UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS
INSTITUTO DE FÍSICA

Ismael Felipe Ferreira dos Santos

MODELO SIR ADAPTATIVO PARA A EVOLUÇÃO DO SARS-COV-2

Maceió
11 de junho de 2025

ISMAEL FELIPE FERREIRA DOS SANTOS

Modelo SIR adaptativo para a evolução do SARS-CoV-2

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Instituto de Física da Universidade Federal de Alagoas, como requisito parcial para obtenção do grau de Bacharel em Física.

Orientador: Prof. Dr. Francisco Anacleto Barros Fidelis de Moura

Maceió
11 de junho de 2025

Catalogação na Fonte
Universidade Federal de Alagoas
Biblioteca Central
Divisão de Tratamento Técnico

Bibliotecário: Marcelino de Carvalho Freitas Neto – CRB-4 – 1767

S237m Santos, Ismael Felipe Ferreira dos.
Modelo SIR adaptativo para a evolução do SARS-CoV-2 / Ismael Felipe Ferreira dos Santos. – 2025.
32 f. : il.

Orientador: Francisco Anacleto Barros Fidelis de Moura.
Monografia (Trabalho de conclusão de curso em física : bacharelado) – Universidade Federal de Alagoas. Instituto de Física. Maceió, 2025.

Bibliografia: f. 22-24.
Apêndices: f. 26-29.
Anexos: f. 31-32.

1. SARS-CoV-2. 2. Modelo SIR (Epidemiologia). 3. Dinâmica epidêmica. I. Título.

CDU: 616-036.22

Ismael Felipe Ferreira dos Santos

Modelo SIR adaptativo para a evolução do SARS-CoV-2

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Instituto de Física da Universidade Federal de Alagoas, como requisito parcial para obtenção do grau de Bacharel em Física.

Trabalho aprovado.

gov.br Documento assinado digitalmente
FRANCISCO ANACLETO BARROS FIDELIS DE MO
Data: 11/06/2025 17:39:35-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

Prof. Dr. Francisco Anacleto Barros Fidelis de Moura
Orientador

gov.br Documento assinado digitalmente
GUILHERME MARTINS ALVES DE ALMEIDA
Data: 11/06/2025 17:46:12-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

Prof. Dr. Guilherme Martins Alves de Almeida
Examinador interno

gov.br Documento assinado digitalmente
MARCONI SILVA SANTOS JUNIOR
Data: 11/06/2025 18:07:26-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

Prof. Dr. Marconi Silva Santos Júnior
Examinador externo

Maceió
11 de junho de 2025

Dedico este trabalho a todos que perderam suas vidas por causa da pandemia de SARS-CoV-2.

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao professor Max, que, no Ensino Médio, me mostrou que algumas das minhas questões sobre o universo poderiam encontrar respostas na física e que a matemática é uma ferramenta extraordinária na busca dessas respostas. A ele, meus sinceros agradecimentos.

Aos meus professores e professoras: Wagner, Ruth, Isnaldo, Socorro, Adelailson, Cássia, Chico Rego, Pedro Valentim, Juliana, Heber, Lyra, Alan, Elton, Iram, Vermelho, Rodrigo, Alexandre, Tiago, Eduardo, Samuel, Tereza, Sérgio, Paulo, Fernanda, Tiago, Ítalo e Solange, minha mais profunda gratidão por terem compartilhado um pouco do seu conhecimento comigo. Eles são meus gigantes e ampliaram minha visão do mundo de tal maneira que ele me parece agora muito mais vasto, esbelto e misterioso.

Agradeço de forma particular ao meu professor e orientador Fidelis, que sempre me inspirou profundamente, me incentivou, buscou corrigir meus erros e aprimorar minhas qualidades. Nunca poderei retribuir toda a dedicação que ele me deu, mas me esforçarei para que não tenha sido em vão.

Aos meus pais, que desde pequeno me incentivaram a estudar e sempre me deram a liberdade de deixar a curiosidade guiar minhas descobertas.

Aos meus amigos Carlos, Joana e Samila, por toda a ajuda prestada ao longo da graduação, e à minha namorada Klyvia, por todo o auxílio no final do curso.

Também ao CNPq, que financiou minha Iniciação Científica, meu cordial agradecimento.

Por fim, agradeço a Deus, dono e senhor de todo conhecimento, pelos dons que me confiou.

"Modelar a realidade é o primeiro passo para transformá-la."
— Autor desconhecido

RESUMO

Neste trabalho, utilizamos um modelo A-SIR (suscetível-infectado-removido adaptativo) para estudar a evolução da epidemia de SARS-CoV-2 no estado de Alagoas e no Brasil. Nesse modelo, as taxas de infecção e recuperação variam ao longo do tempo, permitindo ajustar com precisão a curva de casos confirmados. Os dados utilizados foram obtidos de fontes oficiais divulgadas pelas autoridades de saúde. Estimamos a evolução do número básico de reprodução R_0 e, à época do estudo, realizamos previsões de curto e médio prazo para o avanço da epidemia, com erro relativo inferior a 10%. Os resultados indicam que o modelo A-SIR é uma ferramenta eficaz para descrever a dinâmica epidêmica e fornecer subsídios quantitativos para a tomada de decisões em saúde pública.

Palavras-chave: SARS-CoV-2. Modelo SIR. Dinâmica epidêmica.

ABSTRACT

In this work, we apply an A-SIR (Adaptive Susceptible-Infected-Removed) model to study the evolution of the SARS-CoV-2 epidemic in the state of Alagoas and in Brazil. In this model, the infection and recovery rates vary over time, allowing the confirmed case curves to be accurately reproduced. The data used were obtained from official sources released by health authorities. We estimated the time evolution of the basic reproduction number R_0 and, at the time of the study, we carried out short- and medium-term forecasts for the progression of the epidemic, with a relative error below 10%. The results indicate that the A-SIR model is an effective tool for describing epidemic dynamics and providing quantitative support for public health decision-making.
Keywords: SARS-CoV-2. SIR model. Epidemic dynamics.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Cronologia de eventos relacionados a vírus da família *Coronaviridae*. 11
Figura 2 – Soluções para o modelo SIR 15
Figura 3 – Campos vetoriais do modelo SIR no plano (s, i) 16
Figura 4 – Evolução do SARS-CoV-2 em países da Europa 18
Figura 5 – Previsões para a evolução do SARS-CoV-2 no Brasil 19
Figura 6 – SARS-CoV-2 no Brasil 20
Figura 7 – SARS-CoV-2 no estado de Alagoas 21

SUMÁRIO

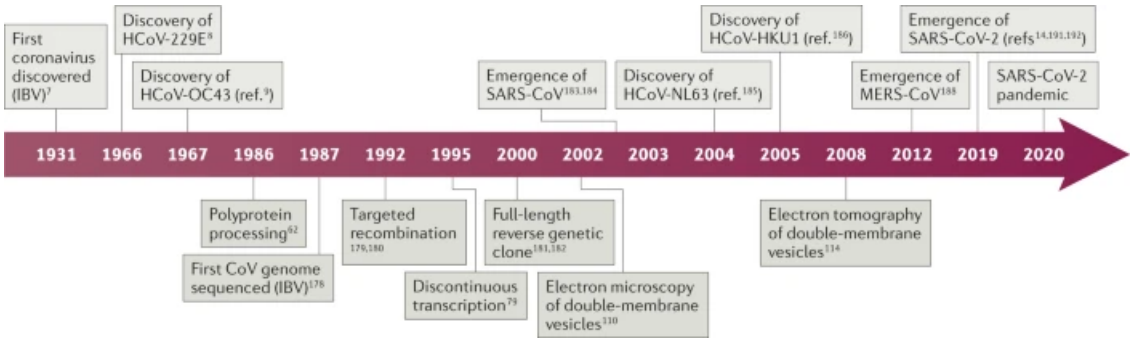
1 INTRODUÇÃO 11
2 MODELO 13
2.1 O Modelo SIR 13
2.2 O Modelo A-SIR 16
2.3 O problema inverso 17
3 RESULTADOS 18
4 CONCLUSÕES 22

