

**Inclusão de Estratégias  
Não-farmacêuticas no  
Modelo Min-SEI(R|S)-Cluster**

Marcos Tomaszewski e Rafael de Santiago

**Relatório Técnico INE 003/2021**

# Inclusão de Estratégias Não-farmacêuticas no Modelo Min-SEI(R|S)-Cluster

Marcos Tomaszewski e Rafael de Santiago

24 de agosto de 2021

## Resumo

Modelos epidêmicos auxiliam no entendimento da projeção de uma infecção. Dentre esses modelos, existem aqueles que consideram que os indivíduos de uma população estão conectados sem uma rede de relacionamentos. No contexto de otimização discreta, existem métodos de busca que procuram por configurações específicas dessa rede para minimizar um contágio. O modelo Min-SEI(R|S)-Cluster propõe um problema de otimização no qual busca-se identificar qual o conjunto de relacionamentos devem ser mitigados para reduzir a propagação da epidemia em uma rede complexa, que representa a população. Uma das características que destacam esse modelo é considerar que os indivíduos pertencem a grupos; considera-se que um indivíduo tenha dinâmica de relacionamento diferente para indivíduos fora ou dentro de seu grupo. Este projeto de pesquisa adaptou o simulador de infecção do modelo Min-SEI(R|S)-Cluster para permitir a inclusão de períodos com diferentes níveis de isolamento social, adicionando a possibilidade de obter estatísticas de indivíduos mortos, recuperados e dos que precisam de terapias hospitalares específicas. Para isso, levantou-se os diferentes modelos de isolamento social, desenvolveu-se as adaptações no modelo e resultados foram analisados. Experimentos foram realizados com redes de diferentes números de indivíduos e tamanhos de grupos “familiares”. Os resultados reforçam a importância das medidas não-farmacológicas no período inicial da contaminação na população pois isolamentos sociais intermitentes e com períodos curtos demonstraram baixa efetividade quando comparado a isolamentos mais prolongados.

**Palavras-chave:** Modelos Epidêmicos, Redes Complexas, Simulação

## Introdução

A dinâmica disseminação de uma infecção tem sido alvo de diversas pesquisas. Um dos primeiros modelos matemáticos conhecidos de disseminação de infecção foi desenvolvido em 1766 por Daniel Bernoulli. Esse primeiro modelo foi inspirado em uma dinâmica representando indivíduos suscetíveis e imunes a uma infecção, probabilidades de sobrevivência, taxa de morte e poder de contágio (DIETZ; HEESTERBEEK, 2002). Depois, Hamer (1906) analisou o comportamento de doenças epidêmicas como influenza, dengue e sarampo. Pouco tempo depois, Ross (1910) desenvolveu um sistema de equações diferenciais para modelar a transmissão da malária; desde então, suas contribuições tem um papel importante no estudo de epidemias. O modelo de Kermack e McKendrick (1927) teve forte influência no estudo de projeções de epidemias. Ele considerou que os indivíduos de uma população podem ser suscetíveis, infectados ou recuperados de uma doença; esse modelo também utiliza equações diferenciais para especificar o comportamento de uma epidemia.

A análise e controle de epidemias é um tópico de pesquisa amplamente estudado, envolvendo múltiplas ciências como Biologia, Computação, Ciências Sociais e Física. Muitos modelos epidêmicos tem sido propostos em trabalhos recentes. Uma visão geral desses modelos e suas propriedades são apresentados em Nowzari, Preciado e Pappas (2016). Quase todos os modelos epidêmicos consideram que os indivíduos da população podem estar no estágio suscetível à infecção ou infectado.

Modelos epidêmicos podem considerar a população como um conjunto de indivíduos em uma rede complexa. Os indivíduos geralmente são representados como nodos e os relacionamentos entre eles podem ser arcos ou arestas. Usualmente, a notação  $G = (V, E)$  é empregada para representar uma rede na qual  $V$  é o conjunto de nodos (também chamados de vértices) e  $E$  é o conjunto de arcos ou arestas. Nesses modelos, infecções podem ser transmitidas a qualquer indivíduo suscetível adjacente a outro infectado (NEWMAN, 2002; PIZZUTI; SOCIEVOLE, 2020).

Modelos matemáticos de disseminação de contágio podem ser utilizados em problemas de busca que procuram por características que maximizam ou minimizam o espalhamento de uma infecção. Em redes, métodos de otimização geralmente são aplicados para investigar quais

relacionamentos devem ser mitigados para diminuir as infecções. Tecnicamente, isso significa investigar quais nodos, arcos ou arestas são mais importantes para que a infecção se espalhe em uma dinâmica determinada (NANDI; MEDAL, 2016).

Geralmente, a mitigação de uma epidemia é projetada através da modificação da estrutura de uma rede que representa a população em questão. Nowzari, Preciado e Pappas (2016) trazem resultados que apontam que um maior autovalor de uma matriz de adjacência de uma rede que represente uma população indicam uma relação (arco ou aresta) que tem maior importância na disseminação da infecção. Eles apresentam dois problemas de busca: encontrar o conjunto de  $n$  nodos ou um conjunto de  $m$  arcos/arestas a serem removidos que minimizam o autovalor máximo da matriz de adjacência, assim melhorando a resistência da população a epidemia. Ambos os problemas são considerados NP-Difíceis (NOWZARI; PRECIADO; PAPPAS, 2016).

Desde que esses problemas demandam muitos recursos de tempo computacional, alguns estudos tentaram utilizar relaxações de soluções exatas ou métodos heurísticos. Estratégias típicas usam métricas como o grau ou centralidade do nodo para selecionar qual deles deve ser removido na população (NOWZARI; PRECIADO; PAPPAS, 2016; HOLME et al., 2002; MILLER; HYMAN, 2007). Pesquisas que utilizaram mitigação das relações entre indivíduos tem sido explorado na literatura (BISHOP; SHAMES, 2011; SAHA et al., 2015; MIEGHEM et al., 2011; ZANETTE; RISAU-GUSMÁN, 2008; SANTIAGO et al., 2016; SANTIAGO; LAMB, 2017).

