

# Sistema de predição de direção e intensidade de propagação da infecção do Corona vírus numa escala urbana em tempo real - PrEpidemia

## Esforço colaborativa da

- Universidade de Brasília
  - Instituto de Geociências
  - Faculdade de Tecnologia
  - Faculdade UnB Planaltina
  - Faculdade UnB Gama
- Rede GigaCandango
- Geografia das coisas

## Sumário

Sumário .....	1
Apresentação .....	2
O SIG PrEpidemia da UNB .....	3
Módulos SIG .....	4
Modulo 1 - Vulnerabilidade .....	4
Módulo 2 - Acompanhamento .....	4
Módulo 3 - Ocorrência .....	4
Módulo 4 - Registro .....	4
Modelagem e simulação .....	5
Modelo de epidemia .....	5
Modelagem DCM .....	8
DCM Base-line espaciotemporal .....	8
DCM temporal com mitigação .....	12
Resultados da modelagem DCM .....	14
Modelo Baseado em Agentes .....	15
Modelo populacional .....	15
Modelo populacional e interface com mapa de vulnerabilidades .....	17
Modelo populacional e interface com área externa .....	19
Software de Modelagem ABM .....	19
Interface ente modelagem e simulