

MODELAGEM MATEMÁTICA DOS CASOS CONFIRMADOS DE CORONAVÍRUS NO BRASIL E NO ESTADO DO RIO GRANDE DO NORTE

Lucas Dantas da Silva¹, Walter Martins Rodrigues²

Resumo: Atualmente o maior desafio que o Brasil enfrenta é o vírus SARS-CoV-2 e a COVID-19, doença causada pelo mesmo. O objetivo desse trabalho é estudar o comportamento matemático dos casos confirmados de COVID-19 no Brasil e no Rio Grande do Norte. Para isso, faz-se necessário o estudo acerca das equações diferenciais, como também uma análise do que se trata uma modelagem matemática. Os mecanismos utilizados para a pesquisa foram: dados bibliográficos, pesquisas em sites governamentais, tais como: IBGE (Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística), Ministério da Saúde, como também sites de contagem de casos de COVID-19, como a Plataforma Coronavírus RN realizada pelo LAIS (Laboratório de Inovação Tecnologia em Saúde) junto com a UFRN (Universidade Federal do Rio Grande do Norte). Para encontrar o comportamento da propagação do vírus SARS-CoV-2 em uma população constante, utilizaremos o modelo matemático SIR (Suscetível-Infectado-Recuperado) que nos possibilitará analisarmos a propagação do vírus no Brasil e no Rio Grande do Norte, através de uma simulação. Através da análise dos resultados é visto como a propagação do vírus pode ser combatida.

Palavras-chave: vírus; SARS-CoV-2; modelagem; modelo SIR; simulação

1. Introdução

Em dezembro de 2019 a Organização Mundial de Saúde (OMS) foi alertada sobre vários casos de pneumonia na cidade de Wuhan na China, trata-se de um novo tipo de coronavírus nunca antes identificado em seres humanos [1]. O novo coronavírus recebeu o nome de SARS-CoV-2 e causa a doença COVID-19, e sua forma de contágio é de pessoa para pessoa. O primeiro caso registrado de COVID-19 no Brasil foi em fevereiro de 2020, logo o vírus se espalhou rapidamente por todo país, chegando a mais de 9 milhões de casos e 225.099 mortos em 02 de fevereiro de 2021 [2]. A COVID-19 pode ter vários sintomas no ser humano, como tosse, febre, dor de garganta, perda do olfato, dispnéia (falta de ar), distúrbios gastrointestinais (náuseas, vômito, diarreia), que caracterizam uma pneumonia severa [3]. Também existem casos assintomáticos, onde a pessoa tem o vírus no corpo e não tem nenhum sintoma que caracteriza a doença.

Quando se trata de compreender fenômenos que acontecem na realidade, a matemática é uma ferramenta indispensável para que se possa descrever estes acontecimentos, assim também acontece quando se analisa doenças infecciosas. A utilização da matemática ocorre através de modelos matemáticos. Um modelo matemático consiste em um conjunto de símbolos e relações matemáticas que representam de alguma forma o objeto estudado [4]. Para combater o vírus é necessário entender como ele se propaga na população, para isso existem alguns modelos matemáticos que simulam o comportamento do vírus em um determinado local. Para o nosso estudo iremos adotar o modelo matemático baseado no modelo SIR (suscetível-infectados-recuperados), esse modelo é utilizado na modelagem de doenças infecciosas. As equações diferenciais desse modelo estão baseadas no modelo epidemiológico de Kermack e McKendrick. O modelo SIR que será adotado para este estudo leva em consideração que a transmissão da doença acontece de pessoa para pessoa, em uma determinada população, ou seja, a infecção acontece quando pessoas infectadas entram em contato com pessoas suscetíveis, igualmente o que acontece com o vírus SARS-CoV-2, ou seja, será possível reproduzir o comportamento desse vírus através desse modelo matemático, claro que levando em consideração todas as limitações desse modelo em relação ao que acontece na realidade [5,6].

O estudo funcionará como simulação, será simulado a propagação do vírus por toda a população do Brasil, e também do Rio Grande do Norte, em um período de 100 dias, dessa forma será analisado até onde esses valores são parecidos com os reais, e se este modelo realmente é capaz de simular situações reais de propagação do vírus afim de que, através dele, seja possível combater o vírus com os dados obtidos através da análise. A forma de combate a propagação do vírus será baseada na análise do comportamento da curva de infectados através do número de reprodução basal (R_0), onde será visto a sua influência em relação ao aumento e diminuição da curva de infectados gerada pela simulação do modelo SIR.

2. Referencial Teórico

2.1. Coronavírus

Vírus do tipo SARS-CoV-2, são coronavírus, uma família de vírus que causam doenças respiratórias e são a segunda principal causa do resfriado comum, é comum se hospedarem em animais como gatos, morcegos e gado [7]. Raramente os coronavírus que infectam animais podem infectar pessoas e depois se espalhar entre elas. O coronavírus é um RNA vírus da ordem Nidovirales da família Coronaviridae [3]. Apesar de serem mais comuns em animais, em humanos já foram encontrados sete tipos de coronavírus: 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 e, em 11 de fevereiro de 2020, recebeu o nome de SARS-CoV-2) [1]. Esse novo coronavírus é responsável por causar a doença COVID-19. O nome Corona é uma palavra italiana, que significa coroa, esse nome é dado por causa que a aparência externa do vírus se assemelha a uma coroa [8]. Os primeiros casos de isolamento humano em detrimento do coronavírus foi em 1937, porém com o avanço da microscopia, somente em 1964 foi possível ver detalhadamente o vírus [7].

