

Inclusão de controle no modelo epidemiológico SIR: aplicação com dados da COVID-19

Michele M. Lopes,¹ Laécio C. Barros,²
IMECC, Unicamp - 13.083-859, Campinas/SP,

Francielle S. P. Simões,³
EPPEN, Unifesp - 06.110-295, Osasco/SP,

Maria Beatriz F. Leite,⁴
Escola Politécnica, PUC - 13.060-904, Campinas/SP,

Renata Z. G. Oliveira,⁵
IGCE, Unesp - 13.506-900, Rio Claro/SP.

Resumo. Neste trabalho apresentamos duas formas de considerar medidas de controle no modelo epidemiológico SIR. Uma forma é alterar o número total de indivíduos envolvidos na dinâmica (N), desconsiderando aqueles que devidamente se protegeram, de acordo com as medidas de controle adotadas. A segunda forma é utilizar uma norma triangular para modelar o contato entre suscetíveis e infectados. Com a t -norma de Hamacher, que possui um parâmetro auxiliar p , mostramos que é possível considerar redução no contato que gera contágio, conforme p aumenta. Apresentamos um resumo do estudo do modelo SIR com controle de acordo com cada um destes caminhos e propomos um novo estudo para analisar e compará-los, junta ou separadamente, através do método dos quadrados mínimos para ajustar dados de casos ativos da COVID-19. Na metodologia utilizada, mostramos que é vantajoso fixar um valor específico para o parâmetro de recuperação (γ). Assim, é possível analisar o modelo e interpretar os parâmetros p e N , comparando-os.

Palavras-chave: t -norma, controle, modelo SIR, COVID-19.

¹mi_martins22@hotmail.com

²laeciocb@ime.unicamp.br

³fsimoes@unifesp.br

⁴biaemiti@gmail.com

⁵renata.zotin@unesp.br

1. Introdução

Nos últimos três anos, o planeta vive uma pandemia gerada pelo coronavírus, vírus que causa a doença conhecida por COVID-19, cujo acrônimo se originou do termo em inglês “Coronavirus Disease”.

O conhecimento sobre essa doença ainda não é completo. No entanto, evidências apontam que o contágio ocorre na fase inicial dos sintomas, quando o nível de RNA viral é mais alto (Zou et al., 2020) e isso torna menor a probabilidade do contágio ocorrer no período de incubação. Além disso, há indícios de que o indivíduo que se recuperou recentemente possui ao menos um período de imunidade (Bao et al., 2020).

Existem diferentes modelos epidemiológicos utilizados para estudar a propagação da COVID-19, a fim de determinar importantes parâmetros que podem contribuir para o controle do espalhamento do vírus. Um modelo bem conhecido, proposto em 1927 por Kermack e McKendrick (1927), é o chamado modelo SIR (ver Sistema (1)).

Este modelo considera que o período de incubação é irrelevante para estudar a propagação da doença e admite que o indivíduo recuperado adquire imunidade e não mais se infecta. Diante disso, consideramos válido utilizar o modelo SIR para estudar a COVID-19, pelo menos em cada intervalo de tempo referente à uma “onda”. Como a solução de infectados I desse modelo apresenta uma forma semelhante ao de uma “onda”, o modelo é usado para estudar a curva de *casos ativos* de COVID-19.

Todavia, o modelo SIR original não considera, explicitamente, medidas de controle. Para o estudo de uma pandemia, como a de COVID-19, é fundamental considerar controle na dinâmica, tendo em vista que na vida real elas são constantemente adotadas.

Nos artigos Lopes et al. (2021) e Lopes et al. (2022) os autores mostraram que o modelo clássico SIR não apresenta bons resultados para estudar a curva de casos ativos de COVID-19 se medidas de controle não são adotadas na dinâmica. Para resolver este problema, é proposto o uso da norma triangular de Hamacher para modelar contatos entre indivíduos suscetíveis e infectados, que geram contágio. No modelo clássico, tal contato é modelado segundo a lei de ação das massas, isto é, pelo produto SI , sendo S o número de suscetíveis e I de infectados.

A t-norma de Hamacher possui um parâmetro auxiliar p , que chamamos de parâmetro de controle. É possível mostrar que quanto maior é este

parâmetro, menor é a quantidade de contatos contagiosos. Além disso, quando $p = 1$ a t-norma de Hamacher coincide com a t-norma do produto, isto é, o modelo SIR com t-norma de Hamacher generaliza o modelo SIR clássico.

Além disso, em Barros et al. (2021) medidas de controle também foram incorporadas pelos autores a partir da manipulação do número total de indivíduos envolvidos na dinâmica, N . Nos modelos sem dinâmica vital, o valor de N é constante e representa a soma de todos os indivíduos suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R).

Normalmente, N é considerado como o número de habitantes da região analisada. No entanto, ao se adotar medidas de controle, é razoável supor que o número de indivíduos que efetivamente participam da dinâmica que envolve a propagação da doença é reduzido. Neste sentido, em Barros et al. (2021), a inclusão de medidas de controle é feita considerando N como variável no início da modelagem.

No presente trabalho propomos considerar as duas formas de incluir medidas de controle (através de p e/ou N) no modelo SIR com o objetivo de analisar e comparar, junta ou separadamente, a influência desses parâmetros através de ajuste de dados. O ajuste é feito com o método dos quadrados mínimos, utilizando dados de casos ativos de COVID-19 da Alemanha, Suíça e Itália, obtidos em Worldometers Website (2020).

