



Texto para Discussão 027 | 2022

Discussion Paper 027 | 2022

Estimando a evolução da pandemia no Brasil a partir de um modelo SIR modificado

Francisco Eduardo Pires de Souza

Professor do Instituto de Economia da Universidade Federal do Rio de Janeiro. Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6795-8633>

Marcelo Pereira Introini

Doutorando do Instituto de Economia da Universidade Federal do Rio de Janeiro. Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6878-7669>

This paper can be downloaded without charge from

<https://www.ie.ufrj.br/publicacoes-j/textos-para-discussao.html>

Estimando a evolução da pandemia no Brasil a partir de um modelo SIR modificado¹

Outubro, 2022

Francisco Eduardo Pires de Souza

Professor do Instituto de Economia da Universidade Federal do Rio de Janeiro. Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6795-8633>

Marcelo Pereira Introini

Doutorando do Instituto de Economia da Universidade Federal do Rio de Janeiro. Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6878-7669>

¹ Este artigo se beneficiou imensamente das ricas discussões empreendidas entre setembro de 2020 e setembro de 2022, no âmbito do grupo de pesquisa Macroeconomia da Pandemia, do Instituto de Economia da Universidade Federal do Rio de Janeiro (IE / UFRJ). Os autores agradecem, assim, à importante colaboração dos professores Antônio Licha e Margarida Gutierrez e dos alunos Vitória Hoff, Sofia Boccanera e André Coletti, eximindo-os, naturalmente, dos eventuais erros e omissões encontrados no texto.

Resumo

Este artigo apresenta o esforço de pesquisa realizado para desenvolver o modelo SIR adaptado ao Brasil, com base no tradicional modelo epidemiológico SIR. Em nossa versão, incorporamos os efeitos provocados pelo comportamento humano e pela ação governamental, a saber, a partir do decreto de lockdowns e medidas de isolamento social, tão bem quanto da distribuição de vacinas, sobre a evolução de casos e óbitos na pandemia de COVID-19 no Brasil, ao longo dos anos de 2020 e 2021. Dois foram os exercícios realizados. O primeiro deles fez uma análise *ex-post*, em que foi atestada a consistência do modelo ao calcular a taxa de transmissão do vírus como variável endógena e compará-la à evolução do comportamento da população. O segundo exercício empreendeu uma análise *ex-ante*, calculando, retroativamente, qual seria a quantidade de óbitos caso outros cenários relativos a medidas de isolamento social e à vacinação tivessem sido observados.

Palavras-chave: pandemia, modelo SIR, COVID-19

Abstract

This paper presents the development of the SIR model adapted to Brazil, based on the traditional SIR epidemiological model. In our version, we incorporate the effects caused by human behavior and governmental measures, namely lockdowns, social isolation policies, and vaccination on the evolution of cases and deaths for COVID-19 pandemic in Brazil, over the years 2020 and 2021. Two exercises were carried out. The first one was an *ex-post* analysis that confirmed the model consistency by calculating the virus transmission as an endogenous variable and comparing it to population behavior along the period. The second exercise was an *ex-ante* analysis, calculating, retroactively, the number of deaths if different scenarios for social isolation had been observed.

Keywords: Pandemic, SIR model, COVID-19

Introdução

Os primeiros estudos sobre a evolução provável da COVID-19 no mundo apontavam uma trajetória da pandemia muito diferente do que veio a ocorrer na realidade. Supunha-se uma curva ascendente de infecções bem mais íngreme, alcançando picos mais elevados a curto prazo, porém com uma duração substancialmente menor do que o posteriormente verificado. As projeções iniciais do Imperial College (2020), por exemplo, apontavam 40 milhões de óbitos no mundo, em decorrência da COVID-19, no cenário sem medidas de controle, e 20 milhões no cenário com mitigação (distanciamento social para toda a população), com a pandemia encerrando-se ainda em 2020. No Brasil, país para o qual os cenários do Imperial College (2020) apontavam 1,1 milhão de óbitos no cenário sem mitigação e 576 mil no cenário com distanciamento social², o Ministério da Saúde previa uma evolução mais dramática a curto prazo, porém muitíssimo mais curta do que a realidade mostraria. Logo no início da COVID-19 no Brasil, as previsões para o fim da epidemia iam do final de abril até (para os mais pessimistas) setembro de 2020.

O principal problema dos enormes erros daquelas projeções iniciais não estava propriamente no modelo epidemiológico básico utilizado, mas em algumas hipóteses simplificadoras que, embora convenientes para o entendimento da natureza e evolução de uma epidemia, geram curvas evolutivas que não representam o caminho de uma epidemia no mundo real. Basicamente, hipóteses sobre a estabilidade do comportamento dos indivíduos, dos vírus e das políticas governamentais distanciam a evolução hipotética prevista pelo modelo da observada no mundo real. Essa distância entre modelo e realidade ocorre principalmente para epidemias no mundo atual, quando o nível e rapidez das informações são muito elevados – afetando o comportamento das pessoas – e as políticas governamentais, sanitárias e não sanitárias, bastante ativas.

² O estudo do Imperial College COVID-19 Response Team (2020) errou muito mais na trajetória da pandemia no tempo do que no número total de mortos. O levantamento diário feito pela revista *The Economist* (2021), com base no critério de mortes excedentes, apontava um total de 20 milhões de óbitos no mundo no início de abril de 2022. Os números acumulados da pandemia no Brasil também não deverão divergir substancialmente daquela estimativa feita em março de 2020.

Quando se pensa nos impactos econômicos de uma pandemia há uma grande diferença entre o padrão evolutivo implícito no modelo SIR (um fenômeno mais devastador, porém de curta duração) e uma trajetória com picos mais baixos, porém com repetidas ondas e um período total bem mais longo.

Por isso mesmo, muitos modelos têm sido construídos para dar conta da interação da epidemia com as reações de indivíduos e governos (por exemplo, ARROYO-MARIOLI *et al.*, 2021). Neste trabalho utilizamos um modelo SIR modificado para calcular alguns parâmetros do modelo a partir dos dados disponíveis para pandemia no Brasil (modelo *ex-post*) e também para avaliar, retroativamente, quais seriam os resultados em termos de evolução da pandemia caso alguns destes parâmetros tivessem se comportado de forma diferente da observada (modelo *ex-ante*). Nosso banco de dados, bem como nossa planilha de cálculo estão disponíveis no endereço <https://www.ie.ufrj.br/images/IE/grupos/gce/2022/TD2022/ModeloSIRBrasil.xlsx> para que possam ser utilizados por todos aqueles que quiserem replicar os exercícios de simulação ou fazer novos desenvolvimentos analíticos a partir do modelo.

Além desta introdução, este artigo está organizado em duas grandes seções, compostas por subseções menores. A seção 1 faz uma breve recapitulação do modelo SIR, chamando a atenção para alguns elementos importantes na construção de uma versão mais adaptada à realidade. Em sua primeira subseção, faz-se uma apresentação da estrutura do modelo. Em seguida, indica-se a forma de introduzir a vacinação, como elemento de contenção da pandemia. Por fim, a terceira subseção discute a disponibilidade de estatísticas para a COVID-19.

A seção 2 apresenta o modelo SIR modificado para o Brasil, discutindo as variáveis empregadas, as fontes de dados disponíveis e as hipóteses construídas para projeção mais realista da epidemia. Na primeira subseção, o leitor tem acesso a uma síntese da construção do modelo. A subseção 2 exhibe as adaptações realizadas a partir do modelo SIR original e a estrutura-base do novo modelo. A subseção 3 apresenta a versão *ex-post* do modelo adaptado e seus resultados, enquanto a subseção 4 faz o mesmo para a versão *ex-ante*. A quinta subseção explica ao leitor como usar a planilha e manejar o modelo de acordo com suas hipóteses. A última subseção alerta às limitações metodológicas do modelo.

1 O Modelo SIR

1.1 Apresentação

O modelo básico mais conhecido para a simulação da evolução de uma epidemia é o modelo SIR (SMITH; MOORE, 2004; COLLINS; ABDELAL, 2020). Nele, a evolução de uma doença contagiosa é concebida supondo que os comportamentos humanos não se alteram e não há intervenções externas, de políticas governamentais, de forma que início, auge e declínio da epidemia se dão de forma espontânea, endógena, “sem atritos”.

Numa descrição simplificada, a introdução de um patógeno contagioso numa população sem nenhuma imunidade ao agente infeccioso (“pessoas suscetíveis” ao contágio) leva a um rápido processo de propagação da doença, que evolui inicialmente em progressão geométrica, mas começa a desacelerar a partir de certo ponto, pelo aumento do número daqueles que contraíram a doença e se tornaram imunes. O processo de desaceleração do contágio segue até que se atinge um pico de pessoas infectadas e, a partir daí, ocorre uma rápida desaceleração da epidemia até o seu fim.

Com o objetivo de modelar o processo de evolução da epidemia no modelo SIR, a população é dividida em 3 grupos: Suscetíveis, Infectados e Removidos (daí a sigla SIR). Em algumas versões do modelo, em vez de “Removidos” (que inclui tanto os recuperados definitivamente como os que morrem) o ‘R’ é referido como notação para “Recuperados” (que param de transmitir, podendo recuperar-se definitivamente ou acabar morrendo). Cada suscetível que contrai o vírus, torna-se uma pessoa infectada (passa da categoria S para a I) e, quando se recupera (ou morre) transita para a categoria dos recuperados (R). Há, portanto, um fluxo unidirecional de ‘S’ para ‘I’ e, finalmente, para ‘R’.

Analiticamente podemos descrever o modelo começando pela decomposição da população (POP) nas três classes acima:

$$POP = S + I + R \quad (1)$$

, sendo ‘S’ o estoque de suscetíveis, ‘I’ o estoque de infectados e ‘R’ o estoque de removidos, em termos absolutos.

Ou, denominando as variáveis como proporção da população (POP) com letras minúsculas:

$$1 = s + i + r \quad (2)$$

Para fins de simplificação, a população é considerada constante durante o período da epidemia, o que não é uma hipótese muito forçada se o período for relativamente curto. Os seus componentes variam com o tempo, exibindo o seguinte comportamento:

- a) a fração da população suscetível, $s = s_t$, diminui continuamente ao longo do tempo, à medida em que suscetíveis se tornam infectados; supondo, para simplificar, ausência de nascimentos e de imigração, ninguém é adicionado a 'S';
- b) a população infectada, $i = i_t$, inicialmente aumenta com o tempo, à medida em que suscetíveis contraem a doença; depois diminui, à medida em que os infectados se recuperam ou morrem (sendo removidos da categoria de infectados);
- c) por fim, a população removida, $r = r_t$, aumenta continuamente no tempo, à medida em que os infectados se recuperam e param de transmitir a doença.

As derivadas das variáveis acima em relação ao tempo nos fornecem as 3 equações básicas do modelo:

- A equação dos suscetíveis:

$$\frac{ds}{dt} = -b * s_t * i_t \quad (3)$$

- A equação dos recuperados:

$$\frac{dr}{dt} = k * i_t \quad (4)$$

- A equação dos infectados:

$$\frac{di}{dt} = b * s_t * i_t - k * i_t \quad (5)$$

Para entender a primeira das equações (3), considere a variação, por unidade de tempo, do número absoluto de suscetíveis:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{dI}{dt} \quad (6)$$

Por sua vez, o aumento do número *absoluto* de infectados por unidade de tempo é:

$$\frac{dI}{dt} = b * \frac{S}{P} * I \quad (7)$$

Ou, de forma equivalente,

$$\frac{dI}{dt} = b * s * I \quad (8)$$

onde ‘b’ é a taxa de transmissão (risco de transmissão * número médio de contatos) e ‘s’ é a proporção de suscetíveis na população, isto é, a proporção de contatos com suscetíveis.

Ou seja, o aumento do número de infectados é igual ao número de pessoas que estão transmitindo a doença (os infecciosos, I) por ‘b * s’. Para entender este multiplicador, note que, se o risco de transmissão no contato entre um infectado e um suscetível for de 0,5 e o número de contatos do infectado por unidade de tempo for igual a 6, a taxa de transmissão ‘b’ (isto é, o número de pessoas suscetíveis para quem uma pessoa infecciosa transmite a doença por unidade de tempo) resultará em 3. Porém, nem todos os contatos são com pessoas suscetíveis, de forma que o número de contaminados dependerá da fração dos contatos que é realizado com suscetíveis. Supondo que esta fração é igual à fração dos suscetíveis na população (s), é preciso multiplicar o número de contatos por ‘s’ para se chegar aos contatos que poderão adquirir a doença. Se, no nosso exemplo, a proporção dos suscetíveis for 33%, cada infectado transmitirá a doença para 1 pessoa por unidade de tempo ($b * s = 3 * 0,33 = 1$).

Substituindo (7) em (6) e dividindo os dois lados da equação por ‘POP’, tem-se, então:

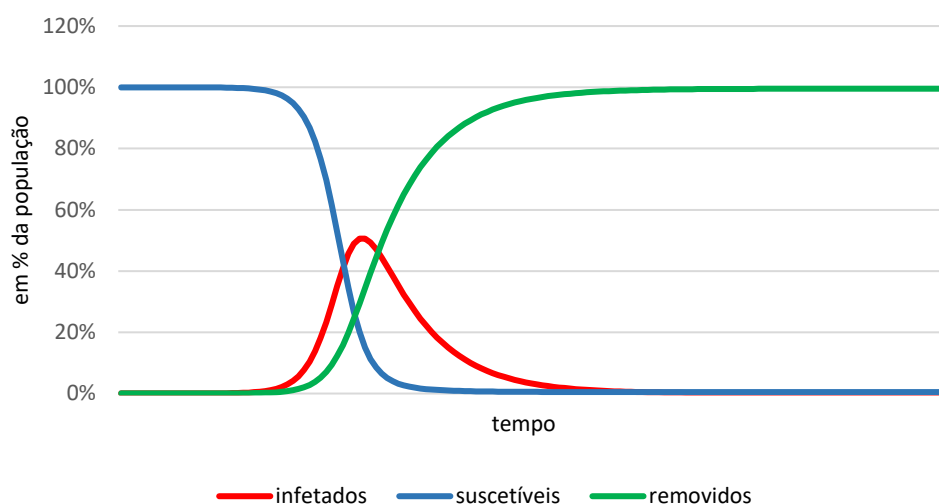
$$\frac{dS}{dt} = -b * s_t * i_t \quad (9)$$

O número de (novos) recuperados (4) corresponde à parcela dos infectados que se cura (ou morre). Considerando que o número de unidades de tempo requerido para a

recuperação (ou morte) de cada infectado seja $1/k$, a cada unidade de tempo teremos ' $k * i_t$ ' novos recuperados (como fração da população). Podemos chamar ' k ' de taxa de recuperação. Por fim, o aumento do número de infectados na população, a cada unidade de tempo (5), será igual ao número de novos infectados ($b * s * i$) menos o número de novos recuperados ($k * i$).

A partir das equações acima, a evolução da epidemia no tempo, medida pela fração de infectados na população, apresentará um aspecto de sino, como na Figura 1 abaixo. Por outro lado, as curvas representativas das frações dos suscetíveis e recuperados mostrarão trajetórias opostas, começando com toda a população suscetível (e nenhum recuperado) no início da epidemia e o inverso no seu final.

Figura 1: Evolução das parcelas de infectados, suscetíveis e recuperados na população- modelo SIR



Fonte: elaboração pelos autores.

Sabemos, entretanto, que a evolução de uma epidemia no mundo real, não se dá exatamente como no modelo SIR representado no gráfico acima. Em vez de uma subida meteórica no número de infectados, seguida de um colapso e fim da epidemia, pode-se

observar a existência de várias ondas, como foi o caso com a COVID-19. Para entender a razão destas ondas vamos recorrer a dois conceitos importantes da epidemiologia: o número de reprodução e a imunidade de rebanho.

Já vimos que uma pessoa infectada transmite a doença para ‘ $b * s$ ’ pessoas por unidade de tempo, sendo ‘ s ’ o percentual de suscetíveis na população e ‘ b ’ a taxa de transmissão por unidade de tempo. Como uma pessoa fica no estágio contagioso por muitos dias, podemos concluir que, ao todo, ela transmitirá a doença para ‘ $b * s * 1/k$ ’ indivíduos³. Esta é a noção de número efetivo de reprodução (R_t)⁴ que pode ser então expressa como:

$$R_t = \frac{b}{k} * s_t \quad (10)$$

Quando uma epidemia está se iniciando, o número de reprodução no “tempo zero”, quando toda a população é suscetível ($s_0 = 1$) é conhecido como número básico de reprodução (R_0) ou:

$$R_0 = \frac{b}{k} * s_0 = \frac{b}{k} \quad (11)$$

Uma epidemia atinge o seu auge, no modelo SIR, quando $R_t = 1$, ou seja, quando cada infectado transmite a doença para apenas uma pessoa, durante todo o período infeccioso. Daí para frente, como a fração dos suscetíveis na população vai caindo, ‘ R_t ’ se torna menor do que 1 e vai regredindo até o final da epidemia, quando ‘ s_t ’ se aproxima de zero e cada infectado não encontra novos suscetíveis para transmitir a doença.

O ponto de máximo da curva de infectados, representado por $R_t = 1$ é denominado de *limiar de imunidade de rebanho*. Isto porque, a partir deste ponto há, na população, um número de pessoas imunes suficiente para começar a barrar o contágio, colocando-o em trajetória de declínio (LACERDA; CHAIMOVICH, 2020). O limiar de imunidade de rebanho (LIR) é normalmente calculado como a parcela da população que precisa estar

³ Onde $1/k$, como vimos, é o número de unidades de tempo (número de dias, se a unidade for o dia) em que o doente permanece no estágio contagioso.

