

A Required Isolation Index to Support the Health System during the Pandemic of Covid-19 in Minas Gerais, Brazil

A. F. Versiani, R. G. Sousa, P. T. Monteforte, J. J. S. Marciano, E. G. Nepomuceno, *Senior Member*, T. E. Nazaré, M. J. Lacerda, M. F. S. Barroso, M. A. Abdalla-Júnior, E. L. F. C. Alvarenga, N. C. Silva and A. M. Silva-Junior

Abstract—This paper addresses the effect of isolation on the spread of Covid-19 in the State of Minas Gerais, Brazil. The compartmental model SEIR (Susceptible, Exposed, Infectious, Recovered) has been employed. The parameters of the model have been estimated with the help of optimization techniques based on evolutionary strategies. From the model obtained, this work evaluates the impacts of reducing the isolation in the peak of infected people. Results show that the isolation has reduced the peak in 94%, which has played a crucial role in avoiding the health system collapse up to now. Moreover, around 70% of isolation guarantees a good quality of health system service to deal with the pandemic of Covid-19 according to the number of intensive care units and considering a reproductive number equals to 3.60. This is an important result to be considered during easing physical distancing measures.

Index Terms—Covid-19, Coronavirus, Mathematical epidemiology, Compartmental models.

I. INTRODUÇÃO

O impacto global da Covid-19 tem sido profundo e a ameaça à saúde pública tem sido considerada como a mais grave causada por um vírus respiratório desde a pandemia por influenza H1N1 de 1918, conhecida como “Gripe Espanhola” [1]. O enorme prejuízo econômico para os países, e principalmente, a perda de inúmeras vidas colocou a sociedade global diante de um enorme desafio [2], [3], [4].

Os coronavírus (CoVs) são vírus que englobam patógenos capazes de causar doenças transmissíveis em uma grande diversidade de vertebrados. Essas infecções podem ocorrer por via respiratória ou fecal-oral para diferentes hospedeiros susceptíveis, como bronquites em aves, gastroenterites em caninos e suínos, e graves neuropatias e hepatopatias em murinos [5]. Entretanto, os coronavírus humanos (HCoVs) eram considerados patógenos menos relevantes, sendo capazes de causar apenas quadros leves de resfriado comum. Este

panorama foi modificado em 2002, quando o vírus SARS-CoV foi descrito pela primeira vez na China. Ele causava um quadro de Síndrome Respiratória Aguda Grave (SARS) e foi capaz de se disseminar para 27 países – incluindo Ásia, América do Norte, América do Sul e Europa. Um segundo surto ocasionado por um HCoV emergente ocorreu em 2012, com a primeira descrição da Síndrome Respiratória do Oriente Médio (MERS-CoV) quando um paciente veio a óbito com pneumonia aguda e falência renal na Arábia Saudita. Em dezembro de 2019, foi identificado um terceiro HCoV emergente em um grupo de pacientes com pneumonia de causa desconhecida na China. A análise filogenética deste vírus o reconheceu como pertencente ao grupo do coronavírus tipo SARS, sendo posteriormente classificado como SARS-CoV-2, sendo o quadro clínico que ele gera denominado Covid-19 (Coronavírus disease 2019) [3].

Este vírus pode ser transmitido de uma pessoa infectada para uma sadia por intermédio de gotículas eliminadas por tosse ou espirro. Estas gotículas podem entrar em contato com a boca, o nariz ou o olho da pessoa sadia, ou podem ser depositadas em superfícies e assim gerar novos contágios quando estas são tocadas. Após as primeiras infecções, a expansão da doença apresenta um crescimento exponencial com um número de reprodução de base (R_0) que apresenta variação de 2,24 a 3,58. A manifestação dos sintomas ocorre entre 2,1 e 11,1 dias com um valor médio de 6,4 dias, a partir do dia de exposição [6]. Até o presente momento não existe tratamento e nem cura para a Covid-19, mas existem atitudes profiláticas para tentar conter a disseminação da doença. Entre os meios de prevenção podem ser citados, lavar frequentemente as mãos com água e sabão ou fazer a desinfecção com álcool na concentração de 70%, uso de máscaras que protegem a boca e as narinas, além de evitar o contato próximo e manter uma distância mínima de 2 metros de outras pessoas ao sair de casa.

Inúmeras frentes de pesquisas têm sido elaboradas para entendimento deste patógeno e seu combate, com evidente importância para aquelas que objetivam o desenvolvimento de novas vacinas [7]. Dentre outras importantes estratégias, a epidemiologia matemática tem proporcionado uma essencial ajuda às autoridades políticas e científicas. De fato, interesse em modelar doenças infecciosas tem sido objeto de inúmeros trabalhos em todo o mundo [8], [9]. A autora de [10] expressa a razão principal deste interesse ao dizer: “As principais razões para o estudo de modelos matemáticos da proliferação de doenças é a esperança de que uma melhor compreensão dos

A. F. Versiani, FAMERP, São José do Rio Preto, Brasil. *Email*: afversiani@gmail.com

R. G. Sousa, P. T. Monteforte, E. G. Nepomuceno, T. E. Nazaré, M. J. Lacerda, M. F. S. Barroso, E. L. F. C. Alvarenga, UFSJ, São João del Rei, Brasil. *Emails*: rosags@ufsj.edu.br, pris.farm@ufsj.edu.br, nepomuceno@ufsj.edu.br, thalitanazare@gmail.com, lacerda@ufsj.edu.br, barroso@ufsj.edu.br, erika.fisio@ufsj.edu.br

J. J. S. Marciano, Tigre Materiais e Soluções para Construção Ltda, Joinville, Brasil. *Email*: jim.marciano@tigre.com

M. A. Abdalla-Júnior, CES-CL, Conselheiro Lafaiete, Brasil. *Email*: marcosabdalla@yahoo.com.br

N. C. Silva e A. M. Silva-Junior - FUPAC, Conselheiro Lafaiete, Brasil. *Emails*: nayarachagas11@hotmail.com, adelmomsjunior@gmail.com

mecanismos de transmissão possa proporcionar estratégias de controle mais efetivas.”

A epidemiologia matemática mostrou-se decisiva na política para medidas mais restritivas de isolamento em países na Europa, como no Reino Unido. Cientistas do Imperial College London realizaram um conjunto de predições matemáticas que contribuíram para convencer o Primeiro Ministro Boris Johnson a mudar o curso de sua política [1]. Em linhas gerais, esse documento elaborou cenários epidemiológicos que podem ser sintetizados levando em conta a ação de controle adotada e o número de mortes esperado. Neste sentido, a epidemiologia matemática tem se beneficiado de técnicas e metodologias típicas de Engenharia e Ciências Exatas.

