

## **Modelagem Computacional: Simulação 05 - Epidemiologia em Rede**

Alunos: Álvaro Cardoso Vicente de Souza 133536

Gabriel Angelo Cabral Neves 136124

Jhonatan Hiroo Eguchi 133691

Docente: Prof. Dr. Marcos Gonçalves Quiles

Universidade Federal de São Paulo - UNIFESP Instituto de Ciência e Tecnologia - Campus

São José dos Campos

São José dos Campos - Brasil

Outubro de 2020

## Descrição do modelo

O projeto propõe a simulação da propagação do COVID 19 seguindo o modelo de epidemiologia em rede, esse modelo consiste basicamente na junção do modelo SIR, utilizada na simulação 04, com o modelo de propagação em rede, utilizado na simulação 03, onde existem 10 países, representados através de um grafo e cada vértice desse grafo é um país e comporta um modelo SIRS que conta com três compartimentos que compõem a população total de cada país, a população suscetível a doença, a população infectada pela doença e a população que já se recuperou da doença. Assim, no modelo SIRS, os recuperados podem voltar a ser infectados pela doença.

Para isso, foi usado uma implementação de um algoritmo, em Python 3, que leva em conta a variação de cada uma das populações que compõem a população total e as relações entre os países, que podem ter visitantes vindo de outro país vizinho com a doença.

Utilizando-se o método de Euler podemos trabalhar, numericamente, com as equações diferenciais que o modelo SIRS nos proporciona, que descrevem as oscilações nas três populações que compõem a população total de cada país nossa simulação.

A doença tem um tempo de duração definida e é curada após um período de tempo. Após a doença ser curada, o indivíduo possui um período de imunidade e pode vir a contrair a doença novamente ao fim desse período caso haja contato com alguém infectado.

Desta maneira, através da implementação e manipulação de grafos com uma *seed* responsável por determinar as relações entre cada indivíduo, utilizando o pacote NetworkX em Python3.

## Rede Desenvolvida

Utilizando a *seed* 136124 para a formulação do grafo aleatório que descreve as relações entre os países.

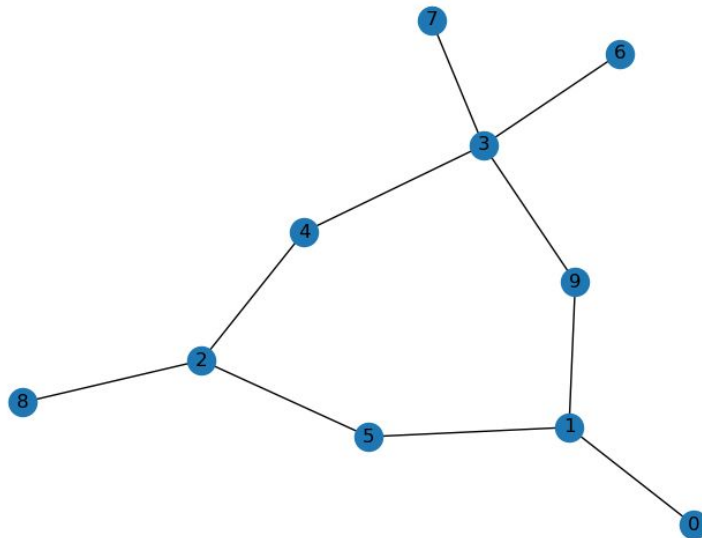
Para a confecção de um grafo que possui um Grau 2 e 10 vértices (países) utilizou-se a seguinte equação:

$$G = \frac{2m}{n}$$

$G$  - Grau do grafo;

$m$  - Número de arestas;

$n$  - Número de vértices.



## Modelo Matemático

Utilizou-se o modelo matemático de SIR para obtermos as equações diferenciais que descrevem a variação de cada uma das populações que compõem a população geral:

$$\frac{dS}{dt} = -rSI + fR$$

$$\frac{dI}{dt} = rSI - aI$$

$$\frac{dR}{dt} = aI - fR$$

- $S(t)$  - População Suscetível;
- $I(t)$  - População Infectada;
- $R(t)$  - População Recuperada;
- $r$  - Taxa de infecção (inversamente proporcional ao isolamento social);
- $a$  - Taxa de recuperação;
- $\frac{1}{a}$  - Tempo de infecção;
- $f$  - Taxa de susceptibilidade a reinfeção.

