

Isolamento Social e Distanciamento entre Políticas Públicas e Demandas Sociais

Social Isolation and Distance between Public Policies and Social Demands

Rodrigo Pereira Rocha^{1,†} e Jeferson de Lima Tomazelli^{1,*}

¹Departamento de Física, Centro de Ciências Físicas e Matemáticas, Universidade Federal de Santa Catarina, 88040-900, Florianópolis, SC, Brasil.

[†]e-mail: rodrigo.rocha@ufsc.br

*e-mail: jeferson.tomazelli@ufsc.br

Data: 15 de maio de 2020.

Palavras-chave: COVID-19, Epidemiologia Matemática, Subnotificação, Controle

Keywords: COVID-19, Mathematical Epidemiology, Sub-notification, Control

Resumo

A percepção e compreensão dos fenômenos naturais, sob o escrutínio rigoroso da ciência, promoveram historicamente profundas transformações na sociedade através dos avanços tecnológicos alcançados, com impacto direto na qualidade de vida e rotina individual, especialmente nas três últimas décadas da chamada era digital. A maior eficiência na tomada de dados, aliada à crescente capacidade de armazenamento e velocidade de processamento da informação, permitem que simulações matemáticas, confrontadas com dados empíricos, forneçam hoje previsões cada vez mais fidedignas com respeito ao comportamento de sistemas complexos, cuja organização, em diferentes escalas espaciais e temporais, depende das leis que regem a interação entre seus constituintes; as alterações climáticas e do meio-ambiente, em regiões monitoradas por satélites, e a produção de partículas elementares em colisões de núcleos atômicos, nos experimentos realizados no Large Hadron Collider, são exemplos de fenômenos que podem ser analisados através de simulações visando testar os respectivos modelos teóricos, reproduzindo os padrões observados a fim de prever novos eventos, a partir de um determinado conjunto de dados.

A pandemia da COVID-19 exige intervenções urgentes, além do distanciamento social e mudança de hábitos de população, visando minimizar o impacto devastador de uma doença completamente desconhecida há pouco mais de cinco meses, cujos riscos foram inicialmente subestimados devido à sua baixa letalidade, se comparada a outras doenças de caráter endêmico; porém, à medida que o número de casos crescia rapidamente em todo o mundo, atravessando fronteiras, percebeu-se que a infraestrutura médico-hospitalar necessária à atenção da demanda de pacientes infectados pelo SARS-CoV-2 seria insuficiente, mesmo em países com elevado IDH, cujo sistema de saúde público e privado vinha sendo capaz de atender, até então, a demandas regulares. Compreendeu-se que a taxa de contágio era muito superior ao prognóstico de desocupação de leitos hospitalares¹, sobretudo das unidades de terapia intensiva, e que os casos graves já não se restringem aos grupos de risco, constituídos por pacientes com baixa imunidade ou com outras comorbidades, devido à idade avançada e outras doenças prevalentes.

Neste trabalho, discutimos as limitações do modelo SIR tradicional², utilizado para descrever a evolução do número de indivíduos suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R) ao longo de uma epidemia, e a sensibilidade do ajuste de seus parâmetros aos dados referentes ao número de novos casos registrados da COVID-19. Mostramos que a subnotificação dos primeiros casos, bem como o desconhecimento do número de indivíduos suscetíveis nessa fase inicial da epidemia comprometem os prognósticos do modelo teórico, especialmente útil para estimativas envolvendo o conhecimento prévio do número de reprodução básico da doença. A fim de contornar esse problema e responder a outras questões importantes, construímos um modelo mais geral, o SI_3R_2 estocástico, para descrever a dinâmica de interações sociais durante uma epidemia, em que a exposição, contágio e recuperação, ou óbito, de cada indivíduo de certa população obedecem a regras probabilísticas; sua estrutura modular^{3,4} permite a estratificação

da população de acordo com atributos individuais e coletivos, além de estabelecer relações que regulam o fluxo de indivíduos entre módulos distintos.

Um dos principais problemas no enfrentamento da crise gerada pela disseminação da COVID-19 em nosso país é a desinformação, que compromete a adesão da população às medidas preventivas que devem ser adotadas para a redução do risco de contágio. Atualmente, o maior desafio para esse controle por parte do Estado é a subnotificação de casos, em particular o número insuficiente de testes que permitem identificar os portadores da doença. Através de simulações utilizando o modelo estocástico, essa questão também é abordada na presente exposição, que desnuda a fragilidade das medidas de isolamento social em base aos registros de novos casos. O estudo aqui apresentado visa estreitar o diálogo entre a comunidade científica, o poder público e a sociedade.

Abstract

The perception and understanding of natural phenomena, under the rigorous scrutiny of science, have historically promoted profound transformations in society through the technological advances achieved, with a direct impact on the quality of life and individual routine, especially in the last three decades of the so-called digital era. The greater efficiency in data taking, combined with the increasing storage capacity and speed of information processing, allow that mathematical simulations, confronted with empirical data, to provide nowadays more and more reliable forecasts regarding the behavior of complex systems, whose organization, in different spatial and temporal scales, depends on the laws that govern the interaction between its constituents; climate and environmental changes, in regions monitored by satellites, and the production of elementary particles in collisions of atomic nuclei, in the experiments carried out in the Large Hadron Collider, are examples of phenomena that can be analyzed through simulations to test the respective theoretical models, reproducing the observed patterns in order to predict new events, from a given set of data.

The COVID-19 pandemic requires urgent interventions, in addition to social distancing and habit changing of population, in order to minimize the devastating impact of a disease completely unknown for just over five months, whose risks were initially underestimated due to its low lethality, if compared to other diseases of endemic character; however, as the number of cases grew rapidly across the world, crossing boundaries, it was realized that the healthcare infrastructure necessary to cope with the demand of patients infected with SARS-CoV-2 would be insufficient, even in countries with high HDI, whose public and private health system had been able to attend, until then, regular demands. It was understood that the contagion rate was much higher than the prognosis for hospital bed vacancy¹, especially of intensive care units, and that severe cases are no longer restricted to risk groups, consisting of patients with low immunity or other comorbidities, due to aging and other prevalent diseases.

In this paper, we discuss the limitations of the traditional SIR model², used to describe the evolution of the number of susceptible (S), infected (I) and recovered (R) individuals over the course of an epidemic, and the sensitivity of the adjustment of its parameters to the data referring to the number of new registered cases of COVID-19. We show that the underreporting of the first cases, as well as the lack of knowledge of the number of susceptible individuals in this initial phase of the epidemic, compromise the prognoses of the theoretical model, especially useful for estimates involving prior knowledge of the basic reproduction number of the disease. In order to get around this problem and answer other important questions, we built a more general model, the SI_3R_2 stochastic, to describe the dynamics of social interactions during an epidemic, in which the exposure, contagion and recovery, or death, of each individual of a certain population obeys probabilistic rules; its modular structure^{3,4} allows the population to be stratified according to individual and collective attributes, in addition to establishing relationships that regulate the flow of individuals between different modules.

One of the main problems in facing the crisis generated by the spread of COVID-19 in our country is misinformation, which affects the population's adherence to the preventive measures that must be adopted to reduce the risk of contagion. Currently, the biggest challenge for the State control is the underreporting of cases, in particular the insufficient number of tests that ensures the identification of the disease carriers. Through simulations using

the stochastic model, this issue is also addressed in this presentation, which exposes the fragility of social isolation measures based on the records of new cases. The study presented here aims at strengthening the dialogue between the scientific community, the government and society.

1 Introdução

Os primeiros registros históricos de epidemias remontam à Antiguidade⁵. Narrativas do historiador Tucídides sobre a Guerra do Peloponeso descrevem detalhadamente a chamada Peste de Atenas (428 a.C.), que vitimou o estadista Péricles; a partir de tais relatos e do sequenciamento genético de vestígios encontrados em ossadas desse período, cogitou-se que se tratava de febre tifóide, embora a manifestação endêmica da doença fosse comum na região⁶. A mais devastadora pandemia da história da civilização foi a Peste Negra⁷, causada pela bactéria *Yersinia Pestis*; oriunda da Ásia Central, aportou na região da Criméia em 1343, acompanhando a Rota da Seda, e logo se estendeu a todo o continente europeu a partir da bacia do Mediterrâneo, atingindo seu pico entre 1347 e 1351, reduzindo a população mundial do séc. XIV de 475 milhões de habitantes a cerca de 375 milhões. Persistiu em sua forma endêmica até o segundo surto, no século XVII. Apenas em Londres, de 1665 a 1666, a Grande Praga, como ficou conhecida, fez entre 75.000 e 100.000 vítimas fatais. O jovem cientista Isaac Newton, que se graduara em 1665 no Trinity College da Universidade de Cambridge, buscou refúgio na propriedade rural de sua família e, no ano seguinte, concebeu a teoria da gravitação universal que viria a formular em termos da linguagem matemática por ele elaborada durante esse período de isolamento social. Estima-se que, em toda a Eurásia, o número total de mortes tenha chegado a 200 milhões.

Em 1894 outra pandemia deflagrou-se a partir de Hong-Kong, deixando o rastro de mais de 6 milhões de mortes devido à peste bubônica na Índia⁸, entre 1898 e 1908, rumo à China; desta, migrou para a costa oeste dos Estados Unidos, chegando ao Brasil através do porto de Santos, em 1899, e no Rio de Janeiro, em 1900⁹. Entretanto, a maior pandemia do século passado foi a da Gripe de 1918, causada por uma estirpe do influenzavírus A H1N1, conhecida popularmente como gripe espanhola devido ao assunto ter alcançado destaque nas manchetes dos periódicos da Espanha; de janeiro de 1918 a dezembro de 1920, 500 milhões de pessoas foram infectadas, cerca de um quarto da população mundial nesse período. Estima-se entre 50 e 100 milhões o número de casos fatais, numa época em que ainda não havia antibióticos para o tratamento de infecções secundárias à gripe¹⁰. Sua origem ainda é controversa, embora estudos apontem que o primeiro surto epidêmico tenha ocorrido em campos militares norte-americanos, no final de 1917. No Brasil, ocorreram ao menos 35 mil mortes, incluindo a do então presidente Rodrigues Alves, em 1919. Embora a gripe espanhola tenha sido erradicada, existem atualmente outras estirpes do influenzavírus A H1N1, entre elas a da gripe comum, de natureza endêmica.