REFERÊNCIAS 23
APÊNDICE A CÓDIGOS UTILIZADOS 27

1 INTRODUÇÃO

No final de 2019, foram relatados casos de uma doença respiratória na cidade de Wuhan, na China. O surto logo se tornou motivo de preocupação para as autoridades chinesas, que tomaram medidas a fim de conter o avanço da doença, como, por exemplo, o distanciamento social (1). Ainda em dezembro de 2019, observou-se que a doença era causada por um novo coronavírus, semelhante ao causador do surto de SARS entre 2002 e 2004. As evidências sugerem que o vírus teria se originado a partir de uma variante de coronavírus encontrada em morcegos (2). Já em 11 de fevereiro de 2020, a Organização Mundial da Saúde (OMS) passou a chamar a nova doença de COVID-19 e em 2 de março, o Comitê Internacional de Taxonomia de Vírus (ICTV) nomeou seu causador como SARS-CoV-2 (3, 4). Em 11 de março de 2020, o surto atingiu o status de pandemia global e vários países começaram a tomar medidas sérias para conter a disseminação do vírus e evitar o colapso de seus sistemas de saúde.

Figura 1 – Cronologia de eventos relacionados a vírus da família *Coronaviridae*.



Fonte: Referência 2.

Antes do SARS-CoV-2, um surto de Síndrome Respiratória Aguda Grave (SARS) foi provocado pelo SARS-CoV e outro, de Síndrome Respiratória do Oriente Médio (MERS), foi provocado pelo MERS-CoV — ambos vírus da família *Coronaviridae*. Esses três coronavírus teriam evoluído para infectar humanos a partir de variantes encontradas em animais, especialmente em morcegos (2, 5, 6). A Figura 1 mostra a cronologia desde a descoberta do primeiro coronavírus até a pandemia global causada pelo SARS-CoV-2.

O surto do SARS-CoV-2 intensificou o interesse da comunidade científica em zoonoses com potencial pandêmico, a fim de evitar novos surtos e também compreender o comportamento dinâmico de um surto em andamento, de modo a fornecer às autoridades informações úteis para uma tomada de decisão rápida e eficiente (7). Na linha de compreensão do surto em andamento, foram realizados trabalhos aplicando modelos epidemiológicos para descrever a disseminação do SARS-CoV-2 (8). Dentre eles, o modelo suscetível-infectado-removido (SIR) foi amplamente utilizado para análise geral da pandemia em seus estágios iniciais (9, 10, 11, 12, 13).

No estágio epidêmico de uma doença, uma métrica de relevante interesse é o número básico de reprodução, R_0, que representa o número esperado de novas infecções geradas por uma pessoa infectada em uma população onde todos os indivíduos são suscetíveis à infecção (14). Um valor de $R_0 > 1$ indica crescimento exponencial no número de casos, o que implica que o número de indivíduos infectados eventualmente se tornará da ordem da população, podendo tornar crítica a situação do sistema de saúde local. Apesar de não ser o único parâmetro de interesse, um grande esforço foi feito para estimar o número básico de reprodução, R_0, durante a pandemia de SARS-CoV-2, utilizando modelos epidemiológicos para ajustar os dados oficiais divulgados pelas autoridades. Outros parâmetros utilizados nesses modelos também podem fornecer informações relevantes para a tomada de decisões estratégicas no controle do surto (15, 16, 17, 18).

Neste trabalho, utilizamos um modelo SIR adaptativo (A-SIR) para estudar o surto do SARS-CoV-2 no estado de Alagoas e no Brasil. Nesse modelo, as taxas de infecção e de recuperação são funções do tempo (19, 20, 21, 22). Dados oficiais do Ministério da Saúde e da Secretaria de Estado da Saúde foram utilizados para calibrar o modelo (23, 24). Com base nesses dados, o número básico de reprodução, R_0, foi estimado, e predições sobre a evolução da epidemia foram feitas com erro inferior a 10%.

2 MODELO

A fim de descrever os eventos epidêmicos de maneira simples, foi utilizado o modelo suscetível-infectado-removido adaptativo (A-SIR), uma variação do modelo suscetível-infectado-removido (SIR) com parâmetros dependentes do tempo.

2.1 O MODELO SIR

O modelo SIR foi proposto por Kermack, McKendrick e Walker(25) em 1927. Ele é um modelo matemático aplicado a surtos com potencial epidemiológico e consiste em três funções primitivas e duas hipóteses básicas.

As funções primitivas são: $S : [0, \infty) \to \mathbb{R}^+$ para a quantidade de indivíduos suscetíveis, isto é, indivíduos que ainda não foram infectados e estão suscetíveis à infecção; $I : [0, \infty) \to \mathbb{R}^+$ para a quantidade de indivíduos infectados, isto é, indivíduos que estão infectados e que podem transmitir a infecção para outros indivíduos; e $R : [0, \infty) \to \mathbb{R}^+$ para a quantidade de indivíduos removidos, isto é, indivíduos que, tendo sido infectados, já não podem transmitir a infecção. Dessa maneira, por exemplo, os indivíduos suscetíveis num instante t após o início do surto são em número de $S(t)$. Essas funções são chamadas de **compartimentos**.

As hipóteses do modelo são que os compartimentos são funções diferenciáveis em todo $t > 0$ e que existem parâmetros reais positivos κ e γ tais que, para todo $t > 0$,

$$\begin{cases} S'(t) = -\kappa S(t)I(t), \\ I'(t) = \kappa S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ R'(t) = \gamma I(t), \end{cases} \tag{2.1}$$

onde o $'$ indica a derivada da respectiva função. Esses parâmetros κ e γ são chamados, respectivamente, de **taxa de contato** e **taxa de recuperação**.

Comecemos por entender o papel dos parâmetros nesse modelo. A taxa de recuperação γ é a taxa média com a qual um indivíduo infectado é removido. Sua unidade é o inverso de tempo, e o valor γ^{-1} representa o tempo médio que um indivíduo permanece infeccioso. Esse tempo também é chamado de **ciclo** de infecção. Já a taxa de contato, κ, está associada à probabilidade de um indivíduo suscetível ser contagiado pela infecção ao interagir com um indivíduo infeccioso. Sua unidade é o inverso de tempo por inverso de quantidade, e o valor $\kappa S(t)$ é a taxa média com a qual um indivíduo suscetível é infectado. É importante frisar que essa taxa depende da disponibilidade de indivíduos suscetíveis.

Agora, vejamos alguns corolários básicos das hipóteses.

Proposição 1. *Denote por $N = S(0) + I(0) + R(0)$ a população total. Então, a qualquer instante t, tem-se que $S(t) + I(t) + R(t) = N$.* —

Demostração. Isto vem imediatamente do fato de que $S'(t) + I'(t) + R'(t) = 0$, que pode ser integrado facilmente para obter: $S(t) + I(t) + R(t) = S(0) + I(0) + R(0)$. **Q.E.D.**

Ou seja, a população total no modelo SIR é constante. De fato, em sua formulação original, o modelo é pensado para ignorar as taxas de natalidade e mortalidade; entretanto, modificações podem ser feitas a fim de considerar tais taxas.