Marcelino e Kaiser (2009), Marcelino e Kaiser (2012) pesquisaram o comportamento de infecções de influenza com métodos de remoção de nodos e arcos/arestas. Eles compararam resultados de diferentes redes de itinerários de vôos com 500 nodos; cada nodo representava um aeroporto. Os resultados do estudo demonstraram que métodos de remoção de arcos/arestas eram mais eficientes para reduzir o contágio. Eles também descreveram que, em situações práticas, remover nodos seria mais difícil nesse contexto, pois seria como desligar um aeroporto, enquanto remover arcos/arestas seria similar a fechar rotas de vôo, que é mais sustentável.

No trabalho de Enns, Mounzer e Brandeau (2012), um método de remoção de relacionamentos de uma rede baseado em programação por restrições é proposto. Essa abordagem envolvia a minimização do número de nodos suscetíveis que eram conectados a um nodo infectado através de qualquer caminho na rede. Também foi considerado uma restrição no número de relacionamentos que poderiam ser removidos. Experimentos foram executados sobre redes nos

modelos Erdős–Renyi e *Small-world* com 15 nodos e 5 relacionamentos removidos. Redes *scale-free* (redes complexas) com até 200 nodos também foram utilizadas. Como principal resultado, observou-se que a estratégia adotada conseguiu ser mais efetiva do que usar estatísticas derivadas da estrutura da rede, como centralidade.

Uma comparação entre quatro diferentes heurísticas de remoção de relacionamentos para mitigar infecções é apresentada em (NANDI; MEDAL, 2016). A primeira heurística foi chamada de MinConnect e minimiza o número de arestas entre nodos suscetíveis e infectados. A segunda heurística foi chamada de MinAtRisk e minimiza o número de nodos que possuem um ou mais relacionamentos com nodos infectados relacionamentos entre nodos que possuem uma ou mais conexões com nodos infectados. A terceira foi chamada de MinPaths e minimiza os caminhos que podem ser usados por nodos infectados para espalhar a doença. A última heurística foi chamada de MinWPaths e minimiza a força (peso) dos relacionamentos entre indivíduos suscetíveis e infectados. Através de experimentos computacionais usando 200 nodos, os autores concluíram que o método mais eficiente foi o MinAtRisk.

Um estudo envolvendo a utilização de um algoritmo evolucionário com uma estratégia de imunização de nodos em uma rede é apresentado em Parousis-Orthodoxou e Vlachos (2014). Os autores usaram um modelo Suscetível-Infectado-Removido (SIR) para identificar quantos nodos precisariam ser vacinados na rede, considerando o custo para imunizar cada nodo. Os experimentos usaram redes Erdős–Renyi e Barabasi–Albert com 500 nodos e demonstraram que a quantidade de indivíduos vacinados se mantém relativamente baixa.

Min-SEIS-Cluster é um modelo que tenta encontrar um número fixo de relacionamentos que minimizem o número de infecções caso sejam removidos (SANTIAGO et al., 2016). Esse modelo considera que os estados possíveis para cada indivíduo de uma população são: suscetível a infecção, nesse caso o indivíduo não foi contaminado; exposto, nesse caso o indivíduo teve contato com a doença, deixa de ser suscetível, mas não é capaz de transmiti-la; ou infectado, o indivíduo está contaminado e passaria a contaminar as pessoas adjacentes a ele em uma rede complexa. Depois de infectado, um indivíduo voltaria a ser suscetível. Esse modelo considera que os indivíduos pertencem a um grupo; considera-se também que a dinâmica de contaminação acontece de maneira diferente entre indivíduos que pertencem e que não pertencem ao mesmo grupo. Esse conceito de grupos poderiam ser utilizados para representar dinâmica de contágio mais fortalecidas, como em grupos familiares, no qual o contato entre os indivíduos é mais

intenso. Em Santiago et al. (2016) uma heurística inspirada em simulações probabilísticas das infecções é apresentada. O modelo Min-SEIS-Cluster foi amadurecido e incorporou como busca um algoritmo genético no trabalho Concatto et al. (2017).

Motivado pelas consequências da pandemia do vírus SARS-CoV-2, o coordenador da presente proposta de projeto adaptou o modelo que simula as infecções do trabalho Santiago et al. (2016). Uma parte das alterações foram realizadas de modo a utilizar estruturas de dados mais eficientes para considerar redes onde cada indivíduo da população do estado de Santa Catarina pudesse se representado, ou seja, que a simulação pudesse comportar redes com mais de 7,2 milhões de nodos. Até o presente momento, os testes de escalabilidade demonstraram que a simulação comporta uma quantidade superior a de 11,4 milhões nodos. A segunda adaptação foi adicionar ao modelo a possibilidade dos nodos após infectados serem removidos, ou seja, imunizados. No presente momento, pode-se dizer que simulação conta com o modelo SEI(S|R) no qual depois de infectado, um indivíduo poderia se tornar suscetível ou seria imunizado/morto (removido) por seu contato com o vírus. Os resultados preliminares demonstram que, ajustados os parâmetros da simulação, é possível aproximar do número de testes positivos resultantes no estado de Santa Catarina. Dados dos resultados podem ser obtidos em dois relatórios divulgados em redes sociais e presentes nas referências Santiago (2020b) e Santiago (2020a). Com as alterações, o modelo passou a ser chamado de Min-SEI(S|R)-Cluster.

