

Modelo bi-logístico aplicado aos primeiros 1015 casos de COVID-19 em indígenas do Estado do Amapá e norte do Pará

Bi-logistic model applied to the first 1015 Covid-19 cases in indigenous people of State of Amapá and north of Pará

Edcarlos Vasconcelos da Silva¹

 <http://orcid.org/0000-0002-8989-8843>

Maria Adriana Leite²

 <http://orcid.org/0000-0002-9151-4175>

Janielle da Silva Melo³

 <http://orcid.org/0000-0002-4473-0510>

RESUMO: Neste artigo apresentamos o modelo de crescimento Bi-logístico cujo objetivo foi modelar a tendência temporal de casos de COVID-19 em indígenas do Estado do Amapá e Norte do Pará. O modelo matemático se aplica quando observamos dois pontos de inflexão na evolução da doença ao longo do tempo. Ele tem seis parâmetros, onde K_1 e K_2 são os valores limitantes do fenômeno, α_1 e α_2 são as taxas de crescimento em cada bloco, e β_1 e β_2 são os pontos de inflexão no tempo em que a doença desacelera. O modelo obteve significância estatística ($p < 0,01$) e indicou 12 de maio e 22 de julho de 2020 como as datas em que a doença desacelerou na população indígena pesquisada. O modelo Bi-logístico possui boa aderência para modelar casos de COVID-19 que apresentem dois períodos distintos de crescimento e que se faz necessário intervenções imediatas para conter a COVID-19 em terras indígenas.

Palavras-chaves: Pandemia de Coronavírus; Saúde Indígena; Estatística; Modelo Bi-Logístico; Caso de COVID-19 em Indígenas.

ABSTRACT: In this article, we present the Bi-logistic growth model whose objective was to model the temporal trend of cases of COVID-19 in indigenous people in the State of Amapá and north of Pará. The mathematical model applied when observed two inflection points in the evolution of the disease over time. It has six parameters, where K_1 and K_2 are the limiting values of the phenomenon, α_1 and α_2 are the growth rates in each block, and β_1 and β_2 are the inflection points at the time the disease decelerates. The model obtained statistical significance ($p < 0.01$) and indicated May 12 and July 22, 2020, as dates when the disease decelerated in the indigenous population surveyed. The Bi-logistic model has good adherence to model cases of COVID-19 that present two distinct periods of growth and that immediate interventions are necessary to contain COVID-19 in indigenous lands.

¹ Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Saúde Pública da Fundação Osvaldo Cruz e professor assistente do Curso de Licenciatura em Matemática da Universidade Federal do Amapá, Departamento de Ciências Exatas e Tecnológicas, Campus Marco Zero do Equador. E-mail: edcarlos.vasconcellos@unifap.br.

² Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Educação em Ciências e Matemática do Instituto de Educação Matemática e Científica da Universidade Federal do Pará e professora assistente do Curso de Licenciatura em Intercultural Indígena da Universidade Federal do Amapá, Campus Binacional de Oiapoque. E-mail: m.adriana-leite@gmail.com.

³ Doutora em Biotecnologia e Biodiversidade pela Universidade Federal de Grande Dourados e professora adjunta do Curso de Licenciatura Intercultural Indígena da Universidade Federal do Amapá, Campus Binacional de Oiapoque. E-mail: janiellecunha@hotmail.com.



Keywords: Coronavirus pandemic; Indigenous Health; Statistic; Bi-Logistic Model; Indigenous Health; COVID-19 case in Indigenous.

1 INTRODUÇÃO

A pandemia causada pelo novo coronavírus iniciou na China em dezembro de 2019 e até a conclusão deste estudo, alcançou vários países do globo terrestre. Até 13 de novembro de 2020, foram confirmados aproximadamente 52,5 milhões de casos de COVID-19 e 1.290.653 mortes em todo o mundo (OPAS, 2020).

No Continente Americano já foram registrados aproximadamente 22,5 milhões de casos confirmados de COVID-19, além de 669.493 óbitos em função da doença (OPAS, 2020). No Brasil, considerando esse mesmo período até 13 de novembro, foram confirmados 5.811.699 casos além de 164.855 óbitos em todos os estados da federação (PORTAL G1, 2020).

Os sintomas mais frequentes da COVID-19 são cansaço, febre e tosse seca, mas também podem ocorrer congestão nasal, dor de cabeça, diarreia, descoloração dos dedos, dor de garganta, erupção cutânea, perda de paladar e olfato. Não existem vacinas disponíveis contra a COVID-19, porém há várias em fase de teste demonstrando potencial eficácia no combate à doença. As medidas atuais para controle da COVID-19 e redução de sua taxa de transmissão são: o distanciamento e o isolamento social, quarentena, lavagem das mãos com água e sabão, uso de álcool em gel, uso de máscaras e cobrir a boca ao tossir ou espirrar, todas essas medidas ajudam a reduzir a circulação do vírus (OPAS, 2020).

A pandemia da COVID-19 é uma doença de grande transmissibilidade e alta gravidade clínica, podendo o paciente evoluir ao óbito em menos de um mês (FREITAS; NAPIMOGA; DONALISIO, 2020) e uma das grandes preocupações dos profissionais e gestores em saúde é a chegada da doença em populações em situação de vulnerabilidade como os povos indígenas, pois, a entrada do vírus nestas comunidades configura um cenário devastador devido suas limitações de assistência médica e de logística nas comunidades mais isoladas, sendo que, a subnotificação de casos em indígenas e a ausência de vigilância dos vetores de dispersão do vírus também contribuem para agravar o quadro (OLIVEIRA et al., 2020).

