

Previsão de casos de COVID19 usando o modelo SEIR e técnicas de Aprendizado de Máquina

Felipe Passarella

Junho 2020

Resumo

Resumo

Palavras-chaves: (COVID19, SARS-COV-2, SEIR).

Introdução

A COVID-19 (do inglês Coronavirus Disease 2019) é uma doença viral infecciosa causada pelo coronavírus da síndrome respiratória aguda grave 2 (SARS-COV-2). O primeiro caso da doença surgiu na cidade de Wuhan, China em dezembro de 2019.

No dia 30 de janeiro de 2020 a Organização Mundial da Saúde reconheceu estado de emergência internacional e em 11 de março de 2020 foi declarada a pandemia com mais de 125,000 casos confirmados.

Em 02 de abril de 2020, mais de um milhão de casos haviam sido reportados como positivos e mais de 50,000 pessoas haviam morrido da doença.

Governos do mundo todo tomaram diversas decisões para conter o avanço da pandemia, como por exemplo isolamento de cidades, imposição de quarentenas, fechamentos de fronteiras, etc.

Este trabalho tem o objetivo de estudar a progressão da doença em diversos cenários, os modelos necessários para tal, e por consequência a efetividade das medidas de contenção tomadas ao redor do mundo.

1 O modelo SIR

Doenças infecciosas podem ser classificadas em duas categorias, as causadas por microparasitas (vírus e bactérias), e por macroparasitas (vermes). A COVID-19 é causada por um microparasita, o coronavírus. Doenças causadas por esse tipo de agente são

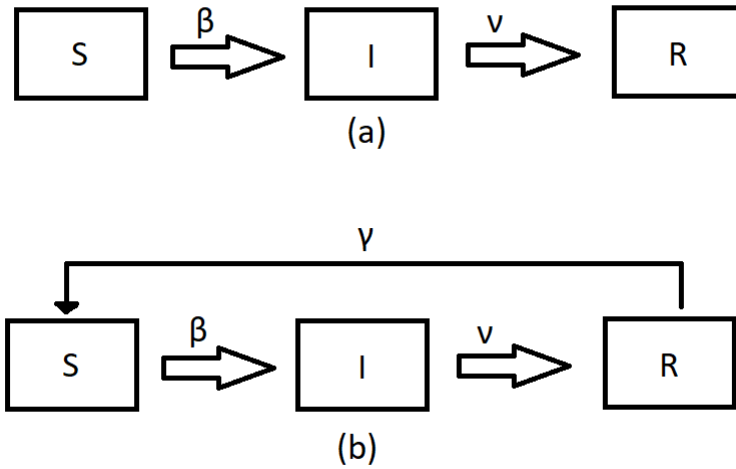


Figura 1 – (a) Modelo SIR, transição de suscetíveis para infectantes e destes para removidos.
(b) Modelo SIRS, os removidos podem transicionar para suscetíveis.

transmitidas quando há contato entre um hospedeiro carregando o agente e um indivíduo suscetível.

De forma simples, poderíamos usar um modelo populacional de presa-predador, como o Lotka-Volterra, para descrevermos a infecção. Teríamos a população viral como predador e indivíduos suscetíveis como presa. Porém, a população viral não nos interessa, uma vez que a carga viral que um indivíduo infectado carrega não influencia em quantos outros irá infectar. Além disso, esse tipo de modelo supõe que o vírus circula livremente pelo ambiente, o que não é verdade, ele está atrelado ao hospedeiro ¹.

Podemos dividir a população hospedeira em três grupos: **Suscetíveis (S)**, **Infectantes (I)** e **Removidos (R)**. Os infectantes são aqueles que possuem a doença e carregam consigo o vírus, os suscetíveis são aqueles que ainda estão saudáveis porém não possuem imunidade a doença e os removidos são aqueles que já contraíram a doença, ou por algum motivo possuem imunidade. Além disso, os removidos podem também ser indivíduos postos em isolamento ou que morreram. Em doenças que há reinfecção, podemos acrescentar aos removidos aqueles que possuem imunidade temporária.