Um século após a última pandemia desencadeada por um vírus, apesar dos avanços conquistados em todos os campos do conhecimento, subestimamos esse agente invisível, cujos efeitos evidenciam não apenas a fragilidade de nosso sistema imunológico, mas dos modelos de organização política e social, ou do próprio conceito de prosperidade. A pandemia da COVID-19 exige intervenções urgentes do Estado, além do isolamento ou distanciamento social e mudança de hábitos da população, visando minimizar o impacto devastador de uma doença a respeito da qual pouco se sabia até o início deste ano, cujos riscos foram inicialmente subestimados devido à sua baixa letalidade, se comparada a outras doenças endêmicas; porém, à medida que o número de casos crescia rapidamente em todo o mundo, atravessando fronteiras, percebeu-se que a infraestrutura médico-hospitalar necessária à atenção da demanda de pacientes infectados pelo SARS-CoV-2 seria insuficiente, mesmo em países com elevado IDH, cujo sistema de saúde público e privado vinha sendo capaz de atender, até então, a demandas regulares. Compreendeu-se que a taxa de contágio era muito superior ao prognóstico de desocupação de leitos hospitalares, sobretudo das unidades de terapia intensiva, e que os casos graves já não se restringem aos grupos de risco, constituídos por pacientes com baixa imunidade ou com prejuízos de saúde severos, devido à idade mais avançada e outras comorbidades. Diante desse quadro, as principais lideranças mundiais e agências internacionais, como a Organização Mundial de Saúde (OMS), vêm estreitando o diálogo com a comunidade científica e especialistas de diversas áreas, visando a concepção de estratégias a serem adotadas como políticas de Estado no enfrentamento da crise gerada pela disseminação da COVID-19, agravada nos centros urbanos; em cada continente, país ou região, a evolução da pandemia vem

acompanhada da retração do mercado consumidor interno, decorrente da inibição da oferta de bens e serviços, e implicando a queda da renda familiar, acentuada nos estratos sociais mais pobres e vulneráveis.

No estudo de sistemas biológicos que, devido à sua complexidade, são descritos através de modelos fenomenológicos envolvendo um certo número de parâmetros empíricos, a simulação de diferentes cenários permite identificar os principais fatores que influenciam seu comportamento, como no caso de epidemias, descritas em boa aproximação por modelos compartimentais, ajustando-se tais parâmetros de forma criteriosa¹¹. Na maioria das abordagens, esse ajuste é feito a posteriori, a partir de dados levantados ao longo de toda a evolução da epidemia, desde os primeiros registros de casos até sua extinção, identificando-se características tais como a susceptibilidade dos indivíduos da população aos agentes transmissores, o período característico desde a incubação do patógeno até a remissão dos sintomas e a letalidade da doença, mediante análise dos parâmetros do modelo, desconsiderando, porém, fatores demográficos e o perfil socioeconômico dessa população.

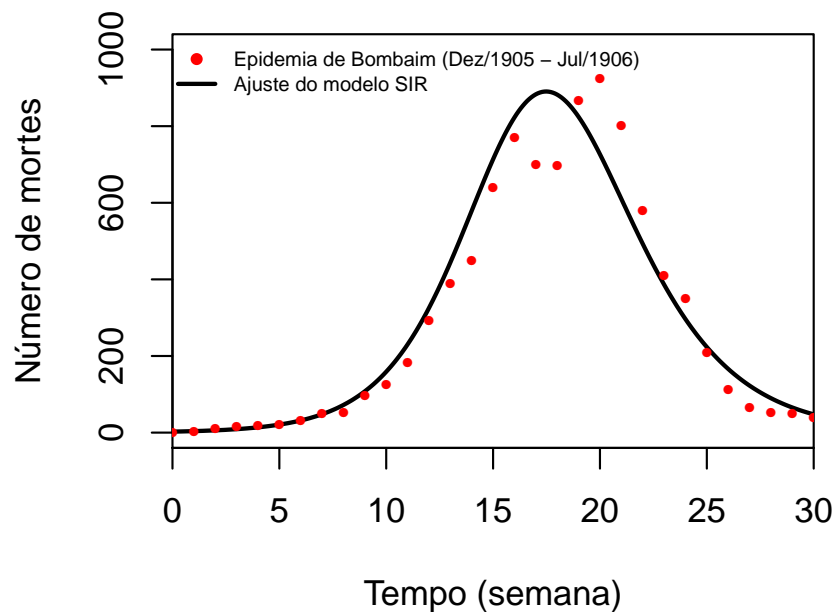


Figura 1. Ajuste do modelo SIR à epidemia de peste bubônica em Bombaim.

A Figura 1 acima ilustra o ajuste numérico dos dados empíricos da peste bubônica na ilha de Bombaim, Índia, entre 1905 e 1906, ao modelo SIR determinístico, proposto por Kermack e McKendrick¹² em 1927. Neste modelo, que constitui a base da maioria dos modelos teóricos atuais em epidemiologia, as equações do sistema dinâmico que governa a evolução do número de indivíduos suscetíveis S , infectados I e recuperados R de uma população total de N habitantes são governadas por um sistema de equações diferenciais não lineares, para as quais não existem soluções analíticas exatas. No início do contágio, I cresce exponencialmente se o chamado número de reprodução básico ρ_0 , caracterizado pelo número médio de infecções secundárias devido à exposição de indivíduos suscetíveis a um indivíduo infectado, durante o período característico de recuperação desses indivíduos, satisfaz a desigualdade $\rho_0 > 1$.

O modelo SIR determinístico fornece informações valiosas. Por exemplo, podemos determinar a fração p da população infectada até a extinção da epidemia diretamente a partir do sistema de equações que a descrevem, se o número S_0 de indivíduos suscetíveis no início da epidemia, da ordem do número total N de habitantes, e ρ_0 forem conhecidos. Para $\rho_0 = 3$, valor próximo ao estimado para o número de reprodução básico da COVID-19 em análises divulgadas pelo Imperial College de Londres¹³, resulta $p \approx 0,94$. Ou seja, 94% da população terá contraído a doença ao final da epidemia. Além disso, essas equações fornecem o valor de S para o qual o número de

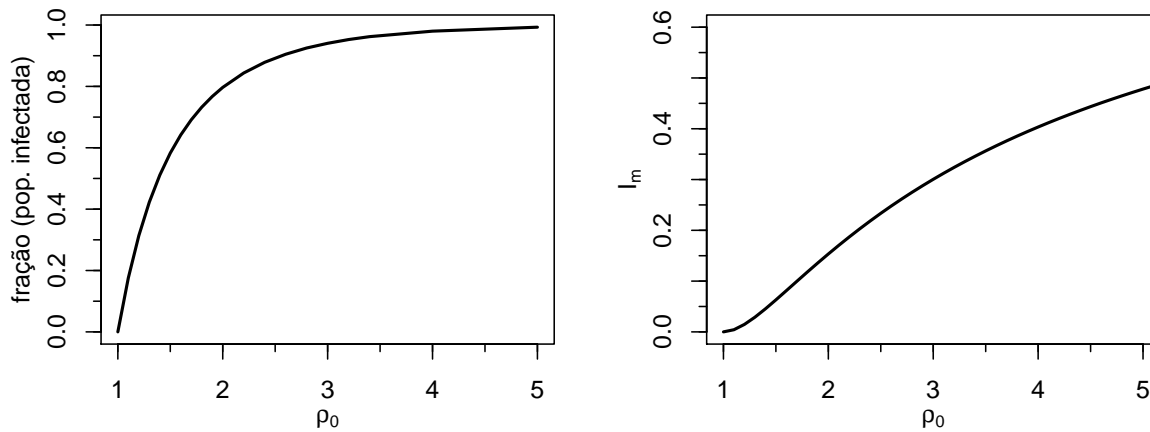


Figura 2. Variação da fração da população infectada e do pico de infecção com respeito ao número de reprodução básico. O aumento de ρ_0 implica o agravamento da epidemia.

infectados é máximo; para $\rho_0 = 3$, a estimativa para o valor de pico do número de infectados é $I_m \approx 0,30N$. Em outras palavras, no auge da epidemia, 30% da população estará (simultaneamente) infectada. A Figura 2 exibe a dependência da fração p (gráfico à esquerda) e do valor de pico I_m em função do número de reprodução ρ_0 (gráfico à direita). Medidas de controle da epidemia visam reduzir o número de reprodução básico a um valor próximo da unidade, suprimindo fortemente esse pico a fim de evitar a sobrecarga do sistema de atendimento médico-hospitalar.

2 Limitações das Previsões do modelo SIR determinístico

Há um esforço notável da comunidade científica nacional e internacional para fornecer um quadro teórico rigoroso capaz de prever, com margem de erro aceitável, a evolução da pandemia em diferentes escalas espaciais e temporais. O modelo SIR, e seus variantes, desempenham papel de destaque nas diferentes abordagens adotadas por grupos de pesquisa ao redor do mundo, a despeito de uma série de fatores que condicionam o poder preditivo destas previsões, como descrito a seguir.

O primeiro aspecto diz respeito às próprias hipóteses que validam o modelo SIR. No caso do Brasil, em especial, duas delas são violadas, a saber:

1. **Número grande de indivíduos.** Esta hipótese visa ignorar efeitos aleatórios devido a fatores demográficos, como a variação da densidade populacional, e características individuais da população, como idade, sexo, renda familiar, etc.
2. **Homogeneidade da população.** Considera-se que a distribuição espacial de indivíduos infectados, suscetíveis e recuperados é distribuída homogeneamente no espaço. Essa hipótese, subjacente à chamada lei de ação das massas (segundo a qual a taxa de contágio é proporcional ao produto $S \cdot I$), é especialmente inadequada para modelar a transmissão da COVID-19 no contexto brasileiro, marcado por desigualdades sociais e grande concentração de renda. Desse modo, a densidade demográfica de centros urbanos varia consideravelmente de acordo com a estratificação social da população.

