), mais de nove bilhões de reais na aquisição de vacinas e insumos para a prevenção e controle da Covid-19. O processo de vacinação teve início na metade do ano de 2020 na China, com mais países aderindo a vacinação logo em seguida. É estimado pela World Health Organization (WHO) (2023), a aplicação de mais de 13 bilhões de doses de vacinas ao redor do mundo, o alto número é atribuído a necessidade de reaplicação periódica das vacinas. No Brasil já foram aprovadas pela Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA) a aplicação de 15 diferentes tipos de vacina. O número de vacinas desenvolvidas é maior ao se observar o mundo como um todo, pois muitos países visam a criação de imunizantes nacionais que reduzam o custo na aplicação. No caso do Brasil exemplos disso são a Coronavac e a Butanvac, ambas desenvolvidas pelo Instituto Butantan, mas de acordo com o Ministério da Saúde (2023), existem ao menos outras 15 candidatas que passam pelo processo de estudo e desenvolvimento.

Mesmo com o avanço na aplicação de medidas que visam o combate à Covid-19, o mundo ainda enfrenta cenários críticos, como o surgimento de variantes da doença. Segundo o Instituto Butantan (2022), uma variante advém de mutações no material genético de um vírus, o que pode gerar mudanças em sua estrutura original e tornar necessária a alteração no tratamento da doença.

As variantes são divididas em linhagens e surgem conforme a doença é transmitida ao redor do mundo, enfrentando diferentes tipos de adversidades. Entre elas podem ser citadas as variantes Alfa, Beta, Gama, Delta e a mais recente Ômicron. Essas variações também podem ser classificadas em sublinhagens, de modo que essa classificação ocorre quando não há muita alteração entre ela e seu vírus original. No caso da variante Ômicron, algumas sublinhagens já foram identificadas e nomeadas como BA.1, BA.1.1, BA.2 e BA.3. Tomando como exemplo a mais recente variante Ômicron, que chegou em dezembro de 2021, houve um grande aumento repentino no número de casos em diversos países em virtude da nova variante. Segundo o Instituto Butantan (2022), somente no período de janeiro de 2022 foram detectadas a presença da variante em mais de 42 países, de modo que o número de casos aumentou em até 300% em relação aos últimos meses, criando um novo alerta para as administrações públicas. Nas américas foi identificado, no período de 1 de janeiro até 8 de janeiro, que o número de infecções que eram de 2,4 milhões passou a ser de 6,1 milhões em apenas uma semana. É relatado ainda que mesmo com o aumento estrondoso no número de casos, a situação ainda sim não foi considerada alarmante pela OMS uma vez que o número de mortes sofreu pouca alteração. Tal feito pode ser atribuído a devida aplicação de vacinas nos países americanos.

2.2. A COVID-19 NO BRASIL

O Brasil, cuja população de acordo com o IBGE (2019) é 210.146.834, teve seu primeiro caso de Covid-19 confirmado em 27 de fevereiro de 2020, deste dia em diante, já foram confirmados segundo a plataforma interativa desenvolvida pelo governo brasileiro, Painel Coronavírus (2023), mais de 36 milhões de casos acumulados e um total de aproximadamente 700 mil mortes em virtude da doença. Quase metade dos casos (aproximadamente 15 milhões) se localizam na região Sudeste do país, liderados por São Paulo (6,5 milhões de casos) e Minas Gerais (4 milhões de casos).

O Brasil enfrentou um período pandêmico bastante conturbado, com problemas partindo desde a falta de adesão por parte da população às medidas protetivas, como o uso de máscaras em lugares públicos, a problemas mais graves como a falta de estrutura em sistemas de saúde que não estavam aptos à receberem um número tão grande de enfermos. Contudo, com a chegada da vacina em janeiro de 2021, mais de 85% da população teve a primeira dose da vacina aplicada e ao

menos 50% da população está com todas as doses de reforço em dia. A adoção de tais medidas auxilia a prestação do serviço médico, uma vez que há a redução de casos graves. Prova disso pode ser constatada mediante o alto número de casos novos com o surgimento da variante Ômicron, que chegou a registrar aproximadamente 300 mil novos casos diários, mas mantendo a faixa de óbitos na casa das centenas.

Outro fator importante a se enfatizar neste período de entrada da variante Ômicron, relatado por diversos portais de notícias nacionais, foi a perda de dados a respeito da propagação da doença no país, no período final de dezembro de 2021 e início de janeiro de 2022, devido a um ataque cibernético sofrido pela plataforma ConecteSUS, que faz a contabilização de informações do vírus no país, o que pode impactar de forma positiva ou negativa a estimativa de casos realizada neste período.

Em paralelo o município de Sorocaba, localizado no interior de São Paulo, conta com uma população de 679.378 habitantes segundo o IBGE (2019), com um território bastante reduzido em relação a plenitude do país. Desse modo é possível analisar aspectos da propagação de maneira local, uma vez que podem haver disparidades em menor escala em relação ao número de casos, quando comparadas à regiões do Brasil.

O estudo de material a respeito da cidade de Sorocaba foi realizado por meio da plataforma digital SP Covid-19 Info Tracker (2023), elaborada por um comitê de pesquisadores da Universidade Estadual Paulista (Unesp), Universidade de São Paulo (USP) e pelo Centro de Ciências Matemáticas Aplicadas à Indústria (CeMEAI), mediante a centralização dos dados fornecidos pelos boletins diários da Covid-19 disponibilizados pelos municípios de São Paulo. É estimado que até janeiro de 2023 houveram mais de 140 mil casos de Covid-19 confirmados na cidade e aproximadamente 3 mil mortes ocasionadas pela doença, o que não é um número tão alto em relação a população da cidade, mas que ainda sim muito se deve ao controle da propagação da doença. A vacinação contra a Covid-19 teve início no dia 1 de fevereiro de 2021 e estima-se que ao todo 96% da população está vacinada com ao menos uma dose das vacinas e que 58% estejam imunizadas até a última dose concedida pela cidade. Desta maneira, a situação que inicialmente era crítica, passou

a ser cada vez melhor controlada. Isso se deve ao avanço nos estudos da doença que possibilitaram a aplicação de medidas protetivas que a controlassem.

Ao se pensar no futuro, é menos provável que venha a ocorrer novamente uma pandemia de tais proporções ocasionadas pelo Coronavírus, uma vez que a humanidade está mais preparada e possui melhor conhecimento do vírus que no ano de 2019. Do mesmo modo, uma pandemia de Peste Negra como a de 1346 é improvável de ocorrer em uma mesma proporção em tempos modernos, devido a melhores padrões de higiene. Além disso, o *Yersinia pestis* (vírus responsável pela Peste Negra) é um parasita para o qual já se tem uma ampla gama de estudos, de modo que ele é passível de tratamento com antibióticos comuns ao lado de tratamentos de suporte. Portanto, é importante enfatizar a relevância de pesquisas à respeito das doenças, não somente para compreendê-las mas para aprender a combatê-las, e no campo da matemática não é diferente. Neste trabalho, serão estudados métodos para que se possa realizar previsões com um bom grau de precisão da velocidade e intensidade com a qual a Covid-19 irá se propagar em território brasileiro e localmente na cidade de Sorocaba.

3. MODELAGEM MATEMÁTICA EPIDEMIOLÓGICA

Este capítulo explana os conteúdos matemáticos estudados ao longo do desenvolvimento deste trabalho, necessários para a abordagem da problemática proposta.

3.1. MODELAGEM MATEMÁTICA

A modelagem matemática surge com a necessidade da inter-relação entre instrumentos da matemática clássica com outras áreas da ciência, tanto para o ambiente de pesquisa quanto para o educacional.

A matemática dentro das escolas é trabalhada de forma semelhante a um jogo, em que se aprende apenas as regras e que pouco se joga, pensando nisso surge a ideia da aplicação de conceitos aprendidos em sala de aula dentro de situações vividas no cotidiano ou então de outras disciplinas vistas pelos alunos. Esta interdisciplinaridade busca não apenas fazer com que os alunos exercitem seu conhecimento matemático, mas que ampliem seu campo de visão em onde e como eles podem utilizar a matemática vista em sala de aula.

De modo semelhante no campo da pesquisa, a ideia de aplicar conceitos matemáticos em outras áreas da ciência tem como finalidade trazer uma nova perspectiva de fenômenos através de interpolações, extrapolações e até mesmo simulações e previsões de eventos futuros.

De acordo com Bassanezi (2002), a modelagem matemática consiste na arte de transformar problemas da realidade em problemas matemáticos e resolvê-los interpretando suas soluções na linguagem do mundo real.

Já para Barbosa (2001), a modelagem matemática é todo o processo de abordagem de um problema não matemático, que envolve a construção do modelo matemático partindo de uma situação real até a construção do modelo, por meio do uso de ferramentas matemáticas, tais como gráficos, equações, inequações, empregados para representar aspectos de uma situação real. Matemática e modelagem são meios para questionar a realidade vivida.

A modelagem matemática é dividida em dois tipos, podendo ser um modelo objeto onde é buscada a representação de um objeto ou fato concreto, modelo teórico, que busca o suporte de teorias gerais ou outros modelos já elaborados para sua construção, buscando abranger o máximo de características de um sistema real, através da formulação de hipóteses ou experimentos.

Além disso, um modelo pode ser classificado de diferentes formas, podendo ser *linear* ou *não linear*, dependendo das características de suas equações base; *estático*, quando busca representar a forma física de um objeto estudado; *dinâmico*, quando representa variações de estágios envolvidos ao longo do fenômeno estudado; *educacional* quando os números de suposições realizadas no modelo são baixas visando resultados simples, mas que sirvam de forma analítica; *aplicativo*, quando o modelo se baseia em hipóteses realistas, envolvendo geralmente um alto número de variáveis e parâmetros; *determinístico*, que se baseia na suposição de que existem informações suficientes para a realização de previsões precisas através do modelo obtido e por fim, os modelos *estocásticos* onde se trabalha com os dados de forma probabilística.

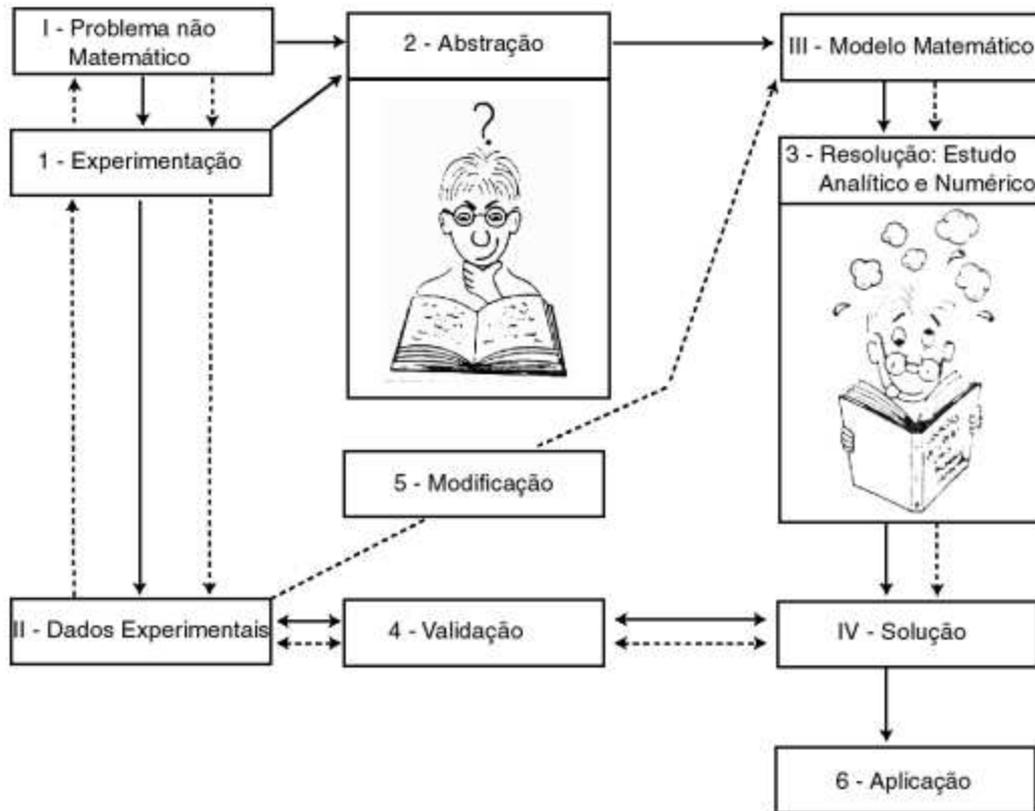
Bassanezi (2002) considera alguns procedimentos como sendo gerais na modelagem matemática, a saber:

- 1) Aquisição de técnicas básicas e teoria;
- 2) Estudo de problemas clássicos;
- 3) Emprego de técnicas conhecidas em situações novas;
- 4) Questionamento ou crítica a respeito da falibilidade de modelos clássicos;
- 5) Improvisação de novas técnicas;
- 6) Abstração de princípios unificadores para determinadas situações;
- 7) Formulação de problemas em termos matemáticos;
- 8) Organização de material;
- 9) Cooperação com especialistas de outras áreas de pesquisa.

