

## Um Modelo Matemático Discreto do tipo SIR aplicado à dados de casos da COVID-19 no Estado de Mato Grosso

Jocenir Aureliano de Azevedo 

✉ [jocenir.aureliano@unemat.br](mailto:jocenir.aureliano@unemat.br)

Luciana Mafalda Elias de Assis 

Faculdade de Ciências Exatas e Tecnológicas - UNEMAT/Sinop, MT, Brasil

✉ [luciana.assis@unemat.br](mailto:luciana.assis@unemat.br)

Raul Abreu de Assis 

Faculdade de Ciências Exatas e Tecnológicas - UNEMAT/Sinop, MT, Brasil

✉ [raul.assis@unemat.br](mailto:raul.assis@unemat.br)

### A Discrete Mathematical Model of the SIR type applied to COVID-19 case data in the State of Mato Grosso

#### Abstract

In this paper we present a discrete mathematical model of the SIR type in which data related to the number of cases in the State of Mato Grosso, Brazil are used to create simulations and predictions about the phenomenon of disease propagation. The model parameters were estimated using data from the scientific literature and also using the Minimum Squares Method. Among the simulations present in this work, those that estimate the impact of adherence, or not, of the population to social distancing measures and the use of masks, stand out. One of the results shows that if 70% of the population adhered to both measures, we would have the extinction of the contagion in a few months. This research had an exploratory character and its results are only indicative and do not have a conclusive character.

**Keywords:** Mathematical Modeling; Numerical Simulations; Discrete Mathematical Model; Minimum squares method.

#### Resumo

Neste artigo apresentamos um modelo matemático discreto do tipo SIR em que são utilizados dados relativos ao número de casos da COVID-19 no Estado de Mato Grosso, Brasil, para elaborar simulações e previsões sobre o fenômeno de propagação da doença. Os parâmetros do modelo foram estimados por meio de dados presentes na literatura científica e também por meio do método de ajuste por mínimos quadrados. Dentre as simulações presentes neste trabalho, destacam-se àquelas que estimam o impacto da adesão, ou não, da população às medidas de distanciamento social e do uso de máscaras. Um dos resultados mostra que se 70% da população aderisse a ambas medidas, teríamos a extinção do contágio em poucos meses. Esta pesquisa teve caráter exploratório e seus resultados servem apenas de indicativos não possuindo um caráter conclusivo.

**Palavras-chave:** Modelagem Matemática; Simulações Numéricas; Modelo Matemático Discreto; Método dos Mínimos Quadrados.

**MSC (2020):** 37M05; 37N30; 34A99.

## 1 INTRODUÇÃO

---

Dentre as muitas informações disponíveis atualmente sobre a COVID-19, bem como os dados, consideramos para o âmbito deste trabalho, informações e dados fornecidos pela Secretaria de Estado de Saúde do Estado de Mato Grosso, com um painel que fornece dados com a quantidade de casos confirmados por data de notificação [1].

As informações do Painel COVID disponível online em [1], são atualizadas pelo sistema dos hospitais do Estado e pelo sistema Indica SUS, que trata das Vigilâncias Municipais. A partir dessa ferramenta eletrônica, foram consultados e tabulados os valores referentes ao avanço da Pandemia no Estado do Mato Grosso, o que viabilizou o acesso ao quantitativo de casos confirmados e óbitos para o período considerado em nossa pesquisa.

Neste trabalho, propomos um modelo matemático discreto do tipo SIR (Suscetível-Infectado-Recuperado) que, embora não possua um caráter de inovação científica, contribui nas discussões de situações em que os indivíduos possam compreender as diferentes possibilidades presentes no surgimento de novas doenças com cenários similares ao da COVID-19.

O modelo do tipo SIR foi originalmente idealizado por McKendrick e Kermack em 1927 [2], sendo este, o primeiro modelo matemático compartimental conforme ilustrado na Figura (1), que representa como ocorre a dinâmica de uma epidemia em uma população [3], [4].

Encontramos estudos similares ao que estamos propondo aqui, como é o caso de [5], que modela dados reais da Índia e da Argélia da COVID-19 em um modelo discreto. Outros trabalhos similares que modelam dados da COVID-19 podem ser encontrados em [6], [7], [8], [9] e [10]. Em virtude a proporção da pandemia causada pela COVID-1, muitas pesquisas foram publicadas, para de algum modo, contribuir para a erradicação da doença e, em casos mais simples, contribuir para a compreensão em como minimizar a transmissão da doença por meio de medidas de biossegurança. Este artigo está organizado como segue: na Seção 2, apresentamos um modelo matemático discreto epidemiológico do tipo SIR e discutimos os significados dos parâmetros presentes no modelo. Na Seção 3 descrevemos em como os dados foram coletados e os métodos matemáticos utilizados para ajustar o modelo aos dados. Na Seção 4 descrevemos como foram realizadas as simulações numéricas do modelo ajustado aos dados. Na Seção 5 apresentamos algumas comparações entre cenários em que parte da população adere às medidas de biossegurança. Para as comparações, levamos em conta o impacto sobre o parâmetro  $p$  ajustado de acordo com a adoção das medidas de biossegurança. Finalmente, na Seção 6 fazemos nossas considerações finais.

## 2 O MODELO SIR E O SIGNIFICADO DE SEUS PARÂMETROS

---

Nesta Seção, apresentamos as equações de diferenças de um modelo do tipo SIR na forma discreta. As variáveis que se aplicam ao modelo têm por objetivo explicitar a inter-relação entre as classes (conjuntos) de indivíduos.

Por ser um modelo do tipo compartimental SIR, apresenta três estágios de propagação de uma doença infecciosa, em que, **S** corresponde aos indivíduos suscetíveis à doença, ou seja, que podem desenvolver a doença, **I** corresponde aos indivíduos infectados pela doença, sendo estes os principais agentes de propagação da doença e **R** corresponde aos indivíduos que passam do estágio de infectados para recuperados (nesta classe os indivíduos permanecem imunes por um determinado período). Vale observar que, para o modelo que apresentaremos a seguir, a população total é dada por  $N=S+I+R$ , ou seja,  $N$  corresponde à população total. Além disso, dado que o intervalo de tempo das simulações que realizaremos neste trabalho é relativamente curto (Janeiro/2020 a Maio/2021), não consideramos os efeitos de reprodução e mortalidade que não estavam relacionados com a COVID-19. Isto justifica-se no sentido de que a única população que não estaria sendo levada em conta no estudo seria a de bebês de 0 a 4 meses. O único efeito que altera o tamanho total da população é a mortalidade devido à COVID-19. Dessa forma,  $N$  não é constante e não possui dinâmica vital. Neste contexto, apresentamos o seguinte modelo:

$$\begin{aligned} S(t+1) &= S(t) - pI(t)S(t) + aR(t), \\ I(t+1) &= I(t) + pI(t)S(t) - rI(t) - \mu I(t), \\ R(t+1) &= R(t) + rI(t) - aR(t). \end{aligned} \tag{1}$$

A variável independente  $t$  correspondente ao tempo é definida em semanas. O conjunto das variáveis dependentes identifica em cada intervalo de tempo os indivíduos presentes em cada estágio da doença. Assim,  $S(t)$  e  $S(t+1)$  correspondem ao número de indivíduos suscetíveis nos instantes  $t$  e  $t+1$ , respectivamente,  $I(t)$  e  $I(t+1)$  correspondem ao número de indivíduos infectados no instante  $t$  e  $t+1$ , respectivamente e  $R(t)$  e  $R(t+1)$  correspondem ao número de indivíduos recuperados e que não podem ser infectados no instante  $t$  e  $t+1$ .

A primeira equação do sistema representa a classe de indivíduos suscetíveis no instante  $t+1$  dada por  $S(t+1)$ . O parâmetro de infecção  $p$  corresponde ao número médio de contatos por indivíduo multiplicado pela probabilidade de contágio por contato entre indivíduos. Logo, o termo  $pI(t)S(t)$  corresponde aos indivíduos que deixaram de ser suscetíveis e tornaram-se infectados pela doença. O parâmetro  $a$  corresponde à fração dos recuperados que perdem a imunidade por semana, ou seja,  $a$  está relacionado com o período de imunidade ao vírus. Assim, o termo  $aR(t)$  representa os indivíduos recuperados que perderam a imunidade e tornaram-se suscetíveis no instante  $t+1$ . Dessa forma, a primeira equação do sistema serve para representar as atualizações dos indivíduos suscetíveis em um determinado instante de tempo.