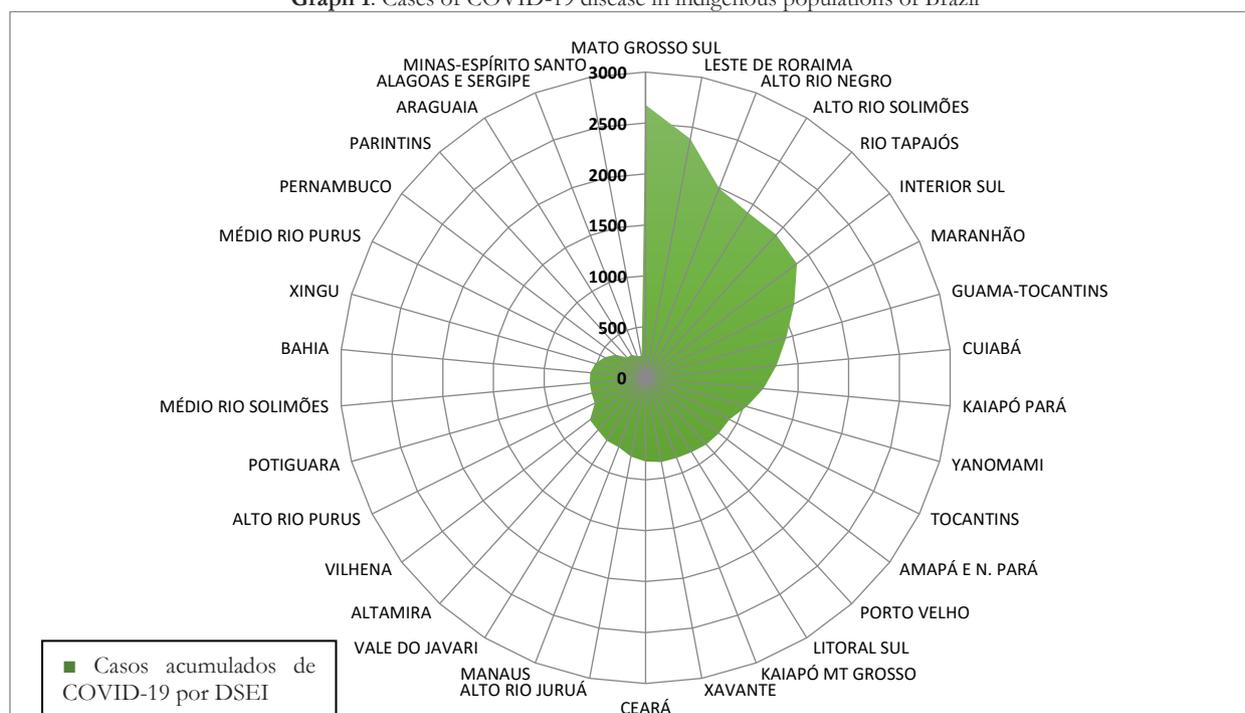
No Brasil, o primeiro caso positivo de COVID-19 em indígenas foi confirmado em 01 de abril de 2020, uma jovem de 20 anos que pertence à etnia Kokama, na aldeia de São José, localizada no município de Santo Antônio do Içá, na porção oeste do Amazonas, foi diagnosticada com o vírus após contato com o médico que atende na aldeia. A paciente é agente de saúde naquela região e a contaminação provocou isolamento da aldeia, e também o monitoramento dos indígenas que estiveram em contato com o médico (UOL, 2020).

De acordo com o *Boletim de Epidemiologia* da Secretaria Especial de Saúde Indígena - SESAI, divulgado em 13 de novembro de 2020, foram confirmados 33.480 casos de COVID-19 nos povos indígenas, alcançando as populações de todos os 34 Distrito Sanitário Especial Indígena - DSEI, com 485 óbitos ocorridos (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2020a).

Conforme o Gráfico 1, os DSEI com maiores ocorrências de casos de COVID-19 até a data de 13 de novembro de 2020 foram: Mato Grosso do Sul (2678), Leste de Roraima (2385), Alto Rio Negro (1994), Alto Rio Solimões (1907), Rio Tapajós (1899), Interior do Sul (1860), Maranhão (1627), Guamá-Tocantins (1432), Cuiabá (1288), Kaiapó do Pará (1159) e Yanomami (1034).



Gráfico 1: Casos da doença COVID-19 em populações indígenas do Brasil
Graph 1: Cases of COVID-19 disease in indigenous populations of Brazil



Fonte: Elaborado pelos autores e adaptado a partir de dados selecionados em Ministério da Saúde (2020b).

Nesse contexto, no estado do Amapá, onde está localizado o DSEI⁴, o Boletim Epidemiológico da SESAI confirmou, em 13 de novembro de 2020, 902 casos da COVID-19 e 4 óbitos (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2020a). É importante salientar, que o DSEI do Amapá monitora os casos da COVID-19 dos povos indígenas, mesmo os que estão localizados no estado do Pará, pois o norte paraense é de jurisdição do DSEI do Amapá.