Os autores de [11] também chamam a atenção para um tema recorrente em encontros de lideranças globais: “Estar preparado para a próxima epidemia”. Segundo os autores, muito tem sido discutido, mas as implementações ainda carecem de maior atenção e o resultado deste despreparo está sendo visto por todos nos últimos meses. Segundo o autor de [12], a necessidade de mais esforços para aprimorar a habilidade mundial de lidar com epidemias não é uma discussão recente. Um outro importante aspecto a ser levado em conta na modelagem matemática é a própria natureza intrínseca de qualquer modelo matemático: *trata-se de uma aproximação*. Sendo uma aproximação, deve-se, sempre que possível apresentar os resultados dentro de um intervalo de confiança.

Além disso, o isolamento social deve ser visto como uma espécie de adiamento do pico da doença, não do impedimento do acontecimento da mesma. Em um texto sobre trabalhos de modelagem matemática e os impactos do isolamento social, os autores chamam a atenção de pesquisadores para o que eles definem como “ocultar infecções no futuro não é o mesmo que evitá-las” [13]. Assim é importante também verificar, ou tentar se antecipar, para cenários pós isolamento.

Neste aspecto, este trabalho emprega modelos compartimentais baseados na revisão feita em [14] para simular cenários do estado de Minas Gerais, Brasil. Esse estado representa uma das mais bem sucedidas políticas de enfrentamento da Covid-19 no Brasil, apresentando em 27 de Julho de 2020, uma taxa de 537 casos confirmados por cem mil pessoas. Significativamente inferior, quando comparado a estados como Roraima (4936), Rio de Janeiro (914) ou São Paulo (1062). Entretanto, situação de Minas Gerais é questionada em [15]. Segundo esses autores, Minas Gerais apresenta uma das menores taxas de realização de testes para Covid-19 do Brasil, o que pode impactar no número de casos confirmados e nas projeções aqui apresentadas neste trabalho. Dessa forma, aliado a necessidade econômica que pode pressionar o estado e seus municípios a diminuir a taxa de isolamento, o presente trabalho procura avaliar essa situação, empregando o modelo compartimental SEIR e técnicas de otimização evolutiva para estimar os parâmetros desse modelo. As simulações mostram que uma redução significativa da intensidade do pico foi obtida com as medidas de isolamento. De acordo com o número de leitos disponíveis, 70% de isolamento mostrou-se um valor satisfatório para taxas de reprodução de até 3,60.

Este artigo está dividido em seções para facilitar a

apresentação dos dados. A Seção II apresenta a fundamentação teórica do trabalho e a metodologia utilizada. A Seção III descreve os resultados, enquanto os comentários finais são discutidos na Seção IV.

II. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

A. Modelo SEIR

A Covid-19 é uma doença viral que apresenta um intervalo entre a infecção e o surgimento dos sintomas, denominado período de incubação. Uma forma de modelar este fenômeno dentro dos modelos compartimentais clássicos SIR é a inserção do compartimento de Expostos. Este compartimento agrega aqueles indivíduos que foram expostos à doença e que estão ainda em período de incubação. Este modelo compartimental recebe o nome de SEIR (Suscetíveis, Expostos, Infectados, Recuperados). O modelo SEIR é composto pelo seguinte conjunto de equações diferenciais:

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -(1-u)\frac{\beta S(t)I(t)}{N}, \\ \frac{dE(t)}{dt} &= (1-u)\frac{\beta S(t)I(t)}{N} - \alpha E(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \alpha E(t) - \gamma I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma I(t).\end{aligned}\tag{1}$$

Os termos $S(t)$, $E(t)$, $I(t)$, e $R(t)$, representam respectivamente o número de indivíduos suscetíveis, expostos, infectado e recuperados em um dado instante de tempo t . As categorias ou estado de cada indivíduo são detalhados a seguir:

- **Suscetíveis:** Parte da população que não foi infectada, porém pode adquirir a doença. Todos os novos indivíduos da população são inseridos nessa classe.
- **Expostos:** Indivíduos que tiveram contato com um infectado, porém ainda não são capazes de transmitir a doença, que se encontra em estado de incubação.
- **Infectados:** São indivíduos aptos a transmitir a doença, também chamados de infecciosos.
- **Recuperados:** Subpopulação que contraiu a doença e se recuperou. Este trabalho não presume que indivíduos desta classe voltem a ser infectados.

Para qualquer instante de tempo:

$$\frac{dS(t)}{dt} + \frac{dE(t)}{dt} + \frac{dI(t)}{dt} + \frac{dR(t)}{dt} = 0.\tag{2}$$

Matematicamente, denota que o tamanho da população é sempre constante. Sendo N o número de indivíduos da população, então:

$$N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t).\tag{3}$$

O parâmetro β é o parâmetro da infecção, corresponde a taxa de contatos entre dois indivíduos quaisquer em um dado instante de tempo. Já α é a taxa de incubação, que corresponde ao número de indivíduos em incubação ou assintomáticos que se tornam infectados. Em média, o período de incubação pode ser dado como $1/\alpha$. O termo γ é a taxa de recuperação e corresponde ao número de indivíduos infectados

que se tornam recuperados. Importante destacar, que por simplificação do modelo, considera-se nesta transição tanto indivíduos sintomáticos quanto assintomáticos. O parâmetro u modela a intervenção não farmacêutica (percentual de isolamento). Quando $u = 1$, o isolamento total é considerado, enquanto o caso $u = 0$ representa uma ausência de isolamento.

B. Algoritmo Genético

Os algoritmos genéticos (AG) são métodos de busca e otimização que foram fundamentados na teoria da evolução e sobrevivência de Darwin. Introduzidos por Holland [16] e popularizados por Goldberg [17], estes algoritmos são vistos como otimizadores de funções, e possuem como vantagem a simplificação na formulação e solução de problemas com elevado número de variáveis [17], [18].

O princípio de funcionamento dos AGs é análogo aos mecanismos de evolução de espécies por meio da mistura e alteração genética [17]. Na teoria de Darwin, os espécimes são selecionados de acordo com suas capacidades, determinado assim as pessoas com maior taxa de sobrevivência e posteriormente seu potencial de reprodução, uma vez que, o cruzamento de espécimes de alta taxa de adaptabilidade em seu meio possui maiores chances de obtenção de filhos com as mesmas características, aumentando assim a taxa de indivíduos com alta adaptabilidade na população [17].

