

# REDES DE PEQUENO MUNDO PARA O ESTUDO DA COVID-19

Eduardo Silvino de Oliveira Pereira, Beatriz da Silva Oliveira

FCI – Faculdade de Ciência da Computação – Universidade Presbiteriana Mackenzie –  
São Paulo – SP – Brasil

31723780@mackenzista.com.br, 31833314@mackenzista.com.br

**Abstract.** *In the current socio-political and economic situation in the world, the study of epidemics is of utmost importance for the prevention of new contagious diseases, in which research is carried out on how diseases arose, their symptoms and their spread. An effective way to study epidemics is by using small-world networks, which is a tool or instrument for modelling biological and social systems, with the aim of understanding how epidemiological diseases spread. In the present work, a model for disease transmission that applies the concept of contact between communities in a small-world network was used, employing an adapted SEIR model (susceptible, exposed, infected and recovered) adding the state death by disease, to perform Covid-19 simulations and verify how the relationship between individuals affects the death rate.*

**Resumo.** *Na atual situação sociopolítico econômico do mundo, o estudo de epidemias é de suma importância para a prevenção de novas doenças contagiosas, em que se é realizado a pesquisa de como as doenças surgiram, seus sintomas e sua propagação. Uma forma eficaz de estudar as epidemias é utilizando redes de pequeno mundo, que é uma ferramenta ou instrumento de modelagem de sistemas biológicos e sociais, com o objetivo de compreender como doenças epidemiológicas se propagam. No presente trabalho foi utilizado um modelo para transmissão de doenças que aplica o conceito de contato entre comunidades numa rede de pequeno mundo, empregando um modelo adaptado do SEIR (suscetível, exposto, infectado e recuperado) adicionando o estado morte pela doença, para realizar simulações da Covid-19 e verificar como a relação entre indivíduos afeta a taxa de morte.*

## 1. Introdução

O estudo de doenças epidemiológicas se tornou altamente relevante na atualidade, pela pandemia da covid-19 e com vários lugares do mundo encontrando-se em uma segunda onda da doença e com a progressão da propagação da covid-19 pelo mundo ainda sendo incerto com uma possível terceira onda e com vacinas em estado de testes.

Neste cenário, entender melhor como ela se comporta é de suma importância, em virtude disso, redes de pequeno mundo são uma boa forma de realizar este estudo, por sua capacidade de modelar sistemas biológicos e sociais, sendo um meio termo entre uma rede totalmente regular e uma rede totalmente aleatória com seu alto agrupamento de vértices e curto comprimento de caminho, este tipo de rede tem exemplos reais como mapas de estradas, redes de neurônios, e redes de influência social.

É possível realizar uma simulação de epidemias utilizando redes de pequeno mundo a partir de estatísticas matemáticas e dados científicos, e suas características. A partir da hipótese levantada, o trabalho abordar um meio alternativo para tratar de forma eficaz a questão de simular a COVID-19, tomando como base, as pesquisas e referências do tema. Neste contexto, a pergunta que será respondida nesta pesquisa é: o aumento do contato entre os indivíduos é o principal responsável pelo aumento na taxa de mortalidade?

Conforme observado em diversos países a quarentena foi efetiva em diminuir a taxa de contágio e por consequência diminuindo a taxa de mortalidade, assim o aumento do contato entre os indivíduos significa também um aumento na taxa de mortalidade.

Nesta seção se apresenta o objetivo geral e específico e o problema da pesquisa com a hipótese, assim como uma breve introdução sobre a covid-19 e sobre redes de pequeno mundo, sendo a ferramenta que simula a propagação da covid-19.

### 1.1 Redes de Pequeno Mundo

Antes de definir o que são redes de pequeno mundo, precisa-se estabelecer o conceito de redes de contato e dois tipos de redes, sendo elas, aleatórias e regulares. Caracterizando redes de contato como um grafo em que os vértices são os indivíduos e as arestas são as relações, assim uma rede regular é um tipo de rede no qual a construção das arestas é feita ligando os vértices com seus vizinhos mais próximos com um alta distância média entre os vértices e um alto agrupamento de vértices, enquanto na rede aleatória a distribuição das arestas é feita de modo aleatório com uma baixa distância média e um baixo agrupamento.

Assim o modelo de rede de pequeno mundo proposto e estudado por Watts e Strogatz (1998,p.440-442) um tipo específico de rede aleatória, no qual inicialmente é construída como sendo uma rede regular, porém com um procedimento de religamento consistindo na seleção de um vértice e uma ligação com um vizinho, usando uma probabilidade entre 0 e 1 de reconectar esta aresta a um outro vértice escolhido aleatoriamente, este processo é repetido em todas as arestas, sendo proibido auto ligação e ligação dupla, desse modo obtendo uma rede com alto agrupamento e baixo distância média .

Segue um exemplo da relação na aleatoriedade para construção de rede de pequeno mundo ilustrado na Figura 1.