Proposição 2. *Existe algum instante $t_c \in [0, \infty)$ tal que, para todo $t > t_c$, tem-se que $I'(t) \leq 0$.* —

Demostração. Se $I(0) = 0$, então as equações podem ser integradas para obter $I(t) = 0$ para todo $t > 0$. Resta considerar os casos com $I(0) \neq 0$. Note que, para qualquer instante t, a quantidade de suscetíveis é constante ou decrescente, isto é, $S'(t) \leq 0$, pois tanto os parâmetros κ e γ como também as quantidades $S(t)$ e $I(t)$ são sempre positivas. Isolando $\gamma I(t)$ na equação para os infecciosos, tem-se que

$$I'(t) = \left(\frac{\kappa S(t)}{\gamma} - 1\right) \gamma I(t),$$

de maneira que a quantidade de infecciosos será constante ou decrescente se, e somente se, $\frac{\kappa S(t)}{\gamma} \leq 1$. Desde que S é contínua (pois é diferenciável) e decrescente, se existir algum t_c tal que $\frac{\kappa S(t_c)}{\gamma} \leq 1$, então, para todo $t \geq t_c$, ter-se-á $\frac{\kappa S(t)}{\gamma} \leq 1$. Resta mostrar que t_c existe. Pelo mesmo motivo acima exposto, t_c obviamente existe se $\frac{\kappa S(0)}{\gamma} \leq 1$. Por outro lado, se $\frac{\kappa S(0)}{\gamma} > 1$ e $I(0) \neq 0$, então I será estritamente crescente e S estritamente decrescente até algum t_c tal que $\frac{\kappa S(t_c)}{\gamma} = 1$. **Q.E.D.**

Quando $I'(t) > 0$, a quantidade de indivíduos infecciosos cresce rapidamente. Nesse caso, diz-se que há uma epidemia em curso. O teorema precedente afirma que, no modelo SIR, quando uma epidemia começa em um surto, ela continuará até atingir um pico de infecções e, então, irá regredir e eventualmente o surto deixará de ser um problema. Essa também é uma característica do modelo SIR, no qual não há uma "segunda onda" com um novo pico de infecções. Além disso, sua demonstração deixa clara a importância do valor $\frac{\kappa S(t)}{\gamma}$ para o estudo do surto, pois a epidemia continua enquanto $\frac{\kappa S(t)}{\gamma} > 1$. Desde que γ^{-1} é o tempo médio que um indivíduo permanece infeccioso, e $\kappa S(t)$ é a taxa média com a qual um indivíduo suscetível é infectado, então $\frac{\kappa S(t)}{\gamma}$ é o número médio de pessoas infectadas por um único indivíduo infeccioso, ou seja, este é o **número de reprodução** do modelo SIR. Como o número básico de reprodução considera que toda a população é suscetível, no modelo SIR o número básico de reprodução é $R_0 = \frac{\kappa N}{\gamma}$.

Escrita em termos do número básico de reprodução, a equação para os infecciosos é

$$I'(t) = \left(R_0 \frac{S(t)}{N} - 1\right) \gamma I(t), \tag{2.2}$$

de maneira que, se no começo do surto $S(t) \approx N$, então uma solução aproximada para o compartimento I no início do surto é

$$I(t) \approx I(0) e^{t(R_0 - 1)\gamma}, \tag{2.3}$$

ou seja, se $R_0 > 1$, então a quantidade de indivíduos infectados cresce exponencialmente. Entretanto, se $R_0 < 1$, o surto não evoluirá para uma epidemia, independentemente da quantidade de indivíduos inicialmente infectados.

Agora, vamos estudar as soluções para o sistema de equações diferenciais 2.1. A fim de simplificar as esquações podemos reescalar o problema usando γ, para que a unidade da variável independente seja um ciclo de contágio, além disso podemos trabalhar apenas com as frações da população, definindo assim

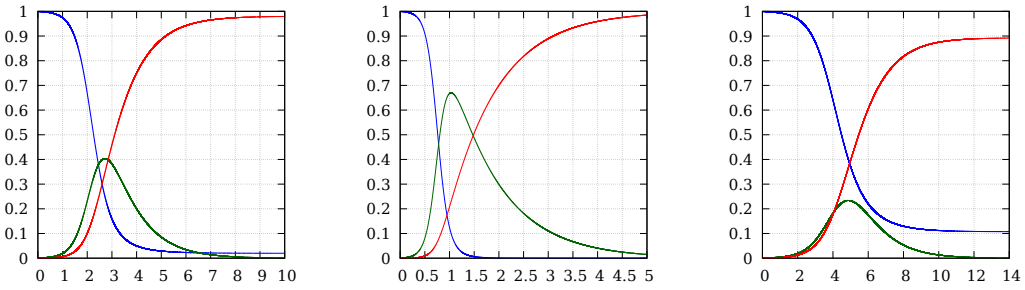
$$s(t) = \frac{S(\gamma^{-1}t)}{N}, \quad i(t) = \frac{I(\gamma^{-1}t)}{N}, \quad r(t) = \frac{R(\gamma^{-1}t)}{N}, \tag{2.4}$$

de maneira que a condição inicial agora deve satisfazer $s(0) + i(0) + r(0) = 1$. Nessas variáveis o sistema 2.1 pode ser reescrito como

$$\begin{cases} s'(t) = -R_0\, s(t)\, i(t), \\ i'(t) = R_0\, s(t)\, i(t) - i(t), \\ r'(t) = i(t). \end{cases} \tag{2.5}$$

A fim de exemplificar, a Figura 2 mostra algumas soluções para esse sistema com $s(0) = 0{,}999$ e $r(0) = 0$. Isso significa que a fração inicial da população infectada é $i(0) = 0{,}001$ (por exemplo, 100 infectados em uma cidade com 100 mil habitantes). Para essa configuração inicial, o surto atinge o ápice em aproximadamente três ciclos de contágio quando $R_0 = 4$. Já quando $R_0 = 10$, o pico de contágio ocorre já no primeiro ciclo; e quando $R_0 = 2{,}5$, o surto atinge o ápice em cinco ciclos. Neste exemplo, apenas para $R_0 = 10$ o surto chegou a contaminar metade da população.

Figura 2 – Soluções para o modelo SIR



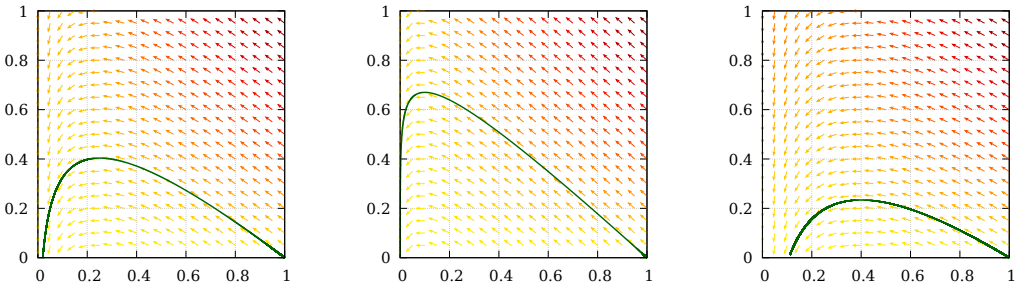
(a) (b) (c)

Soluções do modelo SIR com $s(0) = 0{,}999$, $i(0) = 1 - s(0)$ e $r(0) = 0$. O eixo das abscissas representa γt (tempo em ciclos de contágio), e o das ordenadas representa a fração da população. A linha azul é o gráfico da função $s(\gamma t)$, a linha verde representa $i(\gamma t)$, e a vermelha, $r(\gamma t)$. 2a) $R_0 = 4$; 2b) $R_0 = 10$; 2c) $R_0 = 2{,}5$.

