

Modelo SEIR para avaliação do comportamento da pandemia de Covid-19 em Marabá-PA

SEIR Model to assess the Covid-19 pandemic behavior in Marabá-PA

Walisson Ferreira Barbosa¹, Ester Barros da Costa Moreira², Juliana Mattei de Araújo³, Antônio Pazin-Filho⁴, Cláudia Dzioli Franco Bueno⁵

Barbosa WF, Moreira EBC, Araújo JM, Pazin-Filho A, Bueno CDF. Modelo SEIR para avaliação do comportamento da pandemia de Covid-19 em Marabá-PA / *SEIR Model to assess the Covid-19 pandemic behavior in Marabá-PA*. Rev Med (São Paulo). 2021 jul.-ago.;100(4):322-8.

RESUMO: *Objetivo:* Determinar o comportamento da curva de casos de COVID-19 em Marabá. *Metodologia:* Aplicou-se o modelo compartimentado SEIR baseando-se nos dados epidemiológicos locais com os valores estimados de tempo de latência e tempo infeccioso obtido em populações chinesas que foram testadas objetivamente para estimar o desenvolvimento da infecção pelo SARS-CoV-2 em Marabá. *Resultados:* O primeiro pico apresentou um total de 1438 infectados (28/09/2020) após a documentação do primeiro caso (23/03/2020) demonstrando comportamento exponencial. Observou-se ainda para os próximos 30 dias, a partir do dia 14/08/2020, uma tendência de queda do número de casos no município, o número de reprodução basal (R_0) assumiu o valor de 3,29 entre o início da pandemia e a data do primeiro pico (28/06/2020), já ao final do período de estudo este número foi de 0,8. *Discussão:* O modelo teve bom comportamento ao se comparar com os casos documentados, mas observou-se uma discrepância na fase descendente da pandemia, possivelmente decorrente da ausência de dados mais acurados. Este comportamento adequado do modelo com base nestes dados indica que o comportamento de disseminação da COVID-19 pode ser assumido como sendo similar apesar das distâncias geográficas e da miscigenação da população brasileira. Isto abre a possibilidade de se utilizar o modelo SEIR para previsão da pandemia em territórios com carência de testagem viral. *Conclusão:* A utilização do modelo SEIR baseando-se nos dados epidemiológicos locais com os valores estimados de tempo de latência e tempo infeccioso obtido em populações chinesas testadas objetivamente demonstrou-se como uma ferramenta útil para previsão do comportamento da pandemia de COVID-19.

Palavras-chave: COVID-19; Coronavírus; Infecções por coronavírus; Epidemiologia analítica; Modelos epidemiológicos; Brasil/epidemiologia.

ABSTRACT: *Objective:* To determine the behavior of the COVID-19 case curve in Marabá. *Methodology:* The SEIR compartmentalized model was applied based on the local epidemiological data with the estimated values of latency time and infectious time obtained in Chinese populations that were tested objectively to estimate the development of SARS-CoV-2 infection in Marabá. *Results:* The first peak showed a total of 1438 infected (28/09/2020) after the documentation of the first case (23/03/2020) demonstrating exponential behavior. We also observed for the next 30 days, from 14/08/2020, a downward trend in the number of cases in the city, the number of basal reproduction (R_0) assumed the value of 3.29 between the beginning of the pandemic and the date of the first peak (28/06/2020), at the end of the study period this number was 0.8. *Discussion:* The model performed well when compared to the documented cases, but there was a discrepancy in the downward phase of the pandemic, possibly due to the absence of more accurate data. This adequate behavior of the model based on these data indicates that the COVID-19 dissemination should be similar despite the geographical distances and the miscegenation of the Brazilian population. *Conclusion:* The use of the SEIR model based on local epidemiological data with the estimated values of latency time and infectious time obtained in objectively tested Chinese populations proved to be a useful tool for predicting the behavior of the COVID-19 pandemic.

Keywords: COVID-19; Coronavirus; Coronavirus disease; Forecasting; Statistical models; Epidemiology; Brazil/epidemiology.

1. Universidade do Estado do Pará, Faculdade de Medicina, Departamento de Ciências Biológicas e da Saúde. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1450-6363>. E-mail: walisson.barbosa@aluno.uepa.br.
2. Universidade do Estado do Pará, Faculdade de Medicina, Departamento de Ciências Biológicas e da Saúde. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8163-3832>. E-mail: ester.moreira@aluno.uepa.br.
3. Universidade do Estado do Pará, Faculdade de Medicina, Departamento de Ciências Biológicas e da Saúde. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1195-4112>. E-mail: juliana.araujo@aluno.uepa.br.
4. Universidade de São Paulo, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto. ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5242-329X>. E-mail: apazin@fmrp.usp.br.
5. Universidade do Estado do Pará, Faculdade de Medicina, Departamento de Ciências Biológicas e da Saúde. ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7308-117X>. E-mail: claudia.bueno@uepa.br.