⁴ Sobre o número de reprodução efetivo e básico ver Aronson J.K., Brassey, J., and Mahtani, K.R. (2020) e Imperial College (2020).

imune (não suscetível) para que $R_t = 1$. Partindo de (10) temos que o limiar de imunidade de rebanho é alcançado quando:

$$\frac{b}{k} * s_t = 1 \quad (12)$$

Ou seja, quando:

$$s_t = \frac{k}{b} \quad (13)$$

Neste ponto, a fração da população não suscetível (portanto imune) é:

$$n_{s_t, lir} = 1 - s_{t, lir} \quad (14)$$

onde ‘ $n_{s_t, lir}$ ’ e ‘ $n_{t, lir}$ ’ são, respectivamente, os percentuais não suscetível e suscetível da população quando o limite de imunidade de rebanho é alcançado.

Substituindo (13) em (14), temos que o limite de imunidade de rebanho (LIR) é alcançado quando:

$$n_{s_t, lir} = 1 - \frac{k}{b} = 1 - \frac{1}{R_0} \quad (15)$$

Na ausência de vacinas, de medidas governamentais de distanciamento social e de medidas de autoproteção, induzidas por imposição governamental ou pelo medo do contágio, a epidemia tenderia a se desenvolver de acordo com o modelo SIR. Ou seja, o número de infectados subiria muito rapidamente até atingir um pico (o LIR) e depois declinaria também rapidamente até a extinção da epidemia. Cabe reforçar aqui que o declínio seria causado exclusivamente pelo aumento do número de imunes, funcionando como uma barreira cada vez mais alta à propagação da doença. Ou seja, a única possibilidade de surgirem novas ondas estaria associada ao surgimento de novas variantes que rompessem a imunidade conferida pela infecção prévia.

No mundo real, e sobretudo na atualidade, o comportamento de governos e indivíduos leva a um padrão de evolução de uma epidemia na forma de ondas sucessivas. Primeiramente, a onda inicial de uma epidemia (ou pandemia, como a COVID-19) reverte-se muito antes de alcançada a imunidade de rebanho. A ascensão do número de

casos e de vítimas fatais, num ambiente em que medidas governamentais de isolamento social são factíveis e em que o grau de informação sobre a epidemia é muito elevado e disseminado, produz um comportamento de proteção coletiva e de autoproteção que provoca aquela reversão “prematura” da curva de infectados. Entretanto, quando diante da melhoria nos indicadores da pandemia, o isolamento social e as medidas de proteção vão sendo relaxados, num ambiente em que ainda há um número excessivo de suscetíveis, a curva ascendente da epidemia retorna, caracterizando uma nova onda. A pressão econômica, derivada dos custos públicos e privados do isolamento social tende a apressar o relaxamento e o início de uma nova onda. Simplificando, pode-se pensar nas ondas como o resultado das forças opostas e alternadas da pressão sanitária e da pressão econômica.

Nas alternâncias acima descritas, a variável que muda a direção da curva não é, ao contrário do modelo SIR, a variação no número de suscetíveis, e sim a mudança no coeficiente ‘b’, a taxa de transmissão. Esta muda, na descrição acima, por causa de mudanças no comportamento das pessoas. Porém, sobretudo à luz da pandemia da COVID-19, há que se ter em conta a importância de um outro fator fundamental nas mudanças ocorridas em ‘b’, que é o surgimento de novas variantes. Em certo sentido, o próprio prolongamento da pandemia contribui para este surgimento de variantes que, sendo mais contagiosas, aumentam o valor do coeficiente ‘b’, o que eleva ‘ R_t ’ (vide equação 10), podendo levar a epidemia a uma nova fase de ascensão.

1.2 Introduzindo a vacinação no modelo SIR

Até aqui tratamos do conceito de imunidade de rebanho, como algo associado apenas à imunidade adquirida por meio “natural”, isto é, quando uma pessoa só se torna imune ao contrair a infecção. Mas há outro método para adquirir a imunidade, que é a vacina. E com a rapidez com que foram desenvolvidas vacinas a partir da pandemia da COVID-19, a vacinação modifica substancialmente a evolução da pandemia prevista pelo modelo SIR. Ou seja, o modelo precisa ser modificado de forma que o número de suscetíveis diminua não apenas pela infecção, mas também pela vacinação, o que será feito através de método exposto na seção 2. Nesta seção faremos tão somente uma breve exposição

sobre o conceito de eficácia de uma vacina (e como mensurá-la) e suas implicações para o cálculo do limiar da imunidade de rebanho. O conceito de “eficácia” se refere a resultados obtidos em ensaios clínicos, diferindo de resultados obtidos em experimentos naturais com a população (referidos como “eficiência” da vacina).

A eficácia de uma vacina é calculada mediante a realização de experimentos controlados do tipo RCT (*randomized controlled trials*). Os participantes de experimentos RCT são escolhidos de forma aleatória, para controlar a influência dos fatores externos (que não estão sendo testados). Aplica-se o tratamento (no caso, a vacina) a um grupo de participantes (grupo de tratamento) e placebo ao outro grupo (grupo de controle). Então compara-se o resultado dos dois grupos.

Suponha que num ensaio clínico o número de participantes que tomaram a vacina é igual ao número dos que tomaram o placebo. Suponha ainda que, entre os vacinados, o número de pessoas que contraiu a doença foi ‘v’. E que entre os que tomaram placebo, o número dos que contraíram a doença foi ‘p’. O resultado significa que, se o grupo de tratamento não tivesse sido tratado com a vacina, ocorreriam ‘p’ casos da doença neste grupo. Ou seja, que ‘p – v’ indivíduos deixaram de contrair a doença por causa da vacina.

A eficácia da vacina (E) é calculada, então, como o número de pessoas que foram poupadas da doença pela vacina (p - v) relativamente ao número de pessoas que contrairiam a doença na ausência da vacina (p). Denominando por ‘E’ a eficácia, podemos escrever, então, que:

$$E = \frac{p-v}{p} = 1 - \frac{v}{p} \quad (16)$$

Caso o número de pessoas que tomou a vacina (V) e o número de pessoas que tomou o placebo (P) tenham sido diferentes, é preciso calcular a eficácia não pelo número absoluto dos que foram infectados tendo tomado vacina e placebo, mas pelo número relativo de cada caso. A fórmula geral fica sendo, então:

$$E = 1 - \frac{\frac{v}{V}}{\frac{p}{P}} = 1 - \frac{v}{p} * \frac{P}{V} \quad (17)$$

Para exemplificar as implicações da eficácia da vacina, suponhamos que a imunidade seja adquirida apenas com a vacinação. Suponhamos ainda os seguintes valores para as variáveis que determinam a eficácia da vacina: $v = 0,1$; $p = 0,5$.

Neste caso a eficácia da vacina seria: $E = 1 - 0,1/0,5 = 1 - 0,2 = 80\%$.

Suponhamos ainda que ' $k = 0,08$ ' e ' $b = 0,2$ ', de forma que o limiar de imunidade de rebanho seria: $LIR = 1 - k/b = 0,6$. Isso significa que seria necessário ter 60% da população imune para que a epidemia começasse a entrar em declínio. Mas, como a eficácia da vacina é de 80%, a cobertura vacinal requerida para alcançar o limite da imunidade de rebanho seria equivalente a:

$$\text{Cobertura vacinal requerida} = \frac{LIR}{0,8} = \frac{0,6}{0,8} = 75\% \quad (18)$$

Se uma variante mais infecciosa levasse ' b ' para 0,4, o limiar de imunidade de rebanho subiria para 0,8 e a cobertura vacinal requerida chegaria a 100% da população. Ou seja, para variantes ainda mais contagiosas, cuja taxa de transmissão fosse superior a 0,4, o limiar de imunidade de rebanho poderia se tornar inalcançável.

1.3 As variáveis do modelo SIR e as variáveis disponíveis nas estatísticas da COVID-19

Antes de passar para o modelo SIR adaptado e sua aplicação ao caso brasileiro, cabe fazer uma brevíssima advertência com respeito ao uso das informações estatísticas disponíveis e o seu emprego na avaliação de um modelo SIR, ainda que modificado.

Na apresentação do modelo SIR feita acima, as variáveis principais utilizadas foram as frações suscetível, infectada e recuperada da população. No entanto, as estatísticas disponíveis sobre a pandemia da COVID-19, inclusive as Ministério da Saúde do Brasil, compreendem as variáveis “novos casos”, “novos óbitos” e “recuperados”.

A principal dificuldade na adaptação dos dados disponíveis ao modelo está na variável infectados, que não é uma variável registrada nas estatísticas. Os dados de novos casos

não correspondem ao de infectados (a rigor, pessoas no período infeccioso) por dois motivos: primeiramente porque os infectados ficam nesta situação por cerca de 10 dias, portanto não correspondem aos novos casos de infecção do dia; e em segundo lugar, porque os novos casos se referem apenas aos indivíduos que testaram positivo para a COVID-19, enquanto uma parcela grande dos que foram infectados não se submeteram ao teste, de forma que há uma grande subestimativa dos casos efetivamente ocorridos. Por esta razão, neste trabalho o número de infectados foi estimado através de um método indireto, especificado na seção a seguir.

Além disso, ainda com o objetivo de conciliar os dados divulgados com as variáveis do modelo, cabe notar que a variável “recuperados” ou “removidos” do modelo SIR é composta tanto por aqueles que se recuperaram da COVID-19 em determinado dia, como também por aqueles que foram a óbito.

O fato de que a variável ‘infectados’ não pode ser observada nos levou a construir, como se explica a seguir, o modelo em duas etapas. Na primeira, que chamamos modelo *ex-post*, o número de infectados é estimado a partir do número de óbitos; e a taxa de transmissão a partir do número de infectados. Na segunda, quando se quer projetar o número de óbitos, o número de infectados não pode ser inferido a partir desta primeira variável, tendo que ser estimado através de uma taxa de transmissão exogenamente imputada.

2 Modelo SIR modificado para o Brasil

2.1 Resumo

O modelo SIR adaptado ao Brasil foi construído em duas versões para analisar a evolução da pandemia no país. A primeira delas é a versão *ex-post*, que calcula, a partir dos dados observados de óbitos diários e de vacinação, a taxa de transmissão do vírus causador da COVID-19 como variável endógena, comparando-a com indicadores que servem como *proxies* para o isolamento da população ao longo dos anos de 2020 e 2021. Esta análise é

capaz de verificar a consistência e adequação do modelo para tentar prever cenários da pandemia.

A segunda versão foi chamada de *ex-ante* e tem o intuito de observar quais seriam os cenários da pandemia caso os elementos que interferem na propagação do vírus e na quantidade de casos e mortes tivessem se comportado de maneira distinta da observada. Num primeiro período, esta versão calcula a taxa de transmissão a partir de dados reais de óbitos causados pela doença (como no modelo *ex-post*), passando, a partir de determinada data, a imputar taxas de transmissão (exógenas) do agente patogênico e a velocidade de vacinação, de modo a inferir as ondas de casos e óbitos que ocorreriam dali em diante, em diferentes cenários de transmissibilidade do vírus. Este artigo disponibiliza, em <https://www.ie.ufrj.br/images/IE/grupos/gce/2022/TD2022/ModeloSIRBrasil.xlsx>, uma planilha desenvolvida no software Excel, na qual o leitor poderá manejar as variáveis e produzir diferentes cenários de evolução da pandemia. O leitor que estiver exclusivamente interessado em preencher as variáveis com suas próprias hipóteses e visualizar os cenários pandêmicos gerados a partir delas poderá dirigir-se diretamente à subseção 2.5 - “Como usar a planilha e manejar o modelo”. Aqueles interessados também em compreender a interação entre variáveis e as especificidades das engrenagens construídas para as versões *ex-post* e *ex-ante* são contemplados também pelas subseções 2.2, 2.3 e 2.4 – respectivamente, “Adaptações e estrutura-base”, “Versão *ex-post* do modelo” e “Versão *ex-ante* do modelo”. A última seção apresenta as limitações metodológicas do modelo que, embora não devam ser negligenciadas, deixaram de ser resolvidas para que este exercício de modelagem não se tornasse demasiadamente complexo ou disfuncional.

2.2 Adaptações e estrutura-base

Três modificações foram operadas para que o modelo SIR original pudesse servir de base para a projeção de cenários de evolução da pandemia no Brasil. Primeiramente, transformou-se as variáveis envolvidas em variáveis discretas de base diária, calculadas a partir do dia 25 de fevereiro de 2020. A segunda adaptação consistiu na inclusão da vacinação como uma das formas de aquisição de imunidade. Nos termos do modelo SIR, isto significa que um indivíduo vacinado seria transferido do grupo de suscetíveis para o grupo de removidos, assim como aqueles que se recuperaram ou morreram em

decorrência da doença. As diferentes vacinas aplicadas no Brasil tiveram tratamentos diferentes pelo modelo, haja vista suas distintas características em relação à quantidade de doses prevista no esquema vacinal e aos seus graus de efetividade. Por fim, construiu-se uma desagregação para a variável “taxa de transmissão diária” (b), que se tornou produto de dois fatores: i) a infectividade do vírus⁵, potencialmente diferente para cada uma das variantes que passaram a predominar entre a população brasileira; e ii) o grau de isolamento da população, atrelado à quantidade de contatos que cada pessoa infectada estabelece por dia. Ou seja, a taxa de transmissão foi definida enquanto resultado da interrelação entre o “comportamento do vírus” e o “comportamento humano”.

Esta subseção se incumbirá de apresentar a estrutura-base para o modelo SIR adaptado ao Brasil. Para compreender a interação completa entre as variáveis o leitor deverá, no entanto, consultar as subseções seguintes, já que o modelo em questão foi construído em duas versões que diferem quanto algumas de suas engrenagens. De todo modo, a lógica por trás das duas versões é a mesma e é idêntica àquela presente no modelo SIR original. A velocidade de disseminação do agente patogênico implicará ondas de casos e, de acordo com a taxa de mortalidade da doença, de óbitos. A propagação viral encontra, no entanto, dois obstáculos, os quais reduzem a população suscetível ao contágio – as próprias mortes e a imunização, seja pela aquisição de anticorpos após a infecção, seja pela vacinação, elemento incorporado no modelo adaptado ao Brasil.

A estrutura do modelo é construída, assim, com base em uma população que transita entre três grupos: os estoques de pessoas suscetíveis (s), de pessoas infectadas (i) e de pessoas removidas (r). O estoque de suscetíveis (s) corresponde àqueles que ainda estão vulneráveis à infecção por não possuírem anticorpos contra o vírus. Ele começa com 100% da população e, no caso do modelo SIR adaptado ao Brasil, diminui gradativamente à medida que uma quantidade maior de pessoas adquire anticorpos mediante a recuperação da doença ou a vacinação, ou morre pela infecção. O estoque de infectados (i) inicia-se com 0% da população, antes da confirmação oficial do primeiro caso de COVID-19 no Brasil (GOVERNO FEDERAL DO BRASIL, 2020). Ele aumenta

⁵ A infectividade pode ser definida como a capacidade do agente infeccioso de poder alojar-se e multiplicar-se dentro de um hospedeiro (OPAS, 2010).

conforme o vírus se espalha e diminui conforme pessoas se recuperam da doença. O estoque de removidos (r) corresponde às pessoas que não estão infectadas ou que não podem mais se contaminar, começando com 0% da população e aumentando sua participação conforme suscetíveis são vacinados e indivíduos infectados se recuperam ou morrem.

Como se pode notar, os estoques são alimentados ou esvaziados a partir da combinação de variáveis de fluxo. São elas: novos infectados (ni), isto é, indivíduos que diariamente contraem o vírus; novos recuperados (nr), que correspondem às pessoas que se recuperam da COVID-19 a cada dia; novos imunizados por vacinação, que se dividem em novos imunizados com 1ª (imu_1) e 2ª (imu_2) doses ou com a dose de reforço (imu_3); e novos óbitos (no), que indicam as mortes ocorridas a cada dia em função da doença.

As combinações entre estes fluxos resultam em três variáveis que expressam a variação dos três estoques existentes no modelo. Em outras palavras, as pessoas que se infectaram, que se recuperaram da doença, que se vacinaram e que vieram a óbito combinam-se diariamente para gerar efeitos sobre a quantidade acumulada de indivíduos suscetíveis, infectados e removidos. Os saldos diários que alimentam os estoques são expressos algebricamente por:

$$\frac{ds}{dt} = -ni - imu_1 - imu_2 - imu_3 \quad (19)$$

$$\frac{di}{dt} = ni - nr - no \quad (20)$$

$$\frac{dr}{dt} = nr + imu_1 + imu_2 + imu_3 + no \quad (21)$$

, sendo $\left(\frac{ds}{dt}\right)$ a variação de suscetíveis; $\left(\frac{di}{dt}\right)$ a variação de infectados; $\left(\frac{dr}{dt}\right)$ a variação de removidos; ‘ ni ’ a quantidade de novos infectados; imu_1 , imu_2 e imu_3 a quantidade de novos imunizados com primeira e segunda dose, e com a dose de reforço, respectivamente; nr os novos recuperados da doença; e no os novos óbitos.

Os estoques de suscetíveis (s) e infectados (i), por sua vez, são definidos como:

$$s_t = s_{t-1} + \frac{ds}{dt}_t \quad (22)$$

$$i_t = i_{t-1} + \frac{di}{dt_t} \quad (23)$$

, sendo s_t o estoque de suscetíveis num dia t ; e i_t o estoque de infectados num dia t .

Quanto ao estoque de removidos (r) a expressão algébrica faz um desmembramento entre os subgrupos somados, tal que:

$$r_t = r1_t + r2_t + r3_t + r4_t + r5_t \quad (24)$$

, sendo r_t o estoque de removidos até um dia t ; $r1_t$ o estoque de recuperados até um dia t ; $r2_t$ o estoque de imunizados com 1ª dose até um dia t ; $r3_t$ o estoque de imunizados com 2ª dose até um dia t ; $r4_t$ o estoque de imunizados com dose de reforço até um dia t ; e $r5_t$ os óbitos acumulados até um dia t .

