

Evolução das epidemias: a matemática de isolar-se¹

Héctor Pastén² e Jorge Castillo Sepúlveda³

Tradução e apresentação de Mary Anne Warken S. Sobottka⁴
Universidade Federal de Santa Catarina

Apesar de constituirmos uma sociedade altamente fundamentada em conhecimentos científicos, é aparentemente devido à pandemia da Covid-19 que a importância da ciência ganhou visibilidade. Talvez, justamente pelo fato de que a ciência resolveu muitos problemas (desde medicina e tecnologias de comunicação até conceitos sociais), nos acostumamos a ela e não a percebemos no dia a dia. A crise causada pelo vírus SARS-CoV-2 trouxe novos e urgentes desafios, e a ciência interdisciplinar da epidemiologia tomou conta dos noticiários e debates.

Neste trabalho, a leitura via tradução se faz presente, contribuindo e colocando à disposição um artigo⁵ que foca o aspecto matemático dos modelos epidemiológicos e desvenda, de forma didática, como a ciência pode auxiliar no enfrentamento de epidemias. Publicado originalmente no final de março de 2020, o artigo utiliza os dados do primeiro mês da epidemia da Covid-19 no Chile para explicar os conceitos

¹ PASTÉN, Héctor e Castillo Sepúlveda, Jorge. “Evolución de las Epidemias: la matemática de aislarse”. A tradução desse artigo foi autorizada pelos autores. O texto em espanhol foi publicado na internet e encontra-se disponível em:

<http://www.mat.uc.cl/~hector.pasten/preprints/Epidemia2020.pdf>. [N. da T.]

² Matemático da *Pontificia Universidad Católica de Chile*. Doutor em Matemática pela *Universidad de Concepción* (2010) e Doutor em Matemática pela *Queen's University* (2014). Anteriormente foi pesquisador na *Harvard University* (2014-2018) e no *Institute for Advanced Study de Princeton* (2015-2016). Ganador da Medalha de Ouro ao Mérito Acadêmico do Governador-Geral do Canadá (2014) e prêmio MCA do *Mathematical Council of the Americas* (2017) entre outros prêmios internacionais. E-mail: hector.pasten@mat.uc.cl.

³ Engenheiro civil matemático da *Universidad de Concepción* (2015) e Doutor em Ciências da Complexidade Social pela *Universidad del Desarrollo* (2019). Trabalha, atualmente, como cientista de dados do *Z Data Lab*, onde lidera as áreas de inteligência de preços e inteligência comercial, é pesquisador na *Universidad del Desarrollo*, onde atua na elaboração de projetos associados ao tratamento de dados e em docência de pós-graduação. E-mail: jorgecastillo@zdatalab.com.

⁴ Tradutora e professora de espanhol. Atualmente é doutoranda do Programa em Estudos da Tradução da Universidade Federal de Santa Catarina com bolsa CAPES. É Bacharel em Língua Espanhola e Literaturas de Língua Espanhola. Mestra em Estudos da Tradução pela Universidade Federal de Santa Catarina (PGET/CAPES). Pesquisa a obra de Nicanor Parra e desenvolve pesquisas relativas ao estudo da variação do espanhol chileno e à literatura chilena. No doutorado dedica especial atenção aos Estudos de Tradução do texto poético desenvolvidos na América do Sul. E-mail: warkenespanholufsc@gmail.com.

⁵ A formatação desta tradução segue o formato do original em espanhol, salvo pequenas modificações feitas com o intuito de atender parte das diretrizes da revista *Qorpus*. [N. dos E.]

fundamentais no modelamento de uma epidemia. Sem o objetivo de fazer alguma previsão real de como a epidemia evoluiria no país, o texto reúne dados que permitem a visualização de possíveis cenários caso não seja adotada nenhuma medida de contenção (cenários que podem ser validados comparando com os casos reais de outros países), bem como põe em evidência a importância de que os sistemas de saúde tenham dados atualizados e corretos sobre a evolução da epidemia. Espero que a leitura deste artigo possa contribuir para a divulgação da ciência e de sua importância, bem como dar subsídios para entender o momento atual.

Por favor, leia pelo menos a seção 1 deste artigo! Prometemos que ela é curta, fácil de ler e tem pouca matemática.

Resumo: Este é um artigo sobre os aspectos matemáticos da epidemia Covid-19 no Chile, orientado para um público amplo, não só especialistas. Explicaremos como nós, os cientistas, conseguimos prever o avanço da epidemia usando modelos matemáticos. Para a clareza dessa exposição, nos permitiremos usar a palavra “teorema” de um modo muito mais livre que em um artigo de matemática pura e apresentaremos modelos que só necessitam uma matemática escolar, evitando o uso de equações diferenciais.

- A seção 1 contém alguma coisa de matemática (muito simples!), mas inclusive se você não gosta muito de números, ler a seção 1 é um exercício que, por responsabilidade, deveria fazer. Apresenta-se o **método mais simples de projetar o avanço da epidemia** com algumas projeções do que poderia acontecer no Chile em abril.
- A seção 2 contém uma versão mais refinada da análise fundamental da seção 1. Aqui se apresenta o **modelo exponencial** de crescimento de epidemias. A evidência indica que atualmente o ritmo de contágio é próximo de um caso novo ao dia por cada 5 infectados.
- A seção 4 usa dados reais no modelo **SIR simplificado** para prever o modo que evoluirá a Covid-19 no Chile se continuarmos no mesmo ritmo que temos

até o momento. Neste ritmo, a previsão é de um primeiro pico da doença entre finais de maio e início de junho. O número de casos sairia do controle muito antes. Ademais, explicaremos por que **modelos como o SIR têm um crescimento exponencial em etapas iniciais**.

- A seção 5 examina as **projeções se baixássemos a frequência de contágios com uma estratégia drástica de isolamento**. Isto supõe uma ação imediata: cada dia piora drasticamente a situação já que nesta etapa inicial da epidemia o modelo de crescimento exponencial ainda é válido.

Os modelos matemáticos neste artigo são bem mais simples que os modelos que seriam necessários para fazer previsões mais precisas. Ademais, a qualidade de dados existentes não é ótima⁶; está sujeita às limitações da capacidade de diagnóstico no Chile, em plena contingência. Mas, mesmo assim, esperamos que este artigo informe ao público em geral sobre como se estuda o avanço de uma epidemia como a Covid-19.

1. Como se prognostica o avanço de uma epidemia?

As doenças altamente contagiosas se expandem de uma maneira relativamente previsível, nas fases iniciais se não são tomadas medidas radicais para que sejam controladas. Por exemplo, convidamos o leitor e a leitora para refletir sobre a seguinte observação aproximada: se, em média, um doente contagia alguma outra pessoa a cada 4 dias, então o total de casos *dobraria* a cada 4 dias.

No caso concreto da Covid-19 no Chile, a tabela a seguir tem o número total de casos confirmados pelo MINSAL⁷ até hoje, 29 de março⁸ – ver [3]⁹. Na tabela, n é o número de dias, contando desde o primeiro caso; e a quantidade $T(n)$ é o número *oficial* do total de casos até esse dia.

⁶ Definição na matemática: No português brasileiro, desde a reforma ortográfica de 2009, as formas 'ótimo' e 'óptimo' (e suas derivações) são aceitas. As duas variantes são usadas na matemática, sendo que 'otimização' ou 'optimização' designam a área de estudo que se ocupa em encontrar as melhores soluções (chamadas soluções ótimas ou óptimas) para um dado problema, bem como determinar as condições sob as quais existem essas soluções. Optamos pela variante 'óptimo' como forma de enfatizar que tratamos, aqui, de um conceito matemático específico. [N. da T.]

⁷ Sigla para Ministério da Saúde do Chile. [N. da T.]

⁸ Este artigo foi concluído na tarde do dia, 29 de março de 2020, tendo sido usados os dados disponíveis até então. O processo de edição (revisar erros de escrita, produzir gráficos, etc.) nos ocupou até a segunda-feira, dia 30 de março. Nesta data houve uma atualização de dados, mas não a usamos porque senão a edição do artigo teria durado para nós até o dia seguinte, e a defasagem se repete. [N. dos A.]