Endereço para correspondência: Walisson Ferreira Barbosa. Av. Itacaiúnas, 1607. Novo horizonte. Marabá-PA, Brasil. E-mail: walisson.barbosa@aluno.uepa.br.

INTRODUÇÃO

A COVID-19 é causada pelo coronavírus SARS-CoV-2, com manifestações respiratórias variando desde quadros assintomáticos até a insuficiência respiratória¹, sendo que o tratamento é limitado às medidas de suporte e a vacinação no município de Marabá iniciou-se em 19 de janeiro de 2021². Caracteriza-se por rápida disseminação por via respiratória ou por contato³, com crescimento exponencial do número de casos. Seu potencial de disseminação pode ser ilustrado ao se considerar que cerca de 40 dias após o primeiro registro em Wuhan (província de Hubei-China), a doença foi declarada como Emergência de Saúde Pública de Importância Internacional (ESPII) pela Organização Mundial da Saúde (OMS)⁴, sendo que até o junho de 2021, foram confirmados mais de 183 milhões de casos e aproximadamente 4 milhões de mortes em todo o mundo⁵. O primeiro caso confirmado da doença em território nacional foi em 26 de fevereiro de 2020⁶.

No Brasil, a assistência do sistema de saúde mostra-se mais precária na região Norte⁷, que pode sofrer maior sobrecarga no sistema de saúde pela falta de estrutura e profissionais⁸. O estado do Pará apresenta o maior número de casos de COVID-19 nesta região, tendo o primeiro caso notificado em 18 de março de 2020¹⁰. O município de Marabá é o 4º maior do Pará e a sede da Região de Saúde Carajás - 11º regional de saúde¹¹, tendo população de 279.349 habitantes e seu primeiro caso notificado em 23 de março de 2020. Para o enfrentamento da pandemia, foram disponibilizados o Hospital Regional de Marabá, referência para o atendimento de casos graves, o Hospital Municipal de Marabá, como centro de triagem e o Hospital de Campanha.

Apesar dos esforços ensejados no aumento da capacidade para enfrentamento da pandemia, é natural o receio de que estes esforços não sejam suficientes frente ao crescimento de casos. Estimar este crescimento, bem como a projetá-lo pode ser fundamental para adoção de medidas pró-ativas que reduzam os impactos causados pela disseminação do COVID-19. Uma das alternativas disponíveis são os modelos matemáticos compartimentados, que possibilitam simulações da evolução da doença ao longo do tempo¹². Dentre eles, tem-se o modelo epidemiológico SEIR, derivado do modelo compartimentado SIR¹³, que foi utilizado no presente estudo na determinação do comportamento da curva de crescimento dos casos de COVID-19 no município de Marabá-PA.

CASUÍSTICA E MÉTODOS

Trata-se de um estudo epidemiológico observacional de caráter analítico, transversal, retrospectivo quanto à coleta de dados e prospectivo quanto à estimativa do comportamento dos casos, aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da Universidade do Estado do Pará Campus VIII / Marabá-PA (CAAE 33465720.3.0000.8607). Todos os indivíduos residentes no município de Marabá foram incluídos no estudo. A coleta de dados foi realizada de 18 de julho até 14 de agosto de 2020, sendo baseada nos boletins epidemiológicos diários da Prefeitura de Marabá de 20 de março de 2020 a 14 de agosto de 2020 e nas informações disponibilizadas no Portal da Transparência de Registro Civil¹⁴.

Utilizou-se a metodologia clássica do Modelo Compartimentado SEIR que classifica a população (N) em suscetíveis (S), expostos (E), infectados (I), removidos (R). Estes variam diariamente de forma que S_t , E_t , I_t , R_t variam a depender das variáveis r_t (número de reprodução no tempo t), α^{-1} (período médio de incubação), γ^{-1} (período médio infeccioso), ou seja conforme a Figura 1¹⁵.

Fluxograma do Modelo SEIR

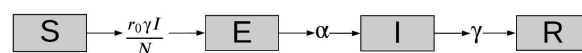


Figura 1. Dinâmica do modelo SEIR para o fluxo de indivíduos expostos à COVID-19.