Além disso, a grande dificuldade para se descrever a evolução temporal de qualquer epidemia reside no desconhecimento das chamadas condições iniciais que influenciam a estimativa da taxa de reprodução básica¹⁴. Como as equações do modelo SIR determinístico, descrito por um sistema de equações envolvendo as taxas de variação do número de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados, dependem do número inicial de indivíduos suscetíveis S_0 e de infectados I_0 , a confiabilidade dos prognósticos para o instante de pico e extinção da epidemia fica comprometida, uma vez que S_0 e I_0 dependem, respectivamente, do perfil populacional mencionado acima e do registro dos primeiros casos da doença, geralmente defasado e impreciso¹⁵.

Se considerarmos os dados referentes ao número de novos casos registrados no estado de Santa Catarina, podemos estimar o número de reprodução básico ρ_0 da COVID-19 (geralmente denotado na literatura por R_0), bem como os parâmetros que determinam a evolução do número de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados ao longo de toda a história da epidemia no estado. A Figura 3 exibe os dados cumulativos e as curvas características de evolução da doença. A partir do ajuste desses dados (gráficos à esquerda) ao modelo teórico, na fase de crescimento mais acentuado da taxa de novos casos, obtemos as curvas de epidemia (gráficos à direita) para diferentes valores de S_0 e fixando $I_0 = 107$ e $\rho_0 = 2,76$, a título de exemplo. Neste caso, utilizamos o valor de 28 dias para o tempo médio de recuperação dos indivíduos infectados, estimado pelo mesmo ajuste que determinou esse valor de ρ_0 . Este valor é compatível com recentes estudos¹⁶. Salientamos que essas curvas não possuem caráter preditivo, sem o tratamento prévio dos dados empíricos, para se determinar a margem de erro da estimativa através de métodos estatísticos complementares. Por exemplo, o ajuste de dados para valores pequenos do número I_0 , de indivíduos infectados no início da epidemia, deve ser *corrigido por um fator exponencial*, devido ao atraso na notificação dos primeiros casos. Até 12 de março apenas dois casos da COVID-19 haviam sido confirmados em Santa Catarina, de indivíduos que haviam regressado do exterior. Porém, a doença só foi diagnosticada semanas depois, após manifestarem os sintomas da doença; durante o período de incubação, estimado em torno de 5 dias, ambos se tornaram potenciais transmissores. Acrescenta-se a esse período o atraso acumulado desde a manifestação dos primeiros sintomas até o registro oficial desses casos no estado. Após as primeiras vítimas fatais no país, o atraso médio total foi estimado em cerca de 10 dias, a partir da taxa de letalidade da COVID-19 e do intervalo entre as datas de internação de pacientes em estado grave e as de registros de óbitos¹⁷. A correção no ajuste para $I_0 = 2$ e $I_0 = 10$ leva a valores mais acentuados para o número de reprodução básico ($\rho_0 = 1,19$ e $\rho_0 = 2,18$, respectivamente), que tendem à estimativa feita tomando-se $I_0 = 107$. Assim, não basta observar essas curvas para concluirmos, por exemplo, que o pico do número de infectados ocorrerá em outubro deste ano, ou que a epidemia se extinguirá em fevereiro de 2021, em Santa Catarina; os parâmetros do modelo teórico também variam à medida que a doença avança, devido a fatores extrínsecos, como intervenções do Estado e tensões sociais geradas pela crise econômica. Entretanto, examinando os dados levantados, é possível notar a mudança da tendência de avanço da doença em dois momentos distintos, próximos a 09 e 29 de abril, respectivamente, que podem ser correlacionados com os fatores mencionados anteriormente. Em suma, o comportamento de sistemas populacionais, ou do mercado financeiro, não é regido pelas mesmas leis que se aplicam a sistemas físicos; dependendo de sua natureza e complexidade, não é possível investigar nem mesmo os últimos sem recorrer à teoria de probabilidades. Por mais que os modelos matemáticos se aproximem da realidade, seu caráter preditivo depende da confiabilidade dos dados empíricos.

Tendo em vista essas limitações, propomos um modelo estocástico - do tipo SIR - para estudar o efeito de diferentes fatores demográficos e de origem aleatória na evolução da pandemia, em que as equações diferenciais que descrevem as taxas de evolução emergem na chamada aproximação de campo médio.

3 O Modelo SI_3R_2 Estocástico

A construção de um modelo para descrever o mundo que observamos, em diferentes escalas, é uma tarefa bastante complexa. Mas como esses modelos são construídos? Não existe uma resposta definitiva a essa pergunta, justamente porque não existem receitas prontas para a elaboração de modelos a partir de primeiros princípios, como na física. Sabemos que esta tarefa exige muita reflexão a respeito dos sistemas de interesse, criatividade e conhecimento profundo das leis subjacentes aos fenômenos. A seguir, ponderaremos sobre os processos de transmissão e contaminação que ampararam a elaboração do modelo estocástico proposto¹⁸ no sentido de contribuir e aprofundar o debate sobre a pandemia do COVID-19.

O processo de elaboração inicia-se com a formulação de perguntas pertinentes. No presente estudo, a motivação está ancorada em duas questões centrais, relacionadas entre si, a saber: (i) Qual o efeito da subnotificação na proposição de políticas públicas para contenção e controle da epidemia? Em outras palavras, como é possível estabelecer (ou, quais são os critérios adotados para justificar) regras de flexibilização da quarentena, como as adotadas pelo Estado de Santa Catarina, diante de um quadro de subnotificação da epidemia? (ii) Qual o efeito da flexibilização da quarentena para a evolução da epidemia ao ignorarmos a grande imprecisão nos dados referentes ao

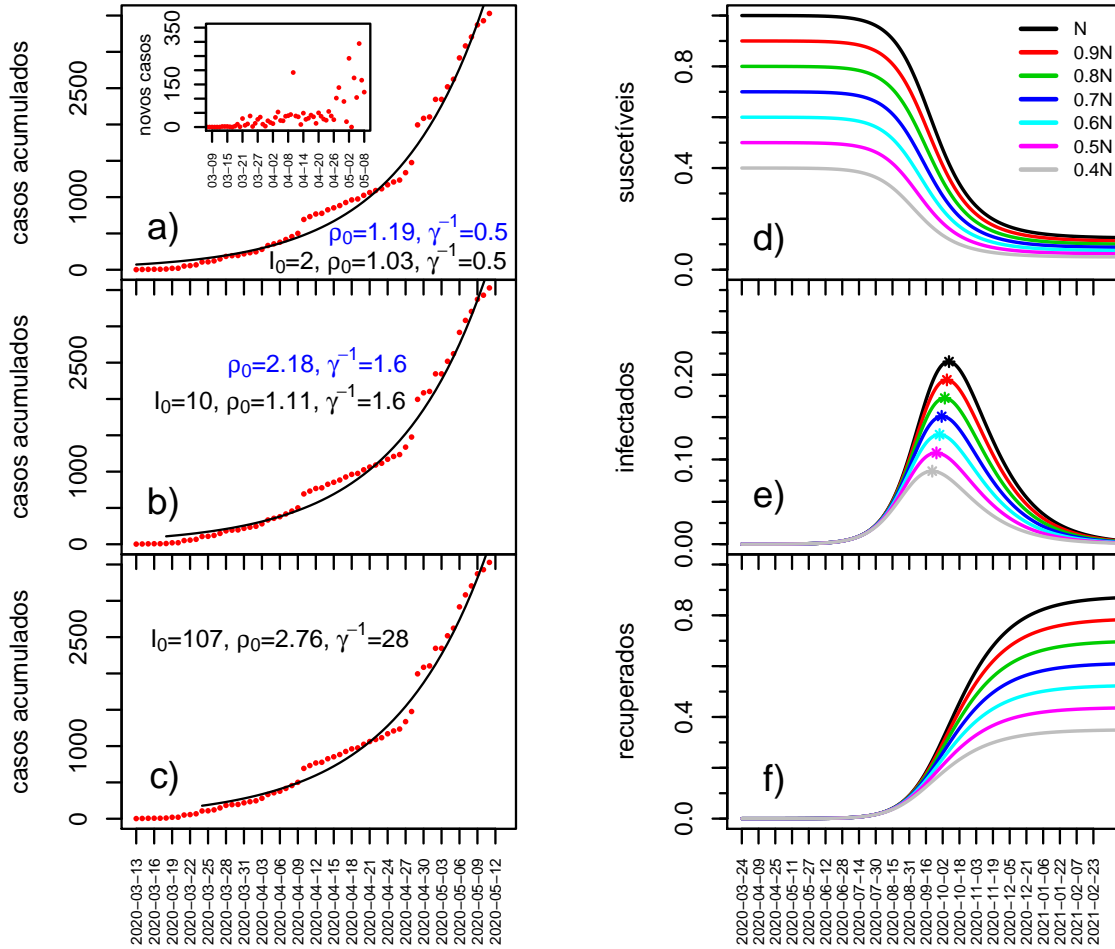


Figura 3. Curvas epidêmicas da COVID-19 no Estado de Santa Catarina, sem estimaco prvia do intervalo de confiana estatstica. Painis (a)-(c): curvas pretas ilustram o ajuste do modelo SIR ao nmero de casos acumulados (pontos vermelhos) em funo do parmetro livre I_0 , que descreve o nmero de infectados no incio da epidemia. Diferentes condies iniciais (descritas por I_0) produzem estimativas distintas de ρ_0 , sem correo (em preto) e com correo (em azul) devido ao atraso na notificao dos casos. A ttulo de exemplo, o grfico interior ao painel (a) mostra o nmero de novos casos (e no os casos acumulados). Observe a disperso irregular dos dados, com pontos que no acompanham a tendncia exponencial, revelando erros e/ou atrasos de notificao. Painis (d)-(f): curvas epidêmicas do modelo SIR a partir dos parmetros ajustados no painel (c). Cada curva indica uma condio inicial com diferentes valores de S_0 (nmero de indivduos suscetveis no incio da epidemia), em termos de fraes da populao total (N) de Santa Catarina. A reduo do nmero de suscetveis  alcanada a partir do isolamento social e reduo do trnsito de indivduos para regies interioranas do Estado, entre outros fatores. Para $\rho_0 = 2,76$, aproximadamente 87% da populao suscetvel (S_0) ser infectada ao final da epidemia. Portanto, se $S_0 \sim N$ teramos um quadro bastante grave, que levaria  saturao do sistema pblico de sade. Por outro lado, a ocorrncia do pico de infeco depende fracamente do nmero de suscetveis. No painel (e) notamos uma diferena inferior a 20 dias para a ocorrncia do pico de infeco para os casos com $S_0 = N$ e $S_0 = 0.4N$.

nmero de casos confirmados da COVID-19?

