



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARÁ
CAMPUS UNIVERSITÁRIO DE CASTANHAL
FACULDADE DE MATEMÁTICA
CURSO DE LICENCIATURA EM MATEMÁTICA

MARIA LUELY SANTOS DE OLIVEIRA

**MODELAGEM, ANÁLISE E PREVISÃO ATRAVÉS DO MODELO
EPIDEMIOLÓGICO DETERMINÍSTICO SIR DA COVID-19 NO ESTADO DO PARÁ
(MARÇO-2020 A MAIO-2021) ATRAVÉS DO MÉTODO DE RUNGE-KUTTA DE 3ª
ORDEM**

CASTANHAL
2022

MARIA LUELY SANTOS DE OLIVEIRA

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado como requisito para a obtenção de título de Licenciado (a) em Matemática, pela Faculdade de Matemática, Campus Universitário de Castanhal, Universidade Federal do Pará.

Orientador (a): Prof.º Frayzer Lima de Almeida

CASTANHAL
2022

MARIA LUELY SANTOS DE OLIVEIRA

MODELAGEM, ANÁLISE E PREVISÃO ATRAVÉS DO MODELO EPIDEMIOLÓGICO DETERMINÍSTICO SIR DA COVID-19 NO ESTADO DO PARÁ (MARÇO-2020 A MAIO-2021) ATRAVÉS DO MÉTODO DE RUNGE-KUTTA DE 3ª ORDEM

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado como requisito para a obtenção de título de Licenciado (a) em Matemática, pela Faculdade de Matemática, Campus Universitário de Castanhal, Universidade Federal do Pará.

Orientador (a): Prof.º Frayzer Lima de Almeida

Data da aprovação: ____/____/____

Conceito: _____

BANCA EXAMINADORA

Prof.º Frayzer Lima de Almeida
Orientador/Profº da FACMAT-UFPA

Prof.º José Geraldo Gonçalves da Silva
Membro da banca avaliadora/Profº da FACMAT-UFPA

Dedico este trabalho a toda minha família em especial a minha mãe Francisca Lima, meu pai, Antônio Humberto e a pessoa que sempre esteve comigo, Enderson Silva por todo incentivo e compreensão.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a Deus por me proporcionar esse momento na vida, a realização de conclusão desse curso, não foi nada fácil e só Deus o sofrimento que foi conseguir acabar esse tcc. Quero agradecer por não deixar que eu ficasse pelo caminho, agradecer por ouvir minhas orações e toda força que me deste para continuar.

Em seguida a minha mãe Francisca Lima Santos a mulher mais guerreira, batalhadora e forte que eu conheço, por sempre ter acreditado em mim, devo tudo que sou e principalmente a faculdade que conquistamos juntas, o mérito é todo seu. Eu sei que a senhora fizeste tudo o que estava ao seu alcance e até um pouco. Eu tenho muito orgulho da mulher humilde que és, tenho orgulho que trabalhe de serviços gerais para ajudar na minha formação, sem a senhora jamais teria conseguido.

Ao Profº e Orientador Frayzer L. de Almeida pelo suporte durante a elaboração deste trabalho, e por não desistir de mim nesse período difícil que foi a conclusão desse trabalho.

Agradeço ao meu pai Antônio Humberto por tudo que sempre fez por mim, por muitas vezes ter que ir de noite me apanhar vindo da ufpa e a minha irmã Franciellen Santos Barros por sempre me apoiar e dar forças. Obrigada por sempre acreditarem em mim.

Em especial quero agradecer ao Enderson Santos Silva, que sempre foi a pessoa que mais acreditou em mim, mesmo quando nem eu acreditei, que mais me motivou, me ouviu e aconselhou, obrigada por sempre me socorrer com a formatação dos meus trabalhos.

E eu não poderia deixar de agradecer aos dois amigos que o curso me deu. Edyvana Gabriela por estar sempre comigo nos estudos e surtos do início ao fim da graduação rindo e chorando juntas, foram muitos sufocos e alívios no final de cada bimestre. Hildmir amigo só gratidão pela força, pela ajuda e por todos os sufocos que vencemos.

Aos meus amigos que fiz no decorrer do curso, e que de alguma forma tornaram o a nossa caminhada mais fácil, Lucas, Paula, Juan e Leriana.

A todo corpo docente, em especial as tias da copa que sempre tornavam os dias melhores na ufpa. E a todos que de alguma forma, diretamente ou indiretamente se fizeram presente e colaboraram com a minha formação e a realização desse sonho. Meu muito obrigado.

“ Eu tentei 99 vezes e falhei, mas na centésima tentativa eu conseguir, nunca desista de seus objetivos mesmo que esses pareçam impossíveis, a próxima tentativa pode ser a vitoriosa. ”

Albert Einstein

RESUMO

Coronavírus é uma família de vírus que causam infecções respiratórias. O SARS-CoV-2, novo tipo de vírus do agente coronavírus, chamado de novo coronavírus (Covid-19), foi descoberto em dezembro de 2019, após casos registrados na China. A partir de dados reais da Covid-19 compartilhados pelo site: Coronavírus no Estado do Pará – Metabase (2021) entre os meses março de 2020 e maio de 2021, o presente trabalho propõe, utilizando o modelo epidemiológico determinístico SIR (suscetíveis, infectados, recuperados), modelar e solucionar o referido modelo epidemiológico através do método numérico de Runge-Kutta de 3ª ordem, estudar o comportamento e/ou a dinâmica da referida pandemia no Estado do Pará e calcular suas estimativas de previsão, de suscetíveis, infectados e recuperados. Observamos que as soluções numéricas de suscetíveis, infectados e recuperados se aproximam aos dados reais de suscetíveis, infectados e recuperados da Covid-19 no Estado do Pará em relação às suas médias móveis, respectivamente. Constatamos que os dados reais de infectados oscilam com o passar dos dias, tendo assim um ponto de máximo em 24 maio de 2020, um ponto de mínimo em 17 de outubro de 2020 e novamente um ponto de máximo em aproximadamente em 17 de março de 2021. A partir do dia 21 de maio de 2021, é possível realizar previsões através da solução numérica de infectados, em que se estima acima de 800 infectados, diários, entre o final do mês de julho de 2021 e meados de novembro de 2021. Os dados reais de infectados se dividem em dois eventos (dois pontos de máximos), assim é possível, por parte dos órgãos de saúde governamentais, realizarem planejamentos de projeções de consumos e custos de insumos como, por exemplo, as quantidades de metros cúbicos de oxigênio medicinal e as de kit's intubação, uma vez que já se conhecem as mensurações destes consumos e custos.

Palavras-chave: Epidemiologia, Biomatemática, COVID-19, Runge-Kutta.

ABSTRACT

Coronavírus is a family of viruses that cause respiratory infections. SARS-CoV-2, a new type of virus of the coronavirus agent, called novel coronavirus (Covid-19), was discovered in December 2019, after cases recorded in China. Based on real Covid-19 data shared by the website: Coronavirus in the State of Pará – Metabase (2021) between March 2020 and May 2021, the present work proposes, using the deterministic epidemiological model SIR (susceptible, infected, recovered), model and solve the aforementioned epidemiological model through the 3rd order Runge-Kutta numerical method, study the behavior and/or dynamics of the aforementioned pandemic in the state of Pará and calculate its forecast estimates, of susceptible, infected and recovered . We observed that the numerical solutions of susceptible, infected and recovered are close to the real data of susceptible, infected and recovered from Covid-19 in the state of Pará in relation to their moving averages, respectively. We found that the actual infected data fluctuates over the days, thus having a maximum point on May 24, 2020, a minimum point on October 17, 2020 and again a maximum point at approximately March 17, 2021 . From May 21, 2021, it is possible to make predictions through the numerical solution of infected, in which it is estimated that over 800 infected, daily, between the end of July 2021 and mid-November 2021. real data of infected people are divided into two events (two maximum points), so it is possible, on the part of government health agencies, to carry out planning of consumption projections and input costs, such as, for example, the quantities of cubic meters of medical oxygen and those of intubation kits, since the measurements of these consumptions and costs are already known.

