



Revista de Epidemiologia e Controle de Infecção

ISSN: 2238-3360

jorgesc@unisc.br

Universidade de Santa Cruz do Sul

Brasil

Santos, Antonia Lisboa dos; Rodrigues, Leonardo Rogerio da Silva
Modelo epidemiológico para construção de cenários da disseminação da COVID-19 em Codó-MA
Revista de Epidemiologia e Controle de Infecção,
vol. 13, núm. 1, 2023, Janeiro-Março, pp. 28-35
Universidade de Santa Cruz do Sul
Santa Cruz do Sul, Brasil

DOI: <https://doi.org/10.17058/reci.v13i1.17853>

Disponível em: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=570475873005>

- Como citar este artigo
- Número completo
- Mais informações do artigo
- Site da revista em redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Informação Científica Redalyc

Rede de Revistas Científicas da América Latina e do Caribe, Espanha e Portugal

Sem fins lucrativos acadêmica projeto, desenvolvido no âmbito da iniciativa
acesso aberto

ARTIGO ORIGINAL

Modelo epidemiológico para construção de cenários da disseminação da COVID-19 em Codó-MA

Epidemiological model for the construction of scenarios of the dissemination of COVID-19 in Codó-MA

Modelo epidemiológico para la construcción de escenarios de la diseminación del COVID-19 en Codó-MA

Antonia Lisboa dos Santos¹ ORCID 0000-0003-0118 9266

Leonardo Rogerio da Silva Rodrigues¹ ORCID 0000-0002-1442 5582

¹Universidade Federal do Maranhão (UFMA), Codó, MA, Brasil

Endereço: Av. Dr. José Anselmo, 2008, Codó - MA.

E-mail: antonia.lisboa@discente.ufma.br

Submetido: 22/08/2022

Aceito: 28/11/2022

RESUMO

Justificativa e objetivos: devido ao aumento do número de casos do novo coronavírus na cidade de Codó-MA, viu-se a necessidade para fazer um estudo sobre a propagação da COVID-19 no município para a ter melhor conhecimento e entendimento do problema. Foi realizado um estudo sobre a disseminação da COVID-19 na cidade de Codó-MA, sendo comparados os dados quantitativos dos números de casos nos anos de 2020 e 2021 entre os meses de maio e julho e utilizando o modelo epidemiológico Suscetíveis-Infecciosos-Isolados-Recuperados (SIQR). **Métodos:** coletamos os dados diários dos boletins epidemiológicos disponibilizados pela Secretaria Municipal de Saúde de Codó (SEMUS-Codó), escolhemos o modelo compartimental SIQR para a realização das simulações, supomos hipóteses e estimamos os parâmetros para podermos projetar os cenários. Simulamos cenários, tais como distanciamento social dos indivíduos sadios e isolamento social dos indivíduos infectados. **Resultados:** no início de 2020, os casos aumentaram com mais frequência do que no início de 2021, e aproximadamente 20% dos infectados estavam em isolamento social. De acordo com as projeções, mais de 80% dos casos de COVID-19 não foram contabilizados em Codó. Em 2021, houve maior subnotificação do que em 2020, aproximadamente 82% e 85%, respectivamente. **Conclusão:** a partir dos resultados, os autores concluem que o isolamento social dos infectados

é um método mais eficiente para conter uma epidemia do que o bloqueio total da população e que o alto número de casos subnotificados são porque a maioria desses casos são assintomáticos.

Descritores: COVID-19. Distanciamento Físico. Sub-Registro. Isolamento Social. Morbidade.

ABSTRACT

Background and objectives: due to the increase in the number of cases of the new coronavirus in the city of Codó-MA, there was a need to carry out a study on the spread of COVID-19 in the municipality in order to have a better knowledge and understanding of the problem. A study was carried out on the spread of COVID-19 in the city of Codó-MA, comparing the quantitative data on the number of cases in 2020 and 2021 between May and July and using the epidemiological model Susceptible-Infectious-Isolated-Recovered (SIQR). **Methods:** we collected daily data from the epidemiological bulletins made available by the Municipal Health Department of Codó (SEMUS-Codó), we chose the SIQR compartmental model to carry out the simulations, we assumed hypotheses and estimated the parameters in order to design the scenarios. We simulated scenarios such as social distancing of healthy individuals and social isolation of infected individuals. **Results:** in early 2020, cases increased more frequently than in early 2021, and approximately 20% of those infected were in social isolation. According to projections, more than 80% of cases of COVID-19 were not accounted for in Codó. In 2021, there was greater underreporting than in 2020, approximately 82% and 85%, respectively. **Conclusion:** from the results, the authors conclude that the social isolation of those infected is a more efficient method to contain an epidemic than the total blockade of the population and that the high number of underreported cases is because most of these cases are asymptomatic. **Keywords:** COVID-19. Physical Distancing. Sub-Registration. Social Isolation. Morbidity.

