



Revista Saúde em Redes (ISSN 2446-4813), v. 7, Supl. 1 (2021).

**O território COnVIDa a reexistir:** ensaios e narrativas sobre respostas à pandemia nos pontos de atenção nos territórios onde a vida acontece

DOI: 10.18310/2446-48132021v7n1Sup.3367g668

**ARTIGO ORIGINAL**

(Capa: Márcio Mariath Belloc)

## Simulação computacional do Covid-19 por meio do modelo SEIR: efeito do isolamento social

### *Computational simulation of covid19 through the SEIR model: effect of social isolation*

**Gustavo Chiaradia Ribeiro Duarte**

ORCID: 0000-0003-0748-1495

Acadêmico do curso de medicina da Universidade do Sul de Santa Catarina (UNISUL), Campus Tubarão, SC, Brasil

**Kelser de Souza Kock**

ORCID: 0000-0002-0117-6142

Doutor em Ciências Médicas. Professor da Universidade do Sul de Santa Catarina (UNISUL), Campus Tubarão, SC, Brasil

**Autor correspondente:**

Kelser de Souza Kock

E-mail: kelserkock@yahoo.com.br

**Resumo:**

**Objetivos:** Simular a evolução da epidemia do COVID19 em uma população hipotética utilizando o modelo SEIR. **Métodos:** realizou-se uma simulação computacional por meio do modelo SEIR considerando 4 cenários: o isolamento social ( $R_0=1,5$ ), sem medidas de isolamento ( $R_0=2,5$ ), aglomeração social ( $R_0=3,5$ ) e isolamento social durante 90 dias ( $R_0=1,5$ ) e após sem medidas de isolamento ( $R_0=2,5$ ). As simulações foram realizadas em um período de 240 dias. **Resultados:** cenário 1 apresenta 4,57% de infectados; cenário 2 obteve-se 15,4% de infectados; cenário 3 representa 22,9% de

infectados; cenário 4, nos primeiros 90 dias obteve-se 4,11% de infectados e após 90 dias, aumentou para 10,71% de infectados. **Conclusão:** o isolamento social é uma ferramenta imprescindível para o combate a pandemia, não só por diminuir o pico de infectados, como também para achatar a curva de infecções ao longo do tempo.

**Palavras-chave:** Vírus SARS. Infecções por coronavírus. Simulação por computador. Isolamento social. Número básico de reprodução.

**Abstract:**

**Objectives:** To simulate the Evolution of the COVID 19 epidemic in a hypothetical population using the SEIR model. **Methods:** Perform a computer simulation using the SEIR model considering 4 scenarios: social isolation ( $R_0=1,5$ ), without isolation measures ( $R_0=2,5$ ), social agglomeration ( $R_0=3,5$ ) and social isolation during 90 days ( $R_0=1,5$ ) and after without isolation measures ( $R_0=2,5$ ). The simulations were carried out in a period of 240 days. **Results:** scenario 1 presents 4.57% of infected; scenario 2, 15.4% were infected; scenario 3 represents 22.9% of infected; scenario 4, in the first 90 days, detected 4.11% of infected and after 90 days, increased to 10.71% of infected. **Conclusion:** social isolation is an essential tool to fight a pandemic, not only because it reduces the peak

of infected people, but also because it flattens an infection curve over time.

**Keywords:** SARS Virus. Coronavirus Infections. Computer Simulation. Social Isolation. Basic Reproduction Number.

## Introdução:

Em 31 de dezembro de 2019 iniciou na cidade de Wuhan, província de Hubei, China, surgiu um surto de pneumonias inexplicadas.<sup>1</sup> Nos primeiros dias de janeiro de 2020 as autoridades de Wuhan fecharam o “Seafood Market”, aonde eram vendidos animais vivos, devido a uma forte suspeita de ligação com o surto que ocorria. Em 7 de Janeiro de 2020 foi isolado um novo vírus, via transcrição reversa em tempo real (RT-PCR), SARS-CoV-2, nos pacientes infectados.<sup>2</sup>

Frente ao grande número de pessoas na província de Hubei, devido ao Festival de Primavera Chinês, a disseminação para o sudeste da Ásia, América do Norte e Europa ocorreu de maneira alarmante.<sup>1</sup> No dia 30 de janeiro, a Organização Mundial da Saúde (OMS) declarou o COVID19 como epidemia.<sup>3</sup> Nota-se que não foi a primeira vez em que o coronavírus causou epidemias, em 2003 o SARS-CoV causou a síndrome respiratória aguda grave e em 2012 o MERS-CoV foi a causa da síndrome respiratória do Oriente médio.<sup>4</sup>

No dia 11 de março de 2020, o número de casos fora da China cresceu 13 vezes e o número de países triplicou, totalizando mais de 118000 casos diagnosticados, em 114 países e com 4291 mortes, a OMS declarou a situação como pandemia.<sup>3,4</sup>

A fonte da nova mutação do coronavírus (COVID19) ainda não foi determinada, porém algumas evidências sugerem que o COVID19 tenha origem em animais silvestres, principalmente no morcego, no qual o novo vírus isolado em seres humanos se apresenta de forma similar ao do animal em questão, mas a fonte real da mutação do novo coronavírus ainda é incerta.<sup>1,2,3</sup>

Diante do alarmante número de casos, um estudo realizado, no dia 2 de Janeiro de 2020, contabilizou 41 casos em Wuhan em que 28 fizeram seguimento em enfermaria, 13 casos foram internados em UTI e a totalidade dos casos mostraram à Tomografia Computadorizada (Tc) pulmonar o padrão de opacidade bilateral de vidro fosco. Dos 41 casos, os principais sintomas apresentados foram: febre, tosse e dispneia. Esse estudo mostrou, também, que 29% dos casos evoluíram para a Síndrome do Desconforto Respiratório Aguda; 12% cardiomiopatia aguda; 7% lesão renal aguda; 5% evoluíram para choque.<sup>5</sup>