⁹ As leitoras e leitores poderão acessar as referências utilizadas pelos autores seguindo, quando apontada no corpo do texto do artigo, a numeração indicada entre colchetes. [N. da T.]

(Obviamente o número real de infectados é maior porque em muitos casos a infecção não apresenta sintomas imediatos, e o afetado nem sempre é submetido ao teste).

Data	N	$T(n)$ oficial	Data	n	$T(n)$ oficial	Data	n	$T(n)$ oficial
3 Março	1	1	12 Março	10	33	21 Março	19	537
4 Março	2	3	13 Março	11	43	22 Março	20	632
5 Março	3	4	14 Março	12	61	23 Março	21	746
6 Março	4	5	15 Março	13	75	24 Março	22	922
7 Março	5	7	16 Março	14	156	25 Março	23	1.142
8 Março	6	11	17 Março	15	201	26 Março	24	1.306
9 Março	7	13	18 Março	16	238	27 Março	25	1.610
10 Março	8	17	19 Março	17	342	28 Março	26	1.909
11 Março	9	23	20 Março	18	434	29 Março	27	2.139

Parece que o número de infectados dobra a cada 3 ou 4 dias. Isso quer dizer que cada doente contagia, aproximadamente, alguma outra pessoa a cada 3 ou 4 dias¹⁰. Basicamente, se hoje (29 de março) temos 2.139 infectados identificados (os infectados reais, não diagnosticados, poderiam ser muito mais!), então em mais 4 dias (o 2 de abril) deveria haver $2 \times 2.139 = 4.278$ infectados. Alguém poderia dizer que não é um número tão grande para um país com cerca de 19 milhões de habitantes, mas o que aconteceria se a situação se mantivesse nesse ritmo, digamos, por um mês? Os números seriam estes:

Dia	Projeção do número de casos (supondo duplicação a cada 4 dias)
2 Abril	4.278
6 Abril	8.556
10 Abril	17.112
14 Abril	34.224
18 Abril	68.448
22 Abril	136.896
26 Abril	273.792
30 Abril	547.584

¹⁰ As leitoras deste artigo poderiam reclamar que isto não leva em consideração o fato de que existem doentes recuperando-se e que deixam de ser contagiosos. Isso é verdade e, por este motivo, vamos considerar mais adiante esse fator para apresentar um modelo um pouco melhor desenhado para aproximar a realidade. [N. dos A.]

Isso é mais de meio milhão de pessoas até o final de abril¹¹.

¹¹ No momento da submissão desta tradução já sabemos, com base nos dados do MINSAL Chile, que em 30 de abril havia 16.083 casos de Covid-19 registrados no Chile, quantidade bem menor que as mais otimistas estimativas feitas neste artigo. No final da Seção 2 e na **Nota anexada durante a edição final**, os autores chamam a atenção justamente para o fato de que medidas adotadas para conter o avanço da epidemia poderiam modificar as previsões feitas.

Vale ressaltar que, durante o mês de março, foram adotadas no Chile algumas medidas para conter o avanço da epidemia (fonte: <https://www.gob.cl/noticias/>):

- 13 de março: governo chileno anunciou medidas para conter a epidemia e MINSAL instruiu colégios a fazer quarentena;

- 15 de março: governo anuncia novas medidas para frear o avanço da epidemia;

- 18 de março: governo chileno decreta Estado de Exceção Constitucional de Catástrofe em todo o território nacional;

- 25 de março: MINSAL Chile anuncia quarentena total em sete municípios da região metropolitana onde se concentram mais casos.

Como o tempo entre contágio e aparecimento dos primeiros sintomas é entre 2 e 14 dias, com média estimada de 5,2 dias (<https://www.worldometers.info/coronavirus/coronavirus-incubation-period/>), podemos esperar que, sem testes laboratoriais sendo amplamente aplicados, qualquer mudança na velocidade de contágios só começará a ser percebida em torno de 5 dias após a implementação de alguma medida de prevenção, podendo levar até 14 dias para ser completamente percebida. Assim, as medidas acima descritas deveriam ser percebidas entre 18 de março e 8 de abril. Se analisamos o número de casos de Covid-19 registrados no Chile, entre 23 de março e 30 de abril (fonte <https://www.worldometers.info/coronavirus/country/chile/>), aplicando as mesmas técnicas da Seção 2 do artigo, podemos perceber que a velocidade do aumento de casos parece sofrer ao menos duas mudanças significativas durante o período: uma diminuição da velocidade por volta de 31 março e uma nova diminuição na velocidade por volta de 4 de abril. Na Seção 2 deste artigo, usando os dados de 23 de março a 29 de março foi estimado que o crescimento exponencial teria como parâmetro $C = 1,194$, o que, seguindo no mesmo ritmo, acarretaria cerca de 622.800 contaminados em 30 de abril. No entanto, se forem usados os dados de 30 de março a 6 de abril (período em que ocorreu a primeira diminuição na velocidade do contágio), se estima um parâmetro $C = 1,107$, o qual (se estivesse disponível em 29 de março) permitiria projetar que em 30 de abril haveria cerca de 55.500 contaminados. Finalmente, se usamos os dados do período de 4 a 10 de abril (momento em que ocorreu a segunda desaceleração dos contágios), encontramos $C = 1,076$ o que permitiria projetar que em 30 de abril haveria somente cerca de 22.400 contaminados. Observe que a análise feita acima usa o modelo exponencial, que é muito mais limitado que o modelo SIR usado nas seções 3 e 4. No entanto, sua previsão é mais acertada pelo fato de usar melhores dados dos que os disponíveis em 29 de março. Voltamos a ressaltar que não se trata de usar dados futuros, mas de um exercício para mostrar que se em 29 de março houvesse dados sobre como a epidemia estava realmente evoluindo naquele momento, as previsões seriam mais precisas. Finalmente, essa análise reforça dois pontos cruciais apresentados pelos autores:

- 1) Medidas de isolamento podem frear a epidemia: as projeções com os dados da última semana de março apontavam para mais de 622 mil contaminados ao final de abril, enquanto que a mesma projeção baseada em dados da segunda semana de abril (quando o efeito das medidas adotadas já podia ser percebido) apontavam para pouco mais de 22 mil contaminados no final do mês;
- 2) É necessária uma ampla testagem da população: na falta de testes para saber quem realmente se contaminou, os dados disponibilizados até 29 de março estava, na melhor das hipóteses, mostrando principalmente os contágios ocorridos até 24 de março, quando somente as primeiras medidas adotadas em 13 de março podiam ser plenamente percebidas e a quarentena total de alguns municípios ainda não havia sido adotada. Se houvesse uma testagem mais ampla da população, em 29 de março o governo teria dados que só foram obtidos por volta de 8 de abril. Isso, além de permitir uma análise mais acertada do cenário ao final do mês de abril, permitiria ao governo saber quais estratégias de combate à epidemia estavam funcionando e atualizá-las conforme a necessidade.

(A análise matemática para a produção desta nota da tradutora foi elaborada com a orientação do Professor Marcelo Sobottka – Departamento de Matemática da Universidade Federal de Santa Catarina).

O que podemos fazer para evitar um avanço tão rápido? Como não temos à disposição a cura neste momento, o melhor que podemos fazer é diminuir o ritmo de propagação. Por exemplo, se cada doente contagiasse (em média) uma nova pessoa, uma vez a cada 8 dias, em lugar de uma vez a cada 4 dias, os números seriam estes:

Dia	Número esperado de casos diagnosticados (supondo duplicação a cada 8 dias)
6 Abril	4.278
14 Abril	8.556
22 Abril	17.112
30 Abril	34.224

Isto é próximo de 34 mil pessoas até o final de abril.

O cérebro humano não está desenhado para compreender números muito grandes. Dessa forma, para dimensionar melhor a diferença entre ambos cenários, você poderia pensar que prefere: uma dívida de meio milhão de pesos; ou uma dívida de 34 mil pesos.

O problema é que ninguém sabe com certeza se tem o vírus ou não, exceto que comece a demonstrar sintomas ou faça o exame. Os sintomas não são imediatos: um portador pode passar até 14 dias sem sintomas [4] e, portanto, sem saber que está contagiando os outros. Por isso é um desafio desenhar uma estratégia que torne mais lenta a velocidade com a qual os portadores contagiam uma nova pessoa.