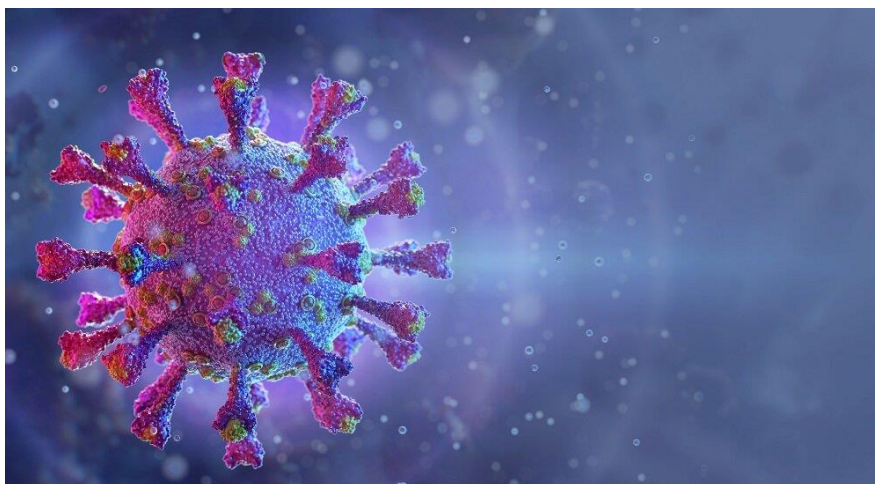


Figura 1. Coronavírus. Fonte: Organização Pan-Americana de Saúde

2.2. SARS-CoV-2 e a COVID-19

Em dezembro de 2019 começam a surgir casos de uma síndrome respiratória na cidade de Wuhan, província de Hubei na República Popular da China, os casos logo começaram a aumentar exponencialmente de maneira que casos começaram a surgir em todo território da China e em outros países [1]. O primeiro caso registrado fora da China foi na Tailândia, no dia 13 de janeiro de 2020, também o vírus foi registrado nos Estados Unidos, no dia 20 de janeiro de 2020, sendo este o primeiro caso confirmado nas Américas [9].

O novo coronavírus foi denominado de SARS-CoV-2 porque em 2002 o coronavírus foi correlacionado a Síndrome Respiratória Aguda Grave (SARS), levando o nome de SARS-CoV, pelo fato do sintoma mais grave da COVID-19 ser a falta de ar, o novo coronavírus leva o nome de SARS-CoV-2 [8]. Os sintomas da COVID-19 variam de pessoa para pessoa, porém existe alguns sintomas padrão que caracteriza a doença. Quem contrai o vírus pode ter tosse, febre, coriza, dor de garganta, dificuldade para respirar, perda de olfato (anosmia), alteração do paladar (ageusia), distúrbios gastrointestinais (náuseas, vômitos, diarreia), cansaço (astenia), diminuição do apetite (hiporexia) e dispnéia (falta de ar) [3].

2.3. SARS- CoV-2 no Brasil

Em 26 janeiro de 2020 foi registrado o primeiro caso confirmado de COVID-19 no Brasil, na cidade de São Paulo. Logo o vírus se espalhou por todo país, infectando pessoas exponencialmente e deixando mortos pelo seu caminho. O Brasil, no dia 25 de fevereiro de 2021 já ultrapassa a marca dos 10 milhões de casos acumulados. A região sudeste é a mais afetada, com 3.779.069 casos, seguido pelo nordeste que chegou a 2.433.558 casos acumulados. A região sul chegou a passar 1 milhão de casos confirmados, chegando a 1.916.033 de casos, sendo a terceira região mais afetada do país. As regiões norte e centro-oeste também passaram de 1 milhão de casos, sendo respectivamente, 1.151.690 e 1.110.081 de casos. Somando todos os casos, o Brasil chegou aos 10.390.461 de casos confirmados. A região que mais tem mortes confirmadas por COVID-19 até agora é a região sudeste, com 116.141 óbitos, seguido pelo nordeste com 55.735 mortes confirmadas. As regiões sul, norte e centro-oeste tem menores números de óbitos, sendo respectivamente 30.781, 26.667 e 22.117 mortes confirmadas (todos os dados foram coletados no site do Governo Federal no dia 25 de fevereiro de 2021) [10].

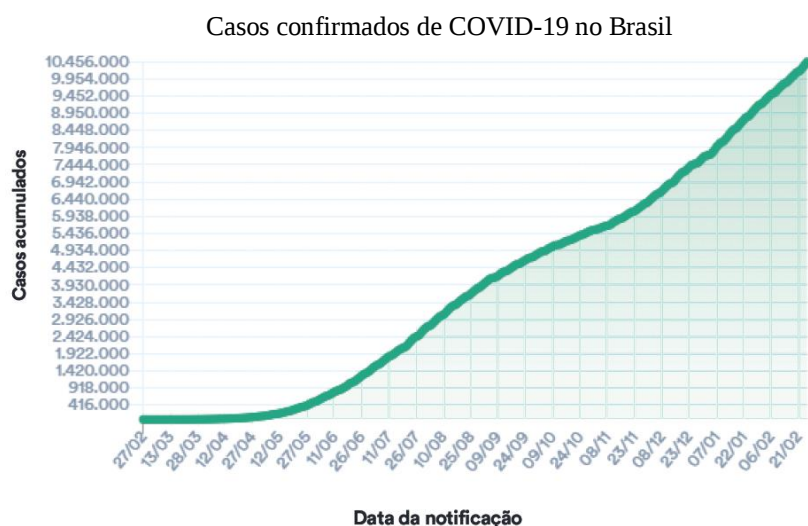


Figura 2. Gráfico, COVID-19 no Brasil. Fonte: Ministério da Saúde, Brasil, 2020.

2.4. SARS-CoV-2 no Rio Grande do Norte

No Rio Grande do Norte houve o primeiro caso confirmado de COVID-19 no dia 12 de março de 2020, desde então, o estado sofre com a pandemia. Os casos confirmados acumulados chegaram a 167.429, também os óbitos chegaram a marca de 3608 confirmados no dia 03 de março de 2021 [11]. Devido ao aumento de casos simultâneos no início do mês de março de 2021, o Governo do Estado do Rio Grande do Norte, retornou a tomar medidas mais severas de isolamento para evitar aglomerações em busca de diminuir o contágio do novo coronavírus no estado [12].

