

# Usando o modelo SIRD para caracterizar a disseminação da COVID-19 nos estados do Paraná, Rio Grande do Sul e Santa Catarina

## Using the SIRD model to characterize the COVID-19 spreading in the states of Paraná, Rio Grande do Sul, and Santa Catarina

Rafael M. da Silva

Departamento de Física, Universidade Federal do Paraná, 81531-980 Curitiba, PR, Brasil

e-mail: rmarques@fisica.ufpr.br

ORCID ID: <http://orcid.org/0000-0003-1372-8132>

### RESUMO

Neste trabalho, analisamos os dados referentes ao número acumulado de casos confirmados e mortes causadas pela COVID-19 nos estados do Paraná (PR), Rio Grande do Sul (RS) e Santa Catarina (SC). O objetivo desse estudo é compreender alguns aspectos da disseminação da doença na região Sul do Brasil a partir da obtenção do Número Efetivo de Reprodução (NER)  $\mathcal{R}_e$  de cada estado, usando para isso o modelo SIRD (*Susceptibles-Infectious-Recovered-Dead*). Mostramos que esse modelo, apesar da sua simplicidade, descreve com precisão os dados do passado e possibilita fazer projeções confiáveis para as tendências da epidemia em cada localidade. Após ajustar o modelo aos dados reais e determinar o valor atual do NER, simulamos estratégias de diminuição gradativa do valor de  $\mathcal{R}_e$ , a fim de obter o achatamento da curva epidêmica. Nossos resultados mostram que, até o dia 6 de junho de 2020, SC era o único estado da região Sul com  $\mathcal{R}_e < 1$ , o que indica que o número de novos casos tende a diminuir na hipótese desse cenário ser mantido. Por outro lado, PR e RS apresentam  $\mathcal{R}_e > 1$ , de forma que o crescimento do número de infectados pode continuar por algumas semanas caso novas medidas não sejam tomadas.

**Palavras-chave:** COVID-19, Modelo SIRD, Número Efetivo de Reprodução.

### ABSTRACT

In this work, we analyzed the data for the cumulative number of confirmed cases and deaths caused by COVID-19 for Paraná (PR), Rio Grande do Sul (RS), and Santa Catarina (SC). The key aim of this study is to understand the features of the COVID-19 spreading in the South Region of Brazil by estimating the Effective Reproduction Number (ERN)  $\mathcal{R}_e$  for each state using the SIRD (Susceptibles-Infectious-Recovered-Dead) model. We show that this model, despite its simplicity, describes trusty the real data and allows us to project the trends of the epidemic in each locality. After adjusting the model to the real data and obtaining the current ERN, we simulated strategies to decrease gradually the value of  $\mathcal{R}_e$  and to reach the flattening of the epidemic curve. Our results suggest that, until June 6<sup>th</sup>, 2020, SC was the only state for which  $\mathcal{R}_e < 1$ , which indicates that the number of newly infected people might decrease if this scenario remains unchanged. On the other hand, PR and RS show  $\mathcal{R}_e > 1$ , and the increase in the number of newly infected people might continue for some weeks if some containment measures are not taken.

**Keywords:** COVID-19, SIRD model, Effective Reproduction Number.

## 1 Introdução

Desde o dia 11 de março de 2020, a COVID-19, doença causada pelo novo Coronavírus, é reconhecida como pandemia pela Organização Mundial da Saúde (OMS)<sup>1</sup>. Por se tratar de um vírus até então desconhecido, o agente causador da COVID-19 surpreendeu o mundo com a sua alta infectividade, o que permitiu a rápida propagação da doença por todos os continentes. Diante desse cenário de pandemia, cientistas de todo o mundo concentraram forças para obter respostas e propor soluções. Até o momento, nenhuma vacina foi criada ou algum protocolo de tratamento eficaz foi cientificamente comprovado, apesar de alguns estudos apontarem um caminho para essa conquista (ver, por exemplo, o trabalho de Beigel *et al.*<sup>2</sup>). Entretanto, compreender a dinâmica de propagação do vírus e propor estratégias universais para achatar a curva

epidêmica através do distanciamento social<sup>3,4</sup>, por exemplo, foram conquistas importantes.

Após ter início na China e atingir de forma significativa diversos países da Europa e os Estados Unidos da América (EUA), atualmente o epicentro da pandemia de COVID-19 é a América do Sul. Até o dia 6 de junho, Brasil, Peru e Chile, os três países mais atingidos do continente, somavam quase 1 milhão de casos confirmados. No Brasil, devido a sua extensão continental, o novo Coronavírus tem atingindo o país de forma heterogênea, como mostrou um estudo recente<sup>5</sup>. Alguns estados das regiões Norte, Nordeste e Sudeste foram os mais afetados. Considerando apenas São Paulo e Rio de Janeiro, localizados na região Sudeste, e Ceará e Amazonas, pertencentes às regiões Nordeste e Norte, respectivamente, obtemos quase 47% dos casos confirmados e 61% das mortes

causadas pela COVID-19 em todo o país.