- **Conclusão importante: Fazer com que a velocidade de contágio por pessoa seja só - alguns dias mais lenta provocaria uma diferença dramática nos números.**
- Reduzindo o contato entre pessoas se evita que os infectados contagiem os outros e, reciprocamente, os saudáveis não se expõem ao contágio.
- Inclusive, se alguém saudável participa de um evento social e toma todas as medidas de higiene, prestigiar o evento poderia fazer com que mais gente fizesse o mesmo, e essas outras pessoas poderiam dar origem a novos contágios.

Existem pessoas que não podem isolar-se por razão de força maior. Mas se você pode ficar em isolamento, *então tem a obrigação moral* de fazer isso.

2. Modelo exponencial

Um modelo matemático é uma forma de utilizar a matemática para tentar prever o futuro a partir de dados conhecidos. Por natureza, os modelos matemáticos têm algumas falhas, por exemplo:

- Simplificam a realidade para que o modelo seja calculável. Isto faz com que alguns fatores não sejam tomados em conta.
- A vida real é incerta e possui um pouco de aleatoriedade.
- O modelo matemático toma dados iniciais para fazer uma previsão. A qualidade da previsão não é melhor que a qualidade dos dados de partida. Ou seja, se os dados de partida são pouco confiáveis, a previsão será pouco confiável.

No entanto, os modelos matemáticos bem desenhados e que consideram suas falhas ao analisar uma previsão, são uma valiosa ferramenta na tomada de decisões. O que fizemos na seção anterior foi um modelo matemático simples, para tratar de prever o avanço de uma epidemia. Esse modelo se chama *modelo exponencial*: em um período determinado, a quantidade de infectados vai se multiplicando por uma constante fixa. Na seção anterior, consideramos uma versão onde o “período de tempo” era de 4 dias; e outra onde era de 8 dias. Para simplificar as coisas, podemos padronizar o período de tempo¹². Por exemplo, 1 dia:

Modelo exponencial, avanço diário: cada dia, a quantidade de infectados vai se multiplicando por uma constante C fixa.

O raciocínio no qual se embasa este modelo é o seguinte: vamos supor que cada infectado tem, em média, k contatos contagiosos ao dia, e que ontem tínhamos T_{ontem} infectados. Então, cada infectado de ontem “contribuiu”, em média, com k infectados novos para hoje e isso nos dá $k \cdot T_{ontem}$ infectados novos para hoje. Dessa forma, hoje

¹² Por exemplo: se um infectado contagia, em média, uma nova pessoa a cada quatro dias, para efeito de cálculos podemos considerar que, em média, um infectado contagia 0,25 pessoas a cada dia. [N. da T.]

teremos o total de infectados de ontem (ou seja, T_{ontem}) mais os novos (ou seja, $k \cdot T_{ontem}$), resultando um total de

$$T_{hoje} = T_{ontem} + k \cdot T_{ontem} = (1 + k) \cdot T_{ontem}.$$

Isso nos dá o modelo exponencial com $C = 1 + k$. Em símbolos:

Teorema 2.1 (fórmula do modelo exponencial): *seja $T(n)$ o número total de casos ao dia n de nosso estudo, segundo o modelo exponencial. Seja k a quantidade média de interações contagiosas que um infectado tem ao dia. Definimos $C = 1 + k$. Então, de acordo o modelo exponencial, se verifica que $T(n) = C \cdot T(n - 1)$.*

O $T(n)$ do modelo exponencial é um conceito matemático, não é o número real de infectados. Mas o ponto é que, escolhendo adequadamente k e C , de acordo com os dados existentes, a sequência $T(1), T(2), T(3), \dots$ deveria aproximar o número de infectados e isso nos permite fazer previsões¹³. Para calcular qual é o valor de C que mais se aproxima da realidade, no caso da Covid-19 no Chile, podemos usar os dados disponíveis do MINSAL até a data de hoje. Da tabela da seção 1, utilizaremos os dados oficiais da última semana para tentar adequar-nos à tendência de crescimento mais recente (os dados dos primeiros dias não refletem necessariamente a tendência predominante agora):

Data	N	$T(n)$ oficial
23 Março	21	746
24 Março	22	922
25 Março	23	1.142
26 Março	24	1.306
27 Março	25	1.610
28 Março	26	1.909
29 Março	27	2.139

Observando estes números é difícil adivinhar um valor de C . Aqui vêm os logaritmos e a equação da reta a ajudar-nos¹⁴. Considerando \log_{10} , na fórmula do modelo exponencial, se obtém

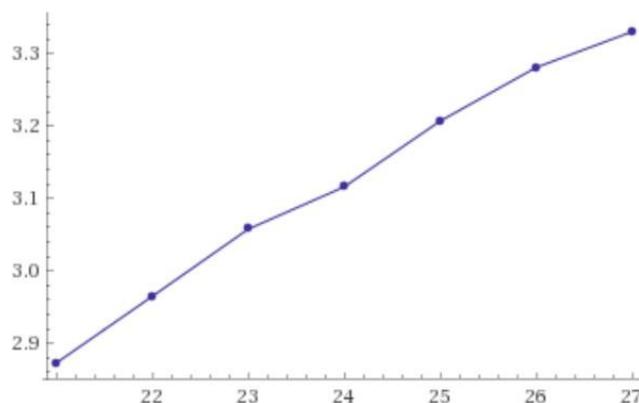
$$\log_{10} T(n) = \log_{10} C \cdot T(n-1) = \log_{10} C + \log_{10} T(n-1).$$

¹³ Observe que $T(2) = C \cdot T(1)$, enquanto $T(3) = C \cdot T(2) = C \cdot C \cdot T(1) = C^2 \cdot T(1)$ e assim recursivamente, de forma que $T(n) = C^{n-1} \cdot T(1)$. [N. da T.]

¹⁴ Assim é: a matemática que se aprende na escola serve. [N. dos A]

Ou seja, a quantidade $\log_{10} T(n)$, referente ao dia n , é obtida *somando* a constante $\log_{10} C$ à quantidade $\log_{10} T(n-1)$ que tínhamos no dia anterior¹⁵. Isso quer dizer que a função $f(x) = \log_{10} T(x)$, de acordo com o modelo, é uma reta de pente $\log_{10} C$.

Fazemos um gráfico das quantidades $f(n) = \log_{10} T(n)$ de acordo com os dados oficiais da última semana¹⁶:



A tendência em forma de reta é evidente. Isso confirma que o modelo exponencial se ajusta com a realidade nesta etapa inicial da epidemia. Calculando a reta que melhor se ajusta¹⁷ [5] se obtêm:

$$f(x) = 0,0769188x + 1,27237, \quad \text{pendente} = 0,0769188.$$

O gráfico desta reta sobre $\log_{10} T(n)$ da última semana de março segue abaixo:

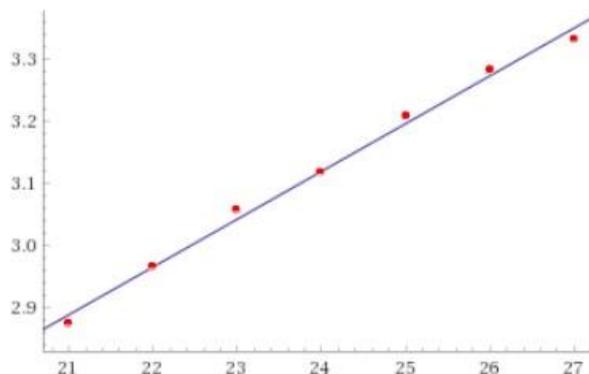
A pente é $\log_{10} C = 0,0769188$, assim que

$$\underline{C = 10^{0,0769188} \approx 1,194e}, \quad \text{portanto,} \quad \underline{k = C - 1 = 0,194}$$

¹⁵ Como podemos escrever $T(n) = C^{n-1} \cdot T(1)$, então $\log_{10} T(n) = (n-1) \cdot \log_{10} C + \log_{10} T(1)$. [N. da T.]

¹⁶ Gráfico feito com Wolfram/Alpha. [N. dos A.]