Keywords: Epidemiology, Biomathematics, COVID-19, Runge-Kutta.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO	10
CAPÍTULO 1: A PANDEMIA DA COVID-19 E SEUS IMPACTOS	11
1.1 ORIGEM	11
1.1.2 HCoV, HCoV-229E E HCoV-OC43.....	11
1.1.3 SARS-CoV	11
1.1.4 SARS-CoV-2 (COVID-19)	12
1.1.5 TRANSMISSÃO DO VÍRUS	13
1.1.6 SINTOMAS DA COVID-19	13
1.1.7 AGENTE ETIOLÓGICO	14
1.1.8 CICLO DE VIDA DO VIRUS	14
1.1.9 TRATAMENTO DA DOENÇA	15
1.1.10 A PANDEMIA DE COVID-19 NO BRASIL.....	16
CAPÍTULO 2: MODELOS COMPARTIMENTAIS EPIDEMIOLOGICOS.	17
2.1 MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS	17
2.1.2 MODELO COMPARTIMENTAL.....	17
2.1.3 MODELO SI.....	18
2.1.4 MODELO SIS	19
2.1.5 MODELO SIR.....	20
CAPÍTULO 3: A MODELAGEM, ANÁLISE E PREVISÃO ATRAVÉS DO MÉTODO DE RUNGE-KUTTA DE 3ª ORDEM	23
3.1 MÉTODO DE RUNGE-KUTTA	24
CAPÍTULO 4: SOLUÇÕES NUMÉRICAS DE SUSCETÍVEIS, INFECTADOS E RECUPERADOS ATRAVÉS DO MÉTODO DE RUNGE-KUTTA DE 3ª ONDEM.	26
CONSIDERAÇÕES FINAIS	29
REFERÊNCIAS	30

INTRODUÇÃO

Coronavírus é uma família de vírus que causam infecções respiratórias (MS, 2020). O SARS-CoV-2, novo tipo de vírus do agente coronavírus, chamado de novo coronavírus (Covid-19) (FCV, 2020), foi descoberto em dezembro de 2019, após casos registrados na China (MS, 2020). A transmissão dos coronavírus costuma ocorrer pelo ar ou por contato pessoal com secreções contaminadas, como gotículas de saliva provenientes de espirro e tosse, catarro no contato pessoal, como toque ou aperto de mão, e com objetos ou superfícies contaminadas, seguido de contato com a boca, nariz ou olhos (FCV, 2020).

A partir da infecção por coronavírus, o seu período de incubação é de 5 a 7 dias, com intervalos que podem chegar até 12 dias, período que os primeiros sintomas demoram para aparecer (FCV, 2020). Os sintomas da Covid-19 podem variar de um simples resfriado até uma pneumonia severa, sendo os sintomas mais comuns, tosse, febre, coriza, dor de garganta e dificuldade para respirar (MS, 2020).

A modelagem matemática consiste em uma ferramenta capaz de criar uma linguagem precisa para o desenvolvimento de ideias de maneira objetiva (BASSANEZI, 2002), além de proporcionar um grande conjunto de resultados que viabilizam a utilização de métodos computacionais para calcular suas soluções numéricas. Os modelos matemáticos podem ser desenvolvidos de acordo com a natureza dos fenômenos ou problemáticas analisadas e classificados conforme a teoria de matemática proposta. Desse modo, o modelo de Runge-Kutta propõe solucionar, a partir de dados reais, através de sistemas de equações diferenciais. Portanto, sendo possível analisar os referidos dados da COVID-19 através do modelo epidemiológico determinístico SIR.

Portanto, a partir de dados reais da Covid-19 compartilhados pelo site: Coronavírus no Estado do Pará – Metabase (2021) entre os meses março de 2020 e maio de 2021, o presente trabalho propõe utilizar o modelo epidemiológico determinístico SIR (suscetíveis, infectados, recuperados), modelar e solucionar este modelo epidemiológico através do método numérico de Runge-Kutta de 3ª ordem, analisar o comportamento e a dinâmica da referida pandemia no Estado do Pará e calcular suas estimativas de previsão de suscetíveis, infectados e recuperados.

CAPÍTULO 1: A PANDEMIA DA COVID-19 E SEUS IMPACTOS

1.1 ORIGEM

Coronavírus é uma família de vírus que causam infecções respiratórias (MS, 2020). Embora esse vírus tenha se tornado atualmente a doença mais conhecida no mundo, o vírus foi descoberto nas décadas de 1930 em animais (GOZLAN, 2020) e 1965 os primeiros casos em seres humanos. (PEIRIS ET AL., 2003). Desde o início do aparecimento do primeiro caso de coronavírus em seres humanos, até hoje, existem 7 tipos diferentes.

Os primeiros casos de vírus no mundo em animais ocorreram na década de 1930 no estado Dakota do Norte, localizado na Região Centro-Oeste dos Estados Unidos, sendo eles, *Vírus da bronquite infecciosa avaria*, encontrado na galinha, a *gastroenterite suína* no porco e *hepatite murina* nos camundongos (GOZLAN, 2020), os coronavírus HCoV, HCoV-229E e HCoV-OC43 foram os primeiros vírus encontrados em seres humanos por volta de 1965 a 1967, logo após no ano de 2003 um novo vírus é associado a patologia do novo coronavírus, chamado de SARS-CoV o qual é o agente infeccioso responsável pela Síndrome aguda grave. Logo mais no dia 31 de dezembro de 2019, os primeiros casos do novo coronavírus é anunciado na china, e rápido se espalhou pelo mundo todo. (GOZLAN, 2020).

1.1.2 HCoV, HCoV-229E E HCoV-OC43

No ano 1965 o primeiro caso de coronavírus nos seres humanos é identificado como HCoV pelos pesquisadores britânicos David Tyrrel e Malcolm Bynoe da cidade de Salisbury, Inglaterra. No entanto no ano seguinte em 1966 esse mesmo vírus foi isolado e recebeu o nome de HCoV-229E o qual é conhecido até hoje e nomeado pelos então pesquisadores Hamre e Procknow da Universidade de Chicago, logo depois em 1967 nos Estados Unidos um outro vírus chamado HCoV-OC43 foi isolado por Kenneth McIntosh e os colegas NIH, Bethesda e Maryland e ficou definida a partir daí a relação com resfriados causados em seres humanos. (GOZLAN, 2020)

1.1.3 SARS-CoV

O SARS-CoV identificado como (agente infeccioso responsável pela Síndrome aguda grave) tem as patologias associadas ao coronavírus em seres humanos, cuja a epidemia por

Sars-Cov ocorreu entre os anos 2002 e 2004, afetando o sudeste da china e Hong Kong, a epidemia atingiu mais de 20 países e provocou cerca de 754 mortes. (RAFAEL, ET AL., 2020).

O vírus Sars-Cov tem como hospedeiro primário o morcego, e sua transmissão acontece por meio de gotículas que contém o vírus, dessa forma permitindo que o se propague rapidamente para vários lugares do mundo, tendo potencialidade para se tornar um vírus pandêmico, (JÚNIOR, ET AL., 2020).

1.1.3 MERS-CoV

Em 2012, um novo Coronavírus com origem no Oriente Médio, também cumpriu infecção zoonótica. Com provável surgimento a partir de camelos, o MERS-CoV infestou grande parte da região do Oriente Médio com uma doença equivalente a doença causada pelo SARS-CoV, conhecida como (Síndrome Respiratória do Oriente Médio) (GOZLAN, 2020). O vírus expandiu-se para outros continentes, além do Oriente Médio, como o continente Asiático, onde ocorreu a maior número de concentração de casos, chegando até a Europa, África, e por último, na América, contabilizado um total de 2494 de contaminados e 858 óbitos, de infectados por MERS-CoV, em um âmbito global (MS, 2014), (SOUSA, ET AL., 2021)

1.1.4 SARS-CoV-2 (COVID-19)

O 2019-nCoV ou Covid-19 (Doença por Coronavírus 2019) denominado SARS-CoV-2, novo tipo de vírus do agente coronavírus, chamado de novo coronavírus (Covid-19) (FCV, 2020), foi descoberto em dezembro de 2019, na cidade de Wuhan na China após casos registrados (MS, 2020) em nove de janeiro de 2020, bem como o sequenciamento do seu genoma (YEE ET AL., 2020; LANA ET AL., 2020;).

Os primeiros casos de Pneumonia causada por covid-19 foram registrados num pequeno grupo de pessoas que estiveram no mercado popular da cidade de Wuhan, Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS), onde comercializavam diversos animais selvagem vivos, dentre eles os morcegos e cobras, por exemplo.

