Modelando a pandemia de Covid19

Dani Gamerman

Modelando a pandemia de Covid19

Dani Gamerman - Programa de PG em Estatística - UFMG

1º semestre de 2020

(motivado a partir de notas de José Marcos Andrade Figueiredo - UFMG)

Modelo de crescimento logístico básico

$$Y(t) \sim N(\mu(t), \sigma^2), \qquad t = 1, 2, \ldots$$

onde $Y(t)$ é o número de casos acumulados até o dia t em uma dada região, com

$$\mu(t) = \frac{a \exp\{ct\}}{1 + b\exp\{ct\}}.$$

Caso especial: $b = 0$ (crescimento exponencial) $\rightarrow \mu(t) = a\exp\{ct\}$.

- Adequado para os estágios iniciais da pandemia

Problemas do modelo básico:

a. os dados são contagens e a distribuição normal pressupõe dados contínuo;

b. a variância deveria aumentar com a magnitude dos dados.

Características de interesse:

As características mais importantes são:

1) Taxa de infecção

- c mede a velocidade da aceleração e reflete a taxa de infecção da doença.

2) Assíntota

$$\lim_{t\to\infty} \mu(t) = \lim_{t\to\infty} \frac{a \exp\{ct\}}{1 + b\exp\{ct\}} = \frac{a}{b}$$

- Reflete o total de casos aculmulados ao longo de toda a pandemia.

- Crescimento exponencial ($b = 0$): assíntota $= \infty$!

3) Ponto de inflexão

- É o tempo $t*$ onde o número de novos casos para de crescer e começa a diminuir.

- Crescimento exponencial ($b = 0$): número de novos casos nunca para de crescer!

4) Previsão:

- O que podemos dizer sobre $Y(t+k), \forall k$, para t fixo (hoje)? Depende da distribuição de $Y(t)$ mas será sempre dada pela distribuição preditiva de $Y(t+k)$ dado $Y(1:t) = \{Y(1), \ldots, Y(t)\}$, o que foi observado.

Funciona como se fosse a distribuição a posteriori de $Y(t+k)$.

Resultado útil: Se Z e W são 2 v. a.'s quaisquer então:

$E[Z] = E[E(Z \mid W)]$

$Var[Z] = Var[E(Z \mid W)] + E[Var(Z \mid W)]$

Em particular, $E[Y(t+k) \mid Y(1:t)] = E\{E[Y(t+k) \mid \mu(1:t)] \mid Y(1:t)\} = E[\mu(t+k)] \mid Y(1:t)]$, a média a posteriori de $\mu(t+k)$.

A inferência para tudo que foi dito acima deve ser reportada através de estimadores pontuais (ex: médias a posteriori), junto com os respectivos intervalos de credibilidade.

5) Número de reprodutibilidade R_0

R_0 é o número esperado de casos secundários de uma doença produzidos por um indivíduo infectado.

No tempo t, ele é definido como

$$R_0 = \frac{\mu(t) - \mu(t-1)}{\mu(t-1)} = \frac{\mu(t)}{\mu(t-1)} - 1$$

Início da epidemia: $1 \gg b \exp\{ct\} \to \mu(t) \approx a \exp\{ct\} \to R_0 \approx e^c - 1$

Final da epidemia: $1 \ll b \exp\{ct\} \to \mu(t) \approx a/b \to R_0 \approx 0$

Meio da epidemia: R_0 é função dos parâmetros (a, b, c) e do tempo t, e é dado por