RESUMEN

Antecedentes y objetivos debido al incremento en el número de casos del nuevo coronavirus en la ciudad de Codó-MA, surgió la necesidad de realizar un estudio sobre la propagación del COVID-19 en el municipio con el fin de tener un mejor conocimiento y comprensión de el problema. Se realizó un estudio sobre la propagación del COVID-19 en la ciudad de Codó-MA, comparando datos cuantitativos del número de casos en 2020 y 2021 entre mayo y julio y utilizando el modelo epidemiológico Susceptible-Infeccioso-Aislado-Recuperado (SIQR). **Métodos:** recolectamos datos diarios de los boletines epidemiológicos que pone a disposición la Secretaría Municipal de Salud de Codó (SEMUS-Codó), elegimos el modelo compartimental SIQR para realizar las simulaciones, asumimos hipótesis y estimamos los parámetros para poder diseñar los escenarios. Simulamos escenarios como el distanciamiento social de personas sanas y el aislamiento social de personas infectadas. **Resultados:** a principios de 2020, los casos aumentaron con más frecuencia que a principios de 2021, y aproximadamente el 20% de los infectados se encontraban en aislamiento social. Según proyecciones, en Codó no se contabilizaron más del 80% de los casos de COVID-19. En 2021 hubo mayor subregistro que en 2020, aproximadamente 82% y 85%, respectivamente. **Conclusión:** de los resultados, los autores concluyen que el aislamiento social de los contagiados es un método más eficiente para contener una epidemia que el bloqueo total de la población y que el alto número de casos subregistrados se debe a que la mayoría de estos casos son asintomáticos. **Palabras clave:** COVID-19. Distanciamiento Físico. Sub-Registro. Aislamiento Social. Morbosidad.

INTRODUÇÃO

A humanidade já passou por várias epidemias e, no final de 2019, na cidade de Wuhan, China, surgiu uma nova doença infecciosa viral que foi designada pela Organização Mundial de Saúde (OMS) como COVID-19, causada por um vírus chamado coronavírus *Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 of the Genus Betacoronavirus* (SARS-CoV-2). Com pouco tempo, o vírus se espalhou pelo mundo todo e, no início de março de 2020, já era considerada uma pandemia.

Devido à sua rápida transmissão, logo apareceu o primeiro caso confirmado no Brasil, em São Paulo, no dia 26 de fevereiro, com um homem de 61 anos que tinha um histórico de viagens para a Itália.¹ Após a confirmação do primeiro caso, novos casos foram aparecendo por todos os estados do país. O ministério da saúde recomendou medidas básicas de higiene, como lavar as mãos com água e sabão e cobrir a boca e o nariz ao tossir ou espirrar para evitar a contaminação. No Maranhão, o primeiro caso foi confirmado no dia 20 de março pela Secretaria Estadual de Saúde (SES) na cidade de São Luís. Com a doença se espalhando por todo o território, logo Codó teve seu primeiro caso confirmado em 21 de abril de 2020, e, desde então, os números só aumentaram na cidade.²

Respectivo à rápida propagação do vírus, vários estudos foram realizados para entender como ocorre sua disseminação e, consequentemente, encontrar medidas que ajudem a controlar e conter sua transmissão.³⁻⁷ Uma das ferramentas mais utilizadas para esse tipo de trabalho são os modelos matemáticos, que se tornaram instrumentos importantes na análise da propagação e controle de doenças infecciosas. Esses modelos são estratégias utilizadas para obtermos algumas explicações e entendimento de situações reais, prevendo questões importantes, como mudanças causadas por intervenções na disseminação de doenças.⁸⁻¹⁰

Muitos trabalhos foram realizados com essa mesma proposta, no entanto cada cidade tem sua própria realidade populacional, cultural, social e econômica. Esses fatores contribuem para a propagação de uma doença; posto isso, buscamos realizar um estudo da cidade com nossa realidade local que, desde o primeiro caso confirmado de COVID-19, os números cresceram rapidamente. Como é uma doença nova, desconhecida e muitos casos não são graves, a população muitas vezes não toma as devidas precauções. Portanto, viu-se a necessidade para fazer um estudo sobre a propagação da COVID-19 na cidade de Codó para ter melhor conhecimento e entendimento acerca dos problemas causados pela doença e alertar a população para que todos possam tomar as devidas precauções, seja ela através de vacinas ou de medidas de proteção. Espera-se também que esta pesquisa possa fornecer dados aos órgãos de saúde do

município e que, por meio dessas informações, auxilie as autoridades administrativas a adotarem as melhores estratégias de controle e erradicação do vírus.

O objetivo desta pesquisa foi realizar um estudo sobre a disseminação da COVID-19 na cidade de Codó-MA e comparar o quantitativo dos números de casos nos anos de 2020 e 2021 entre os meses de maio e julho utilizando o modelo epidemiológico Suscetíveis-Infecciosos-Isolados-Recuperados (SIQR).

MÉTODOS

O local de estudo escolhido foi a cidade de Codó situada no leste do estado do Maranhão, com uma população estimada (2021) em cerca de 123.368 habitantes, segundo Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE).¹¹ O período que começaram a surgir casos com mais frequência foi a partir do mês de maio de 2020, portanto, foram escolhido os meses de maio a julho de 2020 e de 2021 para serem feitas as comparações.