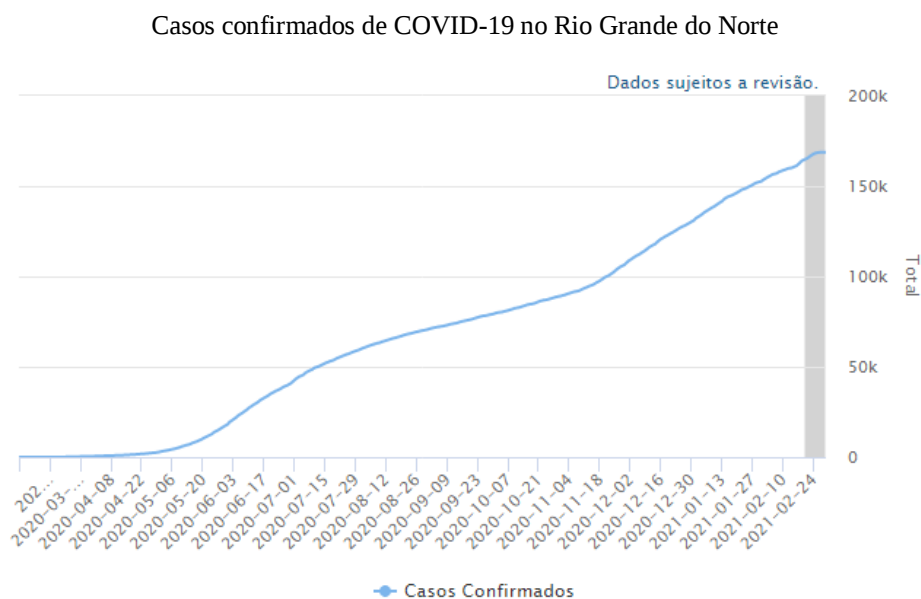


Figura 3. Gráfico, COVID-19 no RN. Fonte: LAIS/UFRN/SESAP-RN

2.5. Modo de Transmissão

No início da pandemia, na cidade de Wuhan na China, acreditava-se que a contaminação do novo coronavírus teria acontecido através de animais, pois grande parte dos pacientes que estavam contaminados com a doença causada pelo vírus tinham uma ligação com um mercado de frutos do mar e animais vivos da cidade, porém logo começaram a surgir outros casos de pessoas infectadas que não tinham ligação com esse tal mercado, indicando que o vírus estava sendo disseminado de pessoa para pessoa [3]. A transmissão acontece de uma pessoa infectada para outra pessoa por contato próximo, por meio de toque do aperto de mãos contaminadas, gotículas de saliva, espirro, tosse, catarro, objetos ou superfícies contaminadas, como celulares, mesas, talheres, maçanetas e entre outros objetos que tenham sido contaminados por uma pessoa com o SARS-CoV-2 [2]. A contaminação acontece quando a pessoa toca em algum objeto, superfície ou até uma pessoa contaminada e leva as mãos a boca,

olhos e nariz, fazendo com que o vírus entre no corpo. Estudos apontam que o vírus pode ficar vivo em plásticos e aços inoxidáveis por 72 horas, e menos de 24 horas em papelão e menos de 4 horas em cobre [1].

2.6. Período de Incubação e Transmissibilidade

O tempo de exposição ao SARS-CoV-2 até os sintomas da COVID-19 começarem a aparecer é, em média, de 5 a 6 dias, podendo ter variação de 1 a 14 dias [1]. A transmissão do vírus pode ocorrer de três formas: de forma pré-sintomática, onde a transmissão ocorre antes do infectado ter sintomas da doença (essa transmissão ocorre geralmente em 48 horas), a forma sintomática, onde a transmissão acontece através de uma pessoa que apresenta sintomas da COVID-19, e a forma assintomática, onde o infectado pelo SARS-CoV-2 não apresenta sintomas da COVID-19 e mesmo assim transmite a doença. Vale ressaltar que o novo coronavírus é transmitido principalmente por pessoas sintomáticas [13].

2.7. Espectro Clínico da COVID-19

Os pacientes que apresentam sintomas da COVID-19, por maioria, apresentam tosse, mialgia e dor de cabeça, sendo esses os sintomas mais frequentes manifestados em humanos, seguido de outras características como diarreia, dor de garganta e anormalidades no olfato e paladar [14]. De acordo com o Ministério da Saúde, em fevereiro de 2020, através da análise dos primeiros 99 pacientes internados com pneumonia e diagnóstico laboratorial de COVID-19, no hospital de Wuhan na China, foi observado uma maior taxa de hospitalizados em maiores de 50 anos e do sexo masculino. Os principais sintomas foram febre (83%), tosse (82%), dispneia (31%), mialgia (11%), confusão mental (9%), cefaleia (8%), dor de garganta (5%), rinorreia (4%), dor torácica (2%), diarreia (2%) e náuseas e vômitos (1%). Também houve registros de linfopenia em outro estudo realizado com 41 pacientes diagnosticados com COVID-19 [3].

2.8. Prevenção

O mundo passou um período de tempo sem vacina para combater o SARS-CoV-2, então para medidas de prevenção foram adotados alguns procedimentos simples e diários para a população tentar impedir que o vírus entrasse no corpo, procedimentos como higiene frequente das mãos com água e sabão ou preparação alcoólica, evitar tocar olhos, nariz e boca sem higienização adequada das mãos, evitar contato próximo com pessoas doentes, cobrir boca e nariz ao tossir ou espirrar, ficar em casa o máximo possível para evitar contato com pessoas infectadas, usar máscara que cobre nariz e boca para sair de casa, limpar e desinfetar objetos e superfícies tocados com frequência [3].

Algumas vacinas foram aprovadas para uso emergencial em alguns países em dezembro de 2020, graças aos cientistas de todo o mundo que avançaram rapidamente no desenvolvimento de vacinas seguras e eficazes, tendo como base os estudos que foram utilizados para desenvolver as vacinas da SARS e MERS que também tem origem de coronavírus [1]. Segundo a Organização Mundial de Saúde (OMS) o primeiro programa de vacinação em massa que teve início em dezembro de 2020 e, a partir de 15 de fevereiro de 2021, foram administradas 175,3 milhões de doses de vacina. Pelo menos 7 vacinas diferentes (3 plataformas) foram administradas [15].