Investigando assim outras áreas do conhecimento através da matemática, implicando na interdisciplinaridade e rompendo as barreiras entre as diversas áreas de pesquisa.

A modelagem matemática consiste em um processo dinâmico com a finalidade de se obter novos modelos através de uma série de etapas pré-estabelecidas: experimentação, abstração, formulação do problema, resolução, validação do modelo, modificação e aplicação. Na Figura 2 as setas contínuas significam a primeira aproximação em relação às conjecturas realizadas sobre a situação proposta e as setas pontilhadas, significam a busca por um modelo matemático que corresponda à solução a situação proposta.

Figura 2: Processo de modelagem matemática proposto por Bassanezi.



Fonte: BASSANEZI, 2002

Cada etapa presente na Figura 2 é descrita da seguinte forma:

- **Experimentação:** é a etapa em que se busca obter os dados experimentais ou empíricos fundamentais para a compreensão do problema estudado, dando suporte para a formulação do modelo.
- **Abstração:** é nesta etapa que se seleciona quais variáveis são essenciais para a progressão do modelo estudado através da formulação de hipóteses. A partir destes dados é realizada a tradução do problema para a linguagem matemática através da formulação do modelo.
- **Resolução:** a partir do modelo é analisado sua complexidade, para que se possa buscar soluções analíticas ou numéricas.
- **Validação:** nesta fase é realizada a comparação entre a solução obtida no modelo com os dados reais, para definir se os resultados foram ou não satisfatórios, tais validações podem vir na forma de gráficos, o que facilita a comparação.

- Modificação: é analisado a partir da etapa anterior a validade dos resultados obtidos, para que se necessário sejam propostas modificações que visem melhorar os resultados ou facilitar sua resolução.
- Aplicação: Após uma série de validações e modificações, é obtido o modelo com o melhor resultado, o qual estará apto para se aplicar em simulações reais.

O presente Trabalho de Conclusão de Curso segue o esquema proposto por Bassanezi (2002), buscando a elaboração de um modelo teórico, não linear e determinístico, capaz de representar a evolução da Covid-19 em território brasileiro, em número de pessoas infectadas pelo vírus, para que assim seja possível a realização de simulações que auxiliem na tomada de decisões para o controle da doença. Para isso, se faz necessária a introdução de uma série de conceitos que foram importantes durante o desenvolvimento desta pesquisa.

3.2. EQUAÇÕES DIFERENCIAIS E EQUAÇÕES DE DIFERENÇAS

Quando se trabalha com modelos epidemiológicos, muito se estuda a respeito de variações populacionais, termo este associado diretamente às equações diferenciais. No entanto, em muitos casos o uso de equações diferenciais pode ser algo muito complexo, tornando necessário adaptá-las para as chamadas equações de diferenças, como no caso deste trabalho. Logo serão apresentados brevemente o conceito por trás de equações diferenciais e equações de diferenças, para que ao final possa ser explicada a razão pela qual se utiliza uma e não outra.

Para Boyce e Diprima (2017), muitos princípios ou leis que regem o comportamento do mundo físico tratam de proposições ou relações que envolvem taxas com as quais eventos acontecem, as quais ao serem expressadas em linguagem matemática, as relações são equações e as taxas são derivadas. Portanto, as equações que possuem derivadas são chamadas de “Equações Diferenciais”.

Essas equações podem ser classificadas através de uma série de fatores capazes de determinar sua funcionalidade, como, sendo ordinárias quando sua função desconhecida depende de uma única variável, ou então parcial caso ela dependa de duas ou mais variáveis independentes. Outra forma de distinguir equações diferenciais, está atrelada ao número de funções desconhecidas de uma

equação diferencial, estando elas compreendidas em um sistema de uma ou mais equações. É possível também, classificá-las em relação a sua ordem, que é equivalente à maior derivada na equação e por fim, uma equação diferencial também é dita linear quando todas suas funções desconhecidas possuírem grau um ou então não linear caso contrário.

Uma equação diferencial linear de primeira ordem é descrita como:

$$\frac{dy}{dt} = ay - b, \quad (1)$$

em que $y = y(t)$, a e b são constantes.

De modo que este tipo de equação possui diversos tipos de soluções, como a solução geral pelo método dos fatores integrantes, equações separáveis e etc. As demonstrações se encontram em Boyce e Diprima (2017).

Por outro lado, tem-se as equações de diferenças. Contudo, antes de se introduzir o conceito de equações de diferenças, é necessário distinguir variáveis contínuas e discretas, pois é neste conceito que equações de diferenças se apoiam. Conforme descrito por Bassanezi (2012), uma variável x é chamada contínua quando é capaz de assumir todos valores pertencentes ao conjunto dos números reais entre os valores discretos de uma sequência $\{x_i\} = 1, 2, \dots, n$, como por exemplo, se $x_1 = 30,0$ e $x_2 = 40,5$, são determinadas massas de algum animal, então para que x seja uma variável contínua, deverá ser capaz de assumir qualquer valor dentro do intervalo $[x_1, x_2] = [30,0, 40,5]$, caso contrário, a variável x será dita “discreta”. As equações de diferenças de primeira ordem seguem o modelo:

$$y_{n+1} = \rho_n y_n, \quad (2)$$

em que $n \in \mathbb{N}$ assumindo valores $n = 1, 2, 3, \dots$

A função y_n é dita discreta uma vez que é dada pontualmente em intervalos que vão de n a $n + 1$. A característica mais importante e de maior relevância para este trabalho, que se pode observar em equações de diferenças, é que neste caso trata-se de uma equação explícita, isto é, seu resultado em y_{n+1} depende inteiramente e somente de seu valor em y_n . Isso possibilita sua aplicação em cenários da Biomatemática, onde existem dados de determinado intervalo que dependem de seu valor anterior, sendo necessária uma reavaliação das informações a cada intervalo,

para que um modelo se construa. Equações de diferenças podem ser classificadas com relação a sua ordem.

Uma equação de diferenças é dita de 1ª ordem se for do tipo:

$$y_{n+1} = F(y_n, n) \quad (3)$$

$$y_0 \text{ Dado .}$$

Desta forma, uma equação de diferenças de 1ª ordem é uma sequência $\{y_n\}$, $n \in \mathbb{N}$, de acordo com uma fórmula de recorrência, ou seja, cada termo y_{n+1} depende diretamente do termo y_n anterior e em (3) temos que $y_n = g(n)$, para todo $n \in \mathbb{N}$. Contudo, nem todo problema envolvendo equações de diferenças de 1ª ordem pode ser solucionado de forma analítica, o que faz necessária a busca de soluções aproximadas através do uso de equações lineares associadas. As equações lineares de ordem $(n - m)$ são dadas por:

$$y_n = \alpha_{n-1}y_{n-1} + \alpha_{n-2}y_{n-2} + \dots + \alpha_m y_m. \quad (4)$$

Uma equação de diferenças só é dita de 1ª ordem caso $(n - m) = 1$. Além disso, se o segundo membro da equação depende unicamente do termo anterior, ela também é dita “autônoma”, logo uma equação de diferenças de 1ª ordem linear autônoma é escrita da seguinte forma:

$$y_n = \alpha y_{n-1} \quad (5)$$

$$y_0 \text{ Dado .}$$

Esse tipo de equação representa uma proposta para se trabalhar com dados populacionais, uma vez que as informações de um determinado intervalo, como o número de eventuais infecções, dependem diretamente do número de infectados de um intervalo anterior. Por outro lado, uma equação de diferenças de 2ª ordem é gerada a partir de dados de dois intervalos anteriores. Uma equação linear de diferenças é dita de 2ª ordem, quando escrita da seguinte forma:

$$y_n = ay_{n-1} + by_{n-2}, \quad (6)$$

com y_0 e y_1 dados.

Equações de ordens superiores podem ser geradas a partir do número de valores anteriores necessários para se definir um próximo dado, como uma equação de terceira ordem dependendo de $ay_{n-1} + by_{n-2} + cy_{n-3}$, e assim sucessivamente.

Para Bassanezi (2002), durante o processo de modelagem as quantidades, ou variáveis de estado, podem ser obtidas como equações das variações. Quando tais variações são instantâneas e as oscilações do fenômeno ocorrem continuamente,

as equações matemáticas são chamadas de Equações Diferenciais e quando são formadas de uma gama de pontos das variações, utilizando cálculo de médias, são definidas como Equações de Diferenças. A compreensão do comportamento de ambas possibilita seu uso em modelagens matemáticas prevendo eventos do fenômeno considerado.

Como o objetivo deste trabalho é estudar a disseminação do vírus da Covid-19 em território brasileiro, que por sua vez ocorre continuamente, esta pode ser representada por Equações Diferenciais. Contudo, seus registros de dados não acontecem de forma contínua, são geralmente computados em intervalos, os quais comumente são diários, portanto, para solucionar as equações diferenciais uma alternativa é utilizar métodos numéricos, cuja escrita se assemelha com as equações de diferenças.

3.3. MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS

De acordo com Bassanezi (2012), o estudo da propagação de doenças transmissíveis era pouco difundido até o início do século XIX, quando foi reconhecido como pesquisa científica a partir dos trabalhos desenvolvidos por Pasteur e Kock. Até então, os eventos envolvendo epidemias eram costumeiramente atribuídos a vinganças divinas ou a espíritos malignos.

A Biomatemática é uma área de estudo que vem crescendo nos tempos atuais e que se ocupa da análise e compreensão de fenômenos biológicos, por meio da modelagem matemática. O conceito de modelagem matemática está diretamente ligado a tentativa de representar e obter explicações sobre eventos da realidade através de funções, equações, gráficos, dentre outros (BASSANEZI, 2002). As equações diferenciais, quando associadas aos avanços computacionais e numéricos, são capazes de viabilizar o estudo e simulações de diversos tipos de fenômenos de naturezas distintas, inclusive biológicos, o que pode auxiliar em tomadas de decisões. Ainda mais em um contexto pandêmico, onde a antecipação de possíveis cenários pode salvar vidas.

Quando se observa um modelo epidemiológico, espera-se que este seja capaz de representar toda a dinâmica de um sistema que envolva uma série de fatores, como a variação de indivíduos suscetíveis, infectados, recuperados ou mortos, de modo que essas variações sofram influência de parâmetros que devem ser

estimados. Contudo, a modelagem epidemiológica deve ser realizada com cautela, pois elaborar modelos com uma série de variáveis e parâmetros que se aproximem muito da realidade torna muito mais complexa a busca de uma solução para as equações. Por outro lado, modelar algo muito simples e de fácil solução pode não ser suficiente para obter resultados satisfatórios, que se aproximem da realidade. Portanto, é necessário determinar previamente o quão complexo deve ser um modelo epidemiológico a ponto de se obter uma solução que satisfaça as necessidades da investigação e que ao mesmo tempo não seja um modelo de difícil solução.

De modo geral, as doenças infecciosas são divididas em duas categorias, em relação à forma de transmissão, direta e indireta (KESHET, 2005). Uma doença de transmissão indireta é aquela em que o agente causador se fixa a um organismo chamado de vetor, o qual é responsável por espalhá-la a indivíduos suscetíveis, como é o caso da dengue, cujo vetor é o mosquito *Aedes aegypti*. O outro tipo é chamada de doença de transmissão direta, que ocorre quando o agente causador é também responsável pela sua transmissão a indivíduos suscetíveis, via meio físico, como é o caso da Covid-19, que é transmitida pelo ar através de fluidos. O tipo de doença a ser estudada diferencia o trajeto que o vírus faz ao longo do tempo gerando tipos de modelos diferentes.

A estrutura dos modelos epidemiológicos de doenças causadas por microparasitas consiste na separação dos indivíduos infectados daqueles ainda saudáveis, em compartimentos ou classes distintas. No caso da Covid-19, que é uma doença de transmissão direta, é possível separar as populações conforme proposto por W. O. Kermack e A. G. McKendrick em 1927, fazendo uso de um dos principais modelos matemáticos para epidemias chamado de modelo SIR. Nele a população é dividida em três compartimentos, denominados suscetíveis, infectados e removidos, que são descritos como segue:

- Suscetíveis ($S = S(t)$): População de indivíduos saudáveis que estão aptos à contraírem a doença ao entrarem em contato com indivíduos infectados, em determinado instante t .
- Infectados ($I = I(t)$): Indivíduos que previamente integravam o grupo dos suscetíveis, mas que foram infectados ao entrarem em contato com alguém doente, em determinado instante t .