Por outro lado, as regiões Sul e Centro-Oeste foram menos afetadas. Juntas, essas duas regiões concentram apenas 8,5% dos casos confirmados e 3,3% das mortes. Com tamanha disparidade nos números, países com dimensões continentais e grande diversidade (cultural, climática e na distribuição de renda, por exemplo), servem como objeto de estudo a fim de que possamos descobrir quais aspectos de fato influenciam na disseminação do vírus. Naturalmente, o foco principal dos estudos já realizados são as regiões mais afetadas<sup>5,7-9</sup>. Neste trabalho, entretanto, nos dispomos a analisar a situação atual dos estados do Paraná (PR), Rio Grande do Sul (RS) e Santa Catarina (SC) no combate à COVID-19, os quais formam a região Sul do Brasil. A população, o número acumulado de casos confirmados e o número de mortes por COVID-19 nesses três estados, considerando dados até o dia 6 de junho de 2020, são apresentados na Tabela 1.

Para caracterizar a evolução da doença em cada país ou região específica, diferentes abordagens podem ser adotadas. A mais comum é a modelagem computacional, feita a partir de modelos epidemiológicos das mais variadas formas<sup>3,4,10-12</sup>. Neste estudo utilizamos o modelo conhecido como SIRD, o qual será introduzido na Seção 2. Na Seção 3, apresentamos as simulações feitas a partir do ajuste do modelo aos dados reais dos três estados considerados. Nossos resultados se dividem em três partes: (i) estimativa do Número Efetivo de Reprodução (NER)  $\mathcal{R}_e$  para cada estado; (ii) projeções para o número acumulado de casos confirmados, de mortes e de infectados ativos, considerando a tendência da epidemia e também cenários com um possível aumento ou redução do NER atual; e (iii) simulações de estratégias para redução paulatina do  $\mathcal{R}_e$  no estado do PR, a fim de evitar que o número atual de leitos disponibilizados exclusivamente para pacientes com a COVID-19 seja insuficiente. Por fim, apresentamos as conclusões desse estudo na Seção 4.

## 2 O modelo SIRD

Foi em 1927 que W. O. Kermack e A. G. McKendrick publicaram o artigo intitulado “*A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics*”, no qual introduziram o modelo epidemiológico conhecido como SIR<sup>13</sup>. Esse modelo descreve a disseminação de doenças infecciosas em uma população dividida em subgrupos de indivíduos susceptíveis, infectados e recuperados, com cada um desses grupos tendo sua

dinâmica descrita por uma Equação Diferencial Ordinária (EDO). Desde então, os modelos epidemiológicos foram aperfeiçoados e até hoje são ferramentas importantes no estudo das epidemias.

De acordo com Daley e Gani<sup>14</sup>, a utilização de modelos epidemiológicos tem três objetivos principais: (i) compreender o mecanismo de disseminação da epidemia, (ii) prever seu curso futuro e (iii) simular formas de controle da doença. No entanto, para atingir esses três objetivos, é necessário antes de tudo que o modelo seja capaz de descrever os dados reais referentes ao passado. Somente a partir da reprodução do passado podemos calibrar o modelo e, conseqüentemente, fazer projeções confiáveis para o futuro<sup>14</sup>.

Com base nessa premissa, utilizaremos neste trabalho o modelo conhecido como SIRD (*Susceptible-Infectious-Recovered-Dead*), no qual a população total  $N$  de cada localidade é dividida em subgrupos de indivíduos susceptíveis ( $S(t)$ ), infecciosos ( $I(t)$ ), recuperados ( $R(t)$ ) e mortos ( $D(t)$ ). Todas essas variáveis são funções do tempo  $t$ , sendo que a condição  $N = S(t) + I(t) + R(t) + D(t)$  deve ser sempre satisfeita. As EDOs que descrevem a dinâmica de cada subgrupo são as seguintes<sup>5,13,15</sup>:

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

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \left( \frac{1}{T_{\text{rec}}} + \delta \right) I, \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \frac{1}{T_{\text{rec}}} I, \quad (3)$$

$$\frac{dD}{dt} = \delta I. \quad (4)$$

Como parâmetros desse modelo, temos a taxa de infecção  $\beta$  (probabilidade por unidade de tempo de uma pessoa susceptível se tornar infecciosa quando entra em contato com uma pessoa infecciosa), a taxa de recuperação  $1/T_{\text{rec}}$ , com  $T_{\text{rec}}$  sendo o tempo de recuperação (ou duração da infecção), e a taxa de mortalidade  $\delta$  (quantidade de pessoas que morrem por unidade de tempo em relação ao número de indivíduos infectados no mesmo período).

Os parâmetros  $\beta$ ,  $T_{\text{rec}}$  e  $\delta$  são dinâmicos, e devem ser ajustados para descrever da melhor forma possível o comportamento real das séries temporais. Para obter esse ajuste, dividimos as séries temporais em Semanas Epidemiológicas (SE), as quais são, por convenção internacional, iniciadas aos

**Tabela 1.** Tabela contendo a população, o número acumulado de casos confirmados e de mortes causadas pela COVID-19 nos estados do Paraná (PR), Rio Grande do Sul (RS) e Santa Catarina (SC) até o dia 6 de junho de 2020. Dados obtidos no Painel Coronavírus, veículo oficial de comunicação sobre a situação epidemiológica da COVID-19 no Brasil<sup>6</sup>.