$$R_0(t) = e^c \, \frac{1 + be^c e^{ct}}{1 + be^{ct}} \; - \; 1$$

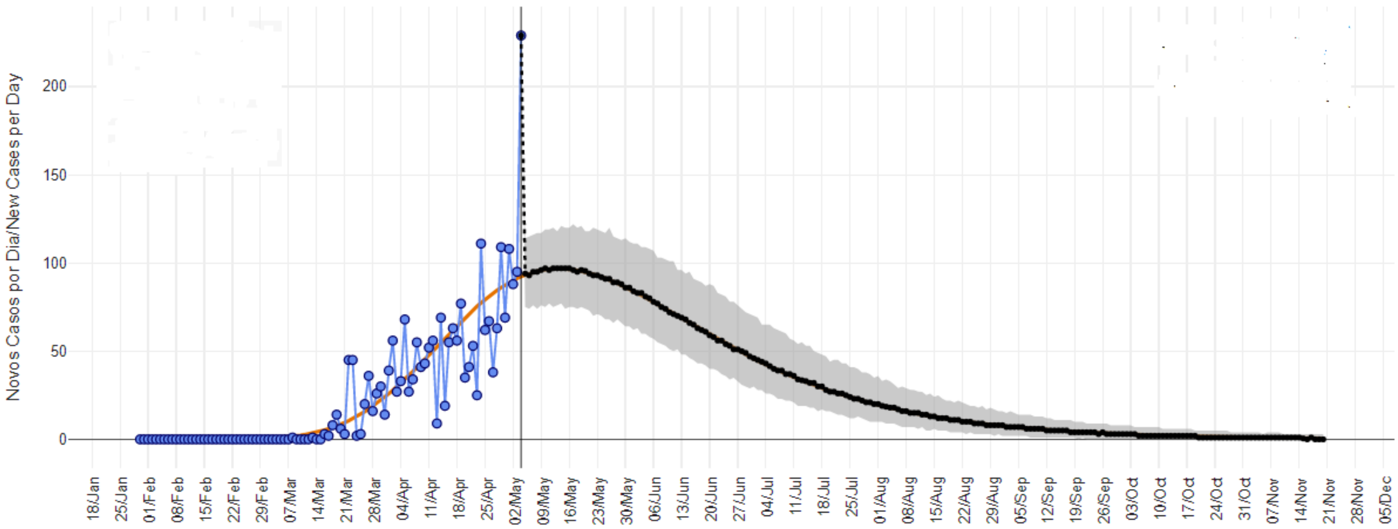
Para cada t fixado, podemos obter sua distribuição a posteriori (via amostra MCMC) e calcular média, quantis e intervalos de credibilidade.

6) Número médio de novos casos (NMNC)

NMNC no tempo $t+k$: $n_t(k) = E[Y(t+k) - Y(t+k-1)] = \mu(t+k) - \mu(t+k-1)$

Logo, NMNC também é função dos parâmetros (a, b, c) e pode ser facilmente calculado.

Para cada t e k fixados, podemos obter sua distribuição a posteriori (via amostra MCMC) e calcular média, quantis e intervalos de credibilidade.



Alternativas

1.1) $Y(t) \sim Poisson(\mu(t))$ com $E[Y(t)] = \mu(t)$ e $Var(Y(t)) = \mu(t)$

1.2) $Y(t) \sim N(\mu(t), \sigma^2\ \mu(t))$ com $E[Y(t)] = \mu(t)$ e $Var(Y(t)) = \sigma^2\ \mu(t)$

Obs:

- Modelo (1.2) admite sobredispersão se $\sigma^2 > 1$
- Alternativa (1.2) só cuida do comentário (b)
- Alternativa (1.1) cuida dos 2 comentários mas não permite sobredispersão

Poisson com sobredispersão

1.3) $Y(t) \mid \epsilon(t) \sim Poisson(\mu(t) + \epsilon(t))$ com $E[\epsilon(t)] = 0$ e $Var(\epsilon(t)) = \sigma^2$

1.4) $Y(t) \mid \epsilon(t) \sim Poisson(\mu(t) \times \epsilon(t))$ com $E[\epsilon(t)] = 1$ e $Var(\epsilon(t)) = \sigma^2$

Usando os resultados úteis anteriores:

Mod(1.3): $E[Y(t)] = E[E(Y(t) \mid \epsilon(t))] = E[\mu(t) + \epsilon(t)] = \mu(t) + E[\epsilon(t)] = \mu(t)$

$Var[Y(t)] = Var[E(Y(t) \mid \epsilon(t))] + E[Var(Y(t) \mid \epsilon(t))] = Var[\mu(t) + \epsilon(t)] + E[\mu(t) + \epsilon(t)] = \sigma^2 + \mu$

Mod(1.4): $E[Y(t)] = E[E(Y(t) \mid \epsilon(t))] = E[\mu(t) \times \epsilon(t)] = \mu(t) \times E[\epsilon(t)] = \mu(t)$

$Var[Y(t)] = Var[E(Y(t) \mid \epsilon(t))] + E[Var(Y(t) \mid \epsilon(t))] = Var[\mu(t) \times \epsilon(t)] + E[\mu(t) \times \epsilon(t)] = \mu_t^2 \sigma^2 +$

Ambos preservam média da Poisson e aumentam dispersão da Poisson.

Extensões dinâmicas

Modelos anteriores assumem comportamento estático $\Rightarrow$ a forma da doença não se modifica ao longo do tempo $\Rightarrow$ taxa de infecção será sempre a mesma, assintota será sempre a mesma, ...

Modelos dinâmicos flexibilizam isso.

$$\mu(t) = \frac{a(t)\ \exp\{c(t)\ t\}}{1 + b(t)\ \exp\{c(t)\ t\}}$$

com: $a(t) = a(t-1) + w_a(t)$, onde $w_a(t) \sim N(0, W_a), \forall t.$

$b(t) = b(t-1) + w_b(t)$, onde $w_b(t) \sim N(0, W_b), \forall t.$

$c(t) = c(t-1) + w_c(t)$, onde $w_c(t) \sim N(0, W_c), \forall t$.