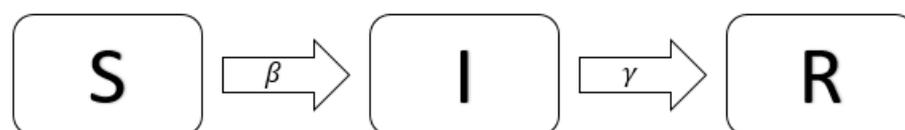
- Removidos ($R = R(t)$): Corresponde ao grupo dos indivíduos previamente infectados, mas que em dado instante t deixaram de contrair a doença, seja por cura ou morte.

Além do modelo SIR, existem outros modelos epidemiológicos bastante populares, como o modelo suscetível, infectado (SI), em que o indivíduo uma vez infectado passa a ser suscetível novamente, ou então o modelo suscetível, exposto, infectado e recuperado (SEIR), onde o compartimento dos suscetíveis é dividido em outros dois considerando pessoas suscetíveis à doença de forma separada das pessoas que estão em constante exposição à doença. Além dos dois modelos citados, outros modelos podem ser gerados a partir da divisão dos compartimentos em novos compartimentos, podendo variar o modelo de situação para situação.

Para que a compartimentação (SIR) neste cenário seja eficaz, se faz necessário levantar alguns critérios. O primeiro deles é que a transição de um indivíduo de um compartimento para o outro deve ocorrer somente em um sentido, sendo assim, uma pessoa suscetível à doença pode se tornar infectada mediante uma taxa de infecção que será denominada por β . Esta taxa de infecção servirá como métrica para determinar em média a chance que o contato entre uma pessoa suscetível e uma pessoa infectada resulte na infecção de um novo indivíduo em determinado instante t .

Além disso, uma pessoa infectada pode se tornar removida de acordo com uma taxa de remoção que será denominada por γ . Neste caso, a taxa de remoção representa a quantia de pessoas que deixaram de contrair a doença, seja por cura ou por óbito em um instante t . Uma outra abordagem para a taxa de remoção, remete ao tempo de infecção, isto é, a taxa γ pode ser representada pelo tempo que em média uma pessoa fica infectada pela doença. O trajeto da doença pode ser representado pelo seguinte fluxograma.

Figura 3: Modelo compartimental do tipo SIR.



Fonte: Elaborado pelo autor.

Tomando como base o fluxograma apresentado na Figura 3, verifica-se que neste modelo, um indivíduo com origem no compartimento S , pode somente transitar para o compartimento I , e que por outro lado, uma pessoa que esteja no compartimento I poderá somente se deslocar para o compartimento R . Isso faz com que o esquema seja considerado somente para doenças em que uma pessoa uma vez infectada não se torne suscetível a contrair a doença novamente. Como citado anteriormente, o estudo de outros cenários é possível com o uso de outros modelos (como por exemplo, em que uma pessoa infectada volta a ser suscetível), contudo muitos destes modelos exigem estudos de métodos mais avançados e que não estão no escopo deste TCC.

Um outro fator a se dar atenção é que o compartimento R , destinado a população de removidos, é responsável por abrigar indivíduos que se recuperaram da doença e indivíduos que foram levados a óbito, ambos a uma mesma taxa de remoção γ (que costuma ser destinada ao tempo de recuperação da doença) e que não é necessariamente o mesmo tempo para que um indivíduo seja levado à óbito. Entretanto, uma vez que o indivíduo alcance o compartimento R , não poderá retornar a nenhum dos outros compartimentos, fazendo com que não seja tão necessário separá-los em recuperados e mortos.

Outras fragmentações de compartimentos podem ser pertinentes, como separar o grupo dos infectados mediante a intensidade de contração da doença, ou então em caso de vacinação, dividir o grupo de suscetíveis em vacinados e não vacinados. Porém cada fragmentação torna mais difícil modelar, de modo que algumas vezes é mais produtivo sacrificar alguns detalhes, para se obter algum resultado.

Voltando novamente ao esquema proposto na Figura 3, para se formular as equações do modelo, deve-se observar a variação entre os compartimentos. Costumeiramente o estudo de variações envolvem derivadas. No caso da população de suscetíveis, será estudado a variação da população de suscetíveis ao longo da variação do tempo, ou seja $\frac{dS}{dt}$, além disso, o primeiro fator a se observar é que como as pessoas geralmente originam do compartimento S e deixam o compartimento, para integrarem o compartimento I , a representação de sua variação deve ocorrer sempre de forma negativa, pois a população está sempre decrescendo, portanto sua equação

deverá ser negativa. O segundo ponto é que essa transição de S para I ocorrerá em dependência do contato de uma pessoa de S com uma pessoa de I , a uma chance β de contaminação, ou seja a variação de S pode ser representada pela seguinte equação:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI . \quad (7)$$

A variação da população de infectados ao longo do tempo, ou seja $\frac{dI}{dt}$, pode ser descrita primeiramente por uma parcela positiva, que representa a população que passa a integrar o compartimento I , advinda de S e podem ser descritas como a equação (7) porém positiva, seguida por uma parcela negativa representada pela parcela da população de I que passa a compor a população de R em dado instante t , após a passagem do tempo médio de infecção γ , gerando assim a equação:

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I . \quad (8)$$

Por fim, a variação dos removidos $\frac{dR}{dt}$, de maneira oposta à variação dos suscetíveis, se trata do destino final dos indivíduos do sistema, ou seja sua tendência é sempre de crescimento, portanto sua equação é sempre positiva, e é representada pela parcela de I que se recuperou ou foi levada à óbito, após a passagem do tempo médio de infecção γ . A equação é representada por:

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I . \quad (9)$$

A união das três equações diferenciais ordinárias (EDO's) gera o modelo epidemiológico compartimental, conhecido como modelo SIR representado da seguinte forma:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I . \end{aligned} \quad (10)$$

No entanto, mesmo com o modelo formulado, S , I e R compõem um sistema de equações não lineares, que dependem do tempo t , e solucionar tais EDOs é uma difícil tarefa, uma vez que são muitas variáveis envolvidas. Logo, foi necessário o uso de métodos numéricos, em específico o método de Euler, para que se pudesse implementar computacionalmente soluções para o sistema de equações (10).

3.4. MÉTODO NUMÉRICO DE EULER

O sistema de equações (10) é um modelo de difícil solução por métodos convencionais, o que torna necessária a busca por alternativas, uma delas consiste em transformar as EDO's em equações de diferenças, de maneira a obter um resultado discretizado, fazendo uso do chamado método de Euler. Existem outros métodos para a resolução de problemas do tipo. No entanto, para estudá-los seria necessário aprofundar em outros tópicos que não estão presentes neste TCC.

O método de Euler é funcional para problemas de valor inicial (PVI), também conhecidos por problemas de *Cauchy*, definidos por:

$$\begin{aligned} \frac{dy}{dt} &= f(t, y), \quad t \in I \subset \mathbb{R} \\ y(0) &= y_0 \end{aligned} \quad (11)$$

em que $f: I \times \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ é uma função conhecida e $y = y(t), y: I \rightarrow \mathbb{R}$, é a função a ser encontrada, (RUGGIERO; LOPES, 1996).

Para a efetivação do método de Euler é necessário discretizar as equações à serem estudadas, isto é transformar a distribuição contínua apresentada graficamente pelas equações, em unidades individuais, separadas por intervalos. Desta forma, é possível obter a partir de uma equação diferencial, algo que se assemelhe a uma equação de diferenças, na qual seus valores são gerados de maneira procedural. Para a discretização deve-se considerar um PVI do tipo apresentado em (11), definido para $t \in [0, t_f] \subset \mathbb{R}$. Seja:

$$\Pi: 0 = t_0 < t_1 < \dots < t_N = t_f \quad (12)$$

uma partição regular de $[0, t_f]$ com N subintervalos e espaçamento $h = (t_f - t_0)/N$.

No esquema de Euler explícito, a solução de y_{k+1} é dada por:

$$y_{k+1} = y_k + hf(t_k, y_k), \quad k = 0, 1, \dots, N - 1. \quad (13)$$

Para aplicar o método nas equações do sistema (10), é necessário primeiramente discretizar a variação de cada população tornando-as pontuais a cada instante, da seguinte forma:

$$\begin{aligned}
dS &\cong \Delta S = S_{k+1} - S_k \\
dI &\cong \Delta I = I_{k+1} - I_k \\
dR &\cong \Delta R = R_{k+1} - R_k \\
dt &\cong \Delta t = t_{k+1} - t_k = h
\end{aligned} \tag{14}$$

para $k = 0, 1, \dots, N - 1$. Logo, efetuando as substituições no sistema (10) tem-se:

$$\begin{aligned}
\frac{S_{k+1} - S_k}{h} &= -\beta S_k I_k \\
\frac{I_{k+1} - I_k}{h} &= \beta S_k I_k - \gamma I_k \\
\frac{R_{k+1} - R_k}{h} &= \gamma I_k .
\end{aligned} \tag{15}$$

Manipulando o sistema de equações (15), de modo a se isolar os termos envolvendo $k + 1$ segue que:

$$\begin{aligned}
S_{k+1} &= S_k + h(-\beta S_k I_k) \\
I_{k+1} &= I_k + h(\beta S_k I_k - \gamma I_k) \\
R_{k+1} &= R_k + h(\gamma I_k) .
\end{aligned} \tag{16}$$

Após a manipulação, é possível visualizar a semelhança entre o sistema de equações discretizadas apresentadas em (16), com o método de Euler apresentado em (13). Desta forma, a solução do sistema (16) depende de valores iniciais reais para a população de suscetíveis (S), infectados (I) e removidos (R), no instante inicial $t(0) = t_0$ e dos parâmetros β e γ que serão apresentados no Capítulo 4.

4. APLICAÇÕES NO BRASIL

Este capítulo será dedicado a aplicação dos conceitos matemáticos estudados no capítulo anterior na região do Brasil. Os dados utilizados foram retirados da plataforma “Painel Coronavírus¹”, cuja iniciativa pertence ao governo federal.

O objetivo é apresentar a modelagem matemática realizada para o problema epidemiológico vivenciado nos últimos anos em decorrência da disseminação do Coronavírus. Neste capítulo serão introduzidos aos modelos epidemiológicos de EDO's e ao método numérico de Euler, deduzidos nos capítulos anteriores, dados reais da proliferação da Covid-19 em território brasileiro, com a finalidade de realizar comparações entre os dados fornecidos pela plataforma Painel Coronavírus e os modelos gerados computacionalmente, além de efetuar previsões da disseminação da doença ao redor do país.

Para o estudo da dinâmica populacional, foi utilizado o modelo epidemiológico compartimental de EDO's conhecido por suscetíveis, infectados e removidos (SIR), através da discretização do mesmo pelo método numérico de Euler. Já a determinação de parâmetros foi efetuada através do ajuste linear dos dados fornecidos pelo governo federal. Os resultados à serem apresentados tiveram como intenção analisar padrões presentes em problemas epidemiológicos, além de observar o impacto de medidas protetivas em situações de pandemia, em relação ao número de infectados e possibilitar a realização de previsões do número de pessoas infectadas nos próximos meses, auxiliando assim na tomada de decisões.

4.1. MODELAGEM E SIMULAÇÕES PARA O BRASIL

Em um primeiro momento optou-se por considerar a região do Brasil, tendo em vista que dados como o número de infectados ou de pacientes levados à óbito de todas as regiões do país são repassados e centralizados em uma mesma plataforma desenvolvida pelo Ministério da Saúde, intitulada “Painel Coronavírus”. Isto possibilita uma análise apurada dos dados em virtude do grande espaço amostral.

No entanto, por se tratar de uma região muito extensa e com uma alta variação populacional, foi necessário considerar alguns critérios para um melhor funcionamento dos modelos elaborados, sem que se perdesse muito nos resultados. Deste modo, ao

¹ <https://covid.saude.gov.br>

longo de todo o trabalho foi considerado que a população brasileira possuía um valor fixo. Outra consideração importante foi a de que um indivíduo uma vez infectado, não poderia se infectar pela doença novamente.

As simulações à serem apresentadas foram elaboradas inicialmente em um estudo prévio que consta no artigo escrito e publicado pelo autor deste TCC, juntamente com sua orientadora, intitulado “Análise do comportamento da Covid-19 no Brasil via modelo SIR” (de Almeida e Silveira, 2021), no qual foram realizadas as simulações no intervalo de 20/04/2020 até 04/07/2021, totalizando 440 dias. No artigo foram efetuadas previsões acerca da progressão da doença no intervalo de seis meses após o último dado registrado. Portanto, as simulações deste TCC servirão não somente para realizar novas previsões, mas também servirão de comparativo com os resultados obtidos no artigo, a fim de determinar sua confiabilidade.