No contexto da pandemia do vírus SARS-CoV-2, o relatório Ferguson et al. (2020) descreve uma análise do momento em que foi escrito e uma predição de possível comportamento da pandemia se medidas de intervenções não-farmacêuticas continuarem a ser adotadas. Segundo o relatório, há vários fatores complexos que devem ser considerados, três importantes são destacados aqui. Primeiro, o excessivo número de pacientes no mundo tem colapsado os sistemas de saúde de nações inteiras, como aconteceu na Itália e mais recentemente na Espanha. Segundo, como não há vacina, políticas de isolamento social estão sendo adotadas por diversos governos no mundo na tentativa de permitir que os serviços de saúde não colapsem e que a população mais afetada tenha acesso a terapias hospitalares necessárias. Terceiro, com a política de isolamento, há a possibilidade do surgimento de várias “ondas” de contágio, o que demanda sistemas de simulação/predição de contágio para determinar períodos de “relaxamento” e “fortalecimento” de isolamento social. Há projeções informando que essas “ondas” aconteçam até 2022 (KISSLER et al., 2020).

Neste contexto, um projeto de pesquisa foi executado com o objetivo geral de adaptar o simulador de infecções do modelo Min-SEI(S|R)-Cluster para permitir a inclusão de períodos com diferentes níveis de isolamento social, adicionando a possibilidade de se obter estatísticas de indivíduos mortos, recuperados e dos que precisam de terapias hospitalares específicas. Para atingí-lo, os seguintes objetivos específicos foram concluídos:

1. Levantar quais as diferentes formas de isolamento social empregadas para o contágio de epidemias e suas respectivas estatísticas;
2. Obter instâncias/entradas para o novo simulador de infecções para o modelo Min-SEI(S|R)-Cluster;
3. Desenvolver as adaptações do simulador de infecção do modelo de Min-SEI(S|R)-Cluster, considerando inclusão de períodos com diferentes níveis de isolamento social, adicionando a possibilidade de se obter estatísticas de indivíduos mortos, recuperados e dos que precisam de terapias hospitalares específicas.;
4. Avaliar simulador adaptado (produto do objetivo específico 3), usando características dos estados da região sul do Brasil como entradas/instâncias.

O presente relatório final da pesquisa apresenta: materiais e métodos, resultados obtidos, conclusões e uma avaliação do bolsista de iniciação científica.

## Material e Métodos

O bolsista iniciou a pesquisa analisando os modelos de infecção para obter uma visão geral sobre os modelos compartimentais usados em epidemiologia, um foco maior foi dado ao modelo Min-SEI(R|S) por este ser o utilizado no simulador alvo das modificações.

Posteriormente iniciou-se um levantamento das estratégias não farmacêuticas que estavam sendo utilizadas por diversos países no mundo buscando conter a fase incipiente da pandemia de COVID-19, ao fim, decidiu-se por um modelo de isolamento social amplo, neste, seriam especificadas classes de estabelecimentos com diversos índices de contaminação e tipos de indivíduos dentro de uma população, com o objetivo de representar as diferenças de probabilidade de contaminação (CHANG et al., 2021), bem como os diferentes comportamentos de uma população no quesito de respeito as normas de isolamento social.

Dando início a etapa de codificação, foram realizadas as alterações no simulador de infecções Min-SEI(R|S)-Cluster (SANTIAGO et al., 2016) para que este pudesse incorporar o isolamento social, levando em conta os diferentes tipos de estabelecimento e comportamentos da população.

Por fim, foram buscados os parâmetros necessários pelo programa para os experimentos similares às da COVID-19, para executar o simulador com as propriedades similares as de uma doença real.

## Resultados Obtidos

O projeto teve como objetivo geral desenvolver modificações no simulador Min-SEI(R|S)-Cluster para a inclusão de períodos de diferentes níveis de isolamento social, bem como a apresentação de estatísticas com o número de indivíduos contaminados e mortos. Para atingi-lo, os seguintes objetivos específicos foram concluídos de forma parcial ou total:

1. Levantar quais as diferentes formas de isolamento social empregadas para o contágio de epidemias e suas respectivas estatísticas;
2. Obter instâncias/entradas para o novo simulador de infecções para o modelo Min-SEI(S|R)-Cluster;
3. Desenvolver as adaptações do simulador de infecção do modelo de Min-SEI(S|R)-Cluster, considerando inclusão de períodos com diferentes níveis de isolamento social, adicionando a possibilidade de se obter estatísticas de indivíduos mortos, recuperados e dos que precisam de terapias hospitalares específicas;
4. Avaliar simulador adaptado (produto do objetivo específico 3), usando características dos estados da região sul do Brasil como entradas/instâncias.

A seguir, há a descrição dos resultados obtidos acerca dos objetivos do projeto.

## Levantar quais as diferentes formas de isolamento social empregadas para o contágio de epidemias e suas respectivas estatísticas (objetivo 1)

Foram levantados os principais meio de isolamento social em uso, com atenção especial aos métodos que no momento do levantamento estavam sendo usados contra a pandemia de COVID-19. Os seguintes métodos foram identificados no levantamento:

1. Fechamento de:
  - Parques;
  - Escolas;
  - Comércio;
  - e produção não essencial.
2. Cancelamento de Eventos;
3. Toque de recolher;
4. *Lockdown/Stay-at-home*
5. Restrições a visitas em penitenciárias;
6. Fechamento de fronteiras;
7. Medidas de distanciamento;
8. Uso de Proteções respiratórias.

Devido tanto a adoção quase absoluta dentre os países, quanto ao potencial genérico da solução, optou-se pela implementação de um *Lockdown* parcial com restrição por tipo de estabelecimento comercial, aonde é possível tanto a realização de um *Lockdown* total, tendo a possibilidade de simular o respeito a esta medida restritiva por parte da população, bem como um cenário com redução da gama de estabelecimentos em funcionamento, respeitando as diferentes características de contágio demonstradas por (CHANG, 2020).

## Obter instâncias/entradas para o novo simulador de infecções para o modelo Min-SEI(S|R)- Cluster (objetivo 2)

Baseando-se na COVID-19, os parâmetros de tempo de exposição e infecção foram definidos para 2 e 14 períodos respectivamente (HARVARD, 2021) e a taxa de removidos foi calculada a partir dos números de contaminados e fatalidades e definida como 2,17% (HOPKINS, 2021). A taxa de transmissão foi definida arbitrariamente para 20%, bem como a taxa de infecção inicial (0,005%).