Com o objetivo de selecionar sempre os mais adaptados, dentro de uma população, os AGs observam todas as características do indivíduo, a fim de obter as melhores combinações possíveis [19]. O processo de evolução do algoritmo é aleatório, porém ele segue uma estrutura de seleção determinada pela adaptação dos indivíduos, e demonstrada no fluxograma da Fig. 1.

A primeira etapa do fluxograma consiste na geração aleatória de indivíduos para população, que contempla possíveis soluções para o problema. Partindo para a etapa de avaliação, nesta serão analisados quais os melhores indivíduos da população, ou os que melhor se encaixam à solução do problema.

Na etapa de seleção, são escolhidos os progenitores, ou pais, para esta fase podem ser usados alguns distintos critérios de classificação, como arbitrariedade, roleta ou elitismo. No presente trabalho foi utilizada o critério roleta, que seleciona um indivíduo dada determinada probabilidade.

Já na etapa denominada cruzamento, ou *crossover*, ocorre o cruzamento dos progenitores para geração de novos indivíduos, chamados filhos. A etapa de cruzamento é uma das principais do AG e ocorre também segundo uma probabilidade definida.

A próxima fase, chamada mutação, seleciona de forma randômica, quais indivíduos sofrerão modificações. É válido salientar, que a nova população é integrada pelos indivíduos em sua forma original, e também mutada. A mutação se dá seguindo também probabilidade definida.

Estando a nova população selecionada e composta pelos n elementos iniciais, mais os filhos gerados e as mutações, a etapa de escolha é iniciada. Nela levando em consideração, o critério de melhor adaptabilidade, são escolhidos dentre toda a nova população os n indivíduos sobreviventes.

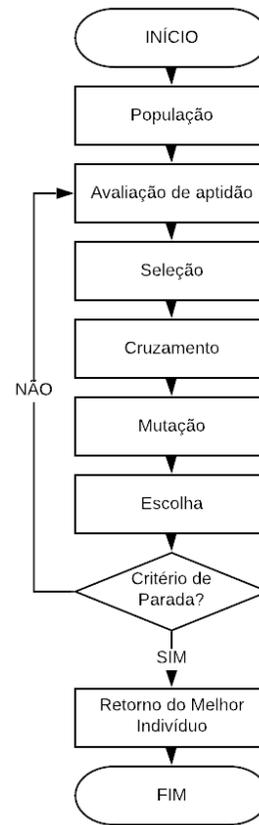


Fig. 1. Fluxograma de funcionamento do algoritmo genético. Em nosso caso, o erro de predição do modelo foi usado como critério de avaliação de aptidão das simulações do modelo SEIR.

Após terminada a etapa de escolha, verifica-se se o critério de parada foi atingido, e o ciclo irá se encerrar ou retornar na etapa de avaliação e assim permanecerá até que o critério de parada seja atingido e o algoritmo finalizado.

O fluxograma apresentado na Fig. 2 detalha as etapas de solução do modelo SEIR com a utilização do AG como um método de otimização para encontrar os melhores parâmetros de i) Taxa de Incubação; ii) Taxa de Reprodução; iii) Tempo de Infecção e iv) Distanciamento social.

III. RESULTADOS

Um aspecto fundamental da metodologia empregada neste trabalho é a estimativa de parâmetros. Como foi adotado o modelo compartimental SEIR, a determinação da estrutura, seguindo a reflexão adotada por [20], apesar de ser considerada uma das etapas mais importantes na identificação de sistemas, já está contemplada. Assim, a estimativa dos parâmetros do modelo SEIR é crítica. Na primeira parte dos resultados, apresenta-se uma análise das necessidades para contemplar o comportamento observado dos dados.

A. Estimativa dos Parâmetros

Ao analisar os dados reais disponíveis, foi possível verificar que há variações de tendências ao longo da curva. Esse fenômeno não permite ser determinado pelo estimador quando

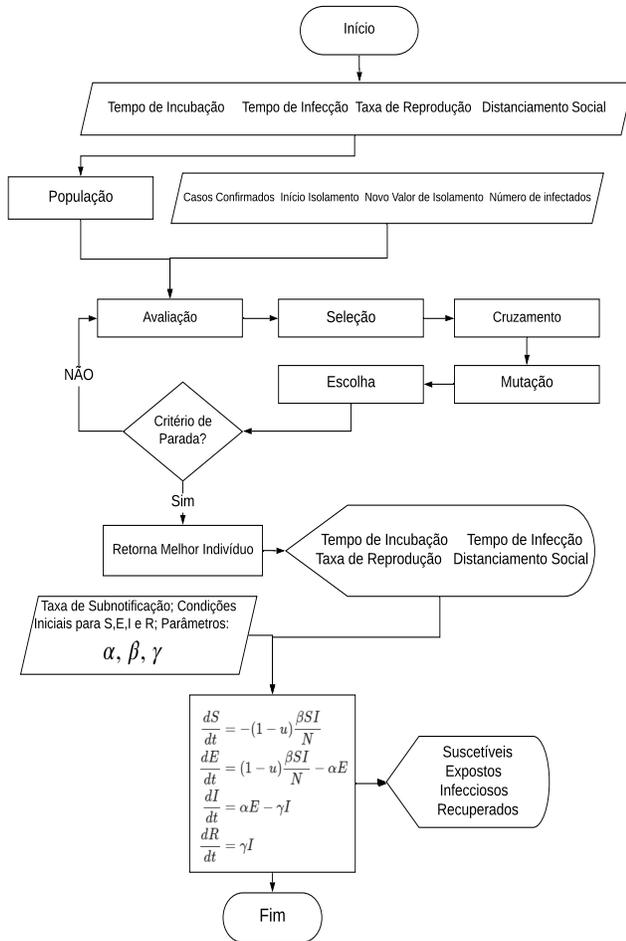


Fig. 2. Fluxograma de funcionamento da solução do modelo SEIR utilizando Algoritmo Genético para estimativa dos parâmetros: i) Taxa de Incubação; ii) Tempo de Infecção; iii) Taxa de Reprodução e iv) Distanciamento Social.

os dados são utilizados em batelada, ou seja, utilizando todo o conjunto de dados. Os parâmetros estimados com dados em batelada retornam valores médios, ou seja, o modelo simulado a partir destes parâmetros é um modelo que tende a representar, na média, de forma suave, a tendência geral dos dados. Este fato não permite avaliar as mudanças dinâmicas contidas nos dados, devido a variação das características dinâmicas como, por exemplo, variações no distanciamento social, ou na taxa de infecção, etc.

