



CIÊNCIAS EXATAS E DA TERRA

Modelagem dinâmica da COVID-19 com aplicação a algumas cidades brasileiras*Dynamic modeling of COVID-19 with application to some Brazilian cities*Sebastião Cícero Pinheiro Gomes¹, Igor Oliveira Monteiro², Carlos Rodrigues Rocha³**RESUMO**

A COVID-19 surpreendeu o planeta em razão da velocidade de contaminação. Surgida no final de 2019 em Hubei (China), espalhou-se rapidamente por todos os países. Naturalmente, o interesse em conhecer o comportamento dinâmico dessa pandemia ganhou muito destaque na comunidade científica. Diversos trabalhos têm sido publicados sobre esse tema. Neste sentido, o presente artigo insere-se nesse esforço de tentar compreender melhor a dinâmica de espalhamento da COVID-19. A dificuldade de se estimar parâmetros da dinâmica epidêmica localizada em uma determinada cidade ou região tem sido característica marcante, destacada por diversos autores. Esta característica motivou a utilização de um modelo dinâmico compartimental do tipo SIR (Suscetíveis, Infectados e Removidos), cuja estrutura simples necessita de poucos parâmetros para serem estimados. Entretanto, foram necessárias modificações nessa estrutura simples, de forma a tornar o modelo mais preditivo e capaz de reproduzir dados reais. A principal modificação foi a consideração do percentual de circulação da população no modelo dinâmico, que tem sido utilizado como variável de controle. Este modelo SIR modificado recebeu o nome de MdSIR, para facilitar explicações no texto. Os resultados mostraram que um modelo com estrutura simples e poucos parâmetros reproduziu bem a dinâmica epidêmica em algumas cidades brasileiras.

Palavras-chave: COVID-19; modelagem dinâmica; MdSIR; SIR.

ABSTRACT

COVID-19 surprised the planet because of the speed of contamination. Appearing in late 2019 in Hubei, China, it quickly spread to all countries. Naturally, the interest in knowing the dynamic behavior of this pandemic has gained a lot of prominence in the scientific community. Several works have been published on this topic. In this sense, this article is part of that effort to try better understand the dynamics of the spread of COVID-19. The difficulty of estimating parameters of the epidemic dynamics located in a given city or region has been a striking feature, highlighted by several authors. This characteristic motivated the use of a dynamic

¹ Universidade Federal do Rio Grande - FURG, Rio Grande/RS - Brasil. E-mail: scpgomes@gmail.com

² Idem. E-mail: igoromonteiro@gmail.com

³ Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul - IFRS, Campus Rio Grande/RS - Brasil. E-mail: cticarlo@gmail.com



compartment model of the SIR type (Susceptible, Infected and Removed), whose simple structure needs few parameters to be estimated. However, modifications to this simple structure were necessary, in order to make the model more predictive and capable of reproducing real data. The main change was the consideration of the percentage of population circulation in the dynamic model, which has been used as a control variable. This modified SIR model was called MdSIR, to facilitate explanations in the text. The results showed that a model with a simple structure and few parameters well reproduced the epidemic dynamics in some Brazilian cities.

Keywords: COVID-19; dynamic modeling; SIR; MdSIR.

1. INTRODUÇÃO

A humanidade tem sofrido com muitas epidemias ao longo da história. A moderna facilidade em termos de viagens intercontinentais facilita a que epidemias tornem-se pandemias, como foi o caso da gripe espanhola em 1918. Evidentemente, maiores são as facilidades para essas viagens nos dias atuais, de forma que a COVID-19 surgiu na China no final de 2019 e em março de 2020 já era uma pandemia. Apesar de muito recente, já há um vasto material bibliográfico sobre a modelagem da dinâmica de espalhamento do coronavírus ou SARS-CoV-2.

A maioria dos trabalhos utiliza os chamados modelos compartimentais, cujos principais são o SIR (Suscetíveis, Infectados, Removidos) e o SEIR (Suscetíveis, Expostos, Infectados, Recuperados). As equações diferenciais destes modelos descrevem como ocorrem as mudanças de indivíduos entre os compartimentos. No caso do SIR tradicional, indivíduos que contraem a doença deixam o compartimento de suscetíveis e passam a integrar o compartimento de infectados e deste, passam a recuperados após o ciclo completo da infecção. Observa-se que, no compartimento de recuperados estão os que se recuperaram clinicamente e os que vieram a óbito. O modelo SIR tradicional foi proposto originalmente por Kermarck e McKendrick (1927). Desde então muitas variações deste modelo têm sido propostas na literatura.

Giordano *et al.* (2020) utilizam uma variação do modelo SIR (Suscetíveis, Infectados, Removidos) para modelar a epidemia na Itália, que intitularam SIDARTHE. São muitos parâmetros a serem estimados e eles concluem que uma infinidade de combinações com diferentes parâmetros consegue um mesmo resultado bom em termos de reproduzir o fenômeno real. Interessantes estimativas de contágio foram publicadas por Li R. *et al.* (2020), enfocando particularmente a epidemia na china.

Muitos trabalhos utilizam os modelos SIR e SEIR, este último sendo mais utilizado. Hamzah *et al.* (2020) utilizaram o modelo SEIR, sem, no entanto, considerar quarentena ou limitações de circulação. Os autores não mostraram confrontações entre dados reais e resultados de simulações, mas apresentaram uma boa revisão da bibliografia recente sobre o assunto. Kramer *et al.* (2020) utilizam dados de mobilidade em tempo real a fim de monitorar a eficácia e o impacto das medidas de controle adotadas nas diversas províncias chinesas. Rachah e Torres (2017) utilizam o modelo SEIR para analisar a epidemia pelo vírus ebola na Libéria, África, considerando a vacinação como variável de controle da epidemia. Alguns trabalhos recentes



também utilizam o SEIR para a realização de simulações. Almeida *et al.* (2020) aplicam o SEIR para a previsão da evolução dinâmica da epidemia na cidade de Belo Horizonte. Alguns trabalhos específicos da área de medicina trazem importantes levantamentos de dados sobre a epidemia (LI Q. *et al.*, 2020). Prem *et al.* (2020) apresentam um estudo em simulação para a província de Wuhan, China, utilizando o modelo SEIR, incluindo análises das curvas de crescimento para diferentes escolhas de parâmetros do modelo. Hubbs (2020) utiliza o modelo SEIR para analisar mudanças nos picos das curvas de respostas do modelo, em razão de modificações em alguns parâmetros. Quintans e Silva (2018) utilizam o SIR para a dinâmica de epidemias de HIV e gripe, incluindo análises de estabilidade do modelo. Há uma vasta documentação específica sobre modelos dinâmicos de epidemias, na forma de artigos e teses. Kabir *et al.* (2019) estuda efeitos da conscientização da população sobre a dinâmica com o modelo SIR. O fator medo da doença na população foi proposto como adaptação ao modelo SIR por Epstein *et al.* (2008). Zhou *et al.* (2017) desenvolveram estudos sobre análise de estabilidade de um modelo SIR discreto de vários grupos. Song *et al.* (2016) também introduziram a análise de Lyapunov de estabilidade em um modelo SIR com atrasos distribuídos e taxa de incidência não linear. Londoño (2014) apresenta métodos de estimação de parâmetros dos modelos SIR e SEIR, focando na estimação do índice de reprodução basal, que se constitui no principal parâmetro, relacionado com a velocidade de propagação do contágio. O modelo SIR em sua forma discreta é amplamente discutido por Sabeti (2016), incluindo estrutura etária da população. Zhen *et al.* (2018) propõem modificações em um modelo SIR para incorporar a difusão do Laplaciano e o atraso espaço-temporal para modelar a transmissão de doenças transmissíveis. Gai *et al.* (2020) investigam o modelo epidêmico SIRS com difusão espacial e taxas de incidência não lineares. Chowell *et al.* (2020) mostraram estudos usando o Modelo de Crescimento Generalizado (GMG) e o Modelo Logístico Generalizado (GLM) aplicado a uma epidemia de Ebola. Dorn (2016) utiliza o SIR para fazer análises comparativas entre diferentes epidemias de dengue, utilizando estimativas do índice de reprodução basal. Nas dissertações e teses encontradas há extensa bibliografia sobre modelos dinâmicos de epidemias. Especificamente sobre a COVID-19, há em WHO-China (2019) importantes informações sobre dados clínicos identificados para a evolução epidêmica na China.

O presente trabalho propõe o modelo MdSIR, o qual se insere no conjunto de modelos que são variações do SIR tradicional. O principal objetivo é mostrar que um modelo de estrutura simples pode reproduzir bem resultados reais da evolução dinâmica da COVID-19. A motivação para perseguir esse objetivo está vinculada à grande dificuldade de se estimar parâmetros para a dinâmica localizada em cidades ou regiões. Modelos com estruturas mais complexas têm muitos parâmetros a estimar e isso tende a amplificar os erros paramétricos. A opção foi utilizar a estrutura mais simples de todas: o modelo SIR. Porém, este modelo em sua forma original com parâmetros constantes não consegue reproduzir a dinâmica epidêmica, principalmente porque existem variações na densidade populacional de suscetíveis, por imposição de governos locais, variações estas comumente conhecidas como isolamento social. Conforme será visto na sequência do trabalho, o isolamento social provoca diminuição na velocidade da contaminação. Com o isolamento social, apenas



uma parcela da população pode circular livremente. Este percentual de circulação foi introduzido no modelo modificado MdSIR, de forma a torná-lo mais realista. Esta foi a principal motivação do presente trabalho: adaptar uma estrutura de modelo simples, de forma a introduzir na dinâmica o percentual de circulação, o qual se constitui na principal variável de controle epidêmico, principalmente porque ainda não há vacina contra a COVID-19.

Outras duas modificações também foram necessárias: a consideração no modelo do fenômeno aqui denominado de aderência; a introdução na dinâmica de mais uma variável de controle, correspondente a uma taxa de quarentena de infectados. Esta última modificação deve-se ao fato de pessoas já identificadas com a infecção viral entrarem em quarentena, seja em suas próprias residências ou em hospitais e assim, não contribuem mais com a contaminação. Um fator muito importante e que corrobora com a validação da modelagem foi a confrontação dos resultados simulados com o percentual de circulação real das cidades, medido a partir de monitoramento por telefonia móvel. Conforme será visto posteriormente, os percentuais de circulação previstos com o modelo são próximos aos praticados realmente nas cidades que serviram ao presente estudo.

Finalmente, ressalta-se que foram encontrados na literatura vários trabalhos que utilizam também variações do modelo SIR, na modelagem da COVID-19: além de Giordano *et al.* (2020) e Gai *et al.* (2020) já referenciados, há os trabalhos do grupo Gdispen (2020), Franco (2020), Reis *et al.* (2020), Schulz *et al.* (2020), Wu *et al.* (2020) e Villaverde e Jones (2020).