Para essa simulação utilizaremos a seguinte variação das equações:

$$\frac{dS_i}{dt} = -r_i S_i (I_i + \beta_{ij} \gamma_{ij} I_j) + f_i R_i$$

- $S_i(t)$  - População Suscetível de um determinado país  $i$ ;
- $I_i(t)$  - População Infectada de um determinado país  $i$ ;

- $R_i(t)$  - População Recuperada de um determinado país  $i$ ;
- $r_i$  - Taxa de infecção (inversamente proporcional ao isolamento social) no país  $i$ ;
- $\beta_{ij}$  - Variável do modelo estocástico (Probabilidade de ocorrer viagem entre o país  $i$  e país  $j$ );
- $\gamma_{ij}$  - Número de pessoas presentes na viagem entre o país  $i$  e país  $j$ ;
- $f_i$  - Taxa de susceptibilidade a reinfeção no país  $i$ .

## Resultados e Discussões

Para as simulações foram utilizados os seguintes parâmetros iniciais:

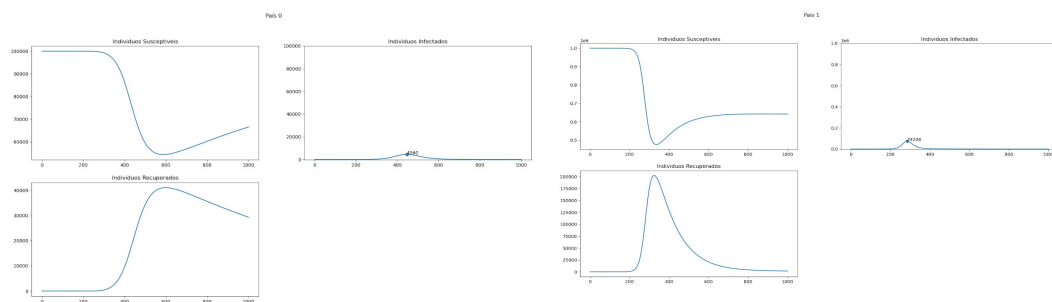
$N_0 = 100000$ ,  $N_1 = 1000000$ ,  $N_2 = 200000$ ,  $N_3 = 300000$ ,  $N_4 = 500000$ ,  $N_5 = 900000$ ,  $N_6 = 200000$ ,  $N_7 = 800000$ ,  $N_8 = 100000$ ,  $N_9 = 700000$ , onde  $N_0-9$  são os valores das populações totais de cada país.

