

Sobre a Evolução Temporal da Epidemia de Coronavírus no Brasil

Jorge A. Costa Jr., Amanda C. Martinez e José C. Geromel¹

Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação - UNICAMP
13083-852, Campinas, SP

Resumo

São dois os nossos objetivos principais. O primeiro é apresentar um novo modelo dinâmico que descreve, com precisão e aderência, o comportamento temporal da epidemia de coronavírus que atualmente ocorre no Brasil e no mundo. A cada dia, o número de novos infectados fornecido pelo Ministério da Saúde é levado em conta. Dessa forma, uma avaliação do impacto do comportamento social na evolução da epidemia também pode ser feita. O segundo objetivo consiste em analisar a necessidade de desenvolver um sistema computacional, de grande porte, capaz de simular (com o método de Monte Carlo, por exemplo) o comportamento dinâmico de epidemias permitindo que cada indivíduo transite por locais com densidades populacionais diversas.

1 Introdução

Estamos vivendo um novo tempo que se caracteriza por uma demanda sem precedentes ao nosso sistema de saúde. O SUS - Sistema Único de Saúde, certamente fará a diferença para melhor atender a população do nosso país. Em nossa região, é preciso realçar o empenho e dedicação de todo o pessoal da área de saúde da UNICAMP, em especial, do Hospital das Clínicas, CECOM, CAISM e o suporte técnico especializado assegurado pelo CEB - Centro de Engenharia Biomédica. A maioria da população, por sua vez, também merece elogios, pois tenta manter um isolamento social efetivo, mesmo diante de opiniões descabidas que, na contramão do mundo, insistem em minimizar os seus efeitos benéficos.

Do ponto de vista de saúde pública, é necessário dispor de modelos capazes de avaliar cenários e validar ações com precisão com o intuito de atenuar o pico da epidemia e preservar a capacidade de atendimento dos hospitais. Neste sentido, o isolamento social é a única arma que dispomos neste momento. Um dos questionamentos que buscamos responder é

¹Email: jorgeaugusto@unifei.edu.br, amanda.comaz@gmail.com, geromel@dsce.fee.unicamp.br

como avaliar a sua eficácia e como decidir quando e como atenuá-lo, sem colocar em risco uma eventual retomada da epidemia.

A literatura apresenta inúmeros estudos que versam sobre epidemias. A modelagem determinística apresentada em [2], há quase um século, estabelece uma sólida base matemática para modelagem em tempo contínuo. Deste resultado originaram-se as classes de modelos conhecidos pela sigla SIR [4] e subclasses mais específicas [3]. Todos eles são expressos através de equações diferenciais não lineares. Entretanto, como os diversos modelos dependem de parâmetros, eles devem ser determinados de tal forma que o modelo final seja o mais fiel possível frente a realidade. Como os dados sobre a epidemia de coronavírus são fornecidos *diariamente* pelo Ministério da Saúde, parece mais natural desenvolver um modelo da classe SIR no domínio de tempo discreto, veja [1]. Em seguida, apresentamos um novo modelo epidemiológico, probabilístico, não linear, a tempo discreto, variante no tempo. Notamos que, para ganhar precisão, é necessário permitir que os seus parâmetros variem no tempo (não podem ser mantidos fixos), pois eles devem capturar as tendências de como a população se comporta durante a evolução da epidemia.

Por fim, discutimos brevemente a necessidade de desenvolvermos um simulador do tipo Monte Carlo para tratar as diversas epidemias que assolam o nosso país. Isso é necessário para delinear a implementação mais segura e precisa de políticas de saúde pública. Para ilustrar as dificuldades envolvidas nesta tarefa, um protótipo simples é apresentado.

2 O modelo SIR a tempo discreto

Um novo modelo é proposto para descrever o comportamento temporal de uma epidemia. Ele se baseia em uma classe de modelos dinâmicos não lineares cujo membro mais conhecido tem a sigla SIR². É importante mencionar que o desenvolvimento matemático desta classe de modelos se inspira nos resultados apresentados no magistral artigo [2], publicado há quase um século, no qual a modelagem determinística de epidemias é abordada.

Cabe também mencionar que esses modelos, como originalmente propostos, são formulados no domínio de tempo contínuo. Entretanto, em nossa opinião, a formulação que apresentamos em seguida, no domínio de tempo discreto, é mais simples e natural quando se deseja sintonizar os parâmetros com os dados observados dia após dia, conforme a epidemia avança. A aderência do modelo proposto ao comportamento da atual epidemia de

²do Inglês: Susceptible - Infected - Removed.

coronavírus será avaliada.

O conjunto dos números naturais é denotado por $\mathbb{N} = \{0, 1, 2, \dots\}$ e a variável independente $k \in \mathbb{N}$ define o tempo, medido em dias. O instante inicial, $k = 0$, corresponde ao dia em que o primeiro caso de infecção por coronavírus foi diagnosticado³. A população \mathcal{P} composta por M indivíduos⁴ é dividida em três classes, sendo que, em cada instante de tempo $k \in \mathbb{N}$, cada indivíduo pode pertencer a apenas uma delas, a saber:

- **Saudáveis (S)** - é o conjunto dos indivíduos saudáveis. O número total de elementos deste conjunto, denotado por $s(k)$, indica o número de indivíduos saudáveis no dia $k \in \mathbb{N}$.
- **Infectados (I)** - é o conjunto dos indivíduos infectados. O número total de elementos deste conjunto, denotado por $i(k)$, indica o número de indivíduos infectados, com capacidade de transmitir a doença, no dia $k \in \mathbb{N}$.
- **Removidos (R)** - é o conjunto dos indivíduos que deixaram de ter a capacidade de transmitir a doença por estarem imunizados ou mortos. O número total de elementos deste conjunto é denotado por $r(k)$, com $k \in \mathbb{N}$.

Por hipótese, a população permanece constante durante todo horizonte de ocorrência da epidemia. Nascimentos não são levados em conta, o que implica $s(k) + i(k) + r(k) = M$ para todo $k \in \mathbb{N}$. Seja $x(k)$ um elemento qualquer da população no dia $k \in \mathbb{N}$. A probabilidade que ele seja saudável, infectado ou removido é $s(k)/M$, $i(k)/M$ ou $r(k)/M$, respectivamente. Desta forma, o número médio de indivíduos de cada uma dessas classes é $s(k)$, $i(k)$ ou $r(k)$. Façamos agora o seguinte experimento: em um dia $k \in \mathbb{N}$, um par de indivíduos da população (x_1, x_2) é escolhido ao acaso, com reposição. A probabilidade de que x_1 seja saudável ($x_1 \in S$) e que x_2 seja infectado ($x_2 \in I$) ou vice-versa é $2(s(k)/M)(i(k)/M)$. Assumindo que, com probabilidade $p(k)$, um saudável torna-se infectado sempre que ele se encontra com um infectado, então o valor esperado do número de novos infectados é dado por

$$\begin{aligned} n(k) &= s(k) \times p(k) \times 2 \left(\frac{s(k)}{M} \right) \left(\frac{i(k)}{M} \right) \\ &= \gamma(k) \left(\frac{s(k)}{M} \right)^2 i(k) \end{aligned} \tag{1}$$

³No Brasil, isso ocorreu no dia 26 de fevereiro de 2020.

⁴A população atual do Brasil é 210 milhões de habitantes, ou seja, $M = 210 \times 10^6$ indivíduos.

em que $\gamma(k) = 2p(k) \in (0, 2)$. Observe que o primeiro termo $s(k)$ que consta no produto mostrado na primeira igualdade de (1), indica que apenas os saudáveis, quando encontram infectados, podem se tornar infectados. Assim, as equações do novo modelo SIR a tempo discreto podem ser expressas na forma

$$s(k+1) = s(k) - \gamma(k) \left(\frac{s(k)}{M} \right)^2 i(k) \quad (2)$$

$$i(k+1) = i(k) + \gamma(k) \left(\frac{s(k)}{M} \right)^2 i(k) - \alpha(k)i(k) \quad (3)$$

$$r(k+1) = r(k) + \alpha(k)i(k) \quad (4)$$

com $\alpha(k) \in (0, 1)$. Os parâmetros $\alpha = \alpha(k)$ e $\gamma = \gamma(k)$ são considerados variantes no tempo. De fato, há evidências seguras de que eles se modificam no decorrer da epidemia devido ao fato de que o comportamento, ao menos de parte da população, se modifica em função de alertas e de campanhas de esclarecimento. Em princípio, o parâmetro $\alpha = \alpha(k)$ pode ser considerado invariante no tempo, e pode ser determinado se soubermos a meia-vida do processo com que os indivíduos infectados tornam-se removidos, sob a hipótese de que nenhum contágio ocorra. Sendo N_r a meia vida expressa em dias, devemos impor $(1 - \alpha)^{N_r} = 1/2$, o que permite determinar

$$\alpha = 1 - 2^{-1/N_r} \quad (5)$$

ou seja, para uma meia-vida de $N_r = 7$ dias obtém-se $1/\alpha \approx 10$ dias o que parece ser bastante razoável, frente aos dados observados. Por outro lado, o parâmetro $\gamma = \gamma(k)$ indica a taxa com que a infecção se espalha no decorrer do tempo e tende a diminuir, resultando na redução gradativa do número de infectados. O parâmetro $\alpha(k)$ é uma característica da doença enquanto que $\gamma(k)$ resulta do comportamento da população.

O modelo SIR probabilístico que acabamos de obter, tem uma hipótese intrínseca que parece ser pouco realista. Em cada dia, o número médio de novos infectados é dado por (1). Para obter este valor assumimos que cada indivíduo da população pode se encontrar com qualquer outro, com igual probabilidade. Julgamos que esta hipótese simplificadora deixa de ser realista quando, por exemplo, a população se espalha em uma grande superfície com densidade demográfica não uniforme. O impacto desta hipótese, frente à realidade, é difícil de ser mensurado. De fato, a possibilidade de todos os indivíduos se encontrarem tende a aumentar o número de novos infectados, mas não levar em conta a existência eventual de

densidades populacionais altas, em algumas regiões, age no sentido contrário. Felizmente, como veremos mais à frente, este aspecto indesejável pode ser atenuado se considerarmos modelos variantes no tempo, como em (2)-(4).

2.1 Estimação de parâmetros

Deseja-se determinar os parâmetros $(\alpha(k), \gamma(k))$ a partir dos dados disponíveis. O Ministério da Saúde do Brasil informa diariamente no seu *site* o número de novos infectados $n_m(k)$ e sua soma acumulada $a_m(k)$ efetivamente ocorridos. Observe que $n(k)$ será muito diferente de $i(k)$ conforme a epidemia avança. Isto ocorre, pois infectados deixam de ser infectados quando transitam para a classe de removidos. O número de dias para os quais os dados são disponíveis é denotado por N_m . Assumimos que o intervalo de tempo $[0, N_m)$ é subdividido em N subintervalos $\{T_j\}_{j=1}^N$, sem superposições, de tal forma que $(\alpha(k), \gamma(k)) = (\alpha_j, \gamma_j)$ para todo $k \in T_j$, para todo $j = 1, \dots, N$. Em outras palavras, em cada subintervalo de tempo o par de parâmetros a ser estimado permanece constante. Em cada subintervalo $1 \leq j \leq N$ determinamos

$$e_j^2 = \min_{\alpha_j, \gamma_j} \left\{ \sum_{k \in T_j} \left(a(k) - a_m(k) \right)^2 \mid a(k+1) = a(k) + n(k) \right\} \quad (6)$$

o que permite construir os parâmetros $(\alpha(k), \gamma(k))$ para todo $k \in [0, N_m)$. Após este período, mantém-se os parâmetros constantes, iguais aos valores estimados para o último subintervalo de tempo, ou seja $(\alpha(k), \gamma(k)) = (\alpha_N, \gamma_N)$ para todo $k \geq N_m$. Ademais, esta formulação permite incorporar restrições do tipo $\alpha_j \in [1/10, 1/7]$ e $\gamma_j \in [1/10, 1/2]$ para todo $j = 1, \dots, N$ como forma de resolver os problemas de programação não linear indicados em (6), de maneira mais eficiente. A adequação desses limitantes pode ser avaliada *a posteriori*. Finalmente, observe que o erro médio quadrático em escala logarítmica

$$e_{min} = \frac{1}{2} \log_{10} \left(\frac{1}{N_m} \sum_{j=1}^N e_j^2 \right) \quad (7)$$

entre a sequência $a(k)$ determinada através do modelo proposto e os valores correspondentes $a_m(k)$, desta mesma sequência, observados e fornecidos pelo Ministério da Saúde, dá uma medida da aderência do modelo à realidade.