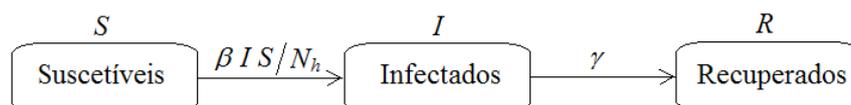
2. MODELO DINÂMICO

Esta seção destina-se a apresentar o modelo SIR no formato original, bem como apresentar propostas de modificações a fim de torná-lo mais preditivo, principalmente em face de variações no percentual de circulação da população.

2.1. MODELOS SIR E MDSIR

Conforme citado anteriormente, o modelo SIR foi idealizado originalmente por Kermarck e McKendrick, em 1927. A figura 1 contém o diagrama de blocos com os compartimentos do modelo.

Figura 1 - Diagrama de blocos representando o modelo SIR.



Fonte: Autores.

Neste modelo, S é o número de habitantes suscetíveis que podem entrar em contato com o vírus. I é o número de infectados e R o número de recuperados. N_h corresponde ao número de habitantes e, no presente artigo, considera-se que $N_h = S + I + R$, de forma



que não estão sendo considerados nascimentos ou mortes de causas naturais modificando a quantidade de suscetíveis S . Esta estrutura simples de modelo necessita que sejam identificados apenas dois parâmetros: β (taxa de crescimento) e γ (taxa de recuperação). As seguintes equações diferenciais descrevem este modelo SIR original:

$$\dot{S} = \frac{-\beta SI}{N_h} \quad (1)$$

$$\dot{I} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I$$

$$\dot{R} = \gamma I$$

O parâmetro γ seria clínico, equivalente ao inverso do tempo de infecção, ou seja, $\gamma = 1/T_{inf}$. Entende-se o T_{inf} como sendo o período no qual o infectado está infeccioso, ou seja, pode transmitir a doença. Um parâmetro importante em qualquer epidemia é o que se convencionou chamar de índice de reprodução basal, definido como sendo a taxa de crescimento vezes o tempo de infecção: $R_0 = \beta T_{inf} = \beta/\gamma$. Para $S = S_0 = N_h$ e $I = I_0$ no tempo inicial t_0 , demonstra-se facilmente que $I = e^{(\beta-\gamma)t} I_0$ no início da epidemia. Portanto, se $\beta > \gamma \rightarrow R_0 > 1$, haverá crescimento exponencial da epidemia no início do processo contagioso. Se $R_0 < 1$, haverá atenuação também exponencial, até acabar a epidemia. Portanto, o R_0 é um parâmetro fundamental para o controle da epidemia.

Foram propostas três modificações no modelo SIR, a fim de torná-lo mais preditivo e mais adaptado à epidemia com o novo coronavírus. A primeira delas é a consideração de um efeito dinâmico que se está intitulando neste artigo de zona ou região de aderência. Conforme será explicado posteriormente, a dinâmica epidêmica pode ser “capturada” caso algumas condições a façam entrar nesta zona de aderência: a contaminação é interrompida e o número de infectados busca o zero.

Outra modificação originalmente proposta no presente trabalho consiste na determinação da variação da taxa de crescimento (β) em função do percentual de circulação (p). Define-se o percentual de circulação como sendo a parcela da população que pode circular livremente, dividida pelo total de habitantes, de forma que: $0 \leq p \leq 1$. Outra modificação consiste em considerar que alguns infectados são identificados e entram em quarentena, em suas próprias casas ou em tratamento nos hospitais. Essa parcela de infectados identificados (sintomáticos ou não) não contribui mais com a contaminação. O modelo MdSIR passa então a ter a seguinte forma:

$$\dot{S} = \frac{-\beta(p)SI}{N_h}$$

$$\dot{I} = \frac{\beta(p)SI}{N_h} - (\gamma+k)I \quad (2)$$

$$\dot{R} = (\gamma+k)I$$



O parâmetro k representa a taxa de infectados (sintomáticos ou não) que são detectados e que entram em quarentena em hospitais ou nas suas próprias residências, passando a não mais contribuir com a contaminação. Com isso, a nova taxa de recuperação será: $\bar{\gamma} = \gamma + k$. O índice de reprodução basal no MdSIR assume então a forma:

$$\bar{R}_0(p) = \frac{\beta(p)}{(\gamma + k)} \quad (3)$$

Portanto, o parâmetro k contribui para diminuir o índice de reprodução basal. Além da quarentena de parte dos infectados, este parâmetro pode representar na dinâmica uma série de ações protetivas, tais como o distanciamento de pessoas em lugares públicos e o uso obrigatório de máscaras. Fundamentalmente, a efetuação de testes em massa para identificar infectados assintomáticos e colocá-los em quarentena ampliaria o valor do k , reduzindo assim o índice de reprodução basal.

2.2. DETERMINAÇÃO DA TAXA DE CRESCIMENTO VARIÁVEL

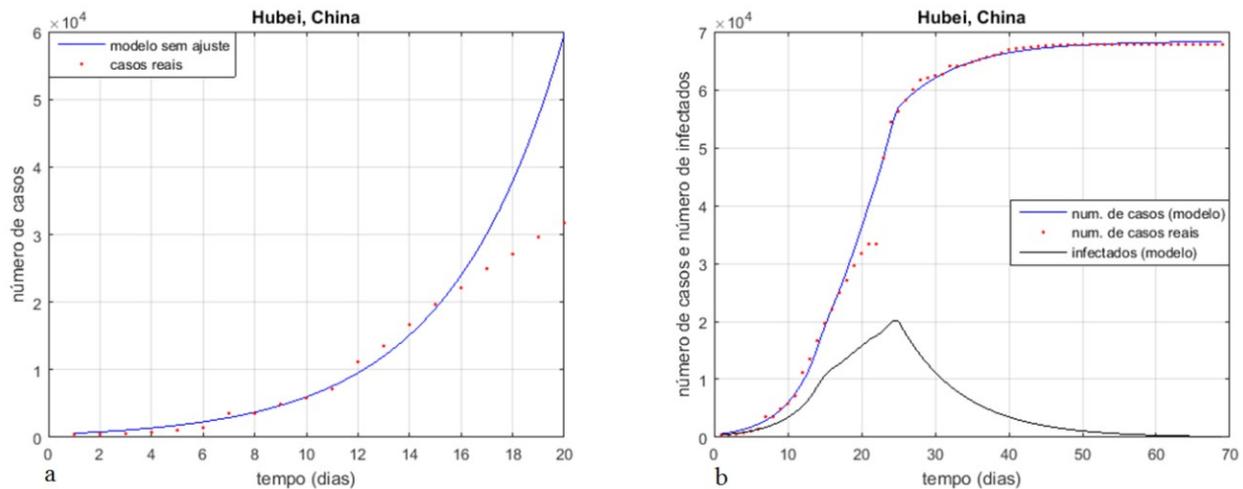
Cada epidemia que assola a humanidade tem suas próprias características e variáveis de controle específicas. No caso do novo coronavírus, o percentual de circulação (p) tem se mostrado como sendo a principal variável de controle em várias localidades do planeta e também aqui no Brasil. Portanto, torna-se fundamental considerar esse efeito no sistema dinâmico. Inicialmente, faz-se necessária a identificação dos parâmetros β e γ originais, ou seja, antes de se considerar qualquer limitação de circulação. O parâmetro γ não sofre alteração em função do percentual de circulação, de forma que seu valor é constante e equivalente a: $\gamma = 1/T_{inf}$, sendo T_{inf} o tempo de infecção. Neste artigo foi utilizado o valor indicado em Prem *et al.* (2020), em estudo sobre a epidemia em Hubei (China): $T_{inf} = 5.5 \text{ dias} \rightarrow \gamma = 0.1818$. O parâmetro β utilizado foi também sugerido em Prem *et al.* (2020): $R_0 = 2.25$; $\beta_0 = \gamma R_0 = 0.4091$. Este é o valor inicial constante, equivalente a $\beta(p)$, para $p = 1$. Nesse estudo inicial adotou-se $k = 0$, já que o objetivo é focado na determinação de como varia o $\beta(p)$.

Inicialmente foram realizadas simulações para validar os parâmetros escolhidos ($\beta_0 e \gamma$). Na figura 2a é apresentada uma confrontação de uma simulação com dados reais de Hubei, indicando que no início da epidemia, os parâmetros adotados de fato conferem uma boa aproximação do modelo com os dados reais. A partir de certo tempo começaram a existir limitações de circulação de pessoas. Estas limitações impõem que apenas uma parcela da população pode circular livremente. Como a área da região permanece a mesma, na prática, o que há é uma diminuição da densidade populacional, entre as pessoas suscetíveis a entrarem em contato com o vírus. Esta diminuição da densidade acarreta também diminuição da taxa de crescimento β , conforme fica evidente nos estudos sobre Hubei. Nesta cidade, importantes limitações de circulação foram impostas à população, resultando em um eficiente controle epidêmico. Na figura 2b é apresentada uma confrontação entre resultados reais e de simulação, para o número total de casos acumulados no tempo.



Figura 2 - Variações impostas ao β a fim de reproduzir em simulação os dados reais de Hubei:

$t > 15$ ($\beta = 0.63\beta_0$); $t > 20$ ($\beta = 0.6\beta_0$); $t > 22.2$ ($\beta = 0.56\beta_0$); $t > 25$ ($\beta = 0.16\beta_0$); $\beta_0 = \gamma R_0$.



Fonte: Autores.