Esses animais provavelmente estavam doentes e poderiam ter contaminados essas pessoas. Em seguida, após os primeiros casos encontrados, foram identificados o vírus em

outras pessoas a qual nem tiveram contato com mercado popular, que por vez os novos casos apresentavam sintomas semelhantes aos que estiveram no mercado.

1.1.5 TRANSMISSÃO DO VÍRUS

A transmissão dos coronavírus costuma ocorrer de forma parecida como uma gripe em seres humanos, ou seja, de uma pessoa para outra, pelo ar ou por contato pessoal com secreções contaminadas, (POUTANEN ET AL., 2003; SETO ET AL., 2003), como gotículas de saliva provenientes de espirro e tosse, catarro no contato pessoal, como toque ou aperto de mão, e com objetos ou superfícies contaminadas, seguido de contato com a boca, nariz ou olhos (FCV, 2020). A partir da infecção por coronavírus, o seu período de incubação é de 5 a 7 dias, com intervalos que podem chegar a 12 dias, período que os primeiros sintomas demoram para aparecer (FCV, 2020).

1.1.6 SINTOMAS DA COVID-19

Os sintomas da Covid-19 afetam as pessoas de diferentes maneiras, sendo assim, a maioria das pessoas infectadas podem sentir um simples resfriado ou até mesmo uma pneumonia severa, os sintomas mais comuns costumam ser tosse, febre, coriza, dor de garganta e dificuldade para respirar (MS, 2020). Porém existem sintomas diferente e dessa forma as pessoas podem apresentar sintomas leves a moderados, sem precisar de hospitalização, até aos mais graves tendo que ser entubados.

Sintomas leves mais comuns: o sintoma mais comum como já foi dito são; febre alta, tosse seca, coriza ou nariz entupido, cansaço, e o que mais caracteriza o vírus que é a perda do paladar e (ou) olfato. Dessa forma os sintomas são classificados como leves.

Sintomas leves menos comuns: diferentes dos sintomas mais comuns, esses são sintomas moderados, pois a pessoa já vai apresentar dor de cabeça, dor de garganta, dores e desconforto do corpo, diarreia, irritação na pele, olhos vermelhos ou irritados. Sendo assim caracterizados como sintomas moderados.

Sintomas graves: já os sintomas considerados graves sobre a infecção de Covid-19 são os casos mais complicados que a pessoa pode sentir. Pois o vírus ataca diretamente os pulmões, fazendo com que o indivíduo contaminado sinta muita dificuldade para respirar ou nos casos mais graves sinta falta de ar, perda da fala, mobilidade e dores fortes no peito.

Não se sabe ao certo por quanto tempo o vírus da Covid-19 fica no corpo, mas os estudos apontam que o vírus demora mais nos homens que nas mulheres. Os sintomas eles duram em média de 14 a 22 dias, variando somente pelos casos mais ou menos severos, pois o que se sabe é que os sintomas permanecem maior tempo nas pessoas com casos mais graves.

1.1.7 AGENTE ETIOLÓGICO

A Covid-19 possui um agente etiológico provido da família dos coronavírus, que concerne do vírus RNA da ordem Nidovirales da família do Coronaviridae da subfamília Coronavirinae. (NOGUEIRA, ET, AL., 2020), o vírus sendo RNA ele possui maior predisposição a sofrer novas mutações e facilidade de se espalhar rapidamente. Com isso o risco aumenta consideravelmente, pois são da subfamília Betacoronavírus que infectam somente mamíferos, são altamente patogênicos e responsáveis por causar síndrome respiratória e gastrointestinal. (KEFREY, 2020). Segundo PELLEGRINO (2020),

O “novo Coronavírus”, consiste em um novo membro do grupo dos coronavírus que compreende vírus altamente diversos, envelopados, com genoma RNA fita simples de sentido positivo, com cerca de 60 a 140 nanômetros de diâmetro e projeções em sua superfície que lhe conferem aparência semelhante à de uma coroa ao microscópio eletrônico (PELLEGRINO, 2020, pág.1)

Nesse sentido a doença causada pelo novo coronavírus (Covid-19) corresponde a uma infecção respiratória causada pelo SARS-CoV-2. A qual o vírus propicia manifestações clínicas que variam de leves (80% dos casos) a graves com insuficiência respiratória, cardíaca, sepse e falência de diversos órgãos (5 a 10% dos casos), bem como os assintomáticos. (SOUSA, ET AL., 2021).

1.1.8 CICLO DE VIDA DO VÍRUS

O período de incubação do vírus começa a ocorrer a partir do momento da exposição ao vírus até o surgimento dos primeiros sintomas, que podem ser tosse, dor de cabeça, febre, dor no corpo, etc. Essa primeira fase dura de 5 a 7 dias e nesse intervalo o organismo ainda não teve tempo suficiente para produzir anticorpos. Depois de 5 a 14 dias após o primeiro sintoma, o vírus finalmente consegue chegar ao pulmão, iniciando uma inflamação grave. Logo após a

descoberta do vírus, é feito normalmente um tratamento com medicamentos entre 7 a 15 dias, até que não seja possível mais a transmissão e detecção do vírus no organismo.

1.1.9 TRATAMENTO DO VÍRUS

No Brasil inicialmente foi adotada como forma de tratamento contra a Covid-19 o isolamento, seguido de alguns remédios como, analgésicos e antitérmicos que tratavam dor no corpo, febre, tosse e dificuldade de respirar, era receitado também xaropes antitussígenos e medicamentos para desobstrução de vias nasais, nesse sentido os medicamentos serviam para combater os sintomas mais leves da Covid-19. No total, cinco remédios fazem parte da lista que ficaram disponíveis para serem retirados pelos pacientes: azitromicina, cloroquina, dipirona, dexametasona e ivermectina. Esses medicamentos são liberados apenas com apresentação de receita prescrita pelo médico após consulta. Secretaria Especial de Comunicação Social (SECOM).

Os sintomas de infecção mais graves da Covid-19 foram marcados por insuficiência respiratória e contaram com tratamento imediato hospitalar, uma vez que a doença atingia severamente os pulmões, prejudicando a oxigenação de todo organismo. Com isso o tratamento era feito de acordo com a necessidade e a gravidade de cada paciente, conforme as diretrizes do Ministério da Saúde (MS, 2020).

Atualmente a vacinação é um dos principais mecanismos através do qual pode ser realizada uma ação de controle em processos epidêmicos, após vários estudos, foram criadas quatro vacinas para o combate ao vírus da Covid-19, a Agência Nacional de Vigilância Sanitária (Anvisa) autorizou o uso das vacinas no Brasil, CoronaVac, AstraZenica, Pfizer e Janssen, são capaz de proteger as pessoas de contraírem infecções mais graves da Covid-19, além de diminuir a chance de contágio, devido a produção de anticorpos contra o vírus.

- **CoronaVac:** utiliza a tecnologia do vírus inativo ou atenuado. Ao ser injetado no organismo, esse vírus não é capaz de causar doença, mas induz uma resposta imunológica.
- **AstraZenica:** a tecnologia empregada é o uso do chamado vetor viral. O adenovírus, que infecta chimpanzés, é manipulado geneticamente para que seja inserido o gene da proteína “Spike” (proteína “S”) do Sars-CoV-2.

- **Pfizer:** se baseia na tecnologia de RNA mensageiro, o RNA mensageiro sintético dá as instruções ao organismo para a produção de proteínas encontradas na superfície do novo coronavírus, que estimulam a resposta do sistema imune.
- **Janssen:** também se utiliza da tecnologia de vetor viral, baseado em um tipo específico de adenovírus que foi geneticamente modificado para não se replicar em humanos.

1.1.10 A PANDEMIA DE COVID-19 NO BRASIL

A pandemia do novo coronavírus Sars-Cov-2 (Covid-19) surgiu em dezembro de 2019 na China, e logo se espalhou para os outros países. No Brasil o primeiro caso foi descoberto dia 28 de fevereiro, no estado de São Paulo de acordo com os dados do Ministério da Saúde (2020) (SALES, 2020). Segundo o mesmo, em 14 de abril, o Brasil apresentou 23.430 casos confirmados e 1.328 óbitos por Covid-19, com um percentual de letalidade de 5,7%. Nesse sentido o vírus mostra-se um dos maiores problemas sanitários já enfrentado em escala global nos últimos cem anos. (WERNECK, 2020).