¹⁷ Para calcular a equação da reta que melhor se ajusta aos dados, foi utilizada uma ferramenta matemática chamada 'ajuste por mínimos quadrados'. [N. dos A.]



Conclusões do modelo exponencial. O modelo exponencial nos diz que conforme a tendência atual:

- Uma pessoa infectada contagia em média a $k = 0,194$ outras pessoas diariamente. Em outras palavras, isso significa que aproximadamente por cada 5 pessoas infectadas, se contagia uma nova pessoa por dia.
- A cada 4 dias, a quantidade de infectados se multiplica por $C^4 = 1,194^4 \approx 2,032$. Isso se ajusta muito bem à análise mais elementar que fizemos na seção 1.
- Neste ritmo, podemos projetar que em 30 de abril (daqui a 31 dias o total de infectados deveria ser

$$2.139 \cdot C^{32} = 2.139 \cdot 1,194^{32} \approx 622.800.$$

Isso é muito mais que meio milhão de pessoas.

Esses números são projeções, supondo que a tendência atual continue e supondo que o modelo exponencial siga válido durante esse período todo¹⁸. Na realidade, os casos oficialmente confirmados poderiam, por exemplo, ser significativamente inferiores:

- Se adotadas medidas rigorosas de isolamento para diminuir o valor de k e, assim, estagnar a epidemia (os números oficiais seriam mais baixos por menos contágios). Isso seria o ideal.
- Se não são feitos testes suficientes para detectar contágios (os números oficiais seriam mais baixos por menos diagnósticos). Isso seria uma falsa ilusão: números menores que não refletem a realidade.

¹⁸ Como será visto na seção 3, os melhores modelos comportam-se como exponenciais somente na fase inicial das epidemias. [N. da T.]

- Se o modelo exponencial deixa de ser válido. Isso acontece quando passa muito tempo desde o início da epidemia. Na seção seguinte explicaremos como oferecer um modelo matemático melhor, que considere uma série de outros fatores e que entrega melhores projeções a médio prazo.

3. Um melhor modelo: SIR

O modelo exponencial funciona muito bem para analisar etapas iniciais de uma epidemia de propagação rápida, mas tem algumas falhas no seu desenho:

- Não leva em consideração que, depois de um certo tempo, os doentes se recuperam (ou, lamentavelmente, falecem) e deixam de ser contagiosos (ao menos por um tempo).
- Não leva em conta que quanto mais infectados existem, menos pessoas saudáveis ficam suscetíveis de ser contagiadas.

Um modelo matemático melhor desenhado, que leva em consideração esses problemas, é chamado de modelo SIR, desenvolvido em 1927 [1], e que até o dia de hoje é base para outros modelos mais sofisticados nas pesquisas sobre epidemias. A sigla vem de catalogar os membros de uma comunidade (digamos, um país) em três tipos:

- Suscetíveis: pessoas saudáveis, que não são imunes. Ou seja, são suscetíveis a serem infectadas.
- Infectados: pessoas portadoras da doença e que podem contagiar os outros.
- Retirados: pessoas que estiveram doentes e que se recuperaram (ou que lamentavelmente faleceram), e, portanto, deixam de ser infectados.

O modelo SIR, na sua forma mais simples, é um sistema de três equações diferenciais relacionando a quantidade de pessoas nesses três grupos, e como variam através do tempo.

Não vamos escrever as equações diferenciais aqui¹⁹ porque não é nossa intenção assustar ninguém; já temos suficiente com a Covid-19. Alternativamente, vamos explicar um modelo muito parecido ao SIR, mas que não precisa nada avançado. Esse modelo, inclusive, será entendível para quem esteja cursando o ensino médio com entusiasmo pela matemática!

Vamos fazer o esforço de entender como avança a Covid-19 *em uma comunidade com H habitantes*. Por exemplo, se a comunidade que vamos estudar é o Chile, então H é aproximadamente 19 milhões. Vamos supor que, ao longo do estudo, H é constante: isso é aproximadamente certo para cidades grandes (ou países) a médio prazo.

Separamos os membros da comunidade em 3 grupos, como o modelo SIR. A quantidade de pessoas em cada um desses grupos no dia n de nosso estudo: $S(n)$, a quantidade de suscetíveis; $I(n)$, a quantidade de infectados; e $R(n)$ a quantidade de retirados. O total de habitantes é a soma dessas quantidades

$$H = S(n) + I(n) + R(n)$$

porque cada pessoa está em exatamente um dos três grupos.

Exemplo hipotético. Por exemplo, se no terceiro dia de nosso estudo temos 100 saudáveis, 30 doentes contagiosos assintomáticos, 3 doentes com sintomas, 10 recuperados e 2 falecidos, então $S(3) = 100$, $I(3) = 33$ e $R(3) = 12$. O total de habitantes dessa comunidade (contando os falecidos) é $H = 100 + 33 + 12 = 145$.

Voltando ao caso geral, há duas quantidades muito importantes relacionadas com a doença:

- d = o número de dias que em média dura a infecção, mesmo que termine em recuperação ou falecimento.
- k = o número, em média, de contatos infecciosos por dia que um portador tem com outras pessoas (saudáveis ou não). Um “contato infeccioso” é uma interação na qual uma pessoa saudável pode acabar contagiada. Por exemplo: se um infectado se apoia na porta do metrô, deixando o vírus, e outra pessoa toca a porta com a sua luva e, em seguida, coça os olhos sem perceber.

¹⁹ Quem queira mais informações, pode consultar a versão em inglês de Wikipédia [2], onde está bem explicado o modelo SIR e sua história. [N. dos A.]

Observação importante sobre d: os infectados novos, em um determinado dia, demoram em média d dias para passar ao grupo “R”. Em símbolos:

$$\frac{R(n) - R(n - 1) = I_{\text{novos}}(n - d)}$$

Em que $I_{\text{novos}}(n)$ é a quantidade de infectados novos no dia n .

Como evolui a epidemia? Os infectados novos de hoje são a quantidade de infectados de ontem pela quantidade de pessoas saudáveis que cada um deles infectou em média. Aqui é onde tem uma diferença importante com o modelo exponencial: nem toda interação contagiosa termina em um contágio; somente as interações contagiosas com pessoas saudáveis! Deduzimos que cada infectado “contribuiu”, em média, com $k \cdot S(n-1) / H$ infectados novos ao dia. Portanto os infectados novos são

$$\frac{I_{\text{novos}}(n) = \frac{k \cdot S(n - 1)}{H} \cdot I(n - 1)}$$

Por outro lado, os que deixam de estar infectados são os que passam ao grupo “R”. Isto é,

$$R(n) - R(n - 1).$$

Sendo assim, o número total de infectados de hoje, menos os de ontem, é:

$$\frac{I(n) - I(n - 1) = \frac{k \cdot S(n - 1)}{H} \cdot I(n - 1) - (R(n) - R(n - 1))}$$

Finalmente, das equações que apresentamos nos quadros acima, obtemos a regra que permite saber como avança a epidemia com o passar dos dias:

Teorema 3.1 (*Fórmulas do modelo SIR simplificado*). De acordo com o modelo antes descrito, a evolução das quantidades $S(n)$, $I(n)$ e $R(n)$ quando o número de dias n avança, é dada pelas equações

$$S(n) = H - I(n) - R(n)$$

$$I(n) = I(n - 1) + \frac{k \cdot S(n - 1)}{H} \cdot I(n - 1) - R(n) + R(n - 1)$$

$$R(n) = R(n - 1) + I_{\text{nuevos}}(n - d)$$

$$= R(n - 1) + \frac{k \cdot S(n - d - 1)}{H} \cdot I(n - d - 1)$$

Para utilizar essas equações, primeiro se calcula $R(n)$ (que depende somente de dados de datas anteriores), depois se calcula $I(n)$ (que depende de $R(n)$ e de dados de datas anteriores) e finalmente se utilizam esses valores no cálculo de $S(n)$.

4. Previsões usando o SIR simplificado

Vamos aplicar o nosso modelo simplificado para estudar a evolução da epidemia de Covid-19 no Chile.