Por isso, para detectar a variação dos parâmetros de interesse ao longo da pandemia, uma estratégia foi avaliar a influência de cada uma das semanas epidemiológica para a estimativa dos parâmetros, ou seja, acrescentar dados semanalmente e avaliar a mudança nos parâmetros. Desta maneira é possível antecipar, de certa forma, a tendência de variação dos parâmetros de interesse, e assim, permitir uma tomada de decisão com uma semana epidemiológica de antecedência, por exemplo. Sendo assim, o algoritmo retorna dois tipos de parâmetros estimados: (i) em batelada e (ii) acumulativo.

TABLE I

VALORES ESTIMADOS VIA ALGORITMOS GENÉTICOS USANDO DADOS REAIS DE MINAS GERAIS. OBSERVE QUE O VALOR DA TAXA DE REPRODUÇÃO ESTÁ LIGEIRAMENTE ABAIXO DO VALOR TÍPICAMENTE ESPERADO NA FAIXA DE 2,24 A 3,58. A FAIXA INDICADA EM [14] FOI ANALISADA EM CENÁRIO GLOBAL NO INÍCIO DA PANDEMIA. MEDIDAS DE DISTANCIAMENTO SOCIAL ADOTADAS DE MODO GERAL AFETAM ESSA ESTIMATIVA, E ASSIM O VALOR AQUI ESTIMADO ENCONTRA-SE RAZOÁVEL. COM DADOS ATÉ FINAL DE MAIO, O VALOR OBTIDO PARA A TAXA DE REPRODUÇÃO FOI $R_0 = 3,60$.

Parâmetro Estimado	Símbolo	Valor
Taxa de reprodução	R_0	1,86
Período de incubação	τ_c	1,47
Período de Infecção	τ_i	1,28
Distanciamento Social	I_s	38,8

B. Cenários Investigados

Nesta seção são mostrados os resultados referentes ao Estado de Minas Gerais, sejam a respeito da estimativa dos parâmetros em batelada, seja acumulativo, com o intuito de avaliar o distanciamento social, sua importância para o achatamento da curva de infectados e também avaliando sua evolução ao longo das semanas epidemiológicas avaliadas. Os dados usados nesta seção são fornecidos pelo Ministério da Saúde do Brasil e se referem ao acumulado de casos especificamente do Estado de Minas Gerais. Estes são disponibilizados em batelada, por Estado da Federação e pode ser obtido por meio do sítio “Painel do Coronavírus” com acesso via <https://covid.saude.gov.br/>. E pelo Banco de dados compartilhados da FAPESP que faz parte do programa “COVID-19 Data Sharing/BR” em cooperação com a Universidade de São Paulo, Instituto Fleury, Hospital Sírio Libanês e Hospital Israelita Albert Einstein. A partir dos dados de Minas Gerais, em batelada, o estimador retornou os parâmetros disponíveis na Tabela I. Estes são parâmetros de interesse para a análise epidemiológica e os valores esperados devem estar dentro dos seguintes limites de referência: $0 \leq R_0 \leq 6$, $0 \leq \tau_c \leq 14$, $0 \leq \tau_i \leq 7$ e $0\% \leq I_s \leq 70\%$.

A Fig. 3 mostra a comparação entre os dados reais e os dados simulados com parâmetros estimados via algoritmos genéticos. É importante deixar claro que foram feitas estimativas em batelada, usando-se todo as semanas epidemiológicas. Fica evidente que o modelo é capaz de acompanhar a tendência exponencial de crescimento da epidemia no estado de Minas Gerais.

Ao utilizar uma estratégia semanal cumulativa, levando-se em conta as semanas epidemiológicas, é possível verificar que o isolamento varia de forma consistente. Durante a primeira semana epidemiológica, Minas Gerais o isolamento estimado é de mais de 50%. Quando as semanas epidemiológicas vão passando, também vai refletindo na capacidade do algoritmo de detectar tal isolamento. A variação até a última semana epidemiológica completa, mostra que depois das ações do governo estadual, o isolamento aumentou e tendeu a se manter. Entretanto, o nível máximo atingido foi de 57%, valor inferior aos patamares recomendados pela OMS (de aproximadamente 70%). Os valores de isolamento obtidos na Fig. 4 apresentam tendência de estabilidade ligeiramente superior a 45%. Simular

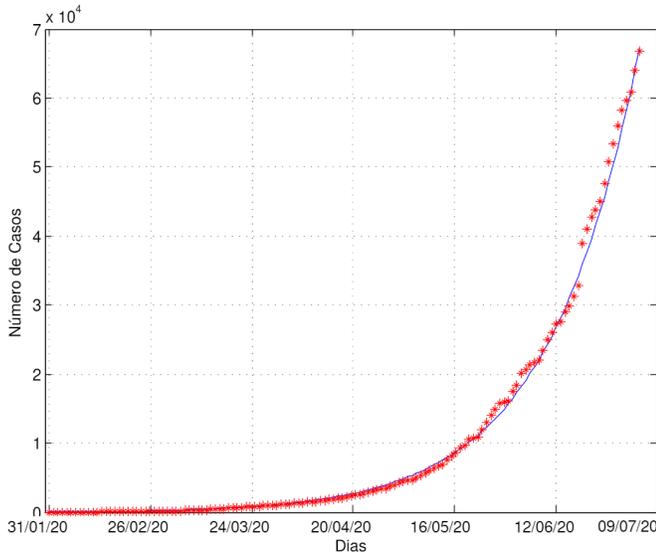


Fig. 3. Comparação entre Dados Reais (*) e Simulados (-), sendo que o eixo dos x é o tempo em dias e o eixo dos y é o total de infectados no estado de Minas Gerais, Brasil. O ajuste dos dados na fase exponencial é um aspecto positivo do modelo.

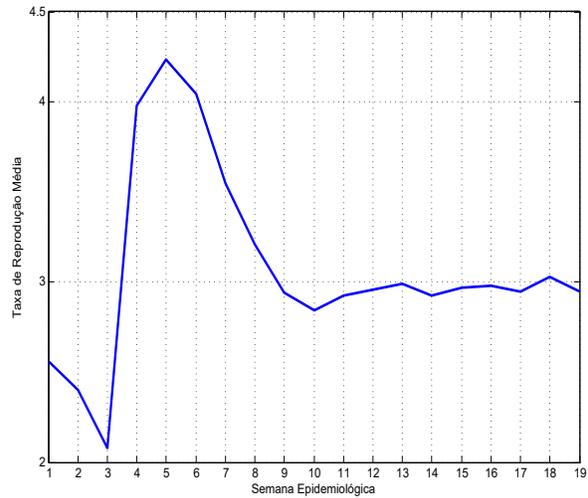


Fig. 5. Variação de R_0 estimado recursivamente por semana epidemiológica para o estado de Minas Gerais. Por essa simulação, fica evidente a importância do isolamento social que reduz essa taxa a níveis atuais.