O Estado do Pará está situado na região norte, sendo o segundo maior estado do país em extensão territorial, com uma área de 1.247.954 km² e uma população com estimativa para 8,6 milhões de habitantes no ano de 2021, sendo em torno de 1,5 milhões na capital, Belém. Trata-se de um Estado grande, porém marcado por aglomerações em centros urbanos e periferias, com extensas áreas rurais escassamente povoadas (IBGE, 2019a; IBGE, 2019b).

No Pará, a primeira confirmação de Covid-19 ocorreu em 18 de março de 2020 e até 17 de maio de 2020 foram confirmados pela Secretaria de Saúde do Estado do Pará (SESPA) 13.464 casos e 1223 óbitos (PARÁ, 2020).

O Pará, em 14 de abril, apresentou 270 casos confirmados, com 15 óbitos por Covid-19, com uma letalidade de 5,6%. Com base nos dados diários informados pelas Secretarias Estaduais de Saúde ao Ministério da Saúde, de 26 de fevereiro de 2020 a 22 de maio de 2021, foram confirmados 16.047.439 casos e 448.208 óbitos por Covid-19 no Brasil (MS, 2021). Já, segundo o site: Coronavírus no Estado do Pará – Metabase (2021), o Estado do Pará, em 28 de maio de 2021, apresentou 513.477 casos confirmados e 14.419 óbitos por Covid-19, com um percentual de letalidade de 2,81%.

CAPÍTULO 2: MODELOS COMPARTIMENTAIS EPIDEMIOLOGICOS.

2.1 MODELOS EPIDEMIOLOGICOS

Segundo Soares (2010), Daniel Bernoulli parece ter sido o primeiro pesquisador a estudar epidemiologia matemática por volta da metade do século XVIII. (BERNOULLI, 1760). Mas foi somente em meados do século XIX que ocorreu o desenvolvimento da teoria matemática para processos epidemiológicos, em consequência do avanço de conhecimento médico sobre as causas de doenças infecciosas. (SOARES, 2010).

“A importância do modelo matemático consiste em se ter uma linguagem concisa que expressa nossas ideias de maneira clara e sem ambiguidades” (BASSANEZI, 2002, pág.20). Portanto, a relevância de estudar epidemiologia fundamenta-se em teorias e hipóteses matemáticas, que por sua vez conseguem analisar e quantificar alguns aspectos que ocorrem para a propagação de novas doenças virais. Nesse sentido ela está associada a possibilidade de prever o comportamento de epidemias e no controle de suas causas. Por exemplo, se estudarmos o comportamento da varíola dos macacos, podemos determinar quais são as principais causas de infecções e controlá-las.

Estudos relacionados sobre o risco para a vida humana também estão sendo feitos para descobrir os mecanismos que levaram à pandemia do novo coronavírus no Brasil e no mundo todo, evitando consequências cataclísmica para melhor entendimento da propagação de doenças, pontando nesses casos são utilizados os modelos matemáticos para obtenção de resultados mais precisos.

2.1.2 MODELO COMPARTIMENTAL

Os modelos determinísticos são baseados na suposição que se existem informações suficientes em um determinado instante ou num estágio de algum processo, então todo o futuro do sistema pode ser previsto precisamente (BASSANEZI, 2002). Nesse sentido, “Os modelos determinísticos para a modelação de epidemias de doenças infecciosas fazem a divisão da população em compartimentos estanques, que refletem o estado em que os indivíduos se encontram no desenvolvimento da doença” (ARAUJO, 2015, pág. 16), sendo os modelos mais utilizáveis para descrever o ciclo das doenças epidemiológicas. Dessa forma “os indivíduos são situados em compartimentos, logo cada compartimento representa o estado em que cada indivíduo se encontra no desenvolvimento da doença” (SOARES, 2010, pág. 4).

A organização e escolha do modelo compartimental a ser escolhido se dá através das características da doença a qual se quer modelar. Os modelos epidemiológicos possuem alguns compartimentos e o mais geral deles é modelo SIR, o qual são divididos em três compartimentos ou classes. Compartimento S que representa o compartimento das pessoas suscetíveis a contrair a doença, o compartimento I que se refere a classe dos que contraíram a doença e agora podem transmitir a doença, e o compartimento R que se refere ao compartimento dos Recuperados, o qual conseguiram ficar curados e adquiriram imunidade ou morreram com a infecção ou até mesmo em alguns casos podendo a voltar a ser um indivíduo suscetível novamente.

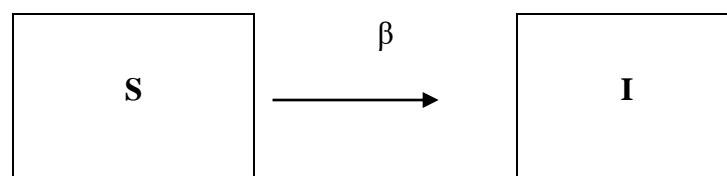
A seguir, serão apresentados os modelos SI (suscetível e infectado), SIS (suscetível, infectado e suscetível) e o SIR (suscetível, infectado e recuperado) propostos por Kermack e McKendrick (1927).

2.1.3 MODELO COMPARTIMENTAL SI

O modelo Suscetível-Infetado só possui dois compartimentos, S dos indivíduos que estão suscetíveis a contrair a doença e o compartimento I dos indivíduos suscetíveis que tiveram contato com uma pessoa infectada, nesse sentido o modelo SI consiste em analisar apenas os indivíduos infectados, uma vez que contaminado não é possível voltar a classe dos suscetíveis. Dessa forma temos Herpes ou Sífilis, que pode ser descrita por esse modelo, pois a partir do momento que o indivíduo tem contato com o vírus, ele se torna infeccioso e não possível passar da fase infeccioso para recuperado.

O modelo epidemiológico SI, sem dinâmica vital, é o mais simples dentre os todos os outros modelos, de acordo com o esquema compartimental abaixo:

Figura 2.1: Modelo compartimental SI de uma epidemia viral.



Fonte: Rocha (2014)

Temos que β representa a taxa de transmissão e que βSI é dado pelo princípio de ação das massas. Dessa forma o modelo SI pode ser descrito pelo sistema de duas equações ordinárias não lineares.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI \end{cases} \quad (2.1)$$

Estes sistemas de equações podem ser compreendidos dessa maneira (ROCHA, 2014):

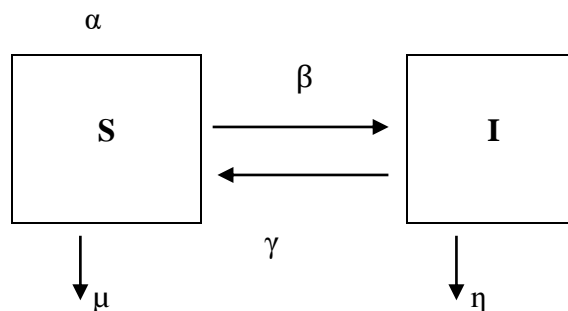
- A taxa do compartimento S é proporcional a taxa do compartimento I.
- Quando a classe S (suscetíveis) passa para a classe I (infetados) a classe S acaba diminuindo sua população, e por esse motivo o sinal da taxa β está negativa, a taxa de movimentação cresce, pois, a quantidade de infetados também crescem.
- No modelo SI é considerado apenas os suscetíveis e infectados em um conjunto P, num intervalo de tempo t para todo $t > 0$, temos, $P(t) = S(t) + I(t)$, em que $P(t) = 1$.
- Os indivíduos recuperados ou removidos não considerados nesse sistema, pois os casos que podem ser modelados pelo mesmo não admitem indivíduos recuperados e os mortos não contabilizados.

2.1.4 MODELO COMPARTIMENTAL SIS

O modelo Suscetível-Infetado-Suscetível é utilizado para modelar as doenças causadas por bactérias ou agente protozoário, que consistem em indivíduos suscetíveis que ao passar para fase dos infecciosos, ao invés de conseguir a cura e imunidade, acabam voltando para a classe dos indivíduos Suscetíveis. Isso acontece porque essas infecções não dão imunidades as vítimas e conseqüentemente com o passar o tempo a pessoa pode obter a mesma infecção, a Pneumonia, dengue e meningite são exemplos de doenças que podem ser modeladas através do modelo SI.