Algumas ações foram realizadas no sentido de garantir assistência aos pacientes indígenas contaminados pelo novo coronavírus nas Terras Indígenas, com o fim de reduzir a gravidade da doença que se espalha rapidamente nessa população. Como exemplo, os profissionais de saúde foram enviados para as aldeias, além do fornecimento de equipamentos de proteção individual, álcool em gel, medicamentos, testes rápidos e logística para as comunidades indígenas (AMAPÁ, 2020a).

Para este estudo, utilizamos o modelo de crescimento logístico para descrever a evolução de casos acumulados de COVID-19 entre os povos indígenas do Amapá e Norte do Pará. Este modelo vem sendo aplicado em diversos trabalhos, como de Mendieta et al. (2020), que utilizaram o modelo logístico para obter previsões para o pico de casos confirmados e óbitos de COVID-19, assim como o artigo de Assis e Carvalho (2020), que usaram o modelo logístico para estimar as curvas de contaminação, os pontos de inflexão e a saturação da população infectada.

O objetivo de nosso estudo foi descrever a tendência temporal da curva de contaminação de COVID-19 em população indígena do Estado do Amapá e Norte do Pará, utilizando o modelo de crescimento Bi-logístico, apresentado nos estudos de Fenner, Levene e Loizou

⁴ O DSEI é responsável pelos povos que moram nas terras indígenas do Amapá e Norte do Pará, e que abrange 10 etnias e 142 aldeias.



(2013) e adaptado e aplicado em pesquisas da COVID-19 no artigo de Dattoli et al. (2020) para descrever a evolução da doença na Itália.

2 MÉTODO E MATERIAL

O estudo foi realizado com base em pesquisa quantitativa, com uso de dados secundários de casos da COVID-19 ou da Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG) e de óbitos, que foram registrados no Panel Cononavírus do Governo do Estado do Amapá e que estão disponíveis para pesquisa virtual (AMAPÁ, 2020b).

Os dados coletados foram modelados com o uso do crescimento Bi-logístico para descrever a evolução temporal de casos da doença. Em síntese, fizemos o download dos dados selecionados e organizamos uma Planilha Excel, no formato *xlsx*. Em seguida, construímos um banco de dados, filtrando as informações de interesse sobre os casos positivos de coronavírus em população indígena.

2.1 População de indígenas de infectados e de óbitos

As planilhas analisadas continham dados de indígenas infectados pelo coronavírus, no período de 03 de abril até 16 de setembro de 2020, cujo o total era de $N_1 = 1115$ indígenas infectados e $N_2 = 4$ óbitos de indígenas, conforme divulgado no Painel Coronavírus (AMAPÁ, 2020b). Portanto, sendo este o recorte temporal de referência desta pesquisa.

2.2 Variáveis de estudo

Foram consideradas como variáveis desta pesquisa quantitativa:

- Casos acumulados de COVID-19 (dependente);
- Taxa de transmissão R_t ;
- Idade (independente);
- Sexo (independente);
- Faixa etária (independente);
- Comorbidade (independente);
- Desfecho da doença (Estado) (independente);

2.3 Questão ética

Considerando que o artigo foi produzido com base em dados secundários e que estavam disponíveis para pesquisa no website de monitoramento da COVID-19 do Governo do Amapá, não foi necessário o registro do projeto no Comitê de Ética em Pesquisa da Universidade Federal do Amapá, vinculado ao Departamento de Pesquisa (CEP/DPQ/UNIFAP). A decisão justifica-se porque a coleta virtual de dados não envolveu diretamente seres humanos para aplicar questionários, mas apenas a análise de banco de dados sobre o tema, que foi organizado pelos autores.



2.4 Análise estatística

Baseando-se em estatística descritiva, em particular, frequência relativa em percentual, e gráficos, além do emprego dos modelos de regressão linear (modelo de regressão linear univariada - para analisar relações entre idade e casos da doença no tempo) e não lineares (modelo de crescimento logístico - para descrever a evolução da doença no tempo), o artigo foi redigido. Para a significância estatística adotamos a referência de valor-p igual a 0.05. Assim, valores menores que esta referência foram considerados significativos em relação aos dados coletados e analisados.

2.4.1 Modelo de regressão linear

De acordo com Caiado (2016), o modelo de regressão linear univariado é empregado quando se precisa descrever uma relação entre a variável independente (X) e a variável dependente (Y) por meio da seguinte forma funcional:

$$Y_i = B_1 + B_2X_i + e_i, \quad i = 1,2,3 \dots n \quad (1)$$

Onde:

- Y_i é a *i*-ésima observação da variável Y;
- X_i é a *i*-ésima observação da variável independente X;
- B_1 e B_2 são os parâmetros a serem estimados na regressão;
- e_i é o erro aleatório, não observável no conjunto de dados e está associado a cada Y_i .

O modelo de regressão linear possui os seguintes pressupostos conforme indicados em Caiado (2016):

- A variável independente X assume valores conhecidos na amostra;
- O valor da média dos erros aleatórios (e_i) é nulo $\bar{e}_i = 0, \forall i$;
- A variância dos erros deve ser constante ao longo das observações;
- Os erros (e_i) devem possuir distribuição aproximadamente Normal $e_i \sim N(0, \sigma^2)$.