Todos os dados coletados dos boletins diários são de domínio público e foram encontrados em redes sociais, como Facebook® e Instagram®, através da página oficial da Secretaria Municipal de Saúde de Codó (SEMUS-Codó), que contém as informações dos casos acumulados confirmados, suspeitos, recuperados e mortos desde o início da pandemia. Com esses dados, aplicamos o modelo epidemiológico SIQR para compararmos as principais mudanças nos números de casos que ocorreram em um período de um ano.

O modelo utilizado foi o modelo epidemiológico SIQR. O modelo SIQR é uma extensão do modelo SIR, e divide a população em quatro compartimentos que indicam a situação de cada indivíduo em relação ao desenvolvimento da doença em cada unidade de tempo (t), sendo eles: (S) indivíduos suscetíveis a serem contaminados; (I) indivíduos que foram infectados e podem transmitir a doença aos suscetíveis; (Q) indivíduos que adquiriram a doença e estão isolados, ou seja, foram diagnosticadas estão recebendo tratamento longe da interação com outras pessoas; e (R) indivíduos que receberam tratamento e estão recuperados. Sendo assim, pode-se escrever a população total da região em estudo, na qual é representada pela constante N como a soma de todos os compartimentos citados acima,^{2,4,7,11} sendo:

$$N(t) = S(t) + I(t) + Q(t) + R(t) \quad (1)$$

O modelo SIQR é representado por um conjunto de sistemas de equações diferenciais ordinárias:

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha SI - \mu S \quad (2)$$

$$\frac{dI}{dt} = (1 - \phi_1)(1 - \eta)\alpha SI - (\gamma + \mu)I \quad (3)$$

$$\frac{dQ}{dt} = (1 - \phi_1)\eta\alpha SI - (\rho + \mu)Q \quad (4)$$

$$\frac{dR}{dt} = \phi_1(1 - \eta) + \phi_2\eta\alpha SI + \rho Q + \gamma I - \mu R \quad (5)$$

Sendo assim, α é a taxa de transmissão; γ é a taxa de recuperação não hospitalar; μ é taxa de mortalidade natural; η é a taxa de isolamento de indivíduos infecciosos; ρ é taxa de recuperação de indivíduos em quarentena; ϕ_1 é a taxa de mortalidade de indivíduos não isolados; ϕ_2 é taxa de mortalidade de indivíduos isolados. Denotamos que cada equação representa a entrada e saída de indivíduos de um compartimento para o outro. À medida que entram indivíduos em determinado compartimento, o número aumenta, quando saem, o número diminui.

Hipóteses sobre modelo

Para realizar as simulações, foram formuladas algumas hipóteses sobre o modelo acima e estimativas dos parâmetros.

- Consideramos que nem todas as pessoas têm a mesma probabilidade de serem contaminadas;
- A suscetibilidade é igual para todos, mas, para efeitos práticos da simulação, consideramos apenas uma porcentagem da população de suscetíveis;
- Para simular curvas de mortalidade, assumir que uma taxa dos indivíduos infectados eventualmente morrerá da doença;
- O período de incubação varia após a exposição ao vírus de 2 a 14 dias;¹²
- Consideramos que pessoas que testaram positivo rapidamente foram isoladas e não têm probabilidade de contaminarem outros indivíduos;
- Consideramos que, após a recuperação, o indivíduo fica imune à doença, embora existam casos de reinfecção;

Estimativa de parâmetros

Com base nos dados coletados e nas hipóteses formuladas, foram estimados os valores dos parâmetros para serem realizadas as projeções. Levando em consideração que o município de Codó não seja muito populoso, há cerca de 123.368 habitantes e densidade demográfica de 27,06 hab./ km², segundo a estimativa do IBGE.¹¹ Foi considerado que, quando o vírus atingiu

seu pico de contaminação, não atingiu toda população de Codó, devido à sua baixa densidade demográfica. Sendo assim, supomos que nem toda população estava suscetível. Consideramos que apenas 90% da população estava suscetível a ser contaminado pela COVID-19, ou seja, 111.031 habitantes.

Após um indivíduo ser testado positivo, rapidamente ele é isolado e não tem chances de contaminar outras pessoas, entretanto há indícios que possa infectar outros indivíduos durante esse período.¹³ Alguns estudos apontam que muitos casos não são notificados, podendo chegar a 80% ou mais subnotificações.¹²⁻¹⁴ Por conseguinte, assumimos que o número de casos de COVID-19 é bem maior do que os números confirmados pela SEMUS-Codó e que apenas 20% dos casos foram registrados com legitimidade; logo, deu-se por estimado que a taxa de isolamento de indivíduos infecciosos foi $\eta = 0,20$.