Na metodologia utilizada, comparamos os cenários onde a taxa de recuperação γ varia no intervalo $(0, 1]$ e onde essa taxa recebe um valor fixo. Mostramos que o valor fixo retorna melhores resultados. Vale a pena observar que no modelo SIR é possível estimar um valor para essa taxa sem conhecer os dados.

2. O modelo SIR

O modelo epidemiológico SIR é um modelo compartimental simples proposto em 1927 por Kermack e McKendrick (1927) e é amplamente utilizado para estudar a evolução de algumas doenças. Nesse modelo, a população é dividida em três compartimentos: suscetível (S), infectado (I) e recuperado (R). Indivíduos suscetíveis correspondem àqueles expostos à doença, mas ainda não infectados. Os infectados atualmente têm a doença e podem transmiti-la a um indivíduo suscetível. Indivíduos que já foram infectados, mas não estão mais infectados e ganharam imunidade, são classificados como recuperados.

Este modelo considera que o contágio ocorre a uma taxa β , de acordo com os contatos entre indivíduos infectados e suscetíveis, que são descritos pelo produto SI , de acordo com a lei de ação em massa. Além disso, considera-se que a recuperação ocorre a uma taxa γ , independentemente dos contatos. Originalmente, o modelo é dado por

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = & -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dI}{dt} = & \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) , \\ \frac{dR}{dt} = & \gamma I(t) \end{cases} \quad (1)$$

sendo $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ o número de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados, respectivamente, no instante t . O parâmetro $\beta > 0$ é a taxa de transmissão e $\gamma \in (0, 1]$ é a taxa de recuperação (Brauer e Castillo-Chavez, 2012; Edelstein-Keshet, 2005; Kermack e McKendrick, 1927).

Como o modelo (1) não possui dinâmica vital (não considera nascimentos e óbitos), existe uma constante N tal que, para todo t , $S(t) + I(t) + R(t) = N$. Neste trabalho, optamos por considerar a população proporcionalmente, ou seja, $S(t), I(t), R(t) \in [0, 1]$. Assim, temos $S(t) + I(t) + R(t) = 1$, representando 100% da população. Essa escolha se deve à facilidade de cálculo numérico e ao uso de normas triangulares, como veremos na Seção 3.

Para considerar a população em proporção, é necessária uma interpretação específica dos parâmetros em (1), que está bem descrita em Tavares (2017) e mostraremos nas subseções seguintes.

2.1. Os parâmetros do modelo SIR

A taxa de recuperação (ou taxa de remoção) γ é positiva, dada *per-capita* e por unidade de tempo, e seu inverso $\frac{1}{\gamma}$ representa o tempo médio que cada indivíduo permanece infeccioso, isto é, o tempo em que permanece no compartimento I . Por exemplo, o período de contágio da gripe é de 1 a 3 dias e, se considerarmos igual a 2 dias, temos $\gamma = \frac{1}{2}$, por indivíduo e por dia. Assim, em um dia, metade dos indivíduos infectados passa para o compartimento R , o dos recuperados (Edelstein-Keshet, 2005; Tavares, 2017).

O coeficiente de transmissão β é composto por outras duas taxas: $\beta = cb$, onde c é a taxa de contato *per-capita* e por unidade de tempo, e b é a probabilidade de que um contato gere contágio. A taxa c é constante e representa o

número de contatos de um indivíduo infectado por unidade de tempo (Tavares, 2017).

Supondo que a população tenha N indivíduos, a probabilidade desse encontro ser com um suscetível é dada por $\frac{S(t)}{N}$. Assim, cada infectado encontra (a cada unidade de tempo) $c\frac{S(t)}{N}$ indivíduos suscetíveis. Portanto, o número de novas infecções que uma única pessoa infectada produz por unidade de tempo é $cb\frac{S(t)}{N}$. Como no tempo t há $I(t)$ infectados, então o número de novas infecções em t é um total de $cb\frac{S(t)}{N}I(t) = \beta\frac{S(t)}{N}I(t)$ indivíduos. A partir dessas considerações, temos a seguinte versão do modelo SIR:

$$\begin{cases} S'(t) &= -\beta\frac{S(t)}{N}I(t) \\ I'(t) &= \beta\frac{S(t)}{N}I(t) - \gamma I(t) \\ R'(t) &= \gamma I(t) \end{cases} \quad (2)$$

Dividindo ambos os lados das equações do sistema (2) por N , obtemos:

$$\begin{cases} s'(t) &= -\beta s(t)i(t) \\ i'(t) &= \beta s(t)i(t) - \gamma i(t) \\ r'(t) &= \gamma i(t) \end{cases} \quad (3)$$

em que $s(t) = \frac{S(t)}{N}$, $i(t) = \frac{I(t)}{N}$, e $r(t) = \frac{R(t)}{N}$ (Tavares, 2017).

Note que a partir dessa forma de construir e interpretar o modelo SIR, e seus parâmetros, obtemos os modelos equivalentes (1) e (3). Isto é, é através dessa forma de apresentar o modelo SIR que obtemos um sistema em que S, I e R são proporções (s, i e r) (Tavares, 2017).