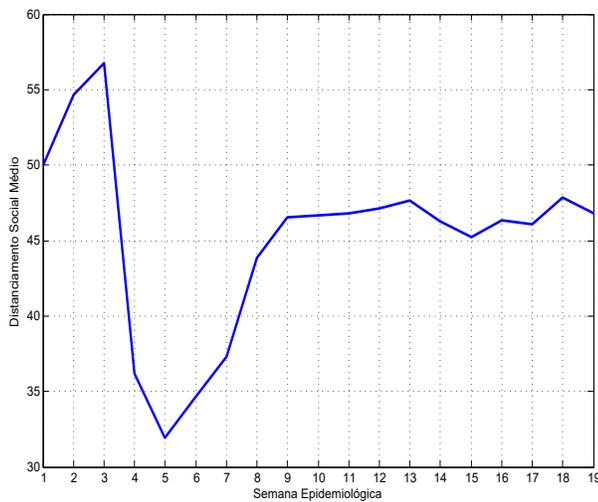


Fig. 4. Variação de I_s estimado recursivamente por semana epidemiológica. O valor ideal de 100% na primeira semana refere-se para a situação de ausência de novos casos.

situação é observada para a taxa de transmissão, como visto na Fig. 5.

Há uma percepção do algoritmo que a taxa de transmissão tem aumentado. No entanto, este efeito não é imediatamente sentido a partir do isolamento. Isso faz sentido, uma vez que o tempo de incubação pode chegar até 14 dias. No entanto é possível observar que uma tendência de queda da taxa de transmissão é sentida a partir o início da melhoria do isolamento. Os efeitos do relaxamento do isolamento serão totalmente sentidos apenas após duas semanas. O que, em um mês, poderá ocorrer uma variação da taxa de transmissão negativamente, com tendência de aumento devido ao relaxamento do isolamento, caso se mantenha a tendência. Para esta análise, não foram usados dados em batelada, mas a acumulação de

dados em janelas do tamanho de uma semana epidemiológica.

Faz-se necessário validar esta tendência em mais duas semanas epidemiológicas. Mas esta tendência de diminuição do isolamento e, com isso, aumento da taxa de transmissão, tem sido observada a partir de dados do observatório Inloco. É possível verificar, por meio da Fig. 6, que os efeitos do isolamento não são totalmente percebidos pelo estimador em batelada. No entanto, quando se observa a variação por semana epidemiológica, observa-se que o estimador capta as tendências de variação, com um atraso temporal. Pode-se conjecturar que isso se dê porque é necessário que os dados reais apresentem uma tendência que leve ao estimador a perceber com mais exatidão esta variação e isso pode ocorrer após uma consistência maior dos dados. Como é visto, o estimador indica a queda do isolamento que ocorreu no monitoramento diário disponibilizado pela Inloco, lembrando que este é feito pela análise sinais de telefonia móvel (GPS, Wi-Fi, Bluetooth-LE), de indivíduos e está publicamente acessível. Há aspectos que esse indicador não leva em conta, como aqueles aparelhos em que a localização não está habilitada ou apresenta defeito. Por outro lado, como se trata de um indicador comparativo, as oscilações têm-se mostrado úteis para indicar uma maior ou menor adesão da população às medidas de distanciamento social. Dessa forma, este indicador é usado para validar o estimador e sua capacidade de perceber tendências do isolamento social e seus efeitos.

A Fig. 7 apresenta a situação em que nenhum isolamento social é imposto à população. É possível verificar que neste caso, o pico de casos ocorreria em 30 de março de 2020 e atingiria cerca de 1240000 pessoas. Isso significa que o tempo entre o primeiro caso, 20 de março, até o pico de casos seria de poucas semanas, o que poderia levar ao colapso total do sistema de saúde. É possível notar que o número de leitos de enfermagem (11967) e o número de UTIs (2331) seriam rapidamente ocupados, levando-se em conta só os casos médios e graves de Covid-19, para uma ocupação de 30%

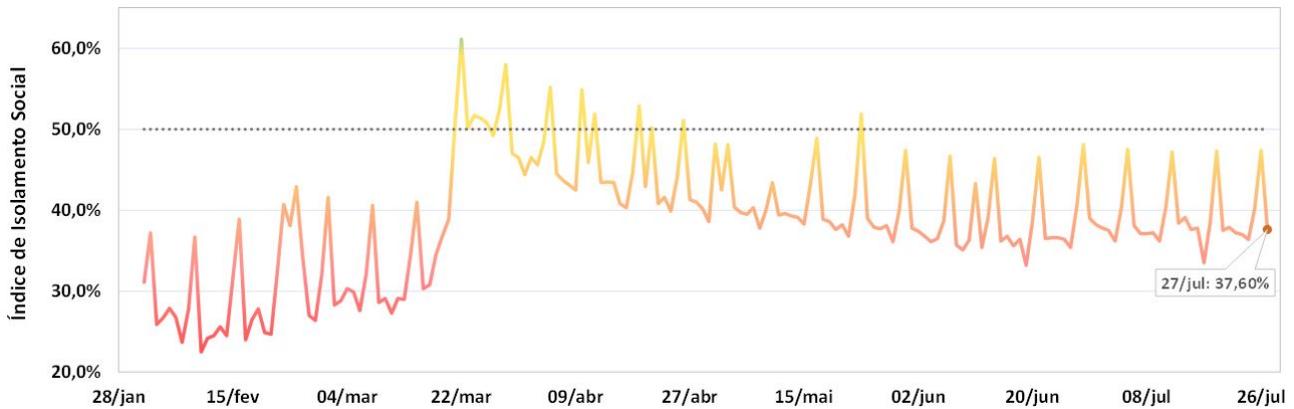


Fig. 6. Dados do isolamento social em Minas Gerais disponíveis no observatório Inloco. O eixo x indica o tempo de 26 de janeiro a 27 de julho de 2020. O eixo y indica o percentual de isolamento. Esse índice é estimado a partir da posição dos celulares da população brasileira. A estimativa dos parâmetros, entretanto, limitou-se até o fim de junho.