A taxa de letalidade é a taxa que calcula a proporção do risco de morte na população infectada diagnosticada. Neste trabalho, utilizou-se a taxa de letalidade fornecida pela SEMUS-Codó nos meses indicados para o estudo, que tem uma média de 3,94%. A taxa de mortalidade é proporção de mortes em relação a todos os casos de infecção, diagnosticadas ou não. De acordo com o estudo de Bitar, a taxa de mortalidade ϕ_1 é de 3,4%.¹³ Logo, para calcular a taxa de mortalidade de uma fração de indivíduos infectados isolados, utilizamos a seguinte fórmula, conforme taxa de isolamento de infectados η e taxa de mortalidade ϕ_1 da COVID-19:

$$\phi_2 = \frac{(0,0394 \cdot 0,20 + \phi_1 \cdot (\eta - 0,20))}{\eta} \quad (6)$$

Como a taxa de infecção de pessoas isoladas em tratamento hospitalar já está estimada, estimamos a taxa de recuperação de indivíduos em isolamento hospitalar ou em casa e, para isso, utilizamos a taxa de recuperação não hospitalar γ , que se refere a uma parcela da população que não está em quarentena e que se recupera por conta própria sem tratamentos médicos. Utilizamos a seguinte formula:

$$\rho = \frac{1}{(1 - \eta) \cdot (3,5/0,20) + \frac{1}{\gamma}} \quad (7)$$

Em relação à taxa de mortalidade natural μ , como não temos dados precisos para a cidade de Codó, utilizamos a taxa de mortalidade do estado do Maranhão que, de acordo com os dados do IBGE, equivale a 0,00563%.¹⁵

Um dos parâmetros mais importantes em uma epidemia é o R_0 , a quantidade média de pessoas que um indivíduo infeccioso pode infectar durante o período de infectividade da doença, ou seja, o tempo no qual o infectado pode transmitir a doença para os suscetíveis. Se

$R_0 < 1$, a doença não vai conseguir se disseminar em alta escala e não vai atingir a população, porém, se $R_0 > 1$, o indivíduo infectado contamina em média mais de uma pessoa e pode ocorrer um alto contágio entre a população.¹⁶ Neste trabalho, utilizamos um valor baseado nos dados disponibilizados pela SEMUS-Codó, ou seja, $R_0 = 3,1$.

Supôs-se a taxa de infecção dos indivíduos suscetíveis α , através dessa taxa saberemos a quantidade de pessoas saudáveis que são contaminadas em um intervalo de tempo e a velocidade com que passam do compartimento (S) para a classe (I). Sendo assim, utilizou-se a seguinte formula:

$$\alpha = \frac{\zeta R_0 \gamma}{N} \quad (8)$$

Para saber a quantidade de pessoas saudáveis que se retiraram da interação com a sociedade assumimos que um percentual da população q aderiram estritamente a recomendação de ficarem em casa e o restante seguiram suas vidas normalmente. Para isso utilizamos a média de pessoas por família, conforme o IBGE, possui em média 3,5 pessoas por família.¹⁵

Consideramos que em cada família todos os membros aderiram à recomendação do distanciamento social, exceto um, que continua de qualquer forma tendo interação com pessoas longe de casa. Para a parte da população que adota o distanciamento estrito, supomos um número básico de reprodução de 0,99 e para os membros que continuam em contato com a sociedade, reputamos um número básico de reprodução $(0,99 + R_0)/2$. Vimos que α está sensibilizado por ζ , dessa forma o parâmetro ζ está definido como:

$$\zeta = \frac{\left(\frac{2,5q}{3,5} \cdot 0,99 + \frac{q}{7} \cdot (0,99 + R_0) + (1 - q) \cdot R_0 \right)}{R_0} \quad (9)$$

É importante ressaltarmos que existe diferença entre isolamento social e distanciamento social: o isolamento social é realizado por aquelas pessoas que testaram positivo e foram afastadas da interação com a sociedade; o distanciamento social é realizado por pessoas não contaminadas que decidiram não terem interação com a população, ou seja, ficaram afastadas da sociedade por conta própria.¹¹

A análise dos parâmetros é a peça-chave para modelagem epidemiológica, pois, através deles, descobrimos os erros e incertezas dos dados coletados. Conforme Tabela 1, temos o resumo de todos os parâmetros estimados do modelo SIQR.

Tabela 1. Valores estimados para os parâmetros

Parâmetros	Valores	Significados
N	111.031	População suscetível ao contágio

η	0,20	Taxa de isolamento de indivíduos infecciosos
γ	1/14	Taxa de recuperação não hospitalar
μ	0,00563%.	Taxa de mortalidade natural
ϕ_1	3,4%	Taxa de mortalidade de indivíduos não isolados
ϕ_2	Equação (6)	Taxa de mortalidade de indivíduos isolados
R_0	3,1	Quantidade que um infeccioso pode infectar outras pessoas
q	$0,1 < 0,8$	Percentual de isolamento da população saudável
ρ	Equação (7)	Taxa de recuperação de indivíduos em isolamento
A	Equação (8)	Taxa de infecção dos indivíduos suscetíveis
ζ	Equação (9)	Parâmetro sensibilizado por q

Utilizaram-se diferentes cenários para população infectada e para população saudável. Consideramos que uma porcentagem da população infectada estava isolada, sendo eles: 20% é o isolamento mínimo, que é a quantidade mínima de pessoas infectadas que podem ficar em confinamento; 40% é o isolamento médio, é o isolamento mediano da população infectada que estão afastadas da interação social; 80% é o isolamento amplo, é o valor mais alto de pessoas infectados que podem estar afastadas da sociedade.