O modelo que comporta:

Figura 2.2: Esquema compartimental SIS de uma epidemia - (Modelo SIS com dinâmica vital)



Fonte: Rocha (2014).

Dadas as condições iniciais S_0 e I_0 , o esquema do modelo compartimental SIS com dinâmica vital é representado pelo seguinte sistema de equações:

$$\begin{cases} S_{t+1} - S_t = -\beta S_t I_t + \gamma I_t - \mu S_t + \alpha(S_t + I_t) \\ I_{t+1} - I_t = \beta S_t I_t - (\eta + \gamma) I_t \\ S_0 > 0, I_0 > 0 \text{ e } S_1 + I_1 = 1, \end{cases} \quad (2.2)$$

Onde $-\beta S_t I_t$: Equivale à taxa de transmissão da classe dos suscetíveis S para a classe dos infectados I ; e μS_t representa à taxa de mortalidade do compartimento S (suscetíveis), $\beta S_t I_t$ corresponde à taxa de crescimento do compartimento I (infectados), ηI_t equivale à taxa de mortalidade na classe dos infectados, γI_t representa à taxa com que os infectados se curam, sem adquirir imunidade, e voltam para a classe dos suscetíveis, $\alpha(P)$ corresponde aos recém-nascidos em relação a P , sendo $\alpha(P) = \mu(S_t) + \eta(I_t)$.

O crescimento da classe I (infectados), $\beta S_t I_t$, é proporcional ao decréscimo da classe S (suscetíveis), $-\beta S_t I_t$. Sendo assim, o número de infectados é proporcional a taxa de crescimento do número dos infectados com a mortalidade e a recuperação dos indivíduos infectados.

2.1.5 MODELO COMPARTIMENTAL SIR

O modelo compartimental SIR (suscetível-infectado-recuperado), proposto pelos então pesquisadores Kermack e McKendrick em 1927, é um dos modelos mais conhecidos e utilizados no cálculo e representação de doenças virais e infecciosas (KERMACK E MCKENDRICK, 1927), por exemplo, Zika, Ebola, Caxumba e Sarampo, são algumas das infecções que podem ser modeladas através do modelo SIR.

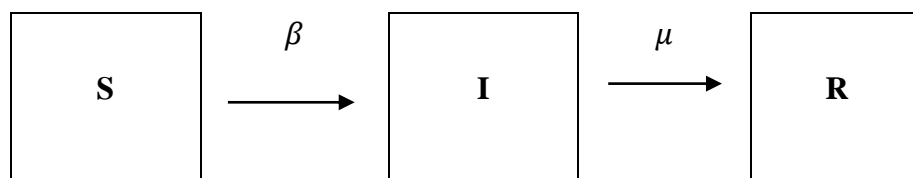
O modelo SIR possui três compartimentos em sua divisão, o compartimento S (suscetíveis), e I (infectados) e possui mais um compartimento separado do I , o compartimento R (recuperados), ele possui uma dinâmica bem simples, que nos permite assim analisar e obter os dados dos indivíduos que contraíram a infecção, mas que conseguiram se recuperar e adquirir imunidade a reinfeção da doença (SOARES, 2010).

O modelo SIR como vimos é dividido em três compartimentos S (suscetíveis), I (infectados) e R (recuperados), sendo:

- S (suscetíveis): São todos os indivíduos que tem predisposição a contrair a doença.
- I (infectados): São todos os indivíduos que contraíram a doença e que agora podem transmitir a doença.
- R (recuperados): São todos os indivíduos que contraíram a doença e se recuperam, dessa forma adquiriram imunidade a doença, ou seja, não estão sujeitos a contaminação novamente.

O diagrama da figura abaixo representa o modelo esquema epidemiológico SIR. Dentro desse modelo, os indivíduos contaminados por alguma infecção passam por 3 classes, o primeiro é o de suscetibilidade, o segundo de infecção e se o indivíduo passar do segundo estágio ele conseqüentemente chega no terceiro que é os recuperados, nessa fase o indivíduo se recupera e adquire imunidade permanente a doença.

Figura 2.3: Esquema compartimental SIR de uma epidemia - (Modelo SIR sem dinâmica vital)



Fonte: Soares (2010).

Onde:

- β determina a taxa de infecção que surgem como consequência do contato entre suscetíveis e infectados.
- μ é a taxa com que os infectados se tornam recuperados

Dessa forma o modelo SIR pode ser descrito pelo seguinte sistema de equações diferenciais, dadas as condições iniciais $S_0 \geq 0$, $I_0 \geq 0$ e $R_0 \geq 0$,

$$\begin{cases} dS(t)/dt = -\beta S(t)I(t) \\ dI(t)/dt = \beta S(t)I(t) - \mu I(t) \\ dR(t)/dt = \mu I(t) \end{cases}$$

(2.3)

Em que:

- $S(t)$ é a função que descreve a quantidade de indivíduos suscetíveis ao Covid-19 no tempo $t \geq 0$.
- $I(t)$ é a função que descreve a quantidade de indivíduos infectados no tempo $t \geq 0$.
- $R(t)$ é a função que descreve os indivíduos recuperados.
- $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$, S_0 , I_0 e R_0 são o número total de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados, respectivamente, no tempo inicial $t_0 \geq 0$.
- Consideramos a população constante, $dN(t)/dt=0$, temos, $dS(t)/dt + dI(t)/dt + dR(t)/dt = 0$.

O trabalho tem como objetivo específico, analisar os dados reais da covid-19 no Estado do Pará, entre março de 2020 e maio de 2021, através do modelo epidemiológico SIR (Suscetível-Infectado-recuperado) o qual foi apresentado nessa seção, fazendo uso do método de Runge-Kutta de 3ª ordem, para obter a estimativa mais aproximada aos dados.

CAPÍTULO 3: A MODELAGEM, ANÁLISE E PREVISÃO ATRAVÉS DO MÉTODO DE RUNGE-KUTTA DE 3ª ORDEM NO ESTADO DO PARÁ

Nesta seção, apresentaremos o modelo epidemiológico determinístico SIR e, a sua modelagem segundo o método numérico de Runge-Kutta de 3ª ordem e em seguida, determinamos os parâmetros do modelo epidemiológico SIR.

A aplicação do método numérico para solucionar a Eq. (3.1), apresentada abaixo, utilizando dados reais da Covid-19 no Estado do Pará, se dá, para se constatar ou não a convergência das soluções, ou seja, se tanto as soluções e/ou aproximações de infectados quanto de suscetíveis ou recuperados, aproximam-se entre si, respectivamente, ou não, atestando assim o correto desenvolvimento teórico e computacional desenvolvido no *OCTAVE*, *software* de programação computacional, da metodologia numérica proposta, ou não. Posteriormente, determinamos os parâmetros do modelo epidemiológico SIR a partir de dados reais da Covid-19 entre 01 de março de 2020 e 21 maio de 2021 cedidos no Estado do Pará, através do site: Coronavírus no Estado do Pará – Metabase (2021) e apresentados nas Figs.(4.1)-(4.3).

O modelo SIR, Eq. (3.1), assume que os indivíduos podem ser suscetíveis, S, infectados, I, e, recuperados. Desta forma, os suscetíveis são aqueles que podem contrair a doença, os infectados são os que estão doentes e podem transmitir a doença e, os recuperados são os que contraíram a doença e adquiriram imunidade ou morreram. O modelo epidemiológico determinístico SIR está expresso, abaixo, pelo seguinte sistema de equações diferenciais ordinárias:

$$\begin{cases} dS(t)/dt = -\beta S(t)I(t) \\ dI(t)/dt = \beta S(t)I(t) - \mu I(t) \\ dR(t)/dt = \mu I(t) \end{cases} \quad (3.1)$$

com $S(t_0) = S_0$, $I(t_0) = I_0$ e $R(t_0) = R_0$.

Em que, μ é a taxa de recuperação, β é a taxa de transmissão da doença. $S(t)$ é a função que descreve a quantidade de indivíduos suscetíveis ao Covid-19 no tempo $t \geq 0$, já $I(t)$ é a função que descreve a quantidade de indivíduos infectados pelo Covid-19 também no tempo $t \geq 0$, e $R(t)$ é a função que descreve os indivíduos recuperados. O número total de indivíduos é dado por $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$, S_0 , I_0 e R_0 , são a quantidade de indivíduos suscetíveis,

infectados e recuperados, respectivamente, no tempo inicial $t_0 \geq 0$. Consideramos a população constante, ou seja, com $dN(t)/dt=0$, ou seja, $dS(t)/dt + dI(t)/dt + dR(t)/dt = 0$.