Estado	Sigla	População	Nº de Casos	Nº de mortes
Paraná	PR	11433957	6604	232
Rio Grande do Sul	RS	11377239	12037	283
Santa Catarina	SC	7164788	11285	166

domingos e encerradas aos sábados. Com isso, desejamos encontrar a melhor combinação paramétrica  $\beta(k)$ ,  $T_{\text{rec}}(k)$ ,  $\delta(k)$  que reproduz, em cada SE número  $k$ , os dados para o número acumulado  $C(t)$  de casos confirmados, tal que  $C(t) = I(t) + R(t) + D(t)$ , e para o número de mortes  $D(t)$ , sendo o tempo  $t$  dado em dias. Dividir a série temporal em intervalos de sete dias satisfaz o número mínimo de  $2r + 1$  dados experimentais que devem ser considerados a fim de obter todas as informações relevantes de um conjunto com  $r$  parâmetros<sup>16</sup> (nesse caso, temos  $r = 3$ ).

Para ajustar o conjunto de parâmetros aos dados reais, utilizamos a técnica proposta por Manchein *et al.*<sup>3,4</sup> e adaptada por Da Silva *et al.*<sup>5</sup> para o modelo SIRD. Essa metodologia consiste em testar milhares de combinações paramétricas a fim de minimizar o erro quadrático médio calculado entre o número acumulado de casos confirmados  $C(t)$  obtido pelo modelo e os dados reais, assim como o erro quadrático médio calculado entre o número de mortes  $D(t)$  obtido pelo modelo e os dados reais. Em nossas simulações, a taxa diária de infecção varia entre 0 e 0,3, o tempo de recuperação varia entre 10 e 21 dias, e a taxa diária de mortalidade varia entre 0,1% e 1,0%. Esses intervalos reproduzem de forma satisfatória a realidade da COVID-19 na região Sul do Brasil<sup>6,17</sup>. Para maiores detalhes sobre esse procedimento computacional, indicamos ao leitor o trabalho de Da Silva *et al.*<sup>5</sup>.

O conjunto de condições iniciais do sistema de EDOs é  $[S(t_0), I(t_0), R(t_0), D(t_0)]$ . Devido à inexistência de imunidade no início da epidemia, consideramos que o número inicial de indivíduos susceptíveis é dado por  $S(t_0) = N - I(t_0) - R(t_0) - D(t_0)$ . Nesse caso, supomos  $R(t_0) = 0$  e as condições iniciais  $I(t_0)$  e  $D(t_0)$  foram obtidas diretamente das séries temporais. A população  $N$  é a população atual de cada estado, indicada na Tabela 1.

### 3 Resultados

#### 3.1 Estimando o Número Efetivo de Reprodução

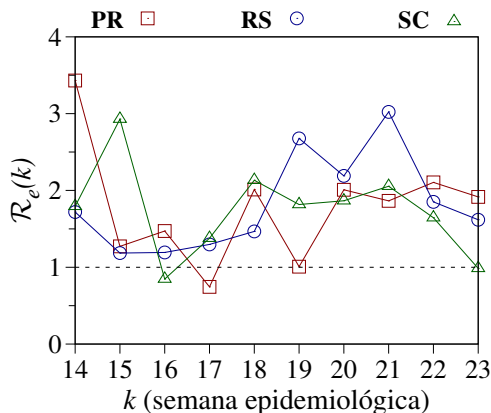
Uma das quantidades epidemiológicas mais importantes é o número “básico” de reprodução  $\mathcal{R}_0$ , ou seja, o número médio de indivíduos infectados por uma pessoa infecciosa considerando que toda a população encontra-se inicialmente no subgrupo  $S$  (susceptíveis). Após um tempo,  $S$  diminui, o número de infectados  $I$  aumenta e medidas de contenção da epidemia são implementadas. Nesse cenário, o parâmetro epidemiológico fundamental que determina o quão rapidamente uma doença infecciosa se espalha é o Número “Efetivo” de Reprodução (NER), representado por  $\mathcal{R}_e$ , o qual é definido como a quantidade de novos infectados, em média, produzidos por uma pessoa infecciosa durante o período no qual esse indivíduo permaneceu infeccioso<sup>18</sup>. A importância de  $\mathcal{R}_e$  encontra-se no fato desse parâmetro ser capaz de identificar as tendências da doença.