Para o distanciamento social, utilizamos os mesmos valores, 20%, 40% e 80%, para o distanciamento mínimo, médio e amplo, respectivamente. Porém, neste outro cenário, esses valores são para população saudável que decidiram ficar em casa, não tendo contato com a sociedade.

RESULTADOS

Para as seguintes projeções, consideramos diferentes cenários para a população saudável em distanciamento social, em um tempo de 150 dias. Estimamos o número básico de reprodução $R_0 = 3,1$ e o tempo médio do período infeccioso em 14 dias. Nessa simulação, não mudamos o valor de η , e apenas o valor de q sofreu alteração, como podemos ver na Figura 1.

- Na primeira situação, consideramos η igual a 0,20, ou seja, 20% da população infectada estava em isolamento social e q igual a 0,20, isto é, 20% da população saudável estava em distanciamento social;
- Na segunda situação, não alteramos o valor de η , mantivemos em 0,20 como mencionado anteriormente e consideramos q igual a 0,40, melhor dizendo, 40% da população saudável estava em distanciamento;

- Na terceira situação, mantivemos o valor de η igual a 20% e assumimos que q é 0,80, em outras palavras, suponhamos que 80% da população saudável estava em distanciamento.

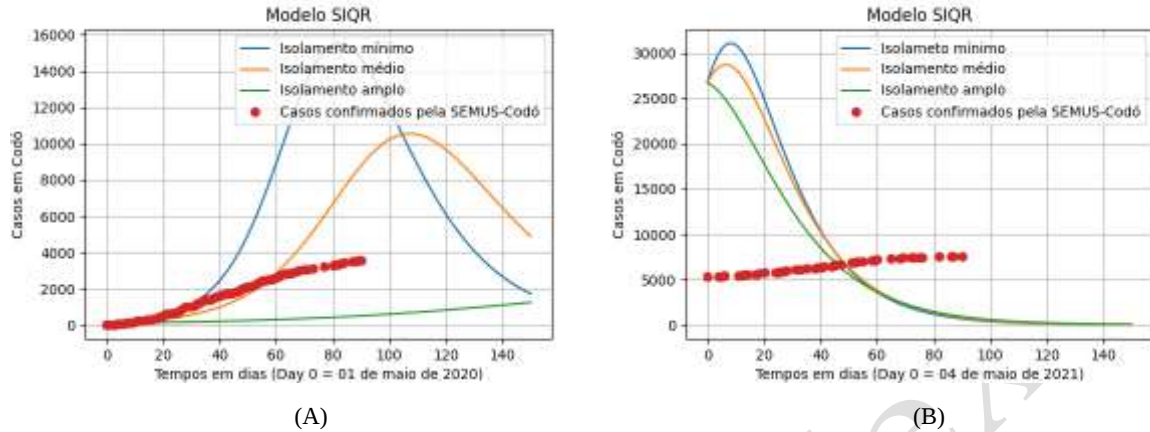
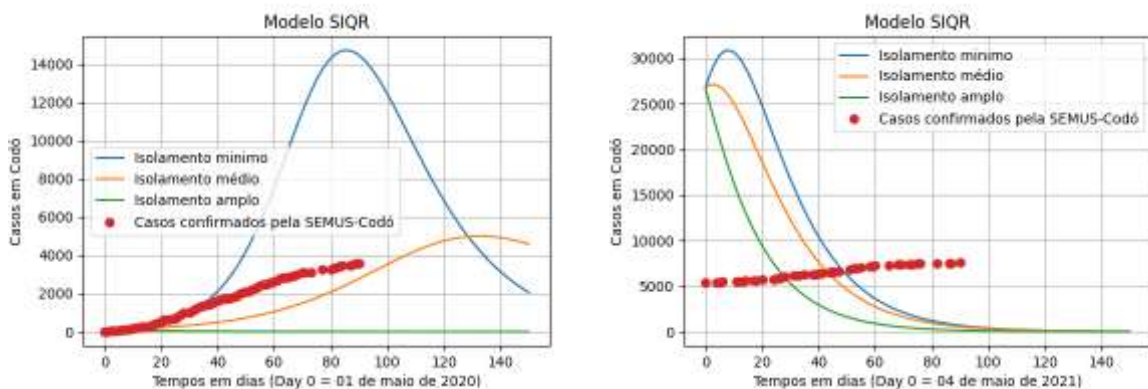


Figura 1. (A) Distanciamento social da população saudável vs número de infectados em 2020 em um período de 150 dias. (B) Distanciamento social da população saudável vs número de infectados em 2021 no período de 150 dias

Fonte: autor.

Na seguinte simulação, invertemos os papéis, mantivemos a taxa da população saudável em distanciamento social q em 0,20 e utilizamos outros valores para os indivíduos infecciosos em isolamento η . Mantivemos o número básico de reprodução $R_0 = 3,1$ e o tempo médio do período infeccioso em 14 dias, conforme a Figura 2.