Também foram criados quatro perfis de estabelecimento comercial, com o objetivo de generalizar os estabelecimentos comerciais conforme suas chances de contágio:

- Mercado
  - Chance de contágio: 1%
- Academia
  - Chance de contágio: 10%
- Restaurante
  - Chance de contágio: 31%
- Festas
  - Chance de contágio: 62%

Foram definidos também cinco perfis de comportamento individual representando a adoção de cada indivíduo a uma política de isolamento, que definem a frequência e os locais que cada indivíduo visita, sendo esses:

- Isolado:
  - Nunca sai do domicílio.
- Conservador:
  - Sai do domicílio uma vez a cada dez períodos;

- Frequenta somente estabelecimentos comerciais que se assemelham a mercados.
- Cuidadoso;
  - Sai do domicílio uma vez a cada cinco períodos;
  - Frequenta somente estabelecimentos comerciais que se assemelham a mercados.
- Relapso
  - Sai do domicílio uma vez a cada dois períodos;
  - Frequenta estabelecimentos comerciais que se assemelham a mercados, restaurantes e academias.
- Indiferente
  - Sai do domicílio uma vez por períodos;
  - Frequenta estabelecimentos comerciais que se assemelham a mercados, restaurantes, academias e festas.

Com o objetivo de dividir a população dentre os perfis de comportamento individual, foram definidos os seguintes padrões de distribuição:

- Padrão de Isolamento:
  - 10% dos indivíduos pertencentes ao grupo Isolado;
  - 40% dos indivíduos pertencentes ao grupo Conservador;
  - 20% dos indivíduos pertencentes ao grupo Cuidadoso;
  - 20% dos indivíduos pertencentes ao grupo Relapso;
  - 10% dos indivíduos pertencentes ao grupo Indiferente;
- Padrão Normal:
  - 5% dos indivíduos pertencentes ao grupo Isolado;
  - 15% dos indivíduos pertencentes ao grupo Conservador;
  - 30% dos indivíduos pertencentes ao grupo Cuidadoso;
  - 35% dos indivíduos pertencentes ao grupo Relapso;

- 15% dos indivíduos pertencentes ao grupo Indiferente;

Por fim foram definidos os padrões de isolamento social aonde são definidos a política publica de isolamento, seguindo os conceitos anteriores, sendo esses:

- Isolamento inicial longo:
  - 200 períodos com indivíduos distribuídos no padrão de Isolamento;
  - 165 períodos com indivíduos distribuídos no padrão Normal.
- Isolamento inicial médio:
  - 100 períodos com indivíduos distribuídos no padrão de Isolamento;
  - 165 períodos com indivíduos distribuídos no padrão Normal;
  - 100 períodos com indivíduos distribuídos no padrão de Isolamento.
- Isolamento inicial curto;
  - 100 períodos com indivíduos distribuídos no padrão de Isolamento;
  - 165 períodos com indivíduos distribuídos no padrão Normal;
  - 100 períodos com indivíduos distribuídos no padrão de Isolamento.
- Isolamento social intermitente
  - Repete-se o seguinte padrão por 365 períodos:
    - \* 5 períodos com indivíduos distribuídos no padrão Normal;
    - \* 2 períodos com indivíduos distribuídos no padrão de Isolamento.

Desenvolver as adaptações do simulador de infecção do modelo de Min-SEI(S|R)-Cluster, considerando inclusão de períodos com diferentes níveis de isolamento social, adicionando a possibilidade de se obter estatísticas de indivíduos mortos, recuperados e dos que precisam de terapias hospitalares específicas. (objetivo 3)

O bolsista iniciou a etapa de adaptação do código com um estudo compreensivo do simulador para desenvolver familiaridade com o mesmo e com a linguagem C++.

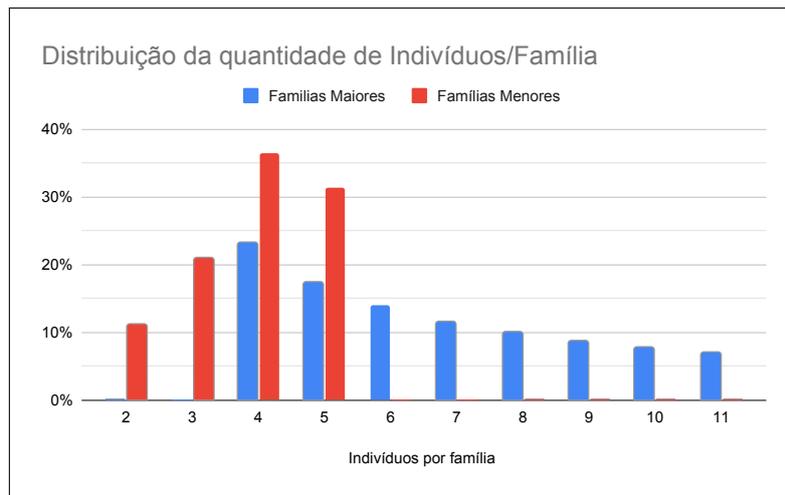


Figura 1 – Distribuição da Quantidade de Indivíduos por família

Desenvolveu-se então um padrão para os arquivos que representariam a generalização dos estabelecimentos comerciais, determinando um nome e uma chance individual de contágio e os perfis de comportamento individual, determinando um identificador, uma lista de locais frequentados, uma frequência de visita a estes e por fim a chance de um indivíduo na população pertencer a este perfil.

Por fim, foram adicionados métodos de saída, permitindo a obtenção das estatísticas como indivíduos contaminados, removidos (mortos), por unidade de tempo e ao total.