O principal objetivo das medidas de contenção implementadas pelas autoridades durante a pandemia de COVID-19 é reduzir o valor do NER, sendo que o melhor cenário é obtido quando  $\mathcal{R}_e < 1$ , no qual a incidência de novos infectados diminui e a epidemia encontra-se sob controle. Podemos estimar o valor de  $\mathcal{R}_e(k)$  para cada SE  $k$  a partir da relação<sup>19</sup>

$$\mathcal{R}_e(k) = \frac{\beta(k)}{1/T_{\text{rec}}(k) + \delta(k)}, \quad (5)$$

na qual  $\beta(k)$ ,  $T_{\text{rec}}(k)$  e  $\delta(k)$  formam a melhor combinação paramétrica para cada SE  $k$ . Na Fig. 1, apresentamos os valores de  $\mathcal{R}_e(k)$  para os estados do PR, RS e SC. O primeiro valor de  $\mathcal{R}_e$  estimado para os três estados é referente à SE número 14, uma vez que o ajuste dos parâmetros teve início na primeira SE após a ocorrência da primeira morte. Nos três estados, o primeiro registro de óbito ocorreu ao longo da SE 13 (22/03/2020 a 28/03/2020).

Na Fig. 1 é possível observar que, após apresentar um valor  $\mathcal{R}_e(14) = 3,4$ , o PR manteve ao longo das demais SEs



**Figura 1.** Valor de  $\mathcal{R}_e$  em função das SEs  $k$  para os estados do PR, RS e SC. O valor médio de  $\mathcal{R}_e(k)$  de cada estado encontra-se na Tabela 2.

**Tabela 2.** Valores médios dos parâmetros epidemiológicos ajustáveis do modelo SIRD. Os valores de  $\langle\beta(k)\rangle$  e  $\langle\delta(k)\rangle$  são dados em  $\text{dias}^{-1}$ ,  $\langle T_{\text{rec}}(k)\rangle$  é dado em dias e  $\mathcal{R}_e$  é adimensional.

Estado	$\langle\beta(k)\rangle$	$\langle T_{\text{rec}}(k)\rangle$	$\langle\delta(k)\rangle$	$\langle\mathcal{R}_e(k)\rangle$	$\mathcal{R}_e(23)$	% de casos na SE 23
PR	0,11	16,7	0,51%	1,78	1,92	32%
RS	0,11	17,6	0,35%	1,82	1,62	23%
SC	0,11	17,6	0,23%	1,74	0,98	22%

o NER entre 0,7 e 2, atingindo valores como 0,7 e 1,0 nas SEs 17 e 19, respectivamente. Esses bons resultados para o  $\mathcal{R}_e$  colaboraram para que o PR seja atualmente o estado da região Sul com o menor número de casos confirmados, como mostra a Tabela 1. O estado de SC atingiu  $\mathcal{R}_e < 1$  na SE 16, apresentou um aumento dessa quantidade na SE 17 e, na sequência, manteve seu NER próximo a 2 por quatro semanas, apresentando uma tendência de queda nas duas últimas semanas consideradas em nossa análise. Devido a essa queda recente, o valor médio  $\langle\mathcal{R}_e(k)\rangle$  de SC é o menor dentre os três estados da região Sul, como mostra a Tabela 2. O estado do RS, por sua vez, tem a maior média  $\langle\mathcal{R}_e(k)\rangle$  e também é o estado da região Sul com o maior número de casos confirmados de COVID-19, como vemos na Tabela 1.

Apesar de possuir atualmente o menor número acumulado de casos confirmados na região Sul, o PR apresentou o maior valor para  $\mathcal{R}_e(23)$ , NER obtido a partir dos dados da SE número 23 (31/05/2020 a 06/06/2020). A influência desse número pode ser comprovada pela porcentagem do total de casos registrada na última SE. A Tabela 2 mostra que o PR registrou 32% de todos os casos na SE 23. Isso significa que quase 1/3 das novas infecções contabilizadas ao longo de praticamente três meses foi confirmada nos últimos sete dias. Para os estados do RS e SC, essa quantidade corresponde à 23% e 22%, respectivamente.