Para dar início a simulação dos modelos, foi necessário tabelar os dados, contendo o número de pessoas suscetíveis, infectadas e removidas (recuperadas e mortas), dia a dia, no intervalo de 20 de abril de 2020 (55 dias após o início da pandemia), quando foi registrado um número expressivo de indivíduos removidos, isto é $R \neq 0$, até o dia 15 de julho de 2022, totalizando um intervalo de 816 dias. O primeiro ponto a se observar foi o fato de que no Painel Coronavírus eram fornecidos somente os dados de novos infectados, indivíduos recuperados acumulados e novos óbitos, tornando necessário o manuseio dos dados, levando em conta que o modelo SIR se trata de um modelo compartimental onde as pessoas transitam entre os compartimentos e não se comportam apenas de forma acumulativa. Pensando nisso foram definidas as seguintes equações:

$$S_n = S_{n-1} - i_n \quad (17)$$

onde n representa o dia, S_n representa o número de pessoas suscetíveis à doença em um dado dia e i_n representa o número de novos infectados em um dado dia. Com isso foi possível observar a movimentação na população de pessoas suscetíveis à doença. A segunda equação destina-se a acompanhar dia a dia a progressão dos indivíduos recuperados e pode ser representada por:

$$Rec_n = r_n - r_{n-1} \quad (18)$$

em que Rec_n representa o número de recuperados em um dado dia, r_n representa o número de recuperados acumulados em um dado dia. A terceira equação é:

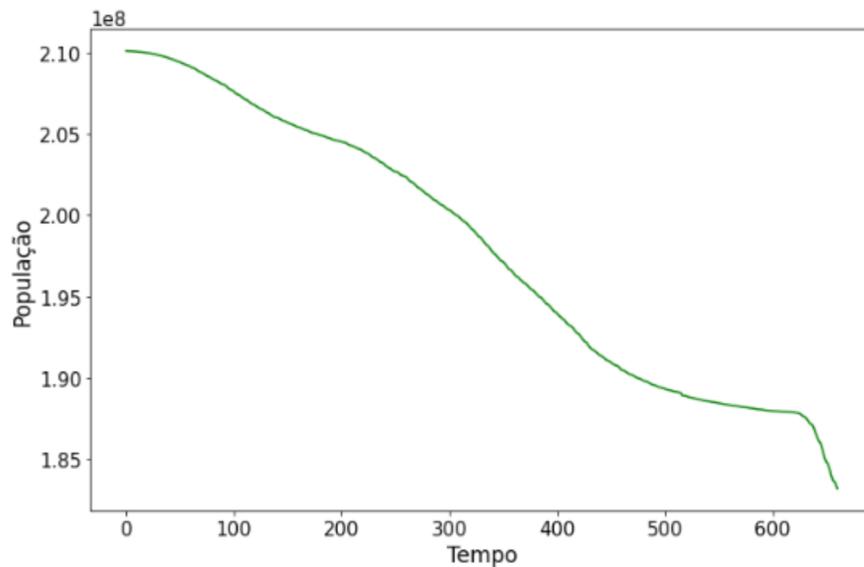
$$I_n = I_{n-1} + i_n - Rec_n - o_n, \quad (19)$$

onde o_n indica o número de novos óbitos em um dado dia. O objetivo desta equação é compartimentar os indivíduos infectados acompanhando a entrada de novos infectados e a saída de pessoas recuperadas ou levadas à óbito. Por fim, como o intuito deste trabalho é implementar o modelo SIR, tornou-se necessária a junção dos grupos de recuperados com o grupo de óbitos, formando assim o grupo de Removidos (R) representado pela equação:

$$R_n = Rec_n + o_n . \quad (20)$$

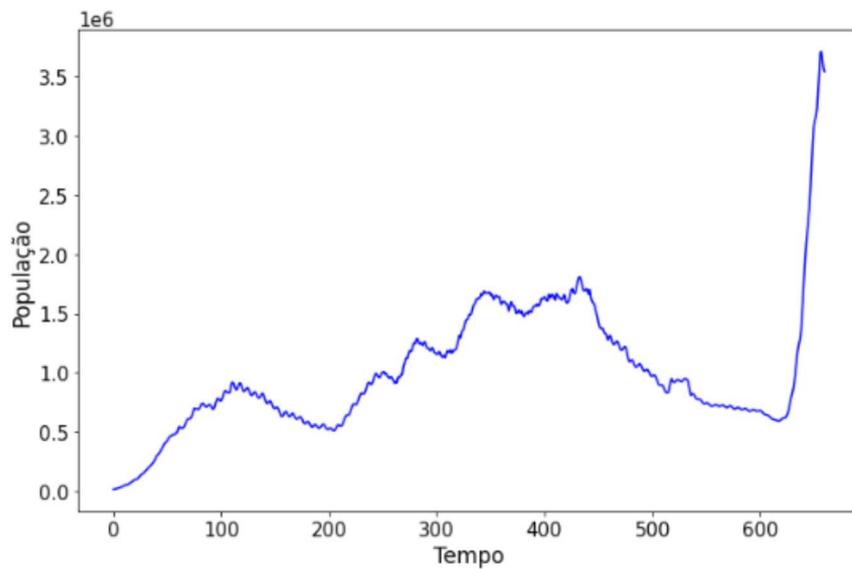
Com a formulação destas equações se torna possível observar a progressão real de cada um dos três principais compartimentos (S, I, R), ao longo de todo intervalo de tempo, tornando viável a análise de uma eventual aparência a ser obtida pelos modelos computacionais à serem implementados. Os resultados obtidos encontram-se nas Figuras 4, 5 e 6:

Figura 4: Dados de suscetíveis reais (em verde), em relação ao tempo (dias).



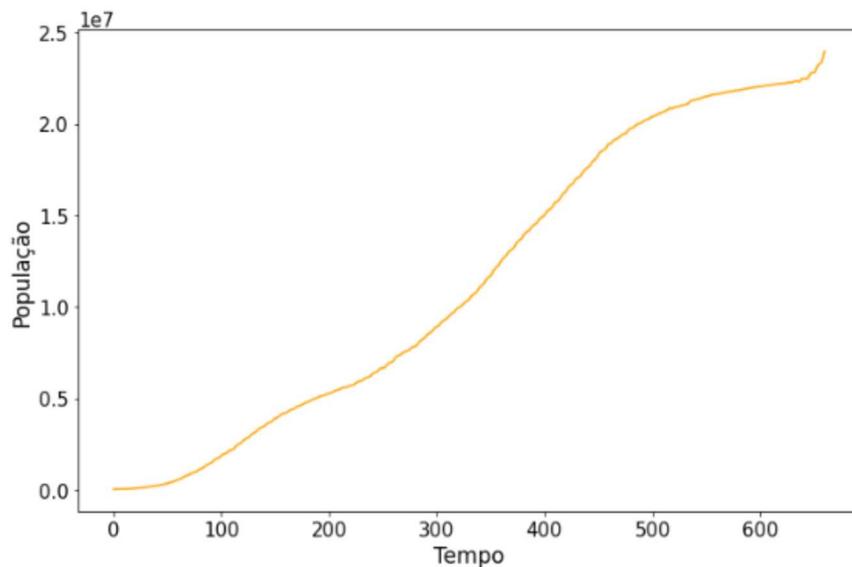
Fonte: Elaborado pelo autor

Figura 5: Dados de infectados reais (em azul), em relação ao tempo (dias).



Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 6: Dados de removidos reais (em laranja), em relação ao tempo (dias).



Fonte: Elaborado pelo autor.

Com os dados tabelados, restou a determinação dos parâmetros γ e β para que se pudesse executar simulações do sistema de equações (16). A ideia inicial foi trabalhar com parâmetros constantes, onde o parâmetro γ ou taxa de remoção está diretamente ligado ao tempo que um indivíduo infectado passa a ser considerado removido, uma vez que os indivíduos recuperados e levados à óbito estão agrupados

em um mesmo compartimento. Deste modo, o parâmetro γ^{-1} pode ser descrito como o período infeccioso (YANG, 2001). Ou ainda,

$$\gamma^{-1} = \frac{1}{\text{tempo de recuperação}} . \quad (21)$$

Em todas as simulações realizadas ao longo deste trabalho, o tempo foi contabilizado em dias levando-se em conta que o tempo médio de recuperação da Covid-19 é de aproximadamente 15 dias segundo, o CDC - Centers For Disease Control And Prevention (2021). Logo:

$$\gamma = \frac{1}{15} \text{dias}^{-1}. \quad (22)$$

De modo análogo ao parâmetro γ , em um primeiro momento foi decidido trabalhar com o parâmetro β ou taxa de transmissibilidade de forma constante. O parâmetro β descreve a chance pela qual um indivíduo infectado transmite a doença, ao mesmo tempo que refere-se à chance de um indivíduo não infectado ser contaminado por ela, ou seja, este parâmetro busca descrever a chance do contato entre alguém infectado e alguém não infectado gerar o contágio. Assim, tratar este parâmetro de forma constante seria equivalente a buscar um valor único capaz de determinar a chance do contágio. Para isso, pode-se dividir a primeira equação do sistema (10) pela terceira equação do mesmo sistema (PAIVA JÚNIOR, 2015), donde:

$$\frac{dS/dt}{dR/dt} = -\frac{\beta SI}{\gamma I}, \quad (23)$$

obtendo assim uma equação diferencial de primeira ordem (EDO) na forma:

$$\frac{dS}{dR} = -\frac{\beta}{\gamma} S. \quad (24)$$

A resolução da EDO (24) foi efetuada via método de variáveis separáveis, presente em Boyce e Diprima (2017), da seguinte forma:

$$\int \frac{dS}{S} = -\frac{\beta}{\gamma} \int dR. \quad (25)$$

Portanto,

$$\ln S = -\frac{\beta}{\gamma} R + c, \quad (26)$$

em que c é uma constante de integração. Para obter o valor de c toma-se como condições que no instante inicial $t = 0$, tem-se $S(0) = S_0 \neq 0$ e supondo também que

neste instante $R(0) = R_0 = 0$, uma vez que ainda não há indivíduos removidos (pois ainda não existem indivíduos infectados), então:

$$c = \ln S_0. \quad (27)$$

Ficando então com a equação:

$$\ln S = -\frac{\beta}{\gamma}R + \ln S_0. \quad (28)$$

A partir de algumas manipulações simples obtém-se:

$$S = S_0 e^{-\frac{\beta}{\gamma}R}. \quad (29)$$

No entanto, como a ideia era determinar um valor para o parâmetro β , a equação (28) pode ser reescrita na forma:

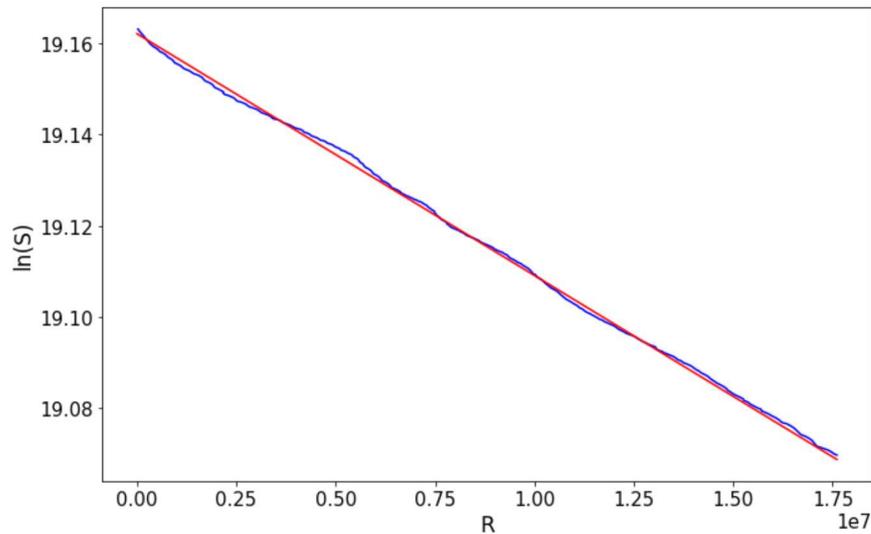
$$y = -\frac{\beta}{\gamma}R + n, \quad (30)$$

em que $y = \ln S$ e $n = \ln S_0$.

Com isso, é possível notar que a equação (30) possui a forma $y = -mx + q$, $m > 0$, portanto o gráfico de $S \times R$ possui comportamento linear decrescente, sendo então $\beta = m\gamma$.

Fazendo uso das informações do Painel Coronavírus, veículo oficial para comunicação da situação epidemiológica no país e adotando que a estimativa da população brasileira no início de 2020 equivalia a 210.147.125 habitantes, segundo o IBGE (2019), foi elaborado um gráfico contendo a distribuição dos dados amostrais na forma de pontos $(R, \ln S)$. A intenção foi construir um ajuste linear via método dos mínimos quadrados, conforme mostra a Figura 7:

Figura 7: Gráfico de $\ln S$ em função de R , em azul. Regressão linear ajustada, em vermelho.



