

Avaliação da taxa básica de reprodução, R_0 , durante a epidemia de coronavírus no município de Barretos-SP.

Rutiele Silva Lima¹ e Osvaldo Eduardo Aiello¹,

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de São Paulo, Câmpus Barretos.

e-mail: rutiele.lima@aluno.ifsp.edu.br

Palavras-chave: COVID19, método Monte Carlo, Saúde9)

Introdução

A taxa básica de reprodução, R_0 , é o parâmetro mais usado pelos epidemiologistas para o estudo de diversos processos de infecção. Ele é definido como o *número médio de casos secundários causados por um indivíduo infectado em uma população completamente suscetível*. Quando $R_0 > 1$ a infecção propaga-se, caracterizando o estado epidêmico, caso contrário, $R_0 < 1$, o número de pessoas infectadas vai diminuindo até se tornar nulo. Naturalmente, os esforços dos pesquisadores se concentram em estimativas de R_0 [1,2,4]

O espalhamento de infecções em uma população envolve o efeito do mecanismo de transmissão que pode se dar através de um processo social, como a COVID-19 e tuberculose, ou via agentes secundários, como a dengue. Em todos os casos pode-se denominar de Suscetíveis aos indivíduos que estão sujeitos a contrair a infecção, de Infectados aos que já contraíram-na e de Removidos ou Recuperados aos que estão imunes ou morreram. Com esta perspectiva é formulado o modelo SIR (Suscetíveis-Infectados-Removidos) [4]. Matematicamente, o modelo SIR é representado por um conjunto de três equações, uma para cada variável e a solução destas equações fornecem a evolução temporal para S, I e R. Pode-se esquematizar a situação como um conjunto de compartimentos (S, I e R) que representam cada um dos possíveis estados de seus elementos e que as transições entre os estados são realizadas mediante taxas de transição, assim, um indivíduo S sofre uma transição para o estado I mediante uma taxa de infecção β . Analogamente um indivíduo do estado I sofre uma transição para o estado R mediante uma taxa de remoção γ . Neste esquema $R_0 = \beta/\gamma$, e o

limiar epidêmico fica definido. Esta formulação tem sido utilizada recentemente, para analisar epidemias de COVID19 [1,2 e 5]

O objetivo deste trabalho é analisar os dados para o município de Barretos-SP, coletados no “Painel coronavírus” ([Coronavírus Brasil \(saude.gov.br\)](https://coronavirus.saude.gov.br)). Utilizou-se o modelo SIR para determinar o R_0 que caracterizou a evolução epidêmica da cidade.

Objetivos

Analisar os dados registrados no sistema público de saúde a respeito da epidemia de coronavírus no município de Barretos-SP ocorrida nos anos de 2020-2023. Determinar o parâmetro R_0 que caracterizou a epidemia no município.

Material e Métodos

O método Monte Carlo consiste em construir computacionalmente, uma amostra do sistema, a partir da qual estimativas estatísticas dos parâmetros podem ser obtidas [3]. Para o processo epidêmico utilizou-se o modelo SIR em que os parâmetros a serem estimados são **S**, **I** e **R**. Para isso, é definida uma rede bidimensional (matriz quadrada), na qual cada sítio (elemento da matriz), representa o estado de um indivíduo da população. Então, são definidos os valores para os estados: 0 (zero) para um sítio ocupado por um indivíduo suscetível, 1 (um) para um sítio ocupado por um infectado e 2 (dois) para um sítio removido.

O esquema geral para a simulação Monte Carlo deve seguir os seguintes passos:

- a) Gera-se a configuração inicial (representada pelos números 0, 1 e 2).
- b) Escolhe-se aleatoriamente um sítio e verifica-se o seu estado;

- Se o sítio for um suscetível, poderá ser infectado como segue:

i) Determinar a probabilidade de infecção T_{S-I} ;

ii) Sorteia-se um número aleatório ξ com distribuição uniforme entre 0 e 1.

iii) Se $T_{S-I} > \xi$ a nova configuração é aceita. O tempo é atualizado.

iv) O número de sítios infectados é acrescido em uma unidade e o número de suscetível é diminuído de uma unidade.

- Se o sítio for um infectado, poderá ser removido como segue:

i) Determinar a probabilidade de remoção T_{I-R} .

ii) Sorteia-se um número aleatório ξ com distribuição uniforme entre 0 e 1.

iii) Se $T_{I-R} > \xi$ a nova configuração é aceita. O tempo é atualizado.

iv) O número de sítios removidos é acrescido em uma unidade e o número de infectados é diminuído de uma unidade.

c) A simulação continua a partir de b).

As probabilidades de transição T_{I-R} e T_{S-I} são calculadas a partir das taxas de transição β e γ .

No modelo SIR, a taxa básica de reprodução R_0 é calculada a partir da razão entre as taxas de infecção e de remoção: $R_0 = \beta/\gamma$. Estas taxas são estimadas a partir dos dados coletados nos centros de saúde.