### 3.2 Efeitos do aumento ou da diminuição de $\mathcal{R}_e$

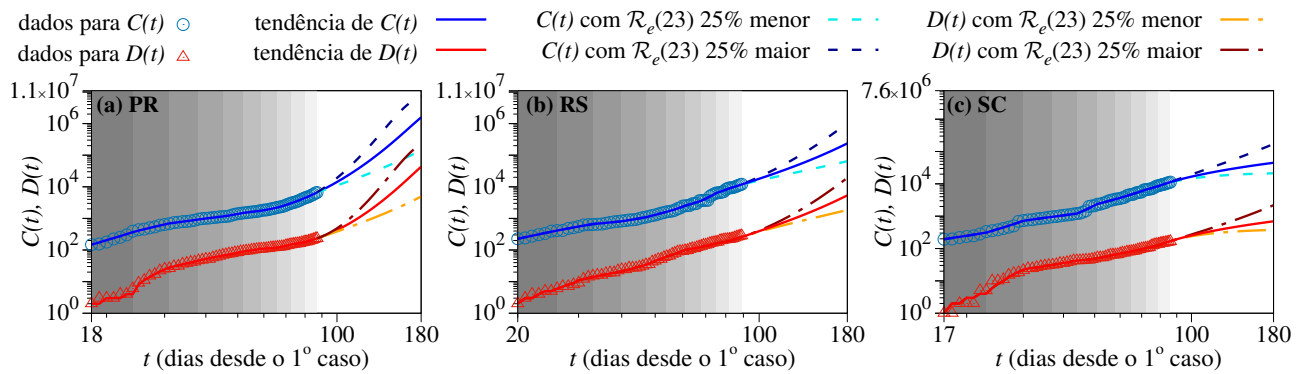
Na Fig. 2, apresentamos em escala logarítmica os dados reais referentes ao número acumulado de casos confirmados (círculos azuis) e mortes (triângulos vermelhos) para os estados do PR, RS e SC. As linhas contínuas azuis e vermelhas foram obtidas a partir do modelo SIRD, utilizando o método de ajuste descrito na Seção 2. Podemos observar que a proposta de obter o melhor conjunto  $\beta(k), T_{\text{rec}}(k), \delta(k)$  para cada SE  $k$ , representadas na Fig. 2 pelos retângulos de cor cinza, reproduz com precisão as oscilações das séries temporais. Após o último dia para o qual temos dados reais, que neste caso consiste no dia 6 de junho de 2020, as curvas contínuas azuis e vermelhas descrevem as tendências para as quantidades  $C(t)$  e  $D(t)$ , respectivamente, considerando que o NER  $\mathcal{R}_e(23)$  da SE número 23 seja mantido até o dia 180 após o primeiro caso confirmado. Com isso, observamos que SC, único estado para o qual  $\mathcal{R}_e(23) < 1$ , tende a apresentar um crescimento bastante moderado, enquanto PR e RS, para os quais  $\mathcal{R}_e(23) = 1,92$  e  $\mathcal{R}_e(23) = 1,62$ , respectivamente,

apresentam uma tendência de crescimento mais significativo tanto para o número de casos acumulados como para o número de mortes.

Os parâmetros epidemiológicos variam constantemente, sendo pouco provável que o NER permaneça inalterado por muitos dias. Por esse motivo, as previsões feitas para um longo prazo podem ser revistas sempre que há uma mudança de tendência. Diante dessas constantes mudanças, é relevante simularmos um cenário no qual ocorre uma possível diminuição do NER, e também um cenário no qual o valor de  $\mathcal{R}_e$  possa aumentar nos próximos dias. Como mostra a Eq. (5), o NER está relacionado aos parâmetros  $\beta, T_{\text{rec}}$  e  $\delta$ . No entanto, o tempo de recuperação e a taxa diária de mortalidade dependem de diversas circunstâncias, como o estado de saúde do paciente, por exemplo. Por esse motivo, em nossas projeções, preferimos manter os valores de  $T_{\text{rec}}(23)$  e  $\delta(23)$  obtidos no ajuste do modelo e propor alterações somente no valor da taxa diária de infecção  $\beta(23)$ , parâmetro que carrega todas as informações referentes às medidas de contenção da epidemia. A Tabela 2 apresenta os valores médios desses três parâmetros obtidos em nossas simulações. Observamos que a média da taxa diária de infecção é a mesma nos três estados. Além disso, o PR é o estado que apresenta a menor média para o tempo de recuperação e SC o estado com a menor média da taxa diária de mortalidade, o que condiz com os números reais apresentados na Tabela 1.

Aumentando o valor de  $\beta(23)$  em 25% e, portanto, aumentando  $\mathcal{R}_e(23)$  em 25%, observamos na Fig. 2 um aumento significativo nas quantidades  $C(t)$  e  $D(t)$  para todos os estados. No caso do PR, a linha tracejada azul escuro da Fig. 2(a) mostra o resultado de uma simulação supondo que o NER será 25% maior que o atual, passando de 1,92 para 2,40. Nesse cenário, estimamos que até o dia 180 após o primeiro caso, cerca de metade de toda a população do estado poderá ser infectada. Um cenário muito melhor ocorrerá caso essa quantidade diminua 25%, o que comprova a importância das medidas de contenção da epidemia que interferem diretamente na taxa de infecção  $\beta$ .

Na Fig. 3, apresentamos os resultados obtidos para o número ativo de infectados  $I(t)$ . Essa variável, diferente do número acumulado  $C(t)$ , não contém os recuperados e mortos. A importância dessa análise encontra-se no fato de que um grande número de infectados ativos pode sobrecarregar o sistema de saúde, sendo portanto necessário acompanhar a evolução dessa curva a fim de evitar um colapso. Na Fig. 3, a linha contínua azul mostra a tendência da



**Figura 2.** Número acumulado  $C(t)$  de casos confirmados de COVID-19 (círculos azuis) e mortes  $D(t)$  (triângulos vermelhos) para (a) PR, (b) RS e (c) SC. As curvas contínuas azuis e vermelhas foram obtidas a partir do modelo SIRD e representam as tendências para  $C(t)$  e  $D(t)$ , respectivamente, assumindo que o NER  $\mathcal{R}_e(23)$  de cada estado seja mantido. As demais curvas descrevem os cenários obtidos aumentando ou diminuindo o valor atual de  $\mathcal{R}_e$  em 25%, conforme a legenda apresentada acima da figura. A escala logarítmica foi utilizada tanto no eixo horizontal como no eixo vertical.