tempo [dia]	e_{min}	γ [dia ⁻¹]	α [dia ⁻¹]
0 – 27	1.7628	0.4585	1/7
28 – 41	2.5314	0.1974	1/10
42 – 53	2.6752	0.2025	1/7

Tabela 1: Parâmetros ótimos variantes no tempo

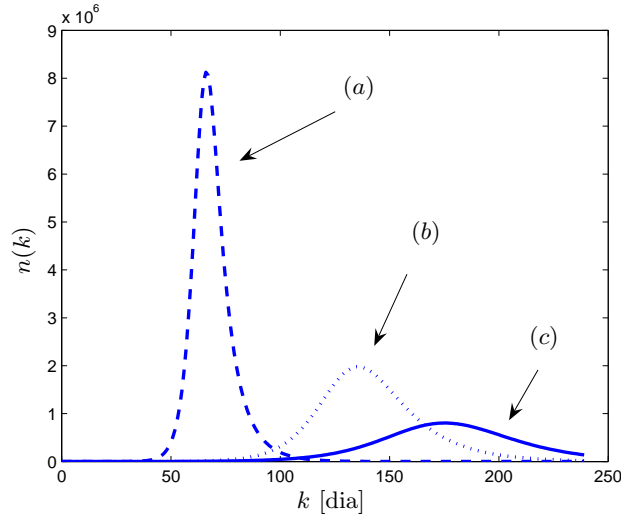


Figura 1: Estimativa do número de novos infectados

3 Simulação e validação

Hoje, dia 20 de abril de 2020, 54 dias se passaram desde que, segundo os dados oficiais, o primeiro caso de coronavírus ocorreu no Brasil. A Tabela 1 mostra os pares de parâmetros ótimos que resultam das soluções dos problemas indicados em (6), considerando os dados correspondentes aos subintervalos de tempo $T_1 = [0, 27]$, $T_2 = [28, 41]$ e $T_3 = [42, 53]$ dias. Com os parâmetros determinados com os dados dos 28 primeiros dias, estimamos os novos casos que ocorreriam até o final da epidemia. Esta curva está marcada com (a) na Figura 1. O seu valor máximo indica a ocorrência de aproximadamente 8 milhões de novos casos em apenas um dia. Em seguida, com os dados dos próximos 14 dias, estimamos os novos parâmetros e a estimativa de novos casos foi marcada com (b) na mesma figura. Nota-se claramente que o pico de novos casos diminui cerca de 4 vezes. Finalmente, a curva marcada com (c) na Figura 1 é a estimativa de novos casos considerando todas as

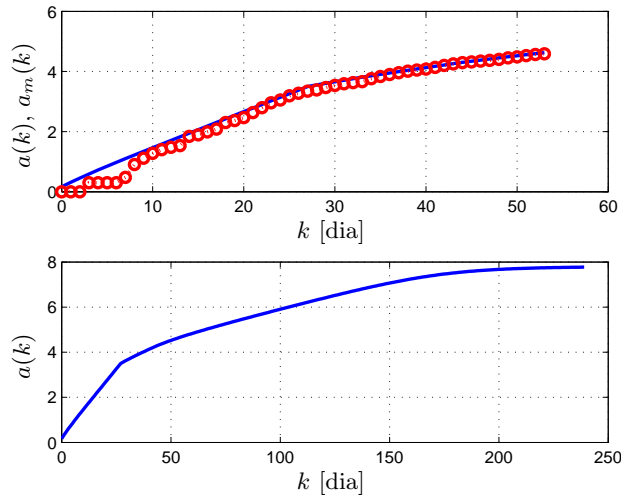


Figura 2: Evolução temporal da epidemia em escala logarítmica

informações disponíveis para estimar os parâmetros. O número de novos casos estimados é agora reduzido pela metade, para aproximadamente 800 mil. É verossímil imaginar que esta redução continuará ocorrendo no futuro próximo, desde que a população permaneça alerta quanto a absoluta necessidade de manter as medidas de higiene e de isolamento social em vigor.

Para validar o modelo proposto, verificamos sua aderência aos dados disponíveis. A parte superior da Figura 2, em escala logarítmica base dez, mostra em linha contínua o número acumulado de novos infectados $a(k)$ fornecido pelo modelo, enquanto que as marcas “o” são os valores correspondentes disponibilizados pelo Ministério da Saúde⁵ durante os 54 dias da epidemia. Visualmente, nota-se que a aderência é bastante boa. Esta afirmação ganha maior significado quando notamos, na parte inferior da Figura 2, que as diversas tendências do processo infeccioso foram identificadas. A taxa de crescimento cada vez menor, torna aparente que o distanciamento social está sendo efetivo para diminuir o número de novos infectados.

⁵Vela o endereço na internet - <https://covid.saude.gov.br/>

4 Simulador Monte Carlo

Em princípio, o método de Monte Carlo parece ser bem adaptado para simular o comportamento dinâmico de uma epidemia. A população de indivíduos $j = 1, \dots, M$ compõe o conjunto \mathcal{P} . Deseja-se simular um horizonte de tempo $k \in [0, K)$ e, para isso, consideramos que um indivíduo é caracterizado por

$$x_A(k) \in \mathcal{P}, \forall k \in [0, K) \quad (8)$$

em que A é o seu vetor de atributos. A simulação deve supor que os indivíduos permanecem em uma região plana limitada, com área que represente a densidade demográfica média do caso específico sob análise. O vetor de atributos de cada indivíduo deve armazenar, para cada $k \in [0, K)$, as seguintes informações: a) as coordenadas de sua posição na região em estudo, b) a sua velocidade média, c) sua classe - S , I ou R com eventuais subclasses tais como, infectados não sintomáticos (In) ou mortos (Rm) e d) o seu raio de infecção. As seguintes facilidades devem estar disponíveis:

- Movimentação dos indivíduos no interior da região por *random walk*, em função do tempo, observando a sua velocidade média. Implementar comportamentos específicos tais como, entrada e saída de corredores de ônibus ou linhas de metrô. Visita regular e periódica a lojas, supermercados ou shoppings.
- Detecção de distanciamento mínimo para contágio probabilístico entre saudáveis e infectados.
- Resultados apresentados de forma amigável e funcional. O método Monte Carlo deve ser utilizado para determinar as trajetórias médias e suas regiões de incerteza estatística.

O desafio é desenvolver um simulador deste tipo que consiga simular um país, com as dimensões do Brasil, tendo em vista a sua população, área territorial e densidade populacional fortemente não uniforme. Para melhor avaliar as dificuldades envolvidas, desenvolvemos um simulador com as características descritas acima. Consideramos uma área de 1 [km²], na qual $M = 185$ indivíduos estão confinados, o que corresponde à densidade demográfica do Estado de São Paulo, [5]. Cada indivíduo se movimenta em *random walk* com velocidade média de 0.2 [m/min] e com raio de infecção igual a 2 [m]. Abaixo desta distância, entre um indivíduo saudável e um infectado, a infecção ocorre com probabilidade $p(k) = 0.2$,

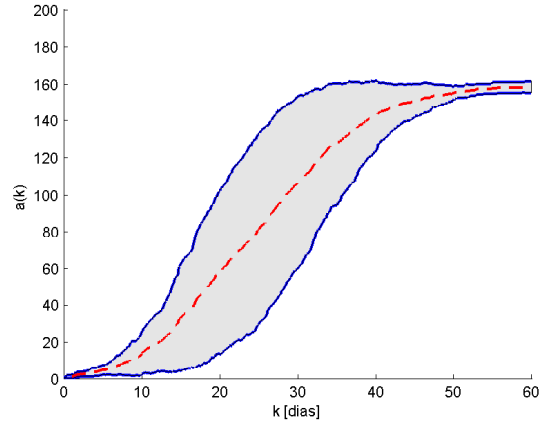


Figura 3: Simulação temporal da epidemia

invariante no tempo. Consideramos um horizonte de $K = 60$ [dias] e que, os indivíduos infectados tornam-se removidos após dez dias. No instante inicial $k = 0$ apenas um indivíduo está infectado.

A Figura 3 mostra, em linha vermelha tracejada, a média do número acumulado de novas infecções. A área delimitada pelas curvas em linhas contínuas azuis, corresponde à variação de um desvio padrão. Como era de se esperar, nota-se uma grande região de incerteza em torno da média. O tempo de processamento foi de aproximadamente duas horas, para se obter a simulação temporal completa de um único evento, isto é, a evolução da epidemia para todo $k \in [0, K)$. Diante disso, e apenas para ilustração, realizamos cinco deles para calcular as trajetórias desejadas. Dessa forma, tratar uma pequena cidade já é inviável, pois o número de variáveis torna-se proibitivo. Além da otimização dos algoritmos envolvidos, provavelmente, algum tipo de agregação de comportamentos individuais dos habitantes deverá, necessariamente, ser considerada.

5 Conclusão

O modelo dinâmico proposto tem boa aderência à realidade, mas por ser variante no tempo não permite que estimativas seguras de longo prazo, sobre o comportamento da epidemia, possam ser feitas. Afinal, se no futuro os parâmetros se modificam, não há como estimá-los a partir de observações do passado. Felizmente, os resultados anteriores parecem indicar que este fato torna-se menos importante conforme novos dados são processados, o

que viabiliza estimativas de curto prazo. Os ensaios numéricos permitem as seguintes observações e recomendações:

- O isolamento social foi e continua sendo importante para diminuir o pico da curva de novos infectados. É o comportamento adequado da população que explica a redução que a Figura 1 coloca em evidência.
- Sempre que uma nova semana for completada, os dados são processados e uma nova estimativa do número de infectados é obtida. Se o pico da curva estiver acima de um limite adequado, mantém-se o isolamento. Caso contrário, alguma flexibilização pode ser adotada.
- É importante mencionar que o comportamento dinâmico observado ocorreu a partir de apenas um indivíduo ter sido infectado no instante $k = 0$. Assim sendo, qualquer política de flexibilização das regras de isolamento social devem ser estudadas com a máxima cautela, para que todo o esforço já feito não seja perdido, devido a uma eventual retomada da epidemia.

Desejamos enfatizar a necessidade de adotarmos esforços para o desenvolvimento de um simulador evento-a-evento, provavelmente do tipo Monte Carlo, capaz de trabalhar com dados *a priori* para indicar projeções e fornecer avaliações com precisão, para que o poder público possa estabelecer políticas seguras e eficazes para o enfrentamento das diversas epidemias que, como esta do coronavírus, podem vir a ocorrer novamente tanto no nosso país quanto mundo.

6 Nota

Os autores não são epidemiologistas. Este texto propõe o estudo de um novo modelo matemático e a verificação da sua aderência aos dados reais da atual epidemia de coronavírus que ocorre no Brasil. Ele tem o objetivo de tentar ajudar os nossos gestores de saúde nas decisões sobre a adoção das melhores políticas públicas, para o enfrentamento eficaz da epidemia e das suas eventuais consequências. O tratamento de novos dados será feito periodicamente (em geral, semanalmente) e será incorporado a este texto, na forma de anexos sucessivos.

Referências

- [1] N. T. J. Bailey, The mathematical theory of infectious diseases and its applications. *Hafner Press*, 2nd ed., NY, 1975.
- [2] W. O. Kermack and A. G. McKendrick. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, vol. 115, pp. 700–721, 1927.
- [3] C. D. Soares, *Modelagem Matemática de Doenças Infecciosas Considerando Heterogeneidade Etária: Estudo de Caso de Rubéola no México. Dissertação de Mestrado*, IMECC - UNICAMP, 2011.
- [4] J. N. Tavares. Modelo SIR em epidemiologia. *Revista Ciência Elementar*, vol. 5, pp. 11-12, 2017.
- [5] Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). Área territorial brasileira e população estimada. <<https://www.ibge.gov.br/cidades-e-estados/sp.html>>, acesso em abril de 2020.

Anexo 1: Até o dia 21/04/2020 - 56 dias epidemiológicos.