Figura 1. Redes de pequeno – relação entre nós no aumento da aleatoriedade. (Ilustração tirada do artigo Redes Complexas e Modelagem de Epidemias, GAGLIARDI; ALVES, 2020, p.3)

## 1.2 Covid-19

De acordo com Procons Estaduais e Municipais a Covid-19 faz parte de uma grande família de vírus comuns em muitas espécies diferentes de animais, é uma infecção respiratória causada pelo coronavírus, que raramente infectam humanos, mas sua primeira transmissão aconteceu em dezembro de 2019, em Wuhan na China, em que se disseminou transmitindo para outras pessoas. Em 11 de março de 2020, a Organização Mundial da Saúde declarou a covid-19 uma pandemia (INSTITUTO BUTANTAN, 2020). Em 06 de Junho de 2021 foram confirmados 16.917.799 casos de covid, e 471.835 mortes no Brasil, com estimativa de 14.962.317 pessoas recuperadas (COTA, 2021).

Casos	Recuperados	Mortes
17,4 mi +37.948	15,4 mi +129 mil	487 mil +1.129

Local	Casos↓	Recuperados	Mortes
São Paulo	3,46 mi +9.272	3,08 mi	118 mil +234
Minas Gerais	1,68 mi +4.542	1,55 mi +3.531	43.124 +252
Paraná	1,15 mi +2.331	805 mil +16.847	28.135 +49
Rio Grande do Sul	1,15 mi +719	1,1 mi +7.689	29.672 +59
Bahia	1,06 mi +2.005	1,03 mi +7.599	22.513 +88

**Figura 2. Estatísticas da quantidade de pessoas com casos de covid-19, quantidade de mortes e de pessoas recuperadas no Brasil (Google, Estatísticas do coronavírus, referente ao dia 14/06/2021), "+" mostra os novos casos informados do dia anterior ao dia de acesso.**

### 1.2.1 Transmissão

A transmissão, segundo Procons Estaduais acontece de uma pessoa doente para outra, em que o contato tenha sido de cerca de 1 metro. A transmissibilidade pode acontecer, em média de 07 dias após o início dos sintomas. No entanto, dados preliminares do coronavírus (SARS-CoV-2) sugerem que a transmissão possa ocorrer mesmo sem o aparecimento de sinais e sintomas.

A transmissão pode acontecer das seguintes formas: toque ou aperto de mãos, espirro, tosse, catarro, objetos ou superfícies contaminadas, e os primeiros sintomas da Covid-19, podem surgir em média de 5 dias a 12 dias, após o contato com o vírus (GOVERNO DO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO, 2021).

### 1.2.2 Sintomas

De acordo com a Organização Mundial de Saúde (2021) os sintomas são similares a de um resfriado, variando até a uma pneumonia. Segue os sintomas mais comuns: febre, tosse seca, e cansaço. Os sintomas menos comuns são dores e desconfortos, dor de garganta, diarreia, conjuntivite, dor de cabeça, perda de paladar ou olfato e erupção cutânea na pele ou descoloração dos dedos das mãos ou dos pés. Já os sintomas mais graves são: dificuldade de respirar ou falta de ar, dor ou pressão no peito, perda de fala ou movimento.

### 1.2.3 Prevenção

Segundo Procons Estaduais ainda não há um tratamento específico para prevenir o vírus, mas tem como prevenir a contaminação seguindo os seguintes métodos: lavar as mãos, com água e sabão, limpar as mãos com antisséptico, como álcool em gel, evitar tocar olhos, boca e nariz, manter o ambiente ventilado, não compartilhar objetos e cobrir a boca e nariz, com lenço descartável ou com a parte interna do cotovelo, ao tossir e espirrar (GOVERNO DO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO, 2021).

## 2. Referencial Teórico

O conceito de redes de pequeno mundo explicado no artigo Síntese Artigo Collective Dynamics of 'Small-World' Networks, é o meio-termo entre uma rede com conexão totalmente regular e uma rede com conexão totalmente aleatória, formando uma rede regular e realocando as conexões (arestas) com probabilidade  $p$  entre 0 e 1, colocando quantidades crescente de desordem, chegando na conclusão “Descobrimos que esses sistemas podem ser altamente agrupados, como redes regulares, mas ainda assim ter pequenos comprimentos de caminho característicos, como gráficos aleatórios”(WATTS; STROGATZ,1998,”tradução nossa”), com essas características percebe-se que algumas redes reais podem ser chamadas de redes de pequeno mundo como a rede de energia elétrica do oeste dos Estados Unidos e a rede neural do verme nematoide *C. Elegans* ou como a propagação de uma doença infecciosa.