Como $s(t) + i(t) + r(t) = 1$, um compartimento pode ser escrito em termos dos outros dois. Além disso, o sistema de equações pode ser estudado somente com esses dois compartimentos. Um exemplo evidente consiste em resolver, analítica ou numericamente, as duas primeiras

equações do sistema, que envolvem apenas s e i, e então tomar $r(t) = 1 - s(t) - i(t)$. A Figura 3 mostra o retrato de fase no plano (s, i) para esse sistema.

Figura 3 – Campos vetoriais do modelo SIR no plano (s, i)



(a) (b) (c)

Campo vetorial $\vec{F}(s, i) = (-R_0 si, R_0 si - i)$ para três valores de R_0. 3a) $R_0 = 4$; 3b) $R_0 = 10$; 3c) $R_0 = 2{,}5$.
Fonte: Autor.

2.2 O MODELO A-SIR

O modelo A-SIR foi proposto por Marinov e Marinova(19) em 2020 para modelar o surto de SARS-CoV-2. Nesse modelo, as taxas de contato e de recuperação agora são funções que variam com o tempo. Dessa maneira, o sistema de equações é modificado para

$$\begin{cases} S'(t) = -\kappa_t\, S(t)I(t), \\ I'(t) = \kappa_t\, S(t)I(t) - \gamma_t\, I(t), \\ R'(t) = \gamma_t\, I(t), \end{cases} \tag{2.6}$$

onde os mapas $t \mapsto \kappa_t$ e $t \mapsto \gamma_t$ devem ser conhecidos *a priori*. Nesse modelo, a população total N continua sendo uma constante. Como antes, o sistema pode ser reescrito utilizando as frações da população, definindo

$$s(t) = \frac{S(t)}{N}, \quad i(t) = \frac{I(t)}{N}, \quad r(t) = \frac{R(t)}{N}, \tag{2.7}$$

de maneira que o sistema 2.6 pode ser reescrito como

$$\begin{cases} s'(t) = -\beta_t\, s(t)i(t), \\ i'(t) = \beta_t\, s(t)i(t) - \gamma_t\, i(t), \\ r'(t) = \gamma_t\, i(t), \end{cases} \tag{2.8}$$

onde o parâmetro $\beta_t = \kappa_t N$ é chamado de **taxa de infecção**. Uma vez que, neste modelo, os parâmetros variam no tempo, não faz sentido falar de um único número de reprodução. Portanto, o número básico de reprodução no modelo A-SIR é definido por

$$R_0(t) = \frac{\beta_t s(t)}{\gamma_t}. \tag{2.9}$$

2.3 O PROBLEMA INVERSO

Quando trabalhamos com equações diferenciais sob uma perspectiva meramente matemática, tentamos encontrar soluções para as equações, ou seja, primeiro temos as equações e depois buscamos encontrar as soluções. Mas, ao lidar com dados experimentais, devemos determinar quais são os parâmetros que permitem modelar os dados usando as equações — ou seja, primeiro temos as "soluções" e depois buscamos encontrar as equações.

No nosso caso, o problema inverso é enunciado da seguinte maneira: sejam $\mathtt{S}_\mathtt{k}$, $\mathtt{I}_\mathtt{k}$ e $\mathtt{R}_\mathtt{k}$ as quantidades de indivíduos suscetíveis, infectados e removidos de uma dada população em um dado instante $\mathtt{t}_\mathtt{k}$, para $\mathtt{k} \in \{0, 1, ...\}$. Deve-se determinar, para cada $\mathtt{k}$, valores $\mathtt{b}_\mathtt{k}$ e $\mathtt{g}_\mathtt{k}$ tais que os mapas

$$\beta : t \mapsto \beta_t = \sum_{\mathtt{k}=0} \mathtt{b}_\mathtt{k} \chi_{[\mathtt{t}_\mathtt{k}, \mathtt{t}_{\mathtt{k}+1}]}(t), \quad \text{e} \quad \gamma : t \mapsto \gamma_t = \sum_{\mathtt{k}=0} \mathtt{g}_\mathtt{k} \chi_{[\mathtt{t}_\mathtt{k}, \mathtt{t}_{\mathtt{k}+1}]}(t), \tag{2.10}$$

quando usados nas equações 2.6, forneçam soluções cujos valores $S(\mathtt{t}_\mathtt{k})$, $I(\mathtt{t}_\mathtt{k})$, $R(\mathtt{t}_\mathtt{k})$ sejam razoavelmente próximos dos valores $\mathtt{S}_\mathtt{k}$, $\mathtt{I}_\mathtt{k}$ e $\mathtt{R}_\mathtt{k}$, onde $\chi_{[\mathtt{t}_\mathtt{k}, \mathtt{t}_{\mathtt{k}+1}]}$ é a função indicadora do intervalo $[\mathtt{t}_\mathtt{k}, \mathtt{t}_{\mathtt{k}+1}]$ definida por

$$\chi_{[\mathtt{t}_\mathtt{k}, \mathtt{t}_{\mathtt{k}+1}]}(t) = \begin{cases} 1 & \text{se } t \in [\mathtt{t}_\mathtt{k}, \mathtt{t}_{\mathtt{k}+1}], \\ 0 & \text{se } t \notin [\mathtt{t}_\mathtt{k}, \mathtt{t}_{\mathtt{k}+1}]. \end{cases} \tag{2.11}$$

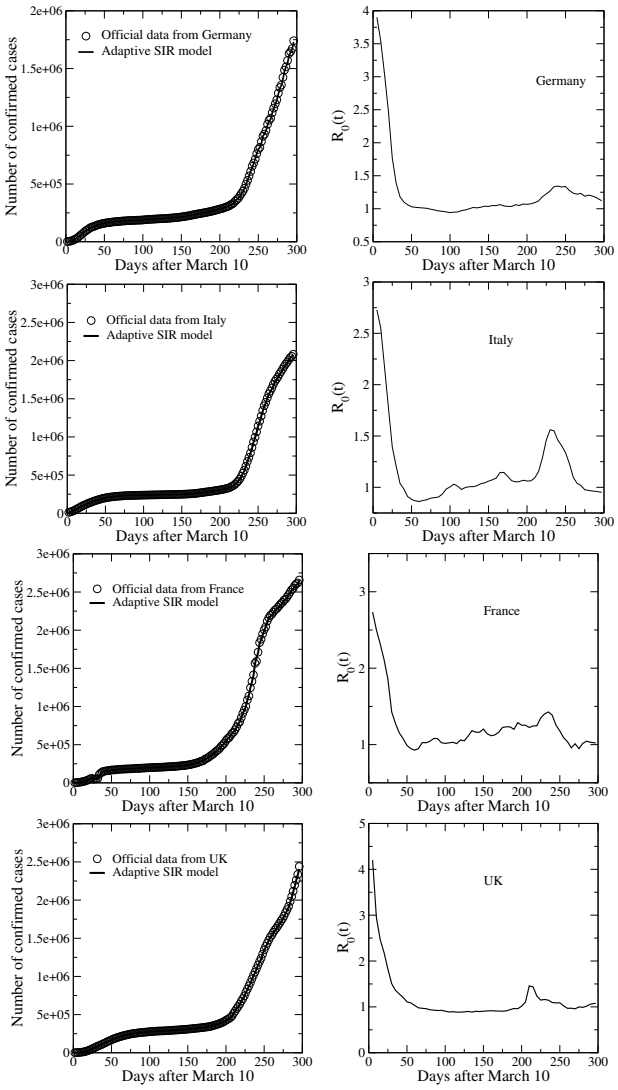
Assim, dado um $\mathtt{k}$, entre os intervalos $\mathtt{t}_\mathtt{k}$ e $\mathtt{t}_{\mathtt{k}+1}$, o modelo A-SIR em nada difere do modelo SIR. A fim de definir os valores de $\mathtt{b}_\mathtt{k}$ e $\mathtt{g}_\mathtt{k}$, alguns métodos podem ser utilizados, desde tentativa e erro até derivação numérica das séries dos compartimentos ou um método dos mínimos quadrados.