Corroborando o estudo anterior, foi publicada uma série de 138 casos hospitalizados por COVID19 em Wuhan, evidenciando o aparecimento dos sintomas: 98,6% febre; 69,6% fadiga; 59,4% tosse seca. A totalidade dos casos mostrou à tomografia computadorizada o padrão bilateral de vidro fosco. Esse estudo mostrou uma prevalência de casos em homens entre 56 a 75 anos, representando 54,3%, como também revelou que 70,3% dos pacientes apresentaram linfopenia, 58% apresentaram tempo prolongado de protrombina e 39,9% desidrogenase de lactato elevada.<sup>6</sup>

Analisados em conjuntos, esses estudos evidenciam que as manifestações clínicas mais comuns do COVID19 são febre, tosse e dispneia.<sup>4</sup> Contudo, o aparecimento dos sintomas surge após o período médio de incubação do vírus, de 5,2 dias.<sup>7</sup> As estimativas de mortalidade em Wuhan são de 2%, principalmente devido a Síndrome do Desconforto Respiratório Agudo, lesão renal aguda e lesão miocárdica aguda.<sup>7</sup>

Nessa perspectiva, a utilização da modelagem matemática pode auxiliar a vigilância epidemiológica, permitindo simular a propagação de uma doença infectocontagiosa em uma determinada população e estimar o número total de indivíduos contagiados desde o início do surto até sua extinção. Permite, também, simular o efeito de medidas preventivas de saúde pública destinadas a reduzir o alcance do surto e evitar que este se transforme em epidemia.<sup>8</sup>

Dentre os modelos determinísticos, destacam-se o SIR (Suscetível-Infetado-Recuperado) e o SEIR (Suscetível-Exposto-Infetado-Recuperado), a modelagem SIR descreve uma população fechada, em que nascimentos e mortes não são contabilizadas. A transmissão ocorre de indivíduo para indivíduo em uma taxa por unidade de tempo, a infecção acontece quando indivíduos infectados (I) entram em contato com suscetíveis (S) e que os indivíduos infectados passam a ser recuperados (R) quando obtêm imunidade. Já no modelo SEIR, há uma classe intermediária de expostos (E), onde os indivíduos estão infectados, mas não contagiam e possuem um tempo de latência para se tornar infectados. Na modelagem de doenças infecciosas o que interessa é o período de latência.<sup>8</sup> Após o término do período de latência, o paciente entra na classe dos infectados. A transmissão de pacientes sintomáticos ocorre 12 horas antes do início das manifestações clínicas, e pacientes assintomáticos tornam-se transmissíveis entre 4 e 6 dias após a infecção pelo vírus.<sup>7,9</sup>

Analisa-se, também, o número de reprodução basal,  $R_0$ , que significa o número médio de indivíduos infectados por um único membro infectado durante seu período infeccioso. Quando  $R_0 \leq 1$  indica que a doença não se propagará, como também se  $R_0 > 1$  o número de infectados aumentará, levando a propagação da epidemia. Desta forma, o número de reprodução basal é um parâmetro com grande potencial de utilização como índice de vigilância epidemiológica.<sup>8</sup> Frente ao COVID19, a OMS estima que  $R_0 = 1,95$ , porém em um estudo que analisou a China e outras regiões próximas, demonstrou uma mediana de  $R_0=2,79$ .<sup>10</sup>

Visto a necessidade de prevenção para contenção da pandemia, o isolamento social separa pessoas com doenças infectocontagiosas de pessoas não infectadas, de modo que visa conter a disseminação da doença.<sup>11</sup> Dessa maneira, para sua real importância e eficiência há a necessidade de identificação de casos de maneira precoce. Logo, para a potencialização da prevenção do novo coronavírus, precisa-se da ação conjunta do isolamento social de pessoas infectadas, como também a restrição de pessoas supostamente expostas a doença, denominada quarentena, para evitar a transmissão de pessoas assintomáticas<sup>11</sup>. O maior desafio para o sucesso desses pacotes de intervenção perpassa pela manutenção do estado de isolamento e quarentena até a vacina se tornar acessível, o que leva, ao menos, 18 meses.<sup>9</sup>

O objetivo deste trabalho foi simular a evolução da epidemia do COVID19 em uma população hipotética utilizando o modelo SEIR. Foram simulados cenários com  $R_0 = 1,5$ ,  $R_0 = 2,0$  e  $R_0 = 2,5$  com isolamento social de 90 dias ( $R_0 = 1,5$ ) e  $R_0 = 3,5$ . Todas as simulações foram descritas

## Métodos

Foi realizada uma simulação computacional do modelo SEIR aplicada à infecção pelo COVID19. O sistema de equações ordinárias deste modelo é descrito da seguinte forma, conforme demonstrado abaixo:<sup>1,8</sup>

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N} \\ \frac{dE}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \alpha E \\ \frac{dI}{dt} = \alpha E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases}$$

Onde N corresponde à população total, logo  $N = S + E + I + R$ . Nesta simulação foi considerada uma população genérica em que  $N=100\%$ . As condições iniciais foram utilizadas foram  $S(0) = 99\%$ ,  $E(0) = 1\%$ ,  $I(0) = 0\%$  e  $R(0) = 0\%$ .

$\beta$  representa a probabilidade de infecção no grupo S, podendo ser descrita como a média do número de exposição diária ( $k$ ) e a probabilidade de ser infectado ( $b$ ), logo  $\beta = k.b$ . Esse parâmetro também é chamado de taxa de contato efetiva.<sup>1</sup>

A indica a taxa de conversão entre exposto e infectado e  $\gamma$  é relacionado com a taxa de recuperação. (1) Assim, considera-se que a média do período latente ou de incubação é  $(1/\alpha)$  e o período médio de infecção ou de recuperação é  $(1/\gamma)$ . (1) Neste trabalho foi utilizado um tempo de incubação de 5,2 dias<sup>1,7,12</sup>, logo  $\alpha=0,192$  dias<sup>-1</sup>. E o tempo de médio de infecção foi de 10 dias, ou seja,  $\gamma=0,1$  dias<sup>-1</sup>.<sup>9</sup>