curva de infectados ativos  $I(t)$  caso o valor de  $\mathcal{R}_e(23)$  seja mantido. Para cada estado, é possível estimar a data do pico dessa curva e também o valor máximo atingido pela variável  $I(t)$ . É interessante notar na Fig. 3(c) que o pico de  $I(t)$  em SC já ocorreu, uma vez que esse estado apresenta um NER menor que 1. Podemos interpretar esse resultado da seguinte forma: pela Eq. (5) vemos que, como  $\mathcal{R}_e(23) < 1$ , então  $\beta(23) < 1/T_{rec}(23) + \delta(23)$ , de forma que, na Eq. (2), a quantidade de indivíduos que sai do grupo infeccioso  $I$  é maior que a quantidade de indivíduos que entra nesse grupo. Por esse motivo, caso o NER de SC se mantenha abaixo de 1, não haverá outro pico e a epidemia estará controlada.

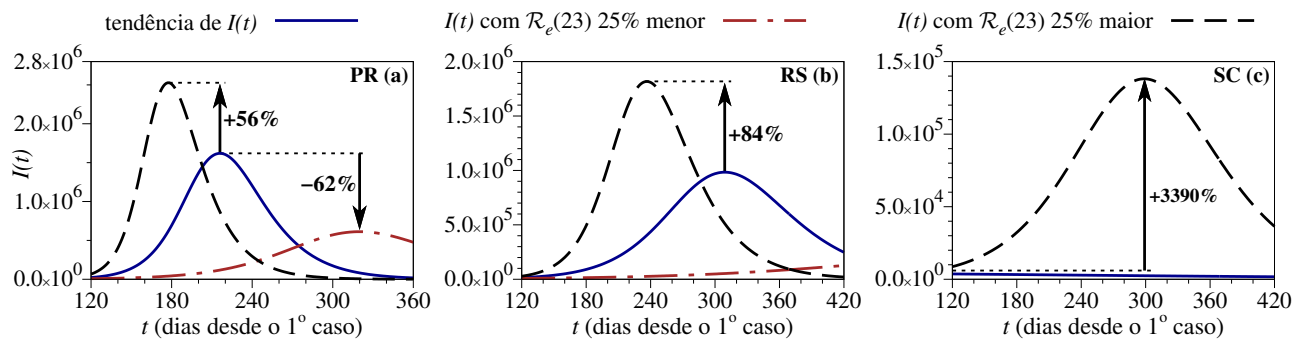
No entanto, devemos considerar um cenário no qual o NER aumente. A Fig. 3(c) mostra que, caso o valor de  $\mathcal{R}_e$  nos próximos dias em SC seja 25% maior que  $\mathcal{R}_e(23)$ , um novo pico muito maior que o primeiro poderá ocorrer (curva tracejada preta). Esse resultado comprova a importância de se manter o valor de NER abaixo de 1. Para o PR e RS, casos apresentados nas Figs. 3(a) e 3(b), respectivamente,

observamos que um NER 25% maior que o valor de  $\mathcal{R}_e(23)$  poderá aumentar o pico de  $I(t)$  em 56% e 84%, nessa ordem. Além do aumento no valor máximo de  $I(t)$ , um NER maior também antecipa a ocorrência do pico, diminuindo assim o tempo disponível para planejar a ampliação da capacidade de atendimento. Por outro lado, em um cenário no qual o NER diminui em 25%, observamos o tão mencionado achatamento da curva epidêmica. Nesse cenário, o valor máximo de  $I(t)$  diminui e também sua ocorrência é adiada. Para o estado do PR, observamos que uma redução de 25% no valor de  $\mathcal{R}_e(23)$  pode gerar uma diminuição no valor máximo de  $I(t)$  de 62%.

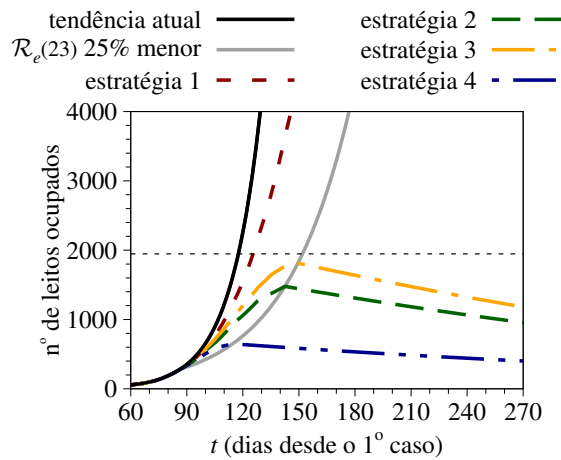
### 3.3 Estratégias de controle da ocupação de leitos

Nesta seção, propomos algumas estratégias para reduzir gradativamente o NER, a fim de evitar que o número de pacientes que necessitem de atendimento médico simultâneo exceda a capacidade de atendimento. A análise aqui apresentada foi realizada considerando os dados do estado do PR<sup>20</sup>, mas pode ser estendida a qualquer localidade.