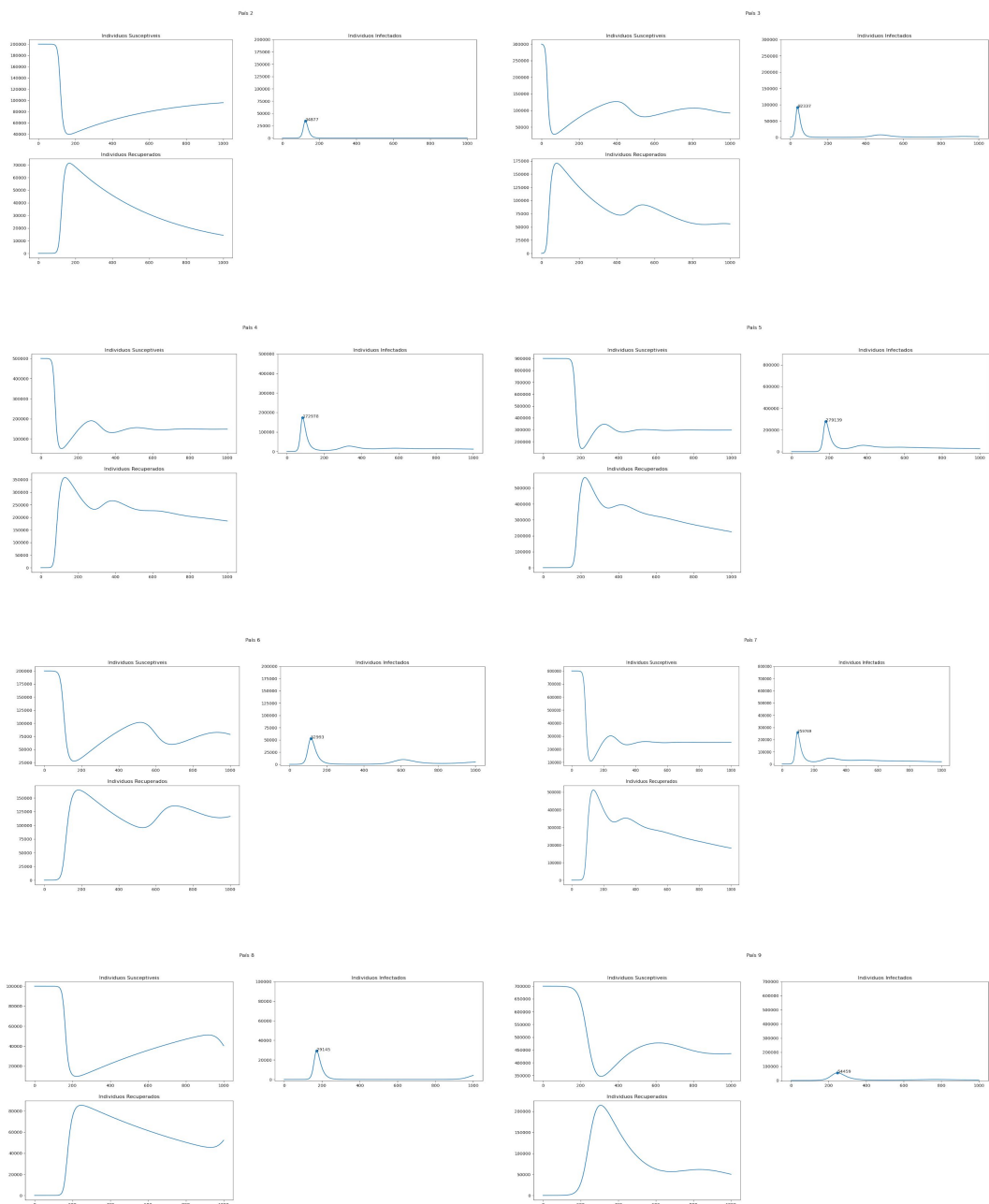
Taxas de visitação entre os países	Probabilidade de visitação entre os países
$v_{01} = 0.00035$	$p_{01} = 0.3$
$v_{10} = 0.000055$	$p_{10} = 0.2$
$v_{15} = 0.00005$	$p_{15} = 0.4$
$v_{19} = 0.00006$	$p_{19} = 0.35$
$v_{24} = 0.00003$	$p_{24} = 0.45$
$v_{25} = 0.000035$	$p_{25} = 0.3$
$v_{28} = 0.00002$	$p_{28} = 0.45$
$v_{34} = 0.00005$	$p_{34} = 0.5$
$v_{36} = 0.0000003$	$p_{36} = 0.25$
$v_{37} = 0.0001$	$p_{37} = 0.1$
$v_{39} = 0.00018$	$p_{39} = 0.6$
$v_{42} = 0.00017$	$p_{42} = 0.55$
$v_{43} = 0.00015$	$p_{43} = 0.25$
$v_{51} = 0.00027$	$p_{51} = 0.45$
$v_{52} = 0.00018$	$p_{52} = 0.3$
$v_{63} = 0.000075$	$p_{63} = 0.2$
$v_{73} = 0.00007$	$p_{73} = 0.4$
$v_{82} = 0.0004$	$p_{82} = 0.5$
$v_{91} = 0.000015$	$p_{91} = 0.6$
$v_{93} = 0.000025$	$p_{93} = 0.55$