Na figura a passagem de S (Suscetíveis) para E (Expostos) é determinada pelas multiplicação variáveis r_t (número de reprodução no tempo t), γ (inverso do período médio infeccioso), número de infectados no dia anterior (I) e pelo inverso do número total de indivíduos do modelo (N^{-1}), de forma que $N = S + E + I + RN = S + E + I + R$, com tudo isso sendo multiplicado diariamente pelo valor de S do dia anterior; a passagem de E (Expostos) para I (Infectados) é determinada pelas multiplicação de α (inverso do período médio de incubação) pelo valor de E do dia anterior; a passagem de I (Infectados) para R (Removidos) é determinada pelas multiplicação de γ (inverso do período médio de infeccioso) pelo valor de I do dia anterior.

Com base nesse pressuposto, o modelo compartimentado SEIR, leva em consideração dois períodos característicos de uma doença, o Tempo de Latência (α^{-1}) e o Tempo de Infecção (γ^{-1}), para a classificação do indivíduo no compartimento dos expostos (E) e infectados (I), respectivamente. Sendo que, α^{-1} compreende ao intervalo de tempo entre a exposição ao vírus e o início da transmissão, enquanto γ^{-1} corresponde ao período no qual a transmissão pode ocorrer¹⁶. Enquanto a transição desses infectados para a classificação de removidos (R) depende das taxas de recuperação e letalidade.

A probabilidade de em cada período t um indivíduo passar para o próximo compartimento é definida

sucessivamente nas equações:

$$p_{SE}(t) = 1 - \exp\left(\frac{-r_t \gamma t}{N}\right), p_{SE}(t) = 1 - \exp\left(\frac{-r_t \gamma t}{N}\right), p_{EI}(t) = 1 - \exp(-\alpha), p_{EI}(t) = 1 - \exp(-\alpha)$$

e $p_{IR}(t) = 1 - \exp(-\gamma), p_{IR}(t) = 1 - \exp(-\gamma)$, onde $p_{SE}(t)p_{SE}(t), p_{EI}(t)p_{EI}(t)$ e $p_{IR}(t)p_{IR}(t)$

representam respectivamente a probabilidade de passagem do compartimento S para o E, do E para o I e do I para o R; r_t corresponde ao número de infectados secundários médios causados por um infectado em um período t ; γ simboliza o inverso do tempo de Infecção; α configura como o inverso do tempo de latência; I_t constitui o número de infectados em um período t e N retrata o total da população suscetível, no caso toda população de Marabá.

O valor da variável α^{-1} é estimado nos trabalhos de WHO e Guan et al. no intervalo de 4,1 e 7 dias com um intervalo de 95% de confiança^{16,17}. Por sua vez, γ^{-1} é estimada no valor 10 a 14 dias com um intervalo de 95% de confiança pelo trabalho de Chen et al.¹⁹. Diante disso, utilizou-se $\alpha^{-1} = 5,4, \alpha^{-1} = 5,4$ dias e $\gamma^{-1} = 12, \gamma^{-1} = 12$ dias no presente modelo.

Foi utilizada distribuição binomial para determinar os possíveis valores de fluxos entre os compartimentos

$$SE_{t+1} \sim Binomial(r_t, \gamma) SE_{t+1} \sim Binomial(r_t, \gamma), EI_{t+1} \sim Binomial(\alpha) EI_{t+1} \sim Binomial(\alpha) \text{ e}$$

$$IR_{t+1} \sim Binomial(\gamma) IR_{t+1} \sim Binomial(\gamma).$$

Com isso, os compartimentos evoluem diariamente conforme as equações

$$S_{t+1} = S_t - SE_{t+1}, S_{t+1} = S_t - SE_{t+1}, E_{t+1} = E_t + SE_{t+1} - EI_{t+1}, E_{t+1} = E_t + SE_{t+1} - EI_{t+1},$$

$$I_{t+1} = I_t + EI_{t+1} - IR_{t+1}, I_{t+1} = I_t + EI_{t+1} - IR_{t+1}, R_{t+1} = R_t + IR_{t+1}, R_{t+1} = R_t + IR_{t+1}.$$

Sobre o número de reprodução (r_t), define-se r_t como o número de casos secundários gerados a partir de um mesmo caso em todo seu período infeccioso em uma faixa de tempo t . Para cada período de 12 dias, período igual ao tempo de infecção selecionada, foi assumido um valor diferente de r_t com a finalidade de contornar a grande inconstância do número de infectados acumulados durante esse intervalo de tempo.