3. Modelagem Matemática

A matemática é uma ferramenta importante que pode ser utilizada para explicar e entender fatos e fenômenos que ocorrem no mundo real. Para os cientistas, a matemática funciona como um agente unificador de um mundo racionalizado, para eles, é a ferramenta indispensável para a formulação das teorias fenomenológicas fundamentais, devido ao seu poder de síntese e de generalização. A utilização da matemática ocorre através de modelos matemáticos. Um modelo matemático consiste em um conjunto de símbolos e relações matemáticas que representam de alguma forma o objeto estudado [4].

A Modelagem Matemática é um processo dinâmico que serve para validar e obter modelos matemáticos, consiste em transformar um problema da realidade em um modelo matemático para que haja compreensão do mesmo [16]. Desse modo é possível aplicar um modelo matemático para descrever comportamentos na sociedade, levando em consideração que é uma aproximação da realidade. Segundo Bassanezi a eficiência de uma modelagem pode ser avaliada da seguinte maneira: “A modelagem é eficiente a partir do momento que nos conscientizamos que estamos sempre trabalhando com aproximações da realidade, ou seja, que estamos elaborando sobre representações de um sistema ou parte dele” [4, p. 24].

Na epidemiologia, a modelagem matemática se mostra essencial para a compreensão da propagação de uma epidemia na sociedade. Por esta razão, esse estudo irá utilizar o modelo matemático SIR para descrever o comportamento do vírus SARS-CoV-2 no Brasil e no estado do Rio Grande do Norte.

3.1. Equações Diferenciais

Uma equação diferencial, por definição, é aquela que contém derivadas ou diferenciais de uma ou mais variáveis dependentes, em relação a uma ou mais variáveis independentes. As equações diferenciais são classificadas por tipo, ordem e linearidade [17]. Exemplo:

$$\frac{dx}{dt} + \frac{dy}{dt} = x - y \quad (1)$$

Observa-se que x e y são as variáveis dependentes e t é a variável independente.

3.2. Modelo SIR

O modelo matemático para estudos epidemiológicos proposto por Kermack e McKendrick em 1927, consiste em três populações, Suscetíveis (S), Infectados (I) e Recuperados (R). Os suscetíveis são as pessoas que podem pegar o vírus ou bactéria, ou seja que não contraíram a doença ainda, os infectados são as pessoas que estão infectadas com o vírus ou bactéria, e os recuperados são as pessoas que contraíram o vírus e se recuperam, ou morreram em decorrência da doença. O modelo SIR considera que a transmissão da doença acontece de pessoa para pessoa, em uma determinada população, ou seja, a infecção acontece quando pessoas infectadas entram em contato com pessoas suscetíveis [5]. A dinâmica da divisão da população que o modelo descreve, acontece em três partes, como mostra o esquema da figura abaixo.



Figura 4. Esquema modelo SIR. Fonte: Autoria própria.

O modelo SIR é descrito pelas seguintes equações diferenciais:

$$\frac{ds}{dt} = - \frac{\beta SI}{N} \quad (2)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \gamma I \quad (3)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (4)$$

Onde (S) corresponde a população de suscetíveis que pode se tornar infectado, (I) número de infectados, (β) corresponde ao coeficiente de transmissão, (γ) taxa de recuperação, (R) recuperados (removidos) e (N) é o total da população estudada. O modelo SIR propõe que a taxa de propagação da doença é proporcional ao produto da população dos suscetíveis e infectados [18]. Além disso, temos que:

- O número de suscetíveis diminui a uma taxa de propagação da doença (βSI);
- O número de pessoas infectadas aumenta na mesma proporção e diminui a partir da remoção dos indivíduos;
- O número de pessoas removidas aumenta conforme a recuperação dos infectados (γI).

O modelo SIR leva em consideração alguns critérios, cada compartimento das distintas populações de suscetíveis, infectados e recuperados são considerados como indivíduos homogêneos, ou seja, cada indivíduo infectado tem a mesma probabilidade de encontrar os indivíduos suscetíveis. Como também admite-se que na população estudada não há nascimentos como também não há mortes causadas por outro motivo a não ser pela doença em questão, também admite-se que nenhuma medida de combate ao vírus está sendo implementada na sociedade em questão analisada [5,4]. Dessa forma, é pressuposto que a população estudada é uma comunidade fechada, ou seja, o número de pessoas se mantém constante, não varia com o tempo. Então pode-se afirmar que:

$$N = S(t) + I(t) + R(t) \quad (5)$$

3.3. Reprodutividade Basal

Um indicador que é utilizado para avaliar o contágio de uma doença em uma sociedade é o número básico de reprodução, ou reprodutividade basal (R_0). Este número mede a transmissibilidade do agente infeccioso e o seu valor informa quantas pessoas podem ser contaminadas a partir de uma ou mais pessoas infectadas, de acordo com

os especialistas da OMS, uma pessoa é capaz de infectar entre 2 e 3 outras pessoas [19,15]. A aplicação do modelo é afetada por duas situações, a reprodutividade basal e o período infeccioso (tempo em que o indivíduo está infectado), que é o tempo em que o indivíduo passa do grupo dos infectados (I) para o grupo dos recuperados (R). A taxa de recuperação (γ) é dada por 1 sobre o tempo de recuperação, logo é possível representar o tempo de infecção por $\frac{1}{\gamma}$ [6].

Reescrevendo a equação (3) temos que:

$$\frac{dI}{dt} = I \left(\frac{\beta S}{N} - \gamma \right) \quad (6)$$

Analisando a equação é possível perceber que $\frac{dI}{dt} > 0$, assim o número de infectados irá aumentar e a infecção irá se espalhar pela população, analogamente, se o contrário acontecer, a infecção será acabada. Para encontrar o R_0 , adota-se $I = 1$, identificando que é o começo da infecção na população em questão, contendo apenas 1 infectado, dessa forma, como a diferença entre o número de pessoas total da população (N) e o número de pessoas suscetíveis (S) é muito pequena, considera-se por aproximação $N = S$, assim é possível dizer que $\frac{S}{N} = 1$.