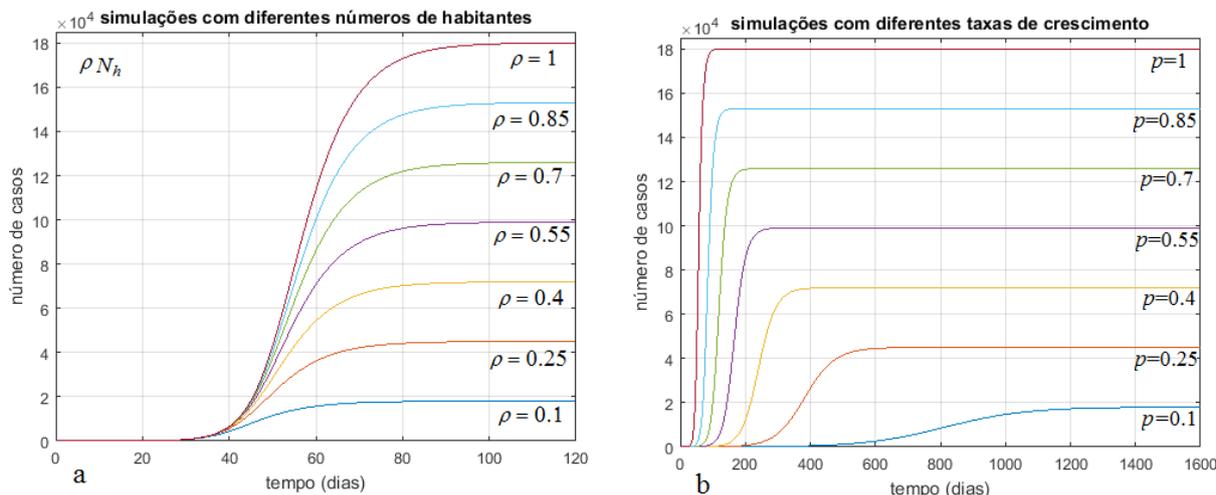
Percebe-se que o modelo reproduziu bem os dados reais. Porém, para haver esse bom casamento entre dados reais e modelo, houve a necessidade de se adotar diferentes valores para a taxa de crescimento β : inicialmente, $\beta = \beta_0 = \gamma R_0$; para $t > 15$, $\beta = 0.63\gamma R_0$; $t > 20$, $\beta = 0.6\gamma R_0$; $t > 22.5$, $\beta = 0.56\gamma R_0$; $t > 25$, $\beta = 0.16\gamma R_0$. Estas variações para o β foram obtidas por tentativa e erro, até que a resposta em simulação se ajustasse bem aos dados reais. Este resultado mostra que as barreiras de circulação foram se intensificando, promovendo diminuições sucessivas na taxa de crescimento β , até que optaram por uma limitação drástica, após o vigésimo quinto dia, resultando na interrupção da epidemia: o número de infectados (figura 2b) vai a zero e o número de casos acumulados passa a ser constante. Este é o exemplo ideal a ser seguido por qualquer região que esteja enfrentando uma situação de colapso do seu sistema de saúde. Uma vez constatada que é real essa variação, impõe-se agora o problema de se encontrar a função $\beta(p)$, definindo como a taxa de crescimento varia com o percentual de circulação.

Considera-se uma cidade com um número de habitantes qualquer, como por exemplo, $N_h = 211.000$. Em seguida, diversas simulações (figura 3a) foram realizadas com o modelo da equação (1), considerando-se os parâmetros $\beta = \beta_0$ e γ já definidos, simulações estas realizadas variando-se o número de habitantes na forma $N_h = \rho 211000$, $\rho = 1, 0.85, 0.7, \dots, 0.1$. Os valores máximos das diversas curvas do número acumulado de casos (após o ciclo epidêmico completo) foram armazenados em um arquivo. Posteriormente, assumindo-se o número de habitantes constante e equivalente ao total da população ($N_h = 211000$), diversas simulações foram realizadas variando-se o β , até que fossem encontrados (utilizou-se o algoritmo da bissecção) valores que permitiram números de casos acumulados finais iguais aos armazenados



anteriormente, que geraram a figura 3a. As diversas curvas do número de casos dessas últimas simulações podem ser vistas na figura 3b.

Figura 3 - Simulações com população variável (3a) e com percentual de circulação variável (3b).



Fonte: Autores.

A figura 4 destina-se a auxiliar na compreensão da ideia que originou a figura 3. A hipótese aqui assumida é que, após o ciclo epidêmico completo, o número de casos para densidade constante seja o mesmo número de casos com densidade variável, embora o tempo para se completar o ciclo seja muito maior, para densidades menores. Obviamente, a diminuição da velocidade de contaminação em razão da diminuição da densidade tende a deslocar o tempo final do ciclo muito para a direita. Esta hipótese não deve ser verdadeira para densidades muito pequenas, sendo esta a razão da proposição da zona de aderência, conforme explicado na seção 4.

Foram considerados mais três pontos que não entraram na figura 3 por razões de escala: $\rho = p = [0.04; 0.06; 0.08]$. Os valores $\beta(p_i)$ para cada curva da figura 3b foram então identificados. Tem-se assim um total de dez pontos $[p_i, \beta(p_i)]$, os quais foram ajustados com um polinômio de sétima ordem:

$$\beta(p) = a_1 p^7 + a_2 p^6 + \dots + a_7 p + a_8 \tag{4}$$

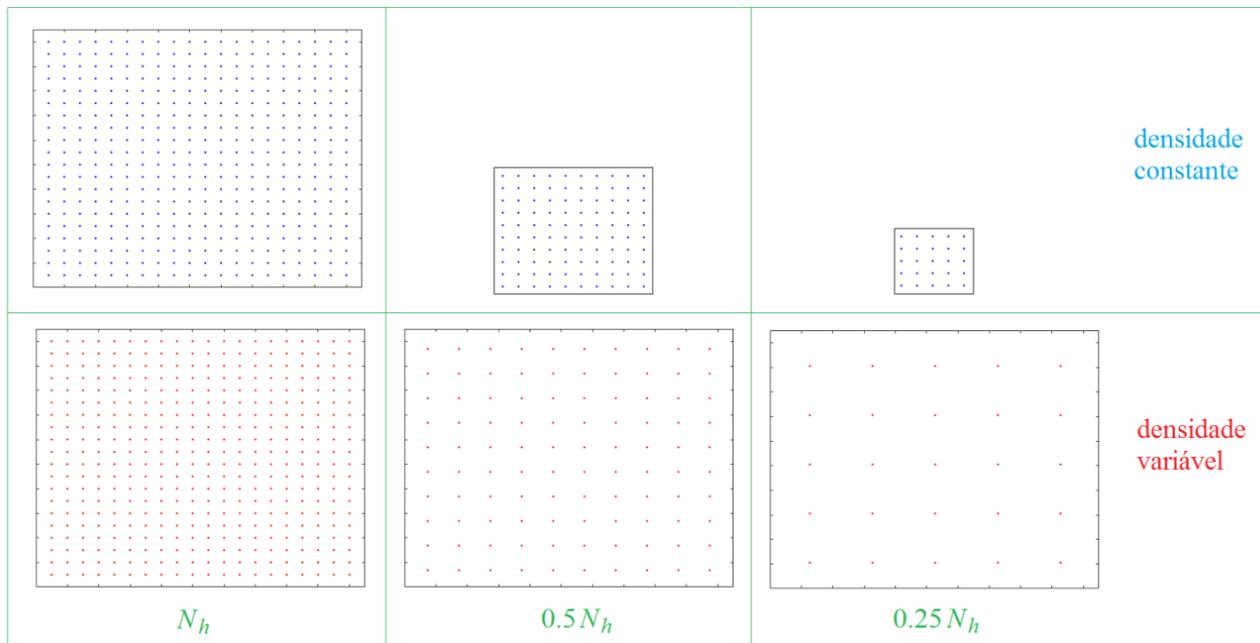
O polinômio da equação (4) é específico para os parâmetros: $T_{inf} = 5.5 \text{ dias} \rightarrow \gamma = 0.1818$; $R_0 = 2.25$; $\beta_0 = \gamma R_0 = 0.4091$, obtidos para Hubei (China). Este polinômio pode ser normalizado na forma: $\bar{\beta}_n(p) = \beta(p) / (\gamma R_0)$. Dessa forma, uma taxa de crescimento equivalente a:

$$\bar{\beta}(p) = \beta_n(p) \gamma_i R_{0i} \tag{5}$$

se aplicaria para outras cidades ou regiões com diferentes parâmetros, equivalentes a γ_i e R_{0i} .



Figura 4 - Variação do número de habitantes considerando-se área variável (densidade constante) e área constante (densidade variável).



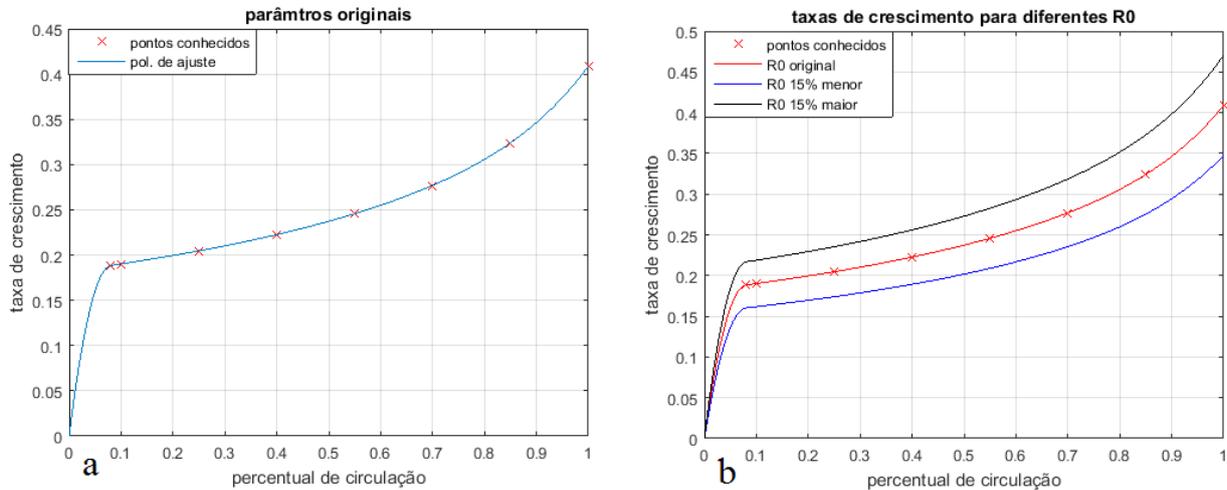
Fonte: Autores.

Na figura 5 são apresentadas curvas de taxa de crescimento em função do percentual de circulação. A figura 5a mostra a variação da taxa de crescimento $\beta(p)$ obtida com o algoritmo (6) e com o R_0 original de Hubei, enquanto a figura 5b mostra curvas para diferentes valores de R_0 . Percebe-se que mudanças de R_0 para um R_{0i} , qualquer provoca deslocamentos na vertical da curva $\beta(p)$, de forma que o acréscimo/decréscimo do índice de reprodução basal provoca também acréscimo/decréscimo da taxa de crescimento, isso para toda a variação entre 0 e 1 do percentual de circulação. Ressalta-se que para valores abaixo de 8% de circulação, as curvas foram ajustadas por uma função quadrática, levando a taxa de crescimento para zero quando o percentual de circulação tende a zero.

Essa região de percentuais de circulação muito próximos de zero foi denominada região ou zona de aderência. Sabe-se que essa região existe: quando o percentual de circulação é próximo de zero, caracterizando assim um bloqueio quase total, a epidemia é interrompida, o número de infectados busca o valor zero e o número de casos se estabiliza em um valor final constante, fenômeno que aconteceu em Hubei. Entretanto, é difícil conhecer esse limite inferior para o percentual de circulação inicial da zona de aderência. Adotou-se 8% para esse limite.