**Avaliar simulador adaptado (produto do objetivo específico 3), usando características dos estados da região sul do Brasil como entradas/instâncias. (objetivo 4)**

Para obtenção das instâncias para o simulador foram definidos seis arquivos representando as populações aproximadas do estado de Santa Catarina (aprox. 7 milhões de habitantes), da Grande Florianópolis (aprox. 700 mil habitantes) e de Biguaçu (aprox. 70 mil habitantes), representando assim populações de diversos tamanhos. Os habitantes foram agrupados aleatoriamente em domicílios, em proporções conforme a figura 1, tendo em média 2,8 e 5,4 pessoas por domicílio.

Para avaliar as adaptações desenvolvidas, cada combinação de tamanho de família, representação de cidade e tipo de isolamento foi executada 30 vezes, para um total de 720 execuções, as quais tiveram seus resultados armazenados e são apresentados abaixo.

Podemos observar claramente o efeito que os diferentes modelos de isolamento social

produziram na proliferação dentro do simulador, bem como o efeito que agrupamentos familiares maiores tem na disseminação de doenças dentro de uma sociedade. Esse efeito é particularmente observável no número diário de contaminações, com o modelo de isolamento social intermitente pois demonstra um nível flutuante de contágio diário, compatível com seu nível flutuante de restrições sociais. Nota-se por fim, o grande papel de contaminação que o re-contágio pode ter na manutenção no ciclo de vida de uma doença. Os gráficos abaixo refletem os resultados obtidos.

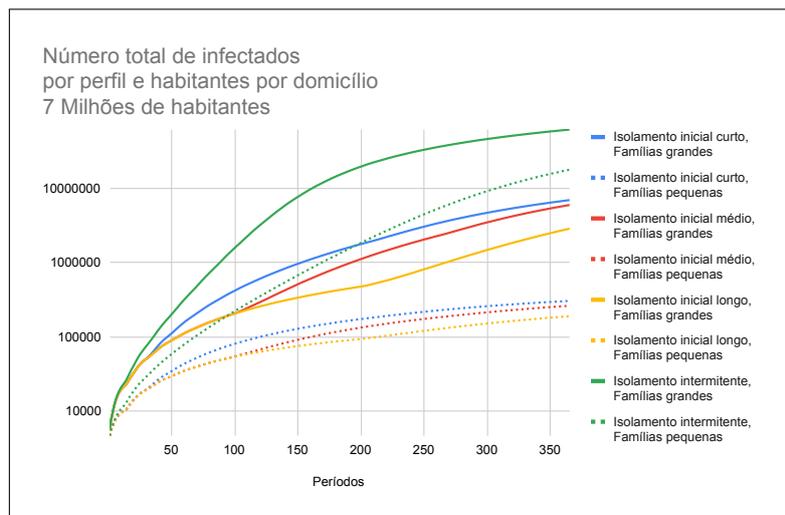


Figura 2 – Número total de infectados, por perfil e habitantes por domicílio, 7 milhões de habitantes

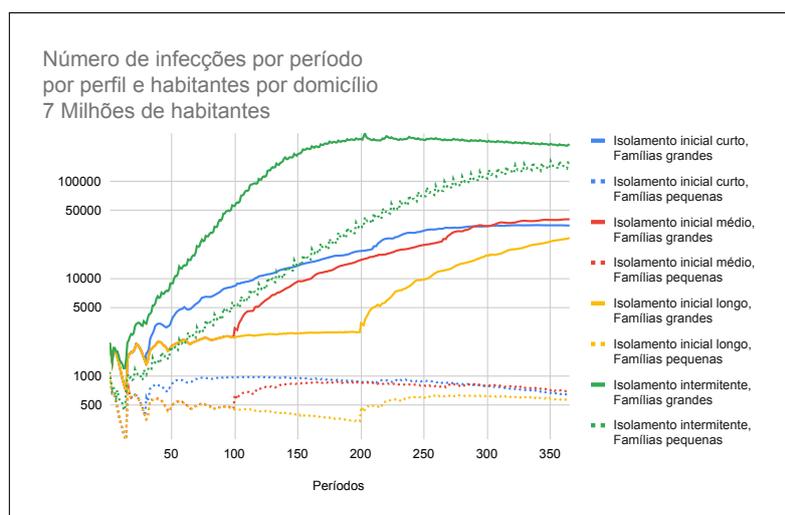


Figura 3 – Número de infectados por período, por perfil e habitantes por domicílio, 7 milhões de habitantes

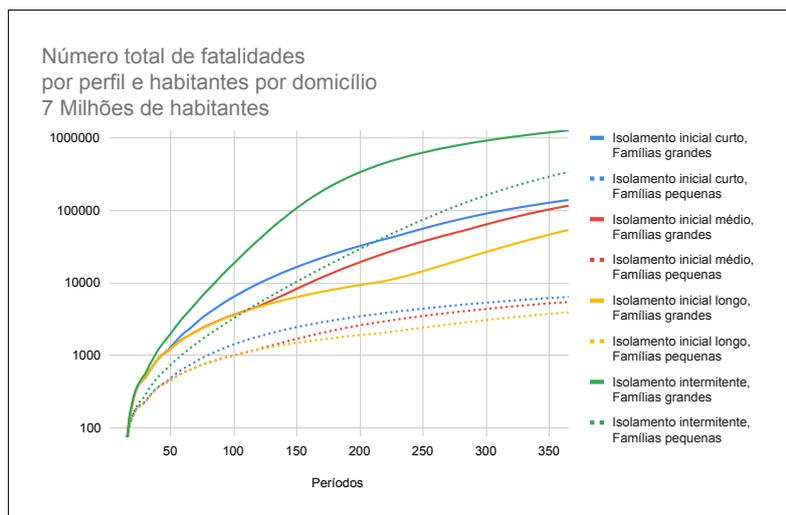


Figura 4 – Número total de fatalidades, por perfil e habitantes por domicílio, 7 milhões de habitantes