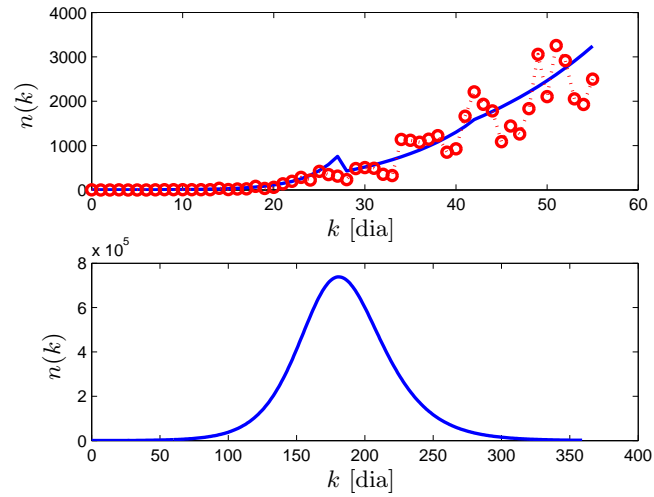


Figura 4: Estimação do número de novos infectados

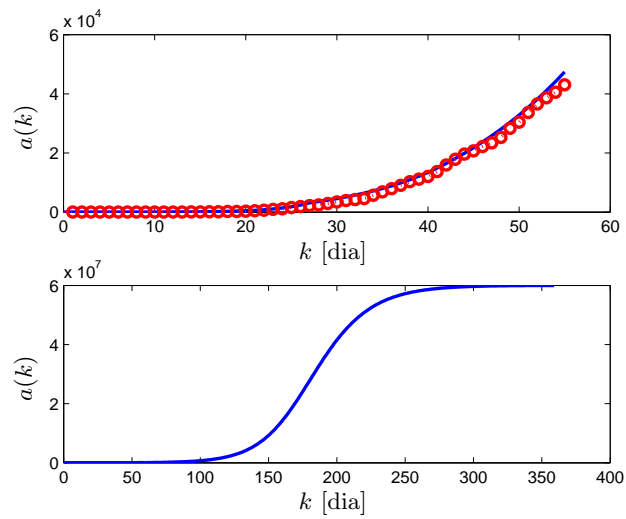


Figura 5: Estimação do número acumulado de novos infectados

Anexo 2: Até o dia 28/04/2020 - 63 dias epidemiológicos.

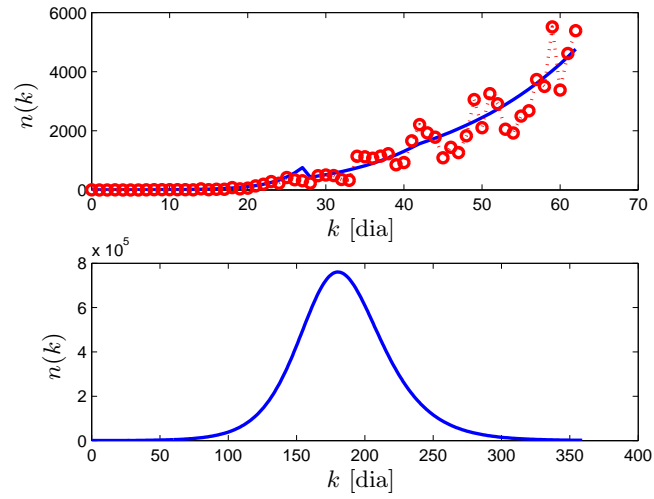


Figura 6: Estimação do número de novos infectados

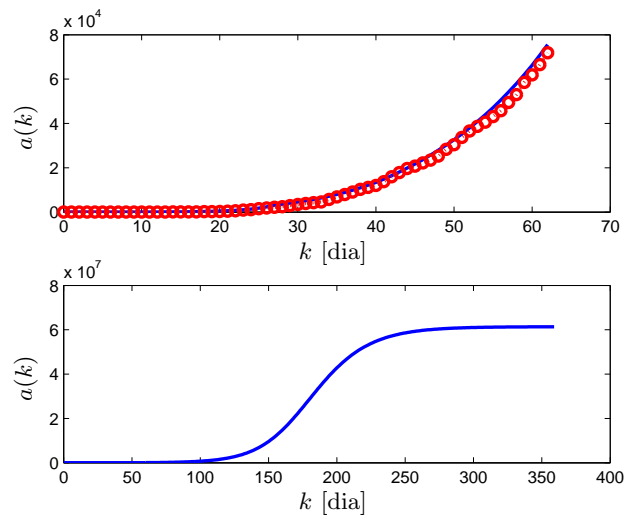


Figura 7: Estimação do número acumulado de novos infectados

Anexo 3: Até o dia 05/05/2020 - 70 dias epidemiológicos.

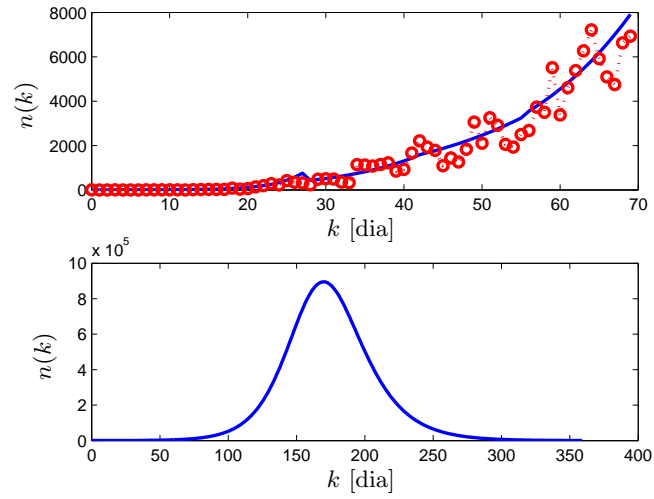


Figura 8: Estimação do número de novos infectados

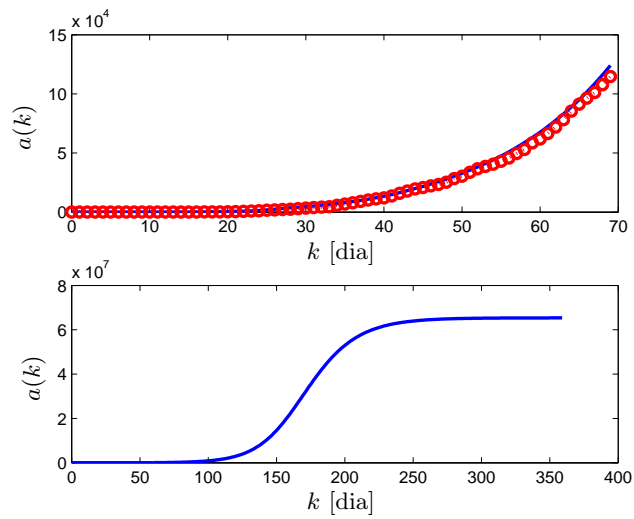


Figura 9: Estimação do número acumulado de novos infectados

Anexo 4: Até o dia 12/05/2020 - 77 dias epidemiológicos.

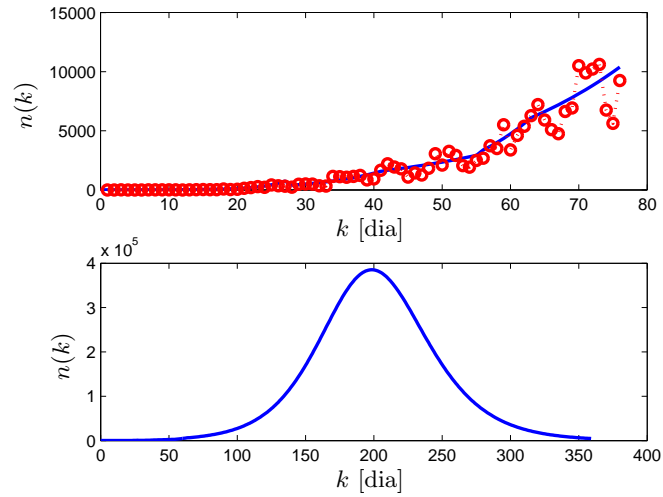


Figura 10: Estimação do número de novos infectados

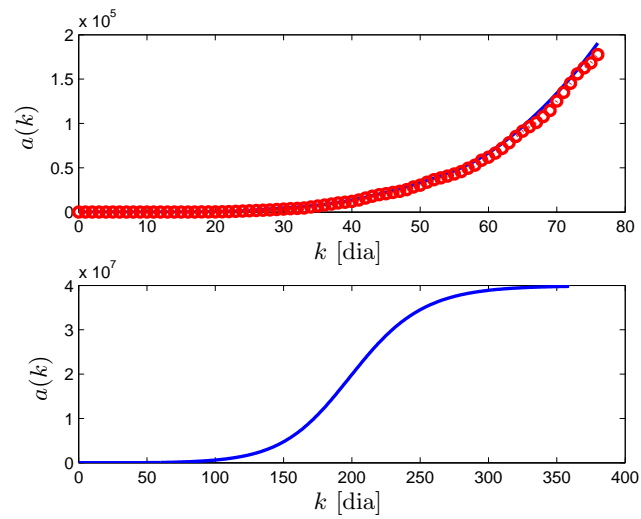


Figura 11: Estimação do número acumulado de novos infectados

Anexo 5: Até o dia 19/05/2020 - 84 dias epidemiológicos.

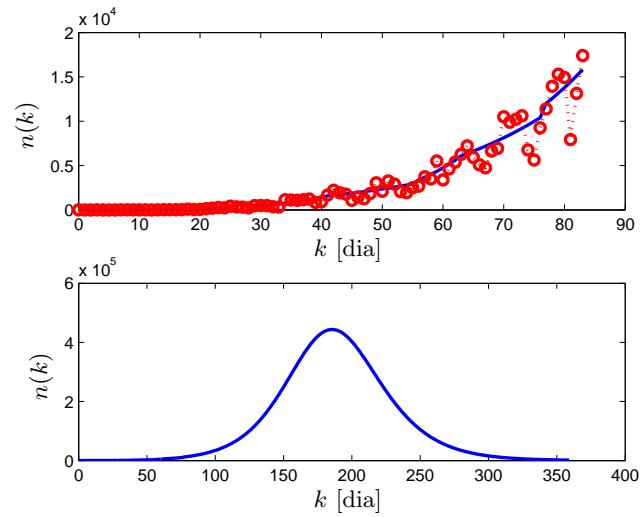


Figura 12: Estimação do número de novos infectados

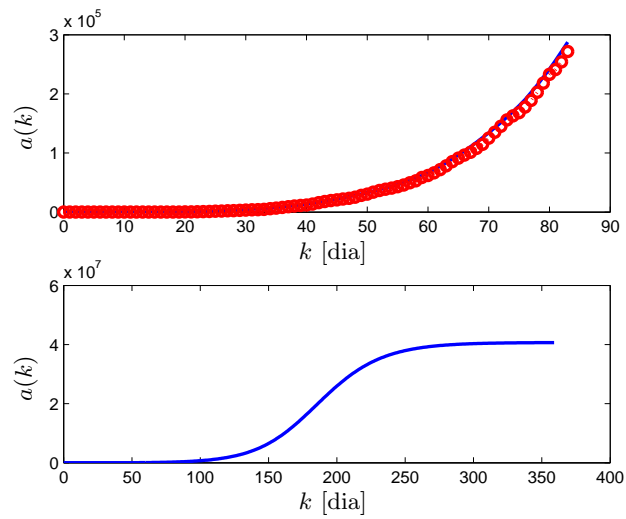


Figura 13: Estimação do número acumulado de novos infectados

Anexo 6: Até o dia 26/05/2020 - 91 dias epidemiológicos.

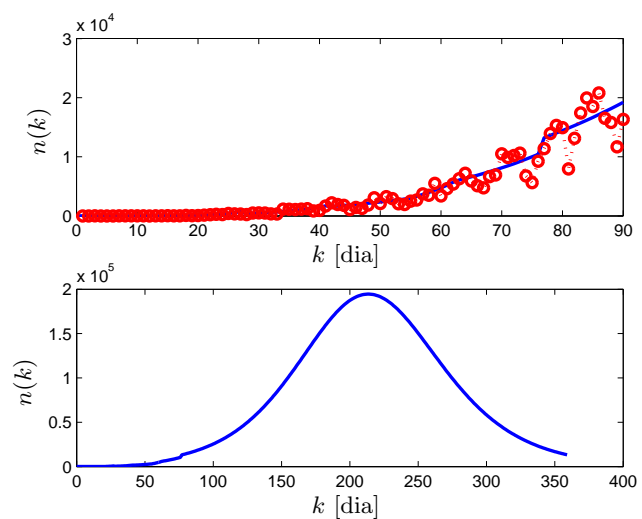


Figura 14: Estimação do número de novos infectados

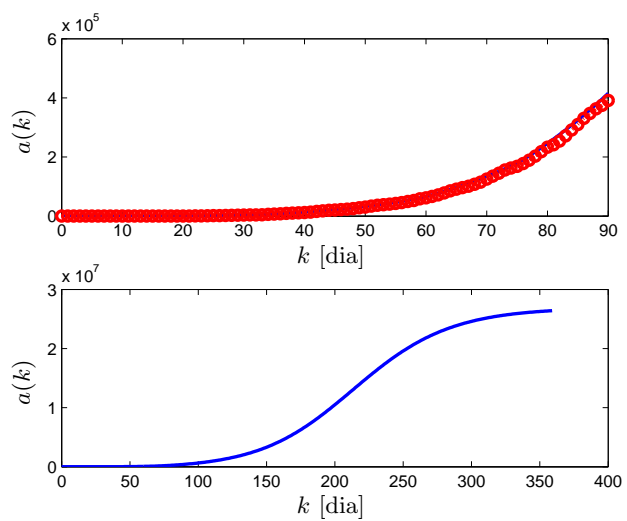


Figura 15: Estimação do número acumulado de novos infectados

Anexo 7: Até o dia 02/06/2020 - 98 dias epidemiológicos.

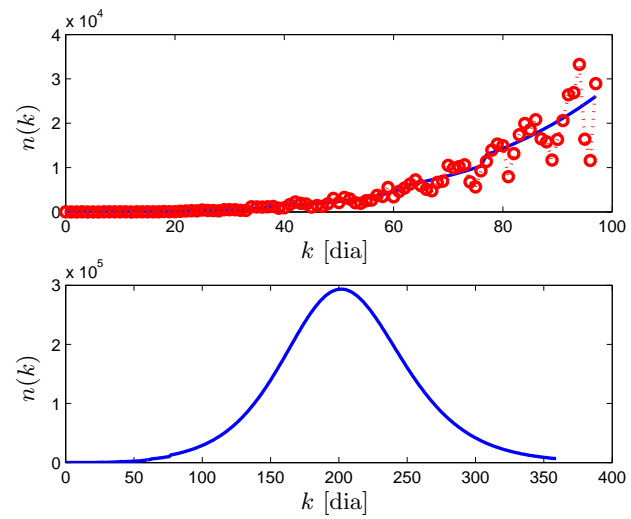


Figura 16: Estimação do número de novos infectados

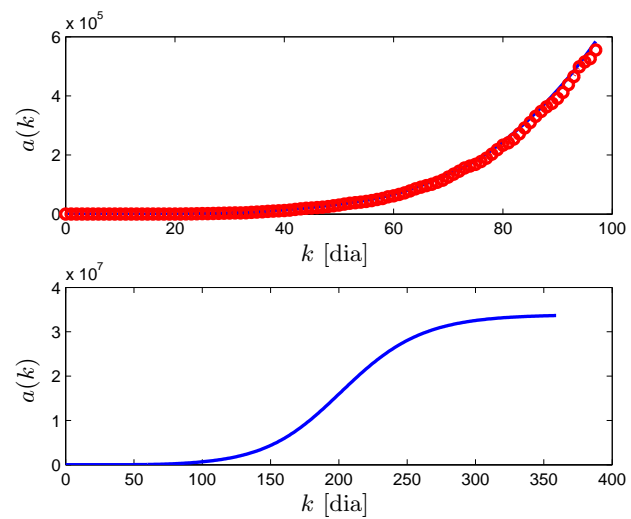


Figura 17: Estimação do número acumulado de novos infectados

Anexo 8: Até o dia 09/06/2020 - 105 dias epidemiológicos.

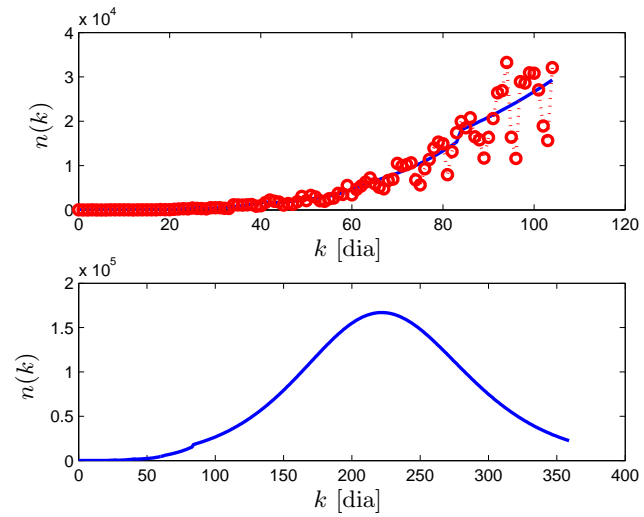


Figura 18: Estimação do número de novos infectados

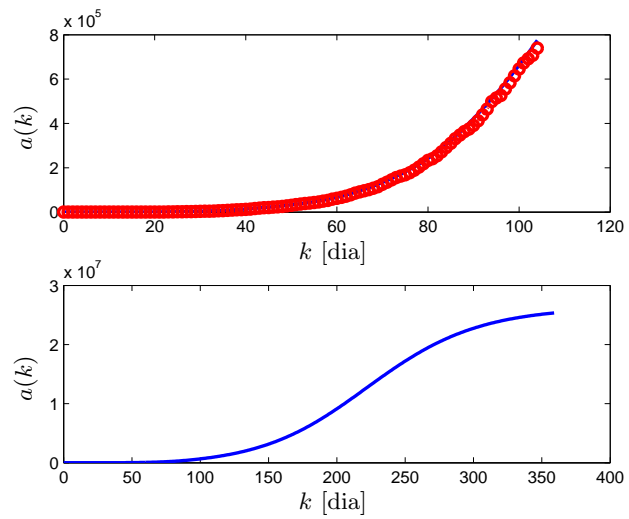


Figura 19: Estimação do número acumulado de novos infectados

Anexo 9: Até o dia 16/06/2020 - 112 dias epidemiológicos.

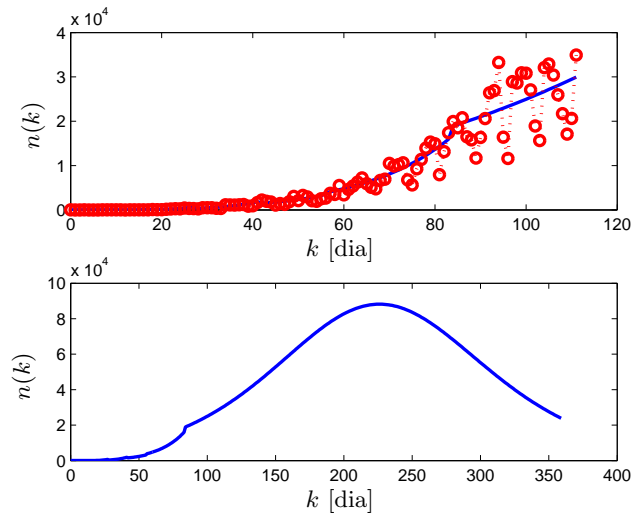


Figura 20: Estimação do número de novos infectados

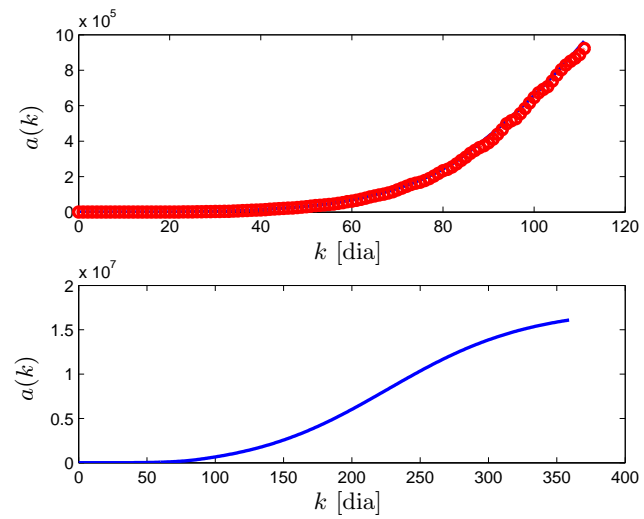


Figura 21: Estimação do número acumulado de novos infectados

Anexo 10: Até o dia 23/06/2020 - 119 dias epidemiológicos.

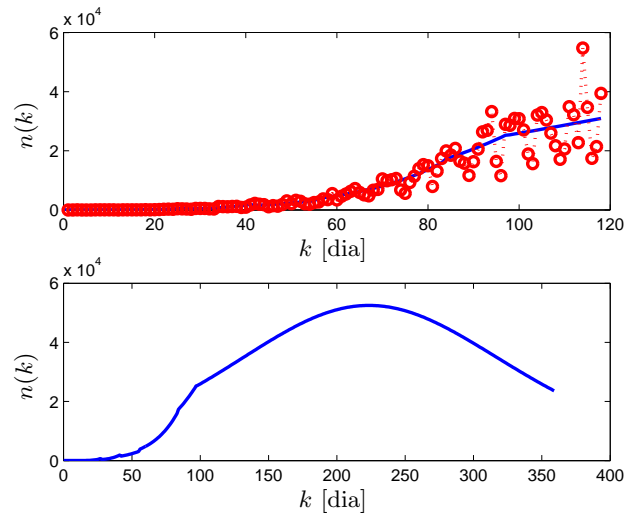


Figura 22: Estimação do número de novos infectados

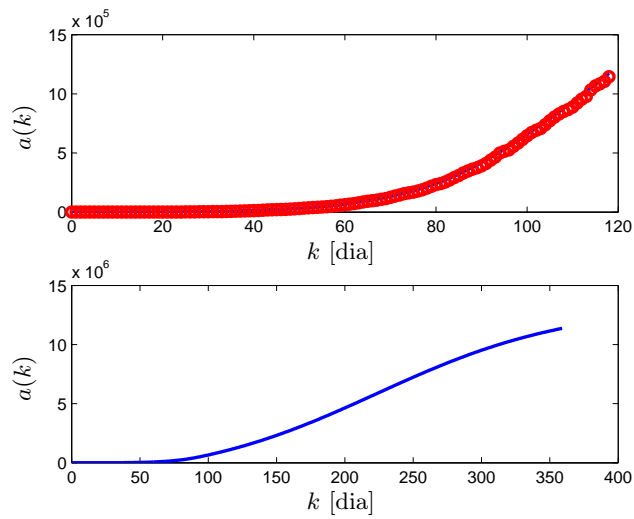


Figura 23: Estimação do número acumulado de novos infectados

Anexo 11: Até o dia 30/06/2020 - 126 dias epidemiológicos.

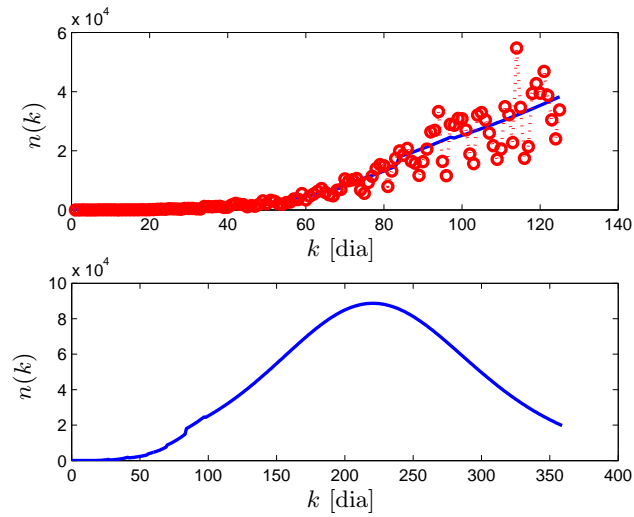


Figura 24: Estimação do número de novos infectados

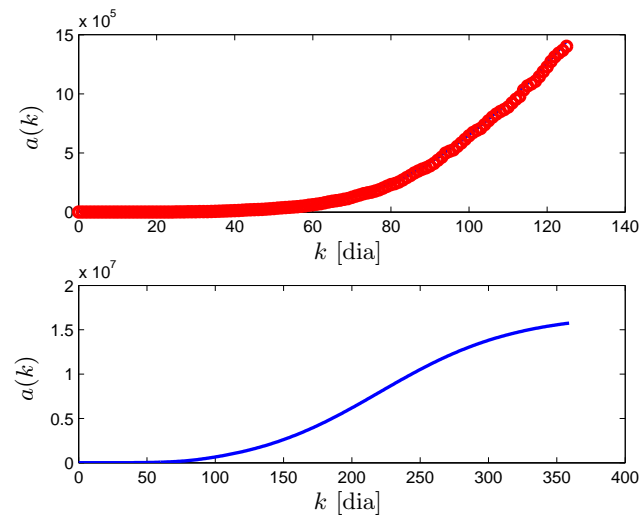


Figura 25: Estimação do número acumulado de novos infectados

Anexo 12: Até o dia 07/07/2020 - 133 dias epidemiológicos.

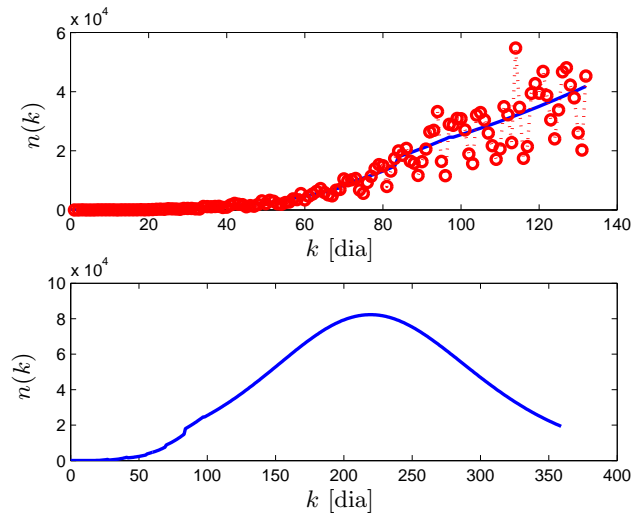


Figura 26: Estimação do número de novos infectados

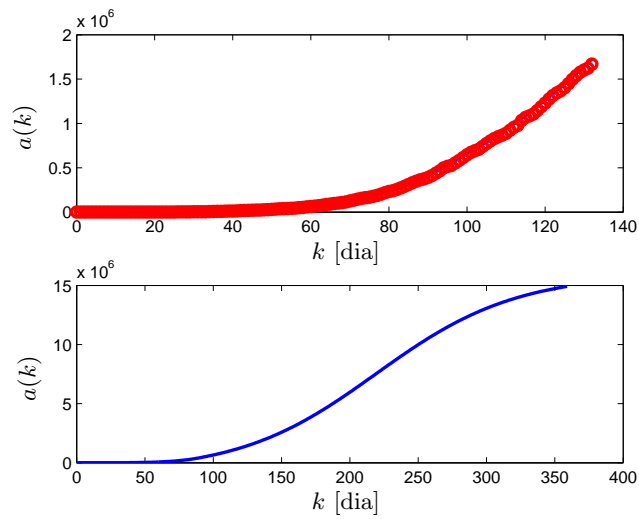


Figura 27: Estimação do número acumulado de novos infectados

Anexo 13: Até o dia 14/07/2020 - 140 dias epidemiológicos.

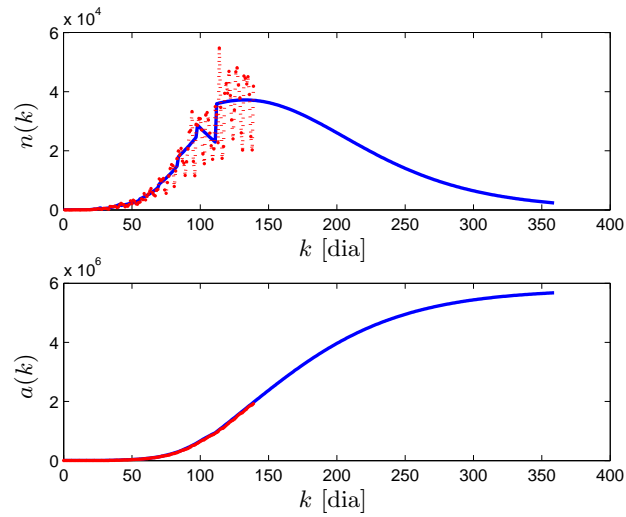


Figura 28: Estimação do número de novos infectados

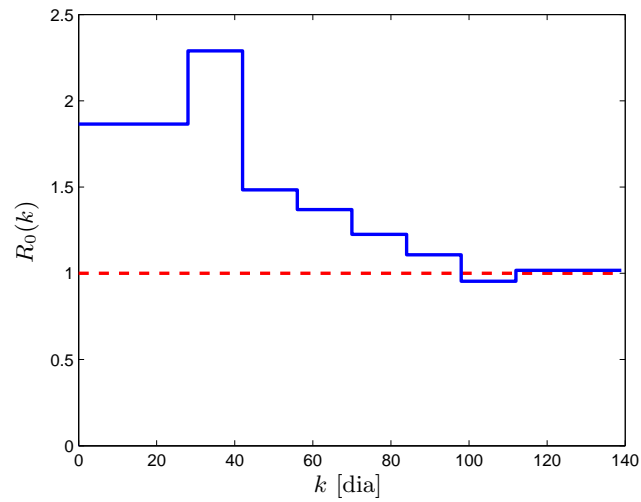


Figura 29: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 14: Até o dia 21/07/2020 - 147 dias epidemiológicos.

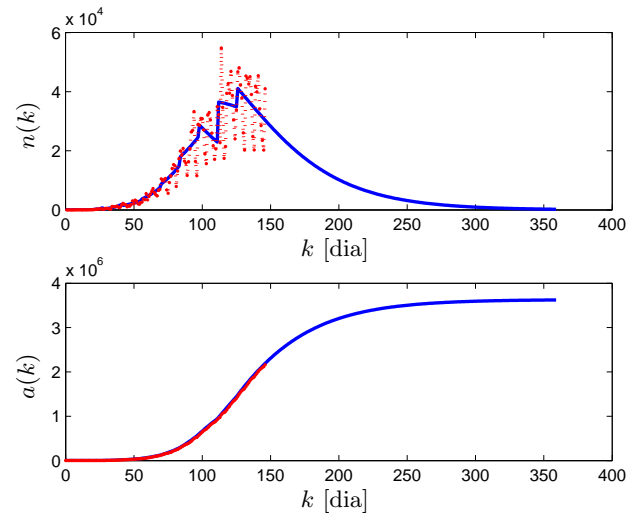


Figura 30: Estimação do número de novos infectados

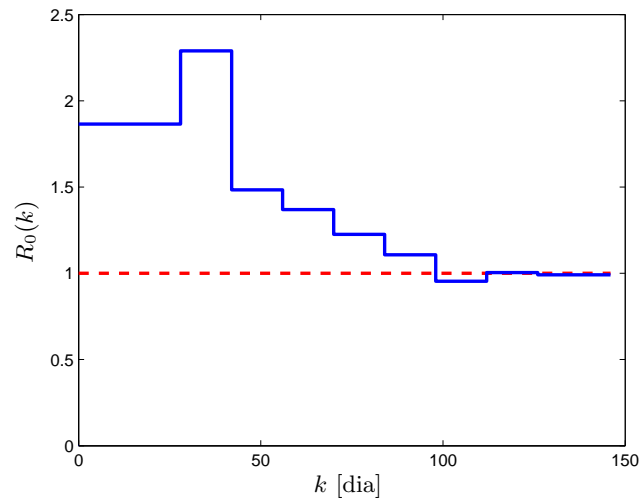


Figura 31: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 15: Até o dia 28/07/2020 - 154 dias epidemiológicos.

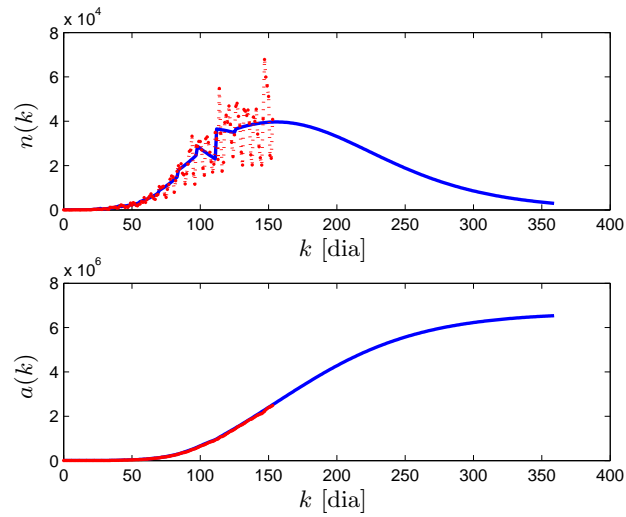


Figura 32: Estimação do número de novos infectados

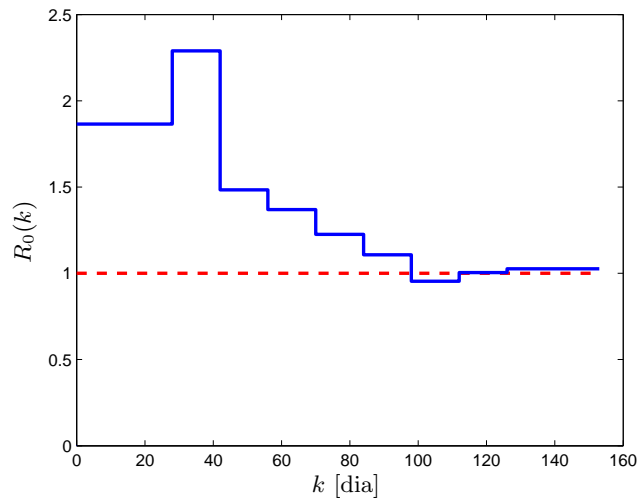


Figura 33: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 16: Até o dia 04/08/2020 - 161 dias epidemiológicos.

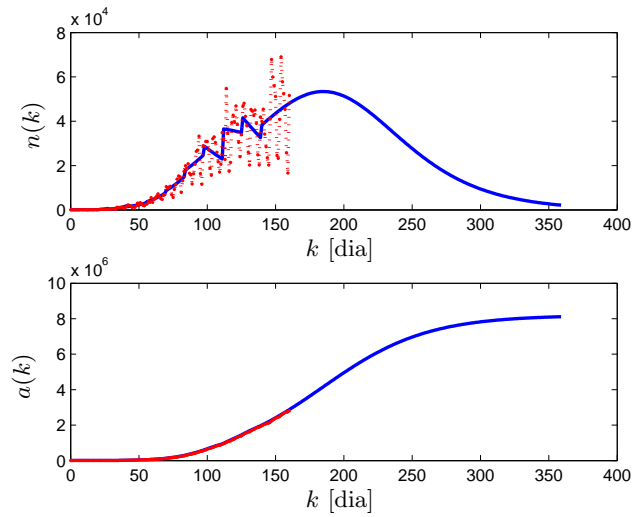


Figura 34: Estimação do número de novos infectados

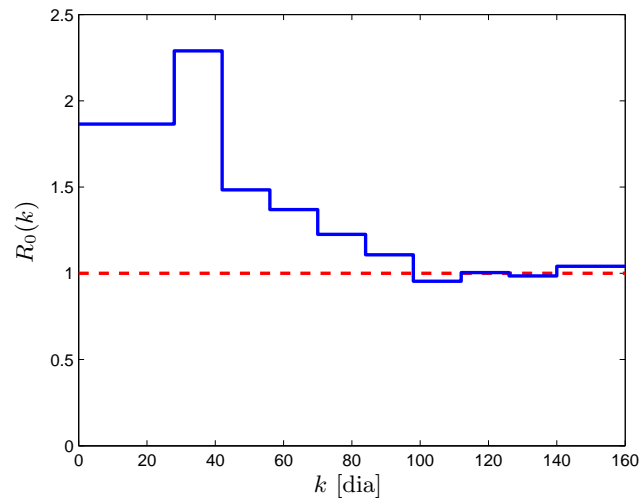


Figura 35: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 17: Até o dia 11/08/2020 - 168 dias epidemiológicos.

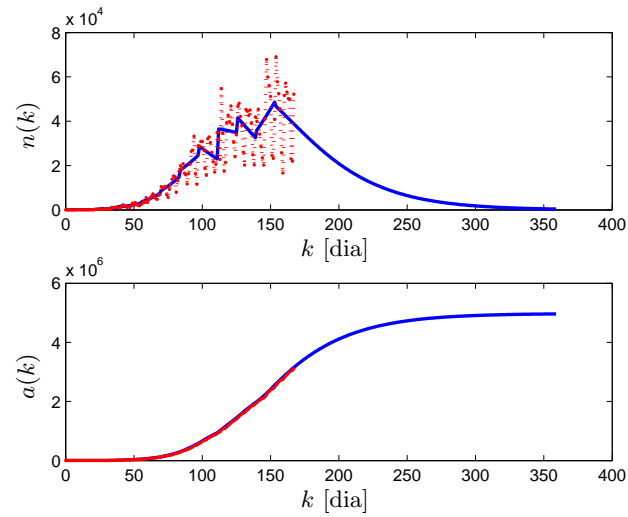


Figura 36: Estimação do número de novos infectados

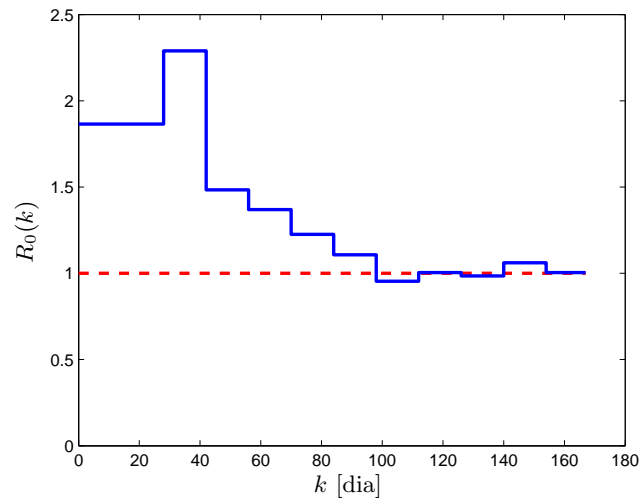


Figura 37: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 18: Até o dia 18/08/2020 - 175 dias epidemiológicos.