Figura 5 - a) $\beta(p)$ com o R_0 original identificado para Hubei;
 b) $\beta(p)$ para $R_{0i}=1.15 R_0$ e $R_{0i}=0.85 R_0$.



Fonte: Autores.

A taxa de crescimento em função do percentual de circulação pode ser gerada a partir do seguinte algoritmo:

$$\beta(p) = \frac{1}{\gamma R_0} (a_1 p^7 + a_2 p^6 + \dots + a_7 p + a_8) \gamma_i R_{0i};$$

se $p \leq p_{lim}$

$$x_f = p_{lim}; y_f = \beta(x_f); a = \beta'(x_f);$$

(6)

$$A = \begin{bmatrix} x_f^2 & x_f \\ 2x_f & 1 \end{bmatrix}; B = \begin{bmatrix} y_f \\ a \end{bmatrix};$$

$$\vec{\alpha} = A^{-1} \vec{B};$$

$$\beta(p) = \alpha_1 p^2 + \alpha_2 p;$$

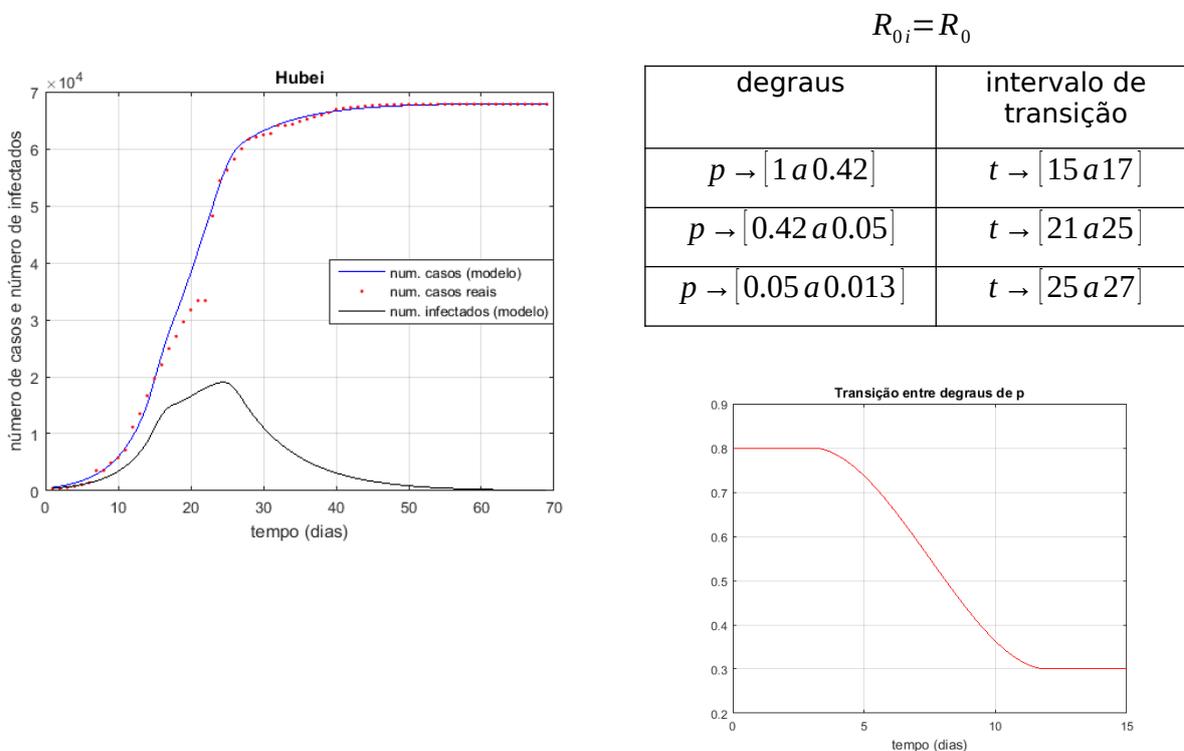
fimse

O algoritmo (6) pode ser programado em uma função cujos argumentos de entrada são: p, R_{0i}, γ_i . Observa-se que a taxa de crescimento na zona de aderência é representada por um polinômio de ordem 2 que passa pela origem e tem a mesma derivada do polinômio de ordem 7, no ponto (x_f, y_f) . Essa é uma curva idealizada: sabe-se que a taxa de crescimento vai buscar o valor zero quando o percentual de circulação tende a zero, mas não se sabe exatamente como é esta curva. Assim como não se conhece precisamente qual é o valor da constante p_{lim} . Utilizou-se $p_{lim} = 0.08$ e



os resultados são coerentes. Como teste inicial, simulou-se novamente a situação em Hubei, não mais variando-se diretamente a taxa de crescimento β e sim, o percentual de circulação p , com o $\beta(p)$ obtido a partir do algoritmo (6). Na figura 6 é apresentada uma confrontação desta simulação com os dados reais. Ao lado direito dessa figura encontram-se as variações impostas ao p que permitiram o bom casamento entre simulação e dados reais. As mudanças em p não foram abruptas, descontínuas. Idealizou-se uma spline cúbica unindo um degrau ao outro em p , conforme exemplo visto na figura 6 (lado direito). É natural supor esta curva unindo de forma suave dois degraus em p porque, na prática, uma parcela da população de uma cidade ou região não entraria instantaneamente em isolamento social. Percebe-se que o bloqueio em Hubei foi muito severo e por isso proporcionou um ótimo desempenho, tendo atingido um percentual de circulação final de 1.3% ($p=0.013$).

Figura 6 - O controle epidêmico aplicado em Hubei (China).



Fonte: Autores.

3. SIMULAÇÕES COM CONTROLE

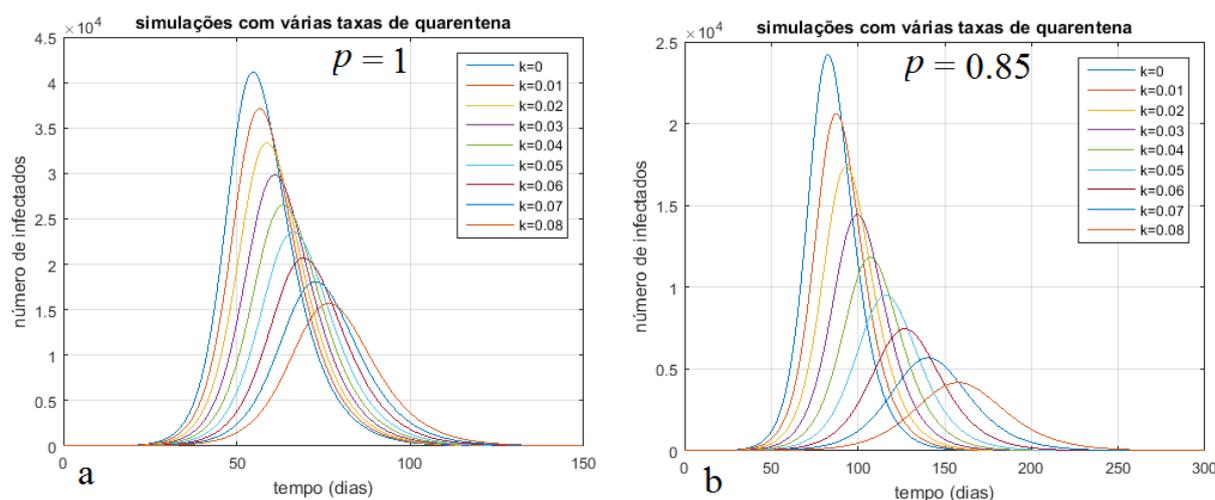
Conforme já informado anteriormente, a principal variável adotada como controle epidêmico no Brasil e em diversas localidades do planeta tem sido o percentual de circulação, até porque ainda não há vacina ou medicamento que consiga controlar o surto epidêmico. Portanto, o objetivo principal dessa seção é mostrar um estudo sobre como o controle a partir do percentual de circulação pode interromper a epidemia em uma determinada cidade ou região. As administrações públicas têm o



poder de modificar essa variável de controle. Assume-se uma cidade hipotética, com 211000 habitantes. Considera-se ainda que os parâmetros do modelo são os mesmos identificados para Hubei: $T_{inf}=5.5 \text{ dias} \rightarrow \gamma=0.1818$; $R_0=2.25$; $\beta_0=\gamma R_0=0.4091$. Conforme já explicado anteriormente, esses parâmetros iniciais são utilizados pelo algoritmo (6), o qual se encarrega de determinar as variações paramétricas em função do percentual de circulação p .

Na figura 7 são apresentadas simulações para realçar o efeito de se adotar uma taxa k de quarentena de infectados detectados. Foram testados dois percentuais de circulação, equivalentes a 100% ($p=1$, figura 7a) e 85% ($p=0.85$, figura 7b). As curvas foram obtidas para k variando de 0 a 0.08. Percebe-se que as amplitudes nos picos diminuem e os instantes de pico são deslocados para a direita. Esta figura ressalta a importância da realização dos testes em massa, a fim de se identificar infectados (inclusive assintomáticos) e colocá-los em quarentena. Percebe-se ainda que o efeito conjunto da redução do percentual de circulação (p) e do aumento da taxa de quarentena de infectados (k), ambos contribuem para o esforço de controlar a epidemia, diminuindo as amplitudes nos picos e deslocando os instantes de pico para a direita.

Figura 7 - Simulações que realçam o efeito de se considerar parte dos infectados em quarentena.

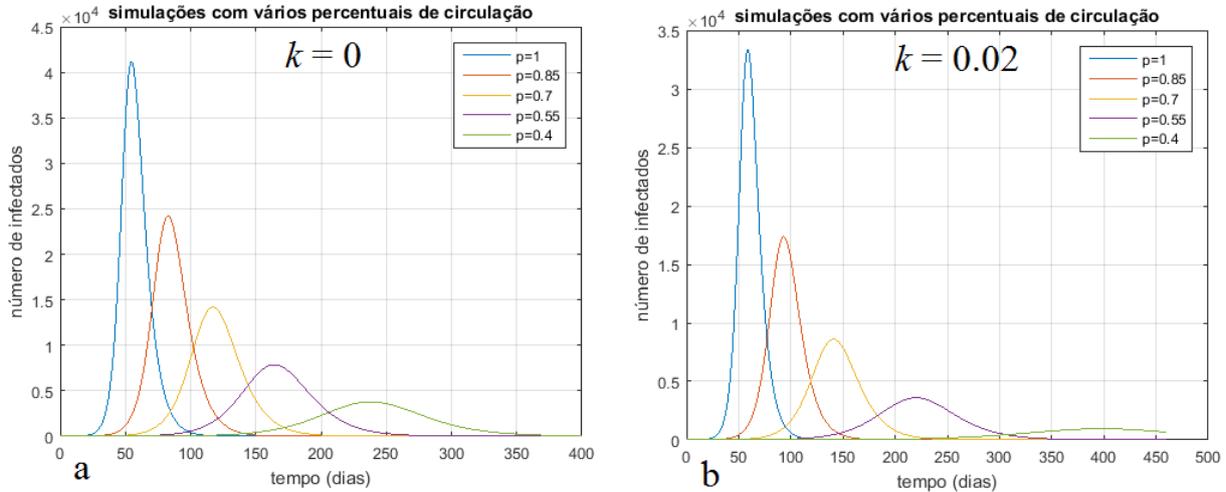


Fonte: Autores.