Partindo dessa divisão, é proposto o modelo SIR. A figura 1(a) ilustra a transição entre os grupos. Por exemplo, indivíduos suscetíveis são convertidos para infectantes, ou seja, são contaminados com a doença de acordo com uma constante β , e transicionam para o grupo de removidos de acordo com uma constante ν .

Já a figura 2(b) ilustra o modelo SIRS, que considera reinfecções, causadas de acordo com uma constante γ .

Se assumirmos que a taxa de transmissão da doença é proporcional a quantidade de encontros entre suscetíveis e infectantes, e que a efetividade da transmissão dependa da

¹ Após ser liberado pelo hospedeiro, o vírus pode permanecer em algumas superfícies por certo tempo [4].

constante β podemos escrever as equações do modelo SIRS como:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta IS + \gamma R \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta IS - \nu I \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \nu I - \gamma R \quad (3)$$

Note que o modelo SIR é um caso particular do SIRS, considerando $\gamma = 0$, ou seja, sem taxa de reinfecção.

A razão β/ν tem uma interpretação interessante, ν é a taxa de remoção da classe infectante, portanto é dada em unidade de 1/tempo, logo o tempo médio de infecção é dado por $1/\nu$ e β/ν indica a fração da população que entra em contato com a doença.

Seja $N = S + I + R$ a população total, podemos definir $R_0 = N\beta/\nu$, o número de contato infeccioso.

R_0 representa a média de infecções secundárias causadas ao ser introduzido um indivíduo infeccioso em uma população com N suscetíveis. Portanto, se $R_0 > 1$ a doença será mantida naquela população, caso contrário, a doença tende a ser erradicada.

2 O modelo SEIR

A maioria das doenças infecciosas não afetam imediatamente o indivíduo exposto a elas, é necessário um tempo de ativação até que o infectado comece a ter sintomas ou a propagar a doença.

Fazendo uma extensão natural do modelo SIR, o SEIR adiciona uma categoria, a dos **Expostos** (E), que são os indivíduos que estão infectados, porém não apresentam sintomas ou não infectam outros, por o vírus ainda estar em seu período de incubação.

Portanto, neste modelo indivíduos **Suscetíveis** (S) são convertidos para **Expostos** (E) e estes após certo tempo são convertidos para **Infectados** (I).

O sistema de equações que descreve o modelo é o seguinte:

$$\frac{dS}{dt} = (1 - S)\mu - \frac{\beta IS}{N} \quad (4)$$

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\beta IS}{N} - (\sigma + \mu)E \quad (5)$$

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - (\gamma + \mu)I \quad (6)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \quad (7)$$

Onde μ indica taxa de nascimento da população, neste modelo a taxa de nascimento é considerada igual a de mortalidade.

O σ está relacionado com o período de incubação.

Já o γ está relacionado com o tempo em que o indivíduo permanece doente.

E o parâmetro β indica a taxa de conversão pela qual indivíduos suscetíveis tornam-se expostos.

Mas ainda, o β é governado por outros dois parâmetros: p que indica a probabilidade um indivíduo infectar o outro caso haja contato entre os dois. E n que é uma média de quantos indivíduos cada um encontra por dia. Portanto:

$$\beta = pn \quad (8)$$

É interessante notar que a probabilidade de infecção pode ser afetada pelo uso de máscaras, higienização correta das mãos, etc. Já o número médio de contatos interpessoais pode ser impactado pelo distanciamento social, ou no caso prejudicial, por aglomerações.

Assim como no modelo SIR, o SEIR também possui a medida R_0 , que no caso é dada por:

$$R_0 = \frac{\sigma}{\sigma + \mu} \frac{\beta}{\gamma + \mu} \quad (9)$$

Todos os parâmetros citados acima, menos os que compõem o β são fixos. Portanto, para que se tenha noção de diferentes cenários, é preciso explorar diversos valores de p e n . E para fazer previsões acuradas, queremos boas estimativas para eles.

Como queremos $R_0 < 1$ para que a doença seja erradicada, temos $\mu \approx 0$, então precisamos que $\beta < \gamma$.

3 O modelo SEIRD

Quando uma doença provoca uma quantidade significativa de óbitos, é importante que estes também sejam avaliados e incorporados ao modelo.