Com isso, r_t assume o valor que utilizado nas equações diferenciais do modelo SEIR minimiza o valor de D na função objetivo

$$D = \sum_{i=1}^T \left(\frac{C_{(i)} - C_{0(i)}}{\sqrt{C_{(i)}}} \right)^2, D = \sum_{i=1}^T \left(\frac{C_{(i)} - C_{0(i)}}{\sqrt{C_{(i)}}} \right)^2.$$

Na qual, $C_{(i)}$ representa o número de infectados acumulados no tempo t estimado pelo modelo, ou seja, $C_{(i)} = I_t + R_t$ e $C_{0(i)} = I_t + R_t$. Por sua vez, $C_{0(i)}$ retrata o número de infectados acumulado notificado pela prefeitura e D representa numericamente o quão discrepantes estão os valores de $C_{(i)}$ e $C_{0(i)}$.

Para a previsão do comportamento da curva de infectados foi mantido o cálculo do modelo SEIR por mais 30 dias, nos quais foram assumidos valor de r_t constante

e igual ao valor de r_t calculado para o último período de 12 dias.

Ademais, foi aplicada a média móvel de período igual a 12 dias, conforme o período infeccioso, para atenuar as oscilações dos dados diários notificados pela prefeitura.

Analisou-se o comportamento da curva de infectados de acordo com as medidas de combate ao coronavírus em Marabá. O período foi determinado levando em consideração o período de incubação¹⁸ e o infeccioso como quatro e doze dias¹⁹, respectivamente, portanto os quatro dias anteriores são irrelevantes para a alteração da curva uma vez que os indivíduos ainda não se encontram na janela infecciosa.

Por fim, calculou-se um valor de r_0 como um r_t constante do período do início da pandemia até a data do primeiro pico, a fim de avaliar de forma geral o quão rápido cresce o número de casos em Marabá.

RESULTADOS

O modelo aproximou-se dos dados notificados pela prefeitura como exposto na Figura 2, entretanto no período indicado pela seta os dados apresentam-se discrepantes. Através do modelo proposto, montou-se o gráfico da Figura 3 que apresenta a curva de infectados e 2 picos ao longo do período estudado. O primeiro pico, do dia 28/06/2020, apresenta um total de 1438 infectados, enquanto o segundo

pico, datado no dia 23/07/2020, apresenta 912 infectados.

Ao se observar a notificação diária de casos ajustada pela média móvel (12 dias) observou-se a formação de 2 picos que coincidem com o 1º pico estimado pelo modelo (Figura 3). Já na comparação com o segundo pico estimado pelo modelo SEIR com os casos diários relatados, não se

observou picos correspondentes. Finalmente, observa-se que o modelo apresenta tendência de queda do número de infectados para os próximos 30 dias. O R_0 assumiu o valor de 3,29 entre o início da pandemia e a data do primeiro pico (28/06/2020), já nas últimas semanas esse valor caiu para 0,8.

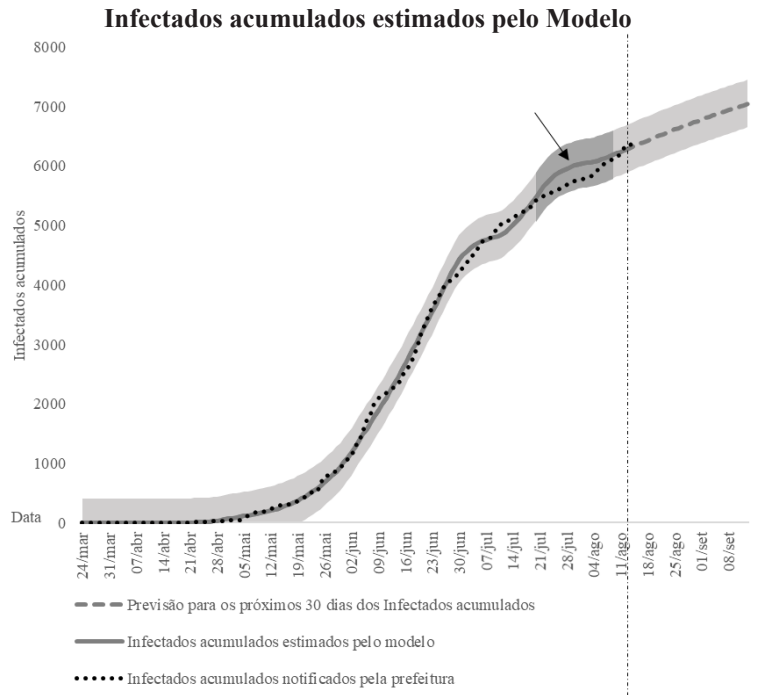


Figura 2. Comparação dos infectados acumulados estimados pelo modelo SEIR com os infectados acumulados notificados pela prefeitura e previsão para os próximos 30 dias dos infectados acumulados, ambos com um intervalo de confiança de 95%