3. O modelo SIR com controle

Nesta seção vamos analisar um modelo compartimental do tipo SIR com algumas modificações para estudar a propagação da COVID-19. Como já comentado anteriormente, no modelo clássico SIR (1), segundo a lei de ação das massas, o produto SI modela o contato entre indivíduos suscetíveis e infectados. Esse produto é uma norma triangular: a t-norma do produto $T_P(S, I) = SI$. Antes de apresentar a extensão do modelo SIR com outra t-norma, apresentamos na subseção a seguir a definição de norma triangular.

3.1. Normas triangulares

O conceito de norma triangular surgiu em 1942 com o manuscrito de Karl Menger, que foi definido em espaços métricos probabilísticos. As normas triangulares generalizam o conceito de conectivos básicos entre conjuntos fuzzy (Klement et al., 2013).

Uma norma triangular T é uma operação binária $T : [0, 1] \times [0, 1] \rightarrow [0, 1]$ que satisfaz:

Condições de fronteira: $T(0, x) = 0$ e $T(1, x) = x$;

Comutatividade: $T(x, y) = T(y, x)$;

Associatividade: $T(x, T(y, z)) = T(T(x, y), z)$;

Monotonicidade: Se $x \leq u$ e $y \leq v$, então $T(x, y) \leq T(u, v)$.

Como as normas triangulares possuem mesmo comportamento qualitativo, é viável utilizar outras para modelar esse contato, ao invés da t-norma do produto. Um exemplo é a t-norma de Hamacher, dada por $T_H(S, I) = \frac{SI}{p+(1-p)(S+I-SI)}$, para $p \geq 1$.

3.2. O modelo

Se substituirmos a t-norma do produto (T_P) pela t-norma de Hamacher (T_H) no modelo (1) obtemos o novo modelo a seguir.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{p+(1-p)(S(t)+I(t)-S(t)I(t))} S(t)I(t) \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{p+(1-p)(S(t)+I(t)-S(t)I(t))} S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I(t) \end{cases}, \quad (4)$$

sendo $\gamma \in (0, 1]$, $\beta > 0$ e $p \geq 1$.

A escolha dessa t-norma se deve ao fato de ela proporcionar controle na dinâmica, como veremos na subseção a seguir. Nela, mostraremos mais detalhes sobre o parâmetro p , que chamamos parâmetro de controle. Na subseção seguinte, falaremos sobre um parâmetro que geralmente recebe pouca atenção: o parâmetro de população total da dinâmica N . Através deste parâmetro também é possível considerar as medidas de controle.

3.3. O parâmetro de controle p

A t-norma de Hamacher não é a única opção (Lopes et al., 2021, 2022, ver), mas é uma escolha interessante, pois ela generaliza a t-norma do produto e apresenta um parâmetro auxiliar (p) que pode contribuir para incluir medidas de controle na dinâmica do modelo. De fato, podemos observar que quando $p = 1$ temos $T_P(S, I) = T_H(S, I)$, retornando ao modelo clássico (1), e quando $p > 1$ temos $T_H(S, I) < T_P(S, I)$.

Mais ainda, para cada valor de $S(t)$ e $I(t)$, seja

$$g(p) = T_H(S, I) = \frac{SI}{p + (1-p)(S+I-SI)}.$$

Para $p > 1$, a função $g(p)$ é decrescente.

De fato, suponha que $p_1, p_2 \geq 1$ são tais que $p_1 < p_2$. Vamos mostrar que, para todo $t > 0$, $g(p_1) \geq g(p_2)$.

Seja $K = S + I - SI$. Queremos mostrar que

$$p_1 + (1 - p_1)K \leq p_2 + (1 - p_2)K.$$

Como $S, I \in [0, 1]$, note que $K \geq 0$, desde que

$$SI \leq S \leq S + I.$$

Mais ainda, note que $K \leq 1$, pois

$$K = S(1 - I) + I \leq (1 - I) + I = 1.$$

Assim, como $p_2 - p_1 > 0$,

$$\begin{aligned} K \leq 1 &\Leftrightarrow (p_2 - p_1)K \leq p_2 - p_1 \\ &\Leftrightarrow ((1 - p_1) - (1 - p_2))K \leq p_2 - p_1 \\ &\Leftrightarrow (1 - p_1)K \leq p_2 - p_1 + (1 - p_2)K \\ &\Leftrightarrow p_1 + (1 - p_1)K \leq p_2 + (1 - p_2)K. \end{aligned}$$

Portanto, quanto maior o valor de p , menor é a quantidade de encontros entre suscetíveis e infectados, descritos por $T_H(S, I)$.

Vale a pena observar que para utilizar uma t-norma é necessário que as funções do modelo sejam proporções, isto é, $S, I, R \in [0, 1]$. Para isso, na próxima subseção vamos falar de outro parâmetro interessante: o número total de indivíduos que participam da dinâmica, dado por N .

3.4. O parâmetro de população total da dinâmica N

O parâmetro N representa o número total de indivíduos envolvidos na dinâmica populacional. Em modelos sem dinâmica vital (isto é, que não considera nascimentos e mortes), ele é uma constante dada por $N = S + I + R$. De fato, pela formulação do modelo é fácil ver que $\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0$.

Esse parâmetro pode ser usado para normalizar os dados reais, de forma que os valores da curva da COVID-19 são divididos por ele e, assim, passam a ser apresentados como proporções. Neste trabalho fazemos isso para tornar possível a utilização de normas triangulares, que exigem que $S, I, R \in [0, 1]$.