Fizemos então uma extensão do SEIR, com algumas mudanças. Não consideramos as taxas de mortalidade geral e natalidade. Adicionamos a variável D, que indica o número de mortos, e adicionamos outros três parâmetros, α que indica a taxa de internação dos infectados, λ que indica o tempo de permanência médio de um indivíduo no hospital, e ξ que indica a taxa de mortalidade de pacientes hospitalizados.

Dessa forma, temos as seguintes equações:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta IS}{N} \quad (10)$$

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\beta IS}{N} - \sigma E \quad (11)$$

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - (1 - \alpha)\gamma I - \alpha\xi\lambda I \quad (12)$$

$$\frac{dR}{dt} = (1 - \alpha)\gamma I + \alpha(1 - \xi)\lambda I \quad (13)$$

$$\frac{dD}{dt} = \alpha\xi\lambda I \quad (14)$$

Ainda,

$$N = S + E + I + R \quad (15)$$

e

$$\frac{dN}{dt} = 0 \quad (16)$$

Portanto, a medida R_0 aqui é dada por:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (17)$$

Logo, para que a doença seja erradicada, precisamos ainda que $\beta < \gamma$.

4 Obtenção dos parâmetros

Em fevereiro de 2020 a Organização Mundial da Saúde (OMS) enviou uma missão para Wuhan, até então epicentro da doença. Foi então publicado um relatório [5] com diversas informações sobre demografia, período de incubação, etc. Daí podemos extrair que a média do período de incubação (relacionado com σ) está entre 5-6 dias. Já de acordo com [6] essa média é de 5.2 dias.

Se assumirmos que o período de incubação pode ser aproximado por uma distribuição exponencial com média σ , isto é, $T_{inc} \approx \text{Exp}(\sigma)$, então $\sigma = \frac{1}{T_{inc}} \approx 0,192$

A taxa de hospitalização (α) reportada em [5] é de 20%. Consideramos que todos os casos severos e críticos devem ser hospitalizados.

Já de acordo com [7] a taxa de mortalidade de pacientes hospitalizados (ξ) está por volta de 30%.

Segundo [8] os pacientes internados ficam cerca de 5-8 dias nos hospitais. Para obter λ , assim como com o tempo de incubação, supomos que o período de permanência nos hospitais pode ser aproximado por uma distribuição exponencial, ou seja, $T_h \approx \text{Exp}(\lambda)$. Escolhemos $T_h = 7$, portanto $\lambda = \frac{1}{T_h} \approx 0,143$

Para γ seguimos a metodologia [9]. Dessa forma obtivemos que um indivíduo permanece infectante por cerca de 3.2 dias. Portanto novamente assumimos que esse período pode ser aproximado por uma distribuição exponencial tal que $T_i = \text{Exp}(\gamma)$. Logo, $\gamma = \frac{1}{3.2} \approx 0,313$.

Já β foi o parâmetro que variamos em nossas simulações, obtivemos seus diversos valores baseado em valores reportados de R_0 .

Referências

1. Organização Mundial da Saúde <<https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>>
2. Ministério da Saúde do Brasil <<https://coronavirus.saude.gov.br/>>
3. BNO News - Rastreado o Coronavírus <<https://bnonews.com/index.php/2020/04/the-latest-coronavirus-cases/>>
4. Kampf, Günter, et al. "Persistence of coronaviruses on inanimate surfaces and its inactivation with biocidal agents." *Journal of Hospital Infection* (2020).
5. Report of the WHO-China Joint Mission on Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) <<https://www.who.int/Docs/Default-Source/Coronaviruse/Who-China-Joint-Mission-on-Covid-19-Final-Report.pdf>>
6. Li, Qun, et al. "Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-infected pneumonia." *New England Journal of Medicine* (2020).
7. Docherty, Annemarie B., et al. "Features of 16,749 hospitalised UK patients with COVID-19 using the ISARIC WHO Clinical Characterisation Protocol." *medRxiv* (2020).
8. Rees, Eleanor M., et al. "COVID-19 length of hospital stay: a systematic review and data synthesis." (2020).
9. Wu, Joseph T., Kathy Leung, and Gabriel M. Leung. "Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study." *The Lancet* 395.10225 (2020): 689-697.