Advertência: O modelo SIR simplificado se ajusta melhor à realidade que o modelo exponencial, já que leva em consideração uma série de outros fatores importantes. No entanto, uma previsão mais exata, a longo prazo, deve incorporar muitos outros aspectos: por exemplo, segregação da população em grupos (diferentes regiões do Chile), mudanças de medidas de prevenção (o parâmetro k mudará durante o processo), o possível colapso do sistema de saúde e a possível falta de testes laboratoriais (o parâmetro d seria maior que o estimado), etc.

Basicamente:

- Modelo exponencial: ajustado ao primeiro ou segundo mês se a proporção de contágios não mudar (o parâmetro k).
- Modelo SIR (ou SIR simplificado): ajustado aos primeiros meses se a proporção de contágios se mantém relativamente constante nesse período e o sistema de saúde não colapsa.
- Para uma projeção de longo prazo (por exemplo, o primeiro ano) é necessário um modelo matemático mais sofisticado.

- Em todos os modelos matemáticos, as predições podem ser menos precisas se não se dispõe de dados corretos.

Com relação ao parâmetro k (a quantidade média de contatos infecciosos diários de um infectado com outras pessoas) fazemos a seguinte observação, que permite aproximar k com os dados disponíveis nas etapas iniciais de uma epidemia:

Observação: Nas etapas iniciais de uma epidemia, a grande maioria da população ainda está saudável e o número de recuperado ou falecidos ainda é muito baixo. Então $S(n) / H$ é muito próximo a 1 quando a epidemia começa, e $R(n) - R(n - 1)$ é pequeno.

Isso dá:

$$I(n) = I(n - 1) + \frac{k \cdot S(n - 1)}{H} \cdot I(n - 1) - R(n) + R(n - 1) \approx I(n - 1) + k \cdot I(n - 1) = (1 + k) \cdot I(n - 1)$$

o que se aproxima a fórmula do modelo exponencial dada no Teorema 2.1.

Teorema 4.1 (*O avanço inicial é exponencial*). *No início de uma epidemia, quando a quantidade de suscetíveis é muito próxima ao total da população (ou seja, quando a quantidade de pessoas que adoeceram é ainda extremamente pequena em comparação com o total da população) se cumpre que o modelo exponencial e o modelo SIR simplificado se comportam de forma aproximadamente idêntica.*

Sendo assim, o parâmetro k calculado ao início de uma epidemia de acordo com o modelo exponencial é uma boa aproximação de parâmetro k que necessitamos para o modelo SIR simplificado. No caso da Covid-19 no Chile, como já calculamos na seção 2, os dados atuais indicam $k = 0,194$. Os dados de quantidade de pessoas infectadas que usaremos são os dados do MINSAL (um registro de fácil acesso que pode ser verificado em [3]).

Dia	n	$T(n)$	$I(n)$	$I(n) - I(n-1)$	Recuperados	Falecidos	$R(n)$	$R(n) - R(n-1)$
3 Março	1	1	1					
4 Março	2	3	3	2				
5 Março	3	4	4	1				
6 Março	4	5	5	1				
7 Março	5	7	7	2				
8 Março	6	11	11	4				
9 Março	7	13	13	2				
10 Março	8	17	17	4				
11 Março	9	23	23	6				
12 Março	10	33	33	10				
13 Março	11	43	43	10				
14 Março	12	61	61	18				
15 Março	13	75	75	14				
16 Março	14	156	156	81				
17 Março	15	201	201	45				
18 Março	16	238	238	37				
19 Março	17	342	342	104				
20 Março	18	434	434	92				
21 Março	19	537	528	94	8	1	8	
22 Março	20	632	623	95	8	1	9	0
23 Março	21	746	733	110	11	2	13	4
24 Março	22	922	903	179	17	2	19	6
25 Março	23	1.142	1117	214	22	3	25	6
26 Março	24	1.306	1269	152	33	4	37	12
27 Março	25	1.610	1562	293	43	5	48	11
28 Março	26	1.909	1842	280	61	6	67	19
29 Março	27	2.139	2057	215	75	7	82	15

A coluna $T(n)$ é o total oficial publicado pelo MINSAL. Sobrando apenas os recuperados oficiais e falecidos obtemos a coluna $I(n)$ de infectados vigentes no dia n . O ideal seria que fosse possível saber o total *real* de infectados. Na falta de melhores dados, usaremos esses²⁰.

O parâmetro d que usaremos é $d = 14$. Isto por duas razões:

- A quarentena recomendada costuma ser de 2 semanas. Isso confirma que a maioria dos casos leves costuma ter recuperação dentro das duas primeiras semanas.
- De acordo com o modelo esperamos que aproximadamente se cumpra

²⁰ É possível usar outro modelo matemático para estimar o número de casos com base na informação disponível contrastada com os dados de países onde se fizeram testes de Covid-19 em uma proporção muito maior da população. [N. dos A.]

$$R(n) - R(n-1) = I_{\text{novos}}(n-d)$$

E para os primeiros dias da epidemia se cumpre $I_{\text{novos}}(n-d) = I(n-d) - I(n-d-1)$. Na tabela anterior, os números 0,4, 6, 6, 12, 11, 19, 15 da coluna $R(n) - R(n-1)$ parecem coincidir melhor com o bloco 4, 2, 4, 6, 10, 10, 18, 14 da coluna $I(n) - I(n-1)$, o que corresponde a considerar $d = 14$ no modelo.

Com tudo isto, podemos aplicar as fórmulas do modelo SIR simplificado (Teorema 3.1.) para antecipar a evolução de $S(n)$, $I(n)$ e $R(n)$.

A título de exemplo, calcularemos a projeção para 30 de março, correspondente a $n = 28$.

Primeiro,

$$S(27) = 19000000 - I(27) - R(27) = 19000000 - 2057 - 82 = 18997861$$

e agora usamos as fórmulas do Teorema 3.1 para $n = 28$ (com $k = 0,194$ e $d = 14$).

Primeiro $R(28)$ projetado (recuperados e falecidos):

$$R(28) = R(27) + I_{\text{nuevos}}(14) = 82 + 156 - 75 = 163$$

e agora o número de infectados projetado:

$$\begin{aligned} I(28) &= I(27) + \frac{0,194 \cdot S(27)}{19000000} \cdot I(27) - (R(28) - R(27)) \\ &= 2057 + \frac{0,194 \cdot 18997861}{19000000} \cdot 2057 - (163 - 82) \approx 2375 \end{aligned}$$

e obtemos os valores projetados $I(28) = 2375$ e $R(28) = 163$.

Nota anexada durante a edição final:

Enquanto se editava a versão final deste artigo, os dados referentes à segunda-feira, 30 de março, foram liberados pelo MINSAL:

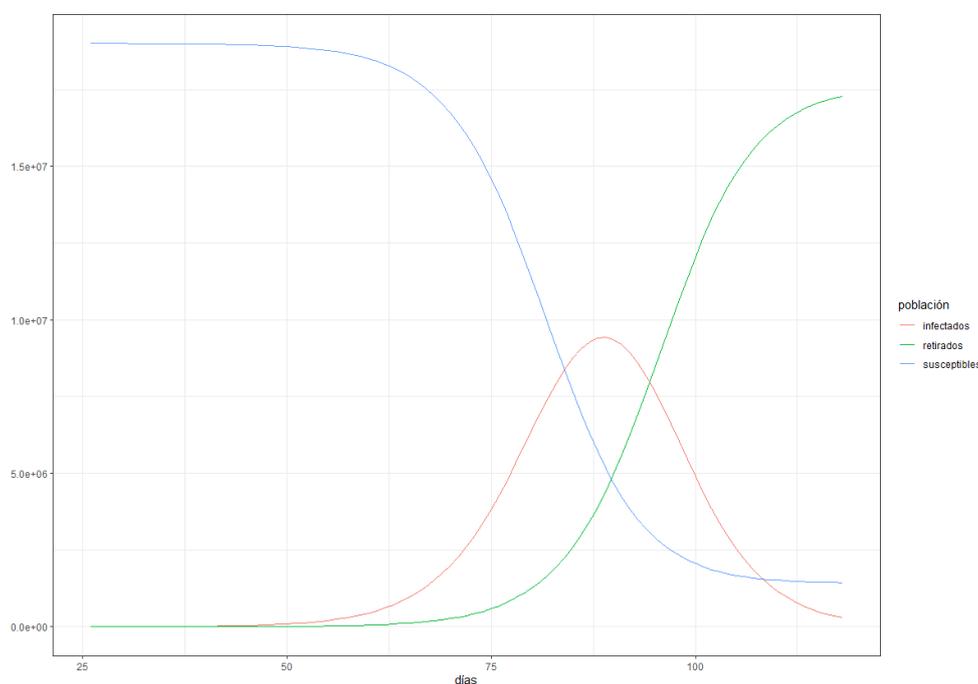
2.449 casos totais, 156 recuperados, 8 falecidos até a data. Isto dá os valores oficiais $I(28) = 2.287$ e $R(28) = 162$. O erro de projeção de modelo com relação aos dados

oficiais é de 3,8 % para um número de infectados vigentes, e 0,6 % para o número de falecidos ou recuperados. A coincidência quase exata para o valor de $R(28)$ (projeção: 163; oficial 162) confirma que a escolha de $d=14$ é adequada para esta etapa da epidemia. O erro de 3,8 em $I(28)$ é baixo, mas na direção favorável, e admite ao menos duas explicações possíveis:

- pode ser que as medidas de isolamento estão começando a mostrar resultados;
- ou pode ser que são tantos casos (e possivelmente não são todas as pessoas que estão dispostas a pedir o teste com apenas sintomas leves) que torna difícil aplicar o teste de forma suficiente para ter uma contagem fidedigna.

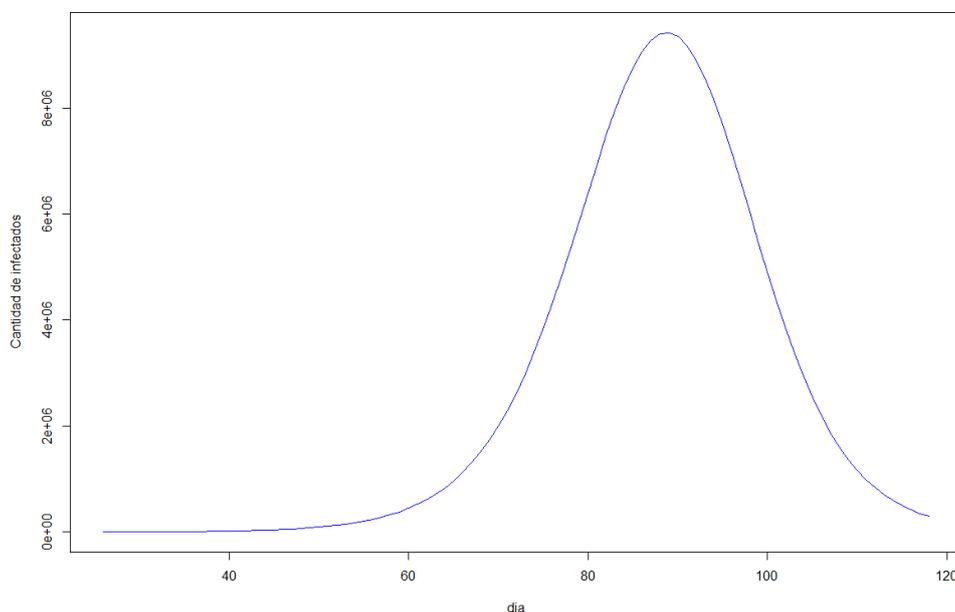
Não sabemos qual destas explicações é a mais acertada.

É possível fazer um pequeno programa de computador para calcular sequencialmente os números $S(n)$, $I(n)$ e $R(n)$. O gráfico de $S(n)$, $I(n)$ e $R(n)$ projetados pelo modelo para os primeiros 120 dias é o seguinte:



A curva azul é do grupo saudável suscetível S , a curva vermelha em forma de sino é dos infectados I e a curva verde é dos recuperados ou falecidos R .

Com mais detalhe, este é o gráfico somente da curva dos infectados (agora em azul):



Visivelmente alcança um pico aproximadamente em 90 dias contando desde o início dos registros (3 de março). Mais precisamente, olhando os resultados calculados pelo programa de computador que escrevemos seguindo nosso modelo, se prognostica um pico ao dia 90 (no final do mês de maio – início de junho), com um total projetado de aproximadamente 9 400.000 infectados (em palavras: mais de 9 milhões). Esse cenário *é supondo que a proporção de contágio atual com $k = 0,194$ se mantém*. Por outro lado, este modelo prediz que, no ritmo atual, no final de abril a quantidade de infectados ativos seria da ordem de 300.000; melhor que o modelo exponencial (que projetava meio milhão), mas ainda assim é terrível.

Cabe lembrar que este modelo é uma versão muito simplificada do verdadeiro modelo SIR porque evitamos usar equações diferenciais. Assim que:

- Tem uma margem de erro maior que com modelos matemáticos mais sofisticados.
- Com a passagem do tempo, a previsão do modelo é cada vez menos confiável.
- Os dados dos quais dispomos são limitados e não necessariamente refletem a realidade.

Mas, apesar das falências deste modelo matemático simples e a precária qualidade dos dados utilizados como insumo, os fatos relevantes são:

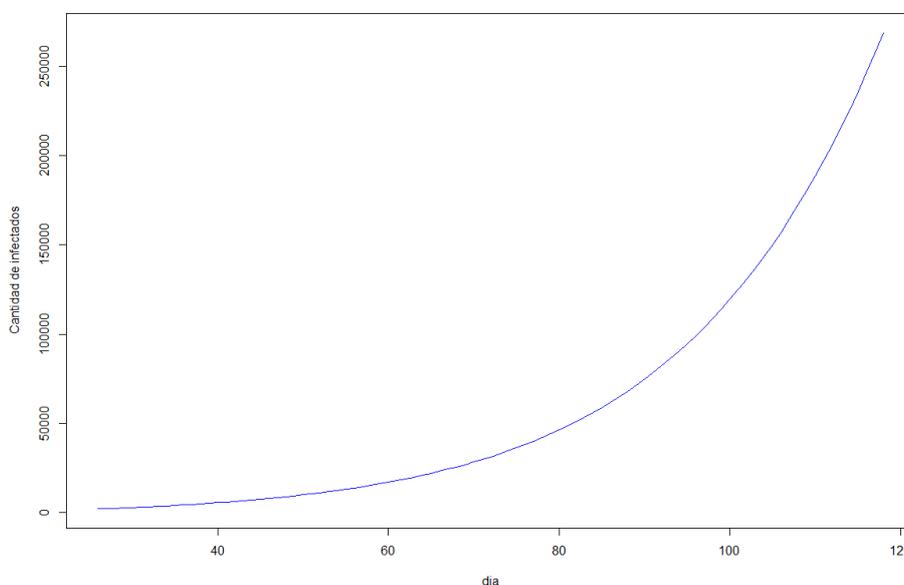
- Se continuarmos a essa velocidade, certamente veremos um pico da quantidade de contágios muito próxima no futuro, possivelmente no final de maio ou início de junho.
- O número de casos escapa do controle muito antes. Possivelmente no final de abril.

Assim que a pior parte da epidemia ocorrerá em breve, a menos que se tomem medidas drásticas para frear o avanço e diminuir o valor do parâmetro k .

5. O que aconteceria se conseguíssemos baixar o valor de k ?

Se tomássemos medidas de isolamento mais sérias poderíamos baixar o valor de k . Qual efeito que teria isto?