Taxas de infecção de cada país	Taxas de recuperação de cada país	Taxas de susceptibilidade a reinfeção de cada país
$r0 = 0.000001$ $r1 = 0.0000002$ $r2 = 0.0000015$ $r3 = 0.000001$ $r4 = 0.0000005$ $r5 = 0.00000025$ $r6 = 0.0000009$ $r7 = 0.0000003$ $r8 = 0.000002$ $r9 = 0.0000002$	$a0 = 1/15$ $a1 = 1/15$ $a2 = 1/15$ $a3 = 1/15$ $a4 = 1/15$ $a5 = 1/15$ $a6 = 1/15$ $a7 = 1/15$ $a8 = 1/15$ $a9 = 1/15$	$f0 = 0.001$ $f1 = 0.01$ $f2 = 0.002$ $f3 = 0.003$ $f4 = 0.005$ $f5 = 0.009$ $f6 = 0.002$ $f7 = 0.008$ $f8 = 0.001$ $f9 = 0.007$

## Modelo determinístico

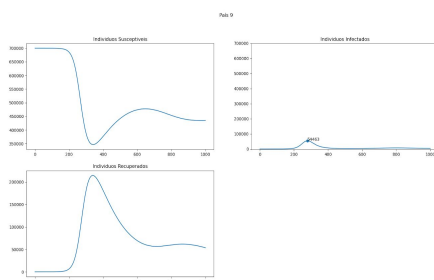
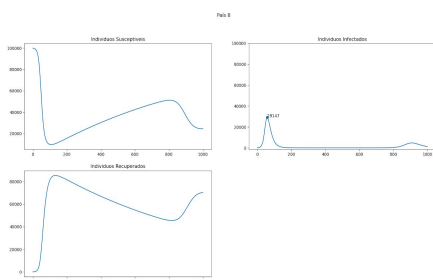
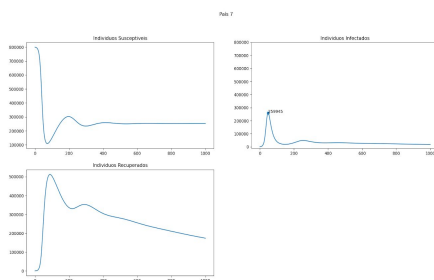
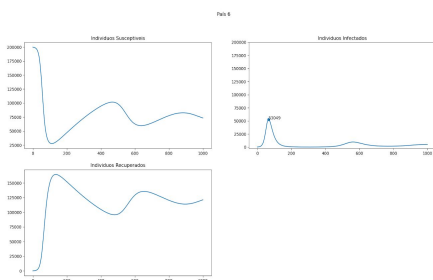
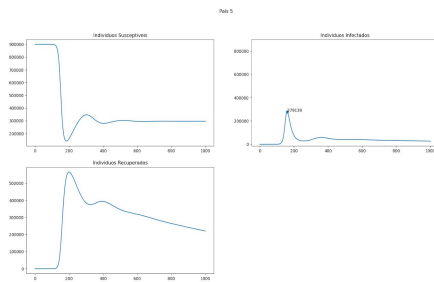
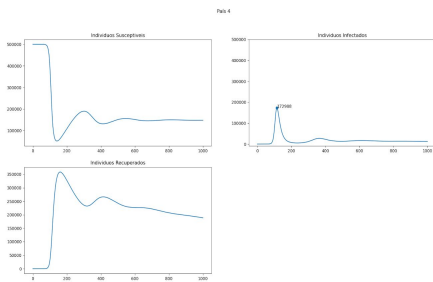
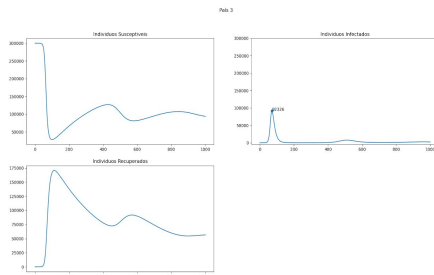
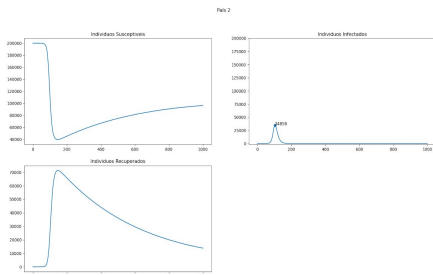
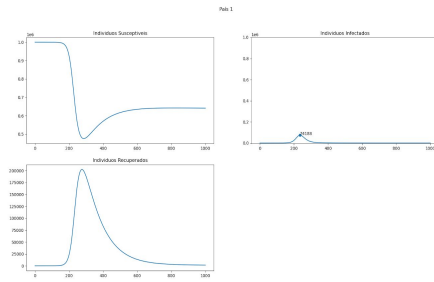
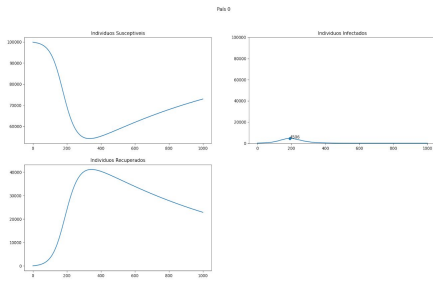
- Simulação 01 - Epidemia começando no país 3 (mais conexões) com 0,1% da população total infectada.