- $q = 0,20$, isto é, com esse valor, consideramos que 20% da população saudável está isolada e η igual a 0,20, ou seja, 20% da população infectada estava em isolamento social;
- $q = 0,20$, novamente 20% da população saudável está isolada e η igual a 0,40, sendo assim, 40% da população infectada estava em isolamento;
- $q = 0,20$, mantivemos o mesmo valor de par população saudável e η igual 0,80, em outras palavras, suponhamos que 80% da população infectada estava isolada.



(C)

(D)

Figura 2. (C) Isolamento de indivíduos infectados vs população saudável em 2020 em um período de 150 dias. (D) Isolamento de indivíduos infectados vs população saudável em 2021 no período de 150 dias

Fonte: autor.

Na Figura 3, utilizamos todos os compartimentos em um cenário de 150 dias em que 20% da população saudável q estava em distanciamento social e 20% dos infecciosos estavam isolados.

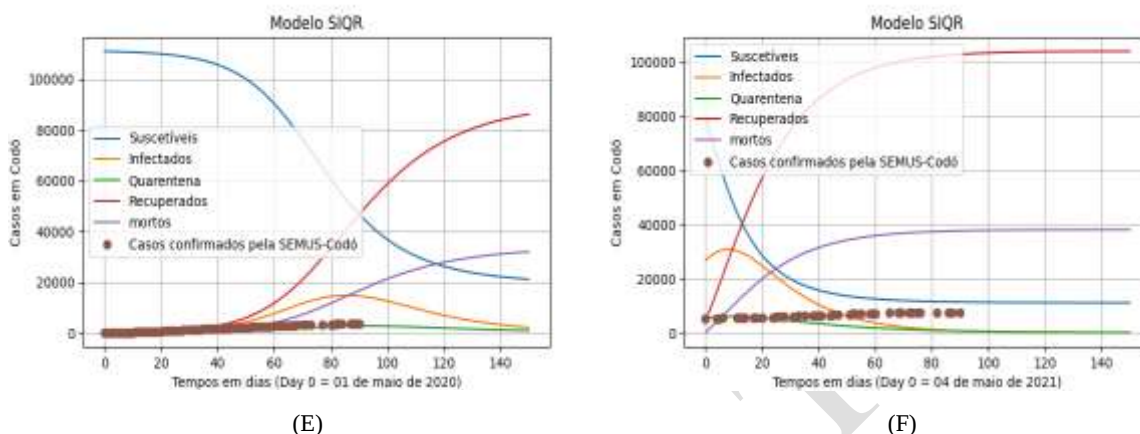


Figura 3. (E) Cenário envolvendo todos os compartimentos do modelo SIQR no ano de 2020. (F) Cenário envolvendo todos os compartimentos do modelo SIQR em 2021

Fonte: autor.

DISCUSSÃO

Segundo as projeções, na Figura 1(A),(B), aproximadamente 20% da população saudável no período de maio a julho de 2020 e de 2021 estavam em distanciamento social e menos de 20% da população infectada estava em isolamento social. Na Figura 2(C) e (D), ambos valores são considerados muito baixo.¹³ O valor ideal para o isolamento social da população seria 80%, entretanto essa porcentagem é impossível, porque as pessoas precisam sair de casa para trabalhar e poder sobreviver, principalmente na cidade de Codó, onde há um alto índice de pobreza, uma vez que as medidas de isolamentos sociais afetam mais as classes menos favorecidas financeiramente.

Quando utilizamos o isolamento social em 20%, o vírus atingiu seu pico de contaminação próximo ao dia 80º, com aproximadamente 15.400 casos. Na Figura 2(C), nessa mesma data, o número de casos confirmados pela SEMUS-Codó era de 3.277, portanto, podemos dizer que haviam mais ou menos 18.677 casos de COVID-19. Os números confirmados pela secretaria representam 18% do valor total, ou seja, 82% dos casos do novo coronavírus não foram contabilizados nessa data. Há muitos casos não notificados por causa do imenso grupo de pessoas infectadas assintomáticas.^{12,13,14,17}

Em um trabalho de previsão epidêmica, em Shangai, a taxa de infecciosos assintomáticos foi muito alta, com cerca de 90%.¹⁸ Com base nesses trabalhos e nas projeções, podemos sugerir que os fatores que contribuíram para altas subnotificações foram o grande número de casos assintomáticos e a falta de testes rápidos. Geralmente, os testes rápidos são aplicados em sua maioria em indivíduos sintomáticos, desconsiderando o enorme potencial de contaminados assintomáticos, posto que os números de casos infectados e não confirmados crescem mais rápido do que o número de casos confirmados.^{12,17}

Quando utilizamos 40% para população saudável em distanciamento social, como na Figura 1(A), os casos de COVID-19 atingiram seu pico com mais de 10.000 casos e, quando colocamos 40% para população infecciosa em isolamento, os números de casos atingiram seu pico com aproximadamente 5.000 casos, como podemos ver na Figura 2(C), ocorrendo uma grande diminuição nos casos.