A taxa básica de reprodução ( $R_0$ ), para esta situação pode ser descrita como  $R_0=\beta/\gamma$ .<sup>8,11</sup>

Neste trabalho foram realizadas 4 simulações:

- a) Cenário 1: Isolamento social durante todo o período:  
 $\beta=0,15$  ( $R_0=1,5$ );  $0 \leq t \leq 240$  dias.
- b) Cenário 2: Sem medidas de isolamento social:  
 $\beta=0,25$  ( $R_0=2,5$ );  $0 \leq t \leq 240$  dias.
- c) Cenário 3: Aglomeração social:  
 $\beta=0,35$  ( $R_0=3,5$ );  $0 \leq t \leq 240$  dias.
- d) Cenário 4: Isolamento social em 90 dias, após sem isolamento:  
 $\beta=0,15$  ( $R_0=1,5$ );  $0 \leq t \leq 90$  dias;  $\beta=0,25$  ( $R_0=2,5$ );  $90 < t \leq 240$  dias.

Para resolução do sistema de equações diferenciais foi utilizado software Modellus 4.01, que utiliza o método numérico de Runge-Kutta, de 4ª ordem em seu algoritmo. A simulação foi realizada com passo temporal de 1 dia, finalizando em 240 dias. As tabelas geradas por este software por exportadas para o Microsoft Excel e manipuladas para demonstração gráfica.<sup>13,14</sup>

A escolha do Modellus 4.01 foi feita devido ao seu grande potencial no aspecto computacional, como explorar modelos elaborados por outros (atividade exploratória) e, também, elaborar seu próprio modelo matemático (atividade expressiva), sem a necessidade de conhecimento profundo de linguagem de programação ou metáforas simbólicas.<sup>13,14</sup>

## Resultados

Conforme a modelagem proposta, foram selecionados 4 cenários para a epidemia do COVID-19, simulando situações de isolamento social durante todo o período, ausência de medidas de isolamento social, aglomeração social e isolamento social apenas nos primeiros 90 dias iniciais.

Na simulação 1 foram observados que, no grupo Suscetível (S), em 240 dias obteve-se o número mínimo de indivíduos suscetíveis, correspondendo a 41,58% da população. Nos Expostos (E), durante o período de 99 a 106 dias observou-se o maior número de indivíduos expostos, correspondendo a uma constante de 2,43% da população. Em relação aos Infectados (I), durante o período de 109 a 114 dias observou-se o maior número de infectados, correspondendo a uma constante de 4,57% da população. E nos Recuperados (R), atingiu-se o valor máximo de indivíduos recuperados em 240 dias, correspondendo a 57,83% da população. No dia 165 ocorre a igualdade de indivíduos suscetíveis (S) e recuperados (R), em 48,25% da população, a partir do dia 166 houve mais indivíduos recuperados/imunes do que suscetíveis (Figura 1).

Em relação à simulação 2, no grupo Suscetíveis (S): a partir do dia 200 obteve-se o menor número e a estabilização de indivíduos suscetíveis, correspondendo a 10,59% da população. Nos Expostos (E): durante o período entre os dias 57 e 58 observou-se o maior número de indivíduos expostos, correspondendo a 8,86% da população. Nos Infectados (I): durante o período entre os dias 65 e 66

observou-se o maior número de indivíduos infectados, correspondendo a 15,4% da população. E, nos Recuperados (R): a partir do dia 217 obteve-se o maior número e estabilização de indivíduos recuperados, correspondendo a 89,4%. No dia 63 ocorre o mesmo número de pessoas suscetíveis (S) e recuperadas (R), correspondendo a 37,56% da população. A partir do dia 73 há mais indivíduos recuperados/imune, correspondendo a 51,26% da população, do que suscetíveis (S) (Figura 2).

Em se tratando da simulação 3, foram identificados que no grupo Suscetíveis (S): a partir do dia 156, obteve-se o menor número e a estabilização de indivíduos suscetíveis, correspondendo a 3,36% da população. Nos expostos (E): durante o período entre os dias 43 e 44, observou-se o maior número de indivíduos expostos, correspondendo a 14,1 da população. Nos Infectados (I): durante o período entre os dias 49 e 50 observou-se o maior número de indivíduos, correspondendo a 22,9% da população. E, nos recuperados (R): a partir do dia 175 obteve-se o maior número e a estabilização de indivíduos recuperados, correspondendo a 96,4%. No dia 44 ocorre o mesmo número de pessoas suscetíveis (S) e recuperados (R), correspondendo a 30,81% da população. A partir do dia 53 há mais indivíduos recuperados/imunes, correspondendo a 51,14% da população, do que suscetíveis (Figura 3).

Já na simulação 4 foram verificados que, no grupo suscetíveis (S): apenas no dia 239 que se observou o menor número e a estabilização de indivíduos suscetíveis, correspondendo a 13,83% da população. Nos Expostos (E): durante o período entre os dias 118 e 119 observou-se o maior número de indivíduos expostos, correspondendo a 6,00% da população. Em relação aos Infectados (I): no dia 127 observou-se o maior número de indivíduos, correspondendo a 10,71% da população. E, nos Recuperados (R): não ocorreu a estabilização dos indivíduos no dia 240, correspondendo, no último dia, a 85,05% da população. No final dos primeiros 90 dias, que foi o término do isolamento social, obteve-se: indivíduos suscetíveis (S) 75,26%, expostos (E) 2,35%, infectados (I) 4,11% e recuperados (R) 18,28%. Nota-se que após o término do isolamento social ocorre um aumento do número de indivíduos expostos (E) de 2,35% para 6,00% e o aumento de indivíduos infectados (I) de 4,11% para 10,71%. Assim como o número de indivíduos suscetíveis (S) diminui, devido ao aumento do número de infecções. Nota-se o aumento do número de indivíduos recuperados, devido, também, ao aumento do número de indivíduos infectados (Figura 4).