De acordo com o boletim epidemiológico do dia 6 de ju-



**Figura 3.** Projeções para o número de infectados ativos  $I(t)$  obtidas mantendo o valor de  $\mathcal{R}_e(23)$  (linha contínua azul), aumentando em 25% o valor de  $\mathcal{R}_e(23)$  (linha tracejada preta), e diminuindo em 25% o valor  $\mathcal{R}_e(23)$  (linha traço-ponto vermelha). As porcentagens apresentadas em cada painel indicam o aumento ou a diminuição no valor máximo de  $I(t)$  em cada caso quando comparado à tendência atual.



**Figura 4.** Número de leitos ocupados em cada cenário considerado, supondo que essa quantidade será equivalente a 10% dos infectados ativos.

nho de 2020, publicado pela Secretaria da Saúde do estado do PR<sup>20</sup>, 337 pessoas estavam internadas de um total de 3970 casos ativos, ou seja, 8,5% dos infectados ativos necessitavam de acompanhamento médico. Como essa quantidade pode variar de um dia para o dia, em nossas simulações consideramos que o número de leitos ocupados em função do tempo corresponde a 10% dos infectados ativos  $I(t)$ .

A quantidade total de leitos exclusivos para pacientes com a COVID-19 no PR é representada na Fig. 4 pela linha tracejada preta, sendo esse valor correspondente a 1947 leitos, incluindo leitos de Unidades de Terapia Intensiva (UTIs) e de enfermarias<sup>20</sup>. Nessa mesma figura observamos que essa quantidade de leitos será insuficiente caso o NER atual seja mantido (linha contínua preta), ou caso esse valor diminua apenas 25% (linha contínua cinza). A diferença entre esses dois cenários encontra-se apenas no tempo que levará para que os leitos estejam totalmente ocupados. Dessa forma, propomos a seguir algumas estratégias para diminuir gradativamente o valor do NER, até que essa quantidade se torne menor que 1. As estratégias consistem em implementar medidas de contenção mais drásticas ou menos drásticas, a fim de reduzir a taxa diária de infecção  $\beta$ , sendo tais medidas tomadas em períodos maiores ou menores de tempo. Partindo do valor atual  $\mathcal{R}_e(23) = 1,92$  obtido para o estado PR, propomos as seguintes estratégias:

- estratégia 1: diminuir 5% do valor de  $\mathcal{R}_e$  a cada duas semanas até atingir  $\mathcal{R}_e < 1$ , o que ocorreria após 20 semanas;
- estratégia 2: diminuir 10% do valor de  $\mathcal{R}_e$  a cada duas semanas até atingir  $\mathcal{R}_e < 1$ , o que ocorreria após 10 semanas;
- estratégia 3: diminuir 5% do valor de  $\mathcal{R}_e$  semanalmente até atingir  $\mathcal{R}_e < 1$ , o que ocorreria após 10 semanas;
- estratégia 4: diminuir 10% do valor de  $\mathcal{R}_e$  semanal-

mente até atingir  $\mathcal{R}_e < 1$ , o que ocorreria após 5 semanas.

Os resultados obtidos a partir da implementação dessas estratégias são apresentados pelas curvas de diferentes cores na Fig. 4. Podemos observar que a estratégia 1, que consiste em atitudes mais amenas e mais demoradas, não é capaz de evitar o colapso no sistema de saúde, uma vez que o NER atingiria um valor menor que 1 somente após 20 semanas. Por outro lado, as estratégias 2, 3 e 4 são eficazes, de forma que em todas elas o pico do número de leitos ocupados não excede a oferta de leitos no estado do PR. Com essas simulações mostramos a importância da implementação precoce de medidas de contenção<sup>4</sup>, mesmo que sejam medidas simples. Quanto mais tardia for uma tomada de decisão, mais drásticas deverão ser as ações propostas.

## 4 Conclusões

Com os resultados apresentados na Seção 3, podemos concluir que o modelo SIRD, apesar da sua simplicidade, reproduz com precisão os dados do passado referentes ao número acumulado de casos confirmados e de mortes, podendo ser aplicado no estudo da disseminação da COVID-19 em determinada região. A partir do ajuste dos parâmetros do modelo SIRD, obtemos o NER para cada estado da região Sul do Brasil e verificamos que PR e RS possuem  $\mathcal{R}_e(23) > 1,6$ , de forma que o número de pessoas afetadas pela COVID-19 em ambos os estados pode continuar crescendo de forma significativa caso medidas não sejam tomadas. Esse alto valor obtido para o NER pode estar relacionado ao aumento no número de testes realizados nesses estados. Tanto no PR como no RS, uma grande quantidade de testes do tipo RT-PCR (*Reverse Transcription - Polymerase Chain Reaction*), e também dos chamados testes rápidos, tem sido realizada diariamente<sup>20,21</sup>. Essa estratégia pode trazer bons resultados no futuro<sup>3,4</sup>, desde que os indivíduos testados positivamente sejam isolados de forma adequada.