A seta indica uma região mais escura na qual o modelo é mais discrepante, onde, apesar da tendência

de queda do número de casos observada no município, os cálculos realizados pelo modelo demonstram uma tendência de alta no mesmo período.

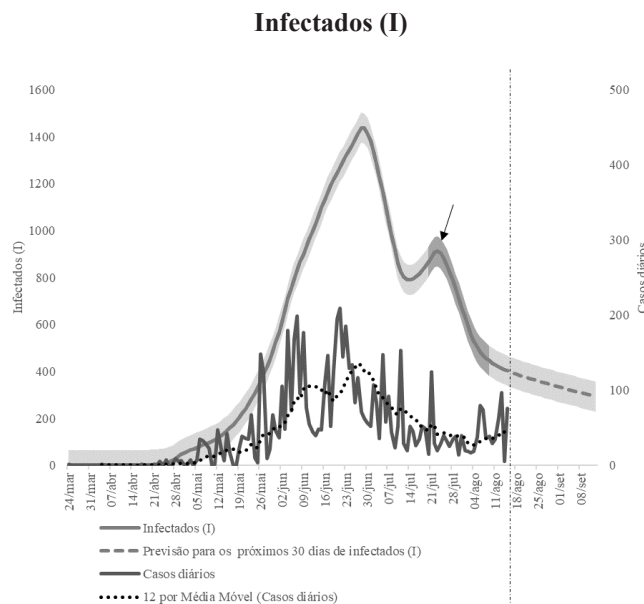


Figura 3. Comparação do número de casos infectados estimados pelo modelo SEIR (eixo à esquerda) com os infectados diários documentados pela Prefeitura de Marabá (eixo à direita)

No primeiro eixo (esquerda), uma curva de infectados pelo SARS-CoV-2 em Marabá e uma previsão para os próximos 30 dias estimados através do modelo SEIR com um intervalo de confiança de 95%. No segundo eixo (direita) o número de casos diários notificados pela prefeitura e a sua média móvel com um período de 12 dias. A seta indica uma região mais escura na qual o ocorre um segundo pico que pode ser considerado como uma anomalia matemática e limitação do modelo utilizado.

DISCUSSÃO

O presente trabalho apresenta a utilização do modelo SEIR para análise do comportamento da COVID-19 em uma cidade da região Norte da federação com poucos recursos para testagem e enfrentamento da pandemia. Utilizou-se o modelo com base em dados fornecidos pelas autoridades sanitárias. O modelo teve bom comportamento ao se comparar com os casos documentados, mas observou-se uma discrepância na fase descendente da pandemia, que talvez possa ser decorrente da ausência de dados mais acurados.

Os casos cumulativos estimados pelo modelo SEIR apresentaram boa correlação com os dados das autoridades sanitárias. Isto é esperado considerando que os cálculos foram baseados nestes dados, mas é importante ressaltar que as estimativas para os cálculos foram baseadas em dados de dois estudos chineses com elevado número de pacientes e que realizaram testagem que não foi possível em Marabá^{17,18}. Este comportamento adequado do modelo com base nestes dados é importante pois indica que o comportamento de disseminação da COVID-19 pode ser assumido como sendo similar apesar das distâncias geográficas e da miscigenação, forte traço demográfico da população brasileira, mesmo a China apresentando uma raça étnica predominantemente homogênea. Isto abre a possibilidade de se utilizar o modelo SEIR para previsão da pandemia em territórios com carência de testagem viral, como é a realidade da maioria dos municípios brasileiros.

Na Figura 3, observa-se, em Marabá, os picos dos casos de COVID-19, que representam o momento em que o número de novos casos tende a diminuir ou estabilizar. É válido salientar que as projeções da cadeia de contágio pela doença podem variar constantemente ao longo do tempo, considerando as novas condições da epidemia e a adesão às medidas de combate à disseminação do vírus. Ressalta-se ainda que após o pico epidemiológico, se houver redução do número de casos, não significa que a curva permanecerá descendente quanto ao número de infecções, mas pelo contrário, uma nova fase de propagação do vírus pode ser instaurada, resultando no retorno da ascendência da curva²⁰. Com as novas ondas de contágio, facilitadas pela ausência de vacinas, tratamentos farmacológicos validados e as medidas de flexibilização, outras variáveis surgem e, dessa forma, os cálculos devem ser refeitos com base nas

novas condições.