Comparando apenas o grupo dos Infectados (I) nos 4 cenários, pode-se pontuar as diferenças encontradas em relação ao pico. Comparando com o cenário 2, onde  $R_0=2,5$  e corresponde ao cenário mais realístico da pandemia do COVID-19, o cenário 1 demonstrou 10,83% a menos de casos de indivíduos infectados e esse pico de infecções ocorreu 44 dias após ao pico do cenário 2. Em comparação do cenário 2 frente ao cenário 3, obteve-se um aumento do número de indivíduos infectados em 7,5% e uma antecipação do pico em 16 dias. Já em comparação com o cenário 4, nos primeiros 90 dias, que representam a prática do isolamento social, obteve-se 11,29% a menos de indivíduos infectados. Após 37 dias do término do isolamento social, que corresponde ao dia 127 do tempo total transcorrido, obteve-se 4,69% a menos de número de casos infectados no momento de pico em relação ao cenário 2 (Figura 5).

## Discussão

Diante da importância da modelagem matemática frente ao enfrentamento das pandemias ao longo da história, em 1927, Kermack e McKendrick desenvolveram modelos matemáticos que concluíram que, um número pequeno de indivíduos infectados, mesmo em contato com indivíduos suscetíveis, por si só, não gera uma epidemia. A partir de então, foram desenvolvidos alguns estudos compartimentais, aonde se analisam algumas condições para gerar uma pandemia, tais como: imunidade passiva, transmissão vertical, suscetíveis, infectados, portadores e removidos. Em um apanhado geral, o objetivo principal é analisar a taxa de força de infecção e a taxa de reprodutibilidade basal.<sup>15</sup>

No caso de doenças infecciosas, os modelos matemáticos são utilizados, basicamente, para descrever a propagação da doença em uma determinada população. Com isso, busca-se explicar o comportamento da doença, estudar seus efeitos, além de fazer previsões sobre os impactos e as formas de controle da doença. Modelos epidemiológicos possibilitam simular uma série de padrões de saúde/doença e o estudo desses modelos tem como objetivo caracterizar os processos de infecção, cura e morte, bem como elaborar estratégias para exterminar ou, pelo menos, controlar a proliferação do agente patológico. Os modelos matemáticos podem, também, serem úteis para fornecer estimativas sobre as formas mais eficazes de controle da pandemia.<sup>15,16</sup>

O presente estudo buscou simular computacionalmente estas situações, considerando cenários com diferentes configurações e analisando o efeito nos grupos populacionais de suscetíveis, expostos, infectados e recuperados. Por meio desta modelagem, foi observado um achatamento da curva de infectados na situação de isolamento social permanente (cenário1) e isolamento social temporário (cenário 4), quando comparados aos cenários sem isolamento (cenário2) e com aglomeração social (cenário 3). O isolamento social é uma estratégia rigorosa para evitar a transmissão, reduzem o pico da epidemia, mesmo que sua duração demore, para níveis diários ou semanais, o que permite a unidades de saúde gerenciar o atendimento e o tratamento do paciente. Portanto, a redução dos picos epidêmicos evita uma sobrecarga no sistema de saúde para lidar adequadamente com a crise.<sup>17</sup>

Visto o potencial de disseminação do COVID-19, é de suma importância a análise do número básico de reprodução  $R_0$ , que indica a transmissibilidade de um vírus, representando as infecções geradas por uma pessoa infectada em uma população totalmente ingênua, aonde que  $R_0 > 1$  representa que provavelmente o número de infectados aumentará e  $R_0 < 1$  a transmissão provavelmente desaparecerá.<sup>10</sup> Em um trabalho de revisão, que analisou a evolução da epidemia na China e seu entorno<sup>10</sup>, os modelos matemáticos demonstraram um  $R_0$  entre 1,5 a 6,49, com mediana de 2,79, o que representa um valor mais alto em relação a Organização Mundial de Saúde (OMS), que estima  $R_0$  entre 1,4 a 2,5. Devido ao tempo de início curto e dados insuficientes,  $R_0$  pode estar superestimado e com o passar do tempo,  $R_0$  do COVID19 tende a ficar entre 2 e 3.<sup>10,18</sup>

Para efeitos comparativos de  $R_0$  do COVID-19 com o MERS-CoV e o SARS-CoV, em uma análise pré-pandêmica do SARS entre MERS-CoV e SARS-CoV-1 em 2 cenários, foi observado no primeiro cenário, mais otimista, de  $R_0$  de 0,60 do MERS-CoV e, no segundo cenário, mais pessimista,  $R_0$  de 0,69 também para MERS-CoV, para o SARS pré-pandemia encontrou-se um  $R_0$  de 0,80.<sup>19</sup> Nesse estudo, MERS-CoV não alcançou o potencial pandêmico, visto que  $R_0 < 1$ .<sup>19</sup> Em relação ao SARS, que também obteve um  $R_0 < 1$ , porém desencadeou uma pandemia posteriormente, devido a mutações que permitiram a glicoproteína do vírus a se ligar com a enzima do receptor de conversão da angiotensina e, assim, aumentando o  $R_0$ .<sup>20</sup> O reconhecimento de  $R_0$  de uma epidemia é extremamente importante para a realização de estimativas da evolução do surto e, inclusive, analisar seu término naturalmente, por meio da imunidade de rebanho.<sup>21</sup>

Para esta análise, deve-se considerar que, no início da epidemia, 100% são suscetíveis (S) e a taxa de reprodução média (R) é igual a taxa de reprodução básica ( $R_0$ ), logo ( $R = S \times R_0$ ).<sup>21</sup> Como descrito acima, quando a taxa de reprodutividade ( $R$ )  $< 1$ , não ocorre a epidemia, assim ( $S \times R_0 < 1$ ) ou melhor ( $S < 1/R_0$ ). Esta manipulação demonstra a população de suscetíveis necessária para o seu término. Para um  $R_0 = 2,5$ ,  $S < 0,4$  (40%), isto é, a população dos recuperados deve ser maior que 60%. Conforme a simulação, este percentual é encontrado entre 60 e 90 dias do cenário 2.