Sendo o país 3, com maior número de conexões, o epicentro da pandemia, pode-se observar um rápido crescimento de infectados. As regiões que são vizinhas deste país (4, 6, 7 e 9) recebem uma quantidade de infectados que migram e também possuem um crescimento de curva cedo. Para países mais afastados desse centro, como o 0, temos um pequeno número de infectados. Com o tempo, pode-se perceber que países que passaram do pico mas possuem ainda uma quantidade de infectados, podem começar uma nova onda de infecções devido a alguns recuperados retornarem ao grupo de suscetíveis.

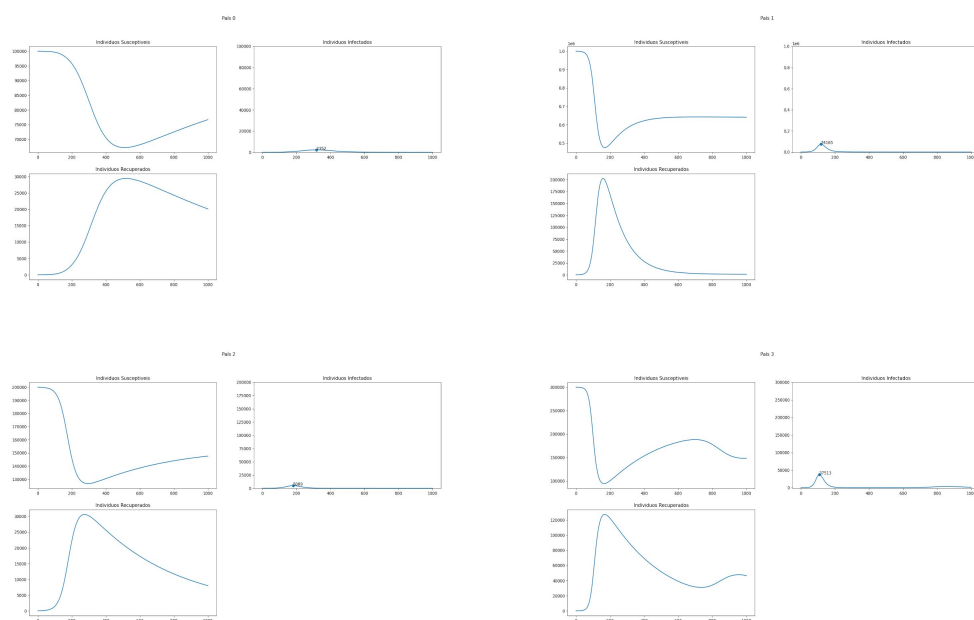
- Simulação 02 - Epidemia começando nos países 0, 6, 7 e 8 (mais distantes) com 0,1% da população total infectada.