Na figura 8 são apresentadas curvas com o número de infectados, em simulações considerando-se diversos percentuais de circulação. Na figura 8a considerou-se $k=0$ e na figura 8b $k=0.02$. As variações no percentual de circulação foram de 1 a 0.4, com decréscimo de 0.15. A exemplo das simulações anteriores, percebe-se que as amplitudes nos picos diminuem com o decréscimo do percentual de circulação, assim como os instantes de pico são deslocados para a direita. Este é o efeito que tem sido divulgado nas mídias como achatamento da curva de contaminação.



Figura 8 - Simulações para diversos percentuais de circulação.



Fonte: Autores.

Na figura 9 é posto em evidência o fenômeno de aderência, que pode acontecer também no início de uma epidemia localizada em uma determinada cidade ou região. É intuitivo supor que esse fenômeno acontece se as três condições a seguir ocorrerem simultaneamente:

i) Se o número de casos $C=(I+R)$ durante o intervalo Δt_{lim} crescer abaixo de um determinado valor C_{lim} , ou seja, se $\frac{C_f - C_i}{\Delta t_{lim}} < C_{lim}$, com C_i e C_f equivalentes aos números de casos inicial e final do intervalo Δt_{lim} ;

ii) Se

$$\bar{R}_0(p) = \frac{\beta(p)}{\gamma + k} < 1.035;$$

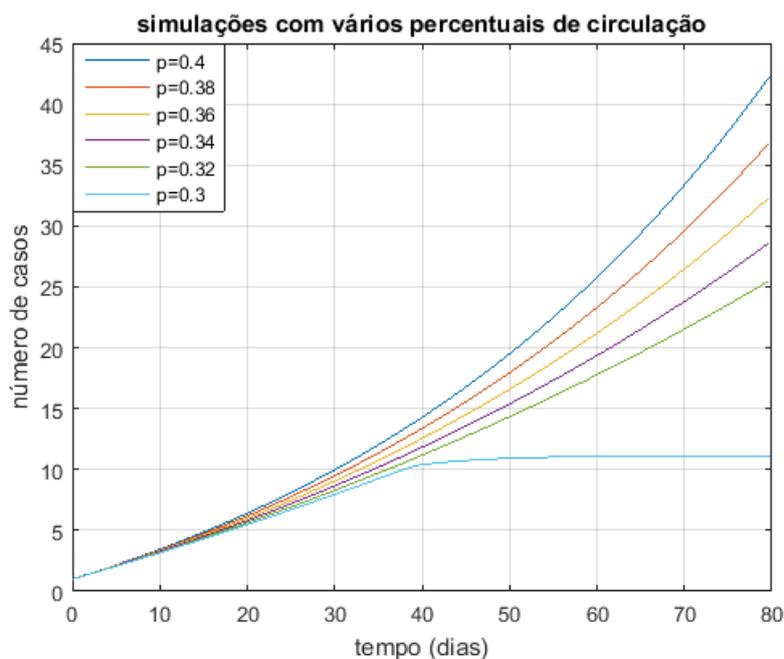
iii) Se o número de infectados é menor do que um determinado limite: $I < I_{lim}$.

Para a cidade hipotética de 211000 habitantes utilizada nas simulações desta seção, este fenômeno de aderência aconteceu para um percentual de circulação menor ou igual a 30% (nas simulações da figura 9 utilizou-se $k=0.022$). Os limites adotados foram: $I_{lim}=5$; $C_{lim}=1$; $\Delta t_{lim}=35$ dias. Quando $p=0.3$, $\beta(p)=0.2103$ (obtido com o algoritmo (6)), conferindo $\bar{R}_0(p) = \beta(p) / (\gamma + k) = 1.0316$, valor que ficou abaixo do limite estipulado de 1.035. Nesta situação, todos os três itens que formam os critérios para o modo de aderência foram satisfeitos. A dinâmica é então “capturada” em $t=35$ dias, o número de casos se estabiliza em um valor constante, indicando assim o fim da epidemia. Este



processo de captura da dinâmica em modo aderência foi programado forçando-se o p , que neste exemplo era 0.3, a buscar um valor pequeno (0.02) a partir de uma spline cúbica unindo esses dois degraus. O $\beta(p)$ é assim forçado a seguir a trajetória de aderência (curva quadrática vista na figura 6). Ressalta-se que este modo de aderência aconteceu neste exemplo porque a contaminação localizada na cidade estava em seu início e, neste início, o percentual de circulação já estava baixo, em 30% ($p=0.3$). Isso pode acontecer com algumas cidades pequenas, cujos casos durante os primeiros 35 ou 40 dias não ultrapassem o valor 10 (por exemplo) e ainda, desde a primeira confirmação o município já se encontrava com um percentual de circulação baixo, inferior a 30% (por exemplo). Acredita-se que este fenômeno exista na realidade, mas é muito difícil estimar os seus parâmetros com grande precisão, até porque estes parâmetros devem depender de alguns fatores específicos locais.

Figura 9 - Simulações que ressaltam a ocorrência do fenômeno de aderência (utilizou-se $k=0.022$).

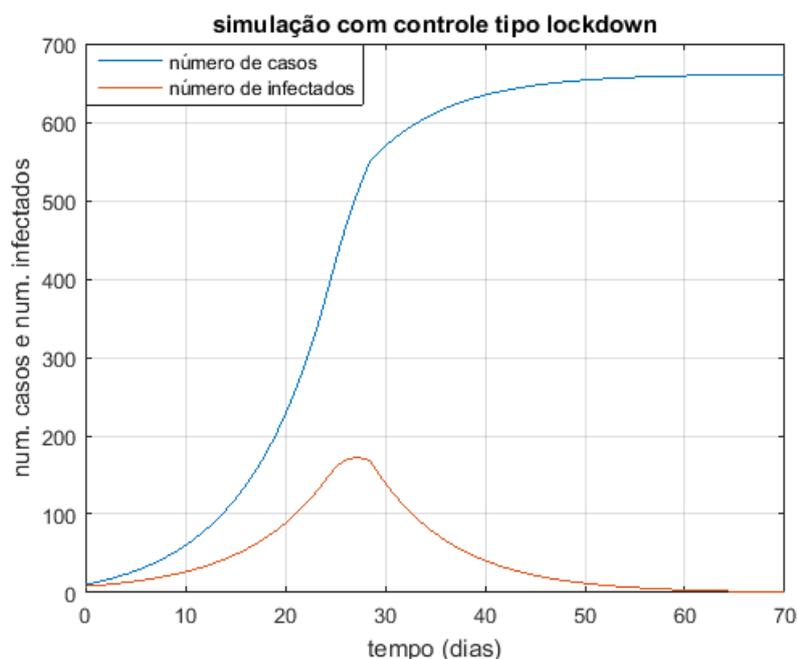


Fonte: Autores.

Na figura 10 é apresentada uma aplicação do controle por limitação de circulação, iniciado em $t=25$ dias. A cidade já estava, desde o início da epidemia, com um percentual de circulação $p=0.85$. Em $t=25$ dias optou-se por um controle mais severo da epidemia, forçando-se a que o percentual de circulação passe a ter o valor: $p=0.02$, ou seja, apenas 2% da população podendo circular livremente. A análise da figura 10 mostra que este controle foi eficiente, o número de casos se estabiliza próximo ao valor 670 e a curva de infectados tende a zero. Comparando-se este resultado com o que ocorreu de fato em Hubei (figura 5), percebe-se que os formatos das curvas são semelhantes, embora com escalas diferentes.



Figura 10 - Simulação com a aplicação do controle de circulação em $t=25$ dias: p era 0.85 passou a ser 0.02 durante $\Delta t=5$ dias; utilizou-se $k=0.022$.



Fonte: Autores.

4. SIMULAÇÕES E DADOS REAIS

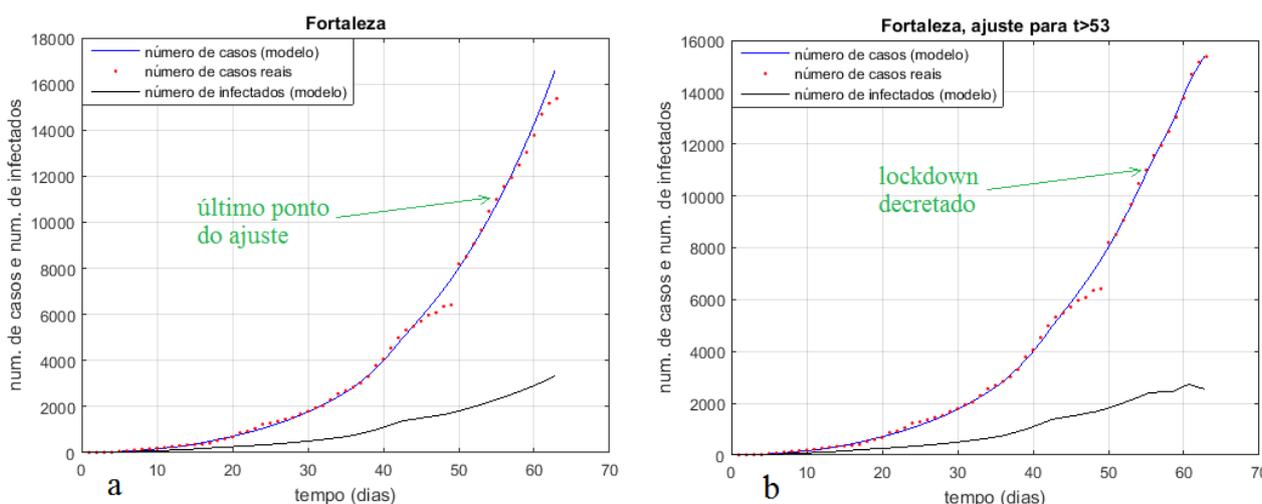
O objetivo desta seção é confrontar simulações a dados reais, de forma a mostrar o desempenho do modelo em reproduzir a evolução epidêmica real. Sete grandes capitais brasileiras foram escolhidas para a validação dos resultados de simulações: Fortaleza, Manaus, Porto Alegre, Recife, Rio de Janeiro, São Luís e São Paulo. As figuras foram geradas com o mesmo padrão, mostrando o número de casos reais, o número de casos previsto pelo modelo e a curva de infectados do modelo. Além dessa confrontação entre simulações e dados reais, há ainda a confrontação entre o percentual de circulação previsto pelo modelo e o percentual de circulação realmente praticado, dado obtido do site *in loco*, que usa informações a partir de telefonia móvel. Para facilitar a explicação dos resultados, adotam-se as variáveis P_{mod} e P_{real} , significando a média dos dez últimos valores dos percentuais de circulação do modelo e real, respectivamente. O procedimento para a identificação dos parâmetros do modelo foi por tentativa e erro, confrontando-se dados reais e simulações. Nos primeiros 20 dias, quando na maioria das cidades ainda não havia restrições de circulação, identificam-se o R_{0i} e o k , sendo R_{0i} o valor do índice de reprodução basal identificado para a epidemia na cidade em questão. Optou-se por expressar o R_{0i} em função do R_0 identificado para Hubei, conforme explicitado no título de cada figura. Posteriormente, quando as medidas de restrição de circulação começam a entrar em vigor nas cidades, foram determinados os valores de p e consequentemente de $\beta(p)$



(usando o algoritmo (6)) que melhor permitiram aproximar as respostas do modelo aos dados reais.