As estratégias para conter um surto de doença infecciosa emergente devem ser não farmacêuticas quando medicamentos ou vacinas para o patógeno ainda não existem ou não estão disponíveis. O sucesso dessas estratégias não farmacêuticas dependerá não apenas da eficácia das medidas de isolamento, mas também das características epidemiológicas da infecção.<sup>22</sup>

Frente a necessidade de contenção da disseminação do novo coronavírus, o isolamento social é uma intervenção comum para controle de surtos de doenças infecciosas.<sup>23</sup> Para a sua eficácia, dois parâmetros epidemiológicos são analisados: o  $R_0$  e a proporção de transmissão que ocorre antes do início dos sintomas.<sup>24</sup> Em um trabalho que analisou o efeito do isolamento social em 3 situações:  $R_0$  de 1,5,  $R_0$  de 2,5 e  $R_0$  de 3,5, apresentou dados similares ao presente estudo. Corroborando os resultados encontrados nessa simulação, em que o isolamento social se mostra eficaz, o primeiro cenário evidencia que o isolamento social controla a doença quando até 50% dos contatos são identificados e isolados; no segundo cenário o isolamento social se mostra eficaz quando mais de 70% dos contatos são identificados e isolados; na terceira situação, mais de 90% dos contatos tiveram que ser rastreados e isolados para a eficiência da medida.<sup>23</sup> Na maioria dos cenários, o rastreamento de contato e o isolamento social são altamente eficazes para controle da doença, porém a probabilidade diminui com o prolongamento do tempo do início dos sintomas até o isolamento.<sup>23</sup> Um estudo realizado em Singapura<sup>25</sup> sustenta a comprovação do trabalho anterior<sup>23</sup>, evidenciando que o isolamento social reduz substancialmente o número de infecções por SARS-CoV-2, quando reduz o valor de  $R_0$  em torno de 1,5.<sup>25</sup> No cenário 1 desse estudo, em que  $R_0$  igual a 1,5, representa, também, um controle eficaz da pandemia via isolamento social.

Com as simulações computacionais em uma notória ascensão, utilizadas em projeções de disseminação, controle pandêmico e medidas de intervenções, há necessidade de destacar algumas limitações que elas possuem, visto que um sistema real é frequentemente muito complexo e possuem diversas variáveis que ocorrem ao acaso. Neste sentido, é importante ressaltar que a modelagem matemática é uma simplificação e aproximação da realidade, muitas vezes não conseguindo prever algumas dessas variáveis, destoando do real cenário.<sup>1,8,23</sup>

Além disso, os valores das constantes utilizadas no presente estudo podem sofrer algumas variações, desde o tempo de incubação e recuperação até a taxa básica de reprodução. Outro ponto importante é a consideração da categoria dos expostos como não infectantes, que talvez, corresponda parcialmente à realidade. De tal forma que trabalhos com modelagem matemática devem ser vistos sob esta perspectiva.

## Conclusão

Frente as simulações computacionais realizadas nesse estudo e as análises comparativas com os estudos citados, a eficácia de contenção da pandemia via isolamento social em  $R_0$  de 1,5 mostrou-se, substancialmente, importante, não só por distribuir os casos em um espaço maior de tempo, como também o pico de infectados revelaram-se menor. Em relação ao cenário mais realístico da pandemia, o cenário 2 revelou um aumento de 10,83% de infectados em relação ao cenário 1, que seria a representação do isolamento social. O cenário 3 representa um cenário mais adverso, em que a aglomeração social elevou o número de casos de infectados em 7,5% e uma antecipação do pico em 16 dias, em comparação ao cenário mais realístico. Na simulação realizada no cenário 4, analisa-se nos primeiros 90 dias uma situação de isolamento social e após o término da medida, que mesmo após a liberação da população, ainda, obteve-se 4,69% de casos a menos frente o cenário 2.

Nesse íterim, o isolamento social revelou-se primordial na contenção da pandemia, na distribuição dos casos ao longo do tempo e na redução do pico de pessoas infectadas. Assim, o combate ao COVID19 perpassa, obrigatoriamente, por medidas não farmacológicas até que estas sejam desenvolvidas e disponibilizadas à população. Logo, as mazelas a sociedade causadas pelo vírus podem ser mais brandas quando respeitado o isolamento social.

## Referências:

1. Tang Z, Xianbin L, Li H. Prediction of New Coronavirus Infection Based on a Modified SEIR Model. MedRxiv. 2020. <http://dx.doi.org/10.1101/2020.03.03.20030858>

