

# Modelo Epidemiológico Compartimental Usando o Truque de Corrente Linear para COVID-19

Storopoli, Santos, Nóia, Noda & Pellini Universidade Nove de Julho - UNINOVE

# Licença

O texto e as figuras desses slides possuem uma Licença Creative Commons Atribuição-NãoComercial-Compartilhalgual 4.0 Internacional (CC BY-NC-SA 4.0)





# Truque da Corrente Linear<sup>2</sup> (TCL)

O Truque da Corrente Linear (TCL) (Andò et al., 2020; P. Hurtado & Richards, 2020; P. J. Hurtado & Kirosingh, 2019) é usado em modelos epidemiológicos compartimentais para modelar tempos de espera em transições de compartimentos usando subcompartimentos com uma distribuição Erlang<sup>1</sup>.

A distribuição Erlang é uma soma de k distribuições exponenciais independentes.

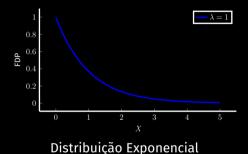
Sem subcompartimentos, a distribuição do tempo de espera se torna uma distribuição Exponencial.

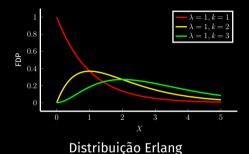


<sup>&</sup>lt;sup>1</sup>mais informações sobre a distribuição Erlang na Wikipedia.

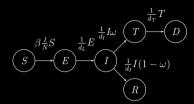
<sup>&</sup>lt;sup>2</sup>Linear Chain Trick.

# Distribuição Exponencial vs Erlang

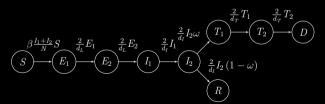




## **Modelos SEITD**



#### Modelo SEITD



#### Modelo SEEIITTD



# Metodologia

- Dados de Mortes: Consórcio de Veículos da Imprensa
- Dados de SRAG: DataSUS
- Código Aberto em LabCidades/Epi-Subcompartimentos
- Modelo Bayesiano com Stan (Carpenter et al., 2017)
- Prioris com base em melhores práticas (Gelman et al., 2020; Grinsztajn et al., 2021)
- preprint no arXiv e EuropePMC (Storopoli et al., 2021)



## Resultados

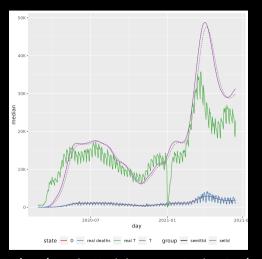
	SEITD	SEEIITTD
$\overline{T}$	2827	2841
$\overline{D}$	267	267
Леа	n Absolut	e Error $T$ e $L$

	$\Delta$ ELPD	$\Delta SE$
SEITD SEEIITTD	0.000 -1.153	

Validação Cruzada *Leave-One-Out* (LOO-CV) (Vehtari et al., 2020)



# Resultados



Estimativas do Modelo versus Dados Reais



#### Referências I

- Andò, A., Breda, D., Gava, G., Andò, A., Breda, D. & Gava, G. (2020). How Fast Is the Linear Chain Trick? A Rigorous Analysis in the Context of Behavioral Epidemiology. *Mathematical Biosciences and Engineering*, 17(5), 5059–5084. https://doi.org/10.3934/mbe.2020273
- Carpenter, B., Gelman, A., Hoffman, M. D., Lee, D., Goodrich, B., Betancourt, M., Brubaker, M., Guo, J., Li, P. & Riddell, A. (2017). Stan: A Probabilistic Programming Language. *Journal of Statistical Software*, 76(1). https://doi.org/10.18637/jss.v076.i01
- Gelman, A., Vehtari, A., Simpson, D., Margossian, C. C., Carpenter, B., Yao, Y., Kennedy, L., Gabry, J., Bürkner, P.-C. & Modrák, M. (2020). Bayesian Workflow. *arXiv:2011.01808* [stat].



#### Referências II

- Grinsztajn, L., Semenova, E., Margossian, C. C. & Riou, J. (2021). Bayesian Workflow for Disease Transmission Modeling in Stan. arXiv:2006.02985 [q-bio, stat].
- Hurtado, P. & Richards, C. (2020). A Procedure for Deriving New ODE Models: Using the Generalized Linear Chain Trick to Incorporate Phase-Type Distributed Delay and Dwell Time Assumptions.

  Mathematics in Applied Sciences and Engineering, 1(4), 410–422. https://doi.org/10.5206/mase/10857
- Hurtado, P. J. & Kirosingh, A. S. (2019). Generalizations of the 'Linear Chain Trick': Incorporating More Flexible Dwell Time Distributions into Mean Field ODE Models. *Journal of Mathematical Biology*, 79(5), 1831–1883. https://doi.org/10.1007/s00285-019-01412-w



#### Referências III

- Storopoli, J., dos Santos, A. L. M. F., Pellini, A. C. G. & Baldwin, B. (2021). Simulation-Driven COVID-19 Epidemiological Modeling with Social Media. arXiv:2106.11686 [stat].
- Vehtari, A., Gabry, J., Magnusson, M., Yao, Y., Bürkner, P.-C., Paananen, T. & Gelman, A. (2020). Loo: Efficient Leave-One-out Cross-Validation and WAIC for Bayesian Models.