Na figura 11 são apresentados resultados para Fortaleza, cidade que teve *lockdown* decretado pelo governo em 08/05/2020. Os dados disponíveis para Fortaleza vão do dia 16/03/2020 ao dia 18/05/2020. A figura 11a mostra resultados cuja identificação paramétrica considerou dados até o ponto indicado na figura, correspondente a 08/05/2020. Nesta figura, a partir do dia 08/05/2020, a resposta do modelo seria uma previsão para um futuro próximo. Percebe-se um leve descolamento da curva número de casos do modelo com relação aos dados reais, indicando uma possível pequena redução do número de casos reais em razão da intensificação da limitação de circulação com o *lockdown* decretado. Na figura 11b são apresentados resultados com uma identificação paramétrica que promove um ajuste fino do modelo com os dados reais. Neste caso, o modelo reproduz até as flutuações de curto período. Porém, na sequência dos testes com dados reais e simulações será feita a opção por um ajuste médio, o qual representa melhor o fenômeno no mais longo período. Este é o caso da figura 12, também para Fortaleza. Percebe-se que o modelo reproduz bem os dados reais. Observa-se que o percentual final de circulação (média dos últimos dez dias) previsto pelo modelo foi $P_{mod}=25\%$, enquanto o percentual final real (identificado via telefonia móvel) foi $P_{real}=43.5\%$. Porém, os dados de circulação real disponibilizados no site são para todo o estado, de forma que Fortaleza pode estar com uma circulação real menor após o decreto de *lockdown*. É importante lembrar que no dia imediatamente antes do decreto de *lockdown*, tinha-se $P_{mod}=48\%$ (figura 12a) e neste dia, tinha-se $P_{real}=55\%$.

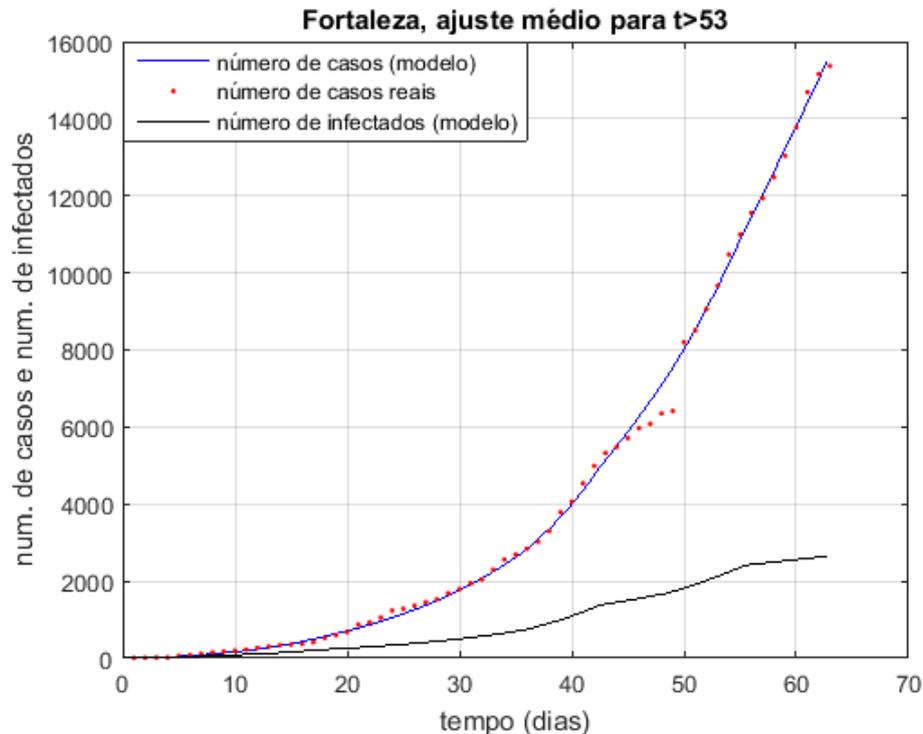
Figura 11 - Simulações usando $k=0.04$; $R_{0i}=1.17R_0$; a) Simulação e dados reais: ajuste usando os dados até $t=53$; $P_{mod}=48\%$; (b) incluindo ajuste fino para $t>53$.



Fonte: Autores.



Figura 12 - Simulação e dados reais para Fortaleza, com os parâmetros do modelo identificados para ajuste médio: $k=0.04$; $R_{0i}=1.17R_0$; $P_{mod}=25\%$ e $P_{real}=43.5\%$ (valores médios, últimos 10 dias).



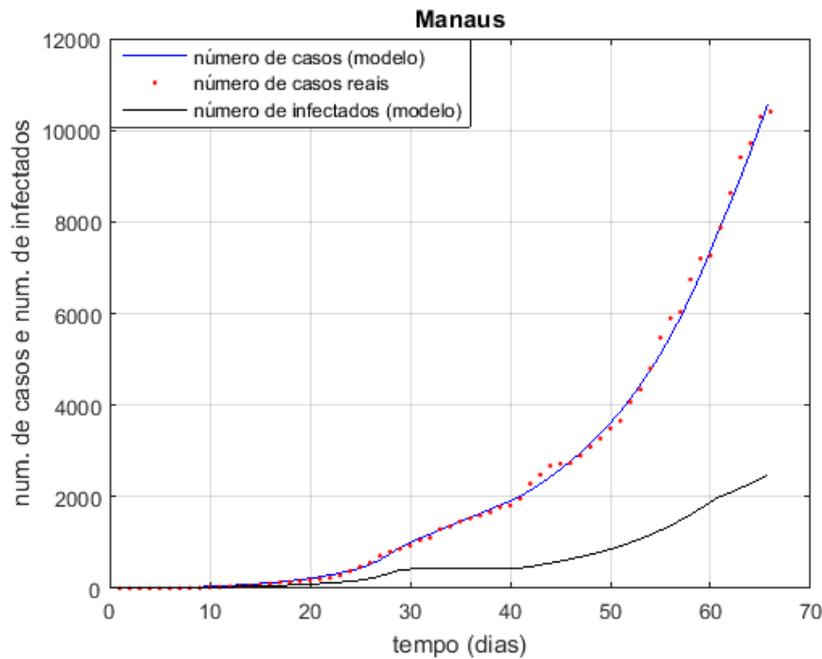
Fonte: Autores.

Na figura 13 são apresentados simulação e dados reais para Manaus. Conforme já explicado anteriormente, a opção foi por um ajuste médio de parâmetros, de forma que o modelo não segue flutuações de curto período nos dados reais. Percebe-se que o modelo reproduz bem o comportamento médio da curva de casos reais, sendo o $P_{mod}=45\%$ e o $P_{real}=55\%$. Como na maioria das grandes cidades brasileiras, a epidemia ainda estava evoluindo de forma crescente em Manaus até o final dos dados reais, em 17/05/2020. O dia 1 em Manaus é 13/03/2020.

Na figura 14 são apresentados simulação e dados reais para Porto Alegre, cidade que até o presente momento chama a atenção pelo baixo número de casos, comparado a outras grandes cidades brasileiras. Em Porto Alegre, os dados vão de 11/03/2020 (dia 1) a 17/05/2020. Observa-se que a taxa de quarentena de infectados identificada foi $k=0.08$, equivalente ao dobro das taxas identificadas para outras cidades. É importante notar que essa taxa engloba também atitudes preventivas que diminuem o contato de infectados com suscetíveis, tais como o uso de máscaras e o distanciamento social em lugares públicos. Conforme explicado anteriormente, a ampliação do k provoca diminuição do $\bar{R}_0(p)$, sendo esta a razão da atenuação do número de casos e a consequente inversão no crescimento do número de infectados. Para Porto Alegre, P_{mod} coincidiu com o P_{real} , ambos iguais a 55%.

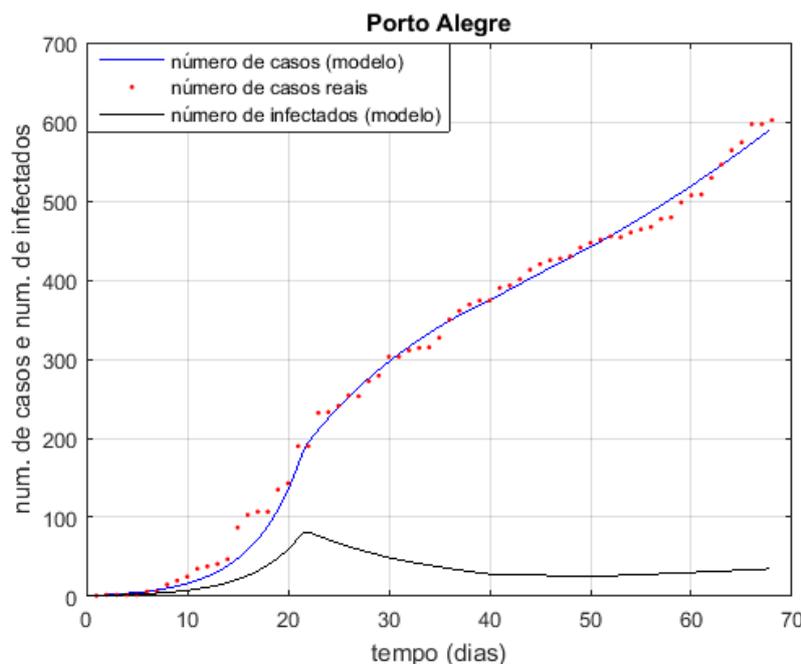


Figura 13 - Simulação e dados reais para Manaus, com os parâmetros do modelo identificados para ajuste médio: $k=0.028$; $R_{0i}=1.11 R_0$; $P_{mod}=45\%$ e $P_{real}=55\%$ (valores médios, últimos 10 dias).