Agora, tomando $f(S(t), I(t), R(t)) = -\beta S(t)I(t)$, $g(S(t), I(t), R(t)) = \beta S(t)I(t) - \mu I(t)$ e $l(S(t), I(t), R(t)) = \mu I(t)$, o sistema acima fica:

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = f(S(t), I(t), R(t)) \\ \frac{dI(t)}{dt} = g(S(t), I(t), R(t)) \\ \frac{dR(t)}{dt} = l(S(t), I(t), R(t)) \end{cases} \quad (3.2)$$

com $S(t_0) = S_0$, $I(t_0) = I_0$ e $R(t_0) = R_0$.

3.1 MÉTODO DE RUNGE-KUTTA

Assim, aplicamos, sobre a Eq. (3,2), o método de Runge-Kutta de 3ª ordem para solucionar o sistema da Eq. (3,1), obtendo as aproximações de $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$, também discretizadas no tempo (BARROSO ET AL.,1987; SCHEID, 1989), que são respectivamente:

$$\begin{cases} S(t_{i+1}) = S(t_i) + h\varphi(S_i, I_i, R_i) \\ I(t_{i+1}) = I(t_i) + h\omega(S_i, I_i, R_i) \\ R(t_{i+1}) = R(t_i) + h\theta(S_i, I_i, R_i) \end{cases} \quad (3.3)$$

com $t_{i+1} - t_i = h, i = 0, 1, \dots, m - 1$.

Em que $\varphi(S_i, I_i, R_i) = \alpha K_1 + \beta K_4 + \gamma K_7, \omega(S_i, I_i, R_i) = \alpha K_2 + \beta K_5 + \gamma K_8$ e $\theta(S_i, I_i, R_i) = \alpha K_3 + \beta K_6 + \gamma K_9$, em que $K_1 = f(S_i, I_i, R_i), K_2 = g(S_i, I_i, R_i), K_3 = l(S_i, I_i, R_i), K_4 = f(S_i + phK_1, I_i + qhK_2, R_i + rhK_3), K_5 = g(S_i + phK_1, I_i + qhK_2, R_i + rhK_3), K_6 = l(S_i + phK_1, I_i + qhK_2, R_i + rhK_3), K_7 = f(S_i + uhK_4, I_i + vhK_5, R_i + xhK_6), K_8 = g(S_i + uhK_4, I_i + vhK_5, R_i + xhK_6)$ e $K_9 = l(S_i + uhK_4, I_i + vhK_5, R_i + xhK_6)$. Onde φ, ω e θ são as funções incrementos e h é o comprimento do passo. Sendo $S(t_{i+1}), I(t_{i+1})$ e $R(t_{i+1})$, as aproximações de suscetíveis, infectados e recuperados no tempo t_{i+1} , com $i = 0, 1, \dots, m - 1$, assim temos que $S(t_i) = S_i, I(t_i) = I_i$ e $R(t_i) = R_i$ com $i = 0, 1, \dots, m - 1$. As constantes $\alpha, \beta, \gamma, p, q, r, u, v$ e x , são determinadas através da resolução de um sistema não linear, para que

se obtenha o método de Runge-Kutta de 3ª ordem. Assim temos, $p = q = r = u = v = x = 2/3$, $\beta = \gamma = 3/8$ e $\alpha = 1/4$ (BARROSO, et al., 1987; BURDEN, 2008).

Para determinar os parâmetros β e μ do modelo SIR, Eq. (3.1), utilizamos os dados reais da Covid-19, obtidos no site: Coronavírus no Estado do Pará – Metabase (2021), a quais são apresentados graficamente nas Figs.(4.1)-(4.3) a seguir. Inicialmente aplicamos a média móvel, em cada 14 pontos respectivos, sobre as amplitudes de susceptíveis, infectados e recuperados, em seguida aplicamos a interpolação linear sobre as médias móveis de susceptíveis, infectados e recuperados, sendo os pontos de interpolação em acordo com a discretização no tempo segundo o método de Runge-Kutta de 3ª ordem. Assim, algebricamente, temos os seguintes sistemas lineares superdeterminados, em que para cada ponto no tempo de índice i , determinados $\beta(i)$ e $\mu(i)$:

$$\begin{bmatrix} dS(t_i)/dt \\ dI(t_i)/dt \\ dR(t_i)/dt \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -S(t_i)I(t_i) & 0 \\ S(t_i)I(t_i) & -I(t_i) \\ 0 & I(t_i) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta(i) \\ \mu(i) \end{bmatrix} \quad (3.4)$$

com $i = 0, 1, \dots, m - 1$.

Onde, $S(t_i)$ e $I(t_i)$ são resultados das interpolações com as médias móveis de susceptíveis e infectados, respectivamente e, $dS(t_i)/dt$, $dI(t_i)/dt$ e $dR(t_i)/dt$, são as derivadas numéricas a partir das amplitudes $S(t_i)$, $I(t_i)$ e $R(t_i)$, respectivamente, cujo incremento no tempo é a mesma amplitude do passo, h , do método de Runge-Kutta de 3ª ordem. Assim, obtermos os parâmetros da Eq.(3.1), β e μ , que variam no tempo.

CAPÍTULO 4: SOLUÇÕES NUMÉRICAS DE SUSCETÍVEIS, INFECTADOS E RECUPERADOS ATRAVÉS DO MÉTODO DE RUNGE-KUTTA DE 3ª ONDEM.

Nesta seção vamos apresentar as soluções numéricas de suscetíveis, infectados e recuperados, através do método de Runge-Kutta de 3ª ordem, a partir de dados reais da Covid-19 no estado do Pará entre 01 de março 2020 e 21 de maio de 2021, obtidos através do site: Coronavírus no Estado do Pará – Metabase (2021). Soluções estas, regidas pelo modelo epidemiológico determinístico SIR, Eq. (3.1). Em seguida, vamos analisar a dinâmica destas aproximações de suscetíveis, infectados e recuperados da Covid-19 no Estado do Pará entre 01 de março 2020 e 21 de maio de 2021, assim como calcular as estimativas de previsões, tanto de suscetíveis e infectados quanto de recuperados no estado do Pará.

Estas previsões, são propostas da seguinte forma: ao observarmos os dados reais de infectados (curva em preto), (Fig.4.2), constatamos duas ondas ou eventos, em que a data que divide ambos os eventos: 17 de outubro de 2020. Assim, consideramos a partir desta data as amplitudes dos parâmetros β e μ , Eq.(3,1), que variam no tempo, para em seguida implementar, a partir de 21 de maio de 2021 (última data dos dados reais de suscetíveis, infectados e recuperados), ao modelo SIR, Eq.(3.1).

Segundo o método numérico de Runge-Kutta de 3ª ordem, juntamente com suas aplicações a dados reais de suscetíveis, infectados e recuperados por Covid-19, temos o comportamento dos suscetíveis, infectados e recuperados através das Figs. 4.1, 4.2 e 4.3, respectivamente.

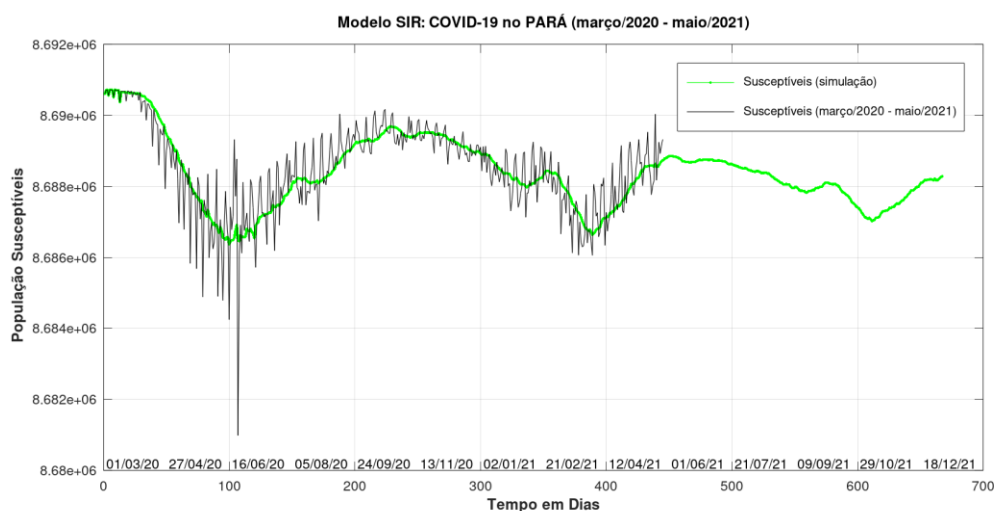


Figura 4.1: População de suscetíveis (Covid-19) no Estado do Pará de 03 de março de 2020 a 21 de maio de 2021 (curva em preto), juntamente com a solução numérica de suscetíveis segundo o método de Runge-Kutta de 3ª ordem (curva em verde).