A estimação dos coeficientes de regressão B_1 e B_2 foi feito utilizando o método dos mínimos quadrados com recurso computacional do software gratuito Gretl, versão 2017. A qualidade do ajuste foi medido pelo coeficiente de determinação R^2 , que varia de 0 a 1 e indica quanto o modelo é eficiente, quanto mais próximo de 1 maior a capacidade do modelo em explicar a variância total dos dados (GUJARATI, 2006).

2.4.2 Cálculo da taxa de transmissão R_t

A taxa de transmissão R_t da COVID-19, que mede a velocidade de propagação da doença no tempo, é definida como o número médio de casos secundários gerados por caso primário (LANA et al., 2020). O seu cálculo foi efetuado em pesquisas realizadas pela equipe de Cori et al., utilizando o pacote R “EpiEstim”. Esse algoritmo reproduz o número reprodutivo R em função do tempo e utiliza um intervalo serial paramétrico (intervalo de tempo médio de transmissão do vírus entre um indivíduo contaminado e outro suscetível), com média $\mu = 4,8$



$\pm 2,3$ (em dias), que é usado pelos epidemiologistas (WHO-PAHO, 2020).

O estimador está disponível para uso pelos países e cidades, e objetiva ajudar os gestores públicos na tomada de decisão das políticas de enfrentamento a COVID-19. Para este estudo, utilizou-se o mesmo parâmetro de intervalo serial orientado pela OMS para o cálculo do R_t em indígenas.

2.4.3 Modelo de crescimento logístico

Um modelo de crescimento logístico pode ser compreendido como uma generalização de uma curva de crescimento exponencial (UEM, 2020) e descreve o crescimento de alguma variável em termos de curva sigmoidal no formato de “S”, onde sua taxa de crescimento inicia de forma exponencial, porém, começa a desacelerar no ponto conhecido como inflexão tendendo a zero conforme o fenômeno se aproxime de seu limite máximo superior (FENNER; LEVENE; LOIZOU, 2013).

Este modelo pode ser descrito na forma de uma equação diferencial de primeira ordem:

$$\frac{dN(t)}{dt} = \alpha N(t) \left(1 - \frac{N(t)}{K} \right) \quad (2)$$

Onde $N(t)$ é a população no tempo t , K é a capacidade suporte da população e α taxa de crescimento que é positiva e constante (FENNER; LEVENE; LOIZOU, 2013). A solução da equação (2) é dada por:

$$N(t) = \frac{K}{1 + \exp(-\alpha(t - \beta))} \quad (3)$$

Na equação (3) o ponto de inflexão do crescimento ocorre quando $t = \beta$, e quando a população atinge $K/2$ da capacidade suporte (FENNER; LEVENE; LOIZOU, 2013). No entanto, o fenômeno pode ter várias fases de crescimento logístico, com dois ou mais pontos de inflexão, cada um descrito pela equação (3), neste caso, tem-se uma soma de funções logísticas para descrever a população em evidência (UEM, 2020).

Quando o fenômeno populacional possui então dois pontos claros de inflexão, tem-se o modelo de crescimento com duas funções logísticas, chamado de modelo Bi-logístico (FENNER; LEVENE; LOIZOU, 2013) e é dado pela seguinte equação:

$$N(t) = \frac{K_1}{1 + \exp(-\alpha_1(t - \beta_1))} + \frac{K_2}{1 + \exp(-\alpha_2(t - \beta_2))} \quad (4)$$

Onde α_i e β_i são os parâmetros das respectivas fases de crescimento logístico com $i = 1, 2$. Para este estudo da COVID-19 em população indígena, os parâmetros foram estimados utilizando o Software Gretl, com o intervalo de confiança igual a 95%. O livro *Econometria I* de Kleinschmidt (2018), subsidiou o planejamento de como aplicar o Gretl no processo de sistematização e da análise quantitativa deste estudo.