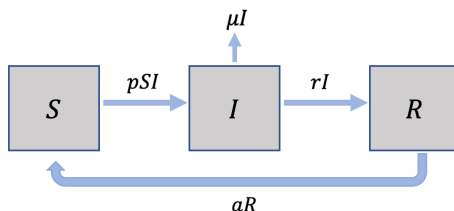
A segunda equação do sistema representa a classe de indivíduos infectados no instante  $t+1$  dada por  $I(t+1)$ . O primeiro termo  $I(t)$  corresponde aos infectados no instante anterior  $t$ , o segundo termo  $pI(t)S(t)$  corresponde aos indivíduos que eram suscetíveis e se tornaram

infectados. O terceiro termo  $rI(t)$  representa os indivíduos infectados que tornaram-se recuperados, onde o parâmetro  $r$  corresponde à fração de recuperação semanal dos indivíduos infectados. O último termo dado por  $\mu I(t)$  representa os indivíduos que deixaram a classe dos infectados devido à mortalidade, cujo parâmetro de mortalidade é dado  $\mu$ . Dessa forma, a segunda equação do sistema fornece a dinâmica do número de infectados por semana.

A terceira e última equação do sistema representa os indivíduos recuperados no tempo  $t+1$ . O primeiro termo corresponde aos recuperados no instante  $t$ , o segundo termo  $rI(t)$  representa os indivíduos que eram infectados e tornaram-se recuperados, e finalmente, o terceiro termo dado por  $aR(t)$  corresponde aos indivíduos recuperados que perderam a imunidade e tornaram-se suscetíveis.

A Figura (1), ilustra como é estruturado o nosso modelo compartimental. Observe que os indivíduos suscetíveis podem tornar-se infectados ( $pSI$ ) migrando do compartimento de suscetíveis para infectados. Neste novo compartimento, ocorrem duas situações distintas, isto é, os indivíduos podem vir a óbito ( $\mu I$ ) ou podem se recuperar migrando para o compartimento dos indivíduos recuperados ( $rI$ ). Nesta segunda situação, estes indivíduos recuperados perdem a imunidade após algum tempo migrando novamente para o compartimento dos indivíduos suscetíveis ( $aR$ ).

**Figura 1:** Esquema compartimental para o modelo SIR ilustrando como os indivíduos migram de um compartimento para outro.



Fonte: os autores (2022)

Com o objetivo de compreender as transições entre os estados dos modelo, apresentamos a seguir, o significado detalhado de cada um dos parâmetros utilizados.

**Parâmetro  $r$  (fração de recuperação semanal dos indivíduos infectados):** O parâmetro  $r$ , que corresponde a fração de recuperação semanal dos indivíduos infectados, é definido com base no resumo apresentado por [11], em que, após o início dos sintomas, a probabilidade de recuperação do vírus competente para replicação da COVID-19 é reduzida, e desse modo, o que nos interessa passa a ser o período de replicação do vírus ao qual o indivíduo infectado pode transmitir a doença. Ainda segundo [11] foi relatado em alguns adultos infectados pelo vírus que causa a COVID-19 em estado grave a recuperação do vírus competente para replicação entre 10 e 20 dias após o início dos sintomas, de modo que, para estes mesmos pacientes, foi verificado que 88% de suas amostras não produziam mais vírus competente para replicação

após 10 dias do início dos sintomas e, em 95% das amostras, o vírus deixava de se replicar após 15 dias do início dos sintomas.

Com base na informação, supomos que o tempo de recuperação é de aproximadamente três semanas em média, estabelecemos que a cada semana  $\frac{1}{3}$  dos indivíduos infectados se recuperam e deixam de ser infecciosos caso não venham a óbito. Portanto o parâmetro que representa a fração de recuperação semanal é dado por  $r = \frac{1}{3}$ .

**Parâmetro  $a$  (taxa de perda da imunização natural):** A imunidade de rebanho surge quando um vírus não pode se espalhar imediatamente, porque ele se depara com uma população que tem um nível de imunidade que reduz o número de suscetíveis à infecção. Saber se existe imunidade pós-infecção, por quanto tempo dura e o grau em que pode prevenir a reinfecção sintomática ou reduzir sua gravidade tem implicações importantes para a pandemia causada pela COVID-19 [12]. Informações atualizadas como as de [13], [11] e [12] resumem estudos sobre as respostas imunológicas e o controle imunológico da COVID-19 e as implicações para a prevenção de reinfecção.

De acordo com [11], os indivíduos recuperados desenvolvem em 90% dos casos anticorpos que evitam a reinfecção por COVID-19, indicando assim um período de imunização contra o vírus, que de um modo geral pode durar três meses ou mais. No modelo SIR o parâmetro  $a$  corresponde à fração dos recuperados que perdem a imunidade por semana, e dessa forma, o indivíduo fica sujeito a uma reinfecção causando a COVID-19.

Com base nessas informações, o que consideraremos válido para o modelo SIR é uma das evidências apresentadas por [12] sugerindo que, a presença de anticorpos foi associada a um risco substancialmente reduzido de reinfecção causando a COVID-19 nos 6 meses seguintes.

Em alusão às informações apresentadas, adotaremos um período próximo de 180 dias de imunidade ao vírus, que equivale a 24 semanas. Considerando o parâmetro  $a$ , que deve ser adequado semanalmente ( $t$ ) devemos utilizar frações correspondentes. Assim adotamos  $a = \frac{1}{24}$ . Portanto, o parâmetro  $a$  corresponde a fração de indivíduos que perderão a imunidade a cada semana. O que nos fornece os indivíduos recuperados imunizados que retornam à condição de suscetíveis no instante  $t$ , este valor é dado por  $\frac{1}{24}R_t$ .

**Parâmetro  $\mu$  (mortalidade dos indivíduos infectados):** A mortalidade total dos indivíduos infectados denotada por  $\bar{\mu}$  é obtida matematicamente por meio da razão entre o número total de óbitos e o número de infectados. Esse parâmetro dá uma ideia da gravidade da doença, pois indica o percentual de pessoas que morreram dentre os casos confirmados da doença, cujos dados são obtidos no painel interativo da [1]. Assim o valor de  $\bar{\mu}$  pode ser descrito pela equação  $\bar{\mu} = \frac{\text{Número total de óbitos por infecção}}{\text{Número total de infectados}}$ .

Observe que  $\bar{\mu}$  depende necessariamente do número de casos diagnosticados, que no caso do COVID-19, refere-se ao número de exames e diagnósticos realizados. Ao consultarmos os

dados fornecidos por [1], obtemos 405940 casos confirmados, em Mato Grosso, por COVID-19 até a data de 30 de maio de 2021. O que pode não ser um valor apropriado pois, para cada caso confirmado estima-se que existem 12 casos reais na população [14].

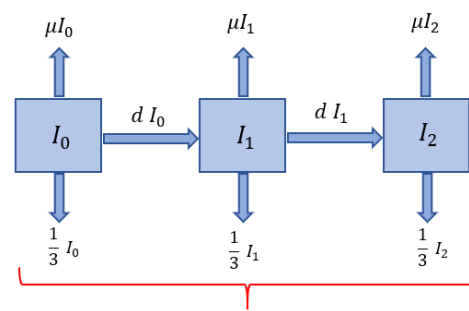
Sendo assim, considera-se para o modelo proposto um valor aproximado de 4871280 casos por COVID-19. O número de óbitos até a data citada era de 10903 e assim, obtemos  $\bar{\mu} = \frac{10903}{4871280} \approx 0,0022382207551198$ , em que será considerado o valor  $\bar{\mu} = 0,0022382208$ .

A partir da mortalidade real estimada,  $\bar{\mu}$  no período considerado leva em conta o primeiro caso confirmado desde o início da pandemia até 30 de maio de 2021 (período maior que doze meses), é que são contabilizados os casos diários. Como no caso do modelo proposto são considerados os casos semanais, sendo necessário estimar o parâmetro de mortalidade semanal  $\mu$ , pois, o avanço do tempo  $t$  adota a unidade por semana.

Como já mencionado, considera-se que, o período de infecção e transmissão da doença em um indivíduo infectado totaliza em média 21 dias. Para adequar o parâmetro a dinâmica da doença, dividimos esse período em três compartimentos  $I_i$ , onde  $i = 0, 1, 2$ . O compartimento  $I_0$  corresponde a primeira semana em que o indivíduo está infectado, e  $I_1$  e  $I_2$  correspondem as semanas dois e três de infecção, respectivamente.

Para cada semana de infecção, levamos em conta uma mortalidade  $\mu I_i$  e também o número de indivíduos que se recuperam em cada semana dado por  $\frac{1}{3} I_i$ , onde  $i = 0, 1, 2$ . Na Figura (2) apresentamos um esquema de como a mortalidade total esperada  $\mu$  é obtida. Dessa forma, o número total esperado de mortes será dado pelo número de mortes em cada compartimento semanal dividido pelo número total de infectados.