Por exemplo, imaginemos que a partir de hoje mesmo conseguiríamos $k = 0,1 = 1/10$. Isso corresponderia a medidas drásticas de isolamento em toda a população do Chile, tomadas imediatamente para diminuir a frequência de interações contagiosas novas para apenas 1 ao dia por cada 10 infectados (a catástrofe projetada na seção anterior corresponde a uma por cada 5 infectados, que é exatamente como vão as coisas até hoje). Neste cenário hipotético de $k = 0,1$ e continuando com $d = 14$, o gráfico de valores projetados de $I(n)$ para os primeiros 120 dias (até o final de junho) seria:



Comparemos com o cenário catastrófico $k = 0,194$ analisado antes: agora, no dia 90 (fim de maio/início de junho), a quantidade de contagiados ativos seria da ordem de 70.000 (setenta mil). Esse seria um cenário muito menos devastador, mas de todas as formas é muito ruim. No entanto, a realidade até o momento é muito menos auspiciosa que o cenário hipotético de $k = 0,1$. De fato, o avanço atual da Covid-19 no Chile se ajusta mais ao valor $k = 0,19$ que analisamos antes. A conclusão é que as medidas para frear o avanço devem ser feitas:

- **em toda população**, pois um valor médio de k maior continua sendo suficiente para um crescimento acelerado;
- **e tão logo seja possível**, porque nesta etapa a epidemia ainda cresce em um ritmo exponencial (Teorema 4.1), e cada dia sem providenciar medidas efetivas piora de forma severa o prognóstico em um futuro.

REFERÊNCIAS

- [1] Kermack, W. O.; McKendrick, A. G. *A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics*. Proceedings of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences. (1927) 115 (772): 700.
- [2] Wikipedia:
https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_models_in_epidemiology
- [3] Wikipedia (con datos del MINSAL):
https://es.wikipedia.org/wiki/Pandemia_de_enfermedad_por_coronavirus_de_2020_202020_en_Chile
- [4] Harvard: <https://www.health.harvard.edu/diseases-and-conditions/coronavirus-resource-center>

ANEXO A: “Evolução das epidemias: a matemática de isolar-se”²¹

Héctor Pastén e Jorge Castillo Sepúlveda

No artigo “Evolução das epidemias: a matemática de isolar-se” apresentamos uma discussão sobre modelos matemáticos para estudar a evolução de epidemias, orientado a um público mais amplo. A proposta é criar consciência sobre a importância do isolamento como medida para frear o crescimento da Covid-19 no Chile e entregar ferramentas educativas sobre como nós, cientistas, fazemos projeções sobre esse tema.

Apesar de que o público-alvo do artigo não são os especialistas, mas sim uma audiência mais abrangente, com uma grata surpresa temos recebido consultas e comentários de um caráter mais técnico. Neste anexo trataremos de desenvolver esses pontos.

Não queremos deixar de fora quem nos acompanhou lendo o artigo inicial. Por isso, vamos fazer o esforço de limitar, na medida do possível, os jargões científicos e expor as ideias centrais de forma transparente.

Além disso, vamos discutir uma pergunta que, infelizmente, é relevante: o que fazer quando os dados informados pela autoridade não são reais?

1. Sobre o modelo sir simplificado

O modelo SIR original, em sua forma mais clássica, consta de um sistema de equações diferenciais que modelam a evolução de uma população classificada em 3 grupos: Suscetíveis (S), Infectados (I) e Retirados (recuperados ou falecidos, R). Ver [2,3].

O “SIR simplificado”, apresentado na segunda metade do artigo, segue os princípios básicos do SIR clássico, mas certamente os especialistas já notaram que se diferencia em dois aspectos:

- É discreto: a evolução dos números $S(n)$, $I(n)$, $R(n)$ é “com saltos” de um dia para o dia seguinte.
- A evolução de $R(n)$ não é governada por uma “taxa de recuperação-mortalidade” como no SIR clássico, mas sim governada pelo parâmetro d = número de dias que demora a recuperação.

Tivemos a necessidade de incorporar essas diferenças com o SIR clássico por dois

²¹ Escrito em 31 de março de 2020. [N.dos A.]

motivos:

- Queríamos um modelo sério, mas que utilizasse matemática de um nível não mais avançado que o de ensino médio. Dessa forma, esperávamos oferecer ideias fundamentais para uma audiência muito mais ampla, mas sendo rigorosos. Isso nos levou a preferir um modelo discreto (no lugar de um tempo contínuo, que necessitaria equações diferenciais²²).
- A taxa de recuperação-mortalidade para a Covid-19 não é nem um pouco clara. Especialmente no Chile, na atual etapa, pois existem pouquíssimos dados precisos a respeito. Então o modelo escolhido devia controlar a evolução de R de alguma outra maneira, com algum parâmetro que fosse melhor entendido. Apesar de ser um artigo com finalidade educativa, e que a qualidade e a quantidade dos dados disponíveis para a Covid-19 no Chile não são ótimas, o objetivo foi que o modelo fosse o mais confiável possível. Por isso trabalhamos com o parâmetro d .

De forma concreta, o modelo supõe que os novos doentes de um dia x , aproximadamente são os que se recuperaram no dia $x + d$. Nos símbolos, $R(n) - R(n - 1) = I_{novos}(n - d)$.

Obviamente isso se trata de uma simplificação da realidade: cada doente tem seu próprio tempo, e isso faz com que não seja tão simples determinar uma boa escolha de d para o modelo. Aproveitamos para mencionar que o símbolo d foi adotado não somente como referência a “dias”, mas também como referência a palavra “*delay*” (atraso) que é o termo técnico utilizado na matemática e em outras ciências para nos referirmos a parâmetros que cumprem papéis similares ao nosso d . Se pode dizer, então, que o modelo SIR simplificado do artigo é um exemplo de “modelo SIR discreto com *delay*”.

2. Escolhendo o parâmetro d

Então fica pendente como escolher o parâmetro $d =$ número de dias que atrasa a recuperação (em média). A verdade é que no atual momento não existe clareza sobre quanto [tempo] dura a doença em média. Mas isto é o que se sabe:

²² Deve ser mencionado ainda que as equações do SIR clássico não são complicadas e para efeitos de aplicação, basta resolvê-las numericamente. No entanto, apesar de não ser um tema difícil para os iniciados nas artes ocultas das matemáticas superiores, decidimos evitar equações diferenciais porque não se costuma ver na escola. [N. dos A.]

- Estima-se que o período de incubação usual (infectado sem sintomas) é de 5-6 dias [1]. Mas os pesquisadores advertem que há grande variabilidade entre os casos.
- Não se sabe quantos dias antes do primeiro sintoma o portador começa a ser contagioso [5].
- A partir do primeiro sintoma, estima-se que na maioria dos casos a doença dura de 1 a 2 semanas [5].
- Quando desaparecem os sintomas, não se sabe quanto tempo mais a pessoa continua significativamente contagiosa. Por precaução, sugere-se extremar cuidados por uns oito dias após o final dos sintomas leves [5].

(Recomendamos consultar o site www.health.harvard.edu [4] para obter orientações e ter acesso a mais informações sobre a Covid-19)

Levando isso em consideração, a escolha $d = 14$ (2 semanas) parece razoável para o caso típico: uns 10-11 dias de sintomas (entre 1 a 2 semanas), quando se pode assumir que é contagioso; mais uns 3-4 dias contagioso, durante o período típico de incubação; e esperar que, uma vez desaparecidos os sintomas, se aplique extremo cuidado por um tempo (apesar de ainda não estar claro se os pacientes que se aliviam dos sintomas são significativamente contagiosos no geral).

Insistimos: para utilizar o modelo matemático basta saber o caso típico. Mas para tomar medidas sanitárias, com doentes reais, deve-se fazer acompanhamento e proceder com todas as precauções, já que cada caso tem seu próprio tempo. Por exemplo: nos casos mais sérios, a doença pode durar até 6 semanas ou mais [5].

Tudo isso é nebuloso, mas esperamos que os estudos que vão aparecendo consigam esclarecer essas dúvidas para chegar a uma melhor estimativa de d .

Com isso em mente, no modelo SIR simplificado de nosso artigo estamos utilizando $d = 14$.

Isto significa que todos os doentes se recuperam depois de 14 dias? A resposta é um não rotundo. Como já mencionamos, há doentes que podem demorar até 6 semanas ou mais. O número 14 é uma estimativa da duração média, que basta para o modelo matemático, mas os casos reais estudados de forma individual apresentam maior

variação em sua duração.

Por outro lado, como se explicou no artigo, os dados sobre pacientes recuperados que foram publicados pelo MINSAL são consistentes com esta estimativa. No entanto, aqui vem um grande “talvez”. Hoje, terça-feira, 31 de março²³, a subsecretária de Saúde Pública, Paula Daza, declarou que o número de pacientes recuperados publicado pelo MINSAL “é uma estimativa” – ver, por exemplo [6]. Não sabemos o que significa isso exatamente – o que, portanto, levanta naturalmente dúvidas sobre a qualidade dos dados de pacientes recuperados divulgados pelo MINSAL²⁴.