Fonte: Elaborado pelo autor

É importante destacar na Figura 7 que, embora o primeiro caso registrado de Covid-19 em território brasileiro tenha acontecido no dia 25 de fevereiro de 2020, neste estudo optou-se por considerar o mesmo período estudado no artigo de Almeida e Silveira (2021) que ocorreu entre 20 de abril de 2020 (55º dia após o surgimento do 1º caso) e 04 de julho de 2021, pois foi somente em abril que surgiram as primeiras confirmações expressivas sobre o número de removidos (recuperados ou mortos). Além disso, a equação da reta obtida através do ajuste linear foi:

$$y = -0,0000000005289R + 19,2, \quad (31)$$

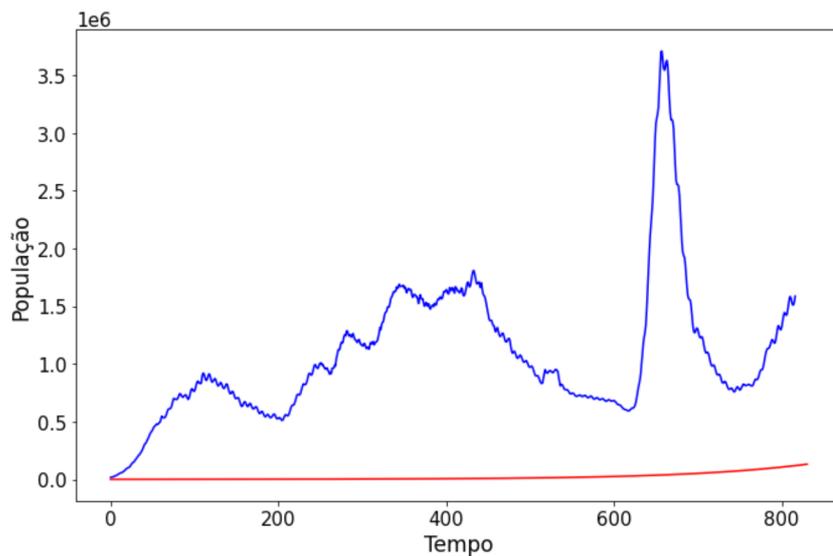
possibilitando assim determinar o valor de β , isto é,

$$\beta = 0,00000000035266. \quad (32)$$

Com a definição dos parâmetros realizada, deu-se início às simulações do sistema de equações (16). Do mesmo modo, tais simulações foram realizadas no intervalo de 20 de abril de 2020, que foi quando surgiu o primeiro indivíduo removido, isto é $R \neq 0$, até o dia 15 de julho de 2022, totalizando-se 816 dias. As condições iniciais para o sistema (16) foram: $S(0) = S_0 = 210.146.834$, $I(0) = I_0 = 290$, $R(0) = R_0 = 1$ e $t \in [0, 475]$, além de serem considerados $\gamma = \frac{1}{15}$ e $\beta = 0,00000000035266$. Para a utilização do método de Euler foi decidido $h = 0,001$, sendo as implementações computacionais realizadas através de códigos próprios, elaborados em linguagem Python.

A solução numérica do sistema pode ser visualizada em vermelho na Figura 8 a seguir e na mesma imagem em azul, é possível observar também os registros reais de infectados por Covid-19 no Brasil, durante o período estudado.

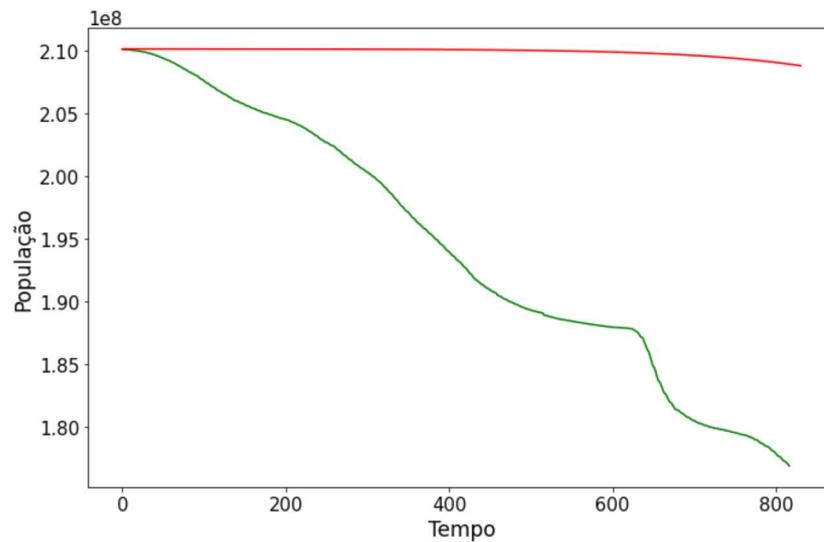
Figura 8: : Dados de infectados reais (em azul) e infectados calculados (em vermelho), com γ e β constantes.



Fonte: elaborada pelo autor

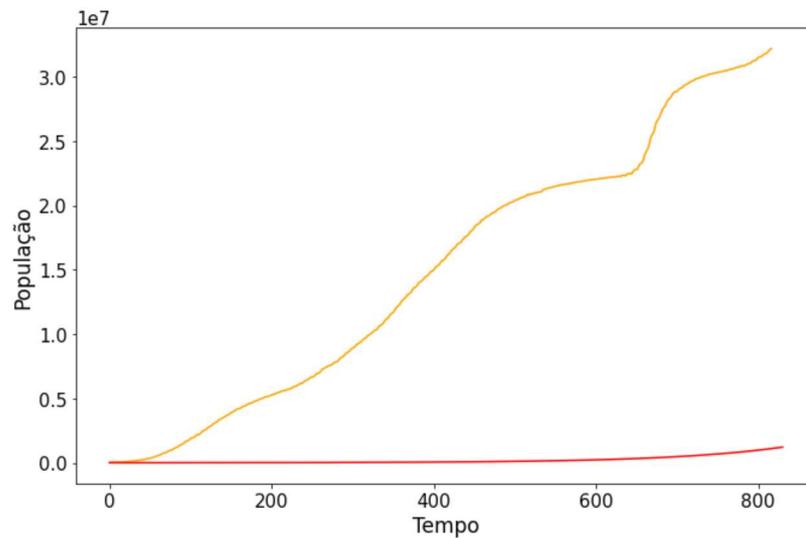
A partir da Figura 8 observa-se que o modelo para a população de infectados não proporcionou resultados satisfatórios. Enquanto a população de indivíduos infectados (dados reais) cresce, não é possível averiguar um crescimento significativo da solução numérica e o mesmo acontece com as equações dos indivíduos Suscetíveis e Removidos, como verifica-se nas Figuras 9 e 10:

Figura 9: Dados de Suscetíveis reais (em verde) e suscetíveis calculados (em vermelho), com γ e β constantes



Fonte: elaborada pelo autor.

Figura 10: Dados de Removidos reais (em laranja) e removidos calculados (em vermelho), com γ e β constantes.



Fonte: elaborada pelo autor

A partir dos resultados apresentados nas Figuras 8, 9 e 10, deu-se início a investigação da razão para a discrepância entre os dados reais e os experimentais. Os modelos elaborados e implementados computacionalmente eram compostos apenas por variáveis baseadas em valores reais, como o número de indivíduos suscetíveis, infectados e removidos e pelos parâmetros γ e β que determinam o tempo de infecção e a chance de uma nova infecção acontecer, respectivamente. Como as variáveis do modelo se baseiam em números reais acompanhados dia a dia, então

não há a possibilidade de a discrepância dos dados estar atrelada a estas variáveis, sendo assim, os erros dos modelos estão ligados aos parâmetros.

Como o parâmetro γ representa o tempo de infecção, ou seja, o tempo em média no qual o vírus se mantém vivo no organismo de um indivíduo infectado, então não há muita variação de pessoa para pessoa, é coerente considerá-lo na forma de uma constante.

No entanto, observou-se que o mesmo não ocorre com o parâmetro β , uma vez que este representa a chance de infecção e esse fato está diretamente ligado a um conjunto de outros fatores posto que, com o avanço da Covid-19 em território brasileiro o registro de casos e mortes ao longo do tempo passou por uma série de momentos distintos, por exemplo a chegada de novas variantes ou então a adoção de novas medidas protetivas, como as vacinas. Além disso, devido à grande dimensão territorial, enquanto alguns estados enfrentavam um grande número de casos, em outros poucos infectados eram registrados. Outro elemento importante a se considerar é que no início da pandemia haviam poucas informações acerca da doença, o que certamente afetou diretamente na computação de dados, pois não se sabia ao certo se a pessoa estava ou não infectada pela Covid-19.

Por fim, no decorrer da pandemia, posturas muito diferentes e frequentemente divergentes foram adotadas pelos governantes, nas esferas federal, estadual e municipal e do mesmo modo, uma parcela da população não aderiu de forma coesa aos decretos e as recomendações sanitárias por uma cadeia de motivos, como a necessidade de voltar ao trabalho presencial, uso do transporte público, falta de acesso a água e saneamento básico, dentre outros. Desta forma, todos estes fatores impactam diretamente no número de casos e, portanto, devem estar inclusos no modelo, tornando necessário trabalhar com um número de infecções que varie ao longo do tempo.

Nos primeiros meses de 2021 houve uma explosão no número de casos e óbitos pela doença, fato esse que ocasionou uma sobrecarga no sistema de saúde. Isto evidenciou as diferenças existentes na estrutura hospitalar das cidades brasileiras. Por outro lado, a vacinação teve início em janeiro de 2021, porém com quantidade pequena de doses e priorizando determinados grupos da população. Em ambos os casos a taxa de transmissibilidade possivelmente não devia possuir o

mesmo valor, sendo notória uma maior transmissão da doença no primeiro cenário e uma possível redução desta transmissão no segundo.

Pensando em todos estes aspectos dificilmente a taxa de transmissibilidade β se manteve a mesma ao longo dos meses de pandemia, em todas as localidades no Brasil. Desta forma, uma nova abordagem foi proposta para obter um $\beta = \beta(t)$, considerando os dados do Painel Coronavírus e partindo da equação (28)

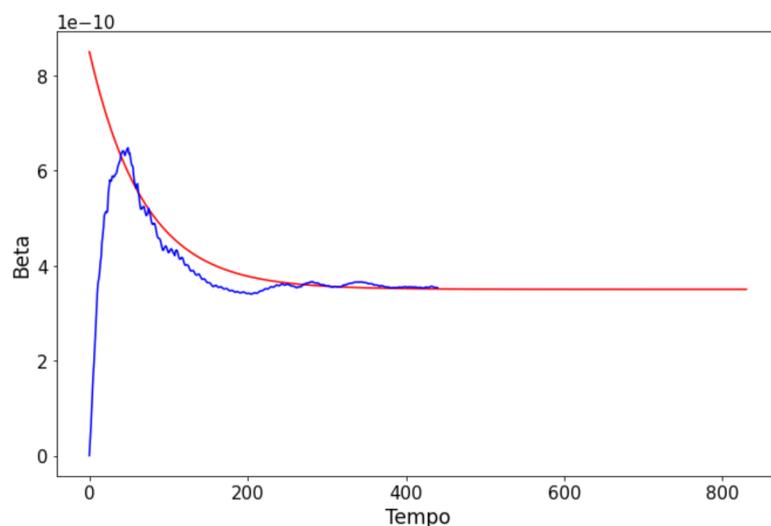
$$\frac{\beta}{\gamma} R = \ln S_0 - \ln S. \quad (33)$$

Portanto:

$$\beta(t) = -\gamma \frac{\ln S}{R} + \gamma \frac{\ln S_0}{R}. \quad (34)$$

A equação (34) permite calcular um valor de β para cada dia do intervalo de tempo avaliado neste trabalho, tendo em vista que os dados da pandemia foram tabelados dia-a-dia em uma planilha eletrônica e em seguida determinar um ajuste que mais se aproxime dos dados reais registrados, a fim de não apenas determinar o valor de β no intervalo estudado, mas também que seja capaz de estipular valores futuros. Logo, analisando a dispersão dos pontos $(t, \beta(t))$ foi possível verificar que o comportamento da função $\beta(t)$ não é linear. Tal fato está exposto na Figura 11, gráfico em azul.

Figura 11: Gráfico de β em função de t , em azul. Ajuste exponencial, em vermelho.