Já no isolamento amplo, quando 80% da população infecciosa fica isolada, os números não saem do zero. Na simulação anterior, vimos que, quando a população saudável distanciada é 80%, os casos chegam a pouco mais que 1.500. Com isso, observamos que, com aumento da população infecciosa em isolamento, η leva diretamente a um menor crescimento do compartimento de indivíduos infecciosos (I) capazes de disseminar a doença e que a medida de quarentena é mais eficaz do que o bloqueio total da população.

Resultados numéricos de indivíduos em quarentena têm grande influência na transmissão da infecção por COVID-19. Dessa forma, a minimização da transmissão está atinente à aplicação de uma política de quarentena.¹⁹ A quantidade de indivíduos infectados pode ser reduzida através de testes em massa, porém a implementação de quarentena rigorosa e imediata leva a reduções em cerca de 90% no número total de casos.¹⁷

Observou-se que os números de casos de COVID-19 são bem maiores do que os confirmados pela SEMUS-Codó. Até o dia 11 de maio de 2021, o número de casos confirmados era de 5.466. Segundo as simulações, na Figura 2 (D), nesta mesma data, os casos subnotificados eram de aproximadamente 32.000. Somando esse valor, temos aproximadamente 37.466, ou seja, foram quase 7 vezes maiores do que os registrados pela SEMUS-Codó. Os 5466 representam aproximadamente 15%, e os 32.000 subnotificados representam 85% dos casos.

Pode-se observar que houve um grande número de subnotificações, e isso pode ser explicado porque os testes rápidos são aplicados em sua maioria em indivíduos sintomáticos. Um estudo de estimativa de casos não notificados indica que testar apenas pacientes sintomáticos pode ignorar mais de 50% dos pacientes com COVID-19, que desempenham um

papel importante na transmissão do vírus. Ele sugere também um cenário onde colocar apenas os casos confirmados em quarentena não é capaz de impedir a proliferação do vírus pelo fato de existirem grande número de casos não diagnosticados. E a quantidade de indivíduos infectados pode ser reduzida por meio de testes em massa.¹⁷

Com todos os compartimentos do modelo SIQR, Figura 3(E), inicialmente, há muitas pessoas suscetíveis, pois, à medida que vai aumentando o número de infectados, irá diminuindo o número de suscetíveis e, conseqüentemente, aumentará o número de recuperados.¹⁹ Vimos que o número de casos subnotificados cresce mais rápido que o número de indivíduos confirmados e isolados q . Esse desequilíbrio foi observado em todo o mundo, sendo que há muitos casos de infecção não documentados.^{12,13,14,17}

Conforme a Figura 3(F), a partir do dia 80, toda população já está recuperada e não há mais infecciosos para contaminar os suscetíveis, que também diminuiram bastante. À medida que a porcentagem de circulação se aproxima de zero, representando bloqueio quase completo, o número de casos tende a zero se estabiliza em um valor final constante. Ou seja, a quarentena dos infectados, sintomáticos ou não, contribui para a diminuição da reprodução básica, reduzindo o índice de contaminação.⁴

As previsões foram bem próximas à realidade e estavam em conformidade com os casos confirmados pela SEMUS-Codó. Em 2021, houve menor disseminação do que em 2020. Inicialmente, os casos aumentaram muito rápido e o governo impôs medidas de proteção, como distanciamento social, uso de máscaras e higienização das mãos para conter a proliferação do vírus.

Entre os meses de maio e julho de 2020 e de 2021, não tivemos informações a respeito de algum caso da variante da COVID-19. A primeira dose da vacina começou a partir do dia 21 de janeiro de 2021, e até o final de julho de 2021 apenas 14% da população tinha tomado a segunda dose. No entanto, como já havia ocorrido o pico de contaminação, o uso da vacina não interferiu nos valores das simulações.

De acordo com as simulações, concluímos que aumentar a quantidade de testes rápidos em toda a população, com ou sem sintomas e medidas de quarentena mais rígidas, diminuiria uma grande quantidade dos números de casos de COVID-19. Porém, a falta de recursos é uma tarefa desafiadora para países ou regiões de baixa renda, resultando em um número muito menor de pacientes confirmados. Dependendo do cenário, testes em massa e medidas estritas de quarentena poderiam reduzir drasticamente o número total de casos em 90% a 95%.¹⁷

Os resultados aqui encontrados podem sofrer interferências de agentes externos, como gestores públicos, fatores climáticos e culturais, econômicos, etc. Ressaltamos que esta é uma

pesquisa de 2020 e 2021, e os resultados podem estar desatualizados. Seria interessante se estudos futuros estudassem sequelas a longo prazo causados pela COVID-19. Acreditamos que os resultados de nosso estudo possam oferecer orientações para o enfrentamento da COVID-19 no município.

AGRADECIMENTOS

Ao Grupo de Pesquisa de Iniciação Científica (PIBIC) da Universidade Federal do Maranhão, Codó, pela disponibilização da pesquisa. À SEMUS-Codó, por ter publicado os dados dos boletins epidemiológicos.