Dentre as ações que contribuíram para o pico epidêmico, destaca-se a influência do decreto de número 60, do dia 18 de junho de 2020, que trata acerca da permissão da reabertura de alguns serviços como shoppings, academias, entidades de ensino superior privado, cursos profissionalizantes e a realização de atividades religiosas como missas e cultos. Ainda que o funcionamento esteja condicionado às normas e a assinatura do Termo de Responsabilidade Sanitária, observa-se que a reabertura parcial contribuiu para o crescimento do número de casos. O decreto de número 61, datado de 18 de junho de 2020, estabelece ainda regras específicas para a abertura do comércio que, além de manterem as regras da vigilância sanitária, devem seguir horários específicos de funcionamento. Além disso, o decreto de número 66 versa sobre restrições de capacidade de academias, restaurantes e seus congêneres, bem como o reforço do distanciamento e outras normas sanitárias.

Como indicado pela seta na Figura 2, apesar da tendência de queda do número de casos observada no município, os cálculos realizados pelo modelo demonstram uma tendência de alta no mesmo período. Como resultado, nota-se a presença de um segundo pico, no período de maior discrepância entre os casos reais e os estimados, indicado pela seta na Figura 3. Com base nos dados disponíveis, é difícil explicar objetivamente esta discrepância. Uma possibilidade poderia ser a diminuição da documentação dos casos pelas autoridades sanitárias, considerando que a população com casos mais leves não tenha buscado os serviços de saúde por já ter aprendido sobre o comportamento da pandemia. No entanto, outra possibilidade poderia ser que este “novo” pico seja considerado como uma distorção e, portanto, uma possível limitação para utilização do modelo. No entanto, considerando o bom desempenho observado, novos dados seriam necessários para explicar esta distorção e desestimular a utilização do modelo com todo o potencial de uma ferramenta pró-ativa de estimativa de casos.

De acordo com Renardyet al.²², a redução dos contatos individuais é capaz de atrasar a ocorrência do segundo pico e também reduzir a sua magnitude, o que pode estar ocorrendo em Marabá considerando que a estimativa de infectados seja próximo do estimado por estes autores.

Assumiu-se para os próximos 30 dias, a partir do dia 14/08/2020, o valor de r_t como igual ao último calculado observando os últimos 12 dias, ou seja, igual a 0,8. Um valor que está abaixo do limiar de 1 estipulado pela literatura com um valor mínimo para manter o crescimento epidêmico²³, indicando como mostrado na Figura 3 uma tendência de queda.

Para alcançar a imunidade de rebanho em locais com o r_t superior à 2, a população imunizada deve representar 60-80%, sendo essa fração populacional diretamente

proporcional ao valor de r_t ²⁴. Entretanto, notou-se no trabalho de Aguas et al.²⁵ que quando o número básico de reprodução (r_0) assume valores entre 2,5 e 5 a porcentagem de indivíduos necessários para reverter a curva e evitar novos picos cai para 10-20%.

Em Marabá, o r_0 encontrado entre o primeiro caso notificado e o pico equivale a aproximadamente 3,29. O r_0 encontrado para o município está 0,03 ponto superior ao encontrado para o Brasil em Kwok et al.²⁴, e neste trabalho inferiu-se que necessitaria de no mínimo 69,3% da população infectada para que a emergência de uma nova onda pudesse ser evitada ou mitigada. Contudo, no período final de análise observa-se uma tendência decrescente o que pode indicar que essa porcentagem pode ser menor do que a previamente inferida, relacionando-se com os resultados de Aguas et al.²⁵.

Dessa forma, a pesquisa realizada fornece bases para o entendimento acerca da dinâmica de transmissão do SARS-CoV-2 no município de Marabá-PA, auxiliando no planejamento de intervenções, pela equipe de vigilância epidemiológica, e para a promoção da melhoria da assistência aos infectados, além de servir como ferramenta para a contenção do vírus. A utilização do modelo SEIR facilita a comparação com outros estudos por ser um modelo bem difundido na literatura. Além disso, oferece base para futuros estudos na região acerca do tema, como a análise na subnotificação, por outros pesquisadores.