Fonte: Elaborado pelo autor

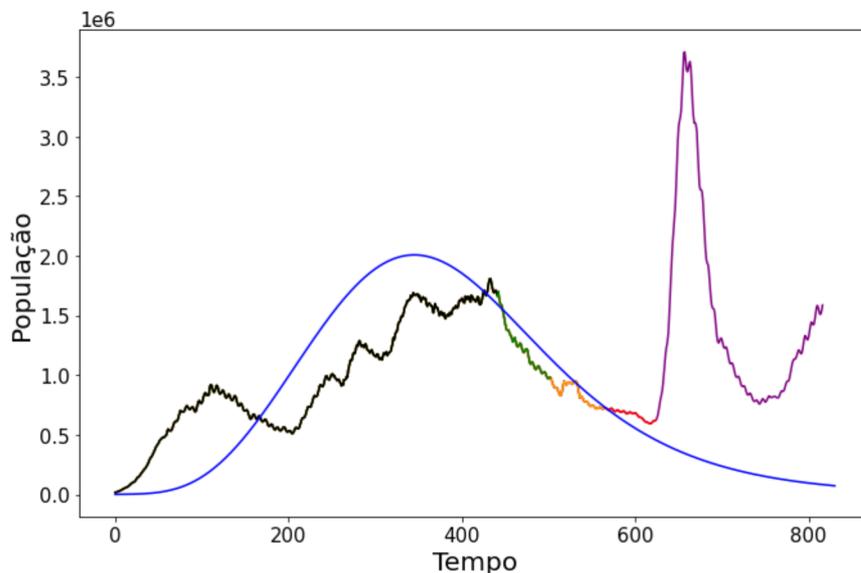
Considerando que a disposição dos pontos de β tende a um valor constante positivo, conforme $t \rightarrow \infty$, foi ajustada uma curva exponencial (gráfico em vermelho na Figura 11) de modo a obter a equação:

$$\beta(t) = 0,00000000035 + 0,0000000005e^{-0,0145t}. \quad (35)$$

Embora a equação obtida não represente alguns dos eventos ocorridos no gráfico do início da pandemia, ela serve como uma boa aproximação dos dados reais e possibilita trabalhar com valores distintos de β ao longo do tempo, além de considerar valores futuros. Ademais, no início de um evento como este a confiabilidade nos dados é questionável, por ser uma doença nova, com desencontros de registros e informações.

Ao implementar a equação (35) no sistema de equações (16), mantendo as condições iniciais, o parâmetro γ , o espaçamento h e t_f , o resultado obtido para a curva de indivíduos infectados pode ser observado na Figura 12:

Figura 12: Dados de infectados reais nos períodos P1 (em preto), P2 (em verde), P3 (em laranja), P4 (em vermelho), P5 (em roxo) e infectados calculados (em azul), com $\beta = \beta(t)$.



Fonte: Elaborado pelo autor.

Os períodos analisados na Figura 12 foram divididos por cores que representam o número real de infectados entre abril de 2020 e julho de 2021 (em preto); de julho de 2021 até setembro de 2021 (em verde); de setembro de 2021 até novembro de 2021 (em laranja); de novembro de 2021 até janeiro de 2022 (em vermelho) e de janeiro de 2022 até julho de 2022 (em roxo).

No caso da Figura 12, em uma concepção geral pode-se notar que a adoção do parâmetro $\beta = \beta(t)$ foi capaz de capturar o crescimento da população de infectados e do mesmo modo acompanhou a tendência de decréscimo dos dados reais. Ao se observar o gráfico deve-se notar que os dados em verde, laranja e vermelho, correspondem respectivamente às previsões de dois, quatro e seis meses realizadas no artigo de Almeida e Silveira (2021), as quais foram muito próximas dos dados reais. Além disso, é bastante marcante a presença de um pico muito distante dos anteriores no intervalo após janeiro de 2022, intervalo em que houve um apagão de dados no Brasil, juntamente com a chegada da variante Ômicron no território brasileiro, o que pode ter ocasionado o distanciamento entre os dados reais e as simulações. Entretanto, de maneira geral os resultados numéricos permaneceram na mesma ordem de grandeza dos valores reais, sendo necessário apenas realizar uma análise dos resultados dentro de alguns intervalos específicos.

Inicialmente é apresentado em preto os casos registrados entre 20 de abril de 2020 e 4 de julho de 2021 (440 dias), onde há a presença de dois picos da doença. Embora o modelo não seja capaz de representar de maneira exata os dois picos, foi possível ficar próximo dos dados reais, mantendo inclusive a mesma ordem de grandeza ao longo de todo o intervalo. É importante ressaltar também, que dentro deste intervalo inicial, o primeiro dado analisado surgiu somente 55 dias após o caso originário de Covid-19 registrado em território brasileiro (25 de fevereiro de 2020), pois foi em abril que houveram registros expressivos no número de removidos, transcorrendo assim um tempo para que o compartimento dos indivíduos infectados se consolidasse em decorrência da melhora na atualização das informações por parte do governo federal. Por fim, o intervalo registrado na cor preta foi todo o registro realizado no decorrer do artigo de Almeida e Silveira (2021).

Os intervalos entre 5 de julho de 2021 e 4 de setembro de 2021 (em verde), 5 de setembro de 2021 e 4 de novembro de 2021 (em laranja) e entre 5 de novembro de 2021 e 4 de janeiro de 2022 (em vermelho) representam o intervalo de seis meses divididos dois a dois meses em que foram realizadas as previsões no artigo citado anteriormente.

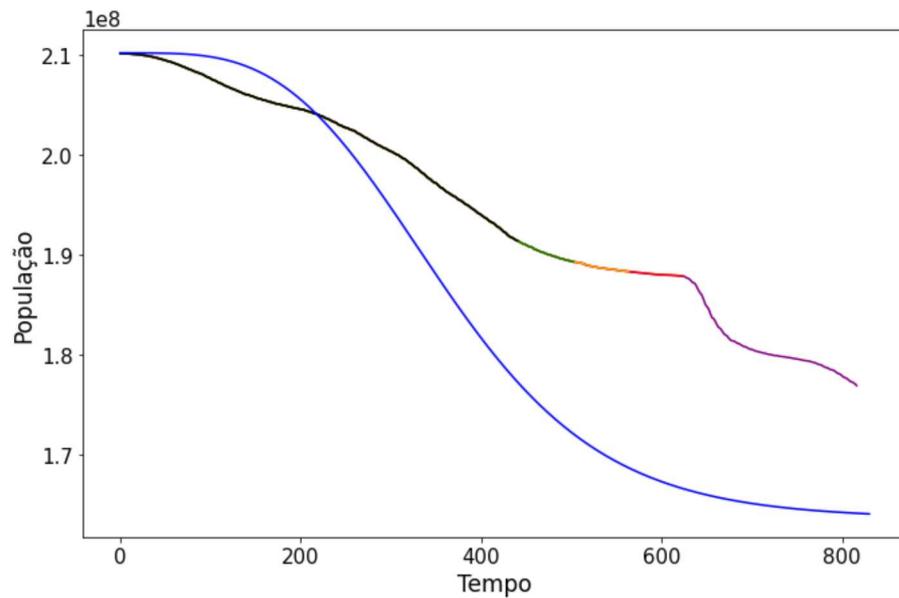
É importante salientar nesta etapa que os resultados previstos estão bem próximos dos dados reais exibidos pela doença e que embora o modelo não considere

diretamente uma série de fatores como a introdução da vacina, já presente no cotidiano do brasileiro durante este período de previsões, ainda sim o modelo foi capaz de captar não somente a ordem de grandeza, mas também sua movimentação que tende a um decréscimo cada vez maior. Isso se deve principalmente ao parâmetro β variável (influenciado por diferentes razões, inclusive a vacina).

O último intervalo representado pela cor roxa ocorre entre 5 de janeiro de 2022 e 15 de julho de 2022, neste período houve um apagão nos registros relacionados à Covid-19 no Brasil, o que justifica certa discrepância entre os dados reais e os dados estimados. Além disso, pouco antes deste período foi registrado o primeiro caso da variante Ômicron em solo brasileiro, que ocorreu em dezembro de 2021, o que afetou diretamente os dados, uma vez que com a chegada da nova variante os números de casos sofreram uma disparada em um curto espaço de tempo. No entanto, ao fim deste intervalo é possível observar que aos poucos o número de casos está tendendo a diminuir novamente, se aproximando cada vez mais dos resultados do modelo. Um estudo aprofundado futuro é importante para averiguar se o modelo elaborado permanece sendo satisfatório ou se haveria a necessidade da elaboração de um novo modelo ou até mesmo uma readaptação do modelo até então proposto.

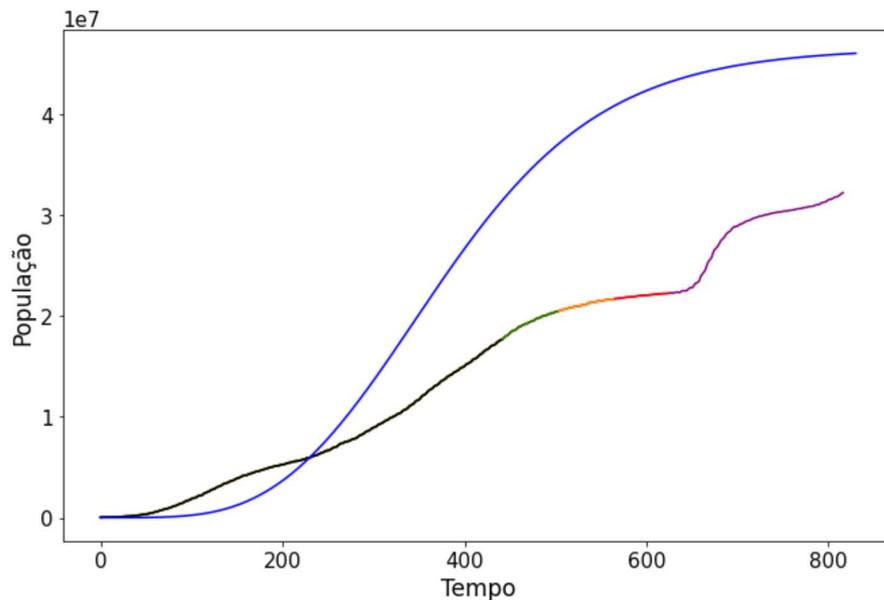
Uma mesma abordagem pode ser visualizada nas Figuras 13 e 14 que representam, respectivamente, os modelos das populações de indivíduos suscetíveis e removidos plotados com dados reais da Covid-19 (em azul) e com dados simulados divididos nos mesmos intervalos representados por cores na Figura 12.

Figura 13: Dados de suscetíveis reais nos períodos P1 (em preto), P2 (em verde), P3 (em laranja), P4 (em vermelho), P5 (em roxo) e suscetíveis calculados (em azul), com $\beta = \beta(t)$.



Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 14: Dados de removidos reais nos períodos P1 (em preto), P2 (em verde), P3 (em laranja), P4 (em vermelho), P5 (em roxo) e removidos calculados (em azul), com $\beta = \beta(t)$.



Fonte: Elaborado pelo autor.

Novamente o modelo SIR proposto com β variável foi capaz de acompanhar o decréscimo da população de suscetíveis, na mesma ordem de grandeza (Figura 13) e a tendência de crescimento na população de removidos (Figura 14). No entanto, há um maior distanciamento entre os dados reais e os calculados em comparação aos dados apresentados da população de infectados. Isso pode ter ocorrido em virtude,

por exemplo, do fato de se considerar a população imutável e o fato de um indivíduo uma vez infectado não se infectar novamente, conforme as hipóteses do modelo SIR.

No Capítulo 5 será explicitada a modelagem matemática feita tendo como cenário a cidade de Sorocaba. O propósito foi observar se os eventos ocorridos no município se assemelham àqueles vivenciados no território nacional como um todo, ou quais seriam as diferenças ao se considerar um domínio de estudo menor.

5. MODELAGEM E SIMULAÇÕES PARA SOROCABA

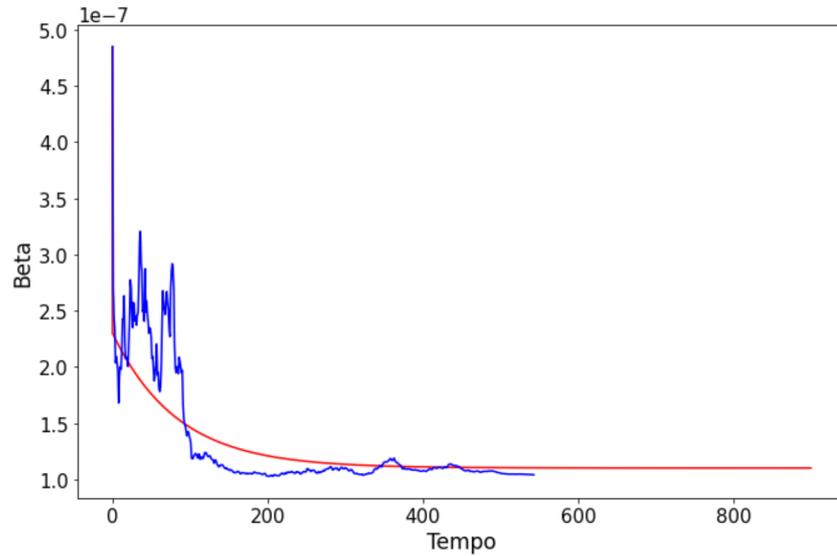
A análise dos dados da Covid-19 na cidade de Sorocaba se deu de modo semelhante aos elementos do Brasil. No entanto, para este estudo a plataforma utilizada como fonte de informação foi o projeto SP Covid-19 Info Tracker. plataforma elaborada pelo grupo de pesquisa Viser que integra pesquisadores da Unesp (Universidade Estadual Paulista), USP (Universidade de São Paulo), CEPID-FAPESP CeMEAI (Centro de Ciências Matemáticas aplicadas à Indústria) e conta com o apoio da FAPESP (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo) e da FUNDACTE (Fundação de Ciências, Tecnologia e Ensino - FCT/UNESP). O projeto possui como uma de suas principais missões a construção de um repositório de dados que seja robusto, preciso e de maior abrangência frente às diferentes propostas de bases disponíveis em contexto nacional, através da atualização diária de registros acerca da pandemia em diversos municípios do estado de São Paulo.