Desta forma neste artigo foi usada uma explicação de redes de pequeno mundo com o foco em simulações de epidemias, do artigo Síntese Artigo Redes Complexas e Modelagem de Epidemia (GAGLIARDI; ALVES, 2020), em que explica que, nem uma rede regular com as interações só acontecendo entre vizinhos e nem a rede aleatória com as interações acontecendo unicamente por uma probabilidade, são adequadas para simulação de uma doença com “ambas abordagens são biologicamente irreais, sendo que no primeiro caso o processo de infecção é lento (dado o alto nível de correlações locais introduzidas no sistema) e no segundo caso efetivamente não há espaço.” (GAGLIARDI; ALVES, 2020, p.2), desta forma pode-se observar que, para a simulação da pandemia da Covid-19 utilizando redes complexas, é melhor usar redes de pequeno mundo em detrimento de outros modelos de redes.

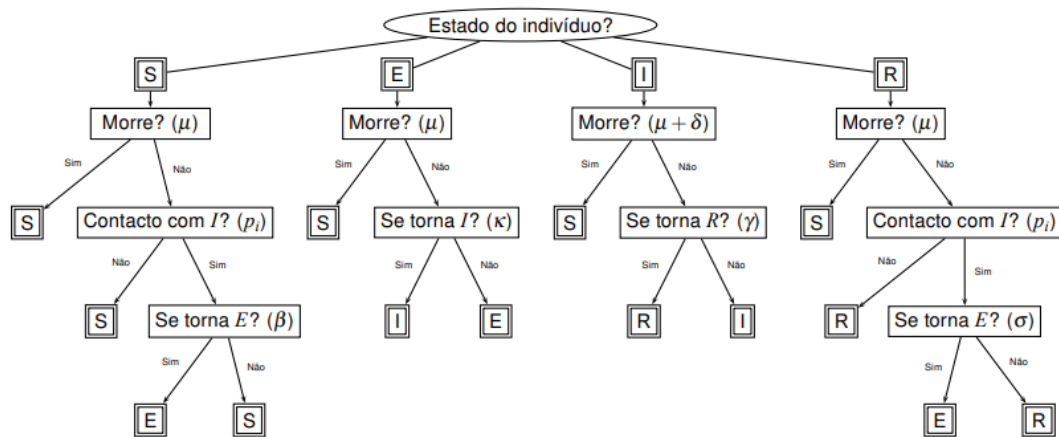
No trabalho também é utilizado um modelo de simulação de epidemias da dissertação do mestrado Estudo da Dinâmica de Epidemias em Redes Aleatórias (LÓPEZ, 2019), que se baseia no modelo de propagação SEIR (sucessível, exposto, infectado, recuperado), assim adicionando um estado exposto ao modelo SIR, esse estado sendo o período de latência de uma doença, ou seja, o período que dura desde a

infecção de um indivíduo até a manifestação dos sintomas. O modelo apresenta uma rede que divide a população em subpopulações chamada de deme, sendo caracterizada como um conjunto de pessoas que convivem juntas como uma família ou grupo de pessoas que divide a mesma moradia, cada deme tem  $N_d$  indivíduos, e com um total de deme  $D$ , logo o total de indivíduos na rede é  $N_d * D$ , e a construção da rede de pequeno mundo é caracterizado como

“O algoritmo para construir esta rede, inicia com uma rede regular, em que cada deme está conectada com seus 4 vizinhos mais próximos, cada ligação é reconectada, com probabilidade  $p$ , a uma nova deme selecionada aleatoriamente” (LÓPEZ ,2019 ,p.27).

com  $p$  assumindo valores de 0.01,0.05,0.1, chegando no máximo a 0.2 para evitar desconexão na rede, e com cada deme podendo trocar migrantes com suas demes vizinhas.

A simulação é iniciada com apenas 1 indivíduo sendo infectado, a cada passo de tempo o estado de todos indivíduos da rede é atualizado, a probabilidade de um indivíduo suscetível entrar em contato com um infectado é  $p_1 = N_I / (n - 1)$ , sendo  $N_I$  a quantidade indivíduos infectados na deme, e  $n$  é quantidade indivíduos na deme, caso o indivíduo suscetível entre em contato com um infectado, ele pode se tornar exposto com probabilidade  $\beta$ , caso se torne exposto tem probabilidade  $\kappa$  de se tornar infectado, um infectado tem a probabilidade  $\gamma$  de se tornar recuperado, e um indivíduo recuperado tem uma probabilidade  $\sigma$  de caso em contato com indivíduo infectado se retorna ao estado exposto, como observa-se no esquema abaixo.

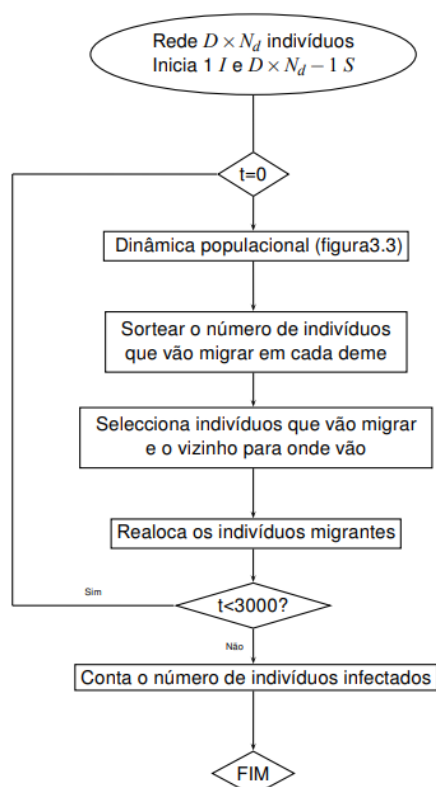


**Figura 3. Esquema da dinâmica da doença para cada indivíduo. (ilustração tirada da dissertação Estudo da Dinâmica de Epidemias em Redes Aleatórias, LÓPEZ ,2019 ,p.29).**