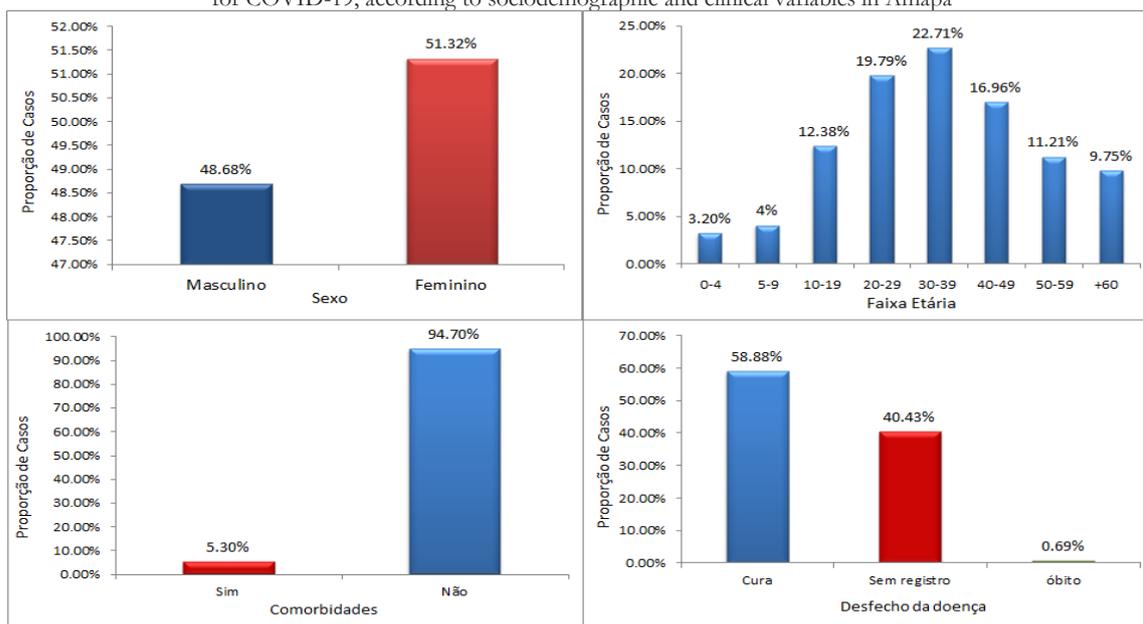


3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Os primeiros resultados deste estudo apontam um equilíbrio na distribuição percentual de indígenas contaminados quanto ao sexo com 51,32% para as mulheres e 48,68% para os homens. Com relação a faixa etária, percebe-se que os grupos mais atingidos foram de 20-29 anos com 19,79%, de 30-39 anos com 22,71% e 40-49 anos com 16,96%. Além de alto índice nos grupos considerados de risco da faixa de 50-59 e 60+ acumulando, equivale a 20,96% dos casos.

Com relação a existência de comorbidade, foi verificado no banco de dados que apenas 5,3% dos indígenas positivados declararam alguma comorbidade, enquanto que 94,7% informou não possuir. Com relação ao desfecho da doença, no Amapá, 58,88% teve cura confirmada, 0,69% entrou em óbito e 40,43% das fichas não continham dados sobre a cura ou os óbitos (Gráfico 2).

Gráfico 2: Distribuição percentual dos primeiros 1015 casos de indígenas testados positivos para COVID-19, segundo variáveis sociodemográficas e clínicas no Amapá
Graph 2: Percentage distribution of the first 1015 cases of indigenous people tested positive for COVID-19, according to sociodemographic and clinical variables in Amapá

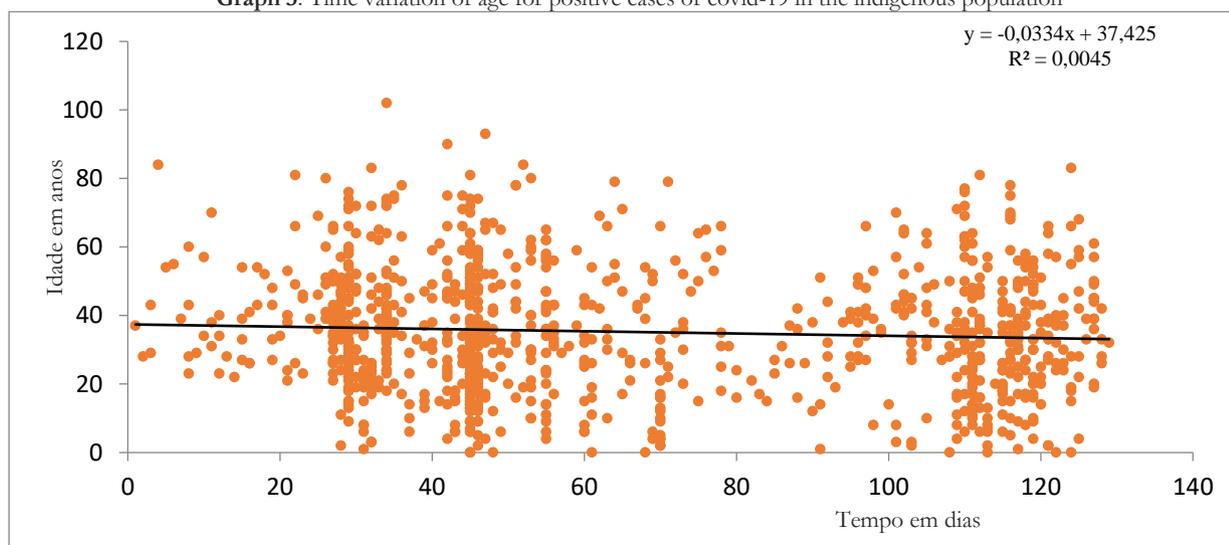


Fonte: Elaborado pelos autores, com base em dados selecionados em Amapá (2020b).

Em relação a evolução temporal da epidemia segundo a idade (Gráfico 3), a análise de regressão linear realizada neste estudo evidencia que a COVID-19 possui uma tendência decrescente significativa ($p = 0,0331$) da idade de acometimento da doença, ou seja, observa-se uma redução $\beta = -0.033$ anos a cada dia que a doença avança.



Gráfico 3: Variação temporal da idade para casos positivos de covid-19 na população indígena
Graph 3: Time variation of age for positive cases of covid-19 in the indigenous population



Fonte: Elaborado pelos autores, com base em dados selecionados em Amapá (2020b).

A Tabela 1, a seguir apresenta um resumo acerca da análise de regressão tendo como variável dependente a idade e variável independente o tempo. Aqui constatou-se que o modelo é significativo, pois p-valor obtido foi de 0.0331 e assim, não possui problemas de natureza heteroscedástica (BP não significativo, $p = 0.9524$). Na prática, implica que, se β fosse nulo a idade de acometimento seria constante ao redor de 37 anos, após 140 dias, e considerando um β de -0,033 a idade cai para 32 anos.