O processo de modelagem pode ser repetido quantas vezes se desejar. Em cada um, podemos ajustar os dados utilizando um valor diferente para N . Após determinar um valor para N , ele passa a ser fixado para o restante do processo. Isto é, N é constante durante o processo, todavia, no início pode assumir valores distintos. Neste caso, tratamos ele como uma variável que, inclusive, também pode ser ajustada.

Em nossas simulações percebemos que no modelo SIR clássico, em que medidas de controle não são consideradas explicitamente, os resultados não são eficientes se consideramos o valor integral de N , isto é, se consideramos toda a população participando da dinâmica. De fato, quando os indivíduos seguem a política de restrição adotada para controle da epidemia/pandemia, apenas parte deles estão envolvidos na propagação da doença. Assim, percebemos que, ao diminuir o valor de N , melhores resultados são obtidos. Para encontrar o valor ideal de N que otimiza o ajuste de dados, tratamos esse parâmetro como variável.

Na próxima seção mostramos a metodologia utilizada para analisar o modelo (4).

4. Metodologia

Para ilustrar e analisar o modelo (4) e seus parâmetros, nós usamos ajuste de dados para descrever a curva de *casos ativos* de COVID-19 na Alemanha, Suíça e Itália. O método escolhido foi o chamado *método dos quadrados mínimos*. A forma para aplicá-lo numericamente, adaptando para o cenário dessa pesquisa, é descrito na subseção 4.1. A seguir, na subseção 4.2, justificamos a escolha por fixar o parâmetro $\gamma = 0, 1$ e, logo em seguida, a subseção 4.3 descreve a metodologia utilizada para analisar e comparar os parâmetros p

e N .

4.1. O método para ajuste de dados

O objetivo de ajustar uma curva a um conjunto de dados reais é encontrar uma função (que, no nosso caso, é a solução de um sistema) que mais se aproxima dos dados analisados. Para isso, devemos buscar o menor erro possível entre a função e os dados, ponto a ponto. Existem várias maneiras de calcular esse erro, um exemplo é através da fórmula do chamado erro quadrático médio, dada por:

$$MSE = \sum_{i=1}^n (X(t_i) - obs(t_i))^2, \quad (5)$$

em que X é a função procurada e obs é o vetor com n dados reais, ambos aplicados a cada um dos n pontos (t_i) analisados (que no nosso caso representa o tempo, em dias). O cálculo do erro através da Equação (5) para ajustar os dados caracteriza o chamado **método dos mínimos quadrados**. Este é o método escolhido para as aplicações numéricas deste trabalho.

Para utilizar este método em nossas aplicações, utilizamos o comando *fmincon* do software MATLAB. Este comando encontra o ponto mínimo de uma função, que definimos como a função que queremos minimizar: a função de erro dada por (5). Neste caso, a “variável” da função de erro a ser minimizada é o conjunto de parâmetros do modelo que propomos. Assim, através de uma estimativa inicial para este conjunto de parâmetros, o software busca outros valores que forneçam diferentes soluções do modelo até determinar aqueles que apresentam o menor valor de erro com relação aos dados reais.

Para esse processo, podemos restringir os parâmetros em intervalos específicos. Além disso, nem todos os parâmetros precisam ser variáveis, podemos definir quantos parâmetros quisermos para que tenham valor pré-fixado no processo. Caso o modelo proposto não apresente uma solução analítica, podemos encontrá-la numericamente também usando o software MATLAB.

Os dados reais utilizados são referentes à curva de casos ativos de COVID-19, obtidos em Worldometers Website (2020), pois é esta curva que é representada pela solução I do modelo (1), desde que ambas têm o formato de uma “onda”. Estudamos os dados da primeira “onda” de três países: Alemanha, Suíça e Itália.

4.2. O parâmetro recuperação γ

Para melhor justificar a metodologia, nessa subseção vamos analisar dois cenários: $\gamma \in (0, 1]$ variável e $\gamma = 0,1$ fixo, mostrando que o último é mais vantajoso. A escolha do valor $\gamma = 0,1$ decorre do fato de que no modelo SIR o tempo médio em que uma pessoa permanece infectada é dado por $\frac{1}{\gamma}$ Edelstein-Keshet (2005), que aqui consideramos equivalente a 10 dias.

Em ambos os cenários vamos determinar, juntamente com γ , os valores de β e N utilizando ajuste de dados pelo método descrito na Seção 4.1. Os resultados obtidos são mostrados na Tabela 1.

Tabela 1: Parâmetros obtidos nos cenários $\gamma \in (0, 1]$ variável e $\gamma = 0,1$ fixo.

	a) γ fixo			b) γ variável		
	β	γ	N	β	γ	N
Alemanha	0,301	0,1	259931	0,261	0,047	135549
Suíça	0,341	0,1	46529	0,316	0,061	30255
Itália	0,268	0,1	634250	1,140	0,999	23823343

Para interpretar os valores da tabela 1, primeiramente devemos nos atentar ao fato de que, geralmente, o tempo que uma pessoa permanece infectada por COVID-19 varia de 7 a 14 dias (World Health Organization, 2020a,b). Dessa forma, espera-se que $\gamma \in [0,07; 0,14]$. Todavia, no cenário com γ variável vemos que isso pode não ocorrer. Além disso, observamos que quanto maior a distância de γ do intervalo desejado, maior a variação do valor obtido para N , tornando-o menos confiável. Outra vantagem do cenário onde $\gamma = 0,1$ é fixo é a menor chance de haver erro computacional, pois neste caso há menos parâmetros para serem ajustados.