**Figura 2:** Esquema em compartimentos para representar a transição para obtenção da taxa de mortalidade, isto é, o número total de mortes durante o período de infecção distribuído em três semanas  $I_0, I_1$  e  $I_2$ . Para cada semana de infecção, consideramos a mortalidade  $\mu I_i$  e o número de indivíduos que se recuperam  $\frac{1}{3} I_i$ , onde  $i = 0, 1, 2$ .



Número esperado de óbitos:  $\bar{\mu} I_0 = \mu(I_0 + I_1 + I_2)$

**Fonte:** os autores (2022)

De um modo geral, considerando  $n \in \mathbb{Z}_+$ , uma atualização semanal ocorre levando-se em conta a retirada dos recuperados  $r I_n$  (compartimento na qual a população de infectados se encontra no instante  $n$ ), e também a retirada de ocorrências de óbitos  $\mu I_n$ . Assim, obtemos

a equação

$$I_{n+1} = I_n - \frac{1}{3}I_n - \mu I_n = I_n(1 - \frac{1}{3} - \mu) = I_n(\frac{2}{3} - \mu). \quad (2)$$

Da equação (2) obtemos  $I_1 = I_0(\frac{2}{3} - \mu) = I_0d$ , onde  $d = \frac{2}{3} - \mu$ ,  $d \in \mathbb{R}$ , corresponde aos períodos semanais estabelecidos a partir de  $I_0$ . Consequentemente, teremos  $I_1 = I_0d$  e  $I_2 = I_0d^2$ . Ao considerarmos o número de mortes denotada por  $M_1$  no período de três semanas, podemos representá-lo por  $M_1 = \bar{\mu}I_0$  e  $M_2$  no mesmo período, seja dado por  $M_2 = \mu(I_0 + I_1 + I_2)$ , da igualdade  $M_1 = M_2$  segue que,

$$\bar{\mu}I_0 = \mu(I_0 + I_1 + I_2) = \mu(I_0 + I_0d + I_0d^2) = \mu I_0(1 + d + d^2) \Rightarrow \bar{\mu} = \mu(1 + d + d^2).$$

Como  $d = \frac{2}{3} - \mu$  obtemos,  $\bar{\mu} = \mu(1 + (\frac{2}{3} - \mu) + (\frac{2}{3} - \mu)^2) = \frac{19}{9}\mu - \frac{7}{3}\mu^2 + \mu^3$ . Substituindo o valor de  $\bar{\mu}$ , obtemos a equação  $\mu^3 - \frac{7}{3}\mu^2 + \frac{19}{9}\mu = 0,0022382208$ , que ao ser resolvida, fornece o valor  $\mu = 0,0010614545$ , que representa a taxa de mortalidade semanal no modelo proposto.

**Parâmetro  $p$  (coeficiente de contágio):** Para estudarmos a dinâmica da COVID-19, devemos utilizar o parâmetro fundamental que representa a força da infecção da doença em uma população. No modelo proposto, supomos que um indivíduo infectado pode apenas infectar os indivíduos suscetíveis. A taxa de contato entre um indivíduo infeccioso ( $I_t$ ) e um suscetível ( $S_t$ ), pode ser influenciada por diversos fatores, desse modo devemos considerar a ideia de se representar por  $p$  o valor do parâmetro que influencia o termo de capacidade de infecção  $pS_tI_t$  e que determina a incidência de novos casos em determinado instante  $t$ .

Além disso, foi considerado, a partir da comparação dos valores obtidos pela simulação com os valores da amostra, a descrição que leva em consideração o valor proporcional de  $I_t$  em contato com indivíduos suscetíveis  $S_t$ , em determinado instante  $t$ .

A seguir descrevemos a forma como os dados consultados foram adequados ao modelo proposto, e também, os métodos matemáticos utilizados para a estimativa do parâmetro  $p$ .

### 3 CONSULTA DOS DADOS E MÉTODOS MATEMÁTICOS PARA ESTIMAR O PARÂMETRO $P$

A coleta de dados foi realizada por consulta de banco de dados, considerando os mecanismos utilizados pela Secretaria de Estado de Saúde de Mato Grosso. Consultamos o Painel COVID, que é um painel informativo onde são divulgadas todas as notas informativas referente à COVID-19. Os documentos são produzidos diariamente pelo Centro de Operações de Emergência em Saúde Pública de Mato Grosso (COE-MT) [1].

Um outro dado necessário para a simulação é o da quantidade de indivíduos suscetíveis ( $S$ ) no instante  $t = 0$  (inicial). Para isso, foi consultado em [15] a população total de Mato Grosso, onde até o ano de 2015 a estimativa era de aproximadamente 3.240.000 pessoas, sendo este, o número de indivíduos que utilizaremos para as simulações.

Do Painel COVID, obtemos o histórico dos casos por data de notificação, onde são fornecidos os dados em valores diários, ou seja, a quantidade de casos notificados para cada dia, considerando os valores semanais a partir de 01 de janeiro de 2020 até 25 de maio de 2021. Para cada semana (a partir da primeira), obtemos da soma dos casos contabilizados diariamente, a quantidade semanal de notificados respectivos a semana  $t$ . Para o modelo proposto considera-se que o indivíduo infectado permanece nesta condição por um tempo médio e, desse modo, utilizamos os valores acumulados por considerarmos que cada pessoa infectada permanece na condição  $I$  por três semanas. Para cada unidade de tempo  $t$  semanal consideramos  $n_t$  a quantidade de novos casos em uma semana e para os valores que consideramos casos confirmados utilizamos  $\bar{I}_t = n_{t-2} + n_{t-1} + n_t$ .

Outro fator importante a ser considerado é quando procuramos saber qual a quantidade de casos estimados em uma população. Muitos são os casos assintomáticos e há ausência de testagem da população. Estima-se que no Brasil o número real de casos foi cerca de pelo menos 11 vezes maior do que os atualmente informados [16]. Como exemplo disso, considerando o estudo apresentado sobre a estimativa e subnotificação no estado de Santa Catarina [14] esse valor pode ser bem maior. Para o modelo proposto, consideramos uma quantidade 12 vezes maior que os casos notificados, de modo que possamos fazer uma comparação aproximada. Assim, obtemos  $y_t = 12\bar{I}_t$ , que deve facilitar a utilização dos dados fornecidos no Painel Covid, pois os casos diários foram adequados às condições impostas pelo modelo. Os dados obtidos foram inseridos em uma planilha eletrônica contendo valores diários de casos confirmados. Em seguida, os dados foram agrupados por semana fornecendo as datas do fim de cada semana e também a soma dos novos casos para a respectiva semana. Isso fornece os valores semanais dos novos casos. Assim, os valores correspondentes aos dados reais em que são listados o número total de casos semanalmente são posteriormente comparados aos valores obtidos em nossas simulações numéricas. Para maiores detalhes, o leitor poderá consultar [17].

Os valores considerados como amostra dos casos confirmados por COVID-19 conforme mencionado anteriormente, ilustra as datas que representam o último dia de cada semana  $t$ . Substituímos em (1) os seguintes valores em seus parâmetros: taxa de recuperação  $r = \frac{1}{3}$ , taxa de perda de imunidade  $a = \frac{1}{24}$  e  $\mu = 0,0010614545$ . Nas simulações realizadas, os valores iniciais para as variáveis das equações do modelo (1) são dados por:  $S_0 = 3240000$  (quantidade de pessoas suscetíveis à infecção no instante inicial),  $I_0 = 492$  (quantidade inicial de infectados, isto é, corresponde aos casos acumulados de infectados da primeira semana epidemiológica considerada nesta pesquisa (01 a 07/01/2020) totalizando 41 casos. Este total foi multiplicado por 12 resultando em 492. Foram consideradas nesta pesquisa um total de 73 semanas epidemiológicas, sendo a última, a 21ª semana de 2021 (24/05/2021). Ver [1]) e  $R_0 = 0$  (quantidade de recuperados da doença).

O contágio pela doença COVID-19 depende da interação entre uma pessoa infectada e pessoas suscetíveis em uma determinada proporção. Assim, precisamos ajustar o valor do



parâmetro  $p$  de modo que o resultado dos valores simulados possam ser comparados a uma situação real, ou seja, comparados aos dados reais consultados no Painel COVID [1].

