

Estudo Comparativo de Modelos de Epidemiologia no Cálculo do Número de Reprodução Efetivo da COVID-19 com Dados Abertos do Estado de São Paulo

Arthur Pimentel de Carvalho¹, Wallace Casaca², Marilaine Colnago³
Faculdade de Engenharia e Ciências, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Rosana, SP

Em dezembro de 2019, foi confirmado o primeiro caso de infecção pelo novo coronavírus (SARS-CoV-2) na China. A nova doença se tornou uma pandemia em março de 2020, e desde então passou a afligir tanto as esferas econômica, social, e sanitária de todo o mundo. Desde então, diversos modelos matemáticos tem sido implementados a fim de modelar o espalhamento da doença em diferentes países, permitindo assim fixar medidas preventivas e de controle [1]. Os modelos variam desde formulações compartimentais, como o clássico modelo *Susceptible-Infectious-Recovered* (SIR), até modelos estocásticos e de aprendizado de máquina. Desta maneira, este trabalho tem como objetivo comparar dois modelos de propagação da COVID-19 a partir de dados do Estado de São Paulo. Assim, tomaremos como objeto de estudo: uma adaptação do modelo SIR dependente do tempo, e o modelo adotado pelo governo do Japão a fim de avaliá-los frente aos dados abertos do Estado de São Paulo, com foco no cálculo do *número de reprodução efetivo* $R_t(t)$ da doença.

Para a implementação dos modelos, foram utilizados dados disponibilizados pelo governo do Estado de São Paulo (Seade), referente ao período de 25 de fevereiro de 2020 até 31 de outubro de 2021. O sistema de equações de (1) a (4) descreve o modelo SIR dependente do tempo, além do cálculo do número de reprodução efetivo [2], enquanto a equação (5) ilustra o cálculo do $R_t(t)$ para o modelo adotado pelo governo japonês, conhecido como Toyo Keizai (TK) [3].

$$\frac{dS(t)}{dt} = \frac{-\beta(t)S(t)I(t)}{N}, \quad (1)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \frac{\beta(t)S(t)I(t)}{N} - \gamma I(t), \quad (2)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t), \quad (3)$$

$$R_t(t) = \frac{\beta(t)}{\gamma} S(t), \quad (4)$$

$$R_t(t) = \frac{N_C^{T_G|I_N}}{N_{CA}}. \quad (5)$$

Nas equações (1)-(4), N representa o tamanho da população, $S(t)$ o número de pessoas suscetíveis à doença no dia t , $I(t)$ o número de infectados, $R(t)$ o total de pessoas removidas (por morte ou recuperação), e $\beta(t)$ e γ as taxa de transmissão e de remoção. Já na equação (5), N_C representa o número de novos casos nos últimos 7 dias, N_{CA} o número de novos casos nos 7 dias anteriores, T_G o tempo médio (em dias) de incubação do vírus, e I_N é o intervalo de notificação dos casos [3].

¹arthur.pimentel@unesp.br

²wallace.casaca@unesp.br

³marilaine.colnago@unesp.br

A Figura 1 apresenta as curvas $R_t(t)$ computadas pelos modelos SIR e TK para os dados do Estado de São Paulo. O modelo SIR utilizado neste trabalho não leva em consideração a capacidade de reinfeção por outras variantes, assim, nota-se o decaimento do número de reprodução efetivo conforme os dias vão avançando. Isto ocorre, pois no cálculo de $R_t(t)$, é levado em consideração a taxa de transmissão, a qual tende a decair com o tempo, uma vez que espera-se que todo o grupo suscetível se torne infectado e, posteriormente, removido deste grupo, já que o modelo desconsidera a reinfeção. Já o modelo adotado pelo governo japonês (TK) leva em consideração apenas a janela móvel de casos nos últimos 7 dias *versus* os últimos 7 anteriores a estes, bem como o intervalo de notificação e tempo médio de geração, sendo estes 7 e 5 dias respectivamente. Logo, observa-se que, para este modelo, a flutuação do $R_t(t)$ ocorre junto à variação do número de novos casos.

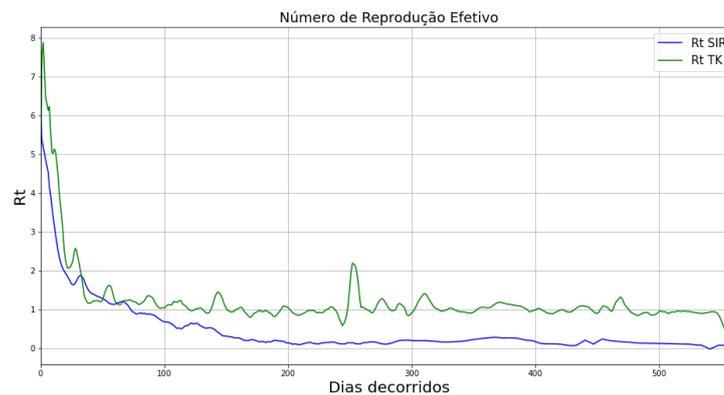


Figura 1: Número de reprodução efetivo $R_t(t)$ obtido pelos modelos SIR e TK.

Após a avaliação da dinâmica do número de reprodução efetivo da COVID-19, conclui-se que o modelo TK apresentou maior variação em comparação com o modelo SIR. Isso ocorre, em partes, devido ao modelo SIR não levar em consideração casos de reinfeção, assumindo que o grupo de suscetíveis sempre decaí, e com isso a transmissão não apresenta grandes variações ao longo do tempo. Portanto, o modelo TK parece ter melhor aderência ao cenário real da pandemia no estado.

Agradecimentos

Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico e a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (#2021/03328-3) pelo suporte concedido.

Referências

- [1] Fabio Amaral et al. “Simulating immunization campaigns and vaccine protection against COVID-19 pandemic in Brazil”. Em: **IEEE Access** 9 (2021), pp. 126011–126022. DOI: 10.1109/ACCESS.2021.3112036.
- [2] Chen Yi-Cheng et al. “A time-dependent SIR model for COVID-19 with undetectable infected persons”. Em: **IEEE Transactions on Network Science and Engineering** 4 (2020), pp. 3279–3294. DOI: 10.1109/TNSE.2020.3024723.
- [3] Toyo Keizai Online Covid-19 Task Team. **Coronavirus disease (COVID-19) situation report in Japan**. Online. Acessado em 15/06/2021, <https://toyokeizai.net/sp/visual/tko/covid19/en.html>.