Nossas simulações também mostraram que SC é o único estado da região Sul com  $\mathcal{R}_e(23) < 1$ . A queda no valor do NER nas últimas semanas é resultado das medidas de contenção implementadas precocemente, sendo SC um dos primeiros estados brasileiros a restringir a circulação de pessoas para evitar a disseminação da doença. Com isso, o estado atualmente apresenta uma curva decrescente para o número de infectados ativos, já tendo superado o pico da epidemia. Os resultados apresentados neste trabalho mostram a importância da redução da taxa de infecção e, consequentemente, do NER. Medidas simples como usar máscara, evitar aglomerações e respeitar o distanciamento social contribuem para essa diminuição, impedindo a rápida disseminação da COVID-19.

## Agradecimentos

O autor agradece aos pesquisadores Dr. C. F. O. Mendes, Dr. C. Manchein, Msc. E. L. Brugnago e Dr. M. W. Beims pela valiosa colaboração científica.

## Referências

- World Health Organization - Coronavirus disease (COVID-2019) situation reports. <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports/> (2020).
- Beigel, J. H. *et al.* Remdesivir for the treatment of Covid-19 — Preliminary Report. *N. Engl. J. Med.* DOI: [10.1056/NEJMoa2007764](https://doi.org/10.1056/NEJMoa2007764).
- Manchein, C., Brugnago, E. L., da Silva, R. M., Mendes, C. F. O. & Beims, M. W. Strong correlations between power-law growth of COVID-19 in four continents and the inefficiency of soft quarantine strategies. *Chaos* **30**, 041102 (2020).
- Brugnago, E. L., da Silva, R. M., Manchein, C. & Beims, M. W. How relevant is the decision of containment measures against COVID-19 applied ahead of time? *arXiv:2005.01473* (2020).
- Da Silva, R. M., Mendes, C. F. O. & Manchein, C. Scrutinizing the heterogeneous spreading of COVID-19 outbreak in Brazilian territory. *medRxiv* DOI: [10.1101/2020.06.05.20123604](https://doi.org/10.1101/2020.06.05.20123604) (2020).
- Ministério da Saúde - Painel Coronavírus. <https://covid.saude.gov.br/> (2020).
- Crokidakis, N. COVID-19 spreading in Rio de Janeiro, Brazil: Do the policies of social isolation really work? *Chaos Soliton. Fract.* **136**, 109930 (2020).
- Alcantara, E. *et al.* Investigating spatiotemporal patterns of the covid-19 in Sao Paulo State, Brazil. *medRxiv* DOI: [10.1101/2020.05.28.20115626](https://doi.org/10.1101/2020.05.28.20115626) (2020).
- de Alcantara, L. R. P., Silva, L., de Almeida, A. R., Pitta, M. G. d. R. & Coutinho, A. P. Using different epidemiological models to modeling the epidemic dynamics in Brazil. *medRxiv* DOI: [10.1101/2020.04.29.20085100](https://doi.org/10.1101/2020.04.29.20085100) (2020).
- Wu, J. T., Leung, K. & Leung, G. M. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study. *The Lancet* **395**, 689 – 697 (2020).
- Fanelli, D. & Piazza, F. Analysis and forecast of COVID-19 spreading in China, Italy and France. *Chaos Soliton. Fract.* **134**, 109761 (2020).
- Piccolomini, E. L. & Zama, F. Preliminary analysis of COVID-19 spread in Italy with an adaptive SEIRD model. *arXiv:2003.09909* (2020).
- Kermack, W. O. & McKendrick, A. G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proc. R. Soc. Lond. A* **115**, 700–721 (1927).
- Daley, D. J. & Gani, J. *Epidemic Modelling: An Introduction* (Cambridge University Press, 2001).
- Kermack, W. O. & McKendrick, A. G. Contributions to the mathematical theory of epidemics. ii - the problem of endemicity. *Proc. R. Soc. Lond. A* **138**, 55–83 (1932).
- Sontag, E. D. For differential equations with  $r$  parameters,  $2r + 1$  experiments are enough for identification. *J. Nonlinear Sci.* **12**, 553 (2002).
- Mellan, T. A. *et al.* Report 21: Estimating COVID-19 cases and reproduction number in Brazil. <http://hdl.handle.net/10044/1/78872> DOI: [10.25561/78872](https://doi.org/10.25561/78872) (2020).
- Hethcote, H. W. The mathematics of infectious diseases. *SIAM Rev.* **42**, 599–653 (2000).
- Anastassopoulou, C., Russo, L., Tsakris, A. & Siettos, C. Data-based analysis, modelling and forecasting of the COVID-19 outbreak. *PLOS ONE* **15**, 1–21 (2020).
- Secretaria da Saúde - Estado do PR - Informe Epidemiológico Coronavírus (COVID-19). <http://www.saude.pr.gov.br/Pagina/Coronavirus-COVID-19> (2020).
- Secretaria da Saúde - Estado do RS - Painel Coronavírus RS. <http://ti.saude.rs.gov.br/covid19/> (2020).