A partir dos valores disponibilizados pela plataforma, foram planilhados o número de indivíduos suscetíveis, infectados e removidos de modo semelhante ao que foi feito com a população do Brasil, tomando como base as equações (17), (18), (19) e (20) do Capítulo 4, ao longo do intervalo de 16 de abril de 2020 até o dia 11 de outubro de 2021, totalizando 543 dias. Desta forma foi possível estabelecer um banco de memórias para que em seguida fossem determinados os parâmetros.

Para este modelo, novamente o parâmetro γ foi considerado como sendo 15 dias, uma vez que o tempo de infecção é praticamente o mesmo ao redor do mundo. Já o parâmetro β , referente a taxa de transmissibilidade, foi considerado como variável dependente do tempo. Como visto anteriormente, tratar a taxa de infecção como algo constante afeta negativamente o modelo a ser elaborado, além do fato de que uma infecção não se comporta de maneira constante, tendo sua disseminação total dependência de uma série de fatores externos, como o número de indivíduos infectados ao mesmo tempo, ou a adoção ou não de medidas de contenção da doença, o clima, vacinas, entre outros. Assim, a disseminação do vírus se comporta de modo variável, ou seja $\beta = \beta(t)$.

Para determiná-lo foi feito novamente o uso da equação (34), aplicada à base de dados de 543 dias, obtendo assim o resultado gráfico apresentado na Figura 15:

Figura 15: Gráfico de β em função de t , em azul. Ajuste exponencial, em vermelho.



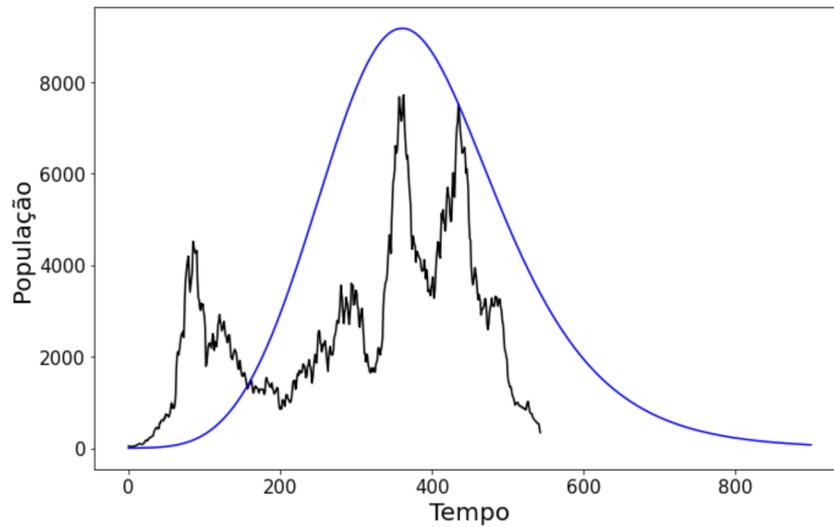
Fonte: Elaborado pelo autor

Ao realizar o ajuste de curva do gráfico apresentado pela Figura 15, a equação obtida foi:

$$\beta(t) = 0,00000011 + 0,00000012e^{-0,0012t}. \quad (36)$$

Com base nos valores dos parâmetros, foi possível a formulação do modelo em linguagem computacional, partindo do sistema de equações (16), com a finalidade de se realizar previsões de dois, quatro e seis meses, após o último dado utilizado para a formulação do modelo, para verificação do comportamento dos resultados ao longo do tempo. Portanto, em um primeiro momento, partindo de $S(0) = S_0 = 650.000$, $I(0) = I_0 = 15$, $R(0) = R_0 = 1$ e $t \in [0, 543]$, obteve-se o seguinte resultado gráfico apresentado na Figura 16:

Figura 16: Dados de infectados reais até outubro de 2021 (em preto) e infectados calculados (em azul), com $\beta = \beta(t)$.

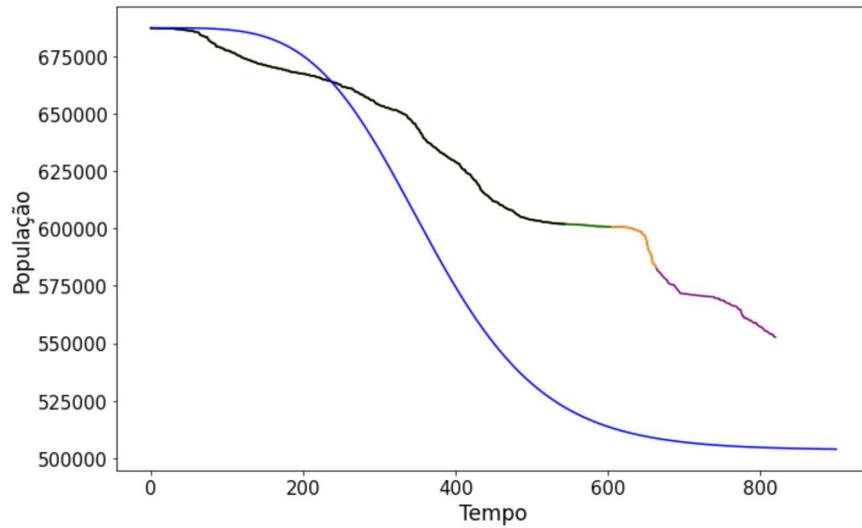


Fonte: Elaborado pelo autor

Na Figura 16 é possível observar em preto, os dados reais de indivíduos infectados no intervalo de 543 dias e em azul o modelo proposto para representar a curva de indivíduos infectados. Além disso, a partir do modelo foi extrapolado o intervalo de tempo inicial em 274 dias, ou seja, até a data de 15 de julho de 2022, a fim de se realizar previsões do comportamento da doença neste período. O mesmo tratamento foi efetuado para as populações de suscetíveis e removidos.

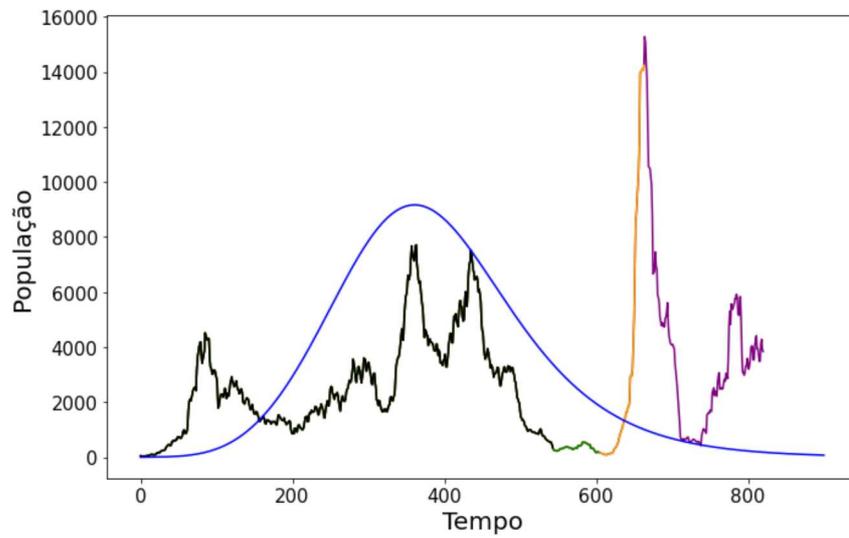
Após a passagem dos prazos estabelecidos, os gráficos das populações reais de pessoas, suscetíveis, infectadas e removidas foram novamente plotados e as previsões realizadas, com os valores reais divididos em quatro momentos, sendo de abril de 2020 até outubro de 2021 em preto; de outubro de 2021 a dezembro de 2021 em verde; de dezembro de 2021 até fevereiro de 2022 em laranja e de fevereiro de 2022 até julho de 2022 em roxo, obtendo assim os gráficos apresentados nas Figuras 17, 18 e 19:

Figura 17: Dados de suscetíveis reais nos períodos P1 (em preto), P2 (em verde), P3 (em laranja), P4 (em roxo) e suscetíveis calculados (em azul), com $\beta = \beta(t)$.



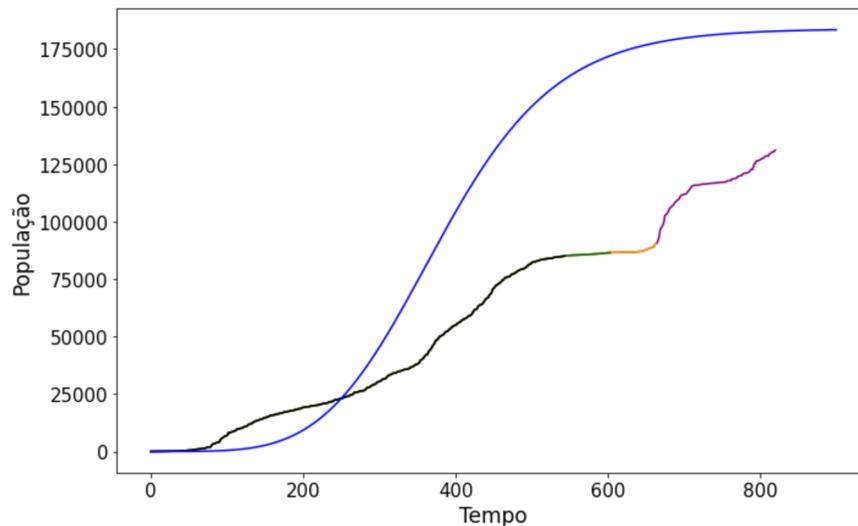
Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 18: Dados de infectados reais nos períodos P1 (em preto), P2 (em verde), P3 (em laranja), P4 (em roxo) e infectados calculados (em azul), com $\beta = \beta(t)$.



Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 19: Dados de removidos reais nos períodos P1 (em preto), P2 (em verde), P3 (em laranja), P4 (em roxo) e removidos calculados (em azul), com $\beta = \beta(t)$.



Fonte: Elaborado pelo autor.

De modo semelhante, no gráfico da população de infectados (Figura 18) dos resultados de Sorocaba, nos primeiros dois meses após o último dado registrado (de 12 de outubro de 2021 até 10 de dezembro de 2021 em verde) a curva apresenta uma tendência de queda, assim como a população de indivíduos infectados se aproxima progressivamente dos dados reais. No entanto, quando se observa o intervalo seguinte (de 11 de dezembro de 2021 até 8 de fevereiro de 2022 em laranja) os valores reais contradizem os estimados, uma vez que os números reais apresentam uma tendência de crescimento desproporcional ao que vinha sendo apresentado ao longo de toda a pandemia e tal fenômeno pode ter ocorrido frente à chegada da variante Ômicron que teve seu primeiro caso registrado no Brasil em meados de dezembro de 2021. Outro fator determinante para tal ocorrência pode ter sido o apagão de informações também registrado no mês de janeiro de 2022 em todo território brasileiro, incluindo a cidade de Sorocaba.

A partir destes eventos era esperado que de fato os dados factíveis se distanciassem bastante dos resultados estimados, que não contavam com tais acontecimentos, contudo também é de se esperar que conforme estas situações se estabilizem, os valores vigentes voltem a margem do que vinha sendo registrado nos últimos meses e isto pode ser observado até certo ponto no último intervalo registrado dos dados reais (de 9 de fevereiro de 2022 até 15 de julho de 2022 em roxo). Neste

período é evidente uma nova queda dos valores tabelados, que voltam a alcançar e até mesmo coincidem em certo momento com os valores do modelo elaborado.