Estes subgrupos são definidos algebricamente por:

$$r1_t = r1_{t-1} + nr_t \quad (25)$$

$$r2_t = r2_{t-1} + imu_{1,t} \quad (26)$$

$$r3_t = r3_{t-1} + imu_{2,t} \quad (27)$$

$$r4_t = r4_{t-1} + imu_{3,t} \quad (28)$$

$$r5_t = r5_{t-1} + no_t \quad (29)$$

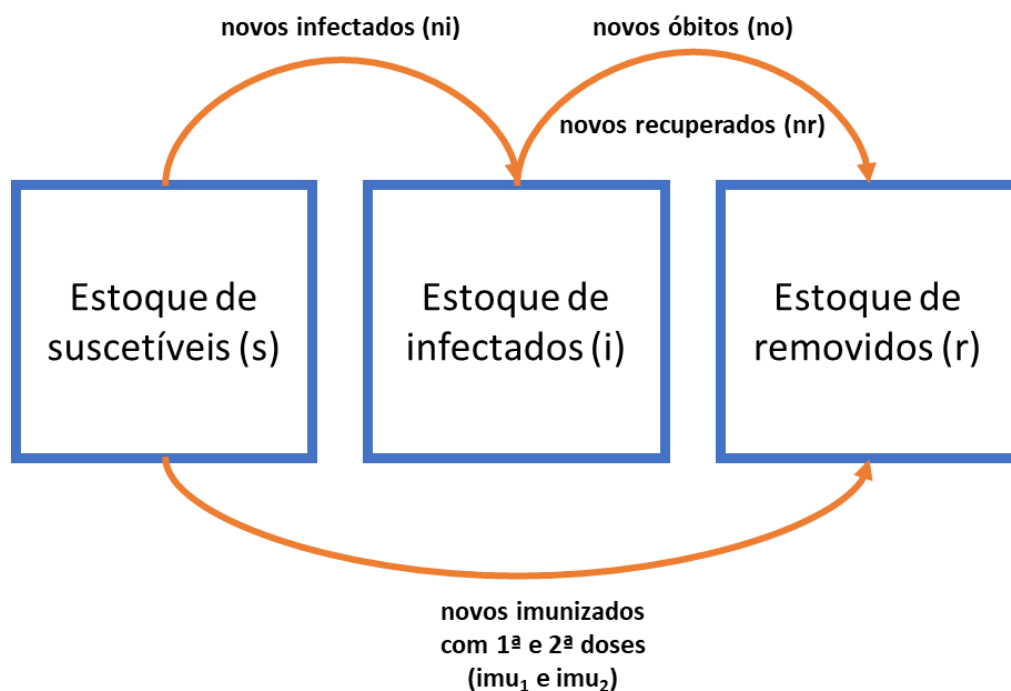
, sendo nr_t a quantidade de novos recuperados num dia t ; $imu_{1,t}$, $imu_{2,t}$ e $imu_{3,t}$ a quantidade de novos imunizados com primeira e segunda dose, e com a dose de reforço, respectivamente, num dia t ; e no_t os novos óbitos pela doença num dia t .

Destaca-se que, dentre as pressuposições do modelo está o de que uma pessoa que se recupera da COVID-19 adquire anticorpos suficientes para evitar uma nova contaminação, ao menos durante o período contemplado por esta pesquisa. Esta parece ser uma hipótese forte, dado que casos de reinfecção foram relatados ao longo da

pandemia. Uma vez que o modelo foi elaborado para o período que termina antes da eclosão da onda de *ômicron* no Brasil, tal pressuposto parece não comprometer a análise, no entanto, já que não há evidências de que casos de reinfeção tenham sido tão frequentes até então, desde a circulação da variante *alfa* (KOJIMA; KLAUSNER, 2021).

A Figura 2 apresenta a relação estabelecida pelo modelo entre os estoques e as variáveis de fluxo mencionadas até aqui:

Figura 2: Relação entre variáveis e de fluxo e de estoque



Fonte: elaboração pelos autores.

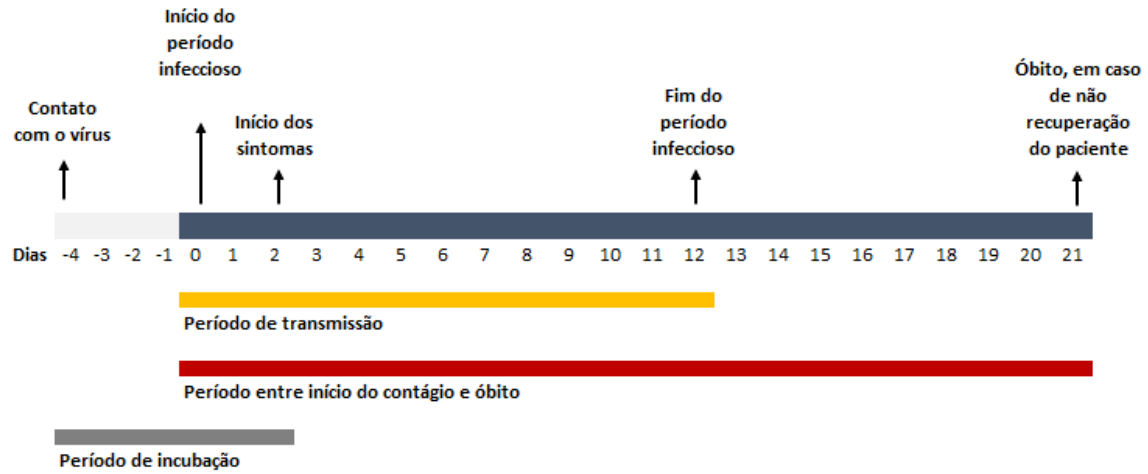
Para calcular as variações dos estoques e os estoques de cada dia faltam, ainda, as definições das variáveis de fluxo. Embora a forma de registro de novos infectados (ni) e novos óbitos (no) constitua a principal diferença entre as versões *ex-ante* e *ex-post* do modelo, como será explicado mais adiante, o cálculo de novos recuperados (nr) é feito sempre da mesma forma. Ele depende, no entanto, das pressuposições do modelo concernentes à forma como a doença se manifesta nos indivíduos contaminados.

Tomamos, de início, que há cinco eventos importantes no que diz respeito aos pacientes de COVID-19, quais sejam, o contato com o vírus (ou infecção), o início do contágio de outras pessoas (ou do período infeccioso), o período de manifestação de sintomas, o fim do período de contágio (que é quando o indivíduo é considerado ‘recuperado’) e o óbito. Para o modelo em discussão, precisamos pressupor a duração de dois períodos – o infeccioso e daquele que decorre, em média, entre o começo dele e a morte. Deve-se notar, aqui, que apesar de a Figura 3 sinalizar o período de incubação, isto é, entre o contato com o vírus e o começo dos sintomas, quando o paciente geralmente ainda não sabe que está desenvolvendo a doença, os prazos pressupostos são contados a partir do começo da capacidade de transmitir o vírus⁶.

Diversos estudos afirmam que após o início dos sintomas, o óbito ocorre, em média, ao final de 15 a 20 dias, especialmente nas ondas pandêmicas do ano de 2020 (OFFICE FOR NATIONAL STATISTICS, 2021; BYRNE et al., 2020, VERITY et al., 2020; ZHOU et al., 2020). Assumindo-se a informação de que o período infeccioso para casos leves e moderados dura 10 dias após o início dos sintomas e de que ele tem início em média 2 dias antes do aparecimento dos sintomas (CDC, 2022a), inferiu-se a janela de tempo em que uma pessoa contaminada pode transmitir o vírus a outras pessoas em 12 dias e o período entre o começo da transmissão e o eventual óbito em 21 dias (Figura 3).

⁶ O período de incubação foi estimado pelo ECDC (2021) como tendo duração de 5 a 6 dias, em média, podendo ser inclusive mais curto para casos sintomáticos. Para este modelo, optou-se por tratar o início da infecção como o momento em que começa o período infeccioso do paciente, desconsiderando, desta forma, os dias anteriores, nos quais o vírus já está instalado no organismo.

Figura 3: Pressupostos de período infeccioso médio, de início de sintomas e de óbitos



Fonte: elaboração pelos autores.

Os novos recuperados (nr) de um determinado dia t são calculados, assim, subtraindo os indivíduos que falecerão dali a 9 dias (no_{t+9}) dos indivíduos que entraram no período de transmissão há 12 dias (ni_{t-12}):

$$nr_t = ni_{t-12} - no_{t+9} \quad (30)$$

Os fluxos de novos imunizados, por sua vez, recebem tratamento especial e mais complexo, por constituírem uma das contribuições originais deste modelo. Em primeiro lugar, considera como imunizado com uma dose o indivíduo que recebeu esta dose há 14 dias, período considerado como mínimo para a aquisição de anticorpos após a aplicação dos imunizantes (CDC, 2022b).

Em seguida, foi necessário introduzir uma relação entre a quantidade de vacinados em um determinado dia e a quantidade de imunizados que a vacinação gerou 14 dias depois e que, assim, foi transferida do estoque de suscetíveis (s) para o estoque de removidos (r). Ponderou-se, assim, a quantidade de pessoas que tomaram a 1ª dose das vacinas

Astrazeneca, Coronavac e Pfizer, e a dose única da vacina Janssen, pela efetividade⁷ de cada um dos imunizantes após esta aplicação. Para a aplicação da 2ª dose destas vacinas, a ponderação se deu pelo acréscimo de efetividade proporcionado em relação à primeira dose.

Uma nova ponderação é necessária, no entanto, para que não surja um problema de dupla contagem. Como alguns dos indivíduos vacinados já possuíam anticorpos derivados de uma eventual infecção prévia por COVID-19, faz-se necessário impor uma pressuposição que evita que o estoque de removidos (r) seja alimentado duas vezes. Assume-se, dessa forma, que o esquema vacinal válido para transferir indivíduos para o grupo de removidos é somente aquele aplicado às pessoas que, no momento do recebimento de suas primeiras doses, ainda estavam suscetíveis à contaminação. Como não há dados que indicam esta situação, pondera-se as doses aplicadas a cada dia pela proporção da população **total** que está sob a condição de suscetibilidade naquele mesmo dia. Em outras palavras, adota-se o pressuposto de que, a cada dia, a porcentagem de vacinados suscetíveis é a mesma que a porcentagem de suscetíveis em toda a população.

As variáveis ‘ imu_1 ’ e ‘ imu_2 ’, correspondentes aos novos imunizados pelas 1ª e 2ª doses são dadas, desta forma, por:

$$imu_1 = (Ast_{1, t-14} * \theta_{ast_1} + Cnv_{1, t-14} * \theta_{cnv_1} + Pzf_{1, t-14} * \theta_{pfz_1} + Jns_{1, t-14} * \theta_{jns_1}) * s_{t-14} \quad (31)$$

$$imu_2 = Ast_{2, t-14} * (\theta_{ast_2} - \theta_{ast_1}) + Cnv_{2, t-14} * (\theta_{cnv_2} - \theta_{cnv_1}) + Pzf_{2, t-14} * (\theta_{pfz_2} - \theta_{pfz_1}) * s_{t-14} \quad (32)$$

, sendo Ast_i a quantidade de pessoas que tomaram a dose i da vacina Astrazeneca, Cnv_i a quantidade de pessoas que tomaram a dose i da vacina Coronavac, Pfz_i a quantidade de pessoas que tomaram a dose i da vacina Pfizer e Jns_i a quantidade de pessoas que tomaram

⁷ A efetividade de uma vacina define os resultados proporcionados por sua aplicação em condições reais, isto é, em contextos não controlados como em estudos clínicos que ocorrem antes de sua aprovação (CDC, 2021b).

a dose i da vacina Janssen, com i igual a 1 ou 2. θ_{n_i} por sua vez, é a efetividade da vacina n para a dose i e s_t é o estoque de suscetíveis na população no dia t .

Para os novos imunizados com as doses de reforço (imu_3) uma outra pressuposição é necessária. O ideal seria considerar que a aplicação de uma determinada quantidade de doses de vacina geraria, 14 dias depois, a transferência de uma quantidade equivalente de pessoas do grupo de suscetíveis para o grupo de removidos, ponderada pela efetividade adicional da dose de reforço. Esta efetividade adicional não é, contudo, igual para todas as pessoas que receberam o imunizante, uma vez que a dose de reforço aplicada pode ser de uma vacina diferente daquela que o indivíduo tomou nas duas primeiras doses. Um agravante ao problema é a falta de acesso, pelo modelo, de informações a respeito do imunizante que uma pessoa tomou em cada uma das doses. Admite-se, assim, que a efetividade da dose de reforço será um valor único, independente do fabricante do imunizante⁸. A efetividade adicional da dose de reforço será, assim, uma média das taxas de efetividade adicionais em relação a cada vacina aplicada anteriormente como 2ª dose ou dose única, ponderada pela quantidade de pessoas que tomou cada uma delas há exatos cinco meses, período estipulado pelo governo brasileiro para que a dose adicional pudesse ser aplicada (GARCIA, 2021). Pressupõe-se, assim, que as doses de reforço são aplicadas, às pessoas que tomaram a segunda dose (ou dose única) cinco meses antes, de forma proporcional aos diferentes imunizantes recebidos.

Adicionalmente, é preciso eliminar a dupla contagem correspondente a pessoas que já haviam se infectado com a doença – e, assim, sido posteriormente transferidas para o grupo de “removidos” – e receberam a proteção adicional da dose de reforço. Pondera-se

⁸ Este valor único foi determinado em 98%, com base em Jara *et al.* (2022), que analisou a efetividade da aplicação de doses de Coronavac combinadas a uma dose de reforço de Astrazeneca ou de Pfizer, e em Ministerio de Salud de Chile (2021), que já apontava, antes mesmo da aplicação da dose de reforço, alta efetividade para a vacinação completa com doses de Astrazeneca e de Pfizer. Nota-se que o valor de 98% é uma pressuposição que tenta contemplar a efetividade para as diferentes combinações entre doses de Coronavac, Astrazeneca, Pfizer e Janssen, que foram os imunizantes utilizados no Brasil, em 2021. Outra razão para que este valor possa ser distinto daqueles encontrados em estudos de efetividade consiste no fato de que a velocidade de circulação do vírus na população, influenciada, por sua vez, pela circulação das pessoas e por medidas sanitárias, também contribui para os resultados da imunização. A efetividade das vacinas varia, dessa forma, a depender do momento de sua medição.

a quantidade de aplicação de doses de reforços também pela proporção de “susceptíveis” na população a cada dia, então.

A variável ‘ imu_3 ’ é dada, desta forma, por:

$$imu_3 = Ref_{t-14} * EfAP * S_{t-14} \quad (33)$$

, sendo Ref_t a quantidade de doses de reforço aplicadas num dia ‘t’ e $EfAP$ o que decidimos chamar de “Efetividade adicional ponderada” da dose de reforço em relação às diferentes vacinas aplicadas como 2ª dose ou dose única (caso exclusivo da Janssen).

‘EfAP’ é dada, por sua vez, por:

$$EfAP = \frac{Ast_{2, t-151} * (\theta_{ref} - \theta_{ast_2}) + Cnv_{2, t-151} * (\theta_{ref} - \theta_{cnv_2}) + Pfz_{2, t-151} * (\theta_{ref} - \theta_{pfz_2}) + Jns_{1, t-151} * (\theta_{ref} - \theta_{jns_1})}{Ast_{2, t-151} + Cnv_{2, t-151} + Pfz_{2, t-151} + Jns_{1, t-151}} \quad (34)$$

, sendo θ_{ref} a efetividade padrão alcançada com a dose de reforço.

Vale notar, ainda, que o cálculo da imunização da população considera que, uma vez tendo se infectado pelo vírus e recuperado da doença ou tendo sido removida do modelo em função de óbito, uma pessoa não adquire mais imunidade ao tomar 1, 2 ou 3 doses da vacina. As doses só terão efeitos sobre a população suscetível, isto é, que ainda não contraiu a doença. Novamente, justifica-se esta hipótese pela baixa frequência de casos de reinfecção no período contemplado pelo modelo (KOJIMA; KLAUSNER, 2021).

A partir das variáveis de fluxo, de sua combinação, que gera as variações de estoque e da composição dos estoques, pode-se inferir uma das variáveis-chave para o modelo, qual seja a taxa de transmissão diária (b), que indica o número de pessoas que serão contaminadas, por dia, por um indivíduo infectado, durante seu período contagioso. As versões *ex-ante* e *ex-post* chegam ao valor de ‘b’ de formas distintas, as quais serão explicadas com detalhe nas seções em questão. Em ambos os casos, no entanto, a taxa de transmissão diária é definida por uma combinação entre as características biológicas do vírus e, mais especificamente, das cepas que estão circulando em uma população, e do

comportamento das pessoas, seja no que tange a seus hábitos culturais, seja em relação às suas rotinas. Uma população que tem o hábito de se cumprimentar com maior distância ou de usar máscaras faciais com maior frequência reduz a chance de transmissão viral expressa no parâmetro ‘b’. O mesmo ocorre quando as pessoas reduzem a quantidade de encontros entre elas, como quando estão confinadas, situação observada de forma recorrente durante a pandemia de COVID-19.

De forma semelhante a ‘b’, a taxa de transmissão efetiva (ou número de reprodução) ‘ R_t ’ mede o número médio de casos secundários gerados a partir de um caso primário em um determinado momento (INGLESBY, 2020) e foi amplamente utilizada em estudos científicos e apresentada por veículos de comunicação para estimar o potencial de aumento de casos em uma população. Um valor acima de 1 indica que cada infectado está transmitindo a doença para mais de uma pessoa, em média, o que significa elevação de casos. Um valor menor do que 1 indica o recrudescimento dos casos observados. A taxa de transmissão efetiva de uma unidade traduz-se em estabilidade da quantidade de casos:

$$R_t = \frac{b*s}{k} \quad (35)$$

, sendo ‘b’ a taxa de transmissão potencial, que depende do comportamento da população e da infectividade do vírus, ‘s’ a parcela suscetível da população num determinado dia e ‘k’ a taxa de recuperação, correspondente ao inverso da quantidade de dias em que uma pessoa infectada pode transmitir o vírus a outras pessoas.