Tabela 1: Resumo da regressão linear para a idade em função do tempo

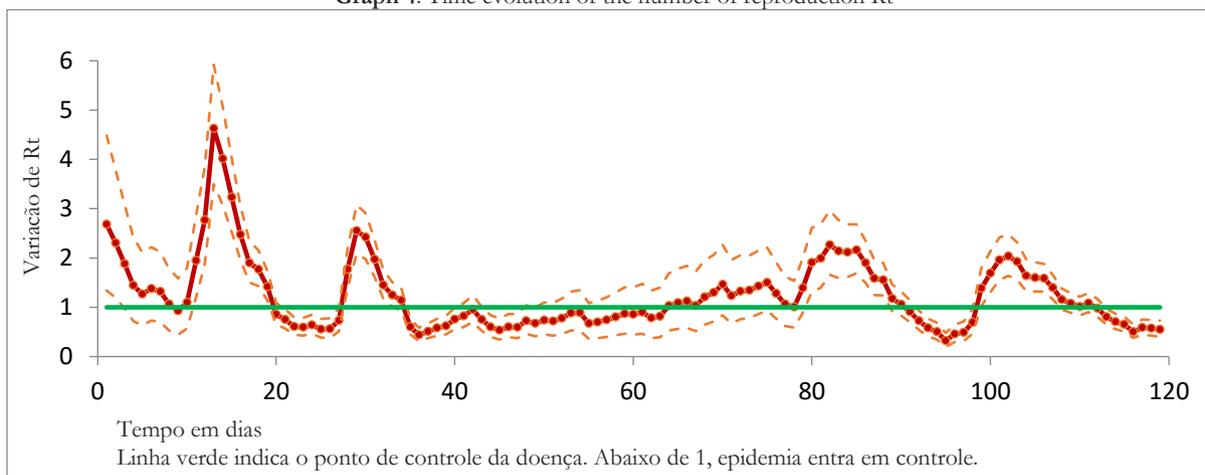
Table 1: Summary of linear regression for age as a function of time

Referência	Equação	beta	p-valor	DW	Norm.	BP	Tendência
Geral	$Y = -0.033X + 37.425$	-0.033	0.0331	1.82	$p < 0.01$	0.9524	Decrescente

Fonte: Elaborado pelos autores.

Com relação à evolução temporal do número de reprodução R_t , observou-se (Gráfico 4) que esse parâmetro começou em patamares elevados chegando próximo de 5 no início da epidemia (100 pessoas transmitiam o vírus para outras 500). Porém, ao fim deste estudo ele estava em níveis considerados de controle pela OMS, abaixo de 1, indicando que a COVID-19 pode estar perdendo força de infecção na população indígena.

Gráfico 4: Evolução temporal do número de reprodução R_t
Graph 4: Time evolution of the number of reproduction R_t

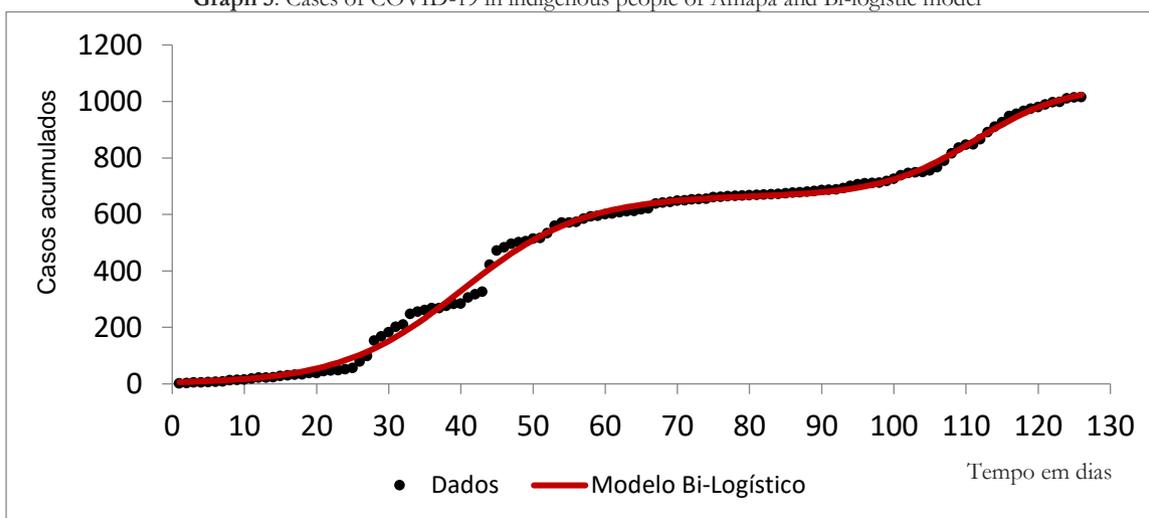


Fonte: Elaborado pelos autores.

Sobre o comportamento da curva de casos acumulados de COVID-19 de indígenas, observa-se no (Gráfico 5), que o modelo Bi-logístico se ajusta com significância aos dados ($p < 0,01$) com Coeficiente de Determinação $R^2 = 0,9970$ explicando aproximadamente 98% da variância total da regressão.