Após atualização dos estados de todos os indivíduos, acontece o processo emigração de indivíduos é descrito como

“O número de migrantes de uma deme é gerado através de uma distribuição Poisson com média  $N_d m k$  em que  $m = 0.0004$  é a taxa de migração por conexão por indivíduo e  $k$  é a conectividade cada deme. Os indivíduos emigrantes são selecionados aleatoriamente entre os  $N_d$  indivíduos da deme e são removidos para uma das  $k$  demes vizinhas.” (LÓPEZ ,2019, p.28).

Assim o processo de atualização dos estados do indivíduo e o processo de emigração são repetidos a cada passo de tempo até  $T = 3000$  passos de tempo e ao final avalia-se a persistência da doença, todo processo da simulação é esquematizado no diagrama abaixo



**Figura 4. Esquema do processo de simulação (ilustração tirada da dissertação Estudo da Dinâmica de Epidemias em Redes Aleatórias, LÓPEZ ,2019, p.30).**

### 3. Metodologia

Neste TCC, o trabalho teve início com uma revisão da literatura específica sobre o tema da pesquisa. O foco da revisão abrangeu sobre a simulação da Covid-19, utilizando redes de pequeno mundo, que se baseia no modelo de propagação SEIR (sucessível, exposto, infectado, recuperado), adicionando o estado morte pela doença, como um meio de realizar a simulação utilizando os dados de pesquisa da covid.

A leitura, análise e comparação da fundamentação teórica tiveram como objetivo a busca de técnicas matemáticas visando uma alternativa de solução do problema de

encontrar um modelo matemático e epidemiológico para comportar uma simulação que possa relacionar a taxa de contato entre indivíduos com a taxa de mortalidade entre outros fatores.

A metodologia utilizada nesta pesquisa compreendeu também o estudo de o que são redes de pequeno mundo, e que com elas é possível simular epidemias, como surgiram, taxas de transmissão, taxas de mortalidade, e como afeta as pessoas socialmente e economicamente. Dados históricos documentados em relação ao início da pandemia e a quantidade de pessoas mortas e infectadas. Assim o modelo de rede de pequeno mundo e epidemiológico que foi aplicado neste trabalho foi modelo do mestrado descrito na seção anterior com valores adaptados para a covid-19 e com adição de um estado de morte pela doença.

#### **4. Desenvolvimento**

A sistematização dos dados das análises feitas na pesquisa foi desenvolvida utilizando redes de pequeno mundo, por meio de regressões matemáticas. Primeiramente tem se a decisão da linguagem a ser utilizada para desenvolver a simulação, seguido da modelagem de uma rede de pequeno mundo, ou seja, uma matriz adjacente de  $n$  vértices binários, em que 0 significa que não há arestas conectando com os vértices e 1 há uma conexão entre vértices. Transformando a rede em uma de pequeno mundo, e ter-se o fator sucessível, exposto, infectado, recuperado dos indivíduos, adaptando os dados da covid-19 para realizar a simulação.

A simulação realizada segue o modelo descrito na dissertação de mestrado estudo da dinâmica de epidemias em redes aleatórias, usando o modelo epidemiológico SEIR (Suscetível, Exposto, Infectado e Recuperado). O suscetível é o indivíduo que não foi infectado pelo vírus, o exposto é o indivíduo infectado, mas ainda sem nenhum sintoma, o infectado já está com o vírus e o recuperado já se recuperou do vírus, mas pode se infectar novamente. A rede de pequeno mundo foi feita utilizando um probabilidade de reconexão de 0.2, com cada vértice nessa rede sendo um grupo de pessoas chamadas de Deme, a simulação inicia com 1 indivíduo aleatório sendo infectado assim começado a dinâmica populacional, sendo definida a probabilidade de um indivíduo suscetível ou recuperado entrar em contato com um indivíduo infectado é número de pessoas infectadas dividido pelo número total de pessoas na deme menos 1, existe ainda migrações entre indivíduos de demes diferentes, o número de migrantes de uma deme é gerado por meio de uma distribuição Poisson com média feita por 0.0004 de taxa de migração por conexão por indivíduo vezes a conectividade cada deme vezes número de pessoas da deme.