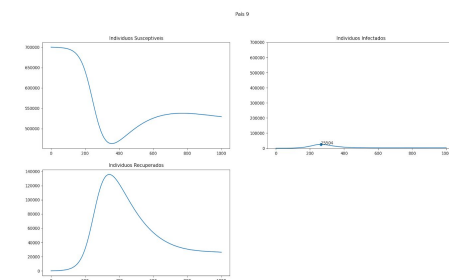
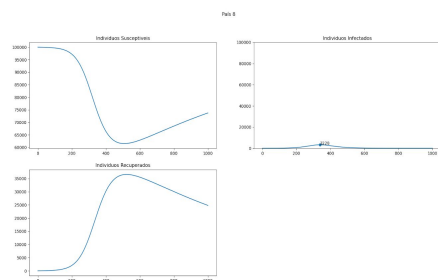
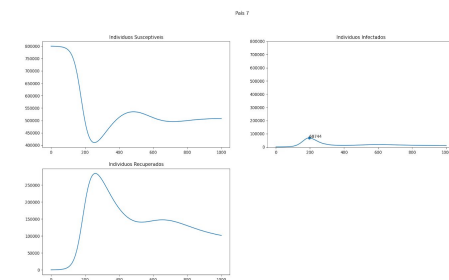
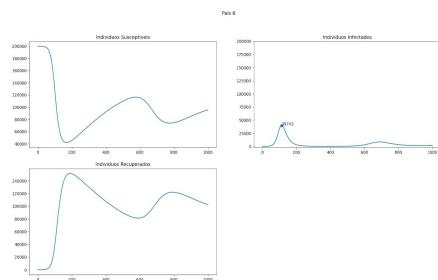
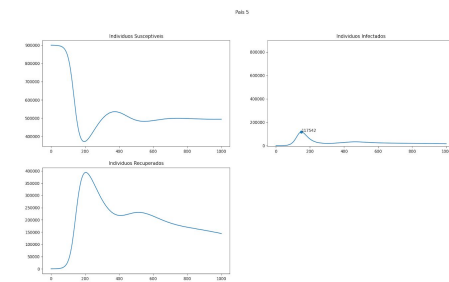
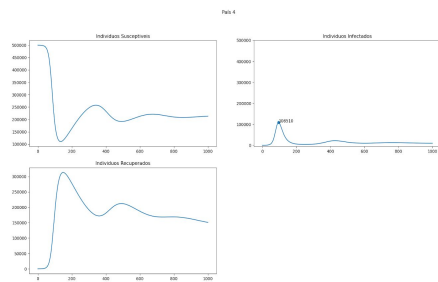
Nessa simulação temos o início da doença nos países (0, 7, 8, 6) mais afastados que possuem apenas uma ligação com os outros países, assim a doença demora um pouco a se espalhar já que ela contamina primeiro a população dos países de origem e vizinhos e mais a frente se espalha para os outros países.

- Simulação 03 - Todos os países começam com 0,01% da população total infectada e possuem uma taxa de infecção menor.

Taxas de infecção de cada país
$r0 = 0.0000009$
$r1 = 0.0000002$
$r2 = 0.0000009$
$r3 = 0.0000006$
$r4 = 0.00000035$
$r5 = 0.00000015$
$r6 = 0.00000075$
$r7 = 0.00000015$
$r8 = 0.0000009$
$r9 = 0.00000017$



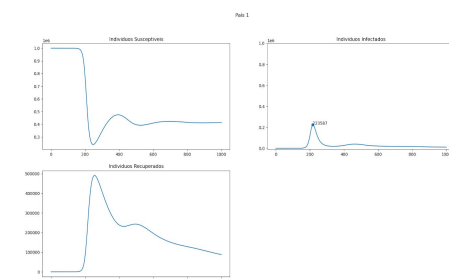
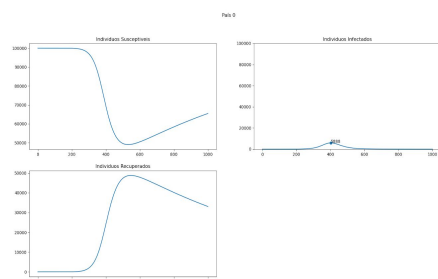