Vale notar, conforme também esclarecido na seção **Erro! Fonte de referência não encontrada.**, que a diferença de ‘ R_t ’ para a taxa de transmissão diária (b) é de que ela considera não somente as características biológicas das cepas de vírus circulantes e o comportamento da população a cada momento, como também o tempo ao longo do qual cada infectado permanece infeccioso – o que é imputado no cálculo por meio da taxa de recuperação diária (k) – e a parcela da população que se encontra suscetível a cada dia, isto é, que está propensa a se contaminar.

A taxa de recuperação diária, por fim, é uma variável que permanece constante ao longo de todo o modelo. Assumindo que o indivíduo infectado transmite a doença por 12 dias, a taxa de recuperação é definida como 1/12, isto é, 0,083, significando que 8,3% dos

indivíduos infectados deixam de transmitir o vírus a cada dia, em média, caso o estoque de infectados não mude. Ainda que casos graves pareçam ter um período infeccioso maior (CDC, 2022a), pressupõe-se que um paciente internado e provavelmente em unidade de terapia intensiva (UTI) esteja mais isolado e, assim, com menores chances de contaminar outros indivíduos.

2.3 Versão *ex-post* do modelo

A versão *ex-post* do modelo consiste na coleta dos dados observados de óbitos diários por COVID-19 para o cálculo da taxa de transmissão potencial ‘ b ’ e da taxa de transmissão efetiva (ou número de reprodução) ‘ R_t ’ da pandemia no Brasil, desde março de 2020 até o final de 2021. O objetivo foi olhar em perspectiva para a pandemia e avaliar a correlação entre os indicadores que sugerem a velocidade de disseminação do vírus e *proxies* que tentaram medir o grau de isolamento da população ao longo dos meses abarcados. Uma alta correlação entre estas variáveis pode indicar eficácia do modelo em prever a evolução da pandemia. Para tal, construiu-se uma sucessão de interações entre as variáveis apresentadas na subseção anterior.

O primeiro passo foi importar a série estatística de óbitos oficialmente registrados por COVID-19 do site Our World in a Data (2021a), que utiliza os dados do Ministério da Saúde do Brasil (2021a). Para estimar os novos infectados (ni), o modelo baseou-se em duas suposições. Em outubro de 2020, o Center for Disease Control and Prevention dos Estados Unidos (CDC, 2021a) estimou taxas de mortalidade da COVID-19 por faixas etárias, as quais foram aplicadas à composição etária da população brasileira (IBGE, 2020) para se chegar a uma taxa de mortalidade média de 0,46%, provavelmente subestimada em função da ausência, na pesquisa realizada pelo órgão estadunidense, do público com mais de 80 anos, ao qual se atribui maior risco mediante a infecção pela doença. Com a estimativa (WORLDDOMETER, 2022) de que a mortalidade para este grupo cresce em 85% em relação à faixa de 70 a 79 anos, a taxa de mortalidade global para a COVID-19 no Brasil seria de 0,5%.

Fez-se necessário, ainda, supor a defasagem temporal existente entre a infecção pela doença e o registro do óbito. Sabe-se, de início, que o Brasil não conta, salvo para algumas unidades da federação, com um sistema organizado que indique os óbitos por COVID-19 com base na data de ocorrência do falecimento, sendo as informações divulgadas pela base de dados do Ministério da Saúde do Brasil (2021a) referentes à data de registro da morte. É por esta razão que as estatísticas de óbitos pela doença geralmente apresentam quedas nos finais de semana, quando há estrutura institucional com menor capacidade de processamento dos dados. Ainda assim, o modelo não se incumbirá de corrigir a diferença entre o registro e a ocorrência do óbito, de modo que projetará seus resultados com base na primeira data. Conforme explicado na seção anterior e apresentado pela Figura 3, a pressuposição do modelo é de que o período médio entre a contração do vírus e o óbito de um paciente que não se recuperou é de 21 dias.

Desta forma, mediante os registros de novos óbitos diários (no), considera-se que os novos infectados (ni) são dados por:

$$no_{t+21} = 0,5 * ni_t \quad (36)$$

Reescrevendo a equação em função dos novos infectados, temos:

$$ni_t = 200 * no_{t+21} \quad (37)$$

, sendo ni_t os novos infectados num dia t ; e no_t os novos óbitos num dia t .

A subseção anterior define as outras variáveis envolvidas no modelo. Com os dados de novos óbitos e novos infectados, pode-se calcular novos recuperados a cada dia (equação 30) Importando os dados relativos à vacinação, encontrados no Vacinômetro COVID-19 do Ministério da Saúde (2022), pode-se calcular os novos imunizados com cada uma das doses do esquema vacinal (equações 31, 32, 33). O passo seguinte é compor as variáveis de variação de estoques (equações 19, 20, 21) e os próprios estoques de cada dia (equações 22, 23, 24).

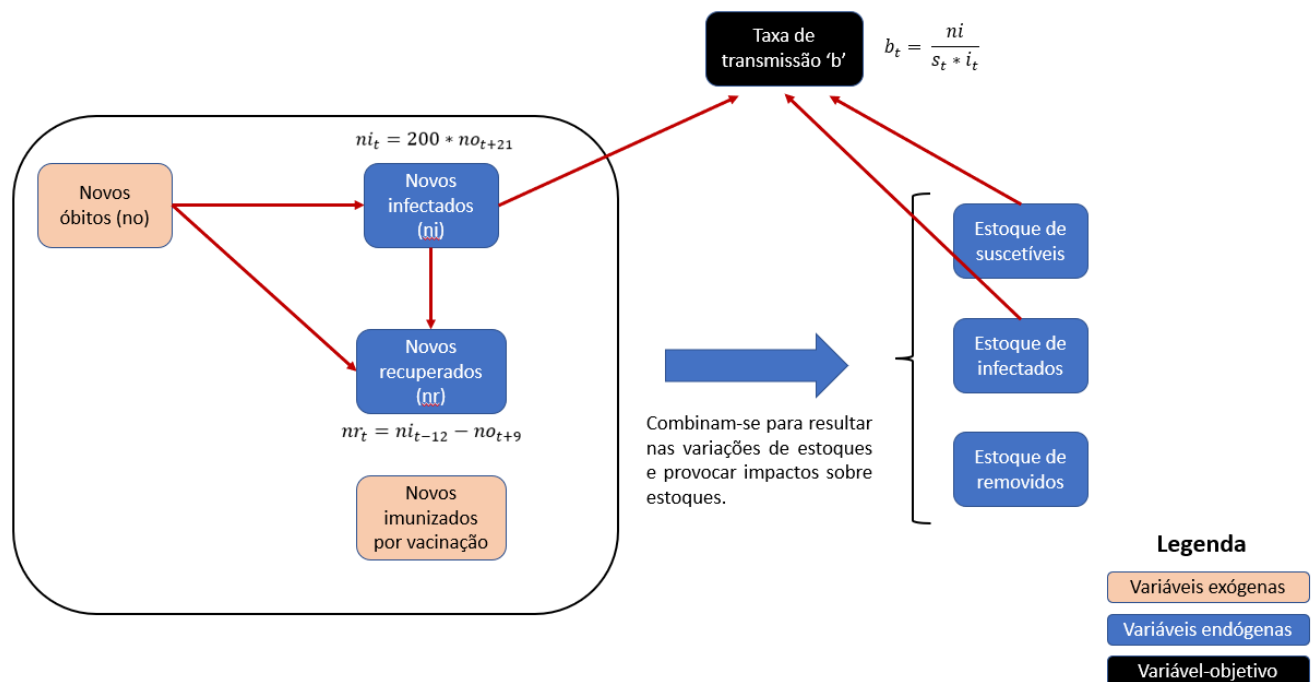
Finalmente, tem-se todos os elementos necessários para se chegar aos valores diários do parâmetro b . A taxa de transmissão diária (e potencial) do vírus é calculada, na versão *ex-*

post do modelo, a partir dos novos infectados de cada dia e dos estoques da população que ainda pode ser contaminada (suscetíveis) e que já foi infectada e, por isso, está transmitindo o vírus (infectados). Ela é dada, então, por:

$$b_t = \frac{ni}{s_t * i_t} \quad (38)$$

A Figura 4 sistematiza a interação de variáveis que compõe a versão *ex-post* do modelo:

Figura 4: Interação entre variáveis na versão *ex-post* do modelo



Fonte: elaboração pelos autores.

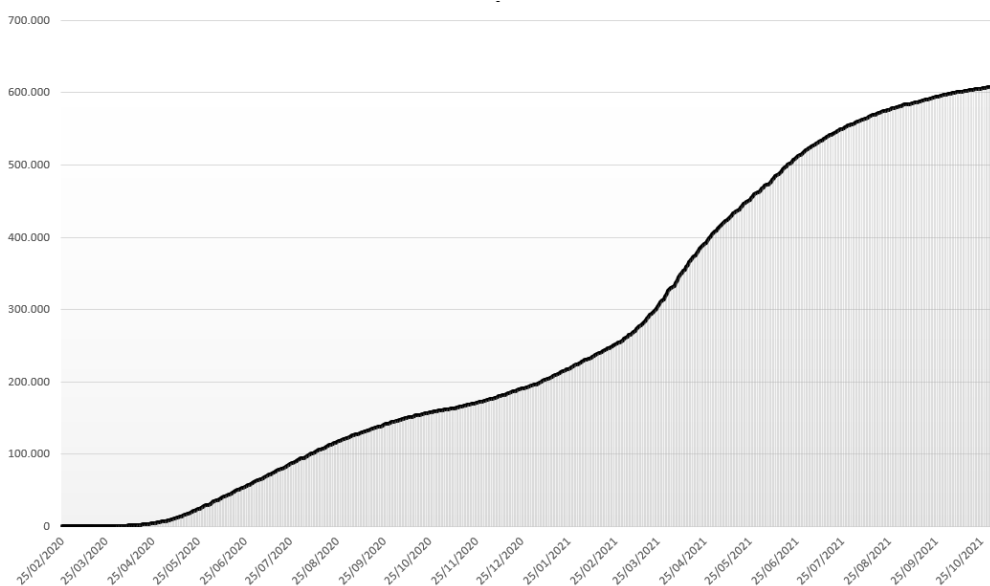
Como se sabe, a pandemia no Brasil foi caracterizada, até o final de 2021, por duas principais ondas, que ocorreram, respectivamente, entre maio e outubro de 2020, cujo auge foi caracterizado por um patamar de cerca de 1000 mortes diárias na média móvel de 7 dias, do início de junho à terceira semana de agosto; e entre março e julho de 2021, tendo o auge sido atingido na primeira quinzena de abril, quando a média diária de óbitos ficou em torno de 3000, ou seja, cerca de 14,2 por milhão de habitantes.

Figura 5: Novos óbitos diários por COVID-19 no Brasil, média móvel de 7 dias



Fonte: Our World in Data (2021a). Elaboração pelos autores.

Figura 6: Óbitos acumulados por COVID-19 no Brasil



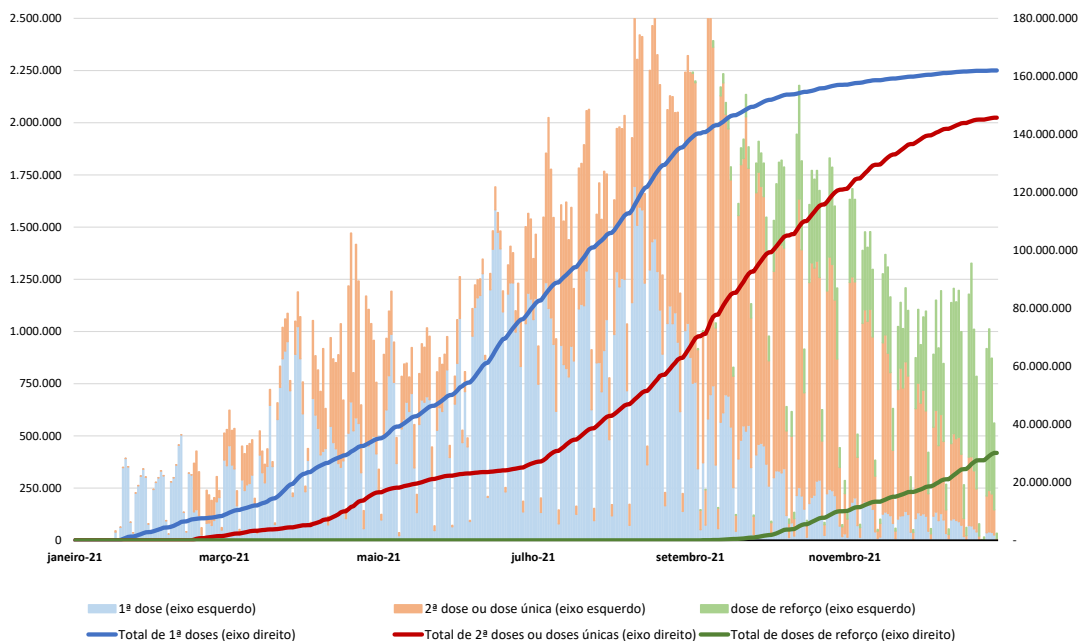
Fonte: Our World in Data (2021a). Elaboração pelos autores.

A oscilação de óbitos diários decorreu de alguns fatores. A vacinação da população brasileira começou no dia 17 de janeiro de 2021 e teve dois principais momentos de aceleração. A partir de meados de março de 2021, o total de pessoas diariamente

vacinadas começou a aumentar até atingir pouco menos de 900 mil, na média móvel de 7 dias de 23 de abril de 2021. As estatísticas de vacinação apresentaram queda até o início de junho de 2021, data em que passaram a crescer novamente, atingindo pouco menos de 2 milhões de pessoas vacinadas na média móvel de 7 dias registrada em 2 de agosto de 2021 (OUR WORLD IN DATA, 2021b).

Os esforços para aplicar o imunizante tiveram enorme importância para transferir pessoas da condição de suscetíveis à condição de imunizadas e, assim, removidas do modelo. Até o dia 31 de dezembro de 2021, data final deste exercício de modelagem, pouco mais de 162 milhões de primeiras doses e de 145 milhões de segundas doses ou doses únicas haviam sido aplicadas. As doses de reforço superaram 30 milhões (Figura 7). Como já explicado, parte das pessoas que receberam estas vacinas já haviam sido consideradas removidas do modelo por terem se infectado com o coronavírus causador da COVID-19. Quando concluída, pôde-se verificar que a versão *ex-post* do modelo considerou que quase 124 milhões de pessoas foram imunizadas por terem contraído o vírus, enquanto duas doses ou doses únicas das vacinas teriam sido responsáveis por imunizar o equivalente a cerca de 6,5 milhões de indivíduos, os quais não contraíram a doença. Sabe-se, no entanto, que em condições reais, os imunizantes aplicados tiveram também a função de reforçar e estender a imunidade dos indivíduos que já haviam se infectado anteriormente, o que se tornou uma proteção ainda mais importante com o surgimento da variante *ômicron*, em 2022, ano não contemplado pelo modelo.

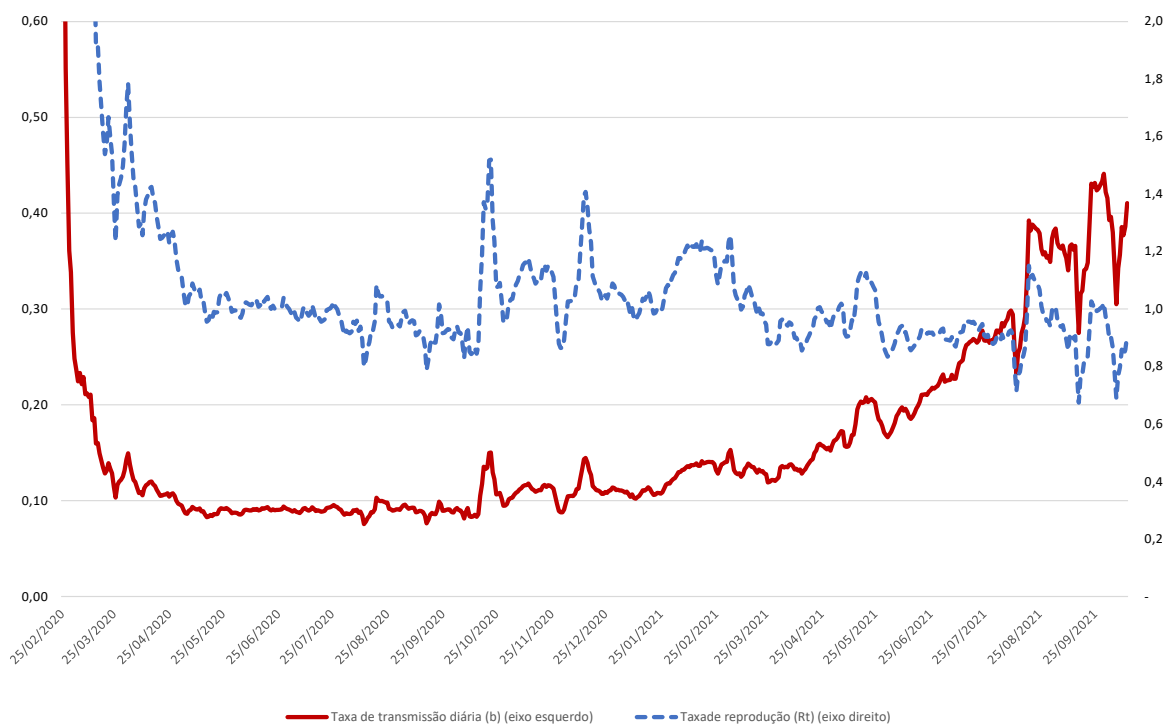
Figura 7: Vacinação diária e acumulada contra COVID-19 no Brasil



Fonte: Ministério da Saúde do Brasil (2022). Elaboração pelos autores.