Nas figuras 1-3 são apresentadas as curvas do modelo (4) (em verde) ajustadas aos dados reais de COVID-19 (em azul). Em cada figura, a imagem do lado esquerdo (indicada por a)) se refere ao cenário em que γ é fixo, enquanto a imagem do lado direito (indicada por b)) é referente ao cenário com γ variável.

Vale a pena notar que, desde que os valores dos dados reais de COVID-19 são normalizados de acordo com N , que é uma variável, então é natural que para um mesmo país varie a escala dos valores de I (que são proporções). Além disso, é interessante observar que quanto maior o valor de N , menores são as proporções para I .

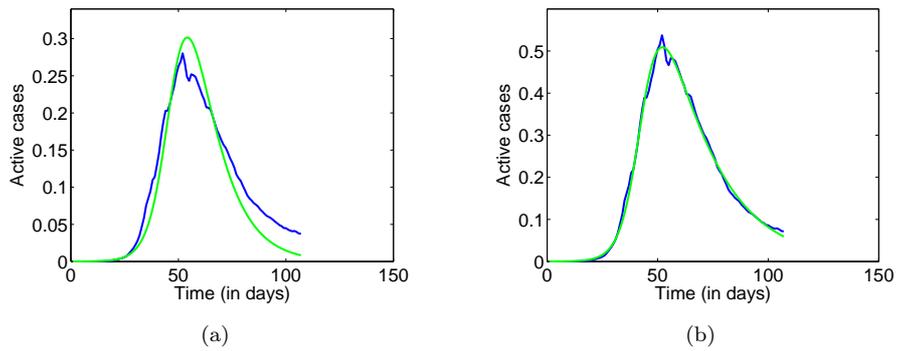


Figura 1: Solução do modelo (4) (curva verde) para descrever os casos ativos de COVID-19 (curva azul) na Alemanha nos cenários a) γ fixo e b) γ variável.

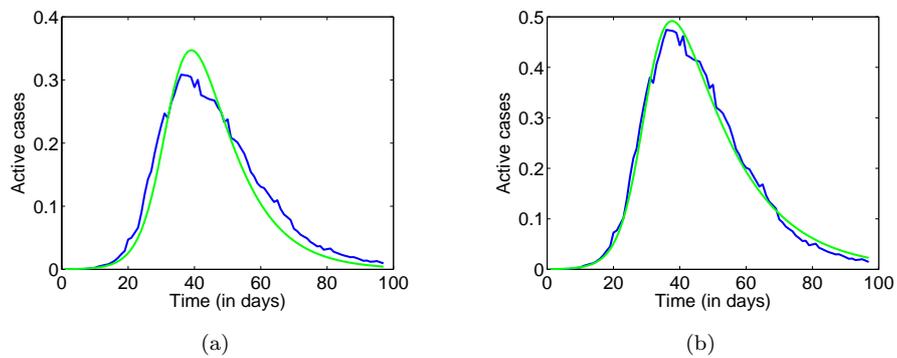


Figura 2: Solução do modelo (4) (curva verde) para descrever os casos ativos de COVID-19 (curva azul) na Suíça nos cenários a) γ fixo e b) γ variável.

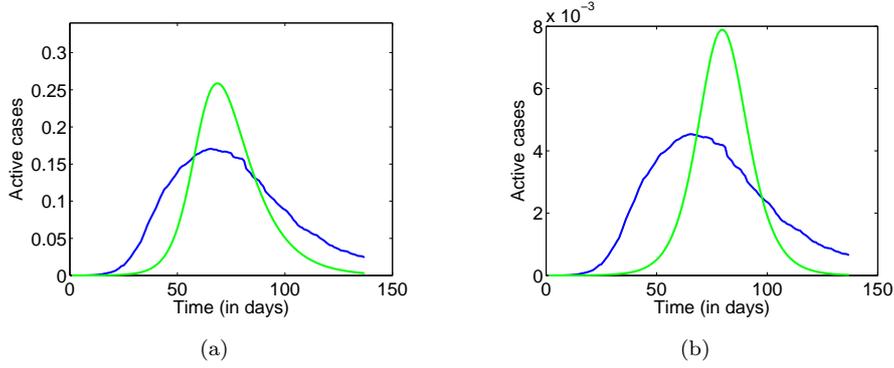


Figura 3: Solução do modelo (4) (curva verde) para descrever os casos ativos de COVID-19 (curva azul) na Itália nos cenários a) γ fixo e b) γ variável.

Observando as soluções encontradas (curvas em verde) podemos notar que, ao comparar os casos (a) e (b), apesar de ocorrer uma diferença quantitativa entre eles, qualitativamente ambos ajustam de forma adequada os dados reais. Desta forma, buscando uma análise significativa em relação aos parâmetros que podem sinalizar a eficácia de medidas de controle, optamos por trabalhar no cenário com $\gamma = 0,1$ fixo.

4.3. Análise dos parâmetros p e N do modelo (4)

Para analisar o modelo (4) e interpretar seus parâmetros, em especial os parâmetros de maior interesse, ou seja, o parâmetro de controle p e parâmetro de população total N , vamos então fixar $\gamma = 0,1$ e ajustar β com o método dos quadrados mínimos (ver Subseção 4.1). Com este mesmo método também vamos ajustar os valores de p e N seguindo dois diferentes caminhos, a fim de melhor compará-los entre si. Estes caminhos são descritos a seguir.