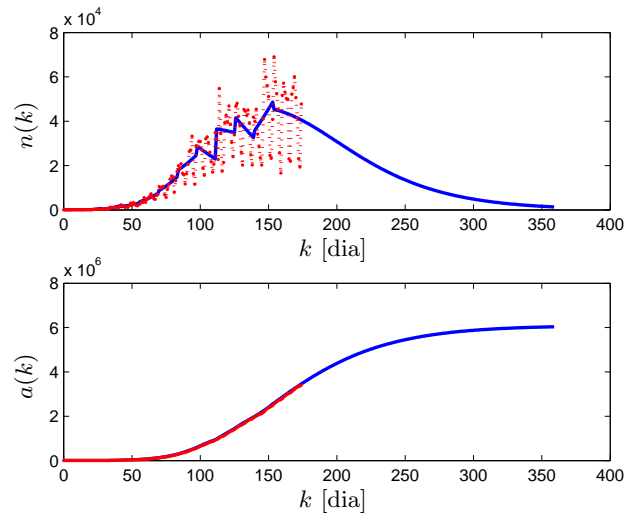


Figura 38: Estimação do número de novos infectados

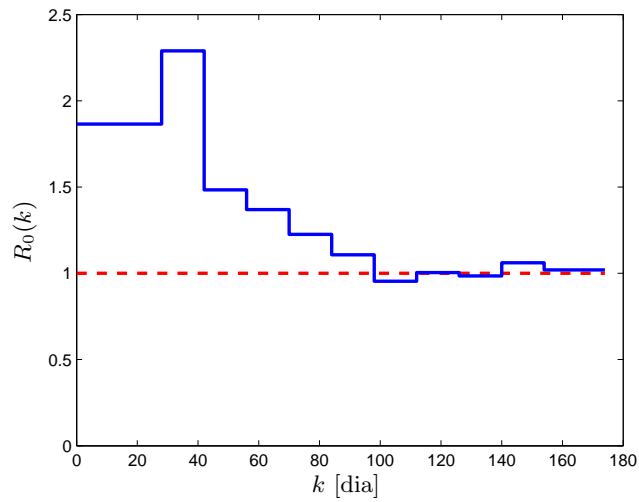


Figura 39: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 19: Até o dia 25/08/2020 - 182 dias epidemiológicos.

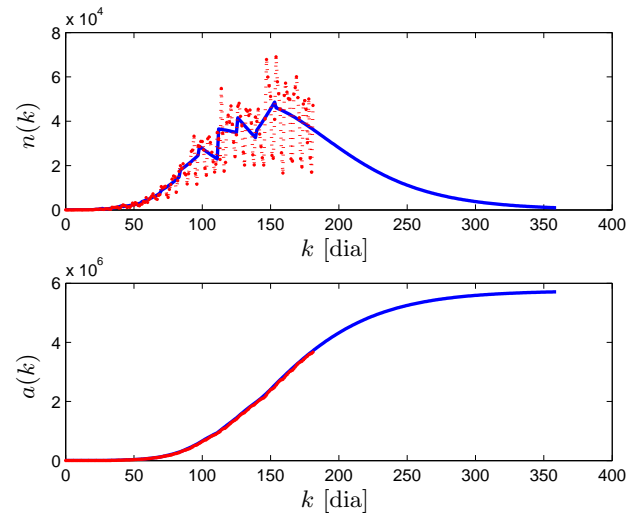


Figura 40: Estimação do número de novos infectados

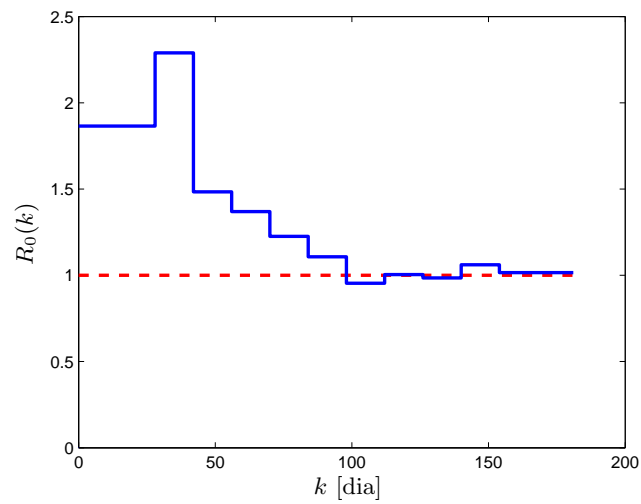


Figura 41: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 20: Até o dia 01/09/2020 - 189 dias epidemiológicos.

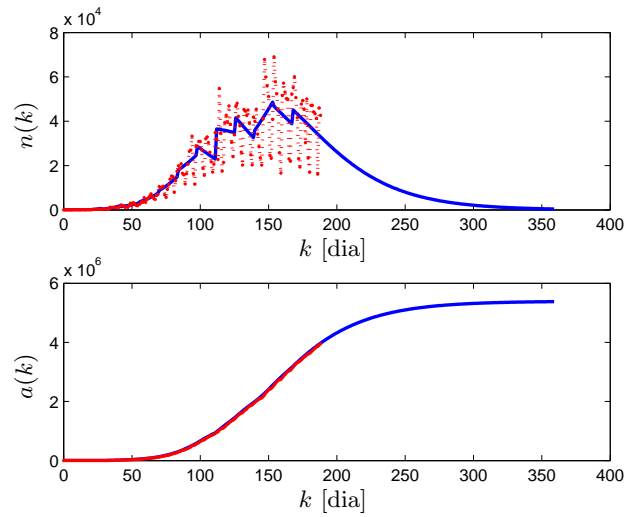


Figura 42: Estimação do número de novos infectados

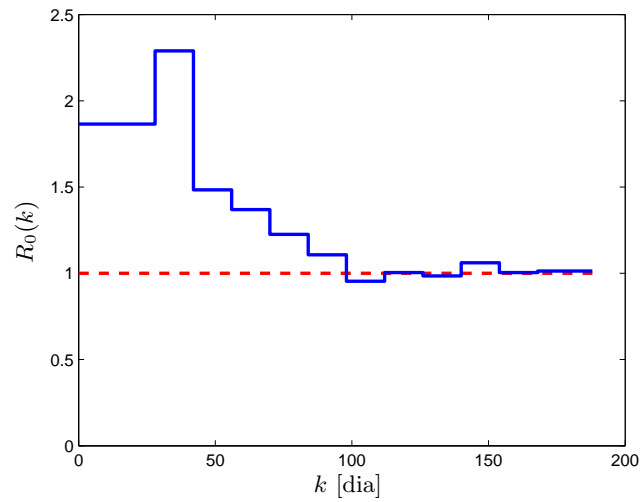


Figura 43: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 21: Até o dia 08/09/2020 - 196 dias epidemiológicos.

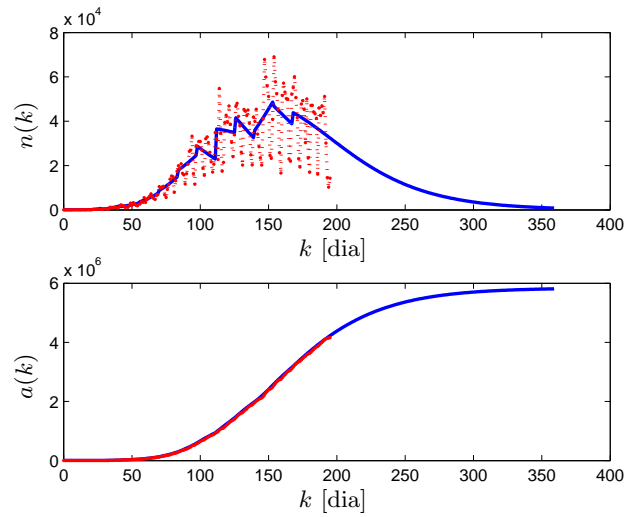


Figura 44: Estimação do número de novos infectados

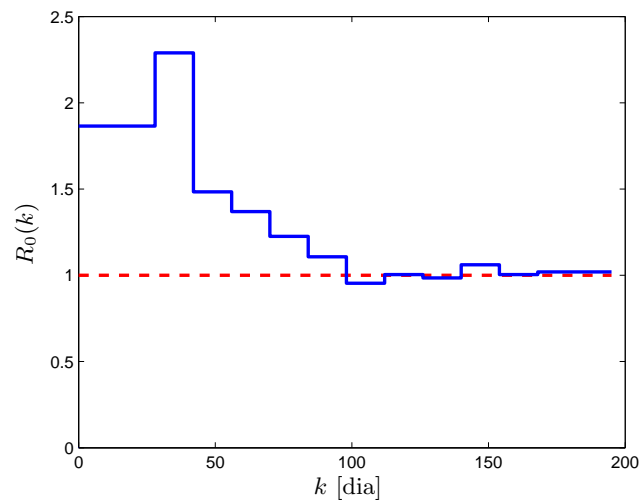


Figura 45: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 22: Até o dia 15/09/2020 - 203 dias epidemiológicos.

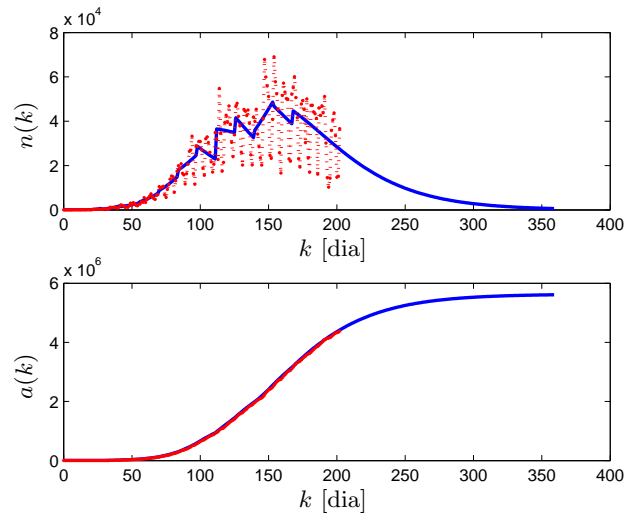


Figura 46: Estimação do número de novos infectados

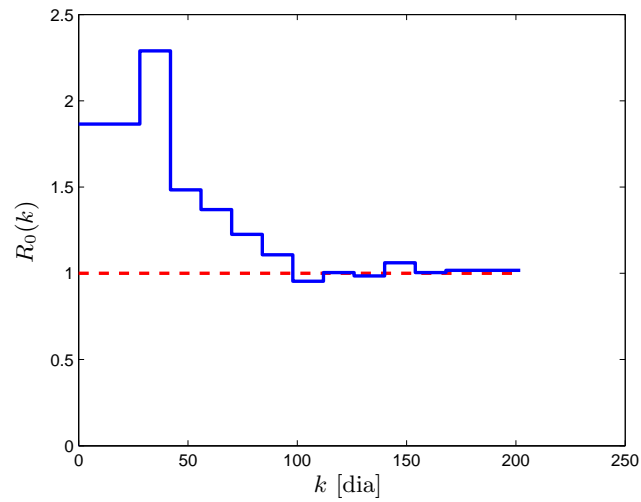


Figura 47: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 23: Até o dia 22/09/2020 - 210 dias epidemiológicos.