O prximo passo  reconhecer os diferentes mecanismos responsveis pelos padres observados empiricamente. Na prtica, desejamos incluir apenas mecanismos imprescindveis, pois existe um compromisso delicado entre a quantidade desses mecanismos e a complexidade do modelo. A seguir, descreveremos sucintamente os processos

relevantes para a transmissão da COVID-19.

- **Distanciamento social.** Evita o contato físico direto (aperto de mãos, por exemplo) ou indireto (transmissão pelas vias respiratórias, devido ao *spray* de gotículas de saliva com carga viral, expelidas através da boca e nariz);
- **Isolamento social (quarentena).** Reduz o número de contatos físicos diretos ou indiretos entre indivíduos suscetíveis e indivíduos infectados.
- **Indivíduo × Coletivo.** Ações individuais e coletivas que promovam o distanciamento e o isolamento social da população são benéficas para a contenção da epidemia (campanhas de doação de alimentos, distribuição de máscaras e produtos de higiene, entre outras). Por outro lado, comportamentos, coletivos e individuais, que contrariam orientações preventivas podem ser extremamente prejudiciais ao bem-estar da população (como, por exemplo, aglomerações em cultos religiosos, passeatas e celebrações públicas).
- **Fatores demográficos, socioeconômicos e culturais.** Em todo o mundo, a população está distribuída de forma irregular. Dados da Pesquisa Nacional por Amostra de Domicílios (2015) do IBGE apontam que 84,7% da população brasileira vive em centros urbanos; de acordo com o próprio IBGE, o número de indivíduos em submoradias ultrapassa 6% de nossa população. Além disso, 48% de toda a população não tem acesso à rede de coleta de esgoto, problema ainda mais acentuado no Estado de Santa Catarina. Esses fatores, aliados à baixa escolaridade da população brasileira, comprometem a eficiência de ações de prevenção e controle de doenças infectocontagiosas, como a COVID-19.

Inspirados nas ideias acima, propomos o modelo estocástico SI_3R_2 . As letras do modelo representam os possíveis estados que os indivíduos da população podem ocupar, sendo um estado do tipo suscetível, três estados do tipo infectado e dois estados do tipo removido. Ou seja, em um dado instante, cada indivíduo da população pode ocupar um único estado: S suscetível, I infectado assintomático circulante, Q infectado em quarentena, H infectado no hospital, R recuperado da doença e D óbito.

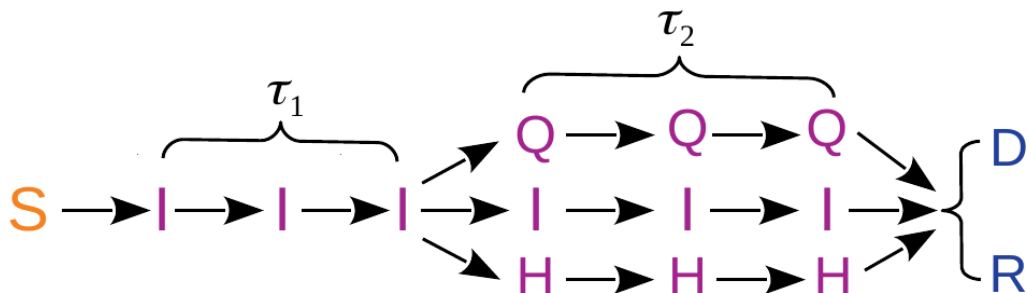


Figura 4. Ilustração esquemática dos estados (ou compartimentos) do modelo SI_3R_2 . As setas indicam transições entre estados e a sequência das letras representam os possíveis desdobramentos da evolução da doença. Uma vez infectado ($S \rightarrow I$), o indivíduo permanece no estado infectado assintomático circulante ($I \rightarrow I$) durante um certo intervalo de tempo τ_1 , correspondente ao tempo de incubação da doença. A seguir, sua condição clínica pode evoluir para três quadros: i) o indivíduo permanece no estado infectado assintomático circulante ($I \rightarrow I$); ii) ao manifestar os sintomas, o indivíduo entra em quarentena doméstica ($I \rightarrow Q$); (iii) o estado do paciente se agrava, exigindo cuidados hospitalares ($I \rightarrow H$). O tempo de tratamento (ou de remissão) da doença é τ_2 . A partir disso, o paciente pode se recuperar da doença (R) ou ir a óbito (D).

O sistema é essencialmente composto por dois *reservatórios*, um deles chamado de ambiente de contaminação (\mathcal{C}) e o outro de ambiente doméstico (\mathcal{D}). O reservatório de contaminação representa, por exemplo, ambientes nos

quais o número de contatos físicos é variável e aleatório, como no interior de estabelecimentos comerciais e em passeios públicos. O reservatório doméstico, por sua vez, representa um ambiente mais controlado, com interações sociais pré-estabelecidas e frequentes, como, por exemplo, relações familiares, financeiras e afetivas. Do ponto de vista matemático, o reservatório doméstico é descrito como uma rede, onde os *vértices* representam indivíduos e as *arestas* representam interações sociais entre pares de indivíduos. Na Figura 5, ilustramos os ambientes \mathcal{C} e \mathcal{D} , assim como a dinâmica de contaminação.

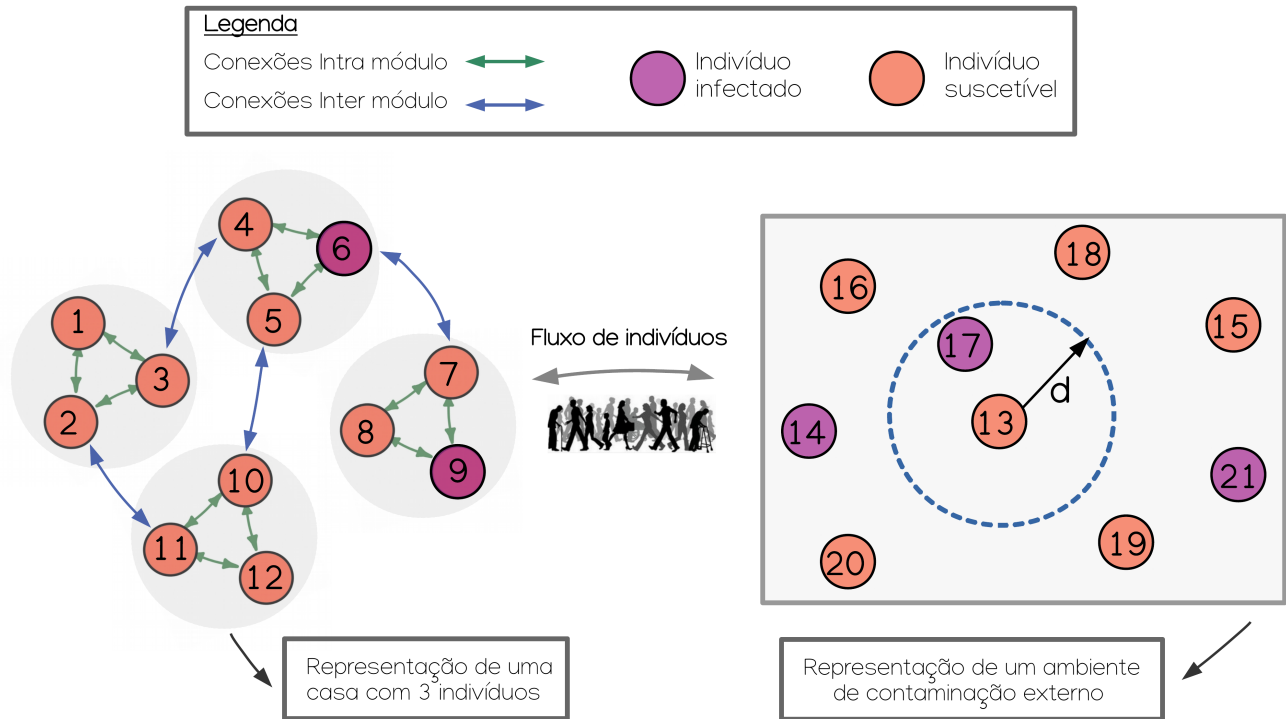


Figura 5. Ilustração esquemática da dinâmica de contaminação do modelo SI_3R_2 . Indivíduos da população podem transitar entre dois ambientes distintos. O primeiro, um ambiente externo com interações casuais e não controladas (\mathcal{C}). O segundo, de origem domiciliar, com relações pré-estabelecidas e frequentes (\mathcal{D}). Dentro do ambiente \mathcal{C} , um indivíduo suscetível pode contrair a doença, com probabilidade β_1 , caso indivíduos infectados transitem dentro do seu raio de contaminação, delimitando assim uma região (área circular em azul) a partir da qual a doença pode ser transmitida via contato físico direto ou indireto. Dentro do ambiente doméstico \mathcal{D} , a noção espacial de proximidade física é substituída pela noção de relações afetivas (ou conexões), de origem familiar, financeira, etc. Estas relações são adequadamente descritas por uma rede de interações sociais. Na ilustração esquemática à esquerda, os domicílios são formados por três integrantes, todos eles interagindo entre si (setas verdes). Eventualmente, indivíduos de domicílios distintos podem interagir entre si (setas azuis). Indivíduos suscetíveis podem contrair a doença, com probabilidade β_2 , caso tenham conexões com indivíduos infectados. Como exemplo concreto, o indivíduo #7 pode ser infectado simultaneamente tanto pelo indivíduo #6 quanto pelo indivíduo #9; já o indivíduo #13 pode ser infectado apenas pelo indivíduo #17. A cada intervalo de tempo se estabelece o trânsito de indivíduos, com o correspondente ingresso nos respectivos ambientes (ou retorno aos mesmos).