Vantagens:

a. $E[a(t) \mid a(t-1)] = a(t-1)$, e o mesmo vale para $b(t)$ e $c(t) \Rightarrow$ constância local.

b. $Var[a(t) \mid a(t-1)] = W_a$, e o mesmo vale para $b(t)$ e $c(t) \Rightarrow$ aumento da incerteza.

Problemas:

a. variâncias W_a, W_b, W_c conhecidas $\Rightarrow$ difíceis de especificar.

b. variâncias W_a, W_b, W_c deconhecidas $\Rightarrow$ difíceis de estimar.

c. não dá para simplificar $W_a = W_b = W_c = W$ (magnitudes diferentes de (a, b, c)).

- Outra forma de introduzir dinamismo, agora multiplicativo:

$a(t) = a(t-1) \times w_a(t)$, onde $w_a(t) \sim Gamma(d_a, d_a), \forall t$.

$b(t) = b(t-1) \times w_b(t)$, onde $w_b(t) \sim Gamma(d_b, d_b), \forall t$.

$c(t) = c(t-1) \times w_c(t)$, onde $w_c(t) \sim Gamma(d_c, d_c), \forall t$.

Vantagens:

a. $E[a(t) \mid a(t-1)] = a(t-1)$ e o mesmo vale para $b(t)$ e $c(t) \Rightarrow$ constância local.

b. $Var[a(t) \mid a(t-1)] = d_c^{-1}$ e o mesmo vale para $b(t)$ e $c(t) \Rightarrow$ aumento da incerteza.

c. Hiperparâmetros d_a, d_b, d_c fáceis de especificar.

Exemplos:

$$d = 1000 \ \rightarrow \ 0,90 = P(0,95 < w(t) < 1,05) = P\left(0,95 < \frac{a(t)}{a(t-1)} < 1,05\right)$$

$$d = 1500 \ \rightarrow \ 0,95 = P(0,95 < w(t) < 1,05) = P\left(0,95 < \frac{a(t)}{a(t-1)} < 1,05\right)$$

Problemas:

a. As magnitures de a, b, c ainda interferem no aumento da incerteza.

b. não sei se software lida bem com Gammas tendo parâmetros tão altos.

Evolução multiplicativa com erros normais

Considere a evolução multiplicativa abaixo para o parâmetro a:

$$a(t) = a(t-1) \times \exp\{w_a(t)\}, \text{ onde } w_a(t) \sim N(0, W_a)$$

Tomando o logartimo nos dois lados, obtem-se:

$$\log\ a(t) = \log\ a(t-1) + w_a(t), \text{ onde } w_a(t) \sim N(0, W_a)$$

Passando $\log\ a(t-1)$ para a esquerda, vem que:

$$\log\ a(t) - \log\ a(t-1) = \log\left[\frac{a(t)}{a(t-1)}\right] = w_a(t), \text{ onde } w_a(t) \sim N(0, W_a)$$

Especificação de W_a: pode-se pensar em percentual de incremento, como antes.

$$0,95 = P\left(0,95 < \frac{a(t)}{a(t-1)} < 1,05\right) = P(-0,05 < w_a(t) < 0,05)$$

Isso implica $2\sqrt{W_a} = 0,05$, que implica $\sqrt{W_a} = 0,025 \ \Rightarrow W_a = (0,025)^2$.

Mesma especificação vale para W_b e W_c, pois dimensões de b e c não importam.

Caso particular

Baseado em Gamerman, Santos e Franco (J. Time Series Analysis, 2013):

$$\mu(t) = \frac{a(t) \ \exp\{c\,t\}}{1 + b \ \exp\{c\,t\}}$$

$a(t) = a(t-1) \times w_a(t)$, onde $w_a(t) \sim Beta, \forall t$.

Pode ser usado também para crescimento exponencial ($b = 0$).

Vantagem:

a. Permite contas exatas, dispensando aproximações MCMC.

Desvantagem:

a. Não permite b e c dinâmicos.

Generalizações da logística

Até agora, usamos a logística para especificar a média $\mu(t)$ como

$$\mu(t) = \frac{a \exp\{ct\}}{1 + b \exp\{ct\}} = \frac{a}{b + \exp\{-ct\}}.$$

Essa expressão é a forma mais simples da logística.

Ela pode ser generalizada de várias formas. Uma possível forma da **logística generalizada** é

$$\mu(t) = d + \frac{a - d}{(b + \exp\{-ct\})^f}$$

A logística é obtida fazendo $d = 0$ e $f = 1$.