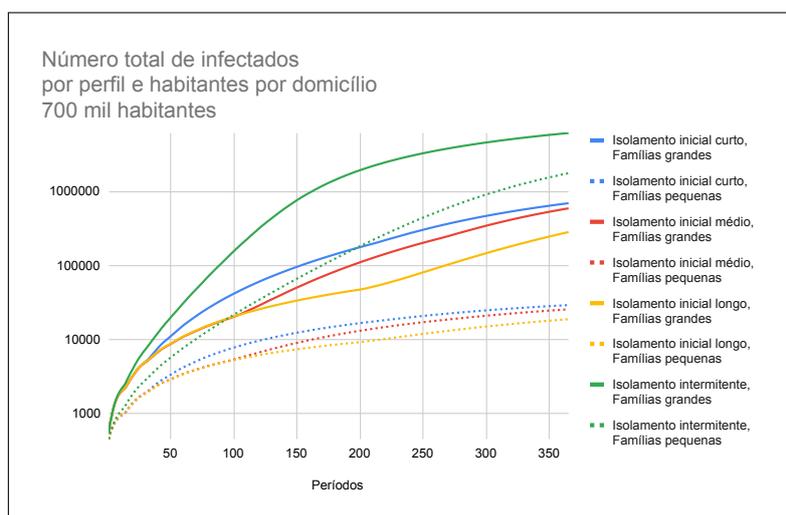


Figura 5 – Número total de infectados, por perfil e habitantes por domicílio, 700 mil habitantes

## Conclusões

O presente projeto de pesquisa adaptou o simulador de infecção do modelo Min-SEI(R|S)-Cluster e permitiu que fossem incluídos períodos com diferentes níveis de isolamento social. Para atingir esse objetivo, fez-se um estudo na literatura, no simulador original e novos arquivos de entrada foram criados para permitir o armazenamento e uso de perfis de usuário e estabelecimentos comerciais.

O simulador foi adaptado e encontra-se publicado em repositório público no GITHUB<sup>1</sup>. Com os experimentos realizados, ficou notável a influência que a restrição de movimentação e

<sup>1</sup> URL do projeto no GITHUB: <<https://github.com/Seis/SEIsr-Cluster-COVID19>>.

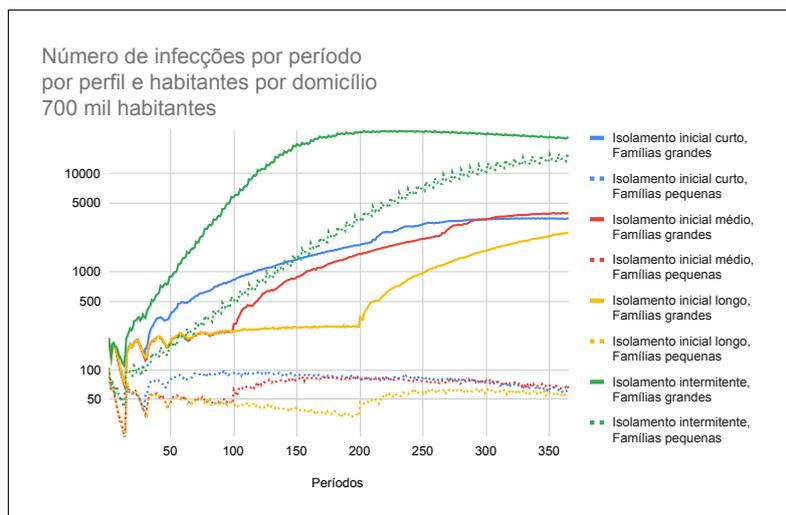


Figura 6 – Número de infectados por período, por perfil e habitantes por domicílio, 700 mil habitantes

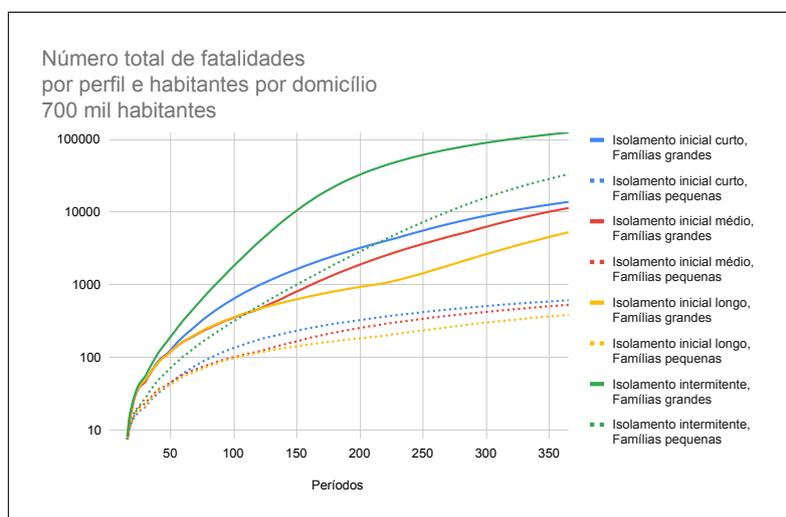


Figura 7 – Número total de fatalidades, por perfil e habitantes por domicílio, 700 mil habitantes

fluxo social tem no contágio de doenças, assim como a sua adoção na população. Fica evidente também a falta de efetividade de períodos de isolamento curtos intermitentes, principalmente frente grande eficácia dos modelos com isolamento inicial mais longo.

Como trabalhos futuros, pretende-se ampliar as opções de medidas não-terapêuticas oferecidas pelo simulador, para possibilidade de uso de equipamentos de proteção individual e parâmetros de higiene bem como mecanismos que possibilitem a restrição do horário de funcionamento dos estabelecimentos comerciais e por fim, procedimento para métodos de remoção mais complexos, como imunidade via vacinação e mortalidade atrelada a número proporcional de contaminados no sistema, representando cenários aonde o sistema de saúde não tem capacidade para atendimento dos debilitados.