A simulação foi programada na linguagem Java, utilizando as classes: Rede, responsável pela criação da rede de pequeno mundo, migração de indivíduos entre demes, chamar a execução da dinâmica populacional em cada deme e coletar os resultados geral da quantidade de indivíduo em cada estado, a classe Deme encarregado da seleção de indivíduos que vão migrar de deme, da chamada da dinâmica populacional em cada indivíduos dentro da deme e juntar os dados dos indivíduos em cada estado na deme, e a classe Pessoa que faz a dinâmica para determinar em qual estado o indivíduo está.

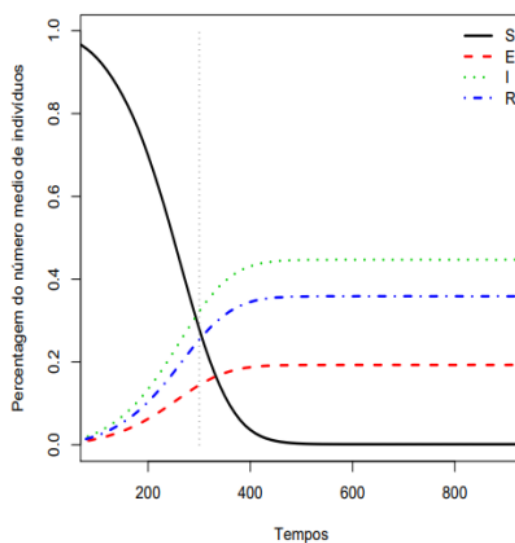
A dinâmica da população segue o esquema de suscetível podendo se tornar exposto com probabilidade  $\beta$ , caso se torne exposto tem probabilidade  $\kappa$  de se tornar infectado, um infectado tem a probabilidade  $\gamma$  de se tornar recuperado, e um indivíduo

recuperado tem uma probabilidade  $\sigma$  de caso em contato com indivíduo infectado se retorna ao estado exposto, após isto acontece a migração de indivíduos escolhidos aleatoriamente, depois voltando para dinâmica populacional fazendo o ciclo da simulação.

## 5. Resultados

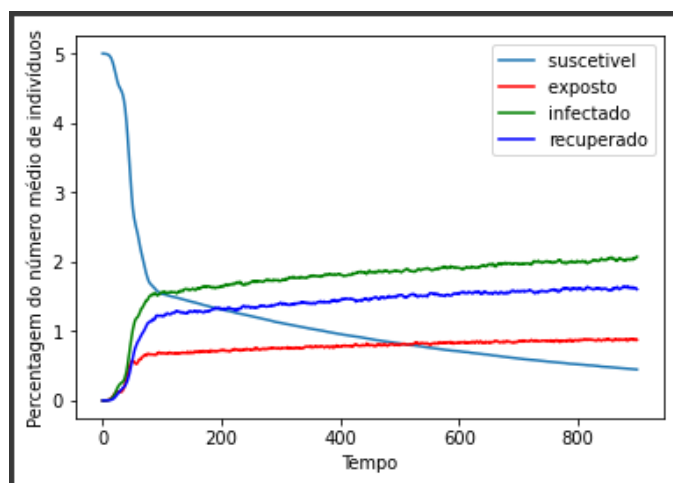
Como resultado da simulação, foi obtido um conjunto de dados da quantidade de pessoas no estado suscetível, exposto, infectado, recuperado e morto a cada iteração, assim executando 10 vezes e transportando este 10 conjunto de dados para o python, utilizando as bibliotecas matplotlib e numpy, foi realizada a média das 10 execuções adquirir um gráfico em série temporal para representar a simulação.

Para saber que a implementação da simulação foi feita de maneira correta, foi empregada o método de comparação de resultados deste artigo na figura 7 com o comportamento da simulação do mestrado, no qual foi retirado o modelo usado como base para simulação na figura 6, assim as figuras abaixo demonstram similaridades no comportamento das curvas do suscetível, exposto, infectado e recuperado. Para comparação foi preciso retirar o estado morte, pois este não é considerado no mestrado original.



**Figura 6. Variação temporal do número de indivíduos em cada estado (Susceptíveis, Exposto, Infectados, Recuperados) para os três tipos de redes com  $\sigma = 0.4$ . (ilustração tirada da dissertação Estudo da Dinâmica de Epidemias em Redes Aleatórias, LÓPEZ ,2019, p.32).**





