



Universidade Federal de Minas Gerais  
Instituto de Ciências Exatas  
Departamento de Estatística

## Projeto de monografia

**Título:** Modelo epidemiológico com compartimentos SEIQHRF em redes: implementação e inferência via MCMC

**Aluno:** Luís Fernando Israel Assunção

**Orientador:** Adrian Pablo Hinojosa Luna

### 1. Introdução

O avanço de epidemias em populações fechadas é um problema que pode ser modelado como um processo Markoviano temporal com um número finito de estados, também chamados de compartimentos (Kendall 1956). As estimativas fornecidas por esses modelos sob o efeito de diferentes intervenções informam a construção de políticas públicas eficientes no combate às doenças estudadas.

No último ano, muitos modelos foram propostos para estimar a propagação e os impactos da COVID-19 (Coronavirus Disease 2019). Uma das propostas para capturar os efeitos sociais e estruturais da pandemia é utilizar o conjunto de estados SEIQHRF (Susceptible-Exposed-Quarantined-Hospitalized-Recovered-Fatality) (Churches 2020).

Na UFMG, o projeto *COVID-19: proposta de um modelo epidemiológico que incorpora estruturas sociais de contágio* tem mapeado o grafo de relações pessoais do Aglomerado da Serra em Belo Horizonte, com o objetivo de modelar a progressão da COVID-19 em contextos de aglomerações urbanas. Esse projeto motivou a implementação de modelos de redes utilizando os estados SEIQHRF nesta monografia.

### 2. Metodologia

#### 2.1 Estados, infecções e progressões

Diferentes doenças e intervenções estão associadas a conjuntos de estados distintos. Um conjunto de estados muito utilizado na literatura é o SIR (Susceptible-Infected-Recovered) (Keeling and Rohani 2008), onde:

- *Susceptible*: suscetível à infecção;
- *Infected*: infectado e sintomático. Pode infectar suscetível;
- *Recovered*: recuperado.

O SEIQHRF introduz quatro estados SIR:

- *Exposed*: infectado e assintomático. Pode infectar o suscetível;
- *Quarantined*: infectado e sintomático. Pode infectar o suscetível, com menor probabilidade de encontro que os demais estados infectados;
- *Hospitalized*: infectado e sintomático. Não encontra suscetíveis e tem maior probabilidade de morte;
- *Fatality*: morte.

A Figura 1 ilustra os caminhos de infecção e progressão do SEIQHRF.

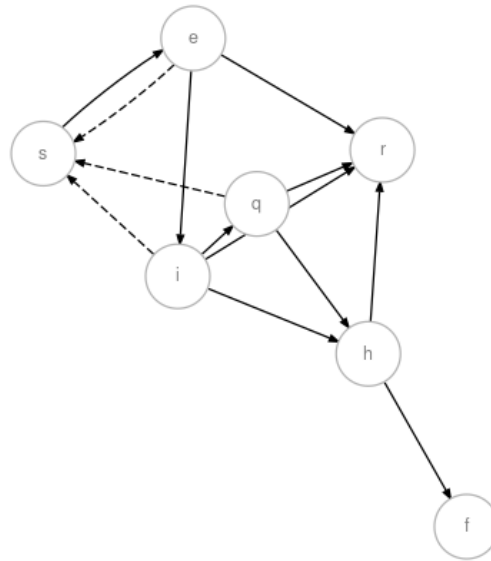


Figura 1 – Infecções (linhas pontilhadas) e progressões (linhas sólidas) dos compartimentos SEIQHRF.

## 2.2 Tipos de modelos

Existem três tipos de modelos que descrevem o processo de fluxo entre compartimentos (Jenness, Goodreau, and Morris 2018):

1. **Deterministic Contact Models (DCM)**: modelos determinísticos a nível de estado, nos quais equações diferenciais descrevem o fluxo entre compartimentos. Essa classe de modelos possui soluções analíticas. Contudo, esses modelos são macroscópicos e, portanto, não descrevem subpopulações (faixas etárias, por exemplo), nem estruturas sociais;
2. **Individual Contact Models (ICM)**: modelos estocásticos a nível de indivíduo. Não há soluções analíticas para essa classe de modelos, que são ajustados por meio de algoritmos de Markov Chain Monte Carlo (Andersson and Britton 2000). Cada indivíduo é inicializado em um estado, e a progressão entre estados depende das probabilidades de contato e infecção entre pares de indivíduos. Esses modelos podem descrever subpopulações, mas não descrevem estruturas sociais complexas;
3. **Network Models**: modelos estocásticos a nível de indivíduo. Essa classe de modelos é similar à classe ICM. Contudo, os indivíduos são representados como vértices de um grafo, e o contato é restrito a pares de vértices conectados por arestas. Nesse sentido, são modelos mais adequados para condicionar a progressão das infecções a estruturas sociais.