Método 1: Ajustar o valor de N a partir do modelo clássico (1) e usá-lo para o modelo (4), determinando p ;

Método 2: Ajustar, simultaneamente, os valores de p e N no modelo (4).

Veja que o modelo clássico (1) não considera controle e, se não utilizamos a t-norma de Hamacher para isso (o que gera o modelo (4)), uma forma de incluir medidas de controle na dinâmica é tratando N como variável. Ao reduzir

o valor original de N (número total de habitantes da região analisada), estamos desconsiderando na dinâmica aqueles que se protegeram e não propagaram a doença.

O método 1 tem como objetivo analisar o caso em que N é obtido para considerar medidas no modelo clássico (1), sem auxílio do parâmetro p . Neste cenário, quando ajustamos p no modelo (4) esperamos que ele não tenha relevância, uma vez que o controle já foi considerado de outra maneira. Ou seja, esperamos que $p \sim 1$.

O método 2, por sua vez, visa estudar o caso em que os dois parâmetros (p e N) são obtidos simultaneamente, podendo ambos terem relevância ao considerar controle na dinâmica.

5. Resultados

Nessa seção veremos os resultados obtidos para cada método descrito na subseção 4.3, a fim de analisar o modelo (4) e interpretar e comparar os parâmetros, em especial o parâmetro de controle p e o parâmetro de população total N .

5.1. Método 1

Através do método 1, determinamos o valor de N ajustando dados de COVID-19 com o modelo clássico (1). Para isso, o método de ajuste de dados descrito na Subseção 4.1 é usado. Em seguida, fixamos o valor encontrado para N e utilizamos o modelo (4) para ajustar os mesmos dados e encontrar os valores dos demais parâmetros.

Como o valor $\gamma = 0,1$ é pré-determinado, observe que ao ajustar os dados através do modelo clássico (1) encontramos, além de N , um valor para a taxa de infecção β . Ao utilizar o modelo (4), encontramos novo valor para β e, tendo N agora fixo, determinamos também um valor de p . Em resumo, com o modelo (1) determinamos valores para β e N , fixamos o valor de N e, com o modelo (4), determinamos valores para β e p .

A Tabela 2 apresenta os valores obtidos para β e N através do modelo (1), para cada país analisado, bem como os valores de β e p obtidos a partir do modelo (4) no cenário em que N é restrito e determinado de acordo com o método 1. Além disso, a fim de aumentar as ferramentas de comparação entre cenários, apresentamos nas últimas colunas da Tabela 2 valores obtidos para β

e p com o modelo (4) também, porém utilizando o valor original de N , isto é, o valor total de habitantes do país.

Consideramos os seguintes valores como originais: $N = 83 \cdot 10^6$ para Alemanha, $N = 8,5 \cdot 10^6$ para Suíça e $N = 60 \cdot 10^6$ para Itália.

Tabela 2: Valores aproximados para os parâmetros dos modelos (1) e (4).

	Modelo (1)		Modelo (4) com N restrito		Modelo (4) com N original	
	β	N	β	p	β	p
Alemanha	0,301	259931	0,307	1,4	0,354	1315
Suíça	0,341	46529	0,454	2,7	0,570	1390
Itália	0,268	634250	0,316	2,8	0,356	461

É interessante ressaltar que se também fixássemos o valor de β determinado com o modelo (1) e, então, apenas o valor de p fosse determinado com o modelo (4), os novos valores para p não seriam discrepantes desses encontrados na Tabela 2, seriam $p = 1,3$, $p = 2,1$ e $p = 1,9$, respectivamente, para a Alemanha, Suíça e Itália.

Podemos observar, então, que ao utilizarmos um valor restrito para N , fixando ou não o valor de β , o parâmetro de controle p no modelo (4) se torna praticamente desnecessário, apresentando valores $p \sim 1$. Vale a pena lembrar que para $p = 1$ e N original, retornamos ao modelo (1), cujas medidas de controle não são consideradas explicitamente.

A utilização de um valor restrito para N pode indicar a adoção de medidas restritivas, uma vez que o número de indivíduos que participam efetivamente da propagação da doença é reduzido. Isto pode indicar que, quanto mais rigorosa for a restrição da circulação de pessoas, menor a necessidade da adoção de outras medidas de controle, que potencialmente poderiam ser incorporadas ao modelo através do parâmetro p .

Por outro lado, quando utilizamos o valor original de N , vemos valores significativos para p . Isto é, podemos ver que se o controle não é considerado na dinâmica do modelo clássico (1) através de, por exemplo, alterações de N , então uma possibilidade para considerá-lo é utilizar a t-norma de Hamacher, que apresenta o interessante parâmetro p .

As Figuras 4-6 comparam a eficácia para ajuste de dados nos cenários com N restrito (indicado por a)) e com N original (indicado por b)). Podemos

ver que, se medidas de controle são consideradas na dinâmica do modelo SIR, em ambos os cenários obtemos boa descrição do fenômeno.