**Figura 7. Simulação gerada utilizando as bibliotecas matplotlib e numpy.**

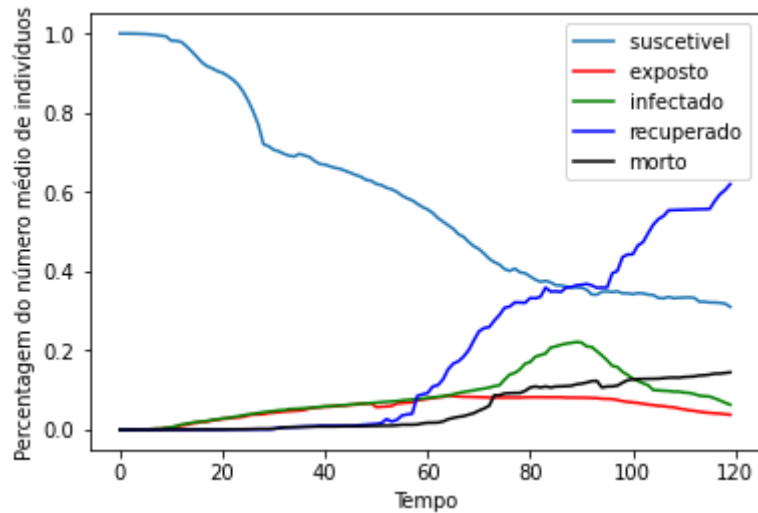
A simulação está rodando com os parâmetros e o modelo segundo a dissertação de mestrado estudo da dinâmica de epidemias em redes aleatórias (LOPES; ALEXANDRA,2019) a probabilidade de morte natural é 0.00004, probabilidade de contágio é 0.8, probabilidade de exposto virar infectado é 1/3, probabilidade de morte pela doença é 0.001 probabilidade de infectado se recuperar é 1/7, probabilidade de reinfeção é 0.4, o tempo é descrito como o tempo para o algoritmo fazer a dinâmica populacional em todas as demes e a Percentagem do número médio de indivíduos é a parte da população que está em determinado estado dividido pelo total da população.

Na simulação da covid-19 foi utilizada a probabilidade de recuperação igual 0,000095 com a probabilidade de morte pela doença sendo 0,000011, e a probabilidade de reinfeção é de 0 (OKHUESE; ALEXANDER, 2020, p. 3-8), a probabilidade de um exposto virar infectado é 0.769 (LARSEN; JOSEPH et al., 2020, p. 4).

A Figura 8 e a Figura 9 abaixo apresentam a comparação de resultados de uma simulação da Covid-19, se baseando nos mesmos parâmetros descritos acima, o resultado da comparação demonstra que as simulações são similares, mesmo que apresentem pequenas diferenças nas curvas de suscetível, infectado e recuperado.

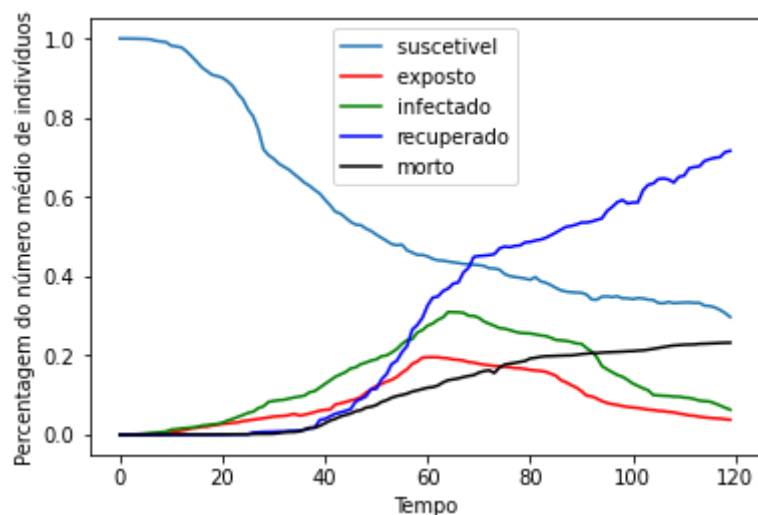


**Figura 8. Variação temporal do número de indivíduos em cada estado (Susceptíveis, Exposto, Infectados, Recuperados) para os três tipos de redes com  $\sigma = 0.4$ . (ilustração tirada da dissertação O vírus e a desigualdade socioeconômica: um modelo baseado em agentes para simular e avaliar o impacto de intervenções para reduzir a disseminação do COVID-19 no Rio de Janeiro, Brasil, Klöh, 2020, p.17).**



**Figura 9. Simulação gerada utilizando dados da Covid-19.**

Conforme demonstrado na Figura 10 abaixo, pode-se observar que mesmo havendo o mesmo número de indivíduos, apresenta menos mortes que a Figura 9, e sua curva de suscetíveis decresce mais rapidamente, enquanto a curva de morte cresce mais acentuada. Concluindo-se que com mais demes, ou seja, com um maior agrupamento de pessoas a curva de morte tende a crescer mais acelerado comparado com a simulação com mais demes, logo a taxa de contato entre os indivíduos é um dos principais fatores para o crescimento acelerado da morte.



**Figura 10. Simulação gerada utilizando dados da Covid-19, com parâmetros de demes mais agrupados.**

## 6. Conclusões

Conforme demonstrado na seção resultados conclui-se que com um maior agrupamento de pessoas sobre a mesma deme, causa um desenvolvimento mais acelerado da pandemia e com maiores picos de infectados e expostos e com um maior número de mortes pela doença, assim corroborando com a hipótese que uma maior taxa de contato entre os indivíduos tem uma influência sobre a taxa de morte.