Um segundo elemento importante para explicar as oscilações na quantidade de óbitos diários foi a infectividade de cada uma das cepas que circularam na população brasileira. Junto a ele, expressa-se, na taxa de transmissão ‘b’, também o grau de mobilidade e/ou isolamento da população a cada momento. Tal variável não é adequada, no entanto, para avaliar estes dois fatores, uma vez que seu cálculo sofre interferência, em seu denominador, da quantidade de pessoas consideradas suscetíveis à infecção (38). Uma vez tendo sido reduzida drasticamente a parcela da população suscetível, seja pela vacinação, seja pela aquisição de anticorpos pela doença, é natural que ‘b’ cresça consideravelmente (Figura 8), dificultando a identificação da infectividade do vírus e dos fatores atrelados ao comportamento humano. A taxa de reprodução R_t , derivada de ‘b’ (equação 35), permite uma análise mais acurada neste sentido. Após calculá-la como variável endógena, a versão *ex-post* do modelo a comparou com a mesma taxa ‘ R_t ’ medida por COVID-19 Analytics (2022) e com o Índice de Permanência Domiciliar, criado por Barreto *et al.* (2021) a partir dos dados do Google Mobility para mensurar o isolamento social durante a pandemia.

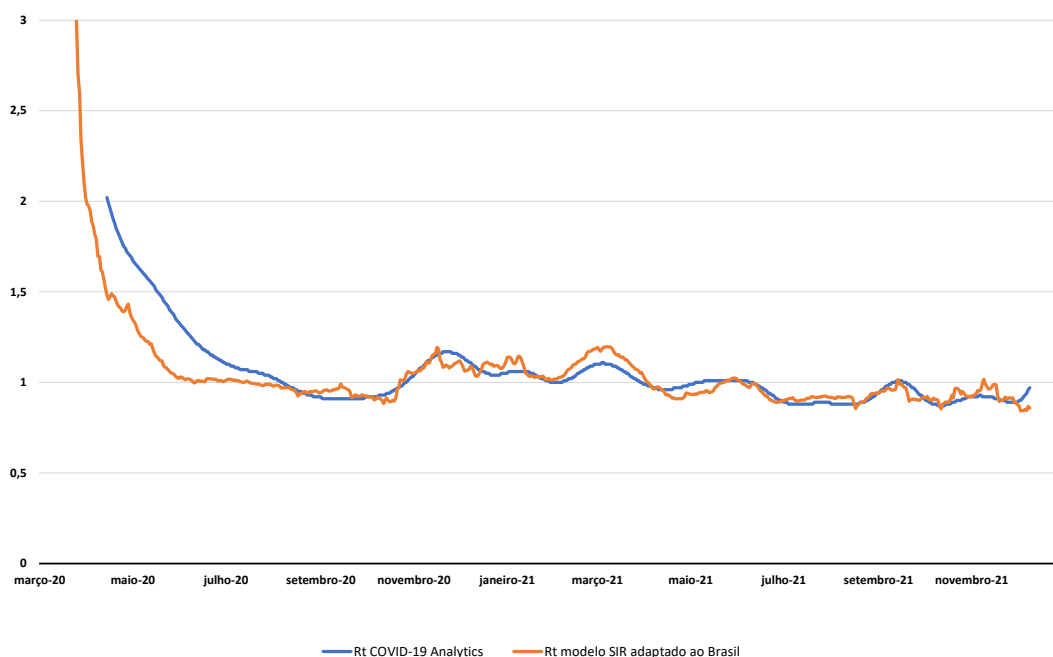
Figura 8: Taxa de transmissão 'b' e Taxa de Reprodução 'R_t' calculadas como variáveis endógenas da versão *ex-post* do modelo



Fonte: Elaboração pelos autores.

A comparação com a taxa 'R_t' calculada pelo COVID-19 Analytics mostrou que a variável endógena gerada pelo modelo tem alto grau de consistência, validando as engrenagens e os pressupostos assumidos como capazes de explicar, em alta medida, a velocidade de circulação do vírus ao longo dos anos de 2020 e 2021 (Figura 9). Como, entre as versões *ex-post* e *ex-ante*, a interação entre as variáveis foi modificada de forma a preservar a consistência interna do modelo, isto é, de modo que, com a taxa de transmissão da primeira versão, a segunda versão também resultasse nos óbitos efetivamente observados, a Figura 9 indica, ainda, um alto potencial explicativo para cenários hipotéticos que venham ser imputados na versão *ex-ante*.

Figura 9: Taxa de Reprodução (R_t) - SIR adaptado ao Brasil (média móvel de 28 dias) vs COVID-19 Analytics



Fonte: COVID-19 Analytics (2022) e versão *ex-post* do modelo. Elaboração pelos autores.

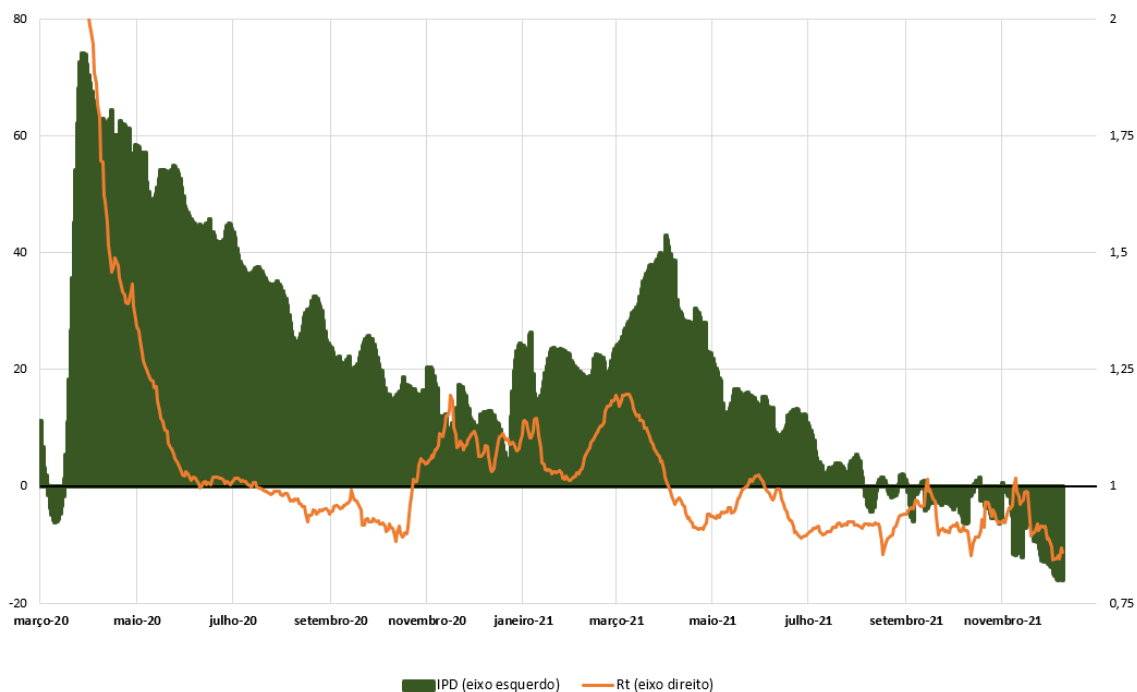
A comparação com o Índice de Permanência Domiciliar (IPD), por sua vez, sugere relativa consistência da taxa R_t , calculada como variável endógena desta versão do modelo, com o grau de isolamento da população brasileira ao longo da pandemia. A correlação entre estes dois indicadores não é, contudo, tão facilmente observada como na comparação anterior. Os indicadores ' R_t ' e IPD consistem em medidas de objetos diferentes, entre os quais há uma defasagem esperada, definida pelo reflexo sobre a velocidade de transmissão do vírus mediante alterações do comportamento humano referente ao isolamento social. Além disso, deve-se levar em conta a relativa imprecisão inerente ao IPD, que é mensurado a partir de dados oriundos apenas de aparelhos celulares que compartilham sua localização à plataforma Google Mobility, sem levar em conta, ademais, a qualidade de aglomerações quanto a outras medidas de proteção, como uso de máscaras e distanciamento.

Sabendo-se que um valor menor de IPD indica maior circulação de pessoas em espaços públicos e um valor maior representa maior tempo de permanência nos domicílios, a

Figura 10 mostra que o registro do primeiro caso de COVID-19 no Brasil, em março de 2020, foi seguido de uma abrupta elevação do grau de isolamento social, motivado pelo rápido fechamento de várias atividades de serviço em muitas cidades do país. A redução de encontros interpessoais, seja em resposta de decretos governamentais, seja em função do medo inicial em relação à proliferação do vírus, derrubou bruscamente a taxa de reprodução viral, que chegou a um patamar negativo em julho de 2020. De março até dezembro deste ano, o grau de isolamento social foi, no entanto, sendo gradativamente reduzido, dada a maior disposição das pessoas a conviver com o risco de infecção e a insustentabilidade do rigor de medidas de fechamento de atividades econômicas. O aumento de aglomerações foi responsável, assim, também pela retomada da velocidade de circulação do vírus, representada pelo aumento de ' R_t ' a partir de meados de outubro de 2020. A taxa de reprodução manteve-se alta até o final de janeiro de 2021, quando se sentiu o efeito da retomada de medidas de isolamento, que havia ocorrido ainda no final do ano anterior.

O período que se inicia em fevereiro de 2021 foi marcado por dois fatores que estabeleceriam a interação entre IPD e R_t . Motivadas pela iminente chegada da variante *delta* do coronavírus causador da COVID-19, várias localidades passaram a adotar novas medidas de isolamento social, o que impulsionou um aumento da permanência domiciliar. Tal acréscimo demorou a surtir efeito sobre a taxa de reprodução, que passou a cair somente em março. Além da defasagem natural entre os dois indicadores, deve-se considerar que a infectividade ampliada da cepa que passaria a circular no país exigiria maiores esforços em termos de isolamento social para que ' R_t ' interrompesse sua trajetória de crescimento. Com a queda da permanência domiciliar a partir de abril de 2021, a taxa de reprodução volta a subir, no final do mesmo mês, a partir de quando se inicia um período em que a análise dos indicadores muda de natureza. Com a imunização de indivíduos via vacinação em ritmo cada vez mais acelerado, a queda de IPD, explicada pelo relaxamento de decretos governamentais e por maior disposição da população em expor-se ao vírus, passa a não gerar necessariamente o aumento da velocidade de proliferação do agente patogênico, atestando novamente a importância da vacina.

Figura 10: Índice de permanência domiciliar (IPD) e Taxa de Reprodução (R_t , em média móvel de 28 dias), calculada endogenamente pela versão *ex-post* do modelo



Fonte: Elaboração pelos autores.

2.4 Versão *ex-ante* do modelo

O modelo SIR adaptado ao Brasil na sua versão *ex-ante* foi pensado para projetar novos óbitos diários a partir de 21 de janeiro de 2021. O propósito desta versão não era de acertar com precisão a evolução da pandemia no Brasil, mas de pensar possíveis cenários que servissem como balizas para os possíveis efeitos econômicos desdobrados a partir da circulação do vírus. Sabe-se que dentre as principais medidas para evitar a lotação de leitos hospitalares e o acúmulo de mortes estiveram os decretos de *lockdown*, motivados por sua capacidade de reduzir os contatos entre as pessoas e, assim, também a taxa de transmissão viral, expressa, neste modelo, tanto pela variável ‘b’ quanto pela variável R_t . A obtenção de indícios da duração necessária máxima ideal dos decretos de *lockdown* ou do tempo em que a pandemia se prorrogaria, em cenários mais ou menos otimistas, teriam o papel de auxiliar na estimativa dos prejuízos econômicos, do desempenho de setores de atividade e das consequências em termos dos agregados macroeconômicos. Como a publicação deste artigo se dá um momento posterior ao período contemplado pelo

modelo, a versão em questão assume uma nova função – a de estimar, retroativamente, quais seriam os efeitos em termos de óbitos, caso cenários diferentes quanto a suas variáveis exógenas tivessem sido observados.

A arquitetura metodológica para construir a versão *ex-ante* foi pensada de forma a tratar a variável ‘novos óbitos’ como endógena, já que o objetivo era justamente prever sua evolução de acordo com outras informações imputadas ao modelo. Esta é a grande diferença em relação à versão *ex-post*, apresentada na última seção. Em outras palavras, a variável ‘novos óbitos’ é um indicador confiável, que pode ser obtido a partir de fontes externas (OUR WORLD IN DATA, 2021a; MINISTÉRIO DA SAÚDE DO BRASIL, 2021a). Projetá-la significaria, no entanto, extraí-la a partir do próprio modelo e a forma mais adequada para tal seria calculá-lo a partir da variável ‘novos infectados’, utilizando uma taxa média de mortalidade, dada a infecção pela doença. Um problema se coloca para esta estratégia, no entanto. O indicador ‘novos infectados’ não é um dado que pode ser facilmente obtido com precisão. Muitos dos casos de COVID-19 existentes não são testados ou registrados, o que torna este um indicador comumente subestimado por órgãos governamentais ou fontes que acompanham as estatísticas da pandemia.

A forma de resolver este problema foi dividir o período tratado em três subperíodos (Figura 11). No primeiro deles (subperíodo 1), a variável ‘novos óbitos’ ainda é exógena, obtida com maior precisão nas fontes utilizadas. Neste subperíodo, ‘novos infectados’ são calculados a partir destes dados. O subperíodo 2 foi designado como de transição, no qual ‘novos óbitos’ ainda constitui variável independente, mas ‘novos infectados’ passam a ser calculados a partir de outras variáveis do próprio modelo, as quais, por sua vez, dependem de ‘novos óbitos’ (enquanto variável independente). O subperíodo 3 é aquele no qual ‘novos óbitos’ torna-se variável dependente de ‘novos infectados’. Esta situação não gera referências circulares porque embora ‘novos infectados’ dependa indiretamente de ‘novos óbitos’ desde o subperíodo 2 (via variação de infectados e removidos, conforme será explicado adiante), ‘novos óbitos’ depende de ‘novos infectados’ com uma defasagem temporal desde o subperíodo 3. Esta defasagem temporal corresponde à pressuposição, já apontada anteriormente, de que, após a infecção, um indivíduo morre, em média, 21 dias depois, em decorrência da COVID-19.

Figura 11: Subperíodos da versão *ex-ante* do modelo

Datas	Subperíodo	Descrição
25/02/2020 ... 30/12/2020	Subperíodo 1	Novos óbitos': variável exógena; 'Novos infectados' depende de 'novos óbitos'
31/12/2020 ... 20/01/2021	Subperíodo 2	Novos óbitos': variável exógena; 'Novos infectados' independe de 'novos óbitos'
21/01/2021 ... 31/12/2021	Subperíodo 3	Novos óbitos': variável endógena; 'Novos infectados' independe de novos óbitos

Fonte: elaboração pelos autores.

Deve-se observar que a relação entre as variáveis no subperíodo 1 é idêntica àquela construída para a versão *ex-post*. Mais detalhadamente, ‘Novos óbitos diários’ foram observados a partir dos dados publicados pelo Ministério da Saúde do Brasil (2021a) e, com base neles, calculou-se os ‘novos infectados’ - usando a taxa de mortalidade para a doença e a defasagem de 21 dias -, os novos recuperados e as demais variáveis, conforme explicado na seção da versão *ex-post* do modelo.