Supõe-se que com o decorrer da pandemia e com o número de casos registrados diminuindo cada vez mais, a curva dos casos reais volte a se aproximar dos resultados previstos pelo modelo, nos meses subsequentes. Porém, não se pode descartar a possibilidade da perda da veracidade do modelo em razão da ocorrência dos eventos citados anteriormente, fazendo-se necessária a elaboração de um novo modelo capaz de descrever tais situações. Caso isto ocorra, o presente modelo ainda possibilita o estudo de como eventos, sejam naturais ou em decorrência de uma má gestão de informações são capazes de impactar e até mesmo invalidar resultados de modelos até então bem estruturados (em circunstâncias específicas).

Outro ponto a se destacar é que em decorrência do modelo ter sido planejado para ser o mais simples possível, não se trabalhou com a inserção de um termo para a vacina ao longo da pandemia (considerando-a apenas como parte da taxa de transmissibilidade, juntamente de outros fatores). Isto gera um espaço de estudo futuro na elaboração de um modelo que aborda a doença, juntamente com a adoção da vacina e como isso impacta não somente a curva de indivíduos infectados, mas também a curva de casos graves registrados ao longo do território sorocabano.

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O propósito deste TCC foi estudar a trajetória da Covid-19 no Brasil e na cidade de Sorocaba, utilizando o modelo compartimental de suscetíveis, infectados e removidos (SIR), originário da Biomatemática e adaptando-o via método numérico de Euler, com o auxílio de linguagem computacional Python. Os objetivos principais foram compreender ao longo do estudo a curva de casos reais da doença, implementar simulações e realizar previsões para os meses subsequentes. Para isso, buscou-se promover a relação entre os conteúdos estudados na graduação, conteúdos novos não trabalhados na graduação e a prática, reforçando a importância e aplicabilidade da matemática.

O processo de elaboração do trabalho foi relativamente longo, devido a muitos motivos, com o trabalho se originando a partir de uma iniciação científica, e tomando maiores proporções ao longo dos anos, tendo em vista a constante atualização dos dados sobre a Covid-19, o surgimento de novas variantes e o desenvolvimento de novas formas de combatê-la.

A realização desta pesquisa possui um importante papel no estudo da Covid-19, pois por se tratar de algo recente e de grande escala, se faz necessária uma ampla gama de diferentes tratamentos matemáticos que viabilizem a análise de tomada de decisões por parte de órgãos públicos, identificando seus impactos principalmente no número de novos casos e óbitos, buscando sempre o controle e a erradicação do vírus.

Pode-se dizer que os objetivos traçados inicialmente foram alcançados, uma vez que foi possível realizar o estudo acerca da disseminação da Covid-19, tanto no Brasil como em Sorocaba; apresentando a matemática inserida no cotidiano da sociedade como uma importante ferramenta de estudo que auxilia na tomada de decisões permitindo previsões futuras.

Observando os resultados, principalmente das curvas da população de infectados proporcionados pelos dados do Brasil e de Sorocaba, nota-se um alto grau de semelhança em ambos os casos, onde são apresentados picos e vales de infectados em períodos bastante semelhantes e os reflexos da chegada da Ômicron e a perda de informações nos dois cenários. Contudo, também é visto que os infectados reais de Sorocaba responderam melhor a este evento que os infectados do

Brasil, uma vez que seus valores se mantiveram mais próximos do modelo estabelecido, chegando até mesmo a tocar o gráfico proposto, enquanto os dados do Brasil apenas apresentam uma tendência de queda, mas ainda com certa distância dos dados previstos.

Tais divergências podem ocorrer devido ao fato da cidade de Sorocaba corresponder apenas a uma pequena região, diferentemente do Brasil que é composto por uma série de regiões com características distintas. Ou seja, observa-se que o impacto da perda de registros ou da chegada de uma nova variante é sentido de forma mais presente quando se examina um território em larga escala em comparação ao estudo em um território menor, onde a alteração brusca no número de novos casos ainda é presente, mas com menor intensidade.

Outro fator que pode ser constatado nos dois gráficos de infectados apresentados nas Figuras 12 e 18, é que tal semelhança visual dos gráficos pode representar que a cidade de Sorocaba seguiu de certo modo os padrões observados na maior parte do território brasileiro, respeitando os intervalos de pico da doença e os de menor infecciosidade, não podendo assim a cidade de Sorocaba ser considerada um modelo a ser seguido. Não apresentou grandes intervalos em que a proporção de infectados era menor que a mostrada no Brasil, mas também não se mostrou um mau exemplo na contenção da doença, mantendo sempre a dimensão de sua população de infectados próxima à do Brasil.

Este tipo de análise só se fez possível graças a adaptação do modelo que inicialmente consideraria uma taxa de infecciosidade constante, que se mostrou falha em sua aplicação, tornando necessário considerá-la como algo variável, o que condiz com a realidade, uma vez que a velocidade com a qual a doença se propaga em um território está atrelada a uma série de fatores como: período de incubação, taxa de letalidade, a adoção ou não de medidas de proteção pela população, clima, entre outros. Mas é importante salientar que um desses fatores é a inserção da vacina no controle da doença, que nesse caso foi incluída na taxa de infecciosidade β , e que se mostrou bastante eficaz, tendo o gráfico resultante para a população de infectados acompanhado os dados reais por um bom tempo após o início da vacinação.

Por fim, por se tratar de um modelo simples, em comparação à outros modelos compartimentais, onde a população é mais fragmentada, que buscou estudar uma

doença bastante complexa e que ao longo de todo intervalo de tempo estudado passou por modificações, o espaço para a aplicação de novas pesquisas é bastante real, sendo possível trabalhar uma mesma aplicação a outras cidades ou até mesmo realizar o estudo ao longo de todo um estado, observando o comportamento dos gráficos em territórios de larga, média e baixa escalas.

Também se pode estudar as alterações no comportamento do modelo quando inserida a vacina na realidade da população estudada, através da elaboração de uma nova população de vacinados, além de outros parâmetros como dividir os removidos em recuperados e óbitos, ou inserindo a população de infectados mais de uma vez, fragmentando ainda mais o modelo compartimental. Outra possibilidade seria considerar a população como uma variável, levando em conta sua natalidade ao longo do tempo, assim como sua taxa de mortes, se aproximando talvez ainda mais da realidade.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, L. A., SILVEIRA, G. P.. Análise do comportamento da Covid-19 no Brasil via modelo SIR. **Revista Eletrônica Paulista de Matemática**, São Paulo, v. 21, p. 24-37, 2021. Disponível em: <https://www.fc.unesp.br/Home/Departamentos/Matematica/revistacqd2228/v21a03ic-analise-do-comportamento-da-covid.pdf>. Acesso em: 7 jan. 2023.

BARBOSA, J. C. **Modelagem na Educação Matemática**: contribuições para o debate teórico. In: REUNIÃO ANUAL DA ANPED, 24., 2001, Caxambu. Anais Rio Janeiro: ANPED, 2001.

BASSANEZI, R. C. **Temas e modelos**. Santo André: UFABC, 2012.

BASSANEZI, R. C. **Ensino-aprendizagem com modelagem matemática**: uma nova estratégia. 3. ed. São Paulo: Contexto, 2002.

BOYCE, W. E.; DIPRIMA, R. C. **Equações diferenciais elementares e problemas de valores de contorno**. 10. ed. Rio de Janeiro: LTC, 2017.

CÂMARA MUNICIPAL DE SÃO PAULO. 2023 **Principais Sintomas Causados Pela COVID-19**. Disponível em: <https://www.saopaulo.sp.leg.br/coronavirus/covid-19/>. Acesso em: 21 jan. 2023.

CENTERS FOR DISEASE CONTROL AND PREVENTION. **Interim clinical guidance for management of patients with confirmed coronavirus disease (COVID-19)**. 2021. Disponível em: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/hcp/clinical-guidance-management-patients.html>. Acesso em: 7 jan. 2023.

EDELSTEIN-KESHET, L. **Mathematical models in Biology**. Philadelphia: SIAM, 2005.

FACULDADE DE MEDICINA UFMG. **Falta de informação e acolhimento no sistema de saúde elevam casos de HIV entre jovens**. 2021. Disponível em: <https://www.medicina.ufmg.br/falta-de-informacao-e-acolhimento-no-sistema-de-saude-elevam-casos-de-hiv-entre-jovens/>. Acesso em: 19 jan. 2023.

FEEHAN, J; APOSTOLOPOULOS, V. **Is COVID-19 the worst pandemic?**. Maturitas, Australia, n. 149, p. 56-58, 2021.

FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ. **O que é uma pandemia** 2021. Disponível em: <https://www.bio.fiocruz.br/index.php/br/noticias/1763-o-que-e-uma-pandemia>. Acesso em: 19 jan. 2023.

FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ. **Por que a doença causada pelo novo coronavírus recebeu o nome de Covid-19?** 2020a. Disponível em: <https://portal.fiocruz.br/pergunta/por-que-doenca-causada-pelo-novo-coronavirus-recebeu-o-nome-de-covid-19>. Acesso em: 21 jan. 2023.

FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ. **Quais exames são usados para o diagnóstico da COVID-19?** 2020b. Disponível em: <https://www.bio.fiocruz.br/index.php/br/noticias/1785-quais-exames-sao-usados-para-o-diagnostico-da-covid-19>. Acesso em: 21 jan. 2023.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Estimativas da População Residente no Brasil e unidades da federação com data de referência em 1º de julho de 2019.** 2021. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/sociais/populacao/9103-estimativas-depopulacao.html?edicao=28674&t=downloads>. Acesso em: 7 jan. 2023.

INSTITUTO BUTANTAN. **Como surgem as variantes da Covid-19: entenda a diferença entre linhagens, sublinhagens e recombinantes.** 2022. Disponível em: <https://butantan.gov.br/covid/butantan-tira-duvida/tira-duvida-noticias/como-surgem-as-variantes-da-covid-19-entenda-a-diferenca-entre-linhagens-sublinhagens-e-recombinantes>. Acesso em: 21 jan. 2023.

KHALIL, O. A. K.; KHALIL, S. DA S. SARS-CoV-2: **taxonomia, origem e constituição.** Revista de Medicina, v. 99, n. 5, p. 473–479, 10 dez. 2020.

MARQUES, S. **Método dos quadrados mínimos em época de pandemia de Covid-19.** 2020. 55 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Matemática) - Universidade Federal do Paraná, 2020.

MINISTÉRIO DA SAÚDE. **Como é transmitido?** 2021a. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/como-e-transmitido>. Acesso em: 21 jan. 2023.

MINISTÉRIO DA SAÚDE. **Estou doente: o que fazer?** 2021b. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/estou-doente-o-que-fazer>. Acesso em: 21 jan. 2023.

MINISTÉRIO DA SAÚDE. **O desenvolvimento de vacinas nacionais no combate à COVID-19.** 2023. Disponível em: <https://bvsmis.saude.gov.br/o-desenvolvimento-de-vacinas-nacionais-no-combate-a-covid-19/>. Acesso em: 21 jan. 2023.

MOREIRA, L. **O modelo epidemiológico SEIR Aplicado a Covid-19 em Belo Horizonte.** 2022. 41 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Matemática) - Universidade Federal de Viçosa, 2022.

ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DE SAÚDE. **Folha informativa sobre COVID-19.** 2023a. Disponível em: <https://www.paho.org/pt/covid19>. Acesso em: 21 jan. 2023.

ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DE SAÚDE. **Histórico da pandemia de COVID-19.** 2023b. Disponível em: <https://www.paho.org/pt/covid19/historico-da-pandemia-covid-19>. Acesso em: 21 jan. 2023.

OUR WORLD IN DATA **Coronavirus Pandemic (COVID-19).** 2023. Disponível em: <https://ourworldindata.org/coronavirus>. Acesso em: 21 jan. 2023.

PAIVA JÚNIOR, F. P. **Modelagens alternativas para a meningite no Maranhão.** 2015. 59 f. Dissertação (Mestrado em Matemática Aplicada e Computacional) - Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 2015.

RUGGIERO, M. A. G.; LOPES, V. L. R. **Cálculo numérico: aspectos teóricos e computacionais.** 2. ed. São Paulo: Pearson, 1996.

SILVA, B. **Covid-19 no estado de São Paulo: Um estudo através de um modelo p-fuzzy.** 2021. 55 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Matemática) - Instituto Federal de São Paulo, 2021.

TESOURO NACIONAL TRANSPARENTE. **Monitoramento dos Gastos da União com Combate à COVID-19.** 2022. Disponível em: <https://www.tesourotransparente.gov.br/visualizacao/painel-de-monitoramentos-dos-gastos-com-covid-19>. Acesso em: 21 jan. 2023.

UNAIDS. **Estatística** 2021. Disponível em: <https://unaid.org.br/estatisticas/>. Acesso em: 21 jan. 2023.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. WHO **Coronavirus (COVID-19) Dashboard.** 2023. Disponível em: <https://covid19.who.int>. Acesso em: 21 jan. 2023.

YANG, H. M. **Epidemiologia matemática**: estudo dos efeitos da vacinação em doenças de transmissão direta. Campinas: Editora da Unicamp, 2001.