Com o objetivo inicial de compararmos  $I_t$  à quantidade de infectados dos dados reais  $y_t$  de nossa amostra, fazemos as comparações em cada instante  $t$ . Para isso, adotamos o método dos mínimos quadrados, para estimar a nossa amostra de forma simplificada [18]. Este método consiste em adotar estimadores que minimizam os desvios entre os valores estimados e os valores observados nos dados reais e fornece uma melhor aproximação para o modelo proposto. Assim, o método dos mínimos quadrados minimiza a soma dos quadrados dos resíduos, ou seja, minimiza  $E_I = \sum_{i=1}^n (I_i - y_i)^2 = \sum_{i=1}^n \mathcal{E}^2$ . Queremos minimizar  $E_I$  de modo que seja possível aproximar os valores estimados dos valores reais. Desse modo, quanto menor for o erro quadrático total, melhor será a estimativa. Isso nos sugere procurar a estimativa de  $p$  que torne mínima essa soma de quadrados [18].

O coeficiente de determinação, que pode ser denotado por  $R^2$ , é frequentemente utilizado para julgar a adequação de um modelo, em nosso caso  $R^2$  será o quadrado do coeficiente de correlação entre  $I_t$  e  $y_t$ , com intuito de quantificarmos a qualidade do ajuste dos dados pelo modelo.

## 4 ANÁLISE E RESULTADOS DAS SIMULAÇÕES NUMÉRICAS

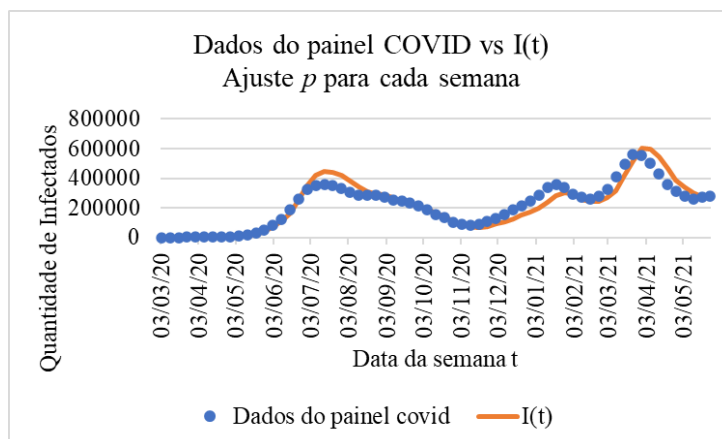
Ao utilizarmos valores que sirvam de base para uma melhor aproximação e comparação nas simulações feitas, o objetivo é tornar, o mais próximo possível, os resultados ( $I_t$ ) dos dados ( $y_t$ ). Sabemos que, no modelo proposto, o aumento dos novos casos é ajustado pelo parâmetro  $p$  no termo  $pS_tI_t$  das equações. Isto fornecerá o número de novos infectados a cada semana. Tomando a segunda equação do modelo (1) dada por  $I(t+1) = I(t) + pI(t)S(t) - rI(t) - \mu I(t)$ , ao “isolarmos”  $p$ , podemos determinar seus valores, quando dadas as variáveis

$$p = \frac{I_{t+1} - I_t(1 - \mu - r)}{I_t S_t}. \quad (3)$$

Com o objetivo de determinar, em todo o período analisado, os  $p$ 's respectivos para cada instante  $t$ , a equação (3) serve para fornecer a melhor aproximação do valor de  $p$  apropriado para o instante  $t$ . Em todas as simulações feitas, para todo o período, cada valor obtido de  $p$  é inserido nas equações do modelo (1) e posteriormente, é verificado o grau de determinação  $R^2$  em cada valor simulado.

Observamos que nas simulações realizadas considerando o parâmetro  $p_t$  variável, obtemos um ajuste significativo do modelo que representa os casos confirmados, fornecendo  $R^2 \approx 0,9118$ . O resultado das simulação do modelo e os dados coletados são apresentados na Figura (3).

**Figura 3:** Representação gráfica do ajuste de  $p$  semanal onde  $I_t$  representa os valores simulados e Dados do painel COVID ( $y_t$ ) representa a amostra comparada.



Fonte: Os autores (2022).

Para simulações em que são comparadas situações envolvendo medidas de biossegurança para o enfrentamento da Pandemia, considera-se um único parâmetro  $p$  para todo o período, com o intuito de se verificar qual o impacto de uma medida de biossegurança pode causar sobre a interação  $I \times S$ .

Quando observamos o ajuste de  $p_t$  semanal (Fig. 3), nota-se que a variação de  $p_t$  implica na variação de  $I_t$ , e a maior quantidade de novos casos de infectados está relacionada a um maior valor de  $p$ . Com isso, dentre os  $p_t$ 's obtidos, escolhemos o maior parâmetro  $p_t$  que corresponde a semana de 18/05/2021, sendo dado por  $p_{max} \approx 4,707 \cdot 10^{-7}$ , para que esse represente a maior proporção de contatos entre infectados e suscetíveis. Queremos supor, que esse parâmetro seja o que representa um maior impacto na propagação do vírus na população. Dessa forma, vamos considerar as chances de infecção que existem ao adotar ou não duas das medidas de prevenção, que são o uso de máscaras e o distanciamento social.

Para os casos em que a população, ou parte dela, adota o uso de máscaras, utilizamos o estudo apresentado por [19] em que consideram-se as distintas maneiras que o contato pode ocorrer. Os fatores de redução de contágio da doença são comparados quando avalia-se a quantidade de partículas que foram interrompidas pelos diferentes dispositivos de proteção e calcula-se os fatores de redução (RF) e as porcentagens do total de partículas inaladas em diversas configurações.

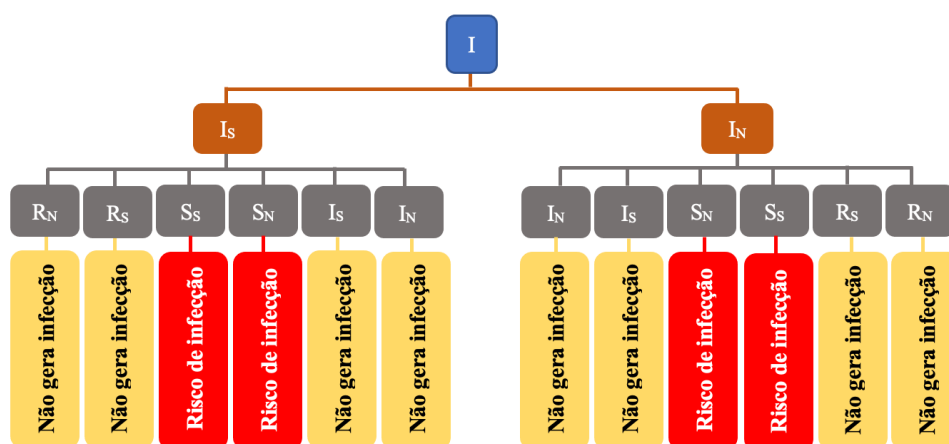
Utilizando a proteção facial pelo uso de máscaras em que foram considerados todos os tamanhos de partículas ( $\leq 0,3 \mu m$  a  $10 \mu m$ ), os fatores de redução para utilização de máscara apenas pelo receptor foram de 13,8%, ou seja, o risco de infecção atingiu 86,2% do risco sem proteção. A proteção quando usada apenas pelo emissor, teve desempenho para todos os tamanhos de partículas, com fator de redução superior a 96%, ou seja, risco de infecção de 4% do risco sem proteção. Quando a proteção dupla foi usada (máscara para receptor e emissor), o fator de redução chegou a 97,1%, isto é, o risco de infecção é de 2,9%

do risco sem proteção, para a máscara na faixa de  $0,3 - 0,5 \mu m$  [19].

Para o distanciamento social, consideramos as informações de [20] em um breve estudo que fornece resultados em que a adoção de medidas representa uma redução significativa nos contágios. Relatos de indivíduos que fizeram a adesão moderada a maior distanciamento social ( $\geq 1m$  de outros indivíduos) tiveram entre 59% e 75% menor chance de se infectar. Outro fator importante é o de menor exposição fora do domicílio (isolamento) que reduziu as chances entre 52% e 75%, em comparação com sair todos os dias durante o dia todo [20].

A interação entre os indivíduos em suas respectivas classes  $S$ ,  $I$  e  $R$  podem impactar ou não no modelo, conforme apresentado na Figura (4).

**Figura 4:** Representação em diagrama dos possíveis contatos para um indivíduo infectado.



Fonte: Os autores (2022).

Das relações entre as variáveis são descritas as seguintes notações: infectado com adesão às medidas ( $I_S$ ), infectado sem adesão às medidas ( $I_N$ ), suscetível com adesão às medidas ( $S_S$ ), suscetível sem adesão às medidas ( $S_N$ ).