A cada instante de tempo, indivíduos podem ingressar no reservatório de contaminação com probabilidade W_{in} ou sair dele, com probabilidade W_{out} . Indivíduos entram no reservatório de contaminação em uma posição aleatória. Quando deixam o reservatório, retornam aos respectivos ambientes domésticos; nesta etapa do modelo, estamos levando em consideração o fluxo de indivíduos entre os dois ambientes. Os riscos que os indivíduos assumem ao entrarem no reservatório de contaminação são atribuídos a um compromisso entre a geração e fluxo de riquezas (através de atividades de produção ou transações comerciais, como a compra de alimentos, remédios e produtos de

higiene, entre outros, além da oferta de serviços essenciais) e suas reservas energéticas (determinadas, especialmente, pelo orçamento familiar). Em outras palavras, subjacentes ao risco de contaminação estão as necessidades vitais e de subsistência. A dinâmica de transmissão e contágio é o alicerce do modelo epidemiológico. Devido ao caráter técnico, a formulação matemática de tais processos não é apresentada neste artigo; ao invés disso, faremos uma breve síntese da dinâmica do sistema, que servirá ao propósito de fornecer subsídios para a interpretação dos resultados descritos na próxima seção.

A evolução temporal de cada indivíduo da população é governada pelas probabilidades de transição entre pares de estados (vide Figura 4). Em outras palavras, estas probabilidades informam as chances de determinadas transições ocorrerem caso certas condições sejam satisfeitas. Vejamos pontualmente cada processo:

1. Dentro do ambiente \mathcal{C} , a contaminação de um indivíduo suscetível ($S \rightarrow I$) ocorre com probabilidade β_1 caso um indivíduo infectado esteja situado no interior da região definida pelo seu raio de contaminação (r_c), caso contrário, o indivíduo permanece suscetível ($S \rightarrow S$). Para exemplificar este processo, considere o ambiente \mathcal{C} da Figura 5, que ilustra um indivíduo no estado S e outro no estado I , ambos circundados por uma região circular de raio r_c (linha pontilhada azul). Os demais indivíduos infectados que estão fora dessa região circular não podem transmitir a doença para o indivíduo em questão. Afinal, o indivíduo irá se infectar ou não? Considere que a probabilidade de contágio seja $\beta_1 = 1/2$. Neste caso, a chance de infecção corresponde a 50%, o que equivale a sortear coroa no lançamento de uma moeda. Se o parâmetro β_1 aumentar, digamos para $\beta_1 = 0.9$, a chance de infecção cresce a 90%, como no caso de uma moeda viciada. A lição que tiramos desse exemplo é que β_1 pode ser reduzido se regras de conduta, amplamente difundidas pela OMS e adotadas pelo Ministério da Saúde, forem obedecidas. Fatores que diminuam β_1 são o uso de máscaras, higienização frequente das mãos e de superfícies de contato recorrente, evitar aperto de mãos e abraços, entre outros.
2. No ambiente \mathcal{D} , um indivíduo suscetível pode contrair a doença com probabilidade β_2 caso tenha conexão com um infectado naquele instante de tempo. O parâmetro β_2 possui a mesma interpretação física do parâmetro β_1 descrito anteriormente.
3. Uma vez infectado, o indivíduo assim permanece, $I \rightarrow I$, durante o período de incubação da doença τ_1 . No estado I , o indivíduo é assintomático (não apresenta sintomas), mas pode transmitir a doença. Além disso, ele não altera seu comportamento de mobilidade e isolamento social, seguindo a dinâmica normalmente, ou seja, pode ingressar ou sair do reservatório de contaminação.
4. A partir de τ_1 esse indivíduo pode (i) permanecer no estado infectado assintomático circulante ($I \rightarrow I$), com probabilidade δ_I ; (ii) ser promovido ao estado de quarentena ($I \rightarrow Q$), com probabilidade δ_Q ; (iii) ser promovido ao estado hospital ($I \rightarrow H$), com probabilidade $\delta_H = 1 - \delta_I - \delta_Q$. O período de remissão/tratamento da doença é τ_2 . Indivíduos Q e H não podem ingressar no ambiente \mathcal{C} , devendo cumprir o período de quarentena (convalescência) em casa (hospital). Estudos devem ser feitos para se estimar os valores de δ_I , δ_Q e δ_H em base a dados empíricos.
5. Ao final do período τ_2 , o indivíduo pode se recuperar ($I \rightarrow R$, $Q \rightarrow R$ e $H \rightarrow R$), com probabilidade γ_R , ou falecer, com probabilidade $\gamma_D = 1 - \gamma_R$. Se o indivíduo permanecer em quarentena doméstica, pode contaminar seus familiares com probabilidade β_2 , enquanto que no estado H o indivíduo se encontra em isolamento total, e não pode, por hipótese, transmitir a doença nesse ambiente controlado. No estado R o indivíduo adquire anticorpos e não se contamina novamente; no entanto, ele pode entrar e sair do reservatório de contaminação.

4 Previsões do modelo SI₃R₂

Autoridades públicas em todo o mundo têm buscado nortear suas ações de combate ao COVID-19 exclusivamente com base em estudos científicos que, por sua vez, sugerem diretrizes a partir de análises matemáticas rigorosas, análogas às apresentadas neste artigo. A precisão destas projeções, no entanto, é altamente sensível à qualidade

Tabela 1. Descrição dos parâmetros do modelo SI_3R_2 .

Parâmetro	Intervalo	Interpretação
W_{in}	$[0, 1]$	taxa de ingresso ao reservatório \mathcal{C}
W_{out}	$[0, 1]$	taxa de ingresso ao reservatório \mathcal{D}
r_c	$[0, \infty)$	raio de contaminação
β_1	$[0, 1]$	probabilidade de infecção por contato (por intervalo de tempo) dentro de \mathcal{C}
β_2	$[0, 1]$	probabilidade de infecção por conexão (por intervalo de tempo) dentro de \mathcal{D}
τ_1	$(0, \infty)$	tempo de incubação da doença
τ_2	$(0, \infty)$	tempo de remissão/tratamento da doença
δ_I	$[0, 1]$	probabilidade de promoção ao estado I (por intervalo de tempo)
δ_Q	$[0, 1]$	probabilidade de promoção ao estado Q (por intervalo de tempo)
δ_H	$[0, 1]$	probabilidade de promoção ao estado H (por intervalo de tempo)
γ_R	$[0, 1]$	probabilidade de recuperação (por intervalo de tempo)
γ_D	$[0, 1]$	probabilidade de óbito (por intervalo de tempo)

dos dados que alimentam os modelos matemáticos utilizados. Não há espaço para especulações em ciência; quanto mais os dados se aproximam da realidade, mais fidedignas serão as projeções matemáticas. Cabe ao poder público mobilizar a sociedade e instrumentalizar as instituições responsáveis pelo enfrentamento da crise socioeconômica gerada pela pandemia da COVID-19 e um dos indicadores que refletem a negligência por parte do Estado com respeito ao controle da doença é a subnotificação de casos. De acordo com matéria publicada pela BBC News Brasil¹⁹, a proporção de testes por cada 1 mil habitantes no Brasil é de 0,63, inferior a de muitos países latino-americanos, como Cuba (2,65), Chile (6,43), Paraguai (0,83), Peru (4,44), Argentina (0,76) e Equador (1,15). Ainda de acordo com a matéria, o Brasil figuraria no ranking internacional na 60ª posição entre 75 países que realizaram testes para COVID-19 até 20 de abril. Ao mesmo tempo, ações de flexibilização da quarentena, adotadas em diferentes Estados, como as de Santa Catarina, além da descontinuidade de políticas de saúde pública, como o recente episódio da troca da equipe do Ministério da Saúde, e o negacionismo da Presidência não condizem com a gravidade da situação.

A seguir, apresentamos algumas *previsões* do modelo estocástico SI_3R_2 acerca da *subnotificação* e das *estratégias de controle* da epidemia. É importante salientar que os parâmetros do modelo não foram previamente calibrados com dados empíricos da COVID-19 para efetuarmos *projeções* sobre a evolução da epidemia, como estudos voltados a esta finalidade. As estimativas que apresentamos na seção 3 revelam que isso é viável, mediante análises estatísticas complementares, e não simples ajustes aos dados empíricos. Porém, nosso objetivo central é demonstrar o efeito da subnotificação de casos, que compromete prognósticos de cenários que sirvam de subsídio a tomada de decisões.

4.1 O problema da subnotificação

A notificação é o primeiro passo rumo a ações preventivas de mitigação e supressão da epidemia. De fato, autoridades públicas contam com uma série de indicadores que buscam refletir o presente estágio da epidemia, como os números de novos casos e óbitos registrados, a ocupação de leitos hospitalares disponíveis e o tempo médio de recuperação da doença, entre outros. Todos esses sinalizadores estão sujeitos a diferentes graus de subnotificação. A falta de testes disponíveis para o diagnóstico da doença, omissões e atrasos na notificação de novos casos, erros no processamento da informação e carência de recursos técnicos são os fatores que mais comprometem a confiabilidade dos dados disponíveis.

Dentre os indicadores descritos acima, o número de novos casos, num dado instante, é aquele que vem sendo amplamente adotado como o termômetro da epidemia. Ocorre que a leitura desse instrumento vai depender de sua aferição em base ao número real de novos casos, e não ao de casos registrados. Para quantificar esse efeito, simulamos o modelo estocástico levando em consideração uma taxa de testagem t . Em outras palavras, t mede a *capacidade efetiva* de testagem da população, em cada instante. Deste modo, $t = 0\%$ significa que nenhum caso

de COVID-19 é testado, isto é, a doença é completamente ignorada por falsos indicadores de controle, enquanto a população se contamina e a maioria dos indivíduos adoecem, muitos indo a óbito, desconhecendo a verdadeira causa.