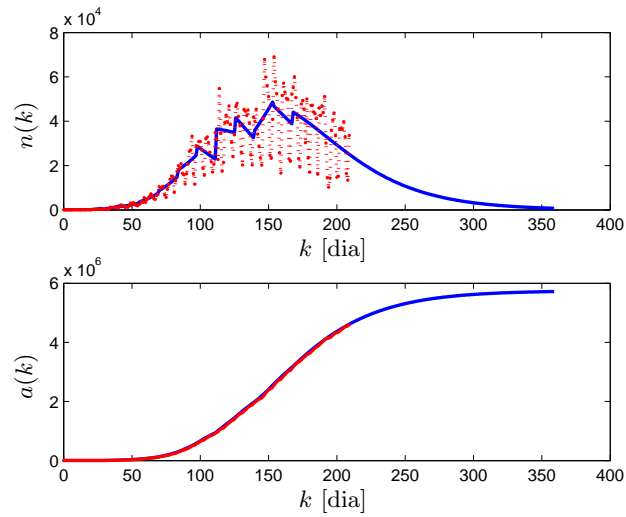


Figura 48: Estimação do número de novos infectados

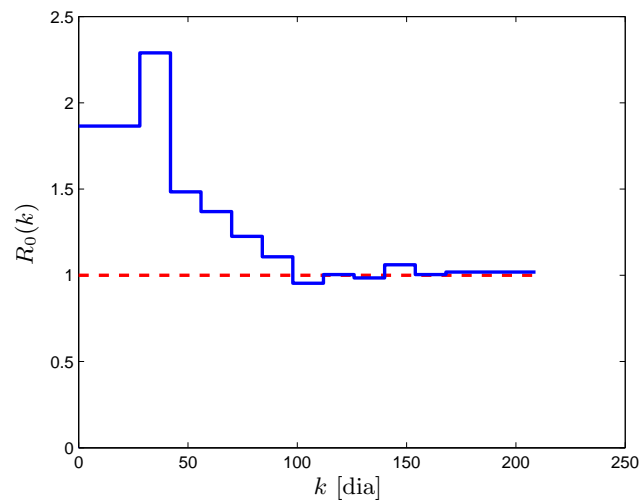


Figura 49: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 24: Até o dia 29/09/2020 - 217 dias epidemiológicos.

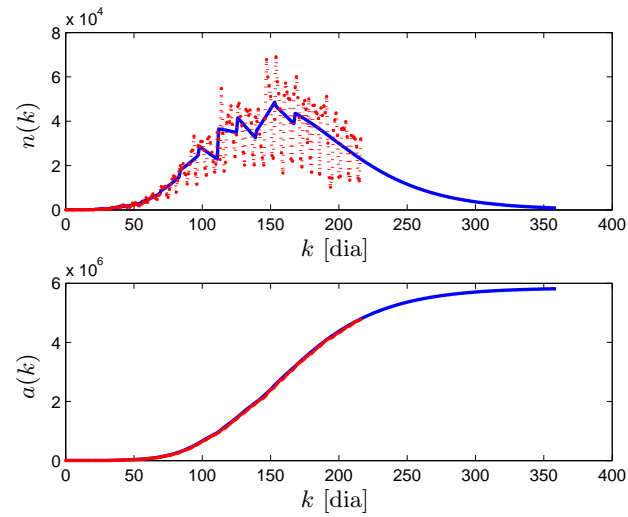


Figura 50: Estimação do número de novos infectados

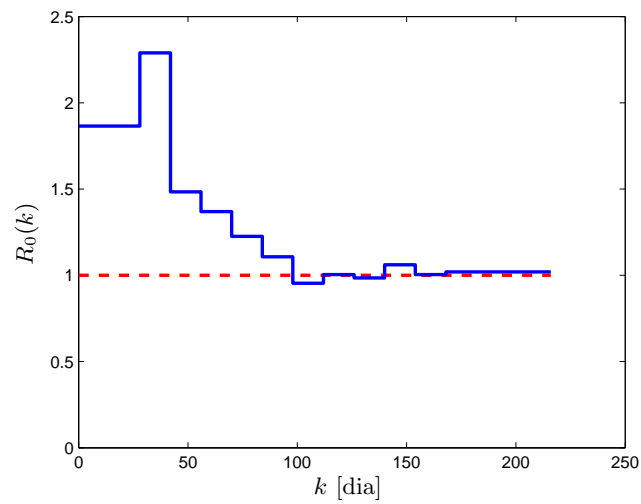


Figura 51: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 25: Até o dia 06/10/2020 - 224 dias epidemiológicos.

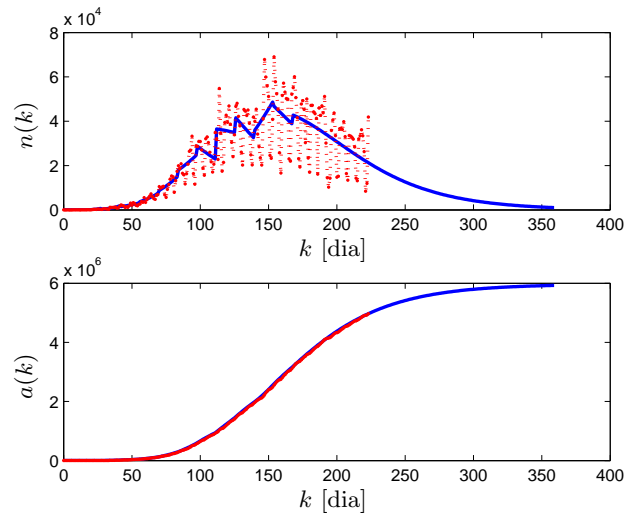


Figura 52: Estimação do número de novos infectados

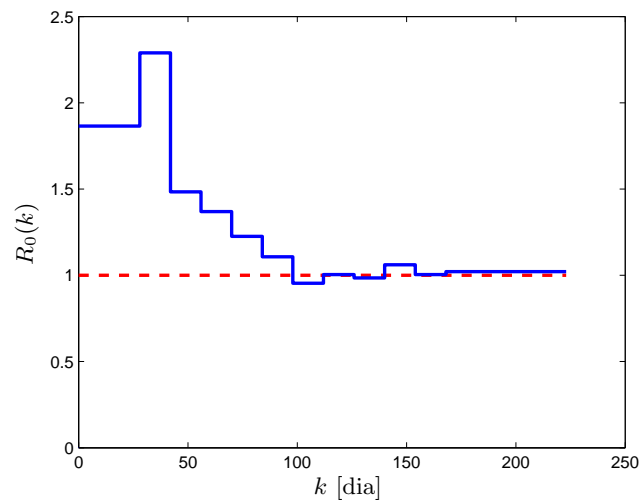


Figura 53: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 26: Até o dia 13/10/2020 - 231 dias epidemiológicos.

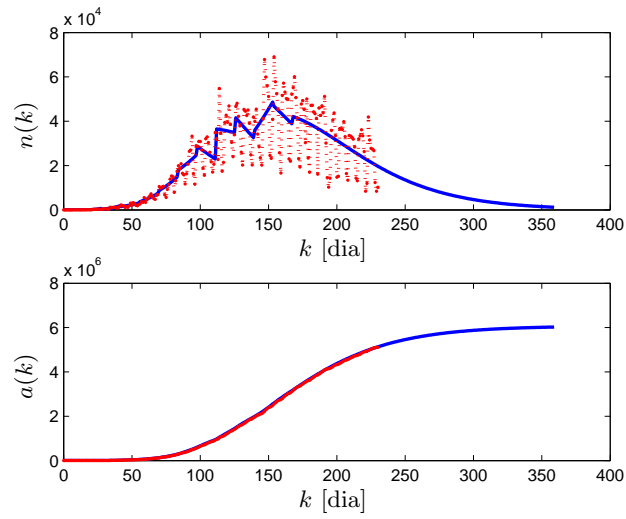


Figura 54: Estimação do número de novos infectados

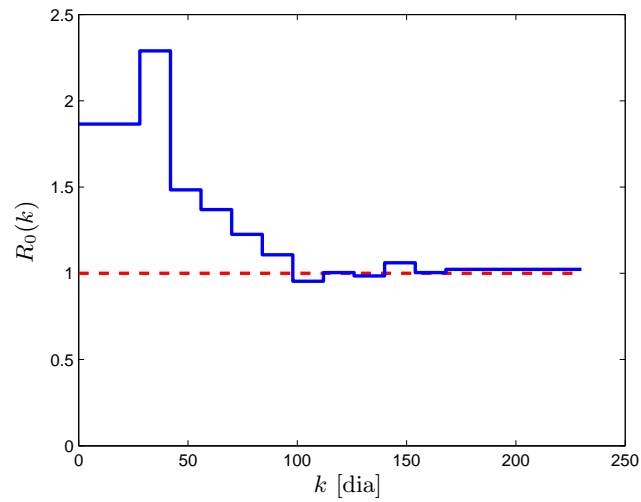


Figura 55: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 27: Até o dia 20/10/2020 - 238 dias epidemiológicos.

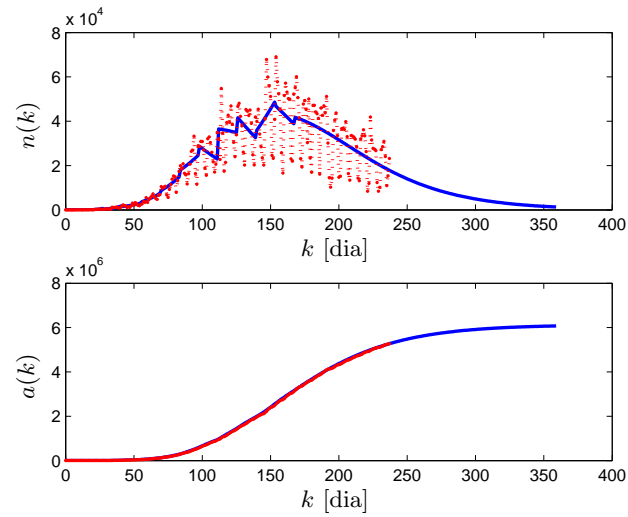


Figura 56: Estimação do número de novos infectados

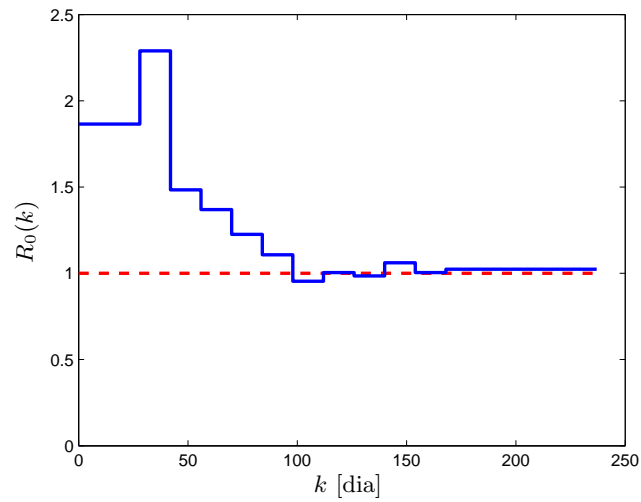


Figura 57: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 28: Até o dia 27/10/2020 - 245 dias epidemiológicos.

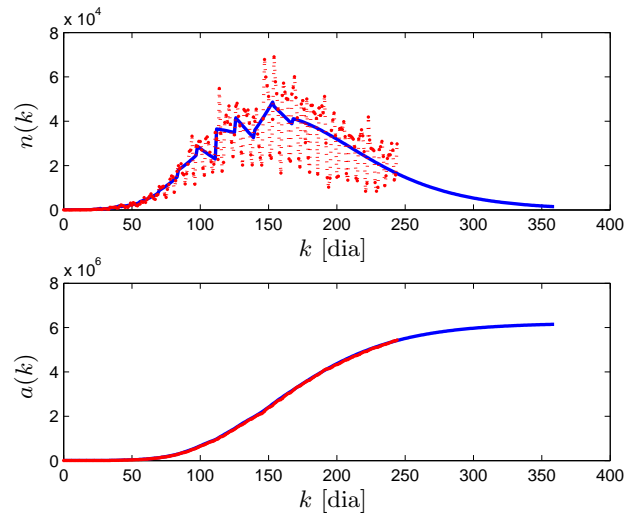


Figura 58: Estimação do número de novos infectados

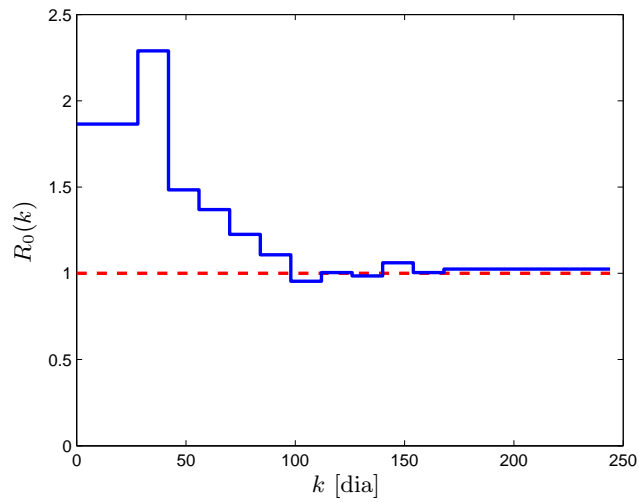


Figura 59: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 29: Até o dia 03/11/2020 - 252 dias epidemiológicos.