Fonte: Autores.

Figura 14 - Simulação e dados reais para Porto Alegre, com os parâmetros do modelo identificados para ajuste médio: $k=0.08$; $R_{0i}=1.14 R_0$; $P_{mod}=55\%$ e $P_{real}=55\%$ (valores médios, últimos 10 dias).

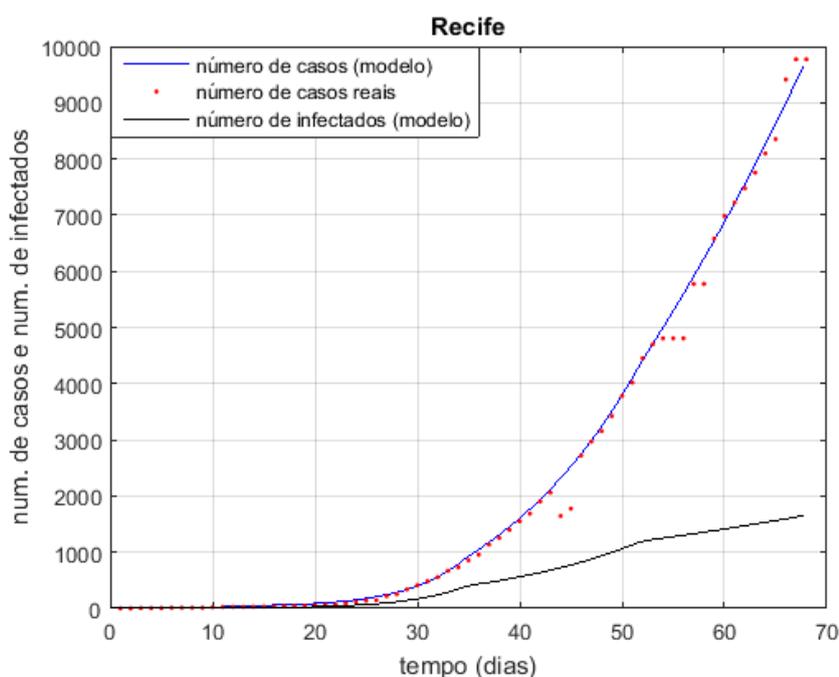


Fonte: Autores.



Na figura 15 são apresentados simulação e dados reais para Recife (dia 1 em 12/03/2020 e dia final em 17/05/2020). Novamente, o modelo reproduziu bem o comportamento médio da dinâmica real. Neste caso, $P_{mod}=55\%$ e $P_{real}=55\%$. Simulação e dados reais para a cidade do Rio de Janeiro (dia 1 em 06/03/2020 e dia final em 17/05/2020) são mostrados na figura 16, com $P_{mod}=42\%$ e $P_{real}=50\%$. Percebe-se que o modelo reproduziu bem os dados reais e este comportamento se repetiu para todas as confrontações entre modelo e dados reais: São Luís (dia 1 em 20/03/2020 e dia final em 17/05/2020), figura 17, com $P_{mod}=40\%$ e $P_{real}=55\%$; São Paulo (dia 1 em 25/02/2020 e dia final em 17/05/2020), figura 18, com $P_{mod}=54\%$ e $P_{real}=55\%$.

Figura 15 - Simulação e dados reais para Recife, com os parâmetros do modelo identificados para ajuste médio: $k=0.033$; $R_{0i}=0.96 R_0$; $P_{mod}=55\%$ e $P_{real}=55\%$ (valores médios, últimos 10 dias).

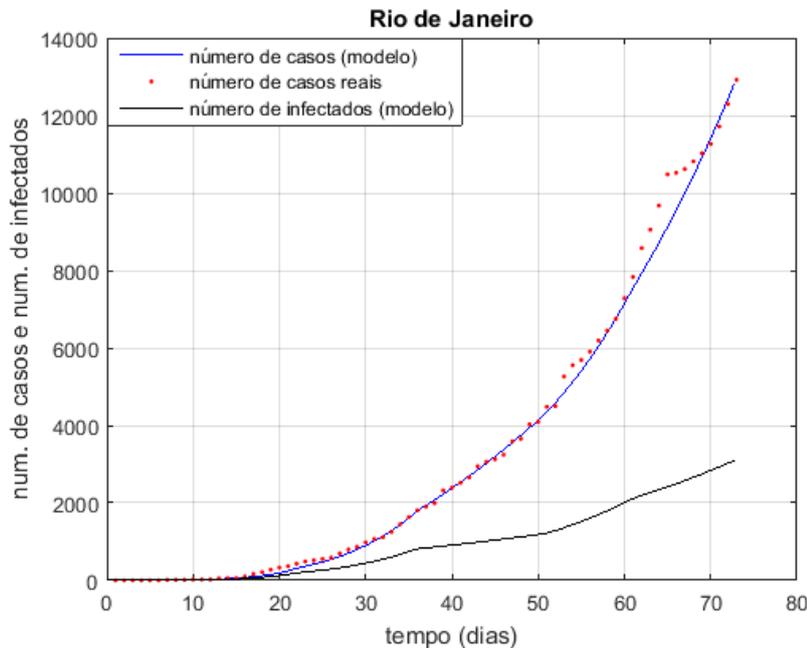


Fonte: Autores.

Na figura 19 são apresentadas as cidades e os seus respectivos percentuais de circulação médios, relativos aos últimos dez dias de dados reais e dados simulados. Ao lado da tabela veem-se estes valores numéricos na forma gráfica. Percebe-se que os percentuais identificados com o modelo foram menores em média do que os reais observados por telefonia móvel. Porém, as diferenças ficaram restritas a um valor máximo de 18.5%. Este nível de diferença é aceitável em razão da não confiabilidade plena nos dados reais. A real subnotificação de casos pode contribuir também para esta diferença. Ressalta-se ainda que os dados reais de circulação são estimativas para os estados que, neste trabalho, foram assumidas por aproximação para as respectivas capitais.

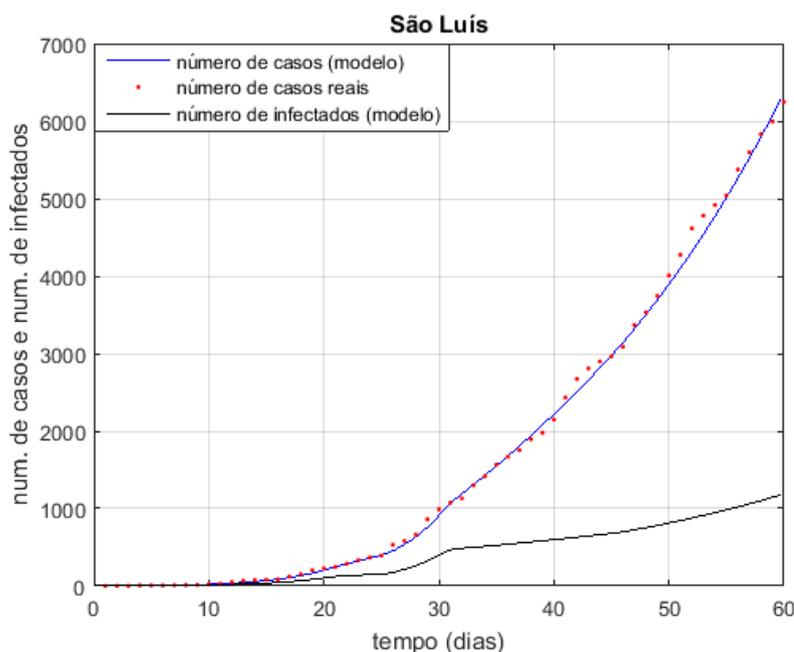


Figura 16 - Simulação e dados reais para a cidade do Rio de Janeiro, com os parâmetros do modelo identificados para ajuste médio: $k=0.04$; $R_{0i}=1.13 R_0$; $P_{mod}=42\%$ e $P_{real}=50\%$ (valores médios, últimos 10 dias).



Fonte: Autores.

Figura 17 - Simulação e dados reais para a cidade do São Luís, com os parâmetros do modelo identificados para ajuste médio: $k=0.03$; $R_{0i}=1.12 R_0$; $P_{mod}=40\%$ e $P_{real}=55\%$ (valores médios, últimos 10 dias).

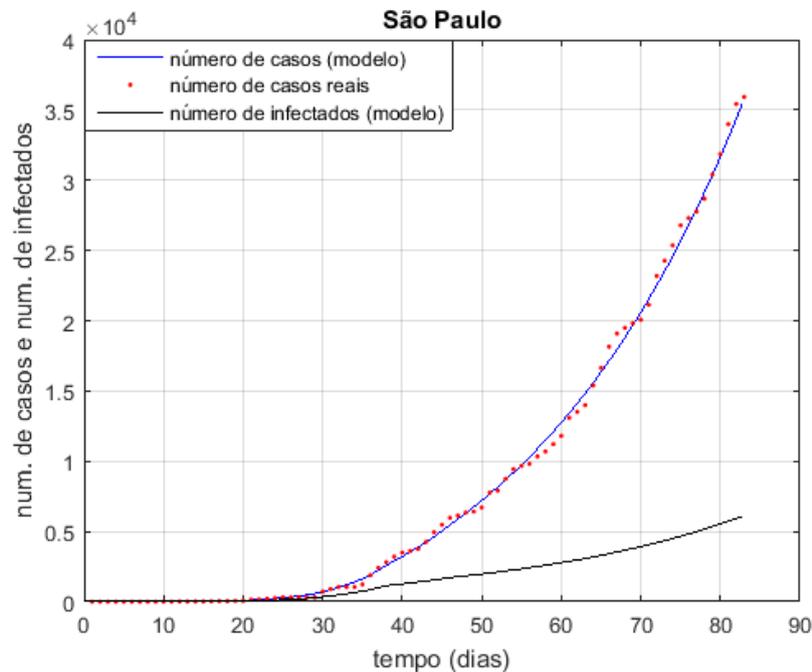


Fonte: Autores.



Edição Especial COVID-19

Figura 18 - Simulação e dados reais para a cidade de São Paulo, com os parâmetros do modelo identificados para ajuste médio: $k=0.02$; $R_{0i}=0.97 R_0$; $P_{mod}=54\%$ e $P_{real}=55\%$ (valores médios, últimos 10 dias).