2. Zhu N, Zhang D, Wang W, Xingwang L, Yang B, Jingdong S, et al. A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med* 2020; 382:727-33. <http://dx.doi.org/10.1056/NEJMoa2001017>
3. Organização Mundial da Saúde (OMS). Doença de coronavírus 2019 (COVID-19). Situation Report-36; 2020.
4. Jiang F, Deng L, Zhang L, Cai Y, Cheung CW, Xia ZL. Review of the Clinical Characteristics of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19). *J Gen Intern Med* 2020; 35(5):1545–9. <https://doi.org/10.1007/s11606-020-05762-w>
5. Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet*. 2020; 395(10223):497-506. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30183-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30183-5)
6. Wang D, Hu B, Hu C, Zhu F, Liu X, Zhang J, et al. Clinical Characteristics of 138 Hospitalized Patients With 2019 Novel Coronavirus–Infected Pneumonia in Wuhan, China. *JAMA*. 2020;323(11):1061-9. <http://dx.doi.org/10.1001/jama.2020.1585>
7. Li Q, Guan X, Wu P, Wang X, Zhou L, Tong Y, et al. Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus–Infected Pneumonia. *N Engl J Med* 2020; 382:1199-207. <http://dx.doi.org/10.1056/NEJMoa2001316>
8. Shil P. Mathematical Modeling of Viral Epidemics: A Review. *Biomed Res J* 2016;3(2):195–215. <http://dx.doi.org/10.4103/2349-3666.240612>
9. Ferguson NM, Laydon D, Nedjati-Gilani G, Imai N, Ainslie K, Baguelin M, Bhatia S, Boonyasiri A, Cucunubá Z, Cuomo-Dannenburg G, Dighe A (2020) Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID-19 mortality and healthcare demand. Imperial College COVID-19 Response Team, London. 2020. <https://www.imperial.ac.uk/media/imperial-college/medicine/sph/ide/gida-fellowships/Imperial-College-COVID19-NPI-modelling-16-03-2020.pdf>
10. Liu Y, Gayle AA, Wilder-Smith A, Rocklöv J. The reproductive number of COVID-19 is higher compared to SARS coronavirus. *J Travel Med*. 2020;27(2):taaa021. <http://dx.doi.org/10.1093/jtm/taaa021>
11. Wilder-Smith A, Freedman DO. Isolation, quarantine, social distancing and community containment: pivotal role for old-style public health measures in the novel coronavirus (2019-nCoV) outbreak. *J of Travel M*. 2020; 27(2):1-4. <http://dx.doi.org/10.1093/jtm/taaa020>
12. Lauer SA, Grantz KH, Bi Q, Jones FK, Zheng FQ, Meredith HS, et al. The Incubation Period of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) From Publicly Reported Confirmed Cases: Estimation and Application. *Ann Intern Med*. 2020. 172(9):577-82. <https://doi.org/10.7326/M20-0504>
13. Mendes J, Costa IF, Sousa CMSG. O uso do software Modellus na integração entre conhecimentos teóricos e atividades experimentais de tópicos de mecânica. *Rev Bras de Ens de Fís*. 2012; 34(2):1-9. <https://doi.org/10.1590/S1806-11172012000200011>.
14. Modellus Versão 4.01. [acesso em 2017 Ago 23]. Disponível em: <http://modellus.co/index.php?lang=pt>.
15. Luiz MHR. Modelos Matemáticos em Epidemiologia [dissertação] [internet]. São Paulo (SP): Universidade Estadual de São Paulo; 2012. [acesso em 2020 Mar 13]. Disponível em:



<https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/94348/luiz%20mhr%20mercla.pdf?sequence=1&isAllowed=y> .

16. Schimit, PHT. Modelagem e controle de propagação de epidemias usando autômatos celular e teoria de jogos [tese]. São Paulo: Universidade de São Paulo; 2010. [acesso em 2020 Mar 13]. Disponível em: [https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/3/3139/tde-05122011-153541/publico/PedroHTSchimit\\_Tese.pdf](https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/3/3139/tde-05122011-153541/publico/PedroHTSchimit_Tese.pdf)

17. Villela DAM. O valor da redução dos picos epidêmicos do COVID-19 para respostas mais efetivas à saúde pública. *Rev. Soc. Bras. Med. Trop.* 2020; 53: e20200135. <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0135-2020>.

18. D'Arienzo M, Coniglio A. Assessment of the SARS-CoV-2 basic reproduction number,  $R_0$ , based on the early phase of COVID-19 outbreak in Italy. *Biosaf Health.* 2020;2(2):57-59. <http://dx.doi.org/10.1016/j.bsheal.2020.03.004>

19. Breban R, Riou J, Fontanet A. Interhuman transmissibility of Middle East respiratory syndrome coronavirus: estimation of pandemic risk. *Lancet.* 2013;382(9893):694-9. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(13\)61492-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(13)61492-0).

20. Bauch CT, Oraby T. Assessing the pandemic potential of MERS-CoV. *Lancet.* 2013; ;382(9893):662-4. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(13\)61504-4](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(13)61504-4).

21. Nicho J. The SIR Epidemiology Model in Predicting Herd Immunity. *Undergraduate Journal of Mathematical Modeling: One + Two.* 2010; (2)2. <http://dx.doi.org/10.5038/2326-3652.2.2.8>

22. Peak CM, Childs LM, Grad YH, Buckee CO. Comparing nonpharmaceutical interventions for containing emerging epidemics. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2017; 114(15):4023-8. <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.1616438114>

23. Hellewell J, Abbott S, Gimma A, Bosse NI, Jarvis CI, Russel TW, et al. Feasibility of controlling COVID-19 outbreaks by isolation of cases and contacts. *Lancet Glob Health.* 2020;8(4):488-96 [http://dx.doi.org/10.1016/S2214-109X\(20\)30074-7](http://dx.doi.org/10.1016/S2214-109X(20)30074-7)

24. Fraser C, Riley S, Anderson RM, Ferguson NM. Factors that make an infectious disease outbreak controllable. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2004; 101(16):6146 -51. <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.0307506101>

25. Koo JR, Cook AR, Park M, Sun Y, Sun H, Lim JT, et al. Interventions to mitigate early spread of SARS-CoV-2 in Singapore: a modelling study. *The Lancet Infect Dis.* 2020; 20(6):678-88. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(20\)30162-6](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30162-6)

**Como citar:** Duarte GCR, Kock KS. Simulação computacional do Covid-19 por meio do modelo SEIR: efeito do isolamento social. **Saúde em Redes.** 2021;7 (Supl.1). DOI: 10.18310/2446-48132021v7n1Sup.3367g668