Contribuição dos autores: *Walisson Ferreira Barbosa*: concepção; *Walisson Ferreira Barbosa, Ester Barros da Costa Moreira e Juliana Mattei de Araújo*: planejamento e análise, interpretação e redação do trabalho; *Cláudia Dizoli Franco Bueno e Antônio Pazin Filho*: revisão crítica. Todos os autores aprovaram a versão final encaminhada.

REFERÊNCIAS

1. Organização Pan-Americana da Saúde. Módulos de Princípios de Epidemiologia para o Controle de Enfermidades. Módulo 2: Saúde e doença na população. Brasília: Organização Pan-Americana da Saúde; Ministério da Saúde; 2010 [citado 20 jul. 2020]. Disponível em: https://www.paho.org/bra/index.php?option=com_docman&view=download&alias=950-modulos-principios-epidemiologia-para-controle-enfermidades-mopece-modulo-2-0&category_slug=informacao-e-analise-saude-096&Itemid=965.
2. Prefeitura de Marabá. Covid-19: Marabá inicia vacinação contra o Coronavírus [citado 03 jul. 2021]. Disponível em: <https://maraba.pa.gov.br/67235-2/>.
3. Kampf G, Todt D, Pfaender S, Steinmann E. Persistence of coronavirus on inanimate surfaces and the inactivation with biocidal agents. *J Hosp Infect.* 2014;104(62):246-51. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jhin.2020.01.022>.
4. World Health Organization. Statement on the second meeting of the International Health Regulations (2005) Emergency Committee regarding the outbreak of novel coronavirus (2019-nCoV). Geneva: World Health Organization; 2020 [cited 2020 July 20]. Available from: [https://www.who.int/news-room/detail/30-01-2020-statement-on-the-second-meeting-of-the-international-health-regulations-\(2005\)-emergency-committee-regarding-the-outbreak-of-novel-coronavirus-\(2019-ncov\)](https://www.who.int/news-room/detail/30-01-2020-statement-on-the-second-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-outbreak-of-novel-coronavirus-(2019-ncov)).
5. Wordometer. COVID-19 Coronavirus Pandemic [cited 2021 July 02]. Available from: <https://www.worldometers.info/coronavirus/>.
6. Brasil. Ministério da Saúde. Brasil confirma primeiro caso da doença. Brasília: Ministério da Saúde; 2020 [citado 20 julho 2020]. Disponível em: <https://www.saude.gov.br/noticias/agencia-saude/46435-brasil-confirma-primeiro-caso-de-novo-coronavirus>.
7. Mendonça FD, Santiago SR, Daniel LPP, Stefan VO. Região Norte do Brasil e a pandemia de COVID-19: análise socioeconômica e epidemiológica. *J Health NPEPS.* 2020;5(1):20-37. doi: <http://dx.doi.org/10.30681/252610104535>.
8. Coelho FC, Lana RM, Cruz OG, Villela D, Bastos LS, et al. Assessing the potential impact of COVID-19 in Brazil: mobility, morbidity and the Burden on the Health Care System. *MedRxiv.*2020;03(19):1-17. doi: <https://doi.org/10.1101/2020.03.19.20071111>.

As limitações do estudo referem-se à indisponibilidade de dados recentes quanto a quantidade de habitantes marabaenses, por isso utilizou-se no modelo o período mais atual disponível - 2018. Outras variáveis (tempo de incubação e período infeccioso) usadas para estimar o comportamento da curva em Marabá foram retiradas de estudos realizados na China, logo as diferenças climáticas, a sazonalidade e as mutações virais devem ser levadas em consideração quando os dados são comparados. Além disso, as informações acerca do número de infectados e de óbitos, utilizados pelo modelo, foram retiradas dos boletins oficiais diários publicados pela Prefeitura Municipal, sendo assim uma fonte de dados secundária e que por ter consideráveis vieses nos registros, estão passíveis de subnotificação.

CONCLUSÃO

Em suma, a utilização do modelo SEIR baseando-se nos dados epidemiológicos locais com os valores estimados de tempo de latência e tempo infeccioso obtido em populações externas que foram testadas objetivamente demonstrou-se como uma ferramenta útil para previsão do comportamento da pandemia de COVID-19. Isto abre a possibilidade de sua utilização em locais que não disponham de testagem como é a realidade na maioria dos municípios brasileiros. Os autores declaram não haver conflitos de interesse.