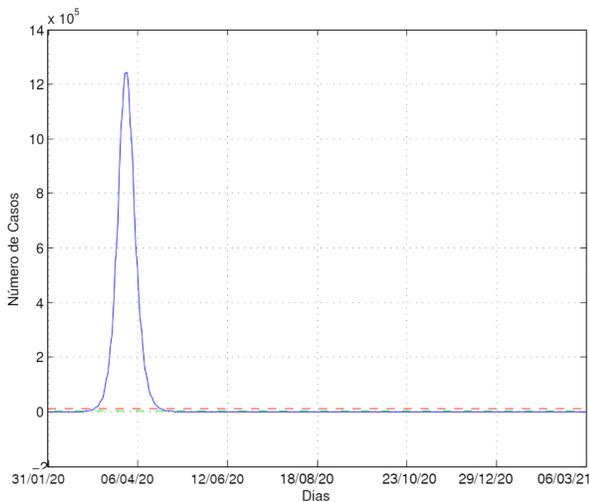


Fig. 7. Simulação do modelo SEIR para o caso sem isolamento social, em que: (-) é o valor estimado, (-) é o número de leitos de enfermaria disponíveis no sistema estadual de saúde e (-) é o limite de leitos de UTI disponíveis no sistema estadual de saúde. O eixo dos x é o tempo, em dias de infecção e o eixo dos y é o número de pessoas atingidas.

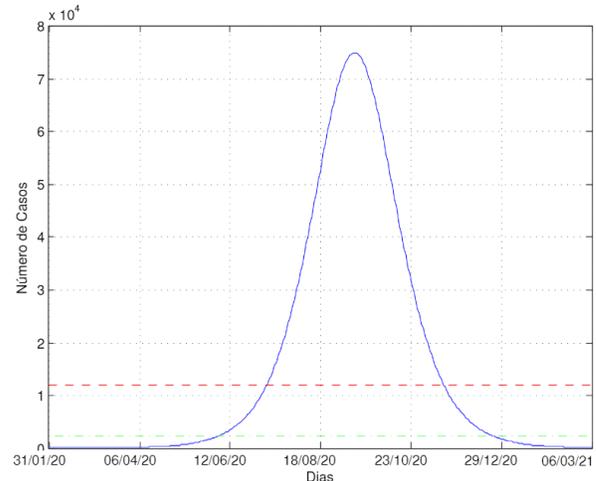


Fig. 8. Simulação do modelo SEIR para o caso com isolamento social estimado via AG, em que: (-) é o valor estimado, (-) é o número de leitos de enfermaria disponíveis no sistema estadual de saúde e (-) é o limite de leitos de UTI disponíveis no sistema estadual de saúde. O eixo dos x é o tempo, em dias de infecção e o eixo dos y é o número de pessoas atingidas.

deste total.

A Fig. 8 apresenta a simulação para o caso em que o isolamento foi estimado via algoritmos genéticos. Neste caso é possível verificar que para um isolamento de $R_0 = 55,39$ o pico se desloca para 13 de setembro e o número de pessoas atingidas seria de 75004 pessoas, uma redução de 94% em relação a um cenário sem isolamento social. Além disso, o pico é adiado em 4 meses, o que melhora consideravelmente o tempo para que o poder público organize o setor de saúde e medidas de controle e manejo sejam estabelecidas.

A Tabela II relaciona cenário, pico de infectados, com o percentual de isolamento social e a data de sua ocorrência. Esta tabela mostra, em resumo, a importância do isolamento social. Como se trata de um estudo contemporâneo, muitas das conjecturas feitas aqui podem mudar em poucas semanas. Entretanto, fica clara importância do estado de Minas Gerais em ter muito cuidado ao diminuir o seu isolamento. Na segunda

TABLE II
VALORES DE PICO POR CENÁRIO, VALORE DE ISOLAMENTO E MÁXIMO DE INFECTADOS.

Cenário	Infectados	Dia	I_s (%)
1	$1,24 \times 10^6$	30/03/2020	0,0
2	75004	13/09/2020	38,8
3	6,7	08/02/2020	70,0

quintzena de maio de 2020, mais algumas regiões mudaram de níveis em um plano definido pelo governo do estado. Essa mudança permite uma liberação de inúmeras atividades consideradas de baixo risco em mais de 100 municípios do estado de Minas Gerais.

IV. CONCLUSÃO

Este trabalho estudou o efeito do isolamento no espalhamento da Covid-19 no estado de Minas Gerais, Brasil. Os parâmetros do modelo compartmental SEIR foram estimados

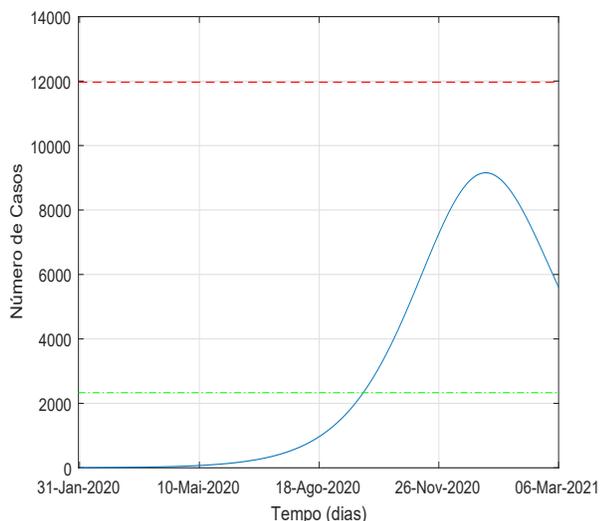


Fig. 9. Simulação do modelo SEIR, com o valor do número de reprodução de base $R = 3,60$, para o caso com isolamento social ideal, recomendado pela OMS, de 70%, em que: (-) é o valor estimado, (- -) é o número de leitos de enfermaria disponíveis no sistema estadual de saúde e (-.) é o limite de leitos de UTI disponíveis no sistema estadual de saúde. O eixo dos x é o tempo, em dias de infecção e o eixo dos y é o número de pessoas atingidas.

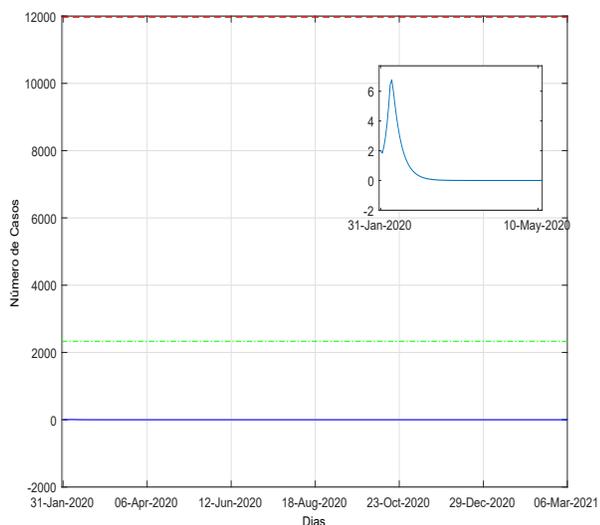


Fig. 10. Simulação do modelo SEIR para o caso com isolamento social ideal de 70% e $R = 1,86$, em que: (-) é o valor estimado, (- -) é o número de leitos de enfermaria disponíveis no sistema estadual de saúde e (-.) é o limite de leitos de UTI disponíveis no sistema estadual de saúde. O eixo dos x é o tempo, em dias de infecção e o eixo dos y é o número de pessoas atingidas.

por meio de um algoritmo genético. Quando comparado com dados reais, o modelo obtido foi capaz de representar a dinâmica da epidemia fielmente. Fazendo uso do modelo obtido, foram estudados os efeitos da redução do isolamento no aumento do número de infectados, verificando-se que o isolamento aplicado até o momento resultou na diminuição em até 94% da intensidade do pico de infectados, o que no estado de Minas Gerais foi fundamental para manter o sistema de saúde fora do colapso. A análise dos dados e a estimativa de parâmetros levando-se em conta as tendências dos dados observados foi muito importante para uma correta compreensão do modelo. Adicionalmente, foi verificado que

um isolamento de cerca de 70% é suficiente para que a rede hospitalar suporte a demanda por internações. Essa informação é importante para ser avaliada no momento de tomar decisões quanto ao relaxamento de medidas de distanciamento social.

AGRADECIMENTOS

A equipe agradece às agências de fomento, FAPESP, CNPq, Capes e Fapemig pelo suporte aos laboratórios. Esta pesquisa foi realizada no âmbito do projeto “Técnicas de modelagem e controle para dirimir o contágio e propagação da Covid-19”, aprovado no Programa Institucional de Auxílio ao Enfrentamento à Pandemia Covid-19, seus Impactos e Efeitos (PIE-COVID-19) da Universidade Federal de São João del-Rei. As rotinas computacionais utilizadas nesse trabalho estão disponíveis na página: <https://ufsj.edu.br/gcom/covid-19.php>.

REFERENCES

- [1] P. G. T. Walker, C. Whittaker, O. Watson, M. Baguelin, K. E. C. Ainslie, S. Bhatia, S. Bhatt, A. Boonyasiri, O. Boyd, L. Cattarino, Z. Cucunubá, G. Cuomo-Dannenburg, A. Dighe, C. A. Donnelly, I. Dorigatti, S. Van Elsland, R. Fitzjohn, S. Flaxman, H. Fu, K. Gaythorpe, L. Geidelberg, N. Grassly, W. Green, A. Hamlet, K. Hauck, D. Haw, S. Hayes, W. Hinsley, N. Imai, D. Jorgensen, E. Knock, D. Laydon, S. Mishra, G. Nedjati-Gilani, L. C. Okell, S. Riley, H. Thompson, J. Unwin, R. Verity, M. Vollmer, C. Walters, W. Wang, Y. Wang, P. Winskill, X. Xi, N. M. Ferguson, and A. C. Ghani, “The Global Impact of COVID-19 and Strategies for Mitigation and Suppression,” *Imperial College COVID-19 Response Team*, no. March, pp. 1–19, 2020.
- [2] A. Du Toit, “Outbreak of a novel coronavirus,” *Nature Reviews Microbiology*, vol. 18, no. 3, pp. 123–123, mar 2020.
- [3] F. Wu, S. Zhao, B. Yu, Y.-M. Chen, W. Wang, Z.-G. Song, Y. Hu, Z.-W. Tao, J.-H. Tian, Y.-Y. Pei, M.-L. Yuan, Y.-L. Zhang, F.-H. Dai, Y. Liu, Q.-M. Wang, J.-J. Zheng, L. Xu, E. C. Holmes, and Y.-Z. Zhang, “A new coronavirus associated with human respiratory disease in China,” *Nature*, vol. 579, no. 7798, pp. 265–269, mar 2020.
- [4] P. Zhou, X. L. Yang, X. G. Wang, B. Hu, L. Zhang, W. Zhang, H. R. Si, Y. Zhu, B. Li, C. L. Huang, H. D. Chen, J. Chen, Y. Luo, H. Guo, R. D. Jiang, M. Q. Liu, Y. Chen, X. R. Shen, X. Wang, X. S. Zheng, K. Zhao, Q. J. Chen, F. Deng, L. L. Liu, B. Yan, F. X. Zhan, Y. Y. Wang, G. F. Xiao, and Z. L. Shi, “A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin,” *Nature*, vol. 579, no. 7798, pp. 270–273, 2020.
- [5] B. N. Fields, D. M. Knipe, and P. M. Howley, *Fields virology*. Philadelphia: Wolters Kluwer Health/Lippincott Williams & Wilkins., 2007.
- [6] C. C. Lai, T. P. Shih, W. C. Ko, H. J. Tang, and P. R. Hsueh, “Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) and coronavirus disease-2019 (COVID-19): The epidemic and the challenges,” *International Journal of Antimicrobial Agents*, vol. 55, no. 3, p. 105924, mar 2020.
- [7] Y. C. Kim, B. Dema, and A. Reyes-Sandoval, “COVID-19 vaccines: breaking record times to first-in-human trials,” *npj Vaccines*, vol. 5, no. 1, p. 34, dec 2020.
- [8] H. W. Hethcote, “The Mathematics of Infectious Diseases,” *SIAM Review*, vol. 42, no. 4, pp. 599–653, jan 2000.
- [9] H. M. Yang, *Epidemiologia matemática: estudo dos efeitos da vacinação em doenças de transmissão direta*. Campinas: Editora da Unicamp, 2001.
- [10] D. Clancy, “Optimal intervention for epidemic models with general infection and removal rate functions,” *Journal of Mathematical Biology*, vol. 39, no. 4, pp. 309–331, oct 1999.
- [11] P.-M. David and N. Le Dévédec, “Preparedness for the next epidemic: health and political issues of an emerging paradigm,” *Critical Public Health*, vol. 29, no. 3, pp. 363–369, may 2019.
- [12] B. Gates, “Responding to Covid-19 — A Once-in-a-Century Pandemic?,” *New England Journal of Medicine*, p. NEJMp2003762, feb 2020.
- [13] M. Chikina and W. Pegden, “A call to honesty in pandemic modeling,” pp. 1–13.
- [14] P. Boldog, T. Tekeli, Z. Vizi, A. Dénes, F. A. Bartha, and G. Röst, “Risk Assessment of Novel Coronavirus COVID-19 Outbreaks Outside China,” *Journal of Clinical Medicine*, vol. 9, no. 2, p. 571, feb 2020.