Observamos que cada interação fornece uma probabilidade diferente de contágio, dependendo da condição de cada indivíduo. A Tabela (1) ilustra as possíveis formas de contato entre  $I$  e  $S$ . Para cada encontro foram estabelecidos valores  $x$ ,  $y$ ,  $z$  e  $w$  como sendo as chances de transmissão. Para modelarmos o estudo acerca da adesão ao uso de máscaras de proteção facial, propomos as seguintes condições:

- Para  $x$ : o emissor do vírus não utiliza máscara e o receptor utiliza. O fator de retenção de partículas é considerado apenas para o receptor que é de 13,8%, ou seja, a chance de se respirar uma partícula infectada podendo ocorrer a transmissão do vírus é de 86,2% do risco original ou  $x = 0,862$ .
- Para  $y$ : emissor e receptor utilizam máscara. O fator de retenção é de 97,1% logo o risco de infecção é de  $y = 0,029$  do risco original.
- Para  $z$ : observamos que tanto a emissão quanto a recepção de partículas não sofrem

nenhuma interferência, e nesse caso, as chance é de 100% ou  $z = 1$ .

- Para  $w$ : observamos que apenas o emissor utiliza a proteção, o que resulta em 96,0% na retenção de partículas, logo  $w = 0,04$ .

**Tabela 1:** Representação das chances para cada interação entre indivíduos suscetíveis e infectados, em que  $x$ ,  $y$ ,  $z$  e  $w$  correspondem às chances de infecção para cada tipo de contato. Para o uso de **máscara**, consideramos  $x = 0,862$ ,  $y = 0,029$ ,  $z = 1$  e  $w = 0,04$ .

Infectado	Suscetível	Fração da chance de infecção padrão
$I_N$	$S_S$	$x = 0,862$
$I_S$	$S_S$	$y = 0,029$
$I_N$	$S_N$	$z = 1$
$I_S$	$S_N$	$w = 0,04$

Fonte: Os autores (2022).

Para a adesão às medidas de distanciamento e isolamento, consideramos para nossas simulações a chance de infecção de 0,4 sobre o risco original para os suscetíveis, enquanto que para os infectados a chance de transmissão seja de 0,2 sobre o risco original. Consideramos esses riscos com a suposição que, quando haja adesão, essa seja simultânea ao distanciamento e isolamento. Descartando outras possibilidades obtemos os valores apresentados na Tabela (2). Considerando que cada classe de indivíduos do modelo seja dividida entre os que aderem às medidas e os que não aderem, temos que  $I = I_N + I_S$  e  $S = S_N + S_S$ .

**Tabela 2:** Representação das chances para cada interação entre indivíduos suscetíveis e infectados para o distanciamento/isolamento social, em que são apresentados os valores correspondentes às chances de infecção para cada tipo de contato.

Infectado	Suscetível	Fração do Risco Original
$I_N$	$S_S$	0,2
$I_S$	$S_S$	0,08
$I_N$	$S_N$	1
$I_S$	$S_N$	0,4

Fonte: Os autores (2022).

As representações percentuais são denotadas por:  $i_1 I = I_S$  ( $i_1$  é o percentual da população de infectados que aderem às medidas de biossegurança),  $i_2 I = I_N$  ( $i_2$  é o percentual dos infectados que não aderem),  $s_1$  (percentual dos suscetíveis ( $S_S$ ) que aderem) e  $s_2$  (percentual dos suscetíveis ( $S_N$ ) que não aderem ao uso de máscara).

Para o modelo, a quantidade de novos infectados depende de  $pSI$ , tal que,

$$\begin{aligned}
 pSI &= p(I_N + I_S)(S_N + S_S) = p(i_1 I + i_2 I)(s_1 S + s_2 S) = p(i_1 + i_2)I(s_1 + s_2)S \\
 &= (i_1 + i_2)(s_1 + s_2)pSI = (i_1 s_1 + i_1 s_2 + i_2 s_1 + i_2 s_2)pSI.
 \end{aligned}$$

Do fator  $(i_1 s_1 + i_1 s_2 + i_2 s_1 + i_2 s_2)$  podemos considerar a distribuição das chances de contágio para  $x$ ,  $y$ ,  $z$  e  $w$ . Dessa relação, podemos representar a distribuição dos valores como sendo

a soma das probabilidades de cada evento ocorrer, sendo denotado por  $c$  o valor obtido dessa variação, dado por

$$c = i_2 s_1 x + i_1 s_1 y + i_2 s_2 z + i_1 s_2 w, \quad (4)$$

cuja alteração é dada por  $cpSI$ . Da Equação (4), obtemos as equações  $c_1$  para a adesão ao uso de máscara,  $c_2$  para adesão ao distanciamento social e também, a proporção de infectados com base na adoção das medidas de prevenção do contágio da doença, variando as situações para  $i_1, i_2, s_1, s_2$  que representam o percentual de adesão de cada grupo.

Para os valores utilizados como referência para as simulações, são adicionados os valores dos  $p's$ . Um representa o melhor ajuste para o período inicial ( $p_{MQ}$ ) e o outro, a maior proporção na incidência dos novos casos ( $p_{max}$ ). Também são inseridos o número de óbitos para cada simulação, a fim de se comparar o impacto de cada parâmetro e medida. O número de óbitos é obtido pelo produto entre a taxa de mortalidade  $\mu$  e o termo  $pS(t)I(t)$  (indivíduos suscetíveis que se tornam infectados no instante  $t$ ) presente no Modelo (1). A partir deste produto  $\mu pS(t)I(t)$ , obtemos o número de óbitos correspondentes a cada instante  $t$ , cujo somatório de todos os instantes resulta no quantitativo em determinado período.

Para as comparações, utilizamos a Equação (4) onde são ajustados os valores para  $c_1$  e  $c_2$  em situações distintas. Para isso, inserimos os valores descritos de forma que, por meio das variações percentuais (adesão ou não das medidas de biossegurança) são ajustados os valores percentuais, obtendo assim,  $p = c_1 c_2 p_{max}$  que é utilizado para as simulações das equações do modelo (1).

## 5 COMPARAÇÃO DOS RESULTADOS PARA A ADESÃO ÀS MEDIDAS DE BIOSSEGURANÇA

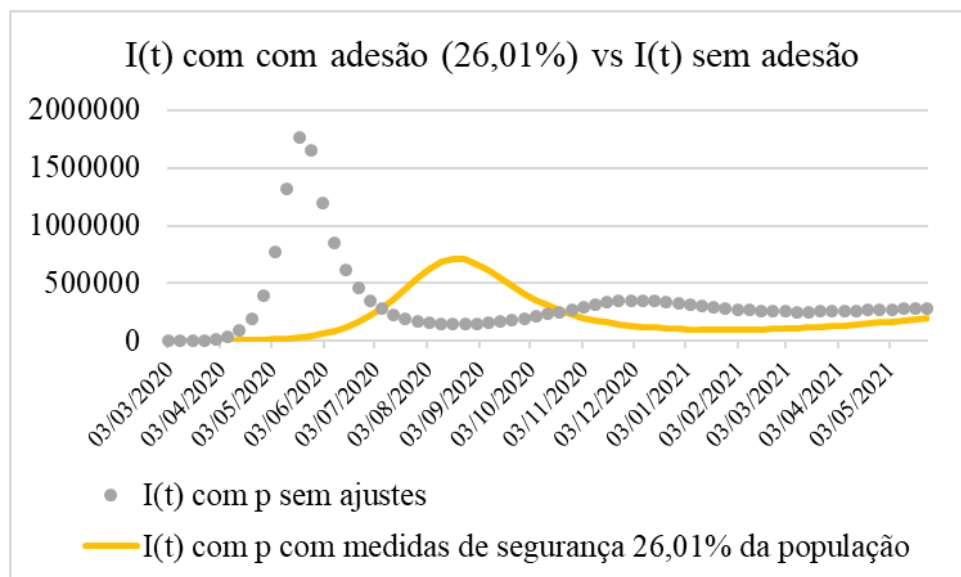
Apresentamos nesta Seção algumas comparações entre cenários em que parte da população adere às medidas de biossegurança. Em todas as simulações, consideramos  $I_0 = 816$  (número de infectados da primeira semana epidemiológica (02/03/2020) considerada em nossas simulações), e a mesma quantidade de semanas em relação aos dados obtidos do Painel COVID. Para as comparações, utilizamos como referência de maior proporção de interação entre infectados e suscetíveis o parâmetro  $p_{max} \approx 4,71 \cdot 10^{-7}$  (maior  $p$  encontrado pelo uso da equação (3)) e, na hipótese de avanço do número de infectados, é o que sofre a menor interferência de medidas de biossegurança.