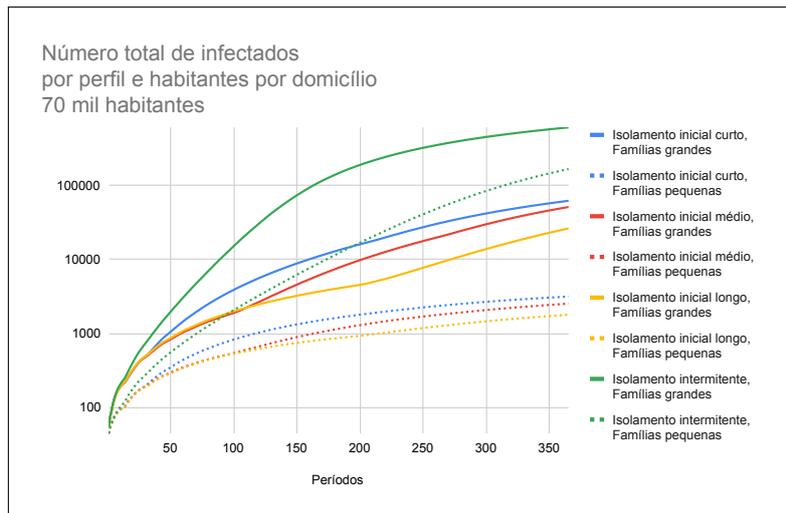


Figura 8 – Número total de infectados, por perfil e habitantes por domicílio, 70 mil habitantes

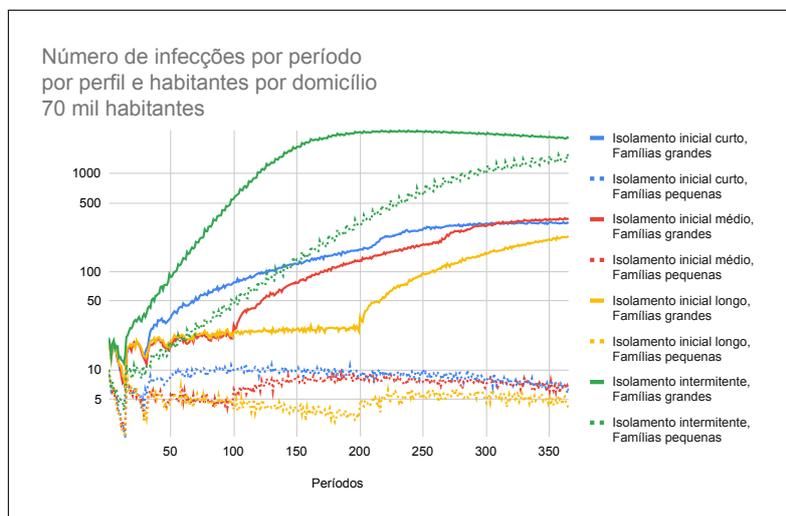


Figura 9 – Número de infectados por período, por perfil e habitantes por domicílio, 70 mil habitantes

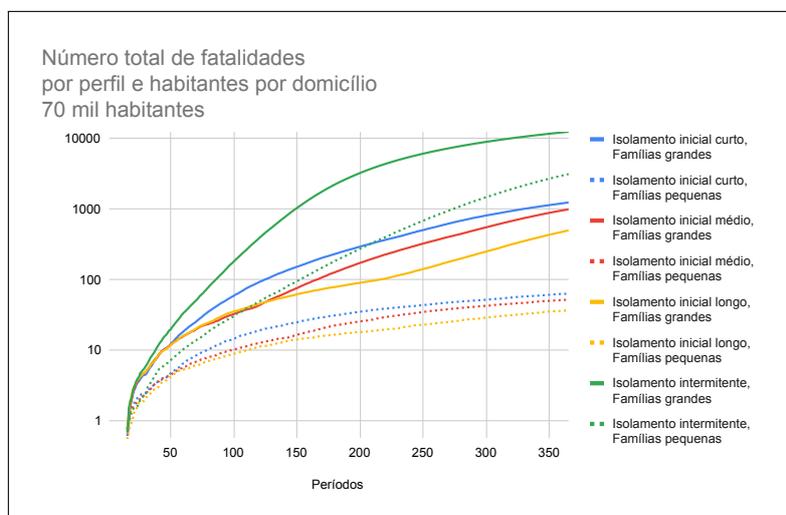


Figura 10 – Número total de fatalidades, por perfil e habitantes por domicílio, 70 mil habitantes