Então, aplicando essas considerações na equação (6), temos:

$$\frac{dI}{dt} = (\beta - \gamma) \quad (7)$$

Para que $\frac{dI}{dt} > 0$ devemos considerar que:

$$\beta - \gamma > 0 \Rightarrow \frac{\beta}{\gamma} > 1 \quad (8)$$

Assim a reprodutividade basal R_0 é dada por:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (9)$$

Esse cálculo do R_0 leva em consideração os mesmos parâmetros do modelo SIR estudados neste trabalho, ou seja, o cálculo considera uma população não vacinada, e é feito com o número de infectados em um dado momento. Através da reprodutividade basal é possível entender como se dá a propagação da epidemia, pois se $R_0 > 1$, a infecção irá se espalhar pela população, e se $R_0 < 1$, o número de infectados irá diminuir [19]. Abaixo está o gráfico comparando os valores de R dos estados do Brasil, do menor para o maior.

Comparativo dos valores de R entre os estados do Brasil em 04/05/2021

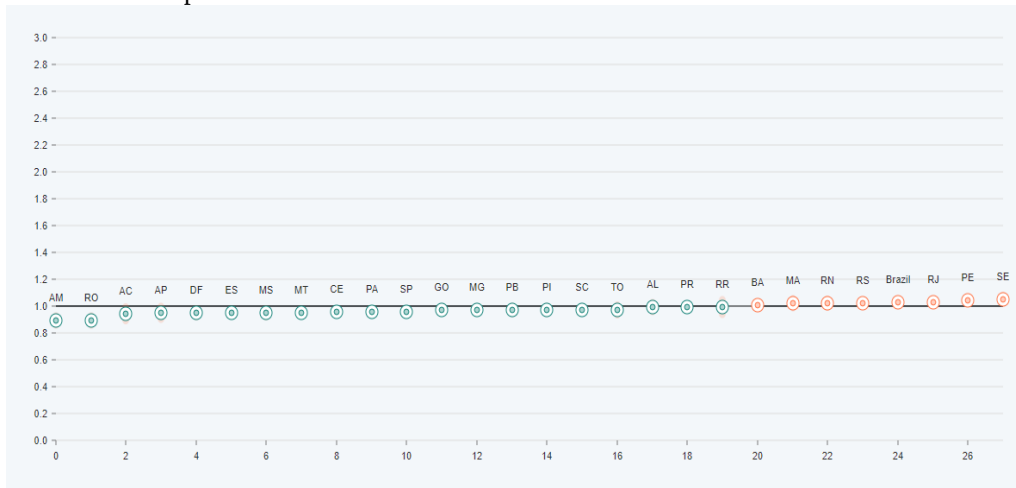


Figura 5. Valores de R dos estados do Brasil. Fonte: LOFT, 04/05/2021

4. Aplicação do Modelo SIR

Para exemplificar como acontece a propagação do vírus SARS-CoV-2 no Brasil e no Rio Grande do Norte, será utilizado uma simulação em Excel do modelo SIR, para isso serão utilizados dados do início da pandemia no país e no estado. De acordo com o IBGE a população total do Brasil em 2020 é de 211.755.692 e do Rio Grande do Norte (RN) é de 3.534.165 [20]. Para a simulação, foram utilizadas as seguintes parâmetros: taxa de contágio

de 12%, $R_0 = 2,5$, taxa de recuperação de 97% e taxa de letalidade de 3% em um tempo de duração média da doença de 14 dias. A simulação foi feita para os primeiros 100 dias de contaminação, levando em conta todos os parâmetros do modelo SIR discutidos neste trabalho. Abaixo estão os respectivos gráficos gerados através da simulação do modelo SIR no Excel, gráficos esses, do Brasil e do Rio Grande do Norte.

Gráfico da simulação do modelo SIR no Brasil com $R_0 = 2,5$

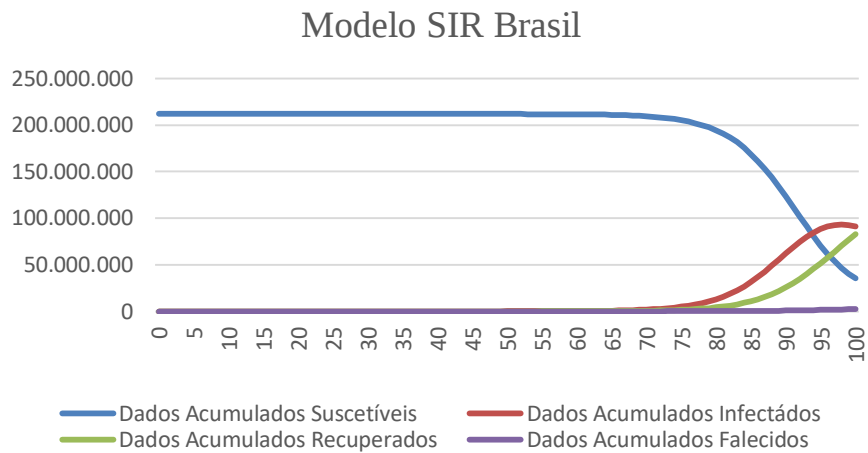


Figura 6. Gráfico do modelo SIR para o Brasil. Fonte: Autoria própria

Os dados finais obtidos através da simulação feita para o Brasil nos primeiros 100 dias, deram muito diferentes do que realmente aconteceu, pelo fato de que o número de reprodutividade basal R_0 permanece constante durante todo o período, ou seja, nenhuma medida de combate ao vírus é implementada, diferente da realidade, pois no Brasil houve medidas de restrições, por exemplo, o distanciamento e uso de máscara obrigatório, esses fatores influenciaram impedindo que o vírus se espalhasse facilmente, assim diminuindo o R_0 . Porém pode ser observado que os números iniciais da simulação e os números reais nos primeiros 50 dias são bastante parecidos, isso se dá porque as medidas de controle ainda não teriam sido implementadas completamente, fazendo assim com que o R_0 simulado e o R_0 real tenham bastante semelhanças. Nos primeiros 50 dias de COVID-19 no Brasil, no dia 16/04/2020, foram registrados 30.683 casos acumulados, e na simulação no dia 50, foram registrados 29.680 casos acumulados, números bastante parecidos. Dessa forma é possível comprovar a influência das medidas de combate ao vírus em relação ao achatamento da curva de infectados, ou seja, o R_0 diminuiu, pois a simulação nos 100 dias teve um total de casos acumulados de 91.210.718, que foi bastante diferente da realidade, onde o Brasil teve 615.870 de casos acumulados no dia 04/06/2020, onde marcava 100 de contaminação do SARS-CoV-2 no país [21].