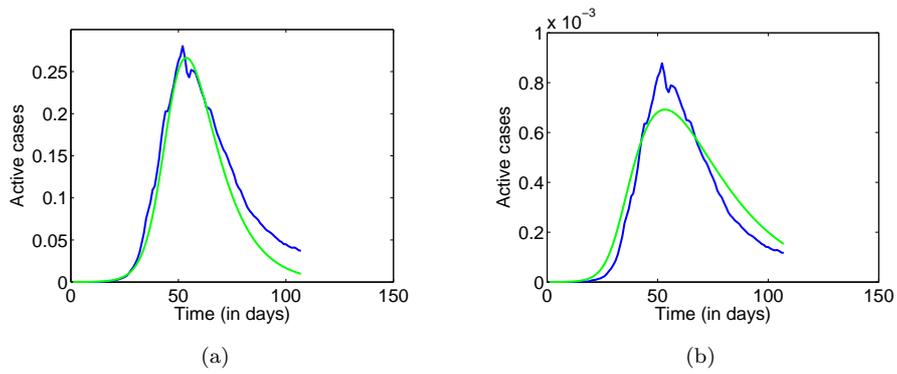


Figura 4: Solução de (4) (curva verde) para descrever os casos ativos de COVID-19 (curva azul) na Alemanha, nos cenários a) N restrito e b) N original.

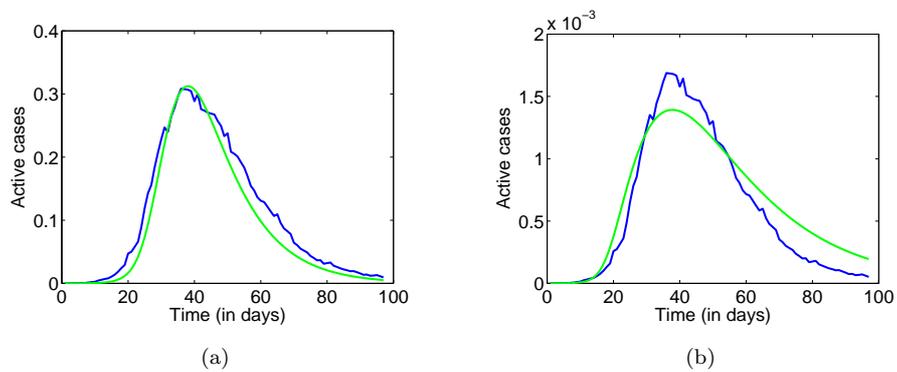


Figura 5: Solução de (4) (curva verde) para descrever os casos ativos de COVID-19 (curva azul) na Suíça, nos cenários a) N restrito e b) N original.

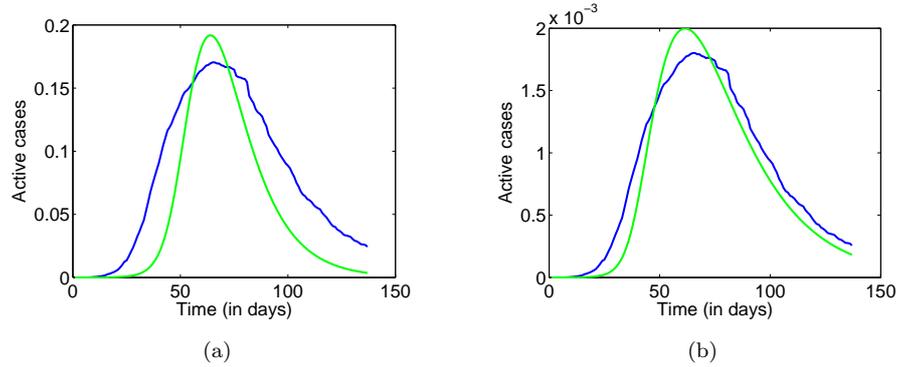


Figura 6: Solução de (4) (curva verde) para descrever os casos ativos de COVID-19 (curva azul) na Itália, nos cenários a) N restrito e b) N original.

5.2. Método 2

Através do método 2, não utilizamos o modelo clássico (1). Ajustando os dados da COVID-19, determinamos os valores de β , p e N simultaneamente, com o método descrito na subseção 4.1. A tabela 3 apresenta esses valores, para cada país analisado.

Tabela 3: Valores aproximados para os parâmetros do modelo (4).

	β	p	N
Alemanha	0,329	4,546	462275
Suíça	0,495	6,504	72728
Itália	0,352	43,875	6000000

Primeiramente, devemos enfatizar que os valores obtidos para a Itália não apresentaram convergência, tendo o valor de N permanecido igual aos chutes iniciais. Os valores apresentados neste caso foram escolhidos aleatoriamente dentre os chutes iniciais adotados.

Comparando os valores das Tabelas 2 e 3, vemos que, para cada país, o valor de p da Tabela 3 é pouco mais significativo, mas ainda não tão grande quanto no cenário de N com seu valor original (visto também na Tabela 2). Ao mesmo tempo, os valores de N são maiores do que aqueles encontrados com o modelo (1) na Tabela 2. Os resultados sugerem que quanto mais o valor de

N se aproxima do valor original (quantidade de habitantes do país), maior é a necessidade do parâmetro p , que então cresce juntamente.

As Figuras 7-9 mostram os resultados obtidos com o ajuste de dados através do método 2, para cada país. Vemos que este método, onde controle é considerado com ambos os parâmetros p e N , apresenta um ajuste melhor.

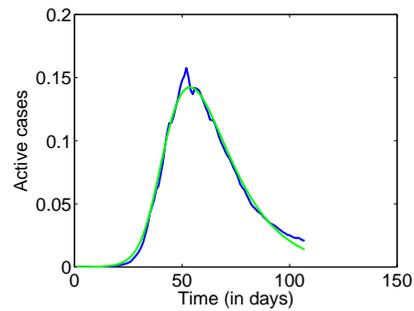


Figura 7: Solução de (4) (curva verde) para descrever os casos ativos de COVID-19 (curva azul) na Alemanha.