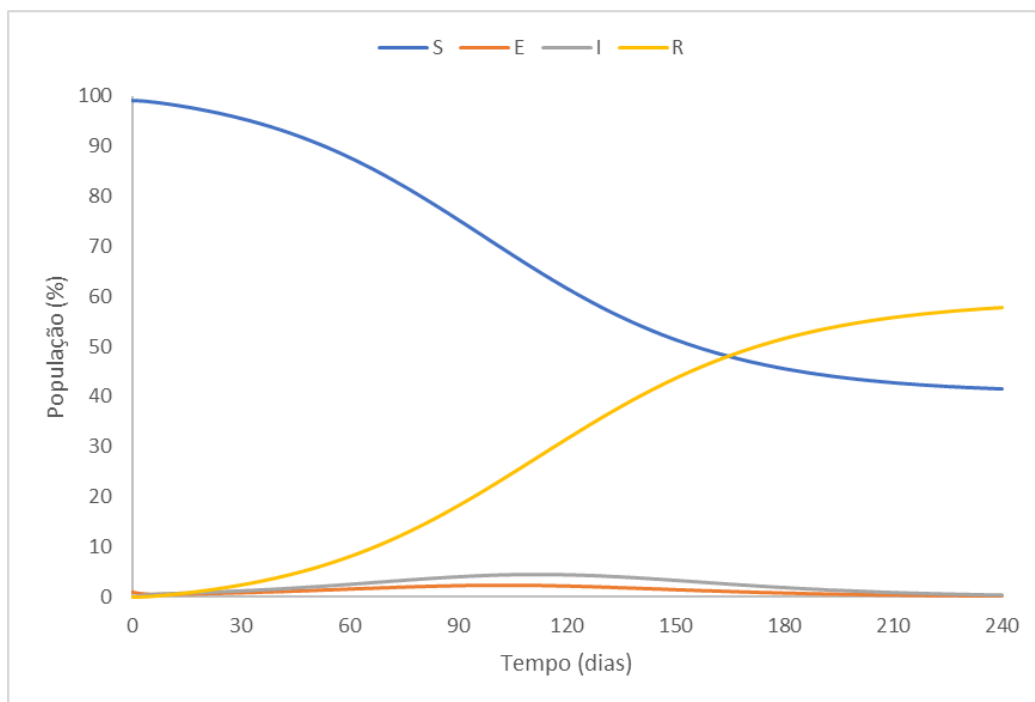
**Recebido em:** 21/10/2020

**Aprovado em:** 11/07/2021

## APÊNDICES

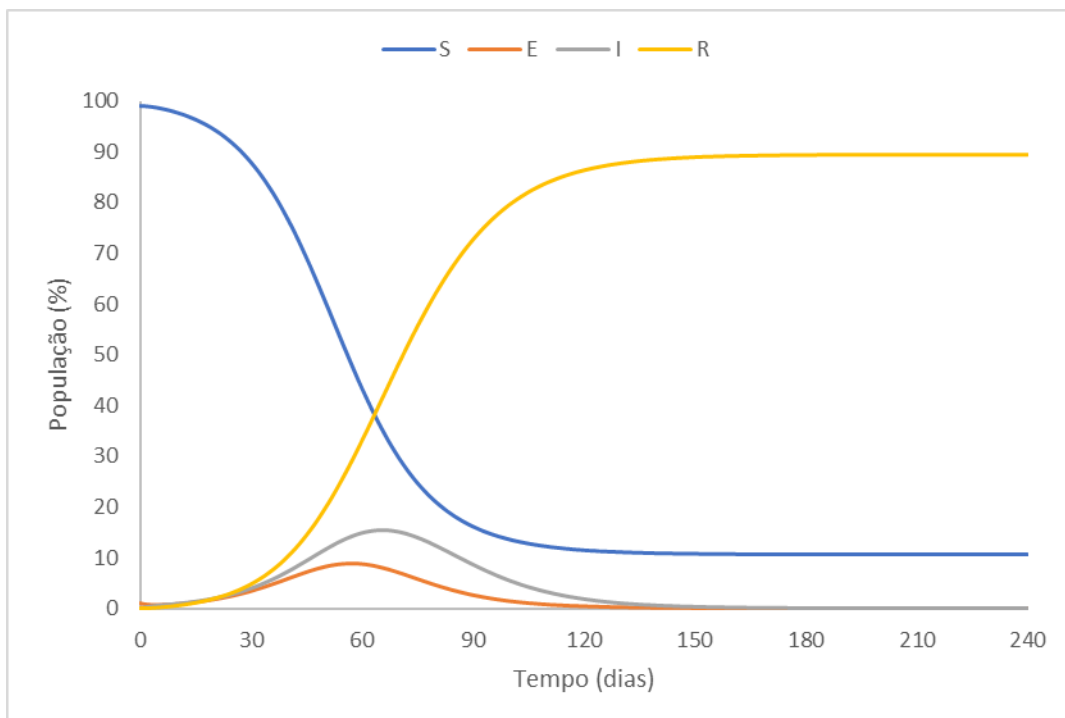
### FIGURAS

Figura 1. Cenário 1: Isolamento social durante todo o período:  $\beta=0,15$  ( $R_0=1,5$ );  $0 \leq t \leq 240$  dias



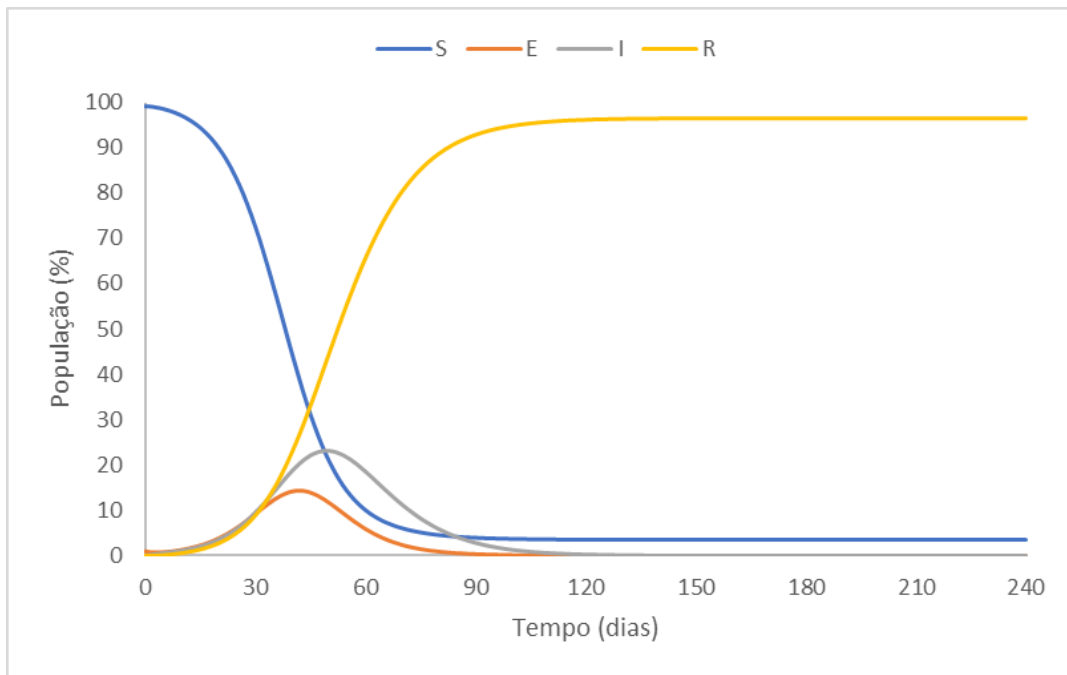
Fonte: O autor (2020).