Para trabalhos futuros será modificado o modelo usado para adicionar a quarentena, para verificar a eficácia do isolamento social comparado ao modelo e adicionar vacinação com e sem quarentena para fazer uma análise de como esses fatores influenciam na taxa de mortalidade da doença

## 7. Referências

- AGÊNCIA NACIONAL DE SAÚDE SUPLEMENTAR. Coronavírus (Covid-19): Confira informações e saiba como se prevenir. São Paulo: 2020. Disponível em: <[http://www.ans.gov.br/aans/noticias-ans/consumidor/5344-coronavirus-confira-informacoes-e-saiba-como-se-prevenir#:~:text=O%20que%20%C3%A9%20o%20coronav%C3%ADrus%20\(Covid%2D19\)%3F&text=Alguns%20coronav%C3%ADrus%20podem%20causar%20doen%C3%A7as,MERS\)%2C%20id](http://www.ans.gov.br/aans/noticias-ans/consumidor/5344-coronavirus-confira-informacoes-e-saiba-como-se-prevenir#:~:text=O%20que%20%C3%A9%20o%20coronav%C3%ADrus%20(Covid%2D19)%3F&text=Alguns%20coronav%C3%ADrus%20podem%20causar%20doen%C3%A7as,MERS)%2C%20id)>. Acesso em: 20 out. 2020.
- COTA, Wesley. Número de casos confirmados de COVID-19 no Brasil, Minas Gerais, 2021. Disponível em: <<https://covid19br.wcota.me/>> Acesso em: 06 jun. 2021.
- GAGLIARDI, Henrique; ALVES, Domingos. Modelos de Espalhamento de Epidemias e Efeito de Mundo. In: Congresso Nacional de Matemática aplica e Computacional, XXVI,2003, São José do Rio Preto, SP. Anais... São José do Rio Preto, SP: Faculdades COC de Ribeirão Preto, (2003). Disponível em: <[https://www.researchgate.net/publication/322716245\\_Modelos\\_de\\_Espalhamento\\_de\\_Epidemias\\_e\\_Efeito\\_de\\_Mundo\\_Pequeno](https://www.researchgate.net/publication/322716245_Modelos_de_Espalhamento_de_Epidemias_e_Efeito_de_Mundo_Pequeno)> Acessado em: 11 dez. 2020.
- GAGLIARDI, Henrique; ALVES, Domingos. Redes complexas e modelagem de epidemias. Santos: UNISANTOS, (2020). Disponível em: <[https://www.researchgate.net/publication/229008871\\_Redex\\_Complexas\\_e\\_Modelagem\\_de\\_Epidemias](https://www.researchgate.net/publication/229008871_Redex_Complexas_e_Modelagem_de_Epidemias)>Acessado em: 11 dez. 2020.
- GOVERNO DO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO. Coronavírus Covid-19. São Paulo: 2021. Disponível em <<https://coronavirus.es.gov.br/%3E>> Acesso em: 14 jun. 2021.

INSTITUTO BUTANTAN. Organização Mundial de Saúde declara pandemia do novo Coronavírus. São Paulo, 14 jun. 2021. Disponível em: <<https://butantan.gov.br/covid/butantan-tira-duvida/tira-duvida-noticias/como-surgiu-o-novo-coronavirus-conheca-as-teorias-mais-aceitas-sobre-sua-origem>> Acesso em 20 jun. 2021.

JARI, Saramäki; KIMMO, Kaski. Modelling development of epidemics with dynamic small-world networks, *Journal of Theoretical Biology*, HUT, Finlandia, 7 jun. 2005. V. 234, 3. ed, p.413-421. Disponível em:<<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022519304006010>> Acesso em:12 jun. 2021.

KLÔH, Vinícius; SILVA, Gabrieli; FERRO, Mariza; ARAÚJO, Eric; MELO, Cristiano; LIMA, José. The virus and socioeconomic inequality: An agent-based model to simulate and assess the impact of interventions to reduce the spread of COVID-19 in Rio de Janeiro. Brazil, Vol 3, No. 2 (2020). Disponível em: <<https://www.brazilianjournals.com/index.php/BJHR/article/view/9209/7786>> Acesso em: 24 nov. 2021.

KOCH, Leonardo. Coronavírus: isolamento social começou um mês após o primeiro caso confirmado no Brasil. Brasília, DF, 2020. Disponível em: <<https://www.jdv.com.br/Coronavirus-isolamento-social-comecou-um-mes-apos-o-primeiro-caso-confirmado-no-Brasil>>. Acesso em: 16 nov. 2020.