3 RESULTADOS

Inicialmente, testamos a eficácia do modelo A-SIR reproduzindo a dinâmica epidêmica do SARS-CoV-2 para Alemanha, Itália, França e Reino Unido. Os dados desses países foram extraídos da referência (26), a partir de 10 de março de 2020. A Figura 4 mostra os resultados das simulações (linhas contínuas) para esses países e também os dados oficiais (círculos). Os valores apresentam excelente concordância entre si, com erro relativo inferior a 5%.

Observa-se, nessa figura, o início acentuado da segunda onda de contágio no final de setembro, indicado pelo aumento repentino no número de casos confirmados e no valor de R_0.

Figura 4 – Evolução do SARS-CoV-2 em países da Europa



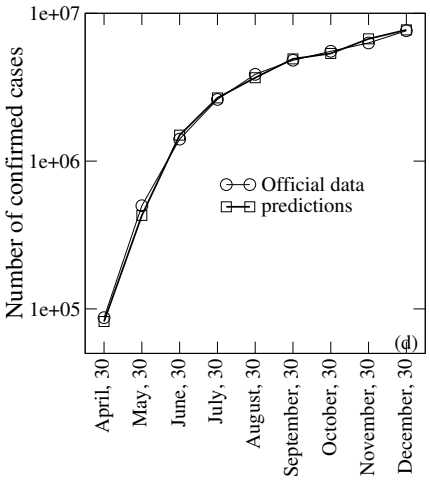
Nos gráficos à esquerda, o número de casos acumulados de acordo com os dados oficiais (círculos) e com o modelo A-SIR (linhas contínuas); e nos gráficos à direita, o número de reprodução para Alemanha, Itália, França e Reino Unido.

Também testamos a utilidade do modelo A-SIR para fazer previsões, desta vez com dados do

Brasil. Após reproduzir a dinâmica epidêmica do SARS-CoV-2 no Brasil, extrapolamos que a tendência seguida pelos resultados deveria se manter estável por algum tempo, o que permitiu prever o número de casos confirmados com dez dias de antecedência.

A Figura 5 compara os valores oficiais do número de casos confirmados com as previsões feitas com dez dias de antecedência, mostrando excelente concordância.

Figura 5 – Previsões para a evolução do SARS-CoV-2 no Brasil



Comparação entre os dados oficiais e as previsões feitas para o avanço do SARS-CoV-2 no Brasil. Fonte: Referência 21.

Vejamos agora em detalhes a aplicação do modelo A-SIR para descrever a evolução da epidemia do SARS-CoV-2 no Brasil, considerando dados oficiais a partir de 22 de março de 2020, quando consideramos $t = 0$. Assumimos uma população total fixa de $2{,}1 \times 10^8$ habitantes, e os valores iniciais $s(0) = 1 - i(0)$, $i(0) = 1450/(2{,}1 \times 10^8)$ e $r(0) = 0$. Já os parâmetros β_t e γ_t foram variados nos intervalos $[0{,}05; 0{,}6]$ e $[0{,}07; 0{,}13]$, respectivamente. Enfatizamos que os parâmetros estão em concordância com outros trabalhos sobre o SARS-CoV-2 (27, 28) e que é razoável assumir $r(0) = 0$, já que o número de casos recuperados e mortos em 22 de março de 2020 é desprezível quando comparado à população brasileira.

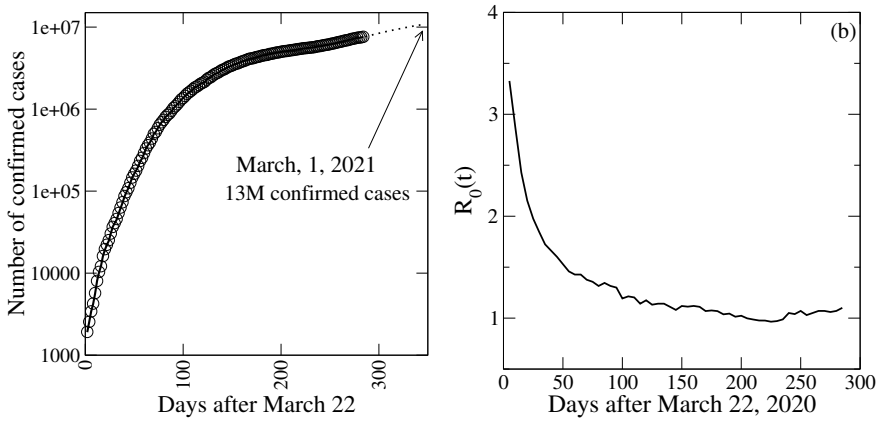
A Figura 6a mostra a evolução dos casos confirmados, comparando os dados oficiais (círculos) com os resultados do modelo (linha contínua). O modelo foi capaz de reproduzir a curva de casos acumulados com erro relativo inferior a 5%. A previsão de curto prazo (linha pontilhada), baseada nos valores médios de β e γ entre 27 e 31 de dezembro de 2020 ($\beta_{285} = 0{,}136\,\mathrm{dia}^{-1}$, $\gamma_{285} = 0{,}079\,\mathrm{dia}^{-1}$), indica que o número de casos acumulados alcançaria aproximadamente $8{,}5$ milhões em 10 de janeiro de 2021.

A Figura 6b apresenta a evolução do número de reprodução, cuja média no final de dezembro foi estimada em $1{,}10$. Esse valor sugeriu o início de uma segunda onda epidêmica no Brasil.

A partir dos mesmos parâmetros médios, também foi realizada uma previsão de longo prazo até o final de março de 2021. Nessa extrapolação, o modelo indicava um crescimento contínuo no número de casos, possivelmente ultrapassando 13 milhões de infecções acumuladas nesse

período. Essa tendência reforçava a necessidade de ações públicas para reduzir o valor de R_0 e frear o avanço da epidemia nos primeiros meses do ano seguinte.

Figura 6 – SARS-CoV-2 no Brasil



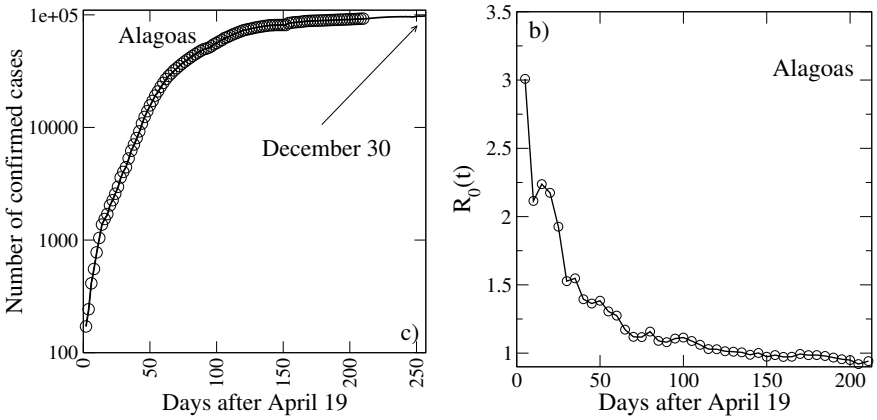
Os círculos representam os dados oficiais, enquanto a linha sólida é o resultado obtido com o modelo A-SIR. 6a) Número de casos confirmados ($i(t) + r(t)$) a partir de 22 de março de 2020. 6b) Valor estimado para o número de reprodução $\beta_t s(t)/\gamma_t$. Fonte: Referência 21.

De maneira semelhante, também aplicamos o modelo A-SIR para descrever a evolução da epidemia do SARS-CoV-2 no estado de Alagoas, considerando os dados oficiais a partir de 19 de abril de 2020, quando consideramos $t = 0$. Assumimos uma população total fixa de $3{,}3 \times 10^6$ habitantes e os valores iniciais $s(0) = 1 - i(0)$, $i(0) = 160/(3{,}3 \times 10^6)$ e $r(0) = 0$. Os parâmetros β_t e γ_t foram variáveis nos intervalos $[0{,}05; 0{,}6]$ e $[0{,}06; 0{,}13]$, seguindo a tendência nacional.

A Figura 7a mostra a evolução dos casos confirmados de SARS-CoV-2 em Alagoas, de acordo com os dados oficiais (círculos) e com os resultados do modelo (linha contínua). Desta vez, as simulações concordam com os dados oficiais com erro relativo inferior a 10%. A Figura 7b exibe a evolução temporal do número de reprodução $\beta_t s(t)/\gamma_t$, cujo valor, no final de novembro, se aproximava de $0{,}95$, indicando uma tendência de estabilização da epidemia.

Utilizando os valores $\beta_{211} = 0{,}116$ dia^{-1} e $\gamma_{211} = 0{,}08$ dia^{-1}, o modelo previu aproximadamente 94 mil casos confirmados para o dia 26 de novembro de 2020. Extrapolando esses resultados para 45 dias, as simulações sugeriram que o número de casos confirmados cresceria lentamente até 30 de dezembro, com R_0 mantendo-se menor que 1, embora previsões de longo prazo não sejam o foco deste modelo.

Figura 7 – SARS-CoV-2 no estado de Alagoas



(a) (b)

Os círculos representam os dados oficiais, enquanto a linha sólida corresponde ao resultado obtido com o modelo A-SIR. 7a) Número de casos confirmados ($i(t) + r(t)$) a partir de 19 de abril de 2020. 7b) Valor estimado para o número de reprodução $\beta_t s(t)/\gamma_t$. Fonte: Referência 22.

4 CONCLUSÕES

Neste trabalho, utilizamos o modelo SIR adaptativo com taxas de infecção e recuperação variáveis no tempo para descrever a evolução da epidemia do SARS-CoV-2 no Brasil e no Estado de Alagoas. A abordagem adotada baseou-se em ajustes dinâmicos dos parâmetros β_t e γ_t com base em séries temporais de dados oficiais, permitindo uma descrição eficaz da dinâmica epidêmica.

Os resultados obtidos demonstram que o modelo é capaz de reproduzir com alta fidelidade a curva de casos confirmados, com erro relativo inferior a 10%. Além disso, a evolução do número de reprodução R_0 foi estimada ao longo do tempo, fornecendo informações relevantes sobre a taxa de disseminação da doença em diferentes fases do surto.

No caso do Brasil, os valores obtidos para o parâmetro R_0 indicaram uma desaceleração inicial da epidemia, seguida por uma nova aceleração no final do ano de 2020, caracterizando o início de uma segunda onda. A média de R_0 estimada em dezembro de 2020 foi de aproximadamente 1,10, sugerindo que cada indivíduo infectado estava transmitindo o vírus para mais de uma pessoa, o que corrobora com o aumento observado no número de casos nesse período.

Para o estado de Alagoas, a análise revelou um comportamento semelhante em termos de tendência, porém com uma magnitude menor. O valor médio de R_0 em novembro de 2020 foi estimado em aproximadamente 0,95, o que indica uma leve desaceleração da propagação viral naquele momento. O modelo também permitiu prever com razoável confiança o número de casos futuros em janelas de curto prazo (10 dias), e estimar tendências em médio prazo (até 45 dias), revelando-se uma ferramenta útil para análise e tomada de decisão.

Destaca-se, contudo, que a capacidade preditiva do modelo se restringe a horizontes temporais curtos e médios, sendo que projeções de longo prazo devem ser interpretadas com cautela, dada a influência de diversos fatores exógenos, como variações na adesão a medidas de distanciamento social, testagem, vacinação, e mutações do vírus.

Em suma, o modelo A-SIR demonstrou versatilidade e precisão na descrição e previsão da dinâmica epidêmica da COVID-19 em diferentes escalas geográficas. Sua simplicidade matemática, aliada à incorporação de parâmetros dinâmicos, faz dele uma ferramenta acessível e eficiente para estudos epidemiológicos e apoio a políticas públicas de saúde.

REFERÊNCIAS

1 HUANG, C. et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet*, v. 395, n. 10223, p. 497–506, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30183-5>.

2 V'KOVSKI, P. et al. Coronavirus biology and replication: implications for SARS-CoV-2. *Nature Reviews Microbiology*, v. 19, n. 3, p. 155–170, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41579-020-00468-6>.

3 World Health Organization. *Timeline: WHO's COVID-19 response*. 2020. Disponível em: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/interactive-timeline>.

4 GORBALENYA, A. E. et al. The species Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2. *Nature Microbiology*, v. 5, n. 4, p. 536–544, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0695-z>.

5 WONG, A. C. P. et al. Global Epidemiology of Bat Coronaviruses. *Viruses*, v. 11, n. 2, p. 174, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/v11020174>.

6 MOHD, H. A.; AL-TAWFIQ, J. A.; MEMISH, Z. A. Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV) origin and animal reservoir. *Virology Journal*, v. 13, n. 1, p. 87, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12985-016-0544-0>.

7 KULIKOWSKI, C. A. Pandemics: Historically Slow "Learning Curve" Leading to Biomedical Informatics and Vaccine Breakthroughs. *Yearbook of Medical Informatics*, Georg Thieme Verlag KG, v. 30, n. 01, p. 290–301, 2021. Disponível em: <http://www.thieme-connect.de/products/ejournals/abstract/10.1055/s-0041-1726482>.

8 ABIOYE, A. I. et al. Mathematical model of COVID-19 in Nigeria with optimal control. *Results in Physics*, v. 28, p. 104598, 2021. ISSN 2211-3797. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2211379721006951>.

9 GOPAGONI, D.; LAKSHMI, P. Susceptible, infectious and recovered (sir model) predictive model to understand the key factors of covid-19 transmission. *International Journal of Advanced Computer Science And Applications*, Science and Information (SAI) Organization Limited, v. 11, n. 9, 2020.

10 LAW, K. B. et al. Tracking the early depleting transmission dynamics of COVID-19 with a time-varying SIR model. *Scientific Reports*, v. 10, n. 1, p. 21721, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-78739-8>.

11 AHMETOLAN, S. et al. What can we estimate from fatality and infectious case data using the susceptible-infected-removed (sir) model? a case study of covid-19 pandemic. *Frontiers in Medicine*, Volume 7 - 2020, 2020. ISSN 2296-858X. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/medicine/articles/10.3389/fmed.2020.556366>.

12 BRUGNANO, L.; IAVERNARO, F.; ZANZOTTERA, P. A multiregional extension of the sir model, with application to the covid-19 spread in italy. *Mathematical Methods in the Applied Sciences*, v. 44, n. 6, p. 4414–4427, 2021. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/mma.7039>.

13 BABAJANYAN, S. G.; CHEONG, K. H. Age-structured SIR model and resource growth dynamics: a COVID-19 study. *Nonlinear Dynamics*, v. 104, n. 3, p. 2853–2864, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11071-021-06384-5>.

14 David Adam. *A guide to R — the pandemic's misunderstood metric*. 2020. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/d41586-020-02009-w>. Acesso em: 05 de junho de 2025.

15 KE, R. et al. Estimating the reproductive number R_0 of SARS-CoV-2 in the United States and eight European countries and implications for vaccination. *Journal of Theoretical Biology*, v. 517, p. 110621, 2021. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022519321000436>.

16 ZHANG, S. et al. Estimation of the reproductive number of novel coronavirus (covid-19) and the probable outbreak size on the diamond princess cruise ship: A data-driven analysis. *International Journal of Infectious Diseases*, v. 93, p. 201–204, 2020. ISSN 1201-9712. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1201971220300916>.

17 CAICEDO-OCHOA, Y. et al. Effective reproductive number estimation for initial stage of covid-19 pandemic in latin american countries. *International Journal of Infectious Diseases*, v. 95, p. 316–318, 2020. ISSN 1201-9712. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S120197122030285X>.

18 WHITTAKER, D. G. et al. Uncertainty and error in sars-cov-2 epidemiological parameters inferred from population-level epidemic models. *Journal of Theoretical Biology*, v. 558, p. 111337, 2023. ISSN 0022-5193. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022519322003289>.

19 MARINOV, T. T.; MARINOVA, R. S. Dynamics of COVID-19 using inverse problem for coefficient identification in SIR epidemic models. *Chaos, Solitons Fractals: X*, v. 5, p. 100041, 2020. ISSN 2590-0544. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2590054420300221>.

20 MARINOV, T. T.; MARINOVA, R. S. Inverse problem for adaptive SIR model: Application to COVID-19 in Latin America. *Infectious Disease Modelling*, v. 7, n. 1, p. 134–148, 2022. ISSN 2468-0427. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2468042721000828>.

21 DOS SANTOS, I. F. F.; ALMEIDA, G. M. A.; DE MOURA, F. A. B. F. Adaptive SIR model for propagation of SARS-CoV-2 in Brazil. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, v. 569, p. 125773, 2021. ISSN 0378-4371. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0378437121000455>.

22 DOS SANTOS, I. F. F.; ALMEIDA, G. M. A.; DE MOURA, F. A. B. F. Evolution of SARS-CoV-2 in the state of Alagoas-Brazil via an adaptive SIR model. *International Journal of Modern Physics C*, v. 32, n. 03, p. 2150040, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1142/S0129183121500406>.

23 Ministério da Saúde. *Painel Coronavírus*. Disponível em: <https://covid.saude.gov.br/>.

24 Secretaria de Estado da Saúde. *Secretaria de Estado da Saúde*. Disponível em: <https://www.saude.al.gov.br/>.

25 KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G.; WALKER, G. T. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character*, v. 115, n. 772, p. 700–721, 1927. Disponível em: <https://royalsocietypublishing.org/doi/abs/10.1098/rspa.1927.0118>.

26 Disponível em: <https://github.com/owid/covid-19-data/tree/master/public/data>.

27 JO, H. et al. Analysis of COVID-19 spread in South Korea using the SIR model with time-dependent parameters and deep learning. *medRxiv*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2020. Disponível em: <https://www.medrxiv.org/content/early/2020/04/17/2020.04.13.20063412>.

28 ARINO, J.; PORTET, S. A simple model for COVID-19. *Infectious Disease Modelling*, v. 5, p. 309–315, 2020. ISSN 2468-0427. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2468042720300129>.

APÊNDICE A – CÓDIGOS UTILIZADOS

Programa em C – `sir.c`

```c
// (C) I.F.F. dos Santos <ismael.santos@fis.ufal.br>
// Objetivo: Gerar o arquivo com os dados necessarios para plotar graficos
//           com solucoes para o modelo SIR.
// Entrada <- s(0) i(0) r(0) R0
// Saida   -> arquivo (sir.dat) de texto com quatro colunas: t s(t) i(t) r(t)
#include <stdio.h>
#include <stdlib.h>
#include <math.h>

typedef struct estado_s { double S, I, R; } estado_t;
double R0;

static inline double dot_S(estado_t sistema){
   return (R0 * sistema.S * sistema.I);
}
static inline double dot_R(estado_t sistema){
   return (sistema.I);
}
static inline double N(estado_t sistema){
   return (sistema.S + sistema.I + sistema.R);
}

int main(int argc, char **argv){
   estado_t sistema;
   double tf, t, dt, k_S, k_I, N0;
   FILE *arq;

   if(argc < 5){
      fputs("Entrada <- s(0) i(0) r(0) R0\n", stderr);
      return EXIT_FAILURE;
   }

   arq = fopen("sir.dat", "w");
   if(!arq){
      fputs("Erro ao abrir arquivo da dados para escrita.\n", stderr);
      return EXIT_FAILURE;
   }


   sistema.S = atof(argv[1]);
   sistema.I = atof(argv[2]);
   sistema.R = atof(argv[3]);
   R0 = atof(argv[4]);

   dt = 1.0e-4;
   tf = 10.0;
   t = 0.0;

   while(t < tf){
      k_S = dot_S(sistema) * dt;
      k_I = dot_R(sistema) * dt;

      sistema.S -= k_S;
      sistema.I += k_S - k_I;
      sistema.R = 1.0 - sistema.S - sistema.I;
      t += dt;

      if(fabs(N(sistema) - 1.0) > 1.0e-8){
         fputs("A populacao nao estah conservando.\n", stderr);
         break;
      }
      fprintf(arq, "%g %g %g %g \n", t, sistema.S, sistema.I, sistema.R);
   }
   fclose(arq);

   return EXIT_SUCCESS;
}
```

Script para gnuplot – `sir.gp`

```
#!/usr/bin/env gnuplot

#set term png size 720, 720 font 'serif,24' enhanced
#set output 'sir.png';

set term eps size 5, 5 font 'serif,24' enhanced
set output "sir.eps"
set encoding utf8

set key off
set grid
set size square

plot 'sir.dat' u 1:2 w l lc rgb 'blue' lw 3, \
     'sir.dat' u 1:3 w l lc rgb 'dark-green' lw 3, \
     'sir.dat' u 1:4 w l lc rgb 'red' lw 3

exit
```

Script usado plotar a figura 2.