# Referências

- BISHOP, A. N.; SHAMES, I. Link operations for slowing the spread of disease in complex networks. *EPL (Europhysics Letters)*, v. 95, n. 1, p. 18005, 2011. Disponível em: <<http://stacks.iop.org/0295-5075/95/i=1/a=18005>>. Citado na página 4.
- CHANG, e. a. S. Mobility network models of covid-19 explain inequities and inform reopening. *Science, Nature*, 2020. ISSN 1476-4687. Disponível em: <<https://www.nature.com/articles/s41586-020-2923-3>>. Citado na página 9.
- CONCATTO, F. et al. Genetic algorithm for epidemic mitigation by removing relationships. In: *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*. New York, NY, USA: Association for Computing Machinery, 2017. (GECCO '17), p. 761–768. ISBN 9781450349208. Disponível em: <<https://doi.org/10.1145/3071178.3071218>>. Citado na página 6.
- DIETZ, K.; HEESTERBEEK, J. A. P. Daniel Bernoulli's epidemiological model revisited. *Mathematical Biosciences*, v. 180, p. 1–21, 2002. ISSN 00255564. Citado na página 3.
- ENNS, E. A.; MOUNZER, J. J.; BRANDEAU, M. L. Optimal link removal for epidemic mitigation: A two-way partitioning approach. *Mathematical Biosciences*, v. 235, n. 2, p. 138 – 147, 2012. ISSN 0025-5564. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0025556411001611>>. Citado na página 4.
- FERGUSON, N. et al. *Report 9: Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID19 mortality and healthcare demand*. [S.l.], 2020. Disponível em: <<https://spiral.imperial.ac.uk:8443/handle/10044/1/77482>>. Citado na página 6.
- HAMER, W. H. Epidemic disease in England. *Lancet*, i, p. 733–739, 1906. Citado na página 3.
- HARVARD, M. S. *If you've been exposed to the coronavirus*. 2021. Disponível em: <<https://www.health.harvard.edu/diseases-and-conditions/if-youve-been-exposed-to-the-coronavirus>>. Citado na página 10.
- HOLME, P. et al. Attack vulnerability of complex networks. *Physical review E, APS*, v. 65, n. 5, p. 056109, 2002. Citado na página 4.
- HOPKINS, U. J. *COVID-19 Dashboard*. 2021. Disponível em: <<https://gisanddata.maps.arcgis.com/apps/dashboards/bda7594740fd40299423467b48e9ecf6>>. Citado na página 10.
- KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. *Proceedings of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, v. 115, n. 772, p. 700–721, aug 1927. ISSN 1364-5021. Citado na página 3.
- KISSLER, S. M. et al. Projecting the transmission dynamics of sars-cov-2 through the postpandemic period. *Science, American Association for the Advancement of Science*, 2020. ISSN 0036-8075. Disponível em: <<https://science.sciencemag.org/content/early/2020/04/14/science.abb5793>>. Citado na página 6.
- MARCELINO, J.; KAISER, M. Reducing influenza spreading over the airline network. *PLoS Currents*, n. AUG, 2009. ISSN 21573999. Citado na página 4.

MARCELINO, J.; KAISER, M. Critical paths in a metapopulation model of H1N1: Efficiently delaying influenza spreading through flight cancellation. *PLoS Currents*, 2012. ISSN 21573999. Citado na página 4.

MIEGHEM, P. V. et al. Decreasing the spectral radius of a graph by link removals. *Physical Review E*, APS, v. 84, n. 1, p. 016101, 2011. Citado na página 4.

MILLER, J. C.; HYMAN, J. M. Effective vaccination strategies for realistic social networks. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, v. 386, n. 2, p. 780 – 785, 2007. ISSN 0378-4371. Disorder and Complexity Proceedings of the Pan American Scientific Institute (PASI) Conference “Disorder and Complexity”, Mar del Plata, Argentina, 11–20 December 2006 Pan American Scientific Institute (PASI) Conference “Disorder and Complexity”. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S037843710700948X>>. Citado na página 4.

NANDI, A. K.; MEDAL, H. R. Methods for removing links in a network to minimize the spread of infections. *Computers and Operations Research*, Elsevier, v. 69, p. 10–24, 2016. ISSN 03050548. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.cor.2015.11.001>>. Citado 2 vezes nas páginas 4 e 5.

NEWMAN, M. E. Spread of epidemic disease on networks. *Physical review E*, APS, v. 66, n. 1, p. 016128, 2002. Citado na página 3.

NOWZARI, C.; PRECIADO, V. M.; PAPPAS, G. J. Analysis and control of epidemics: A survey of spreading processes on complex networks. *IEEE Control Systems*, IEEE, v. 36, n. 1, p. 26–46, 2016. Citado 2 vezes nas páginas 3 e 4.

PAROUSIS-ORTHODOXOU, K.; VLACHOS, D. Evolutionary algorithm for optimal vaccination scheme. In: IOP PUBLISHING. *Journal of Physics: Conference Series*. [S.l.], 2014. v. 490, n. 1, p. 012027. Citado na página 5.

PIZZUTI, C.; SOCIEVOLE, A. Epidemic spreading curing strategy over directed networks. In: *Proceedings of the Numerical Computations: Theory and Algorithms*. New York, NY, USA: Springer, 2020. (NUMTA 2019), p. 182–194. ISBN 978-3-030-40616-5. Citado na página 3.

ROSS, R. *The Prevention of malaria*. J. Murray, 1910. Disponível em: <<https://books.google.co.in/books?id=0jRaWNX--s0C>>. Citado na página 3.

SAHA, S. et al. Approximation algorithms for reducing the spectral radius to control epidemic spread. In: SIAM. *Proceedings of the 2015 SIAM International Conference on Data Mining*. [S.l.], 2015. p. 568–576. Citado na página 4.

SANTIAGO, R.; LAMB, L. C. Efficient modularity density heuristics for large graphs. *European Journal of Operational Research*, Elsevier B.V., v. 258, n. 3, p. 844–865, may 2017. ISSN 03772217. Citado na página 4.

SANTIAGO, R. d. *Relatório Modelo SEI(S/R)-Comunidades-SC: 09 de Abril de 2020*. [S.l.], 2020. Disponível em: <<https://tinyurl.com/y88c5p2y>>. Citado na página 6.

SANTIAGO, R. d. *Relatório Modelo SEI(S/R)-Comunidades-SC: 31 de Março de 2020*. [S.l.], 2020. Disponível em: <<https://tinyurl.com/ya4r72lm>>. Citado na página 6.

SANTIAGO, R. de et al. A new model and heuristic for infection minimization by cutting relationships. In: \_\_\_\_\_. *Neural Information Processing: 23rd International Conference, ICONIP 2016, Kyoto, Japan, October 16–21, 2016, Proceedings, Part II*. [S.l.]: Springer International Publishing, 2016. p. 500–508. ISBN 978-3-319-46672-9. Citado 3 vezes nas páginas 4, 5 e 6.

ZANETTE, D. H.; RISAU-GUSMÁN, S. Infection spreading in a population with evolving contacts. *Journal of Biological Physics*, v. 34, n. 1, p. 135–148, 2008. ISSN 1573-0689. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1007/s10867-008-9060-9>>. Citado na página 4.