Em contrapartida, $t = 100\%$ corresponde à situação ideal em que toda a população é testada para COVID-19 a cada unidade de tempo τ_0 (por exemplo, $\tau_0 = 24$ horas), ou seja, quando temos completo conhecimento do número de novos casos (estamos supondo que os testes possuem margem de erro desprezível, e não produzem falsos positivos ou falsos negativos). A Figura 6 mostra as previsões do modelo levando em conta o efeito de t sobre o registro do número de novos casos. Depreende-se da figura que a subnotificação dos casos tem um efeito dramático na percepção do avanço da COVID-19, por diversos fatores. Primeiro, dependendo da taxa de testagem t , a altura do pico é subestimada com relação ao valor real, representada pela curva preta, $t = 100\%$. Segundo, o intervalo de tempo para a ocorrência do pico de infecção é defasado por um fator que depende de t ; quanto maior t , menor a defasagem. Ademais, para $t = 1\%$, por exemplo, o pico acentuado é substituído por um *plateau*, sugerindo um falso controle da epidemia. Terceiro, para valores elevados de subnotificação, $t \sim 1\%$ (cenário ao qual o Brasil está mais propenso), apenas uma pequena fração da população será diagnosticada com a doença até o final da epidemia (para $t = 2,5\%$ apenas 63% dos casos serão efetivamente contabilizados. Para $t = 1\%$ essa fração diminui ainda mais, passando a 32%).

Podemos destacar alguns efeitos secundários da subnotificação: (i) a projeção de cenários a partir da calibração de modelos matemáticos com dados subnotificados, como a curva rosa na Figura 6, fica comprometida; (ii) a atenuação do pico aliada à sua defasagem no tempo, transmitem a falsa impressão de que o sistema público de saúde irá suprir demanda de internação por COVID-19; (iii) do ponto de vista coletivo, ela falseia a percepção da sociedade com relação à gravidade do problema, induzindo comportamentos na contramão das orientações de isolamento e distanciamento social da OMS. Mesmo que os meios de comunicação prestem o serviço de informar a população sobre a subnotificação dos casos, o caráter técnico da argumentação dificulta a percepção das consequências da inobservância dessas regras de conduta.

4.2 O desafio do controle da pandemia

O debate sobre estratégias de controle da pandemia deve ser urgentemente aprofundado na sociedade brasileira. Ações de mitigação e supressão são mais eficazes se adotadas no início, antes da explosão do número de casos. O isolamento social e a testagem em massa, como discutiremos, são medidas eficazes no controle da epidemia, pois interrompem a rota de propagação da doença a partir da redução de contatos físicos diretos ou indiretos.

A fim de impor uma restrição mais severa na mobilidade da população, o assim chamado *lockdown* ou confinamento, o Estado precisa ponderar uma série de fatores econômicos e sociais que competem entre si. Estratégias de controle recaem num ramo da matemática conhecido como problema de otimização. O objetivo central é fornecer um critério rigoroso para as tomadas de decisão com relação ao início, duração e interrupção de intervenções, baseadas estritamente na otimização de uma função de custo total da epidemia. Essa função custo corresponde ao compromisso entre fatores econômicos, que visam flexibilizar o isolamento de modo a aumentar o contato social/econômico entre indivíduos, e fatores sociais que, por sua vez, visam reduzir a exposição e número total de infectados, a partir do distanciamento e confinamento social^{20–22}.

Para ilustrar o problema, vamos simular uma estratégia de controle usando como indicador do número de novos casos. Neste exemplo, o Estado pode intervir na mobilidade da população sempre que o número de novos casos ultrapasse um limiar preestabelecido; fixamos esse valor arbitrariamente como sendo 2% da população. O controle funciona do seguinte modo: caso o número de novos casos ultrapasse 2% da população, todos os indivíduos da população são obrigados a diminuir sua mobilidade, de forma que o ingresso no ambiente externo \mathcal{C} ocorre com menor frequência. Por outro lado, se o número de novos casos for menor que 2% da população, então a população pode ingressar no ambiente externo com maior frequência. Simulamos assim um isolamento social dinâmico; ora a mobilidade aumenta, ora diminui (ver último gráfico na Figura 7).

O próximo passo é analisar quais condições favorecem esse tipo de controle, e quando este pode se tornar desastroso. O ponto central é que o controle depende do número de novos casos e este indicador, por sua vez, está sujeito à subnotificação.

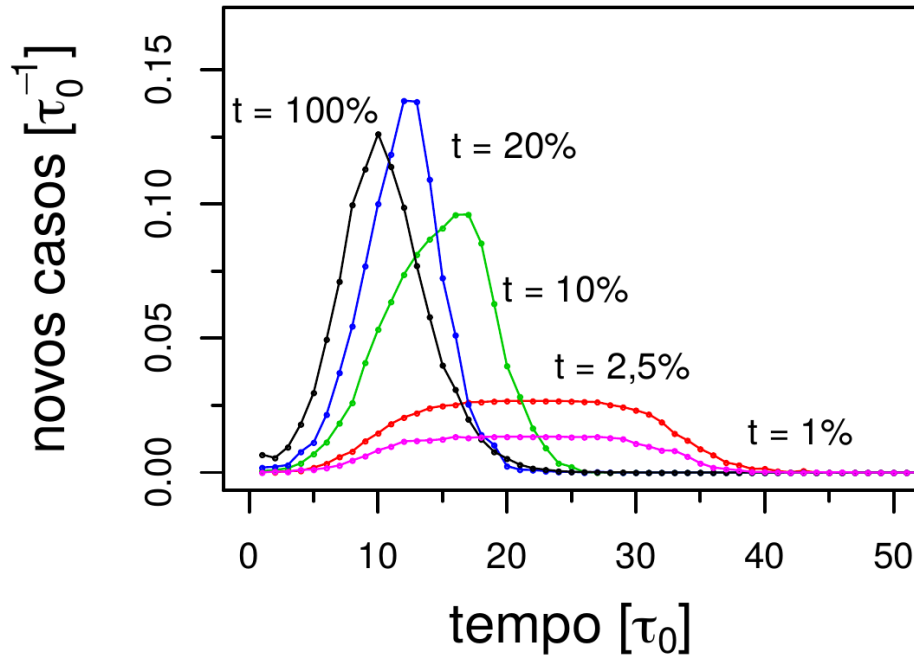


Figura 6. Simulação do modelo SI_3R_2 ilustrando o efeito da taxa de testagem (t) do número de novos casos por unidade de tempo τ_0 . A curva preta ($t = 100\%$) indica o cenário no qual toda população é testada e, portanto, todos os novos casos são registrados a cada τ_0 unidades de tempo. No outro extremo, a curva rosa indica que apenas 1% da população é testada a cada unidade de tempo. A unidade de tempo é arbitrária e, portanto, τ_0 pode representar horas, dias ou períodos mais longos. Observe a atenuação aparente da curva ao passar da condição de controle ideal (curva preta, $t = 100\%$) à condição de ausência de informação a respeito do número de novos casos (curva rosa, $t = 1\%$), mascarando o verdadeiro número de casos.

Os resultados da simulação estão ilustrados na Figura 7 (painel superior), em que podemos observar o número de infectados, o número de hospitalizados, o número real de novos casos e a taxa de ingresso, em função do tempo. As cores das curvas indicam diferentes níveis de subnotificação, variando entre dois extremos, da curva preta (nenhum caso é notificado) à curva azul (todos os casos são notificados). Analisemos a curva preta. Neste caso, o Estado não tem acesso aos casos da COVID-19 e, portanto, não intervém na mobilidade dos indivíduos, ou seja, a taxa de ingresso no ambiente externo permanece constante (ver últimos gráficos à direita). Notamos que esse é o pior cenário possível. O pico de indivíduos infectados chega a 90% da população, ao passo que o número de hospitalizados atinge 20%. Ao final da epidemia, 100% da população contrai a COVID-19.

Examinemos em seguida a curva vermelha, que corresponde a um cenário de controle dificilmente alcançado pelos governos estaduais, na atual conjuntura. Neste caso, a cada unidade de tempo, 10% da população é testada para a COVID-19. Notamos uma ligeira melhora nos números de infectados e hospitalizados, e a fração da população infectada cai a 95%, cenário em que a taxa média de ingresso diminui acentuadamente no início da epidemia. O grau de isolamento atinge um valor máximo (por volta de $20\tau_0$) e, logo em seguida, tem início a flexibilização, levando a um aumento na taxa de ingresso. Finalmente, consideremos a curva azul, correspondente ao cenário ideal, no qual todos os casos são testados e notificados. Para populações muito grandes, esta meta dificilmente seria alcançada. Nota-se um *achatamento* das curvas epidêmicas. A fração de infectados ao final da epidemia decresce a 77%; a altura do pico também diminui (40% da população) e a ocorrência do pico é postergada por um fator próximo a 2. A mobilidade dos indivíduos, no pico de infecção, não diminui tão acentuadamente quanto nos casos anteriores.

Para encerrar o tema do controle, investiguemos o efeito das interações sociais na propagação da COVID-19. No modelo SI_3R_2 as interações sociais são descritas por uma rede complexa, cujos *vértices* representam indivíduos e as *arestas* interações sociais. Em condições reais, a rede de interações sociais é dinâmica, com novas interações

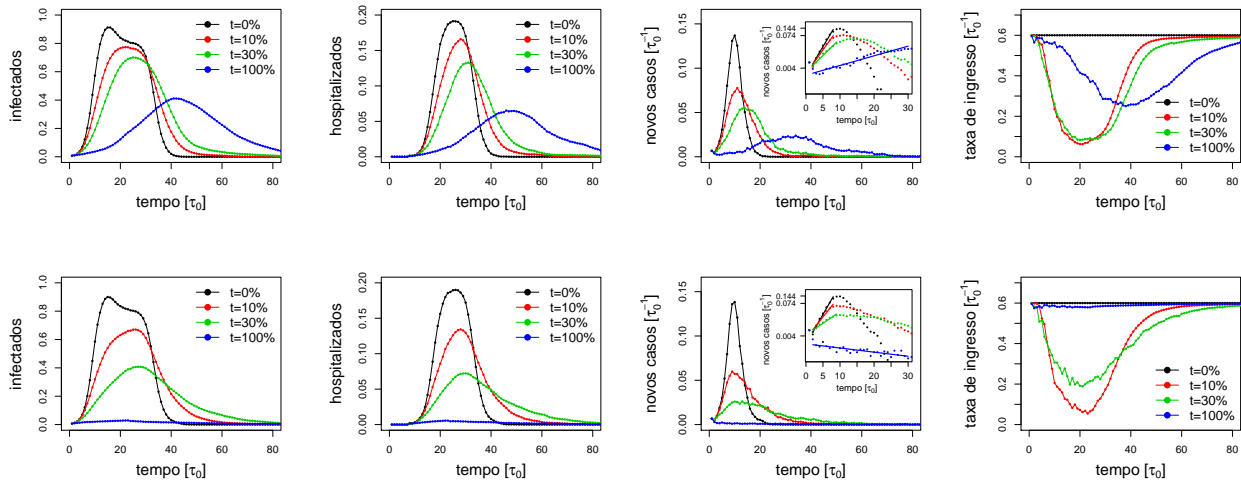


Figura 7. Efeito do controle e das interações sociais na evolução dinâmica na pandemia. Curvas epidêmicas do modelo SI_3R_2 referentes a fração de infectados, hospitalizados, número de novos casos e taxa de ingresso ao reservatório de contaminação externo. Painel superior: rede de interação composta por N indivíduos, de arquitetura modular, com 3 indivíduos por módulo (todos interagindo entre si) e adição de 100 conexões sociais entre indivíduos de módulos distintos. Painel inferior: mesmas condições anteriores, a menos do número de conexões entre módulos, reduzida para 25 conexões. A legenda indica a taxa de testagem de cada curva. O ajuste exponencial exibido no interior da figura correspondente ao número de novos casos ilustra que este é válido apenas no início da epidemia.