O segundo subperíodo – de transição – teve sua duração determinada em função de dois fatores: 1) enquanto os óbitos diários ainda eram obtidos a partir dos dados reais observados; 2) a partir do momento em que os novos infectados deixaram de ser calculados a partir dos óbitos diários e passaram a ser calculados como produto da multiplicação entre a taxa de transmissão diária b , o estoque de suscetíveis e o estoque de infectados. A lógica por trás dessa nova definição é a de que a infecção de novas pessoas é dada pelo potencial de transmissão do vírus, de acordo com suas características biológicas e com o comportamento da população, multiplicado tanto pelas pessoas que estão transmitindo-o, quanto por aquelas que estão vulneráveis à infecção. Em resumo, os novos infectados (ni) são dados, a partir do início do período de transição, por:

$$ni_t = b_t * s_{t-1} * i_{t-1} \quad (39)$$

Uma segunda mudança do subperíodo 2 em relação ao primeiro subperíodo é o início da projeção da taxa de transmissão diária ‘ b ’. Se, para os dias anteriores ao subperíodo de transição, ‘ b ’ era dado como função dos novos infectados (ni) e dos estoques de infectados

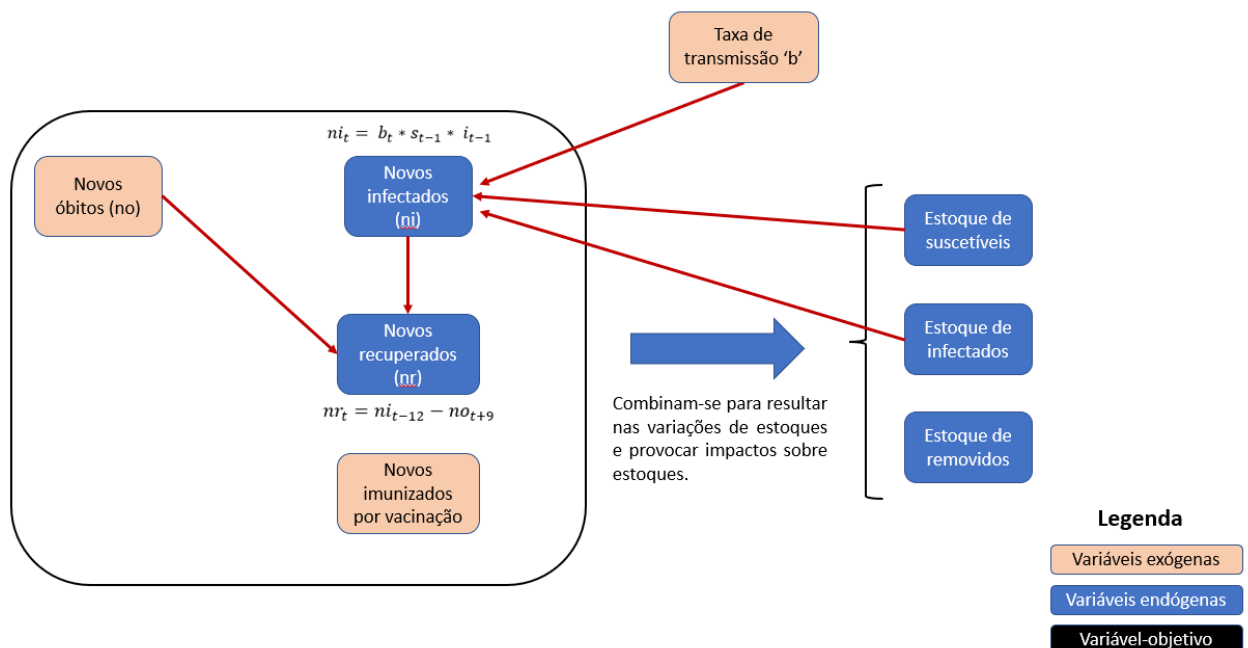
(i) e suscetíveis (s) – conforme detalhado na seção anterior -, a partir da definição de ‘ni’ com base em ‘b’, é necessário definir ‘b’ de outra forma, o que foi feito multiplicando dois parâmetros estimados exogenamente – o comportamento da população e a infectividade média do vírus circulante. A taxa de transmissão diária ‘b’ passa a ser dada, assim, por:

$$b_t = b_{t-1} * \frac{\delta_t}{\delta_{t-1}} * \frac{\theta_t}{\theta_{t-1}} \quad (40)$$

, sendo δ_t o valor da variável “comportamento da população” e θ_t o valor da variável “infectividade do vírus”, em um determinado dia t . Como ambas as variáveis não possuem uma unidade de medida específica, seus valores serão dados em referência ao valor de uma unidade de uma data-base – 30/12/2021. Um valor de δ_t igual a 1,5 significa, assim, que o comportamento da população permite uma circulação 50% maior do vírus. O mesmo vale para a variável θ_t .

A Figura 12 mostra a interação entre as variáveis no subperíodo 2:

Figura 12: Interação entre variáveis no subperíodo 2 da versão *ex-ante* do modelo



Fonte: elaboração pelos autores.

Para todos os três subperíodos são calculadas, evidentemente, também as demais variáveis do modelo. O método para encontrá-las é sempre o mesmo, de acordo com as equações já expostas. As variáveis de novos imunizados, no entanto, passam a ser projetadas, diferentemente do que ocorria na versão *ex-post*, quando eram alimentadas por dados reais observados de aplicação de vacinas, projetadas. Nesta versão, elas refletem o otimismo de cada cenário em relação à velocidade de disponibilização dos imunizantes.

Além de estar disponível para o manejo do leitor, a versão *ex-ante* serviu de base para a construção de quatro diferentes cenários retroativos em relação à evolução da pandemia. Considera-se que a estrutura-base que sustenta estes cenários, isto é, a interação entre as variáveis que compõem a engrenagem da versão, tenha alto poder explicativo, uma vez que, ao imputar a taxa de transmissão ‘b’ calculada a partir da versão *ex-post* – e consistente com a taxa de reprodução ‘ R_t ’ calculada por fonte externa (COVID-19 ANALYTICS, 2022), chegou-se à mesma quantidade de óbitos efetivamente observados.

Para os cenários construídos, é importante destacar a necessidade de uma adaptação metodológica. A projeção da variável ‘b’ teve como referência a taxa de transmissão calculada como variável exógena da versão *ex-post*, a qual não pôde ser desmembrada nos fatores relativos ao comportamento da população e à infectividade do vírus. Em outras palavras, quando se verifica um aumento de ‘b’, não se sabe exatamente qual foi a contribuição dos dois elementos mencionados para tal, e quando se projeta um cenário retroativo em que este aumento não teria ocorrido, também não se pode distinguir entre anulação da mudança de cada um deles. Neste sentido, operou-se o modelo em sua versão *ex-ante* com modificações somente em ‘b’, sem a desagregação indicada. No manejo da planilha, o leitor poderá, contudo, supor alterações diferentes nos dois fatores.

A Figura 14 apresenta os cenários retroativos e hipotéticos construídos:

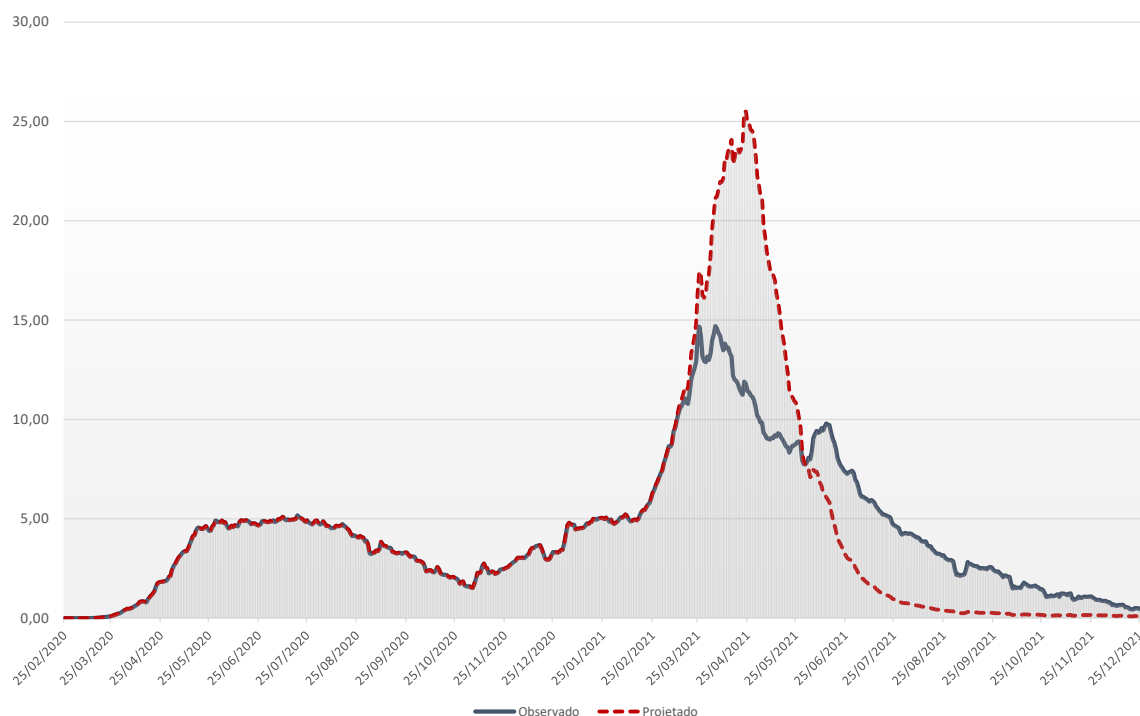
Figura 14: Cenários retroativos e hipotéticos para a versão *ex-ante* do modelo

Cenário	Taxa de transmissão 'b'	Vacinação	Pico de óbitos		Óbitos acumulados ao final da pandemia
			por milhão de habitantes	Data	
1	Taxa de transmissão 'b' até 25% maior entre 22/02/21 e 30/04/21	igual ao modelo ex-post	26	30/04/2021	629.416
2	igual ao modelo ex-post	sem vacinas aplicadas	19	22/06/2021	897.955
3	igual ao modelo ex-post	10% a mais de vacinas por dia	15	11/04/2021	595.223
4	igual ao modelo ex-post	10% a menos de vacinas por dia	15	11/04/2021	700.714

Fonte: elaboração pelos autores.

O cenário 1 (Figura 15) teve o intuito de medir os efeitos sobre a evolução da pandemia caso medidas de isolamento social tivessem sido mais brandas entre fevereiro e abril de 2021, quando autoridades buscavam retardar a proliferação da variante *delta* no Brasil. Pressupôs-se, então, que a taxa de transmissão tivesse se acrescido gradualmente em até 25% no período indicado, o que resultaria em um pico de óbitos diários muito mais alto do que o observado (26 óbitos por milhão de habitantes, no dia 30/04/2021) e em 10 mil mortes adicionais, até o final de 2021.

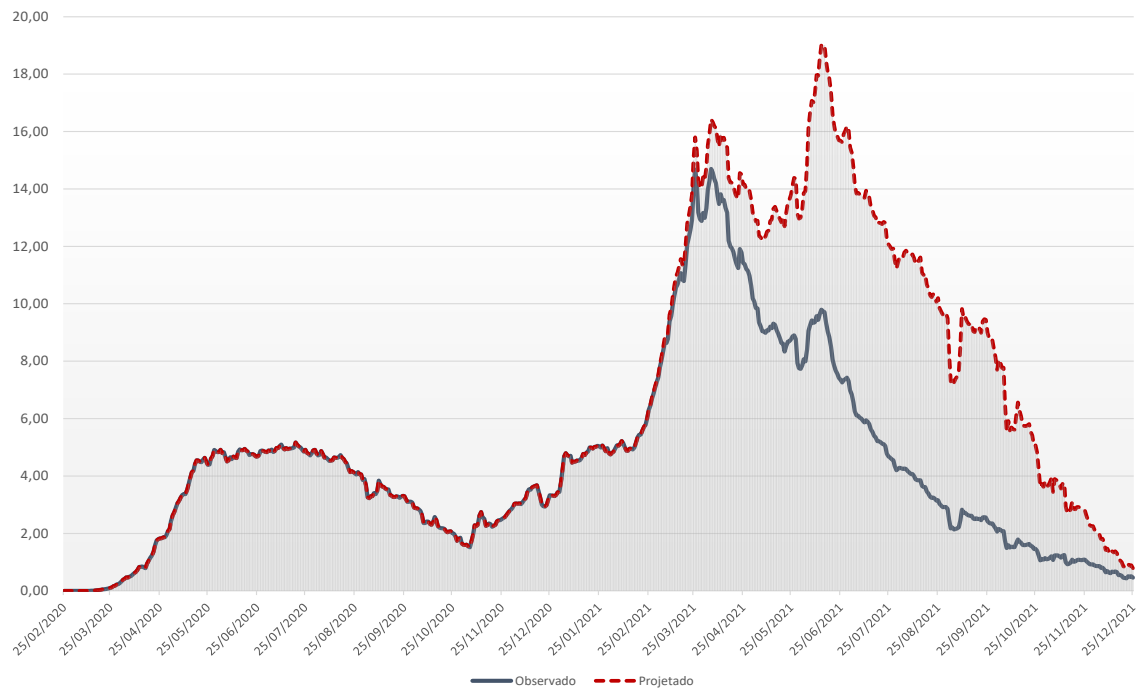
Figura 15: Cenário 1 - Óbitos diários por COVID-19 no Brasil, por milhão de habitantes e em média móvel de 7 dias



Fonte: elaboração pelos autores.

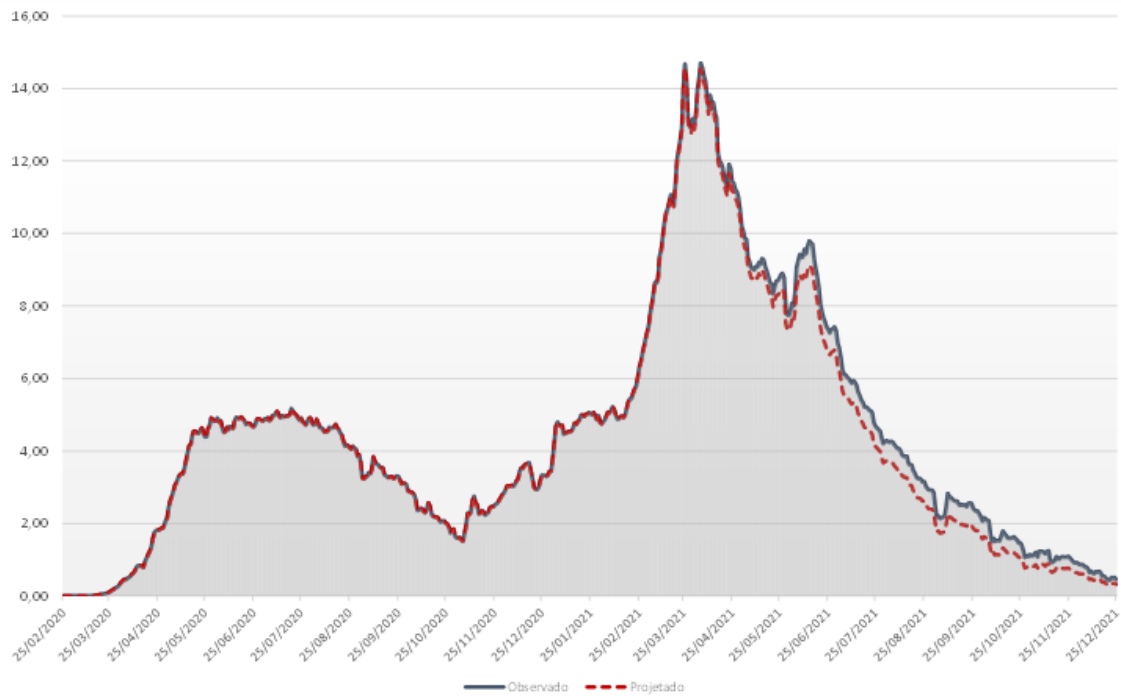
Os cenários 2, 3 e 4, por sua vez, supõem que o comportamento da população e a infectividade das cepas circulantes não tivessem se alterado em relação ao que fora observado, mas que a vacinação tivesse se dado em condições diferentes no ano de 2021. Em 2 (Figura 16), considerou-se que nenhuma vacina tivesse sido aplicada no Brasil. Em 3 (Figura 17), imputou-se um cenário de aplicação de 10% a mais de doses por dia, e em 4 (Figura 18), calculou-se o efeito da aplicação diária de 30% a menos de doses. Os resultados reforçam a importância da distribuição de imunizantes para o controle da pandemia e redução dos óbitos. Observou-se que inexistência de vacinas aplicadas geraria 278 mil mortes a mais até o final de 2021, enquanto a redução de vacinas em 30% resultaria em um acréscimo de 80 mil mortes neste mesmo período. O aumento da aplicação de doses em 10%, por sua vez, seria responsável por poupar 24 mil vidas até o final de 2021.

Figura 16: Cenário 2 - Óbitos diários por COVID-19 no Brasil, por milhão de habitantes e em média móvel de 7 dias



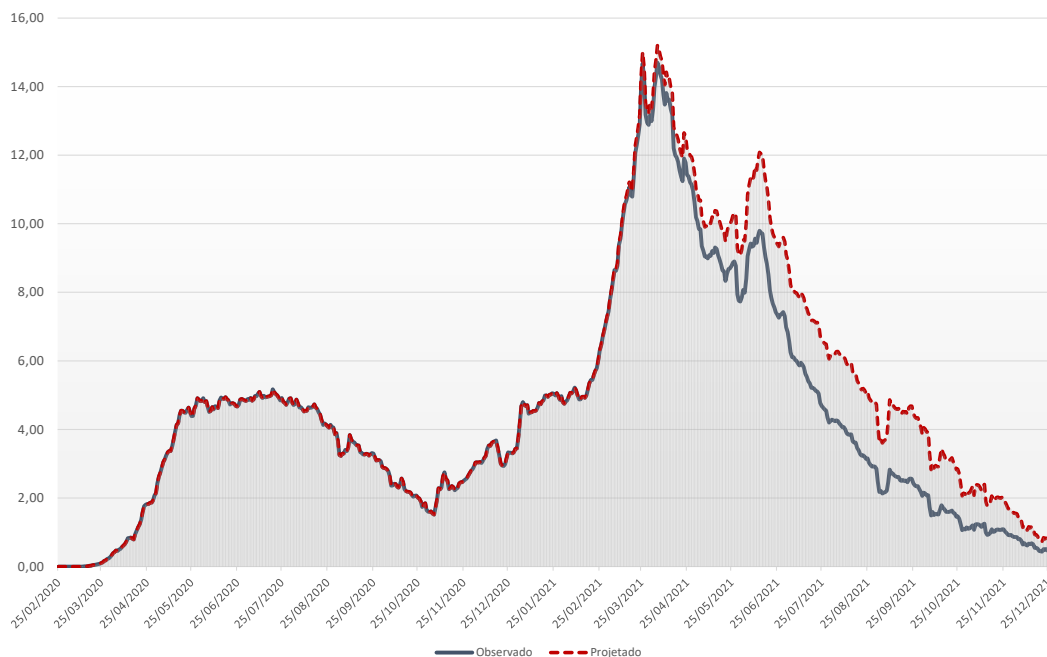
Fonte: elaboração pelos autores.

Figura 17: Cenário 3 - Óbitos diários por COVID-19 no Brasil, por milhão de habitantes e em média móvel de 7 dias



Fonte: elaboração pelos autores.

Figura 18: Cenário 4 - Óbitos diários por COVID-19 no Brasil, por milhão de habitantes e em média móvel de 7 dias



Fonte: elaboração pelos autores.

Destaca-se, novamente, que os efeitos de cenários distintos de vacinação em relação ao efetivamente observado seriam ainda mais expressivos se o período considerado pelo modelo incorporasse o ano de 2022, quando circulou, no Brasil, a variante *ômicron*, responsável por um maior número de reinfecções, seja por sua maior infectividade, seja pela redução de anticorpos adquiridos por pessoas previamente contaminadas.