Resultados e Discussão

Primeiramente, os dados coletados do sistema público de saúde foram organizados e apresentados em gráficos. A Figura 1 representa o número de pessoas infectadas (acúmulo do número de infectados) em função do tempo desde o dia 20/03/2020 (início da pandemia de coronavírus). Neste gráfico optou-se por uma contagem diária contínua ao invés do formato em datas como nos arquivos originais. Foi realizado o ajuste sigmoide (ou sigmoidal), mostrado também na Figura 1.

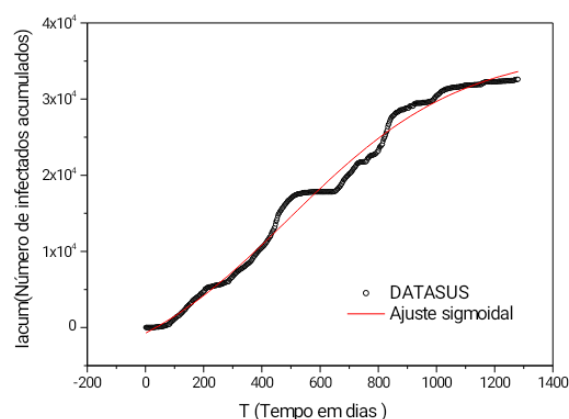


Figura 1. Número acumulado de infectados I, no município de Barretos-SP, no período de março de 2020 à junho de 2023. Os símbolos "o" representam os dados brutos e a linha contínua o ajuste por uma função sigmoide.

A partir da função sigmoide obtida construiu-se a derivada desta função. A derivada do número de casos acumulados fornece o valor instantâneo de $I(t)$, representada na Figura 2 com o símbolo "o".

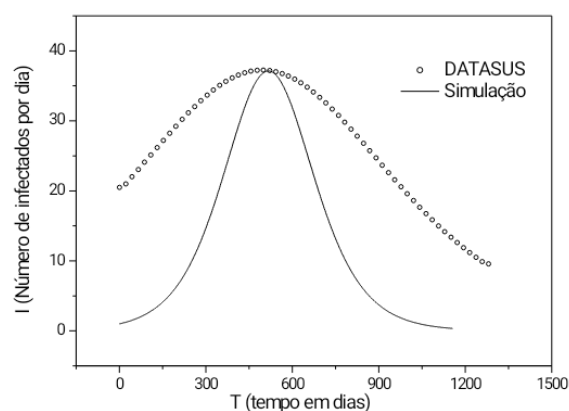


Figura 2. Número de infectados instantâneo (por dia) obtidos por: "o" da análise dos dados do DATASUS e "-" da simulação Monte Carlo.

A simulação Monte Carlo foi executada considerando uma rede quadrada de 350x350 elementos, se aproximando da população da cidade de Barretos que é de aproximadamente 120.000 habitantes [Coronavírus Brasil \(saude.gov.br\)](https://coronavirus.brasil.saude.gov.br). As taxas utilizadas para realizar a simulação foram $\beta=0,9$ e $\gamma=0,878$, definindo o $R_0=1.025$.

Com isso, associou-se este valor de R_0 como sendo um valor médio que caracteriza a

epidemia de coronavírus no município de Barretos. Verificou-se também o “achatamento” da curva de infecção em comparação com os resultados da simulação, significando, possivelmente os efeitos do isolamento social aplicado no município (Figura 2).

Conclusões

Conclui-se que a análise foi bem sucedida ao revelar a estimativa do valor de R_0 para a epidemia de coronavírus no município de Barretos. Os dados brutos depois de “tratados” adequadamente mostraram o “achatamento” da curva de infecção. Tal “achatamento” mostrou a eficácia das medidas de afastamento social.

Agradecimentos

Agradecemos ao IFSP-Barretos todo apoio concedido para o desenvolvimento deste trabalho de pesquisa.

Referências Bibliográficas

- [1] Giordano, G., Blanchini, F., Bruno, R. *et al.* Modelling the COVID-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in Italy. *Nat Med* **26**, 855–860 (2020).
- [2] Lavielle M, Faron M, Lefevre JH, *et al.* Predicting the propagation of COVID-19 at an international scale: extension of an SIR model *BMJOpen* 2021.
- [3] Metropolis, N. , *et al* Equation of State Calculations by Fast Computing Machines. *J. Chem. Phys.* 21, 1087 (1953).
- [4] Palladino, A., *et al.* A. Modelling the spread of Covid19 in Italy using a revised version of the SIR model. 2020.
- [5] Vergara Moreno, *et al.* Basic epidemiologic model SIR for COVID-19: case of Peruvian Regions. *Selecciones Matemáticas*, 7(01), 151-161. <https://doi.org/10.17268/sel.mat.2020.01.14>