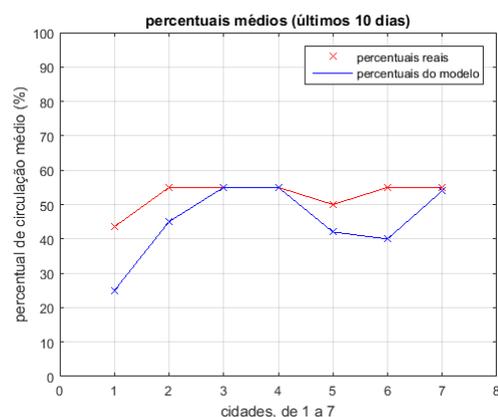


Fonte: Autores.

Figura 19 - Percentuais médios de circulação reais e previstos pelo modelo (média dos últimos 10 dias de dados).

Percentuais médios de circulação

Cidade	P_{mod} (%)	P_{real} (%)
Fortaleza	25	43.5
Manaus	45	55
Porto Alegre	55	55
Recife	55	55
Rio de Janeiro	42	50
São Luís	40	55
São Paulo	54	55



Fonte: Autores.



5. CONCLUSÕES

A principal conclusão extraída do presente trabalho é que um modelo dinâmico de estrutura simples pode reproduzir bem a dinâmica evolutiva da COVID-19 em uma determinada cidade ou região, desde que, evidentemente, os parâmetros sejam bem estimados. Entretanto, algumas modificações no modelo SIR fizeram-se necessárias a fim de torná-lo mais preditivo, gerando assim o MdSIR. A principal destas modificações foi considerar a taxa de crescimento variável em função do percentual de circulação da população ($\beta(p)$). O percentual de circulação p tem sido a principal variável de controle em diversas localidades do planeta. Decisões governamentais impondo limitações de circulação diminuem o percentual de circulação p , reduzindo assim a taxa de crescimento $\beta(p)$ e, conseqüentemente, reduzindo também o índice de reprodução basal $\bar{R}_0(p)$. Conforme explicado na introdução do presente trabalho, alguns artigos encontrados na literatura recente sobre modelos para a COVID-19 também usam variações do modelo SIR e, em alguns casos, encontram diretamente a variação do $R_0(t)$ ao longo do tempo que melhor ajuste a resposta do modelo aos dados reais. De fato, o que se procura no final é a redução do índice de reprodução basal e o conseqüente controle epidêmico. Neste sentido, o presente trabalho também demonstra que a quarentena de parte dos infectados (sintomáticos ou não) contribui para a diminuição do índice de reprodução basal, passando a contribuir com o esforço de controle. Diversas confrontações entre dados reais e resultados do modelo foram realizadas e, em todos os casos, foi possível identificar os parâmetros que permitiram uma boa aproximação entre modelo e dados reais, com destaque para o $\beta(p)$: p varia com o tempo e assim varia também implicitamente com o tempo a taxa de crescimento $\beta(p)$. Para cada cidade brasileira utilizada nos testes encontrou-se uma variação de p ao longo do tempo que permitiu o bom casamento entre dados reais e simulados. Desta forma, o modelo também fornece uma previsão sobre qual é o percentual de circulação praticado na cidade teste. Estes percentuais previstos foram confrontados aos percentuais reais observados via dados de telefonia móvel. Os resultados dessas confrontações mostraram que os percentuais de circulação previstos pelo modelo ficaram abaixo dos observados na prática, mas próximos o suficiente para se constituírem em mais uma validação para o MdSIR proposto. Em trabalhos futuros, pretende-se automatizar o processo de identificação paramétrica a partir dos dados reais, utilizando-se técnicas de minimização de erros em sistemas não lineares.

6. REFERÊNCIAS

ALMEIDA, A. C. L. *et al.* **Análise do efeito das medidas de contenção à propagação da COVID-19 em Belo Horizonte**. Relatório técnico. Março, 2020. Disponível em: <https://ufmg.br/storage/2/5/a/7/25a7163c7fb5575ab6d81b5a05bfd844_15863100172762_298779967.pdf>. Acesso em: 29 mai. 2020.



CHOWELL, G. *et al.* Real-time forecasting epidemic trajectories using computational dynamic ensembles. **Epidemics**, v.30, mar. 2020.

DORN, R. C. **Análise da Dinâmica de Dengue através do número de reprodutibilidade com base em dados epidemiológicos**. 2016. 130 f. Tese (Programa de Pós-graduação em Física) - Universidade Federal da Bahia, Salvador, 2016.

EPSTEIN J. M. *et al.* Coupled contagion dynamics of fear and disease: mathematical and computational explorations. **PLoS ONE**, v.3, n.12, 2008

FRANCO, C. M. R. **Modelos matemáticos em epidemiologia - Aplicação**: evolução epidêmica da COVID-19 no Brasil e no Estado da Paraíba. Relatório técnico, 05/2020. Disponível em: <http://www.ces.ufcg.edu.br/portal/phocadownload/userupload/COVID-19_MODELO_SIR.pdf>. Acesso em: 29 mai. 2020.

GAI, C.; IRON, C; KOLOKOLNIKOV, T. Localized outbreaks in an S-I-R model with diffusion. **Journal of Mathematical Biology**, v.80, n.5, p.1389-1411, jan. 2020.

GDISPEN. **Modelagem matemática do COVID-19**: atualização de 15.05.2020. Relatório técnico. UFPel: 2020. Disponível em: <<https://wp.ufpel.edu.br/fentransporte/2020/05/15/modelagem-matematica-do-COVID-19-atualizacao-de-15-05-2020/>>. Acesso em: 29 mai. 2020.

GIORDANO G. *et al.* Modelling the COVID-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in Italy. **Nature Medicine**, v.26, p.855-860, 2020.

HAMZAH B. F. A. *et al.* Corona tracker: worldwide COVID-19 outbreak data analysis and prediction. [Submitted]. **Bull World Health Organ**, mar. 2020. Disponível em: <https://www.who.int/bulletin/online_first/20-255695.pdf>. Acesso em: 29 mai. 2020.

HUBBS C. Social Distancing to slow the Coronavirus: modeling the flattening of the COVID-19 peaks. **Toward Data Science**, mar. 2020. Disponível em: <<https://towardsdatascience.com/social-distancing-to-slow-the-coronavirus-768292f04296>>. Acesso em: 29 mai. 2020.

KABIR K. M. A.; KUGA K.; TANIMOTO J. Analysis of SIR epidemic model with information spreading of awareness. **Chaos, Solitons and Fractals**, v.119, p.118-125, fev. 2019.

KERMACK, W.; MCKENDRICK, A. **Contributions to the mathematical theory of epidemics**. Proceedings of the Royal Society A, Mathematical, Physical and Engineering Science, 1927. Disponível em: <<https://royalsocietypublishing.org/doi/pdf/10.1098/rspa.1927.0118>>. Acesso em: 29 mai. 2020.

KRAEMER M. U. G. *et al.* The effect of human mobility and control measures on the COVID-19 epidemic in China. **Science**, v.368, n.6490, p.493-497, mar. 2020.

LI Q. *et al.* Early transmission dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus-Infected Pneumonia. **The New England Journal of Medicine**, v.382, n.13, p.1199-1207, mar. 2020.



LI R. *et al.* Substantial undocumented infection facilitates the rapid dissemination of novel coronavirus (SARS-CoV-2). **Science**, v.368, n.6490, p.489-493, mai. 2020.

LONDOÑO, S. L. M. **Estimação do número de reprodução basal em modelos compartimentais**. 2014. 70 f. Dissertação (Mestrado em Estatística) – Universidade Estadual de Campinas, 2014.

PREM K. *et al.* The effect of control strategies to reduce social mixing on outcomes of the COVID-19 epidemic in Wuhan, China: a modelling study. **The Lancet**, p.e261-ee270, mai. 2020.

QUINTANS, J. C. O.; SILVA J. A. Modelo de sistema dinâmico de epidemia com simulação numérica em Python. **Biomatemática**, v.28, p.101-114, 2018.

RACHAH A.; TORRES D. F. M. Analysis, simulation and optimal control of a SEIR model for Ebola virus with demographic effects. **Communications**, v.67, n.1, mai. 2017.

REIS R. F. *et al.* **Características da pandemia do COVID-19 e impacto das políticas de isolamento no Brasil, Minas Gerais e Juiz de Fora**. Nota Técnica 01, PGMC/UFJF, 30 mar. 2020. Disponível em: <<http://www.ufjf.br/pgmc/files/2020/03/nt01pgmc-30-03-2020.pdf>>. Acesso em: 29 mai. 2020.

SABETI, M. **Modelo epidêmico discreto SIR com estrutura etária e aplicação de vacinação em pulsos e constante**. 2011. 121 f. Tese (Programa de Pós-graduação em Matemática) – Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2011.

SONG H.; LIU S.; JIANG W. Global dynamics of a multistage SIR model with distributed delays and nonlinear incidence rate. **Mathematical Methods in the Applied Sciences**, v.40, n.6, ago. 2016.

SCHULZ R. A.; ARAÚJO, C. H. C.; COSTICHE, S. W. S. **COVID - 19: a model for studying the evolution of contamination in Brazil**. abr. 2020. /Preprint/ Disponível em: <<https://arxiv.org/pdf/2003.13932.pdf>>. Acesso em: 29 mai. 2020.

VILLAVERDE J. F.; JONES C. I. **Estimating and simulating a SIRD model of COVID-19 for many countries, states, and cities**. Technical report, mai. 2020. Disponível em: <<https://web.stanford.edu/~chadj/Covid/Dashboard.html>>. Acesso em: 29 mai. 2020.

ZHOU J.; YANG, Y.; ZHANG, T. Global stability of a discrete multigroup SIR model with nonlinear incidence rate. **Mathematical Methods in the Applied Sciences**, v.40, n.14, p.5370-5379, set. 2017.

ZHEN, Z. *et al.* Wave propagation in a diffusive SIR epidemic model with spatiotemporal delay. **Mathematical Methods in the Applied Sciences**, v.41, n.16, p.7074-7098, nov. 2018.

WHO-China. **Report of the WHO-China Joint Mission on Coronavirus Disease 2019 (COVID-19)**. Fev. 2020. Disponível em: <<https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/who-china-joint-mission-on-COVID-19-final-report.pdf>>. Acesso em: 29 mai. 2020.



WU J. T. *et al.* Estimating clinical severity of COVID-19 from the transmission dynamics in Wuhan, China. **Nature Medicine**, v.26, p.506-510, 2020.

Submetido em: **29/05/2020**

Aceito em: **30/06/2020**