Gráfico da simulação do modelo SIR no Rio Grande do Norte com $R_0 = 2,5$

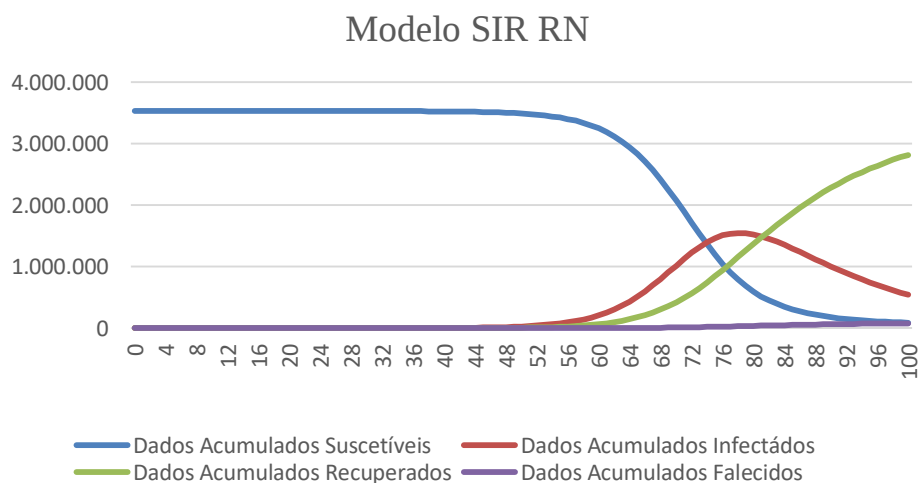


Figura 7. Gráfico do modelo SIR para o RN. Fonte: Autoria própria

Para o Rio Grande do Norte a simulação nos 100 dias também obteve resultados bastante diferentes da realidade, assim como o Brasil, pois o R_0 é o mesmo. Porém é possível observar no gráfico que a curva de infectados está com decréscimo mais avançado do que do gráfico da simulação para todo o país, isso se dá pela

diferença da população total, pois o Brasil tem muito mais pessoas do que o Rio Grande do Norte, por esse motivo, tendo em vista que foram utilizados os mesmos parâmetros, as curvas estão mais completas para o RN nesse tempo de 100 dias. Igualmente o Brasil, a simulação para o RN é bastante parecida no começo da pandemia, por exemplo, nos primeiros 30 dias de contaminação os resultados simulados e reais são bastante parecidos. O RN completava 30 dias de pandemia, no dia 03/04/2020, desde o primeiro caso registrado de COVID-19 no estado, onde foram registrados 655 casos acumulados, e na simulação após 30 dias, foram registrados 593 casos acumulados, porém vale ressaltar que a dispersão dos valores simulados e reais para o RN acontece de forma mais rápida do que para o Brasil, isso se dá pelo fato de que a população do RN é bem menor do que a do Brasil e pelo fato de que foi utilizado o mesmo R_0 , mesmo assim os resultados foram satisfatórios, pois em 30 dias os resultados estavam muito parecidos com os reais, porém a partir desse tempo os resultados se dispersaram da realidade, também em detrimento dos mesmos motivos discutidos para o Brasil [22].

Para comprovar que a curva de infectados é menor com R_0 mais baixo, foi utilizado o mesmo modelo SIR das simulações anteriores, porém com um número de reprodutividade basal de 2, dessa forma é possível observar a mudança nos efeitos do espalhamento do vírus na população. Aplicando na simulação do Brasil, utilizando os mesmos parâmetros, somente sendo mudado o R_0 , pode-se observar nos gráficos abaixo que as curvas começam a crescer mais tarde do que nas simulações anteriores, isso mostra que, à medida que o R_0 decresce a infecção na população será menor.