Para o cálculo de suscetíveis (curva em preto), usamos a fórmula $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$, considerando a população, $N(t)$, constante igual a 8.690.745 pessoas, que corresponde a estimativa para 2020, referente ao número de habitantes no Estado do Pará (IBGE, 2021). Observamos que a solução numérica de suscetíveis (curva em verde) se aproxima aos dados reais de suscetíveis (curva em preto) da Covid-19 no Estado do Pará em relação à sua média móvel. Também constatamos que os dados reais de suscetíveis (curva em preto) oscilam com o passar dos dias, tendo assim um ponto de mínimo em 18 de junho de 2020, um ponto de máximo em 11 de novembro de 2020 e novamente um ponto de mínimo em aproximadamente em 06 de março de 2021. A partir do dia 21 de maio de 2021, é possível realizar estimativas de previsões através da curva de solução numérica de suscetíveis (curva em verde), Fig.4.1.

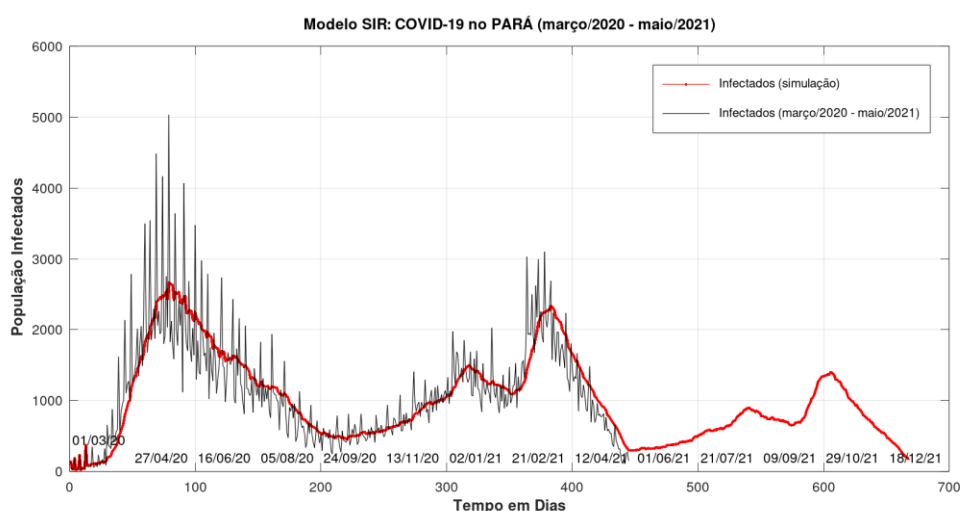


Figura 4.2: População de infectados (Covid-19) no Estado do Pará de 03 de março de 2020 a 21 de maio de 2021 (curva em preto), juntamente com a solução numérica de infectados segundo o método de Runge-Kutta de 3ª ordem (curva em vermelho).

Observamos que a solução numérica de infectados (curva em vermelho) se aproxima aos dados reais de infectados (curva em preto) da Covid-19 no Estado do Pará em relação à sua média móvel. Também constatamos que os dados reais de infectados (curva em preto) oscilam com o passar dos dias, tendo assim um ponto de máximo em 24 maio de 2020, um ponto de mínimo em 17 de outubro de 2020 e novamente um ponto de máximo em aproximadamente 17 de março de 2021. A partir do dia 21 de maio de 2021, é possível realizar estimativas de previsões através da curva de solução numérica de infectados (curva em vermelho), Fig.4.2, em que se estima acima de 800 infectados entre o final do mês de julho de 2021 e meados de novembro de 2021.

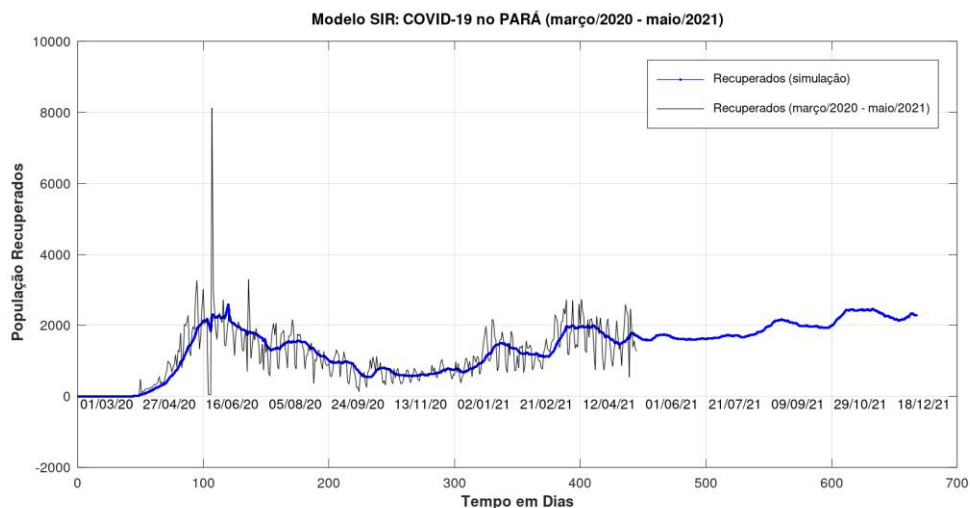


Figura 4.3: População de recuperados (Covid-19) no Estado do Pará de 03 de março de 2020 a 21 de maio de 2021 (curva em preto), juntamente com a solução numérica de recuperados segundo o método de Runge-Kutta de 3ª ordem (curva em azul).

Observamos que a solução numérica de recuperados (curva em azul) se aproxima aos dados reais de recuperados (curva em preto) da Covid-19 no Estado do Pará em relação à sua média móvel. Constatamos que os dados reais de recuperados (curva em preto) oscilam com o passar dos dias, tendo assim um ponto de máximo no final do mês junho de 2020, um ponto de mínimo em meados de outubro de 2020 e novamente um ponto de máximo em 12 de abril de 2021. A partir do dia 21 de maio de 2021, é possível realizar estimativas de previsões através da curva de solução numérica de recuperados (curva em azul), Fig.4.3, em que se estima uma curva que varia de 1800 recuperados a 2200 recuperados, no sentido crescente e entre 21 de maio de 2021 e 18 de dezembro de 2021.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Propomos o método numérico de Runge-Kutta de 3ª ordem. Para solucionar a Eq. (3.1) a partir de dados reais da Covid-19 no Estado do Pará entre março de 2020 e maio de 2021. Constatamos as convergências das soluções numéricas sobre as médias móveis de suscetíveis, Fig.4.1, infectados, Fig.4.2, e recuperados, Fig.4.3.

A partir da curva de suscetíveis de dados reais (curva em preto), Fig.4.1, observamos sua oscilação, tendo um ponto de mínimo, em seguida, um ponto de máximo e, em seguida, outro ponto de mínimo, entre março de 2020 e maio de 2021. Também, a partir da curva de infectados de dados reais (curva em preto), Fig.4.2, observamos oscilações de infectados, tendo inicialmente um ponto de máximo, em seguida, um ponto de mínimo e, finalmente, outro ponto de máximo, entre março de 2020 e maio de 2021.