REFERÊNCIAS

1. Ministério da Saúde (BR). Acha que está com sintomas da COVID-19?. https://www.coronavirus.ms.gov.br/?page_id=29.
2. G1. Governo confirma o primeiro caso do novo coronavírus no Maranhão. <https://g1.globo.com/ma/maranhao/noticia/2020/03/20/governo-confirma-o-primeiro-caso-do-novo-coronavirus-no-maranhao.ghml>.
3. Camilo MJ, Moura DFC, Salles RM. Modelagem matemática para epidemia de COVID-19 no Brasil. Rev Mil de Ciência e Tecn. 2020; 2(37):1-12. <http://ebrevistas.eb.mil.br/CT/article/view/6772>.
4. Gomes SCP, Monteiro IO, Rocha CR. Modelagem dinâmica da COVID-19 com aplicação a algumas cidades brasileiras. Revista Thema. 2020; 18:1-25. <https://periodicos.ifsul.edu.br/index.php/thema/article/view/1793>.
5. Ma J, Dushoff J, Bolker B. et al. Estimating Initial Epidemic Growth Rates. Bull Math Biol. 2013; 76:245-260. <https://doi.org/10.1007/s11538-013-9918-2>.
6. Floquet S, Leite TN, Câmara RCP. et al. A matemática no combate à epidemia: estudo sobre a COVID-19 na região do vale do São Francisco. REVASF. 2021; 24(11):100-146. Disponível em: <https://www.periodicos.univasf.edu.br/index.php/revasf/article/view/1561>.
7. Huppert A, Katriel G. Mathematical modeling, and prediction in infectious disease epidemiology. CMI. 2013; 11(19):999-1005. <https://doi.org/10.1111/1469-0691.12308>.
8. Bertone AMA, Bassanezi RC, Jafelice RSM. Modelagem Matemática. Uberlândia, MG:UFU, 2014. <https://repositorio.ufu.br/handle/123456789/25315>.
9. Rocha DIC. Modelos matemáticos aplicados à epidemiologia. Porto. Dissertação [Mestrado em Métodos Quantitativos em Economia e Gestão] - Faculdade de Economia da Universidade do Porto; 2012. <https://repositorio-aberto.up.pt/bitstream/10216/63680/2/ModelosMatematicosAplicadosaepidemiologia100485006DianaRochaMQEG.pdf>.

10. Khan MA, Atangana A. Modeling the dynamics of novel coronavirus (2019 n Cov) with fractional derivative. Alex Eng J. 2020; 4(59):2379-2389. <https://doi.org/10.1016/j.aej.2020.02.033>.
11. IBGE. Cidades e Estados. <https://www.ibge.ghgfov.br/cidades-e-estados/ma/codo.html>.
12. Li XP, Ullah S, Zahir H. et al. Modeling the dynamics of coronavirus with super-spreader class: A fractal-fractional approach. Results Phys. 2022; 34:105179. <https://doi.org/10.1016/j.rinp.2022.105179>.
13. Bitar S, Steinmetz WA. Scenarios for the Spread of COVID-19 in Manaus, Northern Brazil. An Acad Bras Ciênc 2020; 92(4):1-12. <https://doi.org/10.1590/0001-37652020200615>.
14. Li R, Pei S, Chen B. et al. Substantial undocumented infection facilitates the rapid dissemination of novel coronavirus (SARS-CoV-2). Science. 2020; 6490(368):489-493. <https://doi.org/10.1126/science.abb322>.
15. IBGE. Síntese de indicadores sociais uma análise das condições de vida da população brasileira. <https://necat.ufsc.br/sintese-de-indicadores-sociais-ibge/>.
16. Driessche PVD, Watmough J. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. Math Biosci. 2021; 2(180):29-48. [https://doi.org/10.1016/S0025-5564\(02\)00108-6](https://doi.org/10.1016/S0025-5564(02)00108-6).
17. Zhan C, Shao L, Zhang X. et al. Estimating unconfirmed COVID-19 infection cases and multiple waves of pandemic progression with consideration of testing capacity and non-pharmaceutical interventions: A dynamic spreading model. Inf. Sci. 2022; 607:418-439. <https://doi.org/10.1016/j.ins.2022.05.093>.
18. Ma Y, Xu S, An Q. et al. Coronavirus disease 2019 epidemic prediction in Shanghai under the “dynamic zero-COVID policy” using time-dependent SEAIQR model. J Biosaf Biosecur. 2022; 2(4):105-113. <https://doi.org/10.1016/j.jobbb.2022.06.002>.
19. Adnan, Ali A, Rahman M. Investigation of time-fractional SIQR Covid-19 mathematical model with fractal-fractional Mittag-Leffler kernel. Alex Eng J. 2022, 10(61):7771-7779. <https://doi.org/10.1016/j.aej.2022.01.030>.

Contribuições dos autores:

Antonia Lisboa dos Santos contribuiu para planejamento, concepção, delineamento do artigo, interpretação dos dados e revisão do artigo.

Leonardo Rogerio da Silva Rodrigues contribuiu para planejamento, revisão do artigo e interpretação de dados.