LARSEN, JR; MARTIN, MR; MARTIN, JD; KUHN, Peter; HICKS, JB. (2020) Modeling the Onset of Symptoms of COVID-19, EUA, *Front. Public Health*, 2020. Disponível em: <[https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpubh.2020.00473/full?utm\\_medium=email&\\_hsmi=95865694&\\_hsenc=p2ANqtz-8GQ7Uua6FFcGVWpy6gBCOXcZj5u--SbHINwgTWc8tZzyTqEjFob8\\_zFXBY8PDKcTSsamWspjBnTwdDA3lf8wN9Dfb\\_Brgo99-kcqeSuNVIN\\_9ls2U&utm\\_content=95865694&utm\\_source=hs\\_email#h12](https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpubh.2020.00473/full?utm_medium=email&_hsmi=95865694&_hsenc=p2ANqtz-8GQ7Uua6FFcGVWpy6gBCOXcZj5u--SbHINwgTWc8tZzyTqEjFob8_zFXBY8PDKcTSsamWspjBnTwdDA3lf8wN9Dfb_Brgo99-kcqeSuNVIN_9ls2U&utm_content=95865694&utm_source=hs_email#h12)> Acesso em: 23 nov. 2021.

LÓPEZ, Alexandra. Estudo da Dinâmica de Epidemias em Redes Aleatórias, 2019.Dissertação(Mestrado em Modelagem Estatística e Computacional) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife-PE, 2019. Disponível em

<<http://www.tede2.ufrpe.br:8080/tede2/bitstream/tede2/4466/2/Alexandra%20Johanna%20Esteban%20Lopez.pdf>>. Acesso em: 12 jun. 2021

MINISTÉRIO DA SAÚDE. O que é a covid-19. Brasília, DF, 2021. Disponível em: <<https://www.gov.br/saude/pt-br/coronavirus/o-que-e-o-coronavirus>> Acesso em: 14 jun. 2021.

MINISTÉRIO DA SAÚDE. Sobre a doença, Brasília, DF, 2020. Conteúdos sobre o Coronavírus. Disponível em: <<https://coronavirus.saude.gov.br/sobre-a-doenca>> Acesso em: 5 nov. 2020.

MOORE, Christopher; NEWMAN, M.E.J. Epidemics and percolation in small-world networks, Phys. Ver. E, v.61, 2000. Disponível em: <<https://link.aps.org/doi/10.1103/PhysRevE.61.5678>> Acesso em: 13 jun. 2021.

OKHUESE, Alexander. Estimation of the Probability of Reinfection With COVID-19 by the Susceptible-Exposed-Infectious-Removed-Undetectable-Susceptible Model, Vol 6, No 2 2020. Disponível em: <<https://publichealth.jmir.org/2020/2/e19097/authors>> Acesso em: 23 nov. 2021.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE. Coronavirus disease (COVID-19) 2021. Disponível em: < [https://www.who.int/health-topics/coronavirus#tab=tab\\_3](https://www.who.int/health-topics/coronavirus#tab=tab_3)> Acesso em 06 jun. 2021.

PINTO, Eduardo; CAMPANHARO, Adriana. Estudo do efeito topológico das redes contato na propagação de doenças infecciosas, Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics. Campinas, SP, v. 6, n. 2018. Disponível em: < <https://proceedings.sbmac.org.br/sbmac/article/download/2298/2314> > Acesso em 13 jun. 2021.

RAHIM, Fakher; ABDULLATIF, Morteza. Cross-Country Comparison of Case Fatality Rates of COVID-19/SARS-COV-2. Bethesda MD, Osong Public Health, 2020. Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7104689/> > Acesso em 24 nov. 2021.

SAMPAIO, Daniel; MONTEIRO, L.H.A. Investigando as causas de sazonalidade na incidência de doenças contagiosas em redes complexas. In: DINCON, 10, 2011, Águas de Lindóia, SP. Anais... Águas de Lindóia, SP: Universidade Presbiteriana Mackenzie, (2011). p.770-773. Disponível em:

<[http://www.metaeventos.net/inscricoes/formularios\\_off/resumo\\_preenchido/DINCON/dincon11\(daniel\).pdf](http://www.metaeventos.net/inscricoes/formularios_off/resumo_preenchido/DINCON/dincon11(daniel).pdf)> Acesso em 11 dez. 2020.

SOUSA, George et al. Estimativa e previsão de casos COVID-19 em metrópoles brasileiras. Rev. Latino-Am. Enfermagem, Ribeirão Preto, 26 jun. 2020, vol. 28. Disponível em: <[https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0104-11692020000100365&tlng=en](https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0104-11692020000100365&tlng=en)> Acesso em: 12 dez. 2020.

WATTS, Duncan; STROGATZ, Steven, S. Collective dynamics of ‘small-world’ networks, Nature, vol 393, p 440-442, (1998). Disponível em: <<https://www.nature.com/articles/30918>>Acessado em 11 dez. 2020.

XIAO-PU, Han. Disease spreading with epidemic alert on small-world networks, Hefei, Anhui 230031,2. ed. RP da China: Physics Letters A, v.365, p.1-5, 2007. Disponível em:<<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0375960106019967?via%3Dihub>> Acesso em: 12 jun. 2021.

ZHAI, Zhiqiang; SUN, Chanjuan. The efficacy of social distance and ventilation effectiveness in preventing COVID-19 transmission. ELSEVIER, Vol. 62, nov. 2020. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2210670720306119#bibl0005>> Acesso em: 24 nov. 2021.