- [15] T. H. E. Alves, T. A. de Souza, S. d. A. Silva, N. A. Ramos, and S. V. de Oliveira, "Underreporting of death by COVID-19 in Brazil's second most populous state," Cold Spring Harbor Laboratory, Tech. Rep., 2020.
- [16] J. Holland, "Adaptation in natural and artificial systems, univ. of mich. press," *Ann Arbor*, 1975.
- [17] D. Goldberg, "Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning, addison-wesley, reading, ma, 1989," *NN Schraudolph and J*, vol. 3, no. 1, 1989.
- [18] M. A. C. Pacheco *et al.*, "Algoritmos genéticos: princípios e aplicações," *ICA: Laboratório de Inteligência Computacional Aplicada. Departamento de Engenharia Elétrica. Pontifícia Universidade Católica do Rio de Janeiro*, p. 28, 1999.
- [19] E. G. de Lacerda and A. De Carvalho, "Introdução aos algoritmos genéticos," *Sistemas inteligentes: aplicações a recursos hídricos e ciências ambientais*, vol. 1, pp. 99–148, 1999.
- [20] L. A. Aguirre, *Introdução à identificação de sistemas -Técnicas lineares e não lineares aplicadas a sistemas: Teoria e Aplicação.* UFMG, 2015.



Alice Freitas Versiani formou-se em medicina veterinária pela UFV (Brasil). Doutora em Microbiologia, com ênfase em Virologia pela UFMG (Brasil) e doutorado sanduíche pelo IMES do MIT. É docente pela Pós-Graduação em Ciências da Saúde da FAMERP (Brasil) Co-fundadora e membro do Grupo de Pesquisa Nanobiomédica (nanobiomrg.com).



Rosa Gouvea de Sousa possui graduação em medicina da UNIRIO (Brasil), com residência médica em medicina familiar e comunitária, mestrado em bens culturais e projetos sociais na FGV (Brasil) e atualmente cursa doutorado em psicologia na UFSJ.



Priscila Totarelli Monteforte possui graduação em Farmácia e Bioquímica da UNIBAN (Brasil). Doutora em Farmacologia pela UNIFESP / EPM (Brasil) e especialista em Metodologias Ativas pelo Instituto de Ensino e Pesquisa do Hospital Sírio Libanês



Jim Jones da Silveira Marciano possui graduação em Ciência da Computação pela UNIPAC (Brasil), mestrado em Engenharia Elétrica pela UFSJ (Brasil). Atualmente é Arquiteto de Sistemas na Tigre. Tem experiência na área de: identificação de sistemas, instrumentação biomecânica, instrumentação virtual, tecnologias assistivas, Inteligência Artificial e computação paralela e distribuída.



Erivelton Geraldo Nepomuceno possui graduação Eng. Elétrica (UFSJ) e doutorado (UFMG). É Prof. Associado da UFSJ e líder do Grupo de Controle e Modelagem (GCOM). Editor associado da IEEE Transactions on Circuits and Systems II: Express Briefs and Steering Committee do IEEE Latin America Transactions. Tópicos de interesse: caos, sistemas complexos, computação aritmética, aritmética intervalar e identificação de sistemas.



Thalita Emanuelle de Nazaré é formada em Engenharia Elétrica pela UFSJ (Brasil), é membro do Grupo de Controle e Modelagem (GCOM) desde 2015. Atua nas áreas de análise e modelagem de sistemas dinâmicos. Em 2019 deu início ao mestrado pelo Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica UFSJ/CEFET-MG.



under constraints."

Márcio Júnior Lacerda é doutor em Engenharia Elétrica pela UNICAMP (Brasil), com estágio sanduíche de doutorado no Laboratório de Análise e Arquitetura de Sistemas LAAS/CNRS (França). Atuou como pesquisador de pós doutorado na UNICAMP e no Departamento de Engenharia Aeroespacial da Universidade de Minnesota (EUA). Editor associado do IEEE Latin America Transactions e Editor convidado do Journal of the Franklin Institute, edição especial: "High Fidelity LPV systems



Márcio Falcão Santos Barroso possui graduação em Engenharia Industrial Elétrica pela UFSJ (Brasil), é doutor em Engenharia Elétrica pela UFMG (Brasil). Atualmente é Professor Associado II do Departamento de Engenharia Elétrica (DEPEL) da UFSJ. Tem experiência na área de: identificação de sistemas, instrumentação biomecânica, instrumentação virtual, tecnologias Assistivas, metrologia e gestão pública.



Marcos Antônio Abdalla Júnior Possui graduação em Engenharia Industrial Elétrica pela UFSJ (Brasil) e mestrado em Engenharia Elétrica (UFSJ). Professor nos cursos de Engenharia Elétrica e Engenharia Química no CES-CL (Brasil). Revisor técnico da editora SAGAH do Grupo A. Tem experiência na área de: processamento de sinais, instrumentação, metrologia, controle, identificação de sistemas e máquinas elétricas.



É atualmente Coordenadora do PPGCM e Coordenadora da área de Ciências Biológicas da Câmara de Iniciação Científica da UFSJ.

Érika Lorena Fonseca Costa de Alvarenga possui graduação em Fisioterapia PUC-MG (Brasil), especialista em Fisiologia do Exercício CEFIT-UNIFESP/EPM (Brasil), mestrado e doutorado em Ciências Biológicas com ênfase em Biologia molecular (UNIFESP/EPM), Pós doutorado em Fisiologia e Farmacologia e também em Bioinformática na UFMG (Brasil). Participa da Rede de Mineira de Pesquisa e Inovação para Bioengenharia de Nanossistemas (RM PI-BEN) e membro sócia da SLABO.



Nayara Chagas Silva Possui graduação em Engenharia de Controle e Automação pela UNIPAC (Brasil). Atualmente cursa especialização em Engenharia de Controle e Automação na mesma instituição.



Adeldo Mendes da Silva Junior possui graduação em Engenharia de Controle e Automação pela UNIPAC (Brasil). Atualmente cursa especialização em Engenharia de Controle e Automação na mesma instituição