sendo criadas e desfeitas a cada unidade de tempo. O enfretamento da COVID-19 exige da população mudança de hábitos e o isolamento social implica uma drástica redução das interações sociais. A fim de ilustrar esse efeito, foram simulados dois cenários opostos no que diz respeito ao número de conexões sociais. Por simplicidade, consideremos uma rede estática, cuja arquitetura é formada no instante inicial e se mantém constante no decorrer da epidemia. No primeiro cenário, consideramos uma população de N indivíduos, formando uma rede com estrutura modular, com 3 indivíduos por módulo, todos eles interagindo entre si. A seguir, adicionamos, aleatoriamente, 100 conexões entre indivíduos de módulos distintos. No segundo cenário, mantemos as condições anteriores e reduzimos para 25 o número de conexões entre módulos.

Vejamos a seguir, o efeito das malhas sociais no controle da epidemia. O primeiro cenário já foi discutido nos parágrafos anteriores (vide Figura 7, painel superior). Notamos que o controle é capaz de mitigar a transmissão da COVID-19 apenas quando a taxa de testagem é suficientemente alta ($t \sim 100\%$). Na impossibilidade de testagem em massa, o isolamento social é a estratégia mais eficiente. O segundo cenário, por sua vez, apresenta um comportamento surpreendente. A redução do número de conexões sociais, aliada à testagem em massa, são capazes de suprimir a evolução da epidemia ($t = 100\%$, curva azul). A fração da população infectada ao final da epidemia não ultrapassa 6%. Além disso, a taxa de ingresso, que controla a mobilidade da população, se mantém alta, ou seja, se medidas preventivas forem adotadas, o isolamento social torna-se desnecessário.

4.3 Flexibilização do isolamento social

O modelo SI_3R_2 permite simular o efeito da flexibilização do isolamento social na dinâmica de transmissão e contágio por COVID-19. Os parâmetros que controlam a mobilidade dos indivíduos são as taxas de ingresso no reservatório de contaminação (W_{in}) e as taxas de ingresso no reservatório domiciliar (W_{out}). Por simplicidade, vamos nos debruçar sobre o efeito de W_{in} . Por exemplo, num contexto de isolamento social, W_{in} assume, tipicamente, um valor pequeno, digamos $W_{in} = W_0$. Por outro lado, $W_{in} \ll W_0$ (lê-se W_{in} muito menor que W_0) poderia simular o *lockdown* ou confinamento, situação na qual o Estado impõe restrições ainda mais severas na mobilidade da população. Em compensação, $W_{in} > W_0$ resulta em uma flexibilização do isolamento social, que pode ocorrer, por

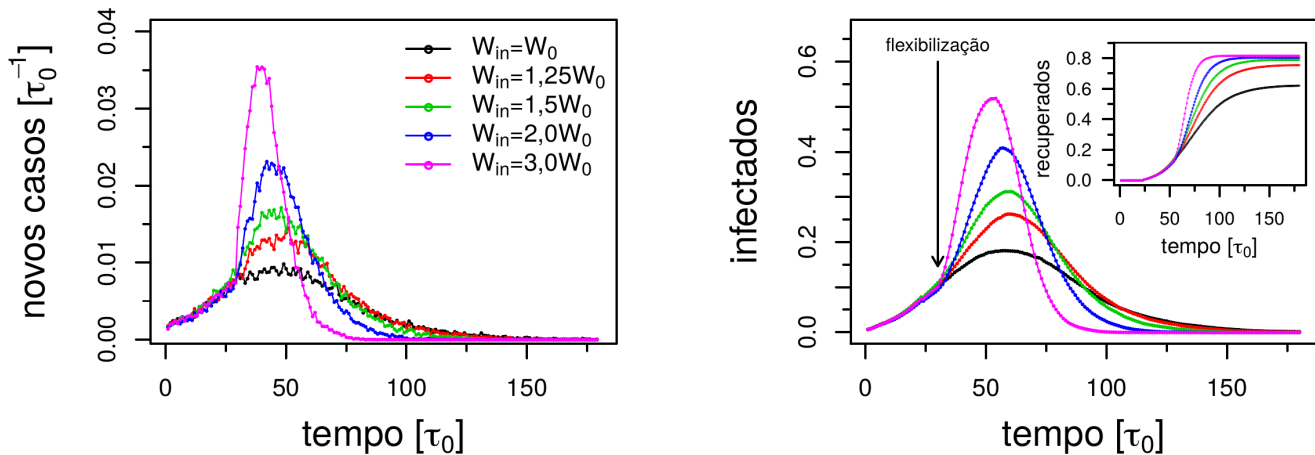


Figura 8. Efeito da flexibilização do isolamento social no número de novos casos (gráfico à esquerda) e no número de infectados (gráfico à direita) em função do tempo, para diferentes valores de W_{in} (parâmetro que controla a mobilidade dos indivíduos). A flexibilização do isolamento social acarreta um crescimento significativo do pico de de indivíduos infectados, além de antecipar a ocorrência do mesmo. A fração de infectados ao final da epidemia pode ser extraída do gráfico do número de recuperados (gráfico à direita, painel interior). Na condição de isolamento social (curva preta), essa fração chega a 60% da população, alcançando 80% quando a mobilidade é duplicada (curva azul).

exemplo, de forma gradativa (W_{in} aumenta de pequenos incrementos a cada intervalo de tempo, até alcançar a meta desejada) ou abruptamente. O importante não são os valores absolutos que esses parâmetros assumem, mas a variação relativa ao passar de um cenário a outro.

A Figura 8, exibe o efeito da flexibilização do isolamento social nas curvas epidêmicas. Neste exemplo, os parâmetros que definem o modelo estocástico (vide Tabela 1) assumem os mesmos valores para todas as curvas. No instante $t = 30\tau_0$, ocorre a flexibilização abrupta do isolamento social, e o valor da taxa de ingresso passa do seu valor base, $W_{in} = W_0$ (curva preta), para uma fração desse valor, $W_{in} = x \cdot W_0$, com $x > 1$ varrendo diferentes níveis de flexibilização (demais curvas). O aumento na taxa de ingresso causa um crescimento significativo no pico de infectados, além de antecipar a ocorrência do mesmo. Um ponto que chama a atenção é a sensibilidade da altura do pico de infectados com relação a variações de W_{in} . A dinâmica de transmissão e contágio é muito sensível ao fluxo de indivíduos, que fisicamente controla o número de contatos físicos diretos e indiretos.

Uma das limitações de modelos do tipo SIR deve-se ao fato de que os mesmos não levam explicitamente em conta os possíveis mecanismos de contágio durante o trânsito dos indivíduos, ao se deslocarem para os ambientes \mathcal{D} e \mathcal{C} . A inclusão desses mecanismos tem o potencial de agravar ainda mais as curvas epidêmicas da Figura 8 se as regras de distanciamento social e controle sanitário, aplicadas aos ambientes onde os indivíduos interagem, não forem obedecidas no transporte coletivo de passageiros. Por exemplo, de nada adianta restringir a circulação de ônibus, se trabalhadores e estudantes recorrerem a transportes alternativos, como veículos utilitários, com menor número de assentos disponíveis, em que os passageiros ficam sujeitos a maior aglomeração.

5 Considerações Finais

Neste ensaio, buscamos fomentar o debate sobre a pandemia da COVID-19, cujo primeiro caso reportado data de 31 de dezembro de 2019 (embora a doença tenha sido identificada em 1º de dezembro de 2019), na cidade de Wuhan, província de Hubei, República Popular da China. Oficialmente, a primeira notificação no Brasil ocorreu em 26 de fevereiro de 2020, na cidade de São Paulo, e no estado de Santa Catarina os dois primeiros casos foram registrados no dia 12 de março deste ano. Até essa data, todos os casos confirmados no país foram diagnosticados em pacientes recém-chegados do exterior, um dia antes do anúncio da primeira transmissão comunitária nas cidades de São Paulo

e Rio de Janeiro; de 14 de março a 14 de maio, o registro do número de novos casos diários subiu de 23 para 13.944. A difusão da doença varia de uma região a outra do país, estando fortemente vinculada a fatores demográficos e socioeconômicos, sendo mais acelerada nos centros urbanos; nestes, o vírus segue sua rota em direção às regiões metropolitanas que concentram a maioria da população, onde o mapa de maior incidência da doença acompanha o da desigualdade social.

O desafio que se apresenta ao mundo é reduzir a taxa de crescimento do número de casos, enquanto os países arregimentam profissionais da saúde e os instrumentalizam para o enfrentamento da pandemia, readequando o sistema de saúde à demanda crescente de pacientes acometidos pela COVID-19. Além do planejamento logístico, voltado à construção de hospitais de campanha e produção de insumos hospitalares (desde EPI's e testes para o diagnóstico da doença a respiradores, entre outros) ações integradas por parte da União, Estados e Municípios se fazem necessárias e prementes. Enquanto isso, institutos de pesquisa e laboratórios de todo o mundo testam medicamentos que sejam eficientes e seguros para o tratamento desses pacientes e correm contra o tempo para desenvolver a vacina para o controle da infecção pelo SARS-CoV-2.