Script Lua – `vector_field.lua`

```lua
-- Usage: lua vector_field.lua "f(x, y) = (y, -x)" output.txt

local func_str = arg[1] or "f(x, y) = (y, -x)"
local outfile  = arg[2] or "vector_field.txt"

-- Convert (a, b) to a, b for Lua syntax
func_str = func_str:gsub("%(([^,]+),([^%)]+)%)", "%1,%2")

-- Extract the function body
local body = func_str:match("=%s*(.*)$")
if not body then
    error("Could not parse function definition. Please use the format: f(x, y) =
    (y, -x)")
end

-- Create the function dynamically
local f, err = load("return function(x, y) return " .. body .. " end")
if not f then
    error("Error parsing function: " .. err)
end
f = f()

local xmin, xmax, ymin, ymax = 0, 1, 0, 1
local nx, ny = 21, 21  -- grid

local fx = io.open(outfile, "w")
for i = 0, nx - 1 do
    local x = xmin + (xmax - xmin) * i / (nx - 1)
    for j = 0, ny - 1 do
        local y = ymin + (ymax - ymin) * j / (ny - 1)
        local dx, dy = f(x, y)
        fx:write(string.format("%f %f %f %f\n", x, y, dx, dy))
    end
end
fx:close()
print("Vector field written to " .. outfile)
```

Script usado para gerar os dados da figura 3.

Script para gnuplot – `si.gp`

```
#!/usr/bin/env gnuplot

#set term png size 740, 720 font 'serif,24' enhanced
#set output 'sir.png'

set term eps size 5, 5 font 'serif,24' enhanced
set output "sir.eps"
load "ylrd.pal"
set encoding utf8
unset colorbox

set key off
set grid
set size ratio -1

set xrange [0:1]
set yrange [0:1]

plot "si.dat" u 1:2:($3/(30*sqrt($3*$3+$4*$4))):($4/(30*sqrt($3*$3+$4*$4))):(
    sqrt($3*$3+$4*$4)) w vec head size 0.01,20,60 filled lw 4 lc palette, \
     "sir.dat" u 2:3 w l lt 6 lc rgb "dark-green" lw 6

exit
```

Script usado para gerar a figura 3.

ANEXOS: ARTIGOS PUBLICADOS

Physica A 569 (2021) 125773

Contents lists available at ScienceDirect

Physica A

journal homepage: www.elsevier.com/locate/physa

Adaptive SIR model for propagation of SARS-CoV-2 in Brazil

I.F.F. dos Santos, G.M.A. Almeida, F.A.B.F. de Moura *

Instituto de Física, Universidade Federal de Alagoas, 57072-970 Maceió - AL, Brazil

ARTICLE INFO

Article history:
Received 28 August 2020
Received in revised form 5 January 2021
Available online 19 January 2021

Keywords:
SARS-CoV-2
SIR
Epidemic dynamics

ABSTRACT

We study the spreading of SARS-CoV-2 in Brazil based on official data available since March 22, 2020. Calculations are done via an adaptive susceptible–infected–removed (SIR) model featuring dynamical recuperation and propagation rates. We are able reproduce the number of confirmed cases over time with less than 5% error and also provide with short- and long-term predictions. The model can also be used to account for the epidemic dynamics in other countries with great accuracy.

© 2021 Elsevier B.V. All rights reserved.

1. Introduction

At the end of December 2019, the World Health Organization (WHO) became aware of several cases of pneumonia in Wuhan City, Hubei Province of China. Soon after that, a novel coronavirus outbreak was reported and tagged as severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) [1–3], possibly originated from bats [4]. A few days after the virus had been identified in China, a exponentially fast growing of patients was observed, leading Chinese authorities to take immediate actions so as to contain the spreading of the disease. These involved social distancing, contact tracing, large-scale testing, and serious quarantine of those who had contact with infected people [5].

On March 11, 2020, such outbreak reached the status of global pandemic. Worldwide, the number of SARS-CoV-2 cases continues to increase, with many countries facing a serious second contagious wave, amounting to over 85 million confirmed cases and 1 million and 800 thousand deaths, as of January 3 [6].

The transmission process of SARS-CoV-2 is still under scrutiny. According to the US Centers for Disease Control and Prevention (CDC), the virus propagation can occur either through direct or indirect contact, droplets and aerosol in short- and long-ranged transmissions, respectively [2,7]. A common figure used to estimate how fast the virus is propagating, in a given context, is the basic reproduction number R_0, such that $R_0 > 1$ implies exponential growth and, generally, a number of confirmed cases of the same order as of the size of the population, leading to harsh consequences to healthcare systems. For instance, a number of works [1,8–11] estimated R_0 values above 2 for China and Europe in the first few months on the pandemic, which is quite high. In a case study for the city of Wanzhou, China [5] the authors reported a reduction of this parameter from 1.64 to 0.31–0.39 as a consequence of rigorous propagation control measures.

In [12] the R_0 value for Brazil was estimated at 3.1 and according to data available at the COVID-19 Data Repository by the Center for Systems Science and Engineering at Johns Hopkins University [13], it had stayed below 1 for a couple of months until the end of October. A second contagious wave in Brazil has now become evident due to the increasing number of daily new cases as well as of hospitalizations. Records suggest that it has been uprising since early November – about fifteen days prior to Municipal Elections – and reached $R_0 \approx 1.19$ as of December 4 [13].

* Corresponding author.
E-mail address: fidelis@fis.ufal.br (F.A.B.F. de Moura).

https://doi.org/10.1016/j.physa.2021.125773
0378-4371/© 2021 Elsevier B.V. All rights reserved.

International Journal of Modern Physics C
Vol. 32, No. 3 (2021) 2150040 (6 pages)
© World Scientific Publishing Company
DOI: 10.1142/S0129183121500406

Int. J. Mod. Phys. C 2021.32. Downloaded from www.worldscientific.com
by UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS on 04/09/21. Re-use and distribution is strictly not permitted, except for Open Access articles.

Evolution of SARS-CoV-2 in the state of Alagoas-Brazil via an adaptive SIR model

I. F. F. Dos Santos, G. M. A. Almeida and F. A. B. F. De Moura*
Instituto de Física, Universidade Federal de Alagoas
Maceió, AL, 57072-970, Brazil
**fidelis@fis.ufal.br*

Received 16 July 2020
Accepted 13 November 2020
Published 10 December 2020

We investigate the spreading of SARS-CoV-2 in the state of Alagoas, northeast of Brazil, via an adaptive susceptible-infected-removed (SIR) model featuring dynamic recuperation and propagation rates. Input parameters are defined based on data made available by Alagoas Secretary of Health from April 19, 2020 on. We provide with the evolution of the basic reproduction number R_0 and reproduce the historical series of the number of confirmed cases with less than 10% error. We offer predictions, from November 16 forward, over the epidemic situation in the near future and show that it will keep decelerating. Furthermore, the same model can be used to study the epidemic dynamics in other countries with great easiness and accuracy.

Keywords: SARS-CoV-2; SIR model; epidemic dynamics.

1. Introduction

Since the outbreak of the severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) [1–3] had reached the status of worldwide pandemic on March 11, 2020, several countries set about to take serious measures so as to contain the spreading of the virus and avoid the collapse of their healthcare system.

Not long after the coronavirus had been first reported in Wuhan City at the Hubei Province of China, an exponentially fast growing of infected people was observed, immediately suggesting the epidemic would feature a high basic reproduction number R_0, which is the expected number of cases spawned by one infected person in a location where all individuals are prone to infection. Such parameter is a very important figure when accessing epidemic dynamics via mathematical models. In reality, it depends on several factors including the nature of the virus itself, number of susceptible people, and degree of social contact. When $R_0 > 1$, it indicates exponential growth and possibly a number of confirmed cases of the same order as of the population size, which is when the healthcare system situation may

*Corresponding author.