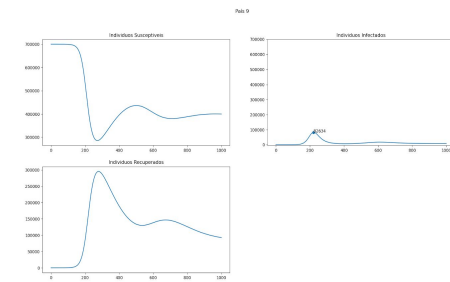
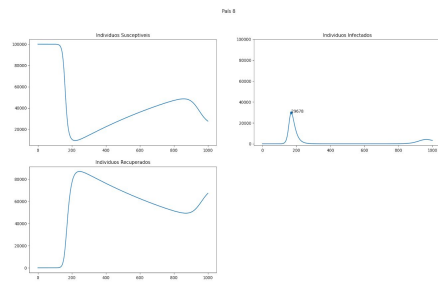
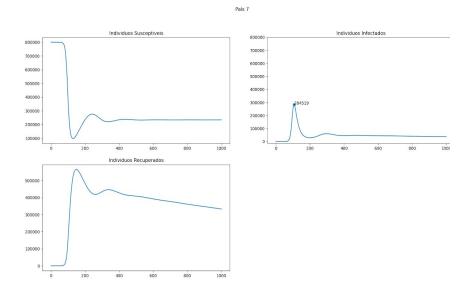
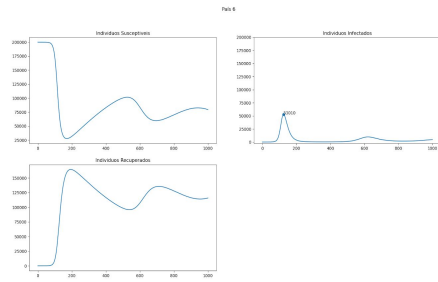
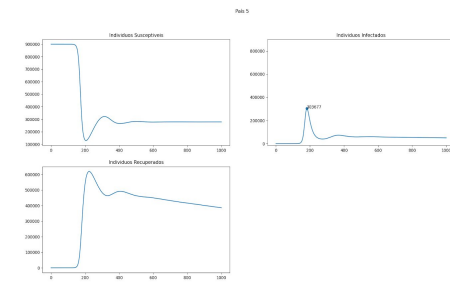
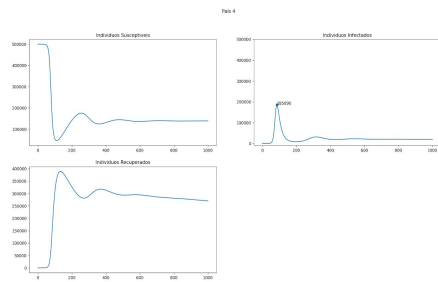
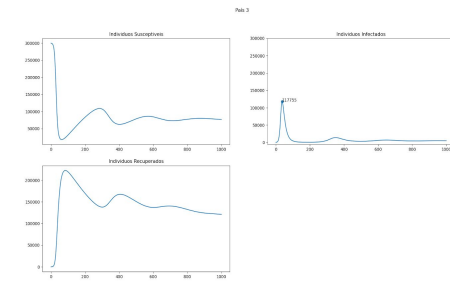
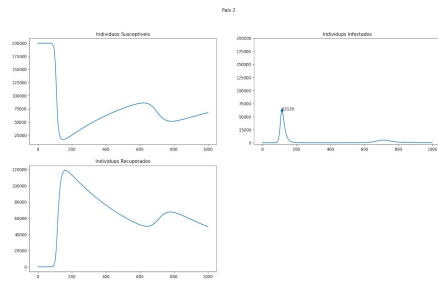


Esta simulação leva em consideração que existe uma pequena quantidade de infectados em todos os países e por esse motivo, há um aumento do isolamento social e com isso o pico de indivíduos com o vírus é menor e a curva achatada.

## Modelo estocástico

- Simulação 04 - Epidemia começa no país 3 (mais conexões) com 0,1% da população total infectada.





Para o modelo estocástico, temos a presença dos parâmetros  $p$ , que são a probabilidade das pessoas infectadas viajarem para outros países. Pode-se notar uma diferença na população dos infectados em relação ao modelo determinístico, isso pois nem todas as pessoas migram de uma região para outra.