Gráfico do modelo SIR para o Brasil com $R_0 = 2$

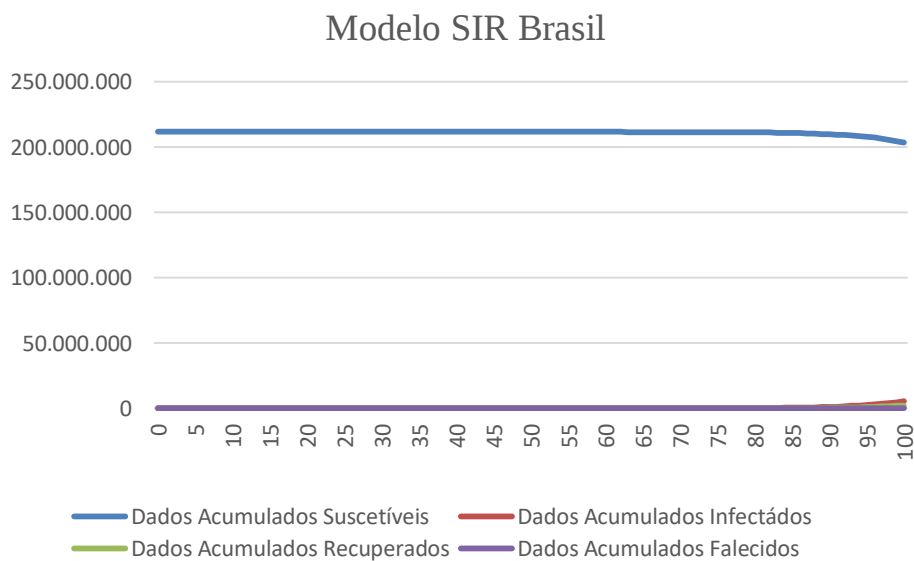


Figura 8. Gráfico do modelo SIR Brasil com $R_0 = 2$. Fonte: Autoria própria

Gráfico da curva de infectados para o $R_0 = 2$

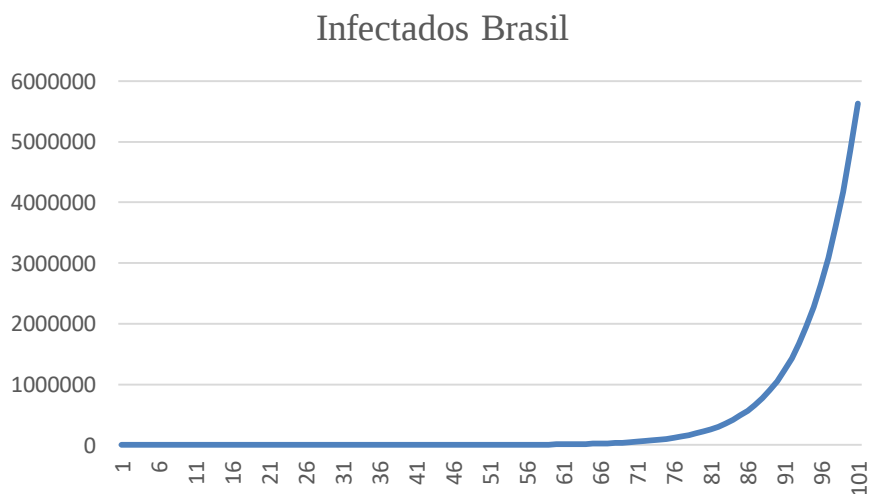


Figura 9. Gráfico da curva de infectados do Brasil. Fonte: Autoria própria

A diferença dos gráficos das duas simulações para o Brasil é nítido, a mudança do R_0 afetou diretamente no resultado final, onde nos 100 dias da nova simulação o Brasil teria 5.628.555 de casos acumulados sendo bastante

diferente da primeira simulação, onde o Brasil chegou a 91.210.718 de casos acumulados. Dessa forma podemos observar o quão impactante é R_0 para uma epidemia, a mudança do mesmo proporcionou uma grande diferença mostrada nos gráficos. Na primeira simulação é observado que o Brasil chegou ao pico de infectados antes dos 100 dias, porém na nova simulação, a curva de infectados ainda está em crescimento, mas em tempo diferente, isso se dá porque nesse modelo não há medidas de combate ao vírus, ou seja, só haverá o adiamento do pico em relação ao que foi feito anteriormente, diferente do que se vê na realidade, onde as medidas de controle não só adiam o pico como também achatam a curva, ou seja o pico da infecção será menor do que o pico estudado na simulação. Esse efeito também ocorre da mesma maneira para o Rio Grande do Norte, o R_0 quando diminuído também adia o pico da curva de infectados do estado, pois como foi visto na simulação anterior, este modelo funciona também para populações menores, dessa forma o efeito no RN será parecido com o que aconteceu no Brasil.

5. Conclusões

Diante do que foi apresentado neste trabalho, o modelo SIR cumpriu as expectativas, mesmo sendo um modelo simples, simulou a propagação do vírus no Brasil e no Rio Grande do Norte até certo ponto de maneira bem parecida com a realidade, mesmo com dispersões nos resultados finais calculados para os reais, através deste estudo é possível avaliar a importância do número de reprodução basal R_0 para o controle da pandemia, de modo que, à medida que foram implementadas medidas de combate ao vírus (para a realidade), como o distanciamento social, a curva de infectados diminuía, isso foi mostrado comparando os dados reais com os simulados. Também foi elaborada uma nova simulação com um R_0 menor que o anterior, para assim, comprovar esta hipótese de que a medida que a reprodução basal diminui a curva de infectados também irá diminuir, claro que levando em consideração todas as limitações que esse modelo contém, como por exemplo, que não haveria nascimentos nesse período, ou seja, as respectivas populações do Brasil e do Rio Grande do Norte permaneceriam constantes em todo período.

6. Referências

1. ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DE SAÚDE. Folha Informativa COVID-19. **Organização Pan-Americana de Saúde**, Escritório da OPAS e da OMS no Brasil, 12 fev. 2021. Disponível em: <<https://www.paho.org/pt/covid19>>. Acesso em: 18 fev. 2021.
2. BRASIL, MINISTÉRIO DA SAÚDE. Doença pelo Coronavírus 2019 (COVID-19). **Plataforma Integrada de Vigilância e Saúde (IVIS)**, Brasília, 2020. Disponível em: <<http://plataforma.saude.gov.br/coronavirus/>>. Acesso em: 18 fev. 2021.
3. BRASIL, MINISTÉRIO DA SAÚDE. **Protocolo de Manejo Clínico para o Novo Coronavírus**. Brasília, p. 30. 2020.
4. BASSANEZI, R. C. **Ensino-aprendizagem com modelagem matemática**. 4. ed. [S.l.]: Contexto, 2002.
5. KERMARK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. **Uma Contribuição para a Teoria Matemática das Epidemias**. 772. ed. Londres: The Royal Society, v. 115, 1927.
6. ALLEN, L. J. S. **Some Discrete-Time SI, SIR, and SIS Epidemic Model**. Department of Mathematics, Texas Tech University. Lubbock, Texas. 1994.
7. GOVERNO DO BRASIL. Entenda a diferença entre Coronavírus, COVID-19 e o Novo Coronavírus. **Governo do Brasil**, 2020. Disponível em: <<https://www.gov.br/pt-br/noticias/saude-e-vigilancia-sanitaria/2020/03/entenda-a-diferenca-entre-coronavirus-covid-19-e-novo-coronavirus>>. Acesso em: 24 fev. 2021.
8. DUARTE, A. Coronavírus, o monstro microscópico na visão da ciência. **Revista Eletrônica Arcevo Saúde**, p. 4, abr. 2020. ISSN 2178-2091.
9. BANCO INTERAMERICANO DE DESENVOLVIMENTO. Propagação do Novo Coronavírus fora da China. **IDEAÇÃO**, 2020. Disponível em: <<https://blogs.iadb.org/brasil/pt-br/a-propagacao-do-novo-coronavirus-fora-da-china/>>. Acesso em: 2021 fev. 22.
10. GOVERNO FEDERAL DO BRASIL. COVID-19 NO BRASIL. **SUS Analítico, Ministério da Saúde**, 2021. Disponível em: <https://susanalitico.saude.gov.br/extensions/covid-19_html/covid-19_html.html>. Acesso em: 25 fev. 2021.
11. GOVERNO DO ESTADO DO RN. COVID-19 (coronavírus) no Rio Grande do Norte. **Governo do Estado do Rio Grande do Norte**, 2021. Disponível em: <<https://portalcovid19.saude.rn.gov.br/>>. Acesso em: 02 mar. 2021.
12. GOVERNO DO ESTADO DO RN. Decretos do Governo do RN no enfrentamento ao coronavírus. **Portal do Governo do RN**, 2021. Disponível em:

-
- <<http://www.rn.gov.br/Conteudo.asp?TRAN=ITEM&TARG=227627&ACT=&PAGE=&PARM=&LBL=Reportagens>>. Acesso em: 05 mar. 2021.
13. BRASIL, ANVISA. **NOTA TÉCNICA GVIMS/GGTES/ANVISA Nº 07/2020; Orientações para prevenção e vigilância epidemiológica das infecções por SARS-CoV-2 (COVID-19) dentro dos serviços de saúde**. AGÊNCIA NACIONAL DE VIGILÂNCIA SANITÁRIA (ANVISA). Brasília, p. 51. 2020.
 14. MCLNTOSH, K. Coronavirus disease 2019 (COVID-19). **UpToDate**, 2021. Acesso em: 07 mar. 2021.
 15. WORLD HEALTH ORGANIZATION. Coronavirus disease (COVID-19): Vaccines. **World Health Organization**, 2020. Acesso em: 07 mar. 2021.
 16. BASSANEZI, R. C. **Modelagem matemática teoria e prática**. 1. ed. [S.l.]: Contexto, 2015.
 17. ZIIL, D. G.; CULLEN, M. G. **Equações Diferenciais**. 3. ed. [S.l.]: Pearson, v. 1, 2001.
 18. JONES, J. H. **Notes on Ro**. Department of Anthropological Sciences Stanford University. California, p. 19. 2007.
 19. FIOCRUZ. **Recomendações para o planejamento de retorno às atividades escolares presenciais no contexto da pandemia de Covid-19**. Fundação Oswaldo Cruz, Ministério da Saúde. [S.l.], p. 20. 2021.
 20. IBGE. Projeção da população do Brasil e das Unidades da Federação. **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**, 2021. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/apps/populacao/projecao/index.html>>. Acesso em: 05 maio 2021.
 21. WORLDOMETERS. Worldometers coronavírus Brasil. **Worldometers**, 2021. Disponível em: <<https://www.worldometers.info/coronavirus/country/brazil/>>. Acesso em: 05 maio 2021.
 22. LAIS; UFRN. Plataforma Coronavírus RN. **Plataforma Coronavírus RN**, 2021. Disponível em: <<https://covid.lais.ufrn.br/>>. Acesso em: 05 maio 2021.
 23. LOFT. Rt do COVID-19 por estado no Brasil. **LOFT**, 2021. Disponível em: <<https://loft.science/>>. Acesso em: 05 maio 2021.



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFERSA
Centro de Ciências Exatas e Naturais – CCEN

ATA DE DEFESA DE TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

Às 8 horas e trinta minutos do dia vinte e um de maio do ano dois mil e vinte, em encontro virtual pela plataforma Google Meet usando o link meet.google.com/rar-qasz-sm, reuniu-se a Banca Examinadora de defesa de trabalho de conclusão de curso de autoria do aluno **NOME DO ALUNO LUCAS DANTAS DA SILVA**, estudante do curso de Bacharelado em Ciência e Tecnologia da UFERSA, N° de matrícula 2017010895, com o título **“MODELAGEM MATEMÁTICA DOS CASOS CONFIRMADOS DE CORONAVÍRUS NO BRASIL E NO ESTADO DO RIO GRANDE DO NORTE”**. A Banca Examinadora ficou assim constituída por três membros: Prof. Dr. Walter Martins Rodrigues, presidente da banca e orientador do Trabalho de Conclusão de Curso; Prof. Dr. Odacir de Almeida Neves e Prof. Dr. Elmer Rolando Llanos Villarreal, e tendo como suplente o Prof. Me. Ricardo Hugo Nunes Medeiros Filho. Concluída a defesa, procedeu-se o julgamento pelos membros da banca examinadora, tendo o aluno obtido as seguintes notas: **10,0; 10,0; 10,0**, respectivamente. Apuradas as notas verificou-se que o aluno foi aprovado com média geral **10,0**. E para constar, eu, Walter Martins Rodrigues, lavrei a presente ata que, após lida e aprovada pelos membros da banca examinadora, será assinada por todos.

Mossoró, 21 de maio de 2021.

Assinatura dos membros da Banca Examinadora.

Prof. Dr. Walter Martins Rodrigues – UFERSA
Presidente e orientador

ODACIR ALMEIDA

NEVES:27703084832

Assinado de forma digital por ODACIR
ALMEIDA NEVES:27703084832
Dados: 2021.05.21 09:32:51 -03'00'

Prof. Dr. Odacir Almeida Neves – UFERSA
Primeiro Membro

Prof. Dr. Elmer Rolando Llanos Villarreal – UFERSA
Segundo Membro