São contabilizadas as quantidades de infectados e o número de óbitos. Ambos serão contrastados com as simulações em que se adotam as medidas de biossegurança. Um fator importante para as comparações que apresentaremos, são as discussões relacionadas ao “pico” da pandemia, em que o número de casos confirmados atinge o valor máximo em uma população. Assim, utilizamos o máximo de infectados para o período considerado.

**Comparação 1:** A primeira comparação tem o intuito de verificar qual a alteração sofrida em relação ao valor  $p_{max} \approx 4,71 \cdot 10^{-7}$  com o outro parâmetro obtido da aproximação  $I$  dos novos casos do Painel COVID por ajuste de mínimos quadrados no período inicial da pandemia, que denotamos por  $p_{MQ}$ , em que  $p_{MQ} \approx 2,25 \cdot 10^{-7}$ . Dessa comparação podemos supor que já no início da pandemia existia um percentual da população com alguma adesão às medidas de biossegurança no enfrentamento da Pandemia.

A Figura (5) apresenta o gráfico dessa simulação, onde os pontos nos fornecem a representação gráfica para  $I_t$  de uma simulação em que não são adotadas medidas de biossegurança. Observa-se ainda que, com a adesão de apenas 26,01% da população ao uso correto de máscara e ao distanciamento social, proporciona o “achatamento” da curva com diminuição do “pico” que passa a atingir o valor de 713448 casos na quadragésima semana, enquanto o número de casos em que não são adotadas as medidas de biossegurança é de 1767635 na data de 19/05/2020 equivalente a décima segunda semana, com a quantidade 8026 óbitos para todo o período simulado.

**Figura 5:** Comparação de  $p$  inicial entre o cenário em que não são adotadas medidas de biossegurança com 26,01% da população utilizando máscaras faciais e aderindo ao distanciamento social. Os pontos representam os valores sem a adesão ao uso de máscaras ( $p_1$ ) e a linha contínua os valores obtidos por  $(c_1c_2p_1)$ .

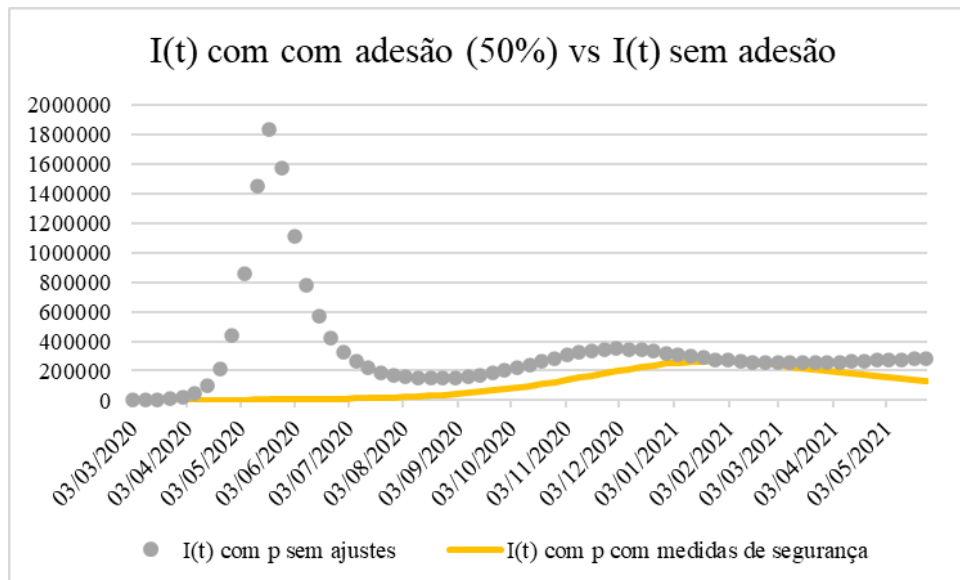


Fonte: Os autores (2022).

**Comparação 2:** Nessa simulação, levando-se em conta a intensificação da adesão ao uso de máscaras, consideramos um ajuste maior, em que 50% da população adere à medida. Para o distanciamento social optamos por manter no mesmo percentual 26,01%, pois é uma medida aplicada de acordo com o grau de risco de infecção para cada região/cidade com medidas restritivas ou não quanto à circulação de pessoas, bem como aglomerações. Portanto, para

essa comparação e para as comparações seguintes, fixamos a adesão ao distanciamento social em 26,01% e variamos apenas o percentual de adesão ao uso de máscaras.

**Figura 6:** Ilustração gráfica do impacto para  $p \approx 1,52309011 \cdot 10^{-7}$  com 50% de adesão às medidas de biossegurança (utilizando máscaras faciais).

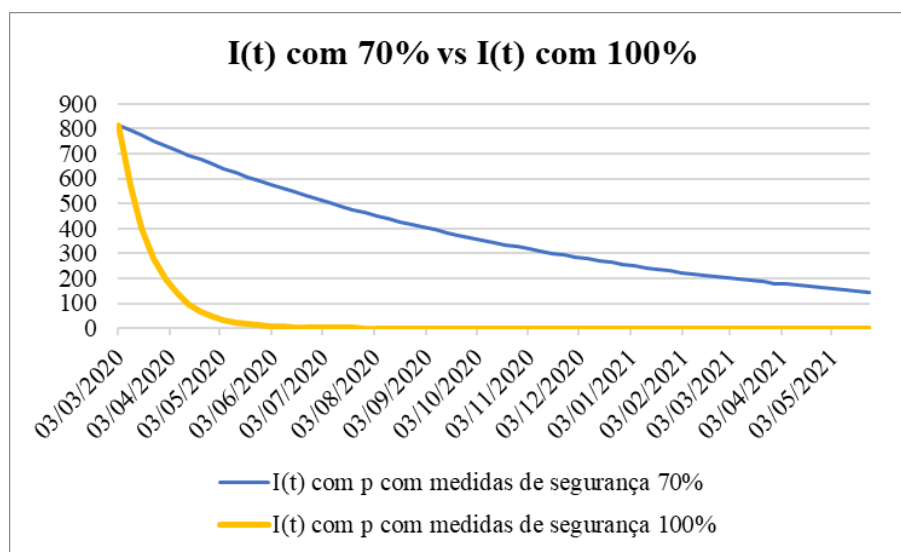


Fonte: Os autores (2022).

Dessa segunda comparação obtemos o valor  $p \approx 1,52309011 \cdot 10^{-7}$ . Nota-se uma redução mais drástica tanto na concentração do número de casos quanto na quantidade de óbitos conforme ilustrada pela Figura (6). Com a intensificação das medidas de proteção, a curva atinge um valor máximo de 246888 infectados no instante 09/02/2021 que equivale a quinquagésima semana do período considerado, com a curva em ascendência em parte do período analisado, sendo que, o número de óbitos passa a ser de 2514 para todo o período.

**Comparação 3:** Para os casos 70% e 100% que aderem a efetiva utilização de máscara, obtém-se respectivamente  $p \approx 9,3224 \cdot 10^{-8}$  e  $p \approx 1,084775 \cdot 10^{-8}$  como parâmetros para as simulações. Na Figura (7) estão representados os dois últimos casos, em que para a simulação que considera a adesão de 75% da população ao uso de máscaras, o número de novos casos decresce semanalmente, sendo que o último valor registrado para  $I(t)$  é de 98, enquanto que para 100% de adesão, zeram os novos casos na semana de 21/07/2020 e equivale a vigésima primeira semana do período. Com a quantidade de 7 óbitos para 70% de adesão, enquanto que, para a adesão maciça (100%) obtemos 0 óbitos. Esses valores quando comparados com a Figura (5), demonstram uma grande diferença nos cenários, de forma que, evidenciam em como é afetado o avanço quando adotadas as medidas de segurança.

**Figura 7:** Comparação com 70% e 100% da população utilizando máscaras faciais.



Fonte: Os autores (2022).

**Apresentação dos Resultados:** Das comparações feitas, destacamos na Tabela (3) os valores que evidenciam a relação entre a adoção de medidas de biossegurança e os resultados obtidos. São ilustrados os gráficos que fomentam discussões acerca das medidas de biossegurança.