Finalmente, a partir da curva de recuperados de dados reais (curva em preto), Fig.4.3, também observamos sua oscilação similar à curva de infectados quanto a pontos de máximos e pontos de mínimos. Dado que a curva de infectados de dados reais, Fig.4.2, divide-se em dois eventos, com seus respectivos pontos de máximos, ou seja, que o fenômeno vem se mostrando oscilante com o passar do tempo. A partir do dia 21 de maio de 2021, é possível realizar estimativas de previsões através das curvas de soluções numérica de suscetíveis (curva em verde), Fig.4.1, de infectados (curva em vermelho), Fig.4.2, e de recuperados (curva em azul), Fig.4.3.

Assim, é de fundamental importância investimentos por parte do poder público para o desenvolvimento de pesquisas na área da epidemiologia e suas extensões. Diante disso, é possível realizar projeções sobre a proliferação, o controle e o tratamento de doenças epidemiológicas, caso contrário, a maioria dos trabalhadores brasileiros poderiam deixar de contribuir para o desenvolvimento econômico do país, uma vez que viriam padecer com doenças epidêmicas, às quais deveriam ser evitadas com eficazes políticas públicas de saúde.

REFERÊNCIAS

ARAÚJO, A. C. C. **Modelação Matemática de Epidemias**. 2015. 96 f. Dissertação (Mestrado em Tecnologia Biomédica) - Escola Superior de Tecnologia e Gestão.

BARROSO, L. C.; BARROSO, M. M. A.; FILHO, F. F. C.; CARVALHO, M. L. B.; Maia, M. L. **Cálculo Numérico (COM APLICAÇÕES)**. 2a Ed., Editora Harbra Ltda, São Paulo/SP, 1987.

BASSANEZI, R. C.. **Ensino-Aprendizagem com Modelagem Matemática**. Disponível em: https://www.academia.edu/33662311/Modelagem_Matematica_uma_investigacao_C3%A7_C3%A3o_BASSANEZI_2002_. Acesso em 24/09/2021.

BERNOULLI, Daniel. Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite vérole, et des avantages de l'inoculation pour la prévenir. **Histoire de l'Acad., Roy. Sci. (Paris) avec Mem**, p. 1 -45, 1760.

BURDEN, R. L., Faires, J. D. **Análise Numérica**. 2008, CENGAGE Learning.
Coronavírus no Estado do Pará-Metabase. Disponível em: <https://www.covid-19.pa.gov.br/public/dashboard/41777953-93bf-4a46-b9c2-3cf4ccef3c9>. Acesso em 19/05/2021.

FCV. FUNDAÇÃO CRISTIANO VARELA. Disponível em: <http://www.fcv.org.br/site/noticia/detalhe/1092>>. Acesso em 15/04/2020.

GOZLAN, M. Il était une fois les coronavirus. Le Monde. Français, 27 mars 2020, Disponível em: <https://www.lemonde.fr/blog/realitesbiomedicales/2020/03/27/il-etait-une-fois-les-coronavirus>. Acessado em: 20/09/202.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Belém. Panorama da Cidade de Belém.2019b.

IBGE. INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/cidades-e-estados/pa.html>>. Acesso em: 21/05/2021.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Pará. Pará: Panorama. 2019a.

Instituto Politécnico de Bragança, Bragança/PT, 2015.

JUNIOR, J. A. C. N.; SANTOS, A. M.; QUINTANS-JÚNIOR, L. J.; Walker, C. I. B.; Borges, L. B.; Serafini, M. R. SARS, MERS and SARS-CoV-2 (COVID-19) treatment: a patent review **Expert Opinion on Therapeutic Patents**, 2020, VOL. 30, NO. 8, 567–579.

KEFREY. S. Coronavírus: **Epidemiologia, manejo clínico e mais**. Disponível em: <https://www.sanarmed.com/coronavirus-epidemiologia-manejo-clinico-e-mais-colonistas>>. Acesso em 04/10/2021.

KERMACK, W. E MCKENDRICK, A. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London Series A Mathematical and Physical Sciences*, A115:700–721.

MS. MINISTÉRIO DA SAÚDE. Disponível em: < <https://coronavirus.saude.gov.br/>>. Acesso em: 14/04/2020.

MS. MINISTÉRIO DA SAÚDE. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/media/pdf/2021/maio/27/boletim_epidemiologico_covid_64_final_27maio.pdf>. Acesso em: 28/05/2021.

NOGUEIRA, A. B.; SILVA, C. V. D. S.; SILVA, L. M. D.; FREITAS, M. R. B.; Knackfuss, F. B. Perfil epidemiológico da pandemia de COVID-19 e características do agente etiológico: Revisão. **PUBVET**, v.15, n.06, a845, p.1-11, Jun., 2021.

OPAS. ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE. Disponível em: <https://www.paho.org/pt/covid19/historico-da-pandemia-covid-19>. Acesso em: 20.09.2022.

PEIRIS, J. S. M.; LAI, S. T.; POON, L. L. M.; GUAN, Y.; YAM, L. Y. C.; LIM, W.; ... & SARS STUDY GROUP. Coronavirus as a possible cause of severe acute respiratory syndrome. *The Lancet*, v. 361, n. 9366, p. 1319-1325, 2003.

PELLEGRINO, F. L. P. C. COVID-19, A Pandemia de 2020: Origem, Agente Etiológico, Transmissão, Manifestações Clínicas **Visões da Ciência**, Volume 8, Number 1, Jun/Jul 2020.

POUTANEN, S. M.; LOW, D. E.; HENRY, B.; FINKELSTEIN, S.; ROSE, D.; GREEN, K.; ... & MCGEER, A. J. Identification of severe acute respiratory syndrome in Canada. *New England Journal of Medicine*, v. 348, n. 20, p. 1995-2005, 2003.

RAFAEL, R. M. R.; NETO, M.; CARVALHO, M. M. B. D.; DAVID, H. M. S. L.; ACIOLI, S.; FARIA, M. G. D. A. Epidemiologia, políticas públicas e pandemia de Covid-19: o que esperar no Brasil? **Rev. Enferm. UERJ. Rio de Janeiro**, 2020; 28:e49570.

ROCHA, M. M. Análise de Previsões de Casos de HIV/AIDS em Castanhal mediante um Modelo Epidemiológico Determinístico. 2014. 62 f. TCC (Graduação) – Curso de Licenciatura em Matemática, Campus Universitário de Castanhal/UFPa, Castanhal/PA, 2014.

SALES, I.; MORAIS, A, M, D.; MORAIS, A, M, D. Análise Comportamental da covid-19 no Brasil: Análise de dados da Mobilidade, Contaminação e Medidas Restritivas no PAÍS. **Revista Acta Scientia**. Volume 2 - Número 1 - jan/jun de 2020.

SCHEID, F. **Schaum's outline of theory and problems of numerical analysis**. 2ª Ed., McGraw-Hill, New York, 1989.

SECOM. Secretaria Especial de Comunicação Social. Disponível em: <http://www.mt.gov.br/-/15304126-centro-de-triagem-entregou-mais-de-12-mil-kits-de-medicamentos-para-tratamento-da-covid-19>. Acessado em: 29/09/2021

SESPA. Secretária de Saúde Pública do Estado do Pará. Coronavírus no Pará (portal). 2020.

SOARES, A. L. O. **Modelagem Alternativa para Sistemas Epidemiológicos**. 2010. 98 f. Dissertação (Mestrado em Matemática Aplicada) - Centro de Matemática, Computação e Cognição/UFABC, Santo André/SP, 2010.

SOUSA, L. C. D.; SILVA, T. O. D.; PINHEIRO, A. R. D. S.; SANTOS, F. D. F. D. SARS-CoV, MERS-CoV e SARS-CoV-2: Uma Revisão Narrativa dos Principais Coronavírus do Século. **Brazilian Journal of Health Review**. Curitiba, v.4, n.1, p.1419-1439 Jan/Feb. 2021.

WERNECK, G. L.; CARVALHO, M. S. A Pandemia de COVID-19 no Brasil: Crônica de Uma Crise Sanitária Anunciada. **Editorial**. Cad. Saúde Pública, 2020.

YEE, J.; UNGER, L.; ZADRAVECZ, F.; CARIELLO, P.; SEIBERT, A.; JOHNSON, M. A.; FULLER, M. J. Novel coronavirus 2019 (COVID-19): Emergence and implications for emergency care. *Jacep Open*, v. 1, n. 7. Fev. 2020. Disponível em:<<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.1002/emp2.12034>>. Acesso em: 28/09/2021.