Até a data da proposição desta monografia, existem apenas implementações de ICM com os estados SEIQHRF. O foco da monografia será implementar e estudar network models com os compartimentos em questão.

## 2.3 Modelos exponenciais de grafos aleatórios

Formalmente, um grafo aleatório  $Y \in \mathcal{Y}$  consiste em um conjunto de  $n$  vértices e  $m$  arestas  $\{Y_{ij} : i = 1, \dots, n; j = 1, \dots, n\}$ , no qual  $Y_{ij} = 1$  se os vértices  $(i, j)$  são conectados e  $Y_{ij} = 0$  caso contrário.

Exponential random graph models (ERGM) são um modelos da família exponencial que descrevem grafos aleatórios. Um ERGM é definido como:

$$P(Y = y|\theta) = \frac{\exp(\theta^T s(y))}{c(\theta)}, \quad \forall y \in \mathcal{Y}$$

onde  $\theta$  é um vetor de parâmetros,  $s(y)$  é um vetor de estatísticas suficientes e  $c(\theta)$  é uma constante normalizadora. As estatísticas suficientes podem ser funções da rede, ou atributos dos vértices.

ERGMs são adequados para a modelagem de redes sociais (*Exponential Random Graph Models for Social Networks: Theory, Methods, and Applications* 2012).

## 3. Objetivos

O objetivo principal deste trabalho é implementar o conjunto de estados em um network model, utilizando a linguagem de programação R (R Core Team 2021) e os pacotes `ergm` (Handcock et al. 2020) para a simulação de grafos e `EpiModel` (Jenness, Goodreau, and Morris 2018) para o ajuste dos modelos via MCMC.

O objetivo secundário é realizar simulações com dados sintéticos para validar as inferências e a robustez do modelo, usando ERGMs com e sem subpopulações de faixa etária. Além disso, há um terceiro objetivo, de rodar o modelo utilizando os dados coletados no Aglomerado da Serra. Contudo, a factibilidade desse terceiro objetivo depende do andamento do projeto em questão.

## Referências

- Andersson, Håkan, and Tom Britton. 2000. “Stochastic Epidemic Models and Their Statistical Analysis, Volume 151 of Lecture Notes in Statistics.” In *Lecture Notes in Statistics*. Vol. 151. <https://doi.org/10.1007/978-1-4612-1158-7>.
- Churches, Tim. 2020. “Tim Churches Health Data Science Blog: Modelling the Effects of Public Health Interventions on COVID-19 Transmission Using r - Part 2.” <https://timchurches.github.io/blog/posts/2020-03-18-modelling-the-effects-of-public-health-interventions-on-covid-19-transmission-part-2/>.
- Exponential Random Graph Models for Social Networks: Theory, Methods, and Applications*. 2012. Structural Analysis in the Social Sciences. Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511894701>.
- Handcock, Mark S., David R. Hunter, Carter T. Butts, Steven M. Goodreau, Pavel N. Krivitsky, and Martina Morris. 2020. *Ergm: Fit, Simulate and Diagnose Exponential-Family Models for Networks*. The Statnet Project (<https://statnet.org>). <https://CRAN.R-project.org/package=ergm>.
- Jenness, Samuel M., Steven M. Goodreau, and Martina Morris. 2018. “EpiModel: An r Package for Mathematical Modeling of Infectious Disease over Networks.” *Journal of Statistical Software, Articles* 84 (8): 1–47. <https://doi.org/10.18637/jss.v084.i08>.
- Keeling, Matt J., and Pejman Rohani. 2008. *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton University Press. <http://www.jstor.org/stable/j.ctvcn4gk0>.

- Kendall, David G. 1956. “DETERMINISTIC AND STOCHASTIC EPIDEMICS IN CLOSED POPULATIONS.” In *Volume 4 Contributions to Biology and Problems of Health*, edited by Jerzy Neymann, 149–66. University of California Press. <https://doi.org/doi:10.1525/9780520350717-011>.
- R Core Team. 2021. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing. <https://www.R-project.org/>.

Belo Horizonte, 25 de maio de 2021



---

Luís Fernando Israel Assunção

---

Adrian Pablo Hinojosa Luna