**Tabela 3:** Apresentação dos resultados obtidos das comparações em relação à adoção de medidas de biossegurança.

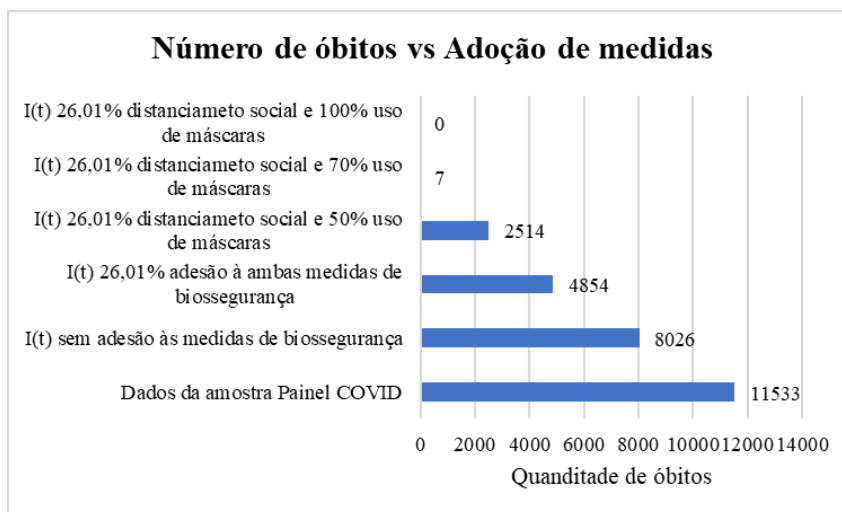
Tabela de comparação dos resultados				
Variável comparada	Parâmetro p obtido para a simulação	Número de óbitos	Valor máximo de infectados para o período	Impacto sobre o coeficiente p
Dados da amostra Painel COVID	-	11533	561408	-
I(t) sem adesão às medidas de biossegurança	0,000000470738	8026	1767635	0%
I(t) 26,01% adesão à ambas medidas de biossegurança	0,000000227591	4854	713528	52%
I(t) 26,01% distanciamento social e 50% uso de máscaras	0,000000152316	2514	246937	68%
I(t) 26,01% distanciamento social e 70% uso de máscaras	0,000000093228	7	816	80%
I(t) 26,01% distanciamento social e 100% uso de máscaras	0,00000001084828	0	816	98%

Fonte: Os autores (2022).



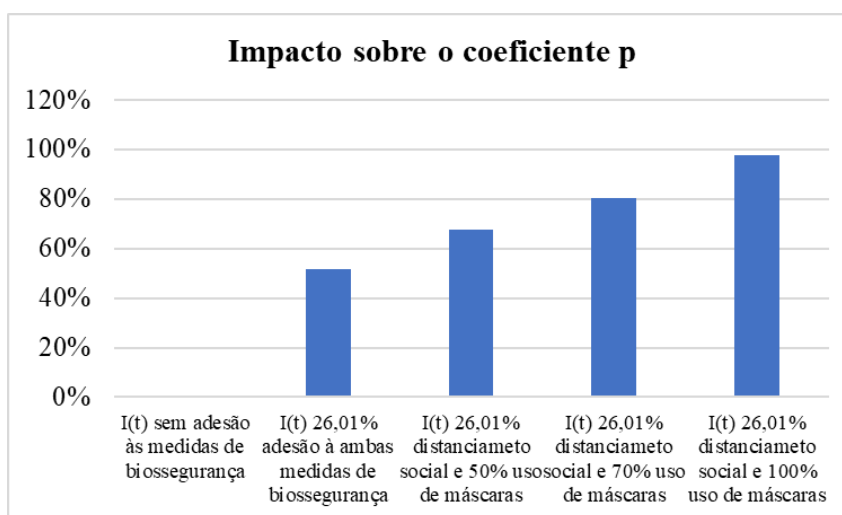
A Figura (8), ilustra a comparação dos óbitos em que são considerados os diferentes cenários simulados. Isso evidencia a relação existente entre a intensificação da adesão das medidas de biossegurança e a redução no número de óbitos. A representação e a comparação do impacto percentual sobre o coeficiente  $p$ , apresentados na Figura (9), mostra que as medidas de prevenção incidem diretamente na proporção de interação entre suscetíveis e infectados, que nesse caso impacta diretamente sobre o parâmetro.

**Figura 8:** Comparação entre os diferentes cenários simulados em que foram contabilizados os óbitos.



Fonte: Os autores (2022).

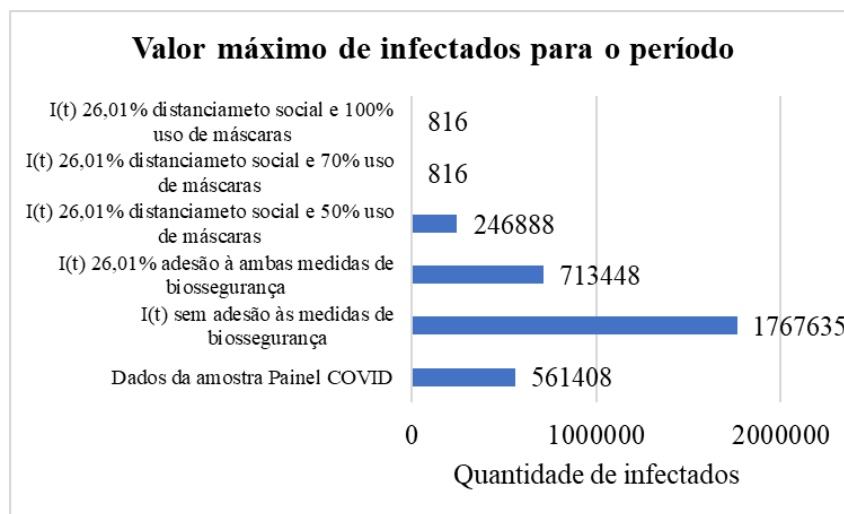
**Figura 9:** Gráfico que ilustra a redução percentual no parâmetro  $p$  de acordo com a adesão social às medidas de controle de biossegurança.



Fonte: Os autores (2022).

Também são considerados os valores máximos de infectados  $I_t$  em determinado instante  $t$ , cujos resultados podem ser comparados para que se possa analisar as situações que fomentem discussões acerca da capacidade de atendimento hospitalar e o agravamento da doença na falta do mesmo. A representação dessa comparação é ilustrada pela Figura (10).

**Figura 10:** Comparação entre diferentes cenários que levam em consideração o número máximo de infectados para o período em que o instante  $t$  atinge o valor máximo.



Fonte: Os autores (2022).

## 6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Podemos concluir com esta pesquisa, que o modelo *SIR* apresentado, proporciona o acesso às informações e conceitos que auxiliam na compreensão da Modelagem Matemática aplicada ao tema COVID-19. Isso se justifica pelo fato de facilmente ser utilizado em uma planilha eletrônica, o que permite a inserção de valores e variáveis de acordo com as demandas.

Associada às possibilidades de ajuste dos parâmetros por parte de quem utilizar o modelo, obtém-se grande diversidade de resultados que se expressam graficamente. Quando observamos os resultados apresentados onde são comparados os diferentes cenários, notamos que, o aumento no percentual de adesão às medidas de biossegurança causam um impacto na quantidade de óbitos e número de infectados. Os resultados apresentados mostram que a adesão maciça às medidas de biossegurança implica na extinção dos novos casos, o que reflete a importância das medidas de prevenção da doença. Além disso, buscamos, hipoteticamente, mostrar quais os parâmetros influenciam diretamente sobre o avanço do contágio de uma doença infectocontagiosa. Mostramos que o parâmetro  $p$ , é o que evidencia qual o grau de infecção em uma população em determinado período, bem como, qual o melhor ajuste que se pode obter, para comparar o modelo proposto aos dados reais do histórico da pandemia causada pelo *coronavírus*. Também fica evidente que a diminuição percentual do parâmetro  $p$  pode “achatar” o pico de infecção em uma população.

Finalmente, como principais recomendações para trabalhos futuros, destacam-se necessários: o avanço da discussão do ajuste do modelo, utilizando métodos que evidenciem o grau de confiabilidade das simulações e relações dos parâmetros quando comparado a uma situação real, explorando diferentes recursos e linguagens computacionais que favoreçam as simulações.