3. O modelo é robusto em d para prever o pico da epidemia

Nos colocando em uma situação pior: o que poderíamos fazer nós, os cientistas, para elaborar projeções quando os dados entregues pelas autoridades não são reais?

Este é um problema extremamente sério: prever o avanço da epidemia depende da qualidade dos dados que temos.

Uma opção é utilizar os dados reais entregues pelas instituições internacionais ou outros governos. Isso foi o que fizemos ao escolher o nosso $d = 14$. Mas isso tem uma limitação: os dados em outros países resultam de vários fatores próprios de cada país como, por exemplo, o sistema de saúde, a capacidade de diagnóstico, o clima, a densidade populacional, etc. Portanto, só se pode assumir que o valor $d = 14$ é uma estimativa do que podemos esperar no Chile, mas, lamentavelmente, sem dados confiáveis para contrastar.

Aqui nos ajuda um conceito importantíssimo no desenho de modelos matemáticos e que foi tomado em conta quando desenhamos o modelo SIR simplificado: *robustez*.

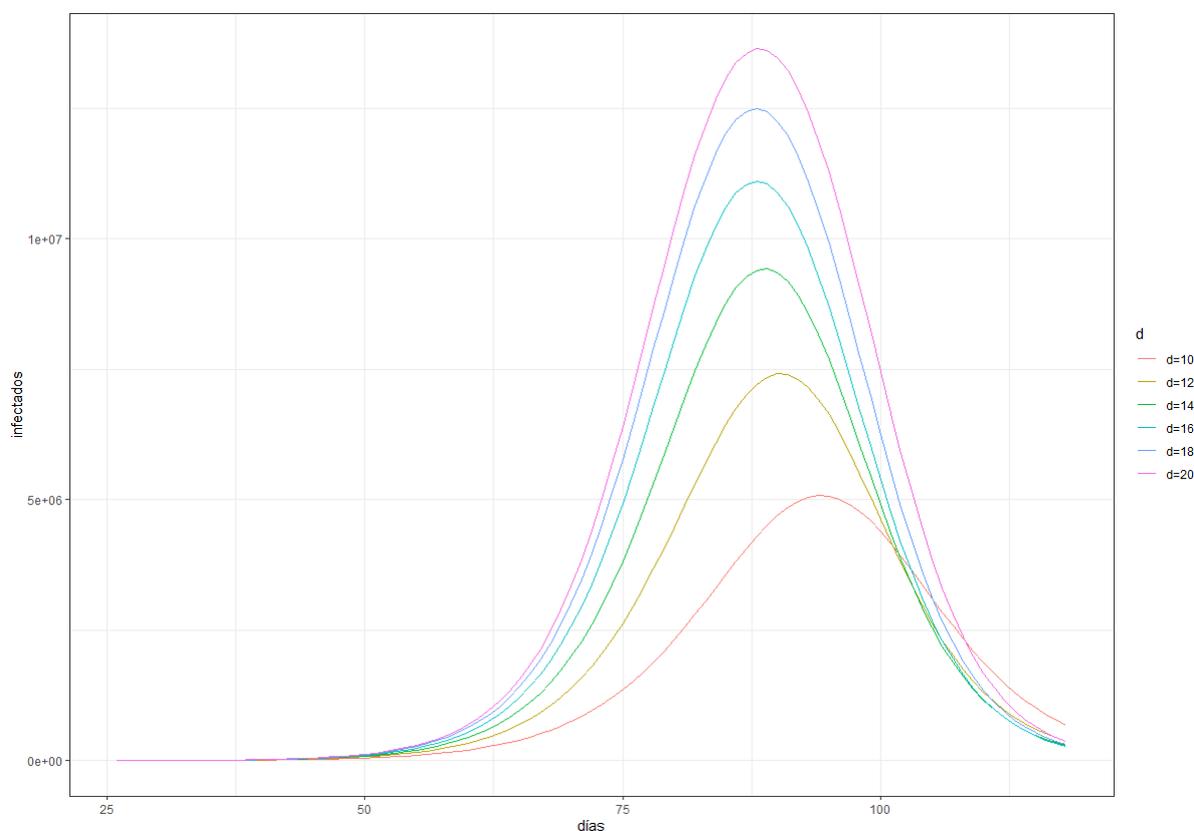
Resulta que a projeção da data de pico da epidemia entregue pelo nosso modelo SIR simplificado é *robusta em d* no seguinte sentido: inclusive se o valor de d para o Chile é um pouco diferente de $d = 14$, a projeção da data de pico continua sendo aproximadamente a mesma.

Sem mais preâmbulo, estes são os gráficos de evolução de $I(n)$ para $d = 10, 12, 14, 16, 18, 20$, em um intervalo de 120 dias (até o fim de junho) e com o parâmetro $k =$

²³ Um dia depois do nosso artigo, mas certamente não relacionado com o mesmo. [N. dos A]

²⁴ E se os dados de pacientes recuperados são estimativas, cabe perguntar-se até que ponto são confiáveis os dados oficiais sobre casos confirmados. [N. dos A]

0,194, como foi analisado na seção 4 do artigo (utilizando dados da semana anterior à escrita deste artigo):



Logicamente, as escolhas de $d = 10$ e $d = 20$ não são realistas; se incluem unicamente para testar a robustez da projeção da data de pico da epidemia dada pelo modelo SIR simplificado. Os dados produzidos por nosso programa de computador, que calcula a evolução do modelo, nos dão as seguintes datas para o pico do número de infectados $I(n)$, utilizando $k = 0,194$, como na seção 4 do artigo e de acordo com cada valor d^{25} :

d	n projetado	Data projetada (em 2020)	Projeção de infectados
10	95	5 de Junho	5,1 milhões
12	91	1 de Junho	7,4 milhões
14	90	31 de Maio	9,4 milhões
16	89	30 de Maio	11,1 milhões
18	89	30 de Maio	12,5 milhões
20	89	30 de Maio	13,6 milhões

²⁵ A tabela acima usa $k = 0,194$ e, para diferentes valores de d (primeira coluna), apresenta as previsões do modelo para a quantidade de dias n até atingir o pico da epidemia (segunda coluna), a data em que ele ocorrerá (terceira coluna) e a quantidade de infectados que haverá naquele momento (quarta coluna). [N. da T.]

Em todos os casos, o pico de número de contágios com vários milhões de infectados, ocorreria no final de maio/início de junho. Isso acontece, inclusive, se utilizamos os valores pouco realistas $d = 10$ e $d = 20$ como duração média da doença.

Sendo assim, a análise da seção 4 do artigo, utilizando SIR simplificado, é bastante robusta para perturbações do parâmetro d .

Aproveitamos esta oportunidade para recordar a conclusão da análise da seção 4 do artigo: a pior parte da epidemia chegará logo, ao menos que sejam tomadas medidas drásticas para frear o avanço e diminuir o número de interações contagiosas diárias por infectado.

REFERÊNCIAS

- [1] Stephen A. Lauer, Kyra H. Grantz, Qifang Bi, Forrest K. Jones, Qulu Zheng, Hannah R. Meredith, Andrew S. Azman, Nicholas G. Reich, Justin Lessler. The Incubation Period of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) From Publicly Reported Confirmed Cases: Estimation and Application. *Annals of Internal Medicine*, 2020; DOI: 10.7326/M20-0504
- [2] Kermack, W. O.; McKendrick, A. G. A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. *Proceedings of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*. (1927) 115 (772): 700.
- [3] *Wikipedia*: https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_models_in_epidemiology
- [4] *Harvard*: <https://www.health.harvard.edu/diseases-and-conditions/coronavirus-resource-center>
- [5] *Harvard*: <https://www.health.harvard.edu/diseases-and-conditions/if-youve-been-exposed-to-the-coronavirus>
- [6] *Publimetro*: <https://www.publimetro.cl/cl/social/2020/03/31/casos-recuperados-estimaciones-la-declaracion-paula-daza-causo-indignacion-redes.html>