Figura 2. Cenário 2: Sem medidas de isolamento social:  $\beta=0,25$  ( $R_0=2,5$ );  $0 \leq t \leq 240$  dias



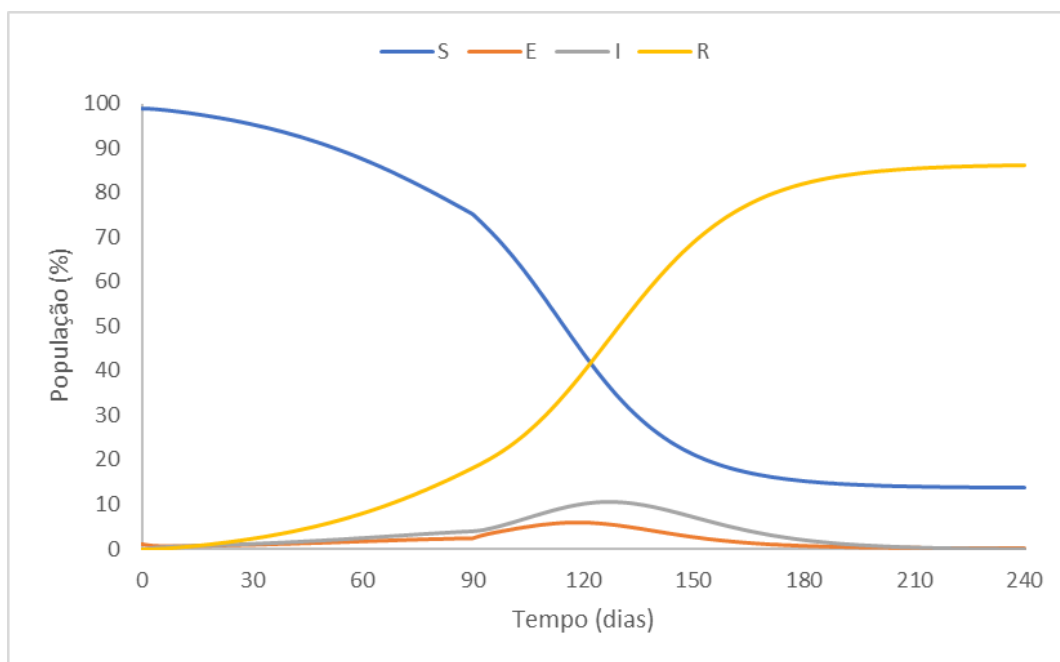
Fonte: O autor (2020).

**Figura 3. Cenário 3: Aglomeração social:  $\beta=0,35$  ( $R_0=3,5$ );  $0 \leq t \leq 240$  dias**



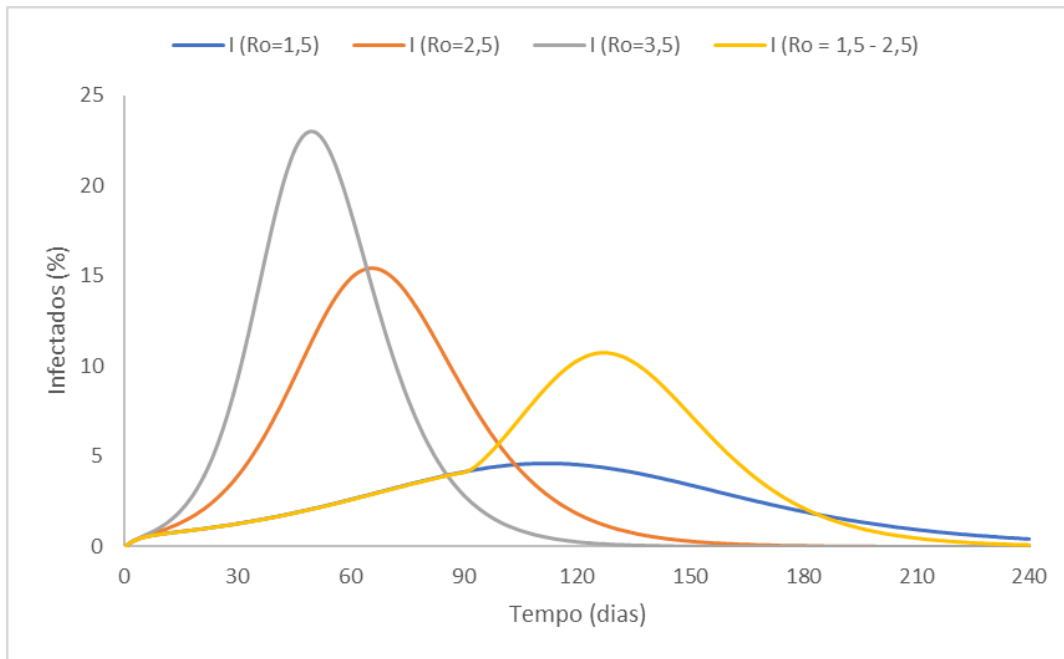
Fonte: O autor (2020).

**Figura 4. Cenário 4: Isolamento social em 90 dias, após sem isolamento:  $\beta=0,15$  ( $R_0=1,5$ );  $0 \leq t \leq 90$  dias;  $\beta=0,25$  ( $R_0=2,5$ );  $90 < t \leq 240$  dias**



Fonte: O autor (2020).

Figura 5. Comparação da curva dos infectados nos 4 diferentes cenários



Fonte: O autor (2020).