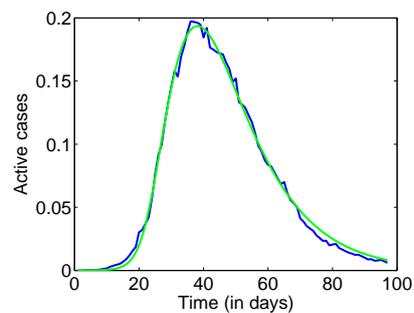


Figura 8: Solução de (4) (curva verde) para descrever os casos ativos de COVID-19 (curva azul) na Suíça.

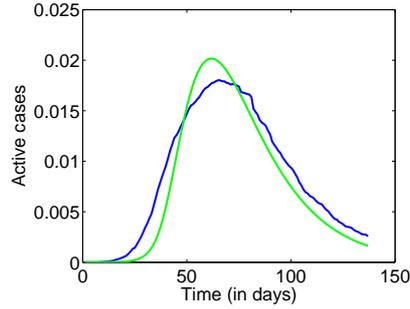


Figura 9: Solução de (4) (curva verde) para descrever os casos ativos de COVID-19 (curva azul) na Itália.

6. Conclusão

O modelo epidemiológico SIR clássico (dado pelo sistema (1)) é muito utilizado para estudar a propagação de doenças. No entanto, em determinados cenários como o de pandemia por COVID-19, onde medidas de controle são importantes na dinâmica da doença, este modelo pode ter problemas para descrever o fenômeno. Em nossas simulações percebemos que o ajuste de dados não foi eficiente enquanto não incluímos controle no processo de modelagem.

Consideramos dois possíveis caminhos para incluir as medidas de controle no modelo SIR. O primeiro foi através do parâmetro de população total N , que pode ser reduzido, considerando que a parte da população que devidamente se protegeu não participou da dinâmica. Outro caminho foi utilizar a norma triangular de Hamacher, obtendo o modelo (4). Mostramos que seu parâmetro auxiliar p , que chamamos parâmetro de controle, permite considerar redução no encontro entre indivíduos suscetíveis e infectados, diminuindo o contágio.

Neste trabalho, descrevemos ambas as metodologias e buscamos analisar e comparar esses interessantes parâmetros, p e N . Concluímos que se um deles for utilizado, os resultados já são favoráveis. Quando ambos são usados, o resultado é ainda melhor. Notamos que quanto maior a influência de um desses parâmetros, menor a influência do outro. Isso faz sentido, desde que ambos têm o mesmo propósito: incluir controle na dinâmica do modelo SIR.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, do CNPq sob números 313313/2020-2 e 314885/2021-8.

Referências

- Bao, L., Deng, W., Gao, H., Xiao, C., Liu, J., Xue, J., Lv, O., Liu, J., Yu, P., Xu, Y., e et.al (2020). Reinfection could not occur in sars-cov-2 infected rhesus macaques. Preprint disponível em: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.03.13.990226v1.full.pdf>.
- Barros, L. C., Lopes, M. M., Santo Pedro, F., Esmi, E., Santos, J. P. C., e Sánchez, D. E. (2021). The memory effect on fractional calculus: an application in the spread of covid-19. *Computational and Applied Mathematics*, 40(3):1–21.
- Brauer, F. e Castillo-Chavez, C. (2012). *Mathematical models in population biology and epidemiology*, volume 2. Springer, N. York.
- Edelstein-Keshet, L. (2005). *Mathematical models in biology*. SIAM.
- Kermack, W. O. e McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. In *Proceedings of the Royal Society of London. Series A. Containing papers of a mathematical and physical character*, volume 115.772, páginas 700–721. Royal Society of London.
- Klement, E. P., Mesiar, R., e Pap, E. (2013). Triangular norms. In *Trends in Logic*, volume 8. Springer Science & Business Media, Berlin.
- Lopes, M. M., Santo Pedro, F., Barros, L. C., Esmi, E., e Sánchez, D. E. (2021). Use of t-norm in an epidemiological model for covid-19. In *North American Fuzzy Information Processing Society Annual Conference*, páginas 253–264. Springer.
- Lopes, M. M., Simões, F. S. P., Esmi, E., e Barros, L. C. (2022). The use of triangular norms in epidemiological models: A comparative study using covid-19 data. *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, 31(5):1542–1551.

- Tavares, J. N. (2017). Modelo SIR em epidemiologia. *Revista de Ciência Elementar*, 5(2):020.
- World Health Organization (2020a). Director-general's remarks at the media briefing on 2019-ncov on 11 february 2020. Disponível em <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-media-briefing-on-2019-ncov-on-11-february-2020> (Acesso em Julho 2020).
- World Health Organization (2020b). Novel coronavirus (2019-ncov) technical guidance. Disponível em <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance> (Acesso em Julho 2020).
- Worldometers Website (2020). Coronavirus. Technical report, American Library Association. Disponível em <https://www.worldometers.info/coronavirus> (Acesso em Julho 2020).
- Zou, L., Ruan, F., Huang, M., Liang, L., Huang, H., Hong, Z., Yu, J., Kang, M., Song, Y., Xia, J., e et al (2020). Sars-cov-2 viral load in upper respiratory specimens of infected patients. *New England Journal of Medicine*, 382(12):1177–1179.