Médicos intensivistas, enfermeiros e outros profissionais da saúde atendem aos pacientes nos leitos de hospitais, salvando centenas de milhares de pessoas enquanto se expõem aos riscos de contágio. Porém, não menos crucial é o papel dos médicos-sanitaristas e epidemiologistas, cujas orientações e estudos dão suporte à adoção de medidas de prevenção e controle da pandemia, poupando ainda mais vidas. Entretanto, para que essas medidas surtam efeito, é preciso que sejam implementadas políticas públicas, provendo condições de subsistência aos 13,5 milhões de indivíduos que se encontram abaixo da linha da pobreza e repondo as perdas de renda de 16,5 milhões de famílias que vivem com menos de dois salários mínimos, segundo estatísticas recentes do IBGE. Não é possível manter quase 45 milhões de pessoas com esse perfil em isolamento, além da condição de exclusão social a qual estão submetidas. O isolamento vertical de grupos de risco, como idosos, não inibe a circulação do vírus entre os demais indivíduos da população, onde se encontram os principais vetores de transmissão da doença; na prática, mecanismos de controle sem transferência de recursos à população de baixa renda correspondem a um isolamento vertical, predeterminado pela estratificação social. Não é possível elevar a taxa de isolamento social no pico dessa pirâmide, sem considerar os efeitos da pressão exercida pela sua base.

Nas seções anteriores destacamos a importância do rigor científico na interpretação da informação sobre a evolução diária da pandemia da COVID-19 no Brasil e em outros países, através de modelos teóricos cujas previsões são compatíveis com os dados divulgados pelos órgãos governamentais e instituições de pesquisa. Devido ao caráter técnico desses modelos, construídos em base a hipóteses formuladas matematicamente, os resultados das investigações sobre esse assunto, divulgados em periódicos científicos especializados, tornam-se inacessíveis à maioria da população. Ao longo deste artigo, traçamos um panorama dos principais desafios à modelagem da evolução da COVID-19 em nosso país. Atualmente, a maior preocupação dos cientistas que atuam nessa área é corrigir o problema da subnotificação de casos, que vem crescendo à medida que a doença avança a regiões onde o controle dessa informação é precário, dificultando ou mesmo inviabilizando prognósticos, conforme mencionado.

Na última seção descrevemos nosso modelo probabilístico, concebido com o intuito de estudar a evolução da pandemia da COVID-19 no Brasil, em diferentes escalas de organização populacional, de acordo com o perfil demográfico de diferentes módulos (domicílios, centros urbanos e Estados), incorporando aos parâmetros desse modelo vínculos de natureza socioeconômica que regulam o fluxo de indivíduos no interior de cada módulo e entre estes. Vimos que a flexibilização do isolamento através do parâmetro associado ao estímulo individual para o ingresso no ambiente de contaminação pode trazer consequências trágicas, com o crescimento acentuado do número de indivíduos infectados, que poderia ser evitado através de intervenções do Estado. É importante salientar que, apesar da grande proporção de indivíduos infectados após a extinção da pandemia, nem toda a população se contamina; é provável que o SARS-CoV-2 continue circulando por muitas décadas e a COVID-19 esteja entre as doenças que se manifestam em sua forma endêmica, controladas através da vacinação da população ou tratadas com medicamentos adequados, quando o sistema de saúde for novamente capaz de atender às demandas. Não se pode naturalizar a perda de milhões de vidas, em uma tragédia anunciada, falseando premissas e negando evidências; a crise que o mundo atravessa deixará marcas profundas em nossa sociedade.

No que diz respeito ao controle da epidemia, mostramos que a capacidade de testagem em massa, condicionada a

fatores comportamentais, é determinante para conter o avanço da epidemia. Para realizar esse controle, é necessário fixar um valor crítico para a taxa diária de novos casos, a partir de projeções de ocupação de leitos de UTI e outros indicadores, como o número de médicos por mil habitantes. Isso foi feito na Itália e na Espanha, onde o confinamento (ou *lockdown*) foi adotado tardiamente, após a saturação da capacidade do sistema de saúde desses países. No Brasil, em grandes centros urbanos, como as regiões metropolitanas de São Paulo e Rio de Janeiro, a ocupação de UTIs atinge níveis alarmantes e o *lockdown* seletivo já foi decretado, assim como em algumas capitais no Norte e Nordeste do país, onde a escassez de recursos e o abismo social levaram ao rápido colapso do sistema de saúde, preconizada muito antes da COVID-19 chegar a essas regiões, deixando evidente o distanciamento entre as políticas públicas e demandas sociais.

Para finalizar a presente exposição, delinearemos tecnicamente as próximas etapas de nossa investigação, ora em curso. Após concluirmos o ajuste do modelo^{23,24}, que descreve os valores médios do número de indivíduos, suscetíveis, infectados e recuperados em cada instante, com os dados referentes aos novos casos registrados da COVID-19 no Estado de Santa Catarina, levando também em conta as subnotificações bem como a dependência temporal de parâmetros associados ao número de reprodução básico da doença, pretendemos realizar simulações a fim de testar hipóteses acerca da evolução da epidemia no estado e identificar possíveis cenários que acomodem os dados demográficos e econômicos levantados previamente junto à OMS, IBGE e outras fontes fidedignas. A análise de diferentes quadros deverá fornecer subsídios para a tomada de decisões com relação ao controle social através de medidas de restrição ou flexibilização da circulação de indivíduos, resolvendo-se o problema de otimização da função associada ao custo total da epidemia.

Referências

1. Xinmiao Rong, Liu Yang, Huidi Chu and Meng Fan. Effect of delay in diagnosis on transmission of COVID-19. *Mathematical Biosciences and Engineering* **17**, 2725-2740 (2020).
2. Epidemic Modelling: an Introduction, Cambridge Studies in Mathematical Biology: 15, C. Cannings, F. C. Hoppensteadt, L. A. Segel (eds.), Cambridge University Press, 1999.
3. Matthieu Nadini, Kaiyuan Sun, Enrico Ubaldi, Michele Starnini, Alessandro Rizzo and Nicola Perra. Epidemic spreading in modular time-varying networks. *Scientific Reports* **8**, 2352 (2018).
4. Pratha Sah, Stephan T. Leu, Paul C. Cross, Peter J. Hudson, and Shweta Bansal. Unraveling the disease consequences and mechanisms of modular structure in animal social networks. *Proc. Nat. Acad. Sci.* **114**, 4165-4170 (2017).
5. A Complete History of Pandemics, Vaclav Smil, The MIT Press Reader, Mar 30, 2020.
6. Robert J. Littman, The Plague of Athens: Epidemiology and Paleopathology, *Mount Sinai Journal of Medicine* **76**, 456-467 (2009).
7. History's deadliest pandemics, from ancient Rome to modern America, Michael S. Rosenwald, *The Washington Post*, April 7 (2020).
8. Shyamal Biswas, Plague in India: a Review, *Journal of Communicable Diseases* **50**, 3, 60-75 (2018).
9. Dilene Raimundo do Nascimento, Matheus Alves Duarte da Silva, "Não é meu intuito estabelecer polêmica": a chegada da peste ao Brasil, análise de uma controvérsia, 1899, *Hist. cienc. saude-Manguinhos*, 20, supl.1, Rio de Janeiro, Nov 2013.
10. Covid-19: The history of pandemics, Bryan Walsh, <https://www.bbc.com/future/article/20200325-covid-19-the-history-of-pandemics>, March 25 (2020).
11. Efficient sentinel surveillance strategies for preventing epidemics on networks. Ewan Colman, Petter Holme, Hiroki Sayama and Carlos Gershenson. *PLoS Comput Biol* **15** (11):e100751 (2019).
12. W. O. Kermack and A. G. McKendrick. A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. Communicated by Sir Gilbert Walker, F.R.S. Received May 13 (1927).

13. Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID-19 mortality and healthcare demand, Imperial College London COVID-19 Response Team, March 16 (2020).
14. A Light introduction in modelling recurrent epidemics, David J. D. Earn, Lecture Notes in Mathematical Epidemiology, Fred Brauer, P. van den Driessche, and Jianhong Wu (Eds.), Springer-Verlag, 2008.
15. Report 3: Transmissibility of 2019-nCoV, Imperial College London COVID-19 Response Team, January 25 (2020).
16. Stephen A. Lauer et al., The Incubation Period of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) From Publicly Reported Confirmed Cases: Estimation and Application, *Annals of Internal Medicine* **172**, 9, 548-583, May 5 (2020).
17. Análise Subnotificação, Rodrigo Gaete, COVID-19 Brasil, <https://ciis.fmrp.usp.br/covid19/analise-subnotificacao>, 11/04/2020.
18. Lucas D. Valdez, Lidia A. Braunstein, and Shlomo Havlin. Epidemic spreading on modular networks: The fear to declare a pandemic. *Phys. Rev. E* **101**, 032309 (2020).
19. Brasil é um dos países que menos realiza testes para covid-19, abaixo de Cuba e Chile. Por Luis Barrucho. BBC News Brasil, 24 de Abril de 2020. Acesso: 3 de Maio de 2020.
20. Savi Maharaj and Adam Kleczkowski. Controlling epidemic spread by social distancing: Do it well or not at all. *BMC Public Health* **12**, 679 (2012).
21. Adam Kleczkowski, Katarzyna Oleś, Ewa Gudowska-Nowak and Christopher A. Gilligan. Searching for the most cost-effective strategy for controlling epidemics spreading on regular and small-world networks. *J. R. Soc. Interface* **9**, 158–169 (2012).
22. Nicola Dimitri. The Economics of Epidemic Diseases. *PLoS ONE* 10(9): e0137964 (2015).
23. Gerardo Chowell. Fitting dynamic models to epidemic outbreaks with quantified uncertainty: A primer for parameter uncertainty, identifiability, and forecasts. *Infectious Disease Modelling* **2**, 379-398 (2017).
24. Junling Ma. Estimating epidemic exponential growth rate and basic reproduction number. *Infectious Disease Modelling* **5**, 129-141 (2020).