2.5 Como usar a planilha e manejar o modelo

Uma das propostas deste artigo é permitir ao leitor produzir seus próprios cenários hipotéticos em termos de evolução de casos e óbitos por COVID-19, a depender da velocidade e alcance da vacinação, do estabelecimento e eficácia de medidas de distanciamento e da infectividade de distintas variantes que pudessem ter circulado entre a população brasileira. Embora este propósito não tenha uma função preditiva, já que o modelo contempla um período já encerrado quando de sua divulgação, intui-se cumprir outras contribuições.

Em primeiro lugar, espera-se que este modelo possa ser usado como inspiração para futuros esforços relacionados à propagação de outros agentes patogênicos. As engrenagens e a interação lógica entre variáveis construídas podem ser adaptadas inclusive para a nova realidade que emerge quanto à circulação do coronavírus causador da COVID-19, isto é, com novas doses de vacina sendo aplicadas, com novas variantes passando a circular e com novos padrões em termos de medidas de distanciamento, a saber, o eventual uso permanente de máscaras por parte da população, em contraposição a decisões governamentais de fechamento da economia e restrição a aglomerações. Espera-se, ainda, que o modelo possa ser utilizado para avaliar, em perspectiva, quais teriam sido os impactos, sobre casos e mortes, caso algum dos parâmetros tivesse sido diferente daquele observado, como por exemplo, caso medidas de lockdown jamais tivesse sido estabelecidas ou vacinas jamais tivessem sido aplicadas. Neste sentido, o manejo da planilha faz-se útil e prático.

O arquivo em Excel contém oito abas, sendo cinco delas correspondentes aos gráficos que resultam da projeção:

- i) Aba “Modelo”: compila as variáveis e os parâmetros projetados. Eles estão divididos em quatro grupos e mais um teste de consistência, além das datas do período abarcado;
- ii) Aba “Preenchimento”: destina-se ao preenchimento, pelo usuário, das informações que alimentarão as variáveis exógenas utilizadas;
- iii) Aba “Realizado x Projetado”: sob o intuito de apresentar um resumo de referenciais comumente utilizados para avaliar a evolução da pandemia, reúne dois conjuntos importantes de dados do modelo – óbitos e taxa de transmissão efetiva são representados, cada qual, para os cenários “realizado” e “projetado”;
- iv) Aba “Novos óbitos”: representa graficamente os óbitos registrados a cada novo dia de pandemia;

- v) Aba “Óbitos Acumulados”: representa graficamente os óbitos totais acumulados a cada dia de pandemia;
- vi) Aba “ R_t e b ”: apresenta o gráfico que indica a evolução da taxa de transmissão diária ‘ b ’ e da taxa de transmissão efetiva R_t ;
- vii) Aba “ $S \times I \times R$ ”: indica graficamente a evolução das parcelas de pessoas suscetíveis, infectadas e removidas na população;
- viii) Aba “Infectados”: mostra a evolução do estoque de infectados numa escala que permite melhor visualização e que pode ser usada como medida mais acurada dos novos casos registrados, usualmente apresentados em avaliações da pandemia. Enquanto os indicadores conhecidos de novos casos estão restritos às pessoas infectadas que, ao apresentarem sintomas, fizeram testes de diagnóstico da doença, os “novos infectados” consistem numa contribuição original deste modelo, já que obtêm a quantidade de infectados a cada momento a partir dos óbitos ocorridos, indicador que, em tese, tem menor subestimação.

A aba ‘Modelo’ é constituída, além das datas correspondentes ao período contemplado, pelas variáveis construídas para a projeção, cada qual disposta em uma coluna. Tais variáveis podem ser divididas em quatro grupos, conforme indica a Figura 19:

Figura 19: Coluna da aba 'Modelo': parâmetros e variáveis da base de dados

Colunas	Parâmetros e variáveis	Grupo
B	Datas	
C	Taxa de transmissão diária (b)	Parâmetros
D	Taxa de transmissão diária (MM 7 dias)	
E	Taxa de recuperação diária (k)	
F	Estoque de suscetíveis (s)	Variáveis de estoque
G	Estoque de infectados (i)	
H	Estoque de removidos ($r = r1 + r2 + r3 + r4 + r5$)	
I	Estoque de recuperados (r1)	
J	Estoque de imunizados com 1ª dose (r2)	
K	Estoque de imunizados com 2ª dose (r3)	
L	Estoque de imunizados com dose de reforço (r4)	Variáveis de fluxo
M	Óbitos acumulados (r5)	
N	Novos infectados (ni)	
O	Novos recuperados (nr)	
P	Novos imunizados com 1ª dose (imu_1)	
Q	Novos imunizados com 2ª dose (imu_2)	
R	Novos imunizados com dose de reforço (imu_3)	Variações dos estoques
S	Novos óbitos (no)	
T	Variação de suscetíveis (ds/dt)	
U	Variação de infectados (di/dt)	
V	Variação de removidos (dr/dt)	
W	Testes de consistência ($st + it + rt = 1$)	

Fonte: elaborado pelos autores.

Como a taxa 'b' registrada pode variar bruscamente ao longo dos dias, faz-se conveniente a utilização de uma média móvel de 7 dias, tornando sua oscilação menos instável. Esta média móvel está representada na coluna D. A terceira coluna (E) apresenta a taxa de recuperação diária (k) de pacientes da doença. As duas colunas seguintes (G e H, respectivamente) apresentam o estoque de pessoas infectadas (i) e de pessoas removidas pelo modelo (r), que se iniciam em 0% antes da confirmação oficial do primeiro caso de COVID-19 no Brasil (GOVERNO FEDERAL DO BRASIL, 2020) e aumentam gradualmente conforme o vírus se espalha pela população e conforme pessoas infectadas recuperam-se, morrem ou são vacinadas. Estas situações representam subgrupos dispostos nas colunas seguintes. A coluna I apresenta o estoque de pessoas recuperadas (r1), as colunas J, K e L indicam o estoque de pessoas imunizadas respectivamente com 1ª dose (r2), com 2ª dose (r3) e com a dose de reforço (r4), e a coluna M contém os óbitos acumulados (r5).

O terceiro grupo da aba em questão corresponde aos fluxos que alimentam as variáveis de estoque, chamados de variáveis de fluxo, também em porcentagem da população. A coluna N representa os novos infectados (ni) a cada dia, isto é, indivíduos que saem da condição de suscetíveis por contraírem o vírus. A coluna seguinte (O) indica os novos recuperados (nr), que consistem em pessoas que se recuperam diariamente da COVID-19 e, assim, que passam a compor o estoque de removidos (r). A coluna P, Q e R apresentam, respectivamente, os novos imunizados com 1ª dose (imu_1), os novos imunizados com 2ª dose (imu_2) e os novos imunizados com a dose de reforço (imu_3), que são as pessoas que receberam as doses indicadas há 14 dias, período considerado como mínimo para a aquisição de anticorpos após a aplicação dos imunizantes (CDC, 2022b). A última variável de fluxo está representada na coluna S, que indica os novos óbitos (no) ocorridos a cada dia, isto é, a porcentagem da população que migra diariamente do estoque de infectados (i) para o estoque de removidos (r).

O quarto e último grupo da planilha expressa a variação dos estoques de suscetíveis (ds/dt), infectados (di/dt) e removidos (dr/dt), respectivamente nas colunas T, U e V. Tais variações se dão através do impacto de variáveis de fluxo sobre estes estoques.

A última coluna (W) da aba 'Modelo' tem um teste de consistência, responsável pela checagem da coerência entre as variáveis. O valor de 100% deverá constar em todos os dias, sinalizando que a soma entre o estoque de suscetíveis, de infectados e de removidos é igual à população total considerada.

Além das datas contempladas, a aba 'Preenchimento' apresenta espaços onde o usuário deve imputar informações que alimentarão o modelo. A Figura 20 indica as colunas existentes.

Figura 20: Colunas da aba 'Preenchimento'

Colunas	Parâmetros e variáveis	Grupo
B	Datas	
C	Comportamento da população	Insumos para parâmetro 'b'
D	Infecciosidade do vírus	
E	Coronavac - 1ª dose	Novos vacinados, por vacina e dose
F	Coronavac - 2ª dose	
G	Astrazeneca - 1ª dose	
H	Astrazeneca - 2ª dose	
I	Pfizer - 1ª dose	
J	Pfizer - 2ª dose	
K	Janssen - 1ª dose	
L	Dose de reforço - Doses aplicadas	
M	Dose de reforço - Eficácia adicional ponderada	
O	Imunizante	Eficácia dos imunizantes
P	1ª dose	
Q	2ª dose	
R	Dose de reforço	

Fonte: elaboração pelos autores.

As colunas C e D são constituídas por insumos que, combinados, resultam na taxa de transmissão 'b', presente no modelo. Como mencionado anteriormente, 'b' indica a quantidade de indivíduos que serão contaminados diariamente por uma pessoa infectada, durante seu período contagioso. O valor desta taxa corresponde a uma combinação entre o comportamento humano, que inclui hábitos culturais, de higiene e rotineiros e interferem, assim, na velocidade de disseminação da doença, e a infectividade do vírus, que variam a depender das características biológicas da cepa predominante numa população.

O comportamento humano consiste num indicador com alto grau de subjetividade e difícil medição, uma vez que se propõe a medir a intensidade e amplitude das precauções que a população toma a cada momento para evitar a transmissão do vírus. As medidas de cuidado pessoal, como uso de máscaras e saneamento das mãos não tendem a variar bruscamente durante a pandemia, dentro de uma mesma população e, assim, serão consideradas como constantes. Medidas coletivas de contenção da disseminação do vírus, normalmente organizada por governos, podem variar, no entanto. O decreto de *lockdowns*, o estabelecimento de limite de ocupação para os mais variados estabelecimentos e as restrições de funcionamento ao comércio, que visam impedir

aglomerações, foram utilizados e revogados várias vezes ao longo dos quase dois anos contemplados pelo modelo, resultando inclusive em consequências à atividade econômica. A medição da intensidade destas medidas é, contudo, também difícil de ser feita. Por não possuir uma unidade de medida definida, o valor da coluna C será, assim, sempre uma referência ao valor de uma data-base (30/12/2020), igual a 1. Quando seu valor cresce, há maior contato entre as pessoas e maior potencial de circulação do vírus; quando seu valor decresce, os indivíduos estão relativamente mais isolados, o que reduz as chances de transmissão.

Um referencial útil para dosar o valor do comportamento da população são os indicadores de mobilidade, como aqueles compilados pelos relatórios do Google Mobility (2022) e que serviram de base para o Indicador de Permanência Domiciliar, criado por Barreto (2021). Eles utilizam os dados registrados pelos sistemas de posicionamento global (GPS) de aparelhos celulares particulares junto às informações geográficas da plataforma Google Maps para estimar a quantidade de pessoas presentes em diferentes locais, tais quais endereços comerciais, estações de transporte público, locais de trabalho, áreas públicas e/ou de lazer (como parques) e residências. A partir da variação da quantidade de pessoas nestes lugares é possível traçar uma *proxy* da intensidade de aglomeração que uma determinada cidade ou região tem em um determinado momento.

Para a coluna D, como havia, na maior parte do período que o modelo abrange, mais de uma variante circulante do coronavírus no Brasil, o ideal seria utilizar a infectividade média, ponderada pela participação de cada cepa a cada momento. A indisponibilidade de dados precisos tanto a respeito da capacidade de cada variante de infectar novas pessoas, quanto da participação delas a cada momento torna este cálculo difícil de ser realizado. O modelo sugere, então, que o usuário da planilha possa prever diferentes cenários heterogêneos relativos à questão, como, por exemplo, a disseminação de um rol de variantes que seja, em seu conjunto, 100% mais infecciosa do que o conjunto de variantes antes circulante. O aparecimento de cepas muito mais infecciosas do que outras tende a resultar, no entanto, em cenários em que só esta cepa corresponde à totalidade ou à quase totalidade dos casos de COVID-19.

As colunas E até K são destinadas ao preenchimento de informações relativas à vacinação, separadas pelos diferentes fabricantes e pelas doses correspondentes. A coluna

L reserva um espaço para registrar as doses de reforço aplicadas a cada dia, com forma de preenchimento especial. Para evitar que o modelo se complexifique em demasiado, não se distinguirá o fabricante da vacina. O prejuízo desta simplificação é pequeno, já que quase 90% das doses de reforço aplicadas em 2021 utilizou o imunizante da Pfizer. A quantidade de doses aplicada diariamente pode ser obtida através do Vacinômetro COVID-19 (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2022) ou na própria planilha disponibilizada pelo artigo, na qual este campo já se encontra preenchido.

As colunas O até R sinalizam os dados de efetividade das vacinas utilizadas no Brasil para cada uma das doses aplicadas. Para doses de reforço, considera-se uma taxa de efetividade única, independente da dose aplicada, pelo motivo relatado no parágrafo anterior. Ainda que as vacinas tenham diferentes efetividades para diferentes grupos populacionais e para distintos graus de gravidade da COVID-19, o modelo utiliza uma taxa de efetividade global média dos imunizantes contra óbitos. Sabe-se que esta pressuposição é uma simplificação dos efeitos do imunizante, que possuem efetividade ainda maior contra a transmissão viral, elemento também importante para o resultado da projeção.

Na aba ‘Realizado x Projetado’ o leitor encontrará um resumo de indicadores que expressam resultados importantes do modelo, uma vez imputadas as informações requeridas. Estes indicadores podem ser comparados aos dados reais observados no transcorrer da pandemia, disponíveis, dentre outras fontes, no site Our World in Data (2021a). Neste sentido, esta aba divide-se em duas tabelas. Entre as colunas C e I estão os dados realizados e entre as colunas K e Q dispõem-se dados gerados endogenamente pelo modelo. A coluna B indica as datas para estas informações. Como se pode notar, as duas tabelas constituem-se dos mesmos indicadores (Figura 21):

Figura 21: Indicadores da aba ‘Realizado x Projetado’

Colunas	Grupo	Subgrupo	Parâmetros e variáveis
B			Datas
C	Realizado	Óbitos	Óbitos diários
D			Óbitos diários - média móvel de 7 dias (MM 7 dias)
E			Óbitos diários por milhão de habitantes- média móvel de 7 dias (MM 7 dias)
F			Óbitos acumulados
G			Óbitos acumulados por milhão de habitantes
H			Taxa de
I		transmissão efetiva	Rt - média móvel de 7 dias (MM 7 dias)
K		Projetado	Óbitos
L	Óbitos diários - média móvel de 7 dias (MM 7 dias)		
M	Óbitos diários por milhão de habitantes- média móvel de 7 dias (MM 7 dias)		
N	Óbitos acumulados		
O	Óbitos acumulados por milhão de habitantes		
P	Taxa de		
Q	transmissão efetiva		Rt - média móvel de 7 dias (MM 7 dias)

Fonte: elaboração pelos autores.

No Brasil, há uma frequente defasagem temporal entre a ocorrência de um óbito por COVID-19 e o seu registro pelas secretarias de saúde das mais diversas localidades. Em função da maior disponibilidade deste último dado em relação ao primeiro, a ampla maioria das interpretações acerca da evolução da pandemia no país utiliza a data de registro como referência, o que também é o critério adotado por este modelo. O primeiro dos indicadores (‘Óbitos diários’) de cada uma das tabelas – realizado e projetado – refere-se, assim, aos óbitos registrados na data indicada. ‘Óbitos diários (MM 7 dias)’, por sua vez, refere-se à média móvel dos óbitos diários, obtida numa base de 7 dias, que suaviza as oscilações provocadas pelo acúmulo de óbitos a serem registrados após os finais de semana⁹. Em ‘Óbitos diários por milhão de habitantes (MM 7 dias)’, o leitor encontra a divisão do último indicador pela população brasileira em milhão de habitantes¹⁰, o que permite comparações internacionais com países de populações de

⁹ Nos finais de semana, os registros de óbitos são reduzidos por conta da redução da quantidade de funcionários e do fechamento de órgãos públicos destinados a estas tarefas nos municípios brasileiros.

¹⁰ No caso, a divisão realizada é da média móvel de 7 dias dos óbitos diários por 211,755692, que é a população brasileira projetada pelo IBGE (2020) para 1º de julho de 2020 dividida por 1.000.000.

diferentes tamanhos. ‘Óbitos acumulados’ somam todos os óbitos por COVID-19 ocorridos desde o início da pandemia até um determinado dia. ‘Óbitos acumulados por milhão de habitantes’ é o mesmo indicador, proporcional ao tamanho da população brasileira, também para comparações com outros países.

As abas restantes da planilha disponibilizada são reservadas à representação gráfica dos resultados do modelo, tais como apresentados nas seções anteriores. Além do gráfico da quantidade de óbitos (observado e projetado), o leitor encontrará a quantidade de óbitos acumulados, isto é, totais (observado e projetado), a evolução das taxas de transmissão diária e de reprodução (b e R_t), a evolução dos estoques de suscetíveis, infectados e removidos (observado e realizado) e a evolução do estoque de infectados, num formato que permite melhor visualização de suas oscilações ao longo da pandemia.

2.6 Limitações metodológicas do modelo

O modelo apresentado neste artigo não teve a ambição de prever com precisão a evolução da pandemia no Brasil, conforme já discutido. A quantidade de óbitos e casos de infecção diários dependem de uma série de fatores conhecidos, tais como o que foi chamado, nesta pesquisa, de “comportamento da população” e de “infectividade do vírus”, e desconhecidos, uma vez que as várias áreas da ciência que estabelecem interface com a pandemia têm um longo caminho para desvendar características próprias do coronavírus causador da COVID-19, bem como das reações do organismo humano a este agente patológico ou mesmo aos imunizantes produzidos pelos fabricantes das vacinas. Elementos climáticos, duração de anticorpos naturais e induzidos pela vacinação, fatores de risco atrelados ao agravamento da doença – todas estas são questões sobre as quais a ciência avançou de forma importante depois de mais de dois anos do início pandemia, mas acerca das quais ainda há muito a avançar.