## REFERÊNCIAS

---

- [1] SES, Secretaria de Estado de Saúde de Mato Grosso, “Painel Informativo COVID-19,” 2021. <http://www.saude.mt.gov.br/painelcovidmt2/> Acesso em: 09/05/2021.
- [2] W. Kermack, A. McKendrick, “A contribution to the mathematical theory of epidemics,” in *Proceedings of the Royal Society of London, Series A, Mathematical and Physical Sciences*, vol. 115, no. 772, pp. 700-721, 1927.
- [3] O. Diekmann, J. A. P. Heesterbeek. *Mathematical Epidemiology of infectious diseases: model building, analysis and interpretation*, England, John Wiley and Sons Ltda, 2000.
- [4] Z. Ma, “Some Recent Results on Epidemic Dynamics Obtained by Our Group,” in *Modeling and Dynamics of Infectious Diseases*, Z. Ma, Y. Zhou and J. Wu, Eds. Series in Contemporary Applied Mathematics, Vol. 11. Beijing and World Scientific; Singapore: Higher Ed. Press, 2009; pp. 1–35. [https://doi.org/10.1142/9789814261265\\_0001](https://doi.org/10.1142/9789814261265_0001)
- [5] T. Sitthiwirattam, A. Zeb, S. Chasreechai, Z. Eskandari, M. Tilioula and S. Djilali, “Analysis of a discrete mathematical COVID-19 model,” *Results in Physics*, vol. 28, p. 104668, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.rinp.2021.104668>
- [6] L. M. E. Assis, A. Mendonça and R. A. Assis, “Ajuste de curvas utilizando dados do coronavírus COVID-19 e sistemas dinâmicos discretos,” *Biomatemática*, vol. 30, pp. 93-110, 2020.
- [7] P. R. Zingano. *Observações sobre previsões da evolução da COVID-19 por modelos matemáticos*. Instituto de Matemática e Estatística, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2020. [https://www.ufrgs.br/ime/wp-content/uploads/2020/04/Evolu%C3%A7%C3%A3o\\_da\\_Covid1-1.pdf](https://www.ufrgs.br/ime/wp-content/uploads/2020/04/Evolu%C3%A7%C3%A3o_da_Covid1-1.pdf)
- [8] T. A. Mellan, H. H. Hoeltgebaum, S. Mishra, C. Whittaker, R. P. Schneckenberg, A. Gandy, H. J. T. Unwin, M. A. C. Vollmer, H. Coupland, I. Hawryluk, N. R. Faria, J. Vesga, H. Zhu, M. Hutchinson, O. Ratmann, M. Monod, K. Ainslie, M. Baguelin, S. Bhatia, A. Boonyasiri, N. Brazeau, G. Charles, L. V. Cooper, Z. Cucunuba, G. Cuomo-Dannenburg, A. Dighe, B. Djaafara, J. Eaton, S. L. van Elsland, R. FitzJohn, K. Fraser, K. Gaythorpe, W. Green, S. Hayes, N. Imai, B. Jeffrey, E. Knock, D. Laydon, J. Lees, T. Mangal, A. Mousa, G. Nedjati-Gilani, P. Nouvellet, D. Olivera, K. V. Parag, M. Pickles, H. A. Thompson, R. Verity, C. Walters, H. Wang, Y. Wang, O. J. Watson, L. Whittles, X. Xi, L. Okell, I. Dorigatti, P. Walker, A. Ghani, S. Riley, N. M. Ferguson, C. A. Donnelly, S. Flaxman and S. Bhatt, *Estimating COVID-19 cases and reproduction number in Brazil*, **Report 21**, Imperial College London, May/2020. <https://doi.org/10.25561/78872>
- [9] A. El Bhih, Y. Benfatah, A. Kouidere and M. Rachik, “A discrete mathematical modeling of transmission of COVID-19 pandemic using optimal control,” *Communications in Mathematical Biology and Neuroscience*, 2020, Artigo ID 75. <https://doi.org/10.28919/cmbn/4780>
- [10] G. B. Almeida, “Aplicação de modelos matemáticos em pandemias: um estudo de comportamento epidemiológico a partir da Covid-19,” Tese de doutorado do Programa de Pós-Graduação em Doenças Tropicais, Faculdade de Medicina de Botucatu, Universidade Estadual Paulista Júlio Mesquita Filho, 2022.
- [11] CDC, Centers for Disease Control and Prevention, “Interim Guidance on Ending Isolation and Precautions for Adults with COVID-19,” 2021. <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/hcp/duration-isolation.html#print> Acesso em: 24/04/2021.
- [12] S.F. Lumley, D. O'Donnell, N.E. Stoesser, P.C. Matthews, A. Howarth, S.B. Hatch, B.D. Marsden, S. Cox, T. James, F. Warren, L.J. Peck, T.G. Ritter, Z. de Toledo, L. Warren, D. Axten, R.J. Cornall, E.Y. Jones, D.I. Stuart, G. Screatton, D. Ebner, S. Hoosdally, M. Chand, D.W. Crook, A.-M. O'Donnell, C.P. Conlon, K.B. Pouwels, A.S. Walker, T.E.A. Peto, S. Hopkins, T.M. Walker, K. Jeffery, and D.W. Eyre, “Antibody status and incidence of SARS-CoV-2 infection in health care workers,” *New England Journal of Medicine*, vol. 384, no. 6, pp. 533-540, 2021. <http://dx.doi.org/10.1056/NEJMoa2034545>

- [13] D. Cromer, J. A. Juno, D. Khoury, A. Reynaldi, A. K. Wheatley, S. J. Kent and M. P. Davenport, "Prospects for durable immune control of SARS-CoV-2 and prevention of reinfection," vol. 21, no. 6, pp. 395-404, 2021. <https://doi.org/10.1038/s41577-021-00550-x>
- [14] A. L. Nogueira, C. L. Nogueira, A. W. Zibetti, N. Roqueiro, O. Bruna-Romero and B. A. M. Carciofi, "Estimativa da subnotificação de casos da covid-19 no estado de Santa Catarina," Notícias UFSC, Florianópolis, 2020. Disponível em: <https://noticias.paginas.ufsc.br/files/2020/05/aqui.pdf>
- [15] IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, "Cidades Panorama," 2021. <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/mt/panorama> Acesso em: 03/01/2021.
- [16] M. B. Prado, B. B. P. Antunes, L. S. L. Bastos, I. T. Peres, A. A. B. da Silva, L. F. Dantas, F. A. Baião, P. Maçaira, S. Hamacher and F. A. Bozza, "Análise da subnotificação de COVID-19 no Brasil," Revista Brasileira de Terapia Intensiva (online), 2020. <https://doi.org/10.5935/0103-507X.20200030>
- [17] J. A. Azevedo, "Um modelo matemático discreto do tipo SIR aplicado à COVID-19 e considerações sobre o uso da Modelagem Matemática no Ensino Médio," Dissertação de Mestrado do Programa de Pós-Graduação Profissional em Matemática - PROFMAT, Matemática, Universidade Estadual de Mato Grosso, 2021.
- [18] P. A. Morettin, W. O. Bussab. *Estatística básica*, Saraiva Educação SA, São Paulo, 2004.
- [19] J.-M. Wendling, T. Fabacher, P.-P. Pébaÿ, I. Cosperec, and M. Rochoy, "Experimental efficacy of the face shield and the mask against emitted and potentially received particles," *International Journal of Environmental Research and Public Health*, vol. 18, no. 4, p. 1942, 2021. <https://doi.org/10.3390/ijerph18041942>
- [20] M. R. Gonçalves, R. C. P. dos Reis, R. P. Tólio, L. C. Pellanda, M. I. Schmidt, N. Katz, S. S. Mengue, P. C. Hallal, B. Lessa Horta, M. F. Silveira, R. N. Umpierre, C. G. Bastos-Molina, R. S. da Silva and B. B. Duncan, "Social Distancing, Mask Use and the Transmission of SARS-CoV-2: A Population-Based Case-Control Study," SSRN - *Preprints with Lancet*, 2020. <https://dx.doi.org/10.2139/ssrn.3731445>

## BREVE BIOGRAFIA

---

**Jocenir Aureliano de Azevedo**  <https://orcid.org/0000-0002-3942-0948>

Graduado em Licenciatura em Matemática pela Universidade do Estado de Mato Grosso e Mestre em Matemática pelo Programa de Mestrado Profissional em Rede Nacional – Profmat pela Universidade do Estado de Mato Grosso.

**Luciana Mafalda Elias de Assis**  <https://orcid.org/0000-0002-7247-0429>

Possui doutorado em "Sistemas Complexos para as Ciências da Vida" na Universidade de Estudos de Torino - Itália, com ênfase em Matemática Aplicada. Atualmente é Professora associada na Faculdade de Ciências Exatas e Tecnológicas da Universidade do Estado de Mato Grosso. Tem experiência na área de Matemática, com ênfase em Álgebra e Matemática Aplicada.

**Raul Abreu de Assis**  <https://orcid.org/0000-0002-0473-9211>

Possui doutorado em Matemática Aplicada pela Universidade Estadual de Campinas e Pós-doutorado pela Universidade de Estudos de Torino (UNITO) na Itália. Atualmente é professor associado na Faculdade de Ciências Exatas e Tecnológicas da Universidade do Estado de Mato Grosso. Tem experiência na área Matemática Aplicada, com ênfase em Biomatemática, atuando principalmente nos seguintes temas: dinâmicas evolutivas, modelos de evolução e equações diferenciais.