Com este modelo podemos visualizar os pontos de inflexão da curva de contágio que ocorreu pela primeira vez em $\beta_1 = 40$ (12 de maio de 2020), indicando que, antes desta data a doença estava em crescimento exponencial nos indígenas e passou a desacelerar. Porém, com o aumento de casos ocorridos nas semanas seguintes, a doença recuperou o crescimento exponencial, vindo a desacelerar novamente na data de $\beta_2 = 111$ (22 de julho de 2020).

Gráfico 5: Casos de COVID-19 em indígenas do Amapá e modelo Bi-logístico
Graph 5: Cases of COVID-19 in indigenous people of Amapá and Bi-logistic model



Fonte: Elaborado pelos autores, com base em dados selecionados em Amapá (2020b).

A equação do modelo Bi-logístico para os casos de COVID-19 de indígenas é:



$$N(t) = \frac{666,5}{1 + \exp(-0,1197(t - 40,2))} + \frac{393,37}{1 + \exp(-0,1551(t - 111,27))} \quad (5)$$

A equação (5) projeta estabilidade de casos acumulados para um total de 1060, indicando controle da epidemia na população indígena do Amapá. Porém, como se trata de uma doença ainda desconhecida e, considerando que não há vacinas ou tratamentos profiláticos seguros, certamente essa previsão do modelo Bi-logístico não se confirmará, tendo em vista o caráter dinâmico da doença, cujo controle depende também de fatores externos como a quarentena, o isolamento social ou o uso de máscaras, entre outros.

Tabela 2: Resumo do modelo Bi-logístico para casos de COVID-19 em indígenas do Amapá

Table 2: Summary of the Bi-logistic model for cases of COVID-19 in indigenous people of Amapá

Parâmetros	Valor	IC95% mín	IC95% máx	p
K_1	666.5	657.530	675.46	< 0.001
α_1	0.1197	0.1138	0.1255	< 0.001
β_1	40.2	39.70	40.70	< 0.001
K_2	393.37	350.22	436.51	< 0.001
α_2	0.1551	0.1271	0.1831	< 0.001
β_2	111.27	109.61	112.93	< 0.001
R^2	0.9970	-	-	-
BIC	1102.23	-	-	-
AIC	1085.21	-	-	-
DW	0.35828	-	-	-
Normalidade	-	-	-	< 0.001

Fonte: Elaborados pelos autores.

Os modelos logísticos simples vêm sendo utilizados para descrever a tendência temporal da COVID-19 em diversos estudos como os de Mendieta et al. (2020), que utilizaram o modelo simples para descrever a tendência da doença em Cuba, para os primeiros 30 dias da epidemia naquele país o modelo demonstrou boa aderência aos dados.

Nos estudos de Dattoli et al. (2020), os pesquisadores aplicaram o modelo Bi-logístico para descrever os casos de COVID-19 na Itália por considerar que o modelo logístico com apenas um ponto de inflexão mostrou eficiência limitada em termos de previsões além de falhar na indicação do próprio ponto de inflexão, sendo então substituído pelo modelo Bi-logístico, o qual teve melhor aderência aos dados devido as características da doença na Itália.

Embora neste estudo os dados tenham sido obtidos pelo website oficial do Governo do Amapá, cabe enfatizar os casos de subnotificações indígenas pelos dados oficiais apontando que os números são superiores aos notificados pela SESAI, que tem contabilizado somente casos em terras indígenas homologadas.

Destaca-se ainda que, as epidemias têm atingindo os povos indígenas há séculos, surtos de varíola, sarampo, gripe, cólera, coqueluche e outros males dizimaram por completo povos indígenas e deixaram outros à beira da extinção, sendo conhecido como “cataclismo biológico” (BORAH, 1964).

No contexto específico da atual pandemia da COVID-19, os dados do Ministério da Saúde sobre pessoas internadas são alarmantes entre a população indígena, o demógrafo José Alves estimou que a raça indígena têm 98% a mais de chances de óbito em relação à pessoas de cor branca (SERRA, 2020), mostrando a fragilidade dos povos indígenas e a importância de ações de contenção da doença em Terras Indígenas.



4 CONCLUSÃO

O modelo Bi-logístico se ajusta adequadamente aos casos da COVID-19, cujo conjunto de dados possuam notadamente duas fases de crescimento na curva de casos acumulados da doença. A sua importância deve-se as informações analisadas da doença em indígenas.

Por exemplo, a estimativa das datas de desaceleração da doença na população indígena, que ocorreram em 12 de maio e 22 de julho de 2020 (Gráfico 5), e que foi resultado justamente nos dois crescimentos exponenciais, que a doença teve antes das desacelerações. Portanto, por meio do modelo Bi-logístico é possível descrever a evolução da doença na população indígena pesquisada.

Neste estudo modelamos a tendência temporal de casos da SRAG ou COVID-19 em indígenas do Estado do Amapá e Norte do Pará. O seu resultado mostrou que os casos acumulados da doença podem estabilizar em 1060 casos. Contudo, esse dado quantitativo é bastante frágil e não serve para uma janela de extrapolação muito longa, considerando que ainda estamos aprendendo a lidar com a doença, que não existe cura e nem medidas profiláticas seguras para o seu tratamento.

Porém não podemos deixar de ressaltar, os efeitos que a pandemia causa à vida indígena, geralmente caracterizada pelo convívio com os membros da comunidade da sua aldeia e do Oiapoque, e o que a sua ausência, pode agravar as dificuldades enfrentadas pelos os povos indígenas em relação à luta contra a SRAG. Nesse contexto, os dados quantitativos deste trabalho, poderão auxiliar no planejamento dos serviços voltados à saúde indígena e na execução de estratégias para diminuir a taxa de contágio entre povos indígenas.