O objetivo do modelo aqui exposto é, assim, prover instrumentos para delimitar balizas que representem cenários extremos – mais pessimistas, com piora aguda da pandemia, e mais otimistas, com menor circulação do vírus e menor quantidade de óbitos. Ainda assim, é importante esclarecer as limitações metodológicas desta ferramenta, as quais não

puderam ser solucionadas seja por uma escolha de evitar que o modelo se tornasse demasiado complexo, seja pela impossibilidade de resolver determinadas questões.

A primeira dessas dificuldades metodológicas tem relação com os registros de óbitos utilizados em parte do modelo, coletados do site OUR WORLD IN DATA (2021a). Tais informações correspondem não ao dia de falecimento de cada uma das vítimas da COVID-19, mas ao dia de registro destas mortes. Como o modelo faz o cálculo de novos infectados e recuperados por dia a partir dos dados de óbitos, o trajeto tomado pelas curvas que caracterizam a evolução da epidemia, bem como as taxas de transmissão diária ‘b’ e de transmissão efetiva R_t , pode ser distinto daquele que se teria caso óbitos fossem registrados no dia em que ocorressem, de fato.

A internação de pacientes também remete a um obstáculo para a previsão. A COVID-19 mostrou-se doença com grande variância de consequências para o organismo das pessoas infectadas, o que dificulta a medição e o conhecimento do tempo médio de internação. Sem esta informação, perde-se alguma confiança na estimativa do período para recuperação da doença e do momento de óbito – elementos necessários para determinar a transferência de indivíduos do estoque de suscetíveis para o estoque de removidos do modelo. Tal dificuldade também é alimentada pelo desconhecimento do tempo médio em que um paciente em estado grave pode transmitir o vírus. Muitos dos óbitos ocorrem em virtude de complicações da COVID-19 que surgem quando o indivíduo já não tem capacidade de infectar outras pessoas. O isolamento e os cuidados sanitários providenciados em vários hospitais também reduzem as chances de que estes pacientes transmitam o vírus aos profissionais de saúde envolvidos no tratamento. Ainda assim, é difícil realizar uma previsão do tempo médio de transmissibilidade e das chances em que a transmissão pode ocorrer nestes casos.

Outro obstáculo para a previsão são as diferentes taxas de mortalidade observadas para diferentes grupos populacionais. Sabe-se que o grupo de risco para a COVID-19 é formado por idosos, hipertensos, diabéticos, pessoas obesas, pessoas com problemas respiratórios, dentre outros indivíduos (MINISTÉRIO DA SAÚDE DO BRASIL, 2021b). Ao considerar a população brasileira de forma homogênea, o modelo apresentado perde um pouco de capacidade explicativa com relação à evolução dos óbitos, especialmente. Este problema é contornado com o cálculo de uma taxa média de mortalidade, conforme

exposto anteriormente. A estimação da quantidade de infectados a partir dela, respeitando uma defasagem temporal média entre a infecção e o óbito é uma inovação deste modelo em relação a outros.

Os dois parâmetros que necessitam de estimativas para que componham a taxa de transmissão diária ‘b’ – o comportamento da população e a infectividade do vírus – também são motivos de limitações metodológicas. Ambos são variáveis de difícil medição, não somente por não possuírem unidade de medida – o que é contornado pelo uso de um valor de referência para uma determinada data -, mas também pela baixa capacidade de mensurar o grau em que contribuem, a cada momento, para a transmissão do vírus. Em relação ao comportamento da população, instrumentos conseguem estabelecer *proxies* do que seria a frequência de encontros entre as pessoas ao medir sua mobilidade diária. O Google Mobility (2022), por exemplo, presta este serviço, gerando relatórios baseados numa mensuração da quantidade de pessoas presentes em diferentes locais a partir dos sistemas de posicionamento global (GPS) de aparelhos celulares. A ferramenta não é capaz de calcular, no entanto, a quantidade e qualidade dos encontros que uma determinada quantidade de pessoas estabeleceu num determinado dia – isto é, se as pessoas que frequentaram um estabelecimento comercial estavam próximas umas das outras, usavam máscaras ou estiveram juntas exatamente no mesmo momento. Estes e outros elementos são importantes para determinar as chances de infecção pelo coronavírus causador da COVID-19.

Outra proxy utilizada é o desempenho econômico de setores de atividade em que o ato de consumo requer a presença física do consumidor. O uso de dados de receitas de restaurantes, bares, salões de cabelereiro e outros serviços *intensivos em contato* pode revelar se, num determinado período, uma população está mais ou menos confinada em casa. Esta estratégia ainda não resolve, contudo, o problema de conhecimento da quantidade média de contatos diários por pessoa, nem da qualidade destes contatos em relação às chances de transmissão do vírus.

Quanto às características biológicas do vírus que influenciam em sua capacidade de penetrar e se multiplicar em novos organismos, a dificuldade reside no vasto conjunto de questões que ainda precisa ser respondido pela ciência. Ainda que pistas a respeito da infectividade do vírus tenham sido obtidas, não há informações precisas quanto a este

tema, o que é agravado pelo surgimento de novas variantes que se proliferaram por possuírem mutações que facilitavam a transmissão. No caso brasileiro, o primeiro semestre de 2020 foi momento em que havia expectativa de que a variante *delta* ganhasse espaço entre os casos de COVID-19. A versão *ex-ante* do modelo teve dificuldades, no entanto, de estimar qual seria a infectividade desta cepa, bem como qual seria a velocidade com a qual ela se alastraria.

Os anticorpos e as vacinas consistem em novos obstáculos para a presente pesquisa. Em primeiro lugar, desconhece-se, ainda, a duração das imunidades médias natural e mediante vacinação mantidas pelos indivíduos. Hoje sabemos que a incidência de casos de reinfecção e de infecção após a aplicação da vacina é bastante alta, mas ainda não se sabe com qual frequência isso ocorre – e, no caso da imunidade induzida, qual é o efeito sobre a capacidade de transmissão do vírus. Em segundo lugar, o modelo considera que a aplicação do imunizante gera um ganho abrupto de anticorpos 14 dias após sua aplicação. O que ocorre, no entanto, é o desenvolvimento gradual de anticorpos neste período, os quais podem, eventualmente, impedir a infecção ou agravamento de uma potencial infecção. Em terceiro lugar, o modelo não considera as distintas efetividades da vacina para diferentes grupos de pessoas, como os grupos etários, e para casos leves, moderados e graves. Considera-se que todos os vacinados passam a ter imunidade a uma taxa correspondente à efetividade global de cada imunizante, que representa uma média de todas as situações presentes na fase III de testes.

Um último limite a ser destacado no modelo tem relação com a população total considerada para os indicadores utilizados. Com exceção da taxa de transmissão ‘b’ (diária e em média móvel de 7 dias), da taxa de recuperação ‘k’ e da taxa de transmissão efetiva R_t , todos eles são expressos em porcentagem da população brasileira, representada de acordo com a estimativa do IBGE (2020). É evidente que esta população se altera ao longo da pandemia, seja por conta de nascimentos e óbitos que já ocorreriam se o vírus causador da COVID-19 não existisse, seja em virtude da própria doença, que promoveu uma grande quantidade de mortes, mas também uma mudança em termos de planejamento familiar. Considera-se, no entanto, que as diferenças negligenciadas em relação à população total são residuais, não ocasionando prejuízos críticos à previsão.

Referências Bibliográficas

ARONSON, J.K.; BRASSEY, J.; MAHTANI, K.R. (2020). “**When will it be over?**”: An introduction to viral reproduction numbers, R0 and Re. The Centre for Evidence-Based Medicine. Disponível em: <https://www.cebm.net/covid-19/when-will-it-be-over-an-introduction-to-viral-reproduction-numbers-r0-and-re/> .

ARROYO-MARIOLI, F.; BULLANO, F.; KUCINSKAS, S.; RONDON-MORENO, C. (2021). **Tracking R of COVID-19: A new real-time estimation using the Kalman filter.** PLoS ONE 16(1): e0244474. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0244474> .

BARRETO, I. C. de H. C. *et al.* (2021). Colapso na Saúde em Manaus: o fardo de não aderir às medidas não farmacológicas de redução da transmissão da COVID-19. **SciELO Preprints.** Disponível em: <https://preprints.scielo.org/index.php/scielo/preprint/view/1862/version/1975> . Acesso em 27. jun. 2022.

BBC NEWS (2021). **Enfermeira de SP é a 1ª vacinada do país; Doria e Pazuello trocam farpas.** Disponível em: <https://www.bbc.com/portuguese/brasil-55699131> . Acesso em 23. fev. 2022.

BYRNE, A. W. *et al.* (2020). Inferred duration of infectious period of SARS-CoV-2: rapid scoping review and analysis of available evidence for asymptomatic and symptomatic COVID-19 cases. **BMJ Journals**, v. 10, n. 8, 5. ago. 2020. Disponível em: <https://bmjopen.bmj.com/content/10/8/e039856.info> . Acesso em 10.fev. 2022.

CDC – Centers for Disease Control and Prevention (2021a). **COVID-19 Pandemic Planning Scenarios.** Disponível em: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/hcp/planning-scenarios.html> . Acesso em 09.fev. 2022.

CDC – Centers for Disease Control and Prevention (2021b). **COVID-19 Vaccines are Effective.** Disponível em: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/vaccines/effectiveness/index.html> . Acesso em 27.jun. 2022.

CDC – Centers for Disease Control and Prevention (2022a). **Ending Isolation and Precautions for People with COVID-19: Interim Guidance.** Disponível em: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/hcp/duration-isolation.html> . Acesso em 09. jun. 2022.

CDC – Centers for Disease Control and Prevention (2022b). **Interim Clinical Considerations for Use of COVID-19 Vaccines Currently Approved or Authorized in the United States.** Disponível em: <https://www.cdc.gov/vaccines/covid-19/clinical-considerations/covid-19-vaccines-us.html> . Acesso em 09. fev. 2022.

COLLINS, J.; ABDELAL, N. (2020). **Spread of Disease.** Disponível em: <https://docplayer.net/133790020-Spread-of-disease-dr-julia-collins-and-nadia-abdelal.html>.

COVID-19 ANALYTICS (2022). **Previsão e Rt.** Disponível em: <https://covid19analytics.com.br/painel-de-resultados/> . Acesso em 27. jun.2022.

ECDC - European Centre for Disease Prevention and Control (2021). **Incubation period.** Disponível em: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/latest-evidence/infection> . Acesso em 23. fev. 2022.

GARCIA, M (2021). Covid-19: Intervalo da dose de reforço da vacina passa de 6 para 5 meses para todos os adultos. **G1.** Disponível em: <https://g1.globo.com/saude/coronavirus/vacinas/noticia/2021/11/16/covid-19-intervalo-da-dose-de-reforco-passa-de-seis-para-cinco-meses.ghtml>. Acesso em: 08.jun.2022.

GOOGLE MOBILITY (2022). **COVID-19 - Relatórios de mobilidade da comunidade.** Disponível em: <https://www.google.com/covid19/mobility/>. Acesso em: 09.fev.2022.

GOVERNO FEDERAL DO BRASIL (2020). **Brasil confirma primeiro caso do novo coronavírus.** Disponível em: <https://www.gov.br/pt-br/noticias/saude-e-vigilancia-sanitaria/2020/02/brasil-confirma-primeiro-caso-do-novo-coronavirus> . Acesso em 09.fev.2022.

HOWDON, D.; OKE, J.; HENEGHAN, C. (2020). **Estimating the infection fatality ratio in England**. The Centre for Evidence-Based Medicine. Disponível em: <https://www.cebm.net/covid-19/estimating-the-infection-fatality-ratio-in-england/> .

IBGE (2020). **Projeções da População (2020)** – Tabelas 2018 – Projeções da População do Brasil e Unidades da Federação por sexo e idade: 2010-2060 - Projeções da população por sexo e idades – atualizado em 06/04/2020. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/sociais/populacao/9109-projecao-da-populacao.html?=&t=resultados> . Acesso em 09. jun. 2022.

IMPERIAL COLLEGE COVID-19 RESPONSE TEAM (2020). **The Global Impact of COVID-19 and Strategies for Mitigation and Suppression**. Imperial College, 26. mar. 2020. Disponível em: <https://static.poder360.com.br/2020/03/Imperial-College-COVID19-Global-Impact-26mar2020.pdf>

INGLESBY, T. V. Public Health Measures and the Reproduction Number of SARS-CoV-2. **JAMA**, 323(21), pp. 2186 – 2187, 2020. Disponível em: <https://jamanetwork.com/journals/jama/fullarticle/2765665#:~:text=The%20effective%20reproduction%20number%20R,a%205%2Dday%20moving%20average>. Acesso em: 08.jun.2022.

JARA, A. *et al* (2022). Effectiveness of homologous and heterologous booster doses for an inactivated SARS-CoV-2 vaccine: a large-scale prospective cohort study. **The Lancet**, v. 10, n. 6, pp. 798-806, 01.jun.2022.

KOJIMA, N.; KLAUSNER, J. (2021). Protective immunity after recovery from SARS-CoV-2 infection. **The Lancet: Infectious Diseases**. v. 22, n. 1, p. 12-14, 01. jan. 2022. Disponível em: [https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099\(21\)00676-9/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099(21)00676-9/fulltext) . Acesso em: 08.jun.2022.

LACERDA, C.D.; CHAIMOVICH, H. (2020). **O que é imunidade de rebanho e quais as implicações?** Jornal USP. Disponível em: <https://jornal.usp.br/artigos/o-que-e-imunidade-de-rebanho-e-quais-as-implicacoes/> .

MINISTÉRIO DA SAÚDE DO BRASIL (2021a). **COVID-19 – Painel Coronavírus**. Disponível em: <https://covid.saude.gov.br/> . Acesso em: 10.fev.2022.

MINISTÉRIO DA SAÚDE DO BRASIL (2021b). **Coronavírus – Atendimento e fatores de risco**. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/atendimento-tratamento-e-fatores-de-risco> . Acesso em: 24.fev.2022.

MINISTÉRIO DA SAÚDE DO BRASIL (2022). **Vacinômetro COVID-19**. Disponível em: https://infoms.saude.gov.br/extensions/DEMAS_C19_Vacina_v2/DEMAS_C19_Vacina_v2.html# . Acesso em: 09.jun.2022.

MINISTERIO DE SALUD DE CHILE (2021). **Vacunas contra SARS- CoV-2 utilizadas en Chile mantienen altos niveles de efectividad para evitar hospitalización, ingreso a UCI y muerte**. Disponível em: <https://www.minsal.cl/vacunas-contrasars-cov-2-utilizadas-en-chile-mantienen-altos-niveles-de-efectividad-para-evitar-hospitalizacion-ingreso-a-uci-y-muerte/> . Acesso em: 24.jun.2022.

SMITH, D.; MOORE, L. (2004). **The SIR Model for Spread of Disease - The Differential Equation Model**. MAA Publications. Disponível em <https://www.maa.org/press/periodicals/loci/joma/the-sir-model-for-spread-of-disease-the-differential-equation-model> .

OFFICE FOR NATIONAL STATISTICS (2021). **Coronavirus (COVID-19) Infection Survey technical article: waves and lags of COVID-19**. Coronavirus (COVID-19) Infection Survey, Scientific Advisory Group for Emergences (SAGE) e Public Health England (PHE). Inglaterra, jun.2021. Disponível em: <https://www.ons.gov.uk/peoplepopulationandcommunity/healthandsocialcare/conditionsanddiseases/articles/coronaviruscovid19infectionsurveytechnicalarticle/wavesandlagsofcovid19inenglandjune2021> . Acesso em: 10.fev.2022.

OPAS – Organização Pan-americana de Saúde (2010). **Módulos de Princípios de Epidemiologia para o Controle de Enfermidades**.

https://bvsm.s.saude.gov.br/bvs/publicacoes/modulo_principios_epidemiologia_2.pdf.

Acesso em 09.mar.2022.

OUR WORLD IN DATA (2021a). **Coronavirus Pandemic (COVID-19)**. Disponível em: <https://ourworldindata.org/coronavirus#coronavirus-country-profiles> . Acesso em: 09.fev.2022.

OUR WORLD IN DATA (2021b). **Coronavirus (COVID-19) Vaccinations**. Disponível em: <https://ourworldindata.org/covid-vaccinations?country=BRA> . Acesso em: 23.fev.2022.

THE ECONOMIST (2021). The pandemic's true death toll. **The Economist – Graphic detail**, 2. nov. 2021. Disponível em: <https://www.economist.com/graphic-detail/coronavirus-excess-deaths-estimates> . Acesso em: 03. abr. 2022.

VERITY, R. et al. (2020). Estimates of the severity of coronavirus disease 2019: a model-based analysis. **The Lancet: Infectious Diseases**, v. 20, n. 6, p. 669-677, 01. jun. 2020. Disponível em: [https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099\(20\)30243-7/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099(20)30243-7/fulltext) . Acesso em: 10.fev.2022.

WORLDOMETER (2022). **COVID-19 Coronavirus - Age, Sex, Existing Conditions of COVID-19 Cases and Deaths – Age of Coronavirus Deaths - COVID-19 Fatality Rate by AGE**. Disponível em: <https://www.worldometers.info/coronavirus/coronavirus-age-sex-demographics/> . Acesso em: 25. ago. 2022.

ZHOU, F. et al. (2020). Clinical course and risk factors for mortality of adult inpatients with COVID-19 in Wuhan, China: a retrospective cohort study. **The Lancet**, v. 395, n. 10229, p. 1054 – 1062, 28. mar. 2020. Disponível em: [https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(20\)30566-3/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(20)30566-3/fulltext) . Acesso em: 10.fev.2022.