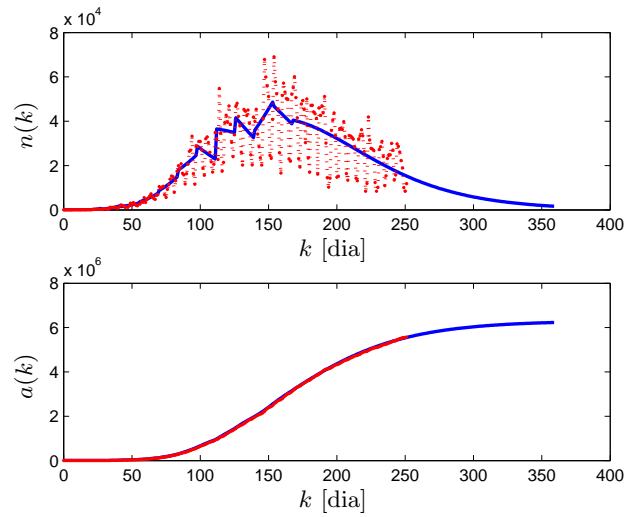


Figura 60: Estimação do número de novos infectados

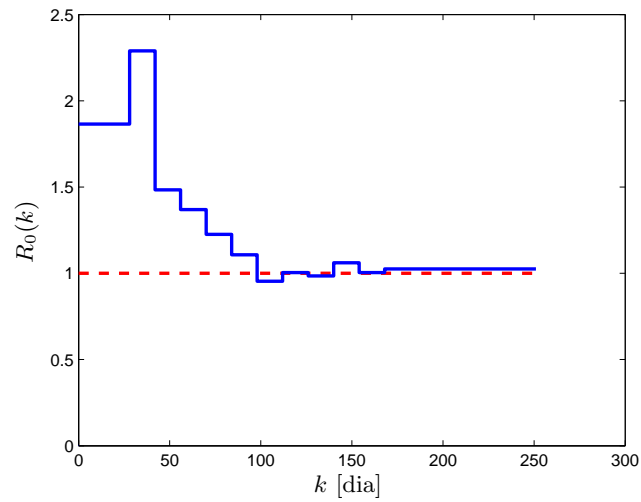


Figura 61: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 30: Até o dia 10/11/2020 - 259 dias epidemiológicos.

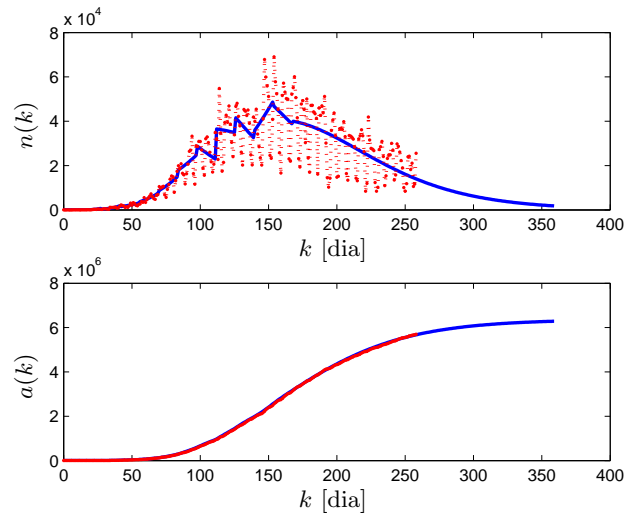


Figura 62: Estimação do número de novos infectados

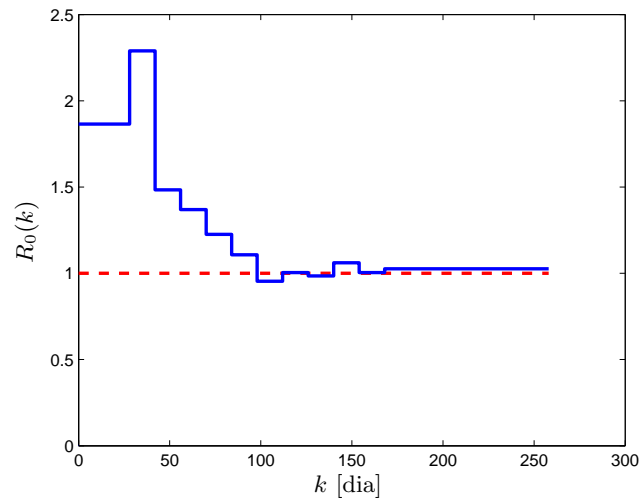


Figura 63: Estimação da taxa básica de reprodução

NOTA

No dia 05/11/2020 o Ministério da Saúde do Brasil deixou de publicar, através do site <https://covid.saude.gov.br/>, os dados atualizados da epidemia de coronavírus. Desde aquele dia estamos completando a série diária com os dados disponíveis no site <https://www.worldometers.info/coronavirus/>. Como os dados oficiais não são mais disponíveis desde a data mencionada, esta é a última semana que determinamos com o nosso modelo e publicamos, neste espaço, a evolução da doença que atinge o nosso país.

Deixamos aqui o nosso mais veemente protesto por mais este ato obscurantista praticado pelo Governo Federal do Brasil.

NOTA

O Ministério da Saúde do Brasil, através do site <https://covid.saude.gov.br/>, voltou a publicar diariamente os dados atualizados da epidemia de coronavírus. Desta forma, no dia 07/12/2020, foi possível restituir a série completa com os dados oficiais da epidemia que atinge o nosso país.

Por este motivo, e tendo em vista o seu agravamento observado nos últimos dias, voltamos a publicar, neste espaço, a evolução da doença determinada pelo nosso modelo.

Anexo 31: Até o dia 15/12/2020 - 294 dias epidemiológicos.

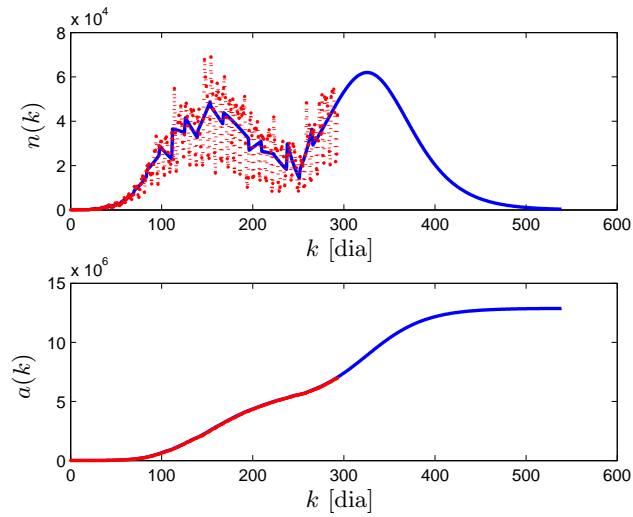


Figura 64: Estimação do número de novos infectados

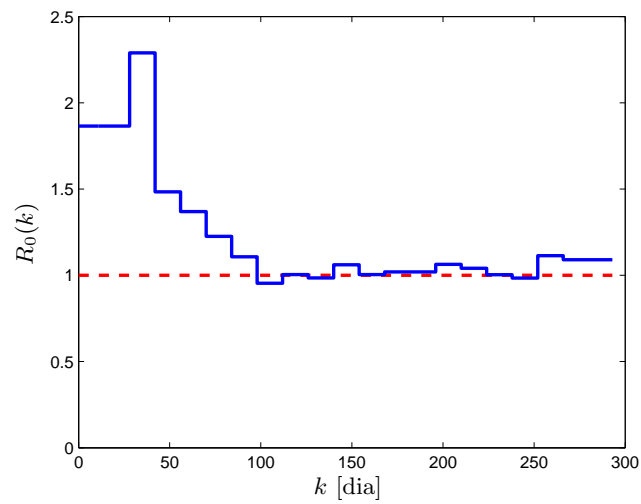


Figura 65: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 32: Até o dia 05/01/2021 - 315 dias epidemiológicos.

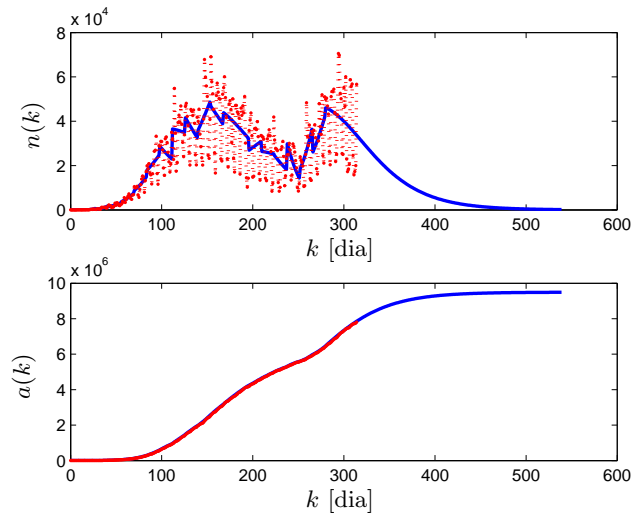


Figura 66: Estimação do número de novos infectados

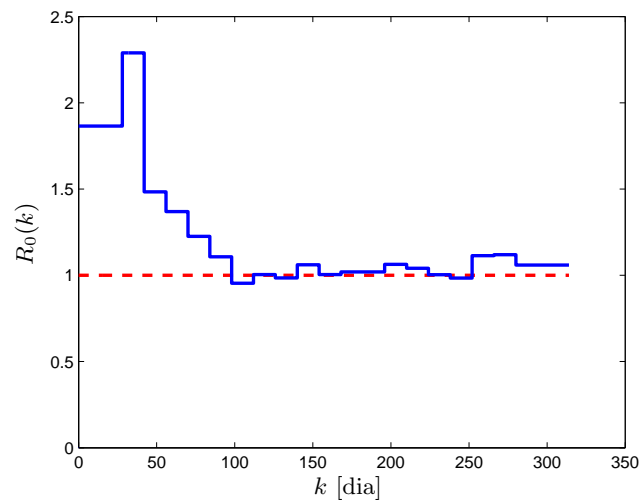


Figura 67: Estimação da taxa básica de reprodução

Anexo 33: Até o dia 02/02/2021 - 343 dias epidemiológicos.

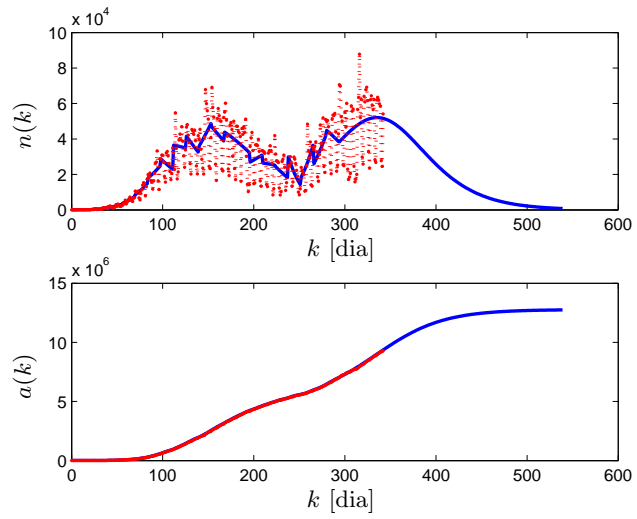


Figura 68: Estimação do número de novos infectados

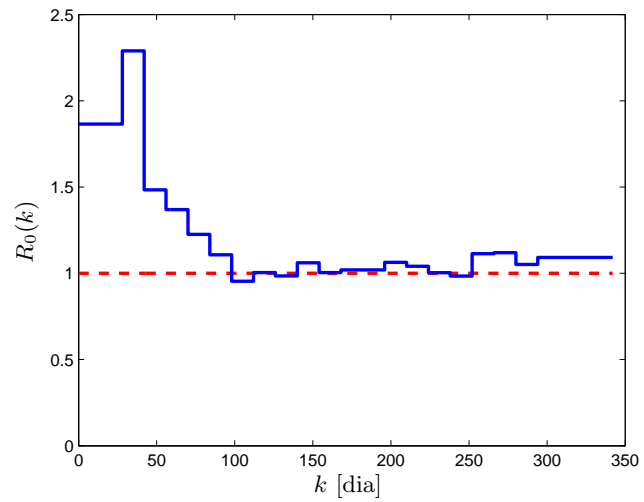


Figura 69: Estimação da taxa básica de reprodução