- 0.1101/2020.03.19.20039131.
9. Brasil. Ministério da Saúde. Painel Coronavirus. Brasília; 2020 [citado 20 julho 2020]. Disponível em: <https://covid.saude.gov.br/>.
 10. Lira M. Confirmado primeiro caso de COVID no Pará. Belém: Sespa; 2020 [citado jul. 2020]. Disponível em: <http://www.saude.pa.gov.br/2020/03/18/confirmado-o-primeiro-caso-de-covid-19-no-para/>.
 11. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Cidades e Estados. População estimada, 2019 [citado 25 jul. 2020]. Disponível em: ftp://ftp.ibge.gov.br/Estimativas_de_Populacao/Estimativas_2019/estimativa_TCU_2019_20200622.pdf.
 12. Cirino S, Silva JAL. Modelo Epidemiológico SEIR de Transmissão da dengue em redes de populações acopladas. TEMA – Tend Mat Apl Comput. 2004;5(1):55-64. doi: <https://doi.org/10.5540/tema.2004.05.01.0055>.
 13. Newton EA, Reiter PA. A model of the Transmission of Dengue Fever With an Evaluation of the Impact of Ultra-Low Volume (ULV) Insecticide Applications on Dengue Epidemics. Am J Trop Med Hygiene. 1992;47(6):709-20. doi: [10.4269/ajtmh.1992.47.709](https://doi.org/10.4269/ajtmh.1992.47.709).
 14. Portal de Transparência do Registro Civil. Óbitos com suspeita ou confirmação de COVID-19 [citado 25 jul. 2020]. Disponível em: <https://transparencia.registrocivil.org.br/especial-covid>.
 15. Coletivo Covid-19br Team. Nota técnica de 26 de abril de 2020. Modelos Implementados [citado 20 jul. 2020]. Disponível em: <https://arxiv.org/pdf/2004.13488>.
 16. Miettinen OS. Epidemiological research: terms and concepts. Dordrecht: Springer Nature; 2011. doi: [10.1007/978-94-007-1171-6](https://doi.org/10.1007/978-94-007-1171-6).
 17. World Health Organization. Report of the WHO-China joint mission on coronavirus disease 2019 (covid-19) [cited 2020 July 25]. Available from: [https://www.who.int/publications/i/item/report-of-the-who-china-joint-mission-on-coronavirus-disease-2019-\(covid-19\)](https://www.who.int/publications/i/item/report-of-the-who-china-joint-mission-on-coronavirus-disease-2019-(covid-19)).
 18. Guan W, Ni Z, Hu Y, Liang W, Ou C, He J, et al. Clinical characteristics of coronavirus disease 2019 in China. N Engl J Med. 2020;382(18):1708-20. doi: [10.1056/NEJMoa2002032](https://doi.org/10.1056/NEJMoa2002032).
 19. Chen J. Clinical progression of patients with covid-19 in Shanghai, China. J Infect. 2020;80(5):e1-e6. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2020.03.004>.
 20. Gomes ECS. Conceitos e ferramentas da epidemiologia. Recife: Ed. Universitária da UFPE; 2015.
 21. Prefeitura Municipal de Marabá. Decreto nº 60, de 17 de junho de 2020. Decreto nº 61, de 18 de junho de 2020. Decreto nº 66, de 25 de junho de 2020 [citado 25 jul. 2020]. Disponível em: <http://www.governotransparente.com.br/transparencia/4466490/leismunicipais?datainfo=MTIwMjAwOTA2MTA1MFBQUA==&clean=false>.
 22. Renardy M, Kirschner DE. Predicting the second wave of COVID-19 in Washtenaw County, MI. J Theoret Biol. 2020;492(20):413-8. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2020.110461>.
 23. Londoño SLM. Estimación do número de reprodução basal em modelos compartimentais [dissertação]. Campinas: Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica; 2014 [citado 20 jul. 2020]. Disponível em: http://repositorio.unicamp.br/jspui/bitstream/REPOSIP/305840/1/MercadoLondono_SergioLuis_M.pdf.
 24. Kwok KO, Lai F, Wei WI, Wong SYS, Tang JWT. Herd immunity – estimating the level required to halt the COVID-19 epidemics in affected countries. J Infect. 2020;80(6):512-9. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2020.03.027>.
 25. Aguas R, Corder RM, King JG, Gonçalves G, Ferreira MU, Gabriela GMM. Herd immunity thresholds for SARS-CoV-2 estimated from unfolding epidemics. MedRxiv. 2020;70(6):314-20. doi: <https://doi.org/10.1101/2020.07.23.20160762>.

Submetido: 04.11.2020

Aceito: 30.07.2021