REFERÊNCIAS

- AMAPÁ. Coordena ações de combate à covid-19 em aldeias indígenas- **Governo do Estado do Amapá**. Disponível em: <http://www.portal.ap.gov.br/noticia/1206/governo-do-amapa-coordena-acoes-de-combate-a-covid-19-em-aldeias-indigenas>, Acesso em: 14/08/2020a.
- AMAPÁ. Painel Coronavírus. Disponível em: <http://painel.corona.ap.gov.br/>, Acesso em: 13/11/2020b.
- ASSIS, A. S.; CARVALHO, V. W. Logistic Approach to COVID - 19 Epidemic Evolution in Brazil. **Open Access Library Journal**, Beijing, Vol. 7, e6600, p. 1-18, Aug. 2020.
- BORAH, W. America as Model: The Demographic Impact of European Expansion upon the Non-European World. In: CONGRESO INTERNACIONAL DE AMERICANISTAS, 1964, 35. **Actas y Memorias**. México: Inah, 1964. p. 379-387. Vol. 1
- CAIADO, J. **Métodos de Previsão em Gestão**. 2. Ed. Lisboa: Ed. Sílabo. 2016.
- DATTOLI, G. et. al. On the Evolution of Covid-19 in Italy: a Follow up Note. **Quantitative Biology**, Beijing, Vol. 1, p. 1-10, Mar. 2020.
- FENNER, T.; LEVENE, M.; LOIZOU, G. A bi-logistic growth model for conference registration with an early bird deadline. **Central European Journal of Physics**, Vol. 11, n. 7, p. 904-909, Jul. 2013.
- FREITAS, R. R. A; NAPIMOGA, M.; DONALISIO, R. M. Análise da gravidade da pandemia de Covid-19. **Epidemiologia e Serviços de Saúde**, Brasília, Vol. 29, n. 2, p. 1-5, Abr. 2020.
- GUJARATI, D. **Econometria Básica**. 4.ed. Rio de Janeiro: Campus, 2006.
- KLEINSCHMIDT, V. **Econometria I**. Indaiá: UNIASSELVI, 2018



- LANA, M. R. et al. Emergência do novo coronavírus (SARS-CoV-2) e o papel de uma vigilância nacional em saúde oportuna e efetiva. **Caderno de Saúde Pública**, Rio de Janeiro, Vol. 36, n. 3, p. 1-5, Mar. 2020.
- MENDIETA, J. F. M. et al. Estudio sobre modelos predictivos para la COVID-19 en Cuba. **Medisur: Revista de Ciencias Médicas en Cienfuegos**, Cienfuegos, Vol. 18, n. 3, p. 431-442, May. 2020.
- MINISTÉRIO DA SAÚDE. Secretaria da Saúde Indígena. **Boletim Epidemiológico**, Brasília, n. 190, Coronavírus COVID-19, p. 1-2, 13 de novembro de 2020a.
- MINISTÉRIO DA SAÚDE. Secretaria da Saúde Indígena. Disponível em: <http://saudeindigena1.websiteseuro.com/coronavirus/boletimEp.php>, Acesso em: 02/10/2020b.
- OLIVEIRA, U. et al. Modelagem da vulnerabilidade dos povos indígenas no Brasil ao covid-19. Disponível em: https://www.socioambiental.org/sites/blog.socioambiental.org/files/nsa/arquivos/nota_tecnica_modelo_covid19.pdf, Acesso em: 13/11/2020.
- ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE. Folha informativa COVID-19. Disponível em: <https://www.paho.org/pt/covid19>, Acesso em: 13/11/2020.
- PORTAL G1. Brasil volta a ter alta na média móvel de casos de Covid; total chega a 5,8 milhões. Disponível em: <https://g1.globo.com/bemestar/coronavirus/noticia/2020/11/13/casos-e-mortes-por-coronavirus-no-brasil-em-13-de-novembro-segundo-consorcio-de-veiculos-de-imprensa.ghtml>. Acesso em: 14/11/2020.
- SERRA, C. Os militares e o genocídio indígena. **Jornal Folha de São Paulo**. Disponível em: <https://www1.folha.uol.com.br/colunas/cristina-serra/2020/07/os-militares-e-o-genocidio-indigena.shtml>, Acesso em: 14/11/2020
- UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ. Modelos Epidêmicos. Disponível em: <http://complex.pfi.uem.br/covid/project/modelos/>, Acesso em: 14/11/2020.
- UOL. Brasil confirma primeiro caso de coronavírus em indígena, 2020. Disponível em: Acesso em: <https://noticias.uol.com.br/ultimas-noticias/deutschewelle/2020/04/01/brasil-confirma-primeiro-caso-de-coronavirus-em-indigena.htm>, Acesso: 10/11/2020.
- WORLD HEALTH ORGANIZATION - PAN AMERICAN HEALTH ORGANIZATION. Covid-19 Estimator. Disponível em: <https://harvardanalytics.shinyapps.io/covid19/>, Acesso em: 14/11/2020.

Artigo recebido: 20/11/2020.

Artigo revisado: 28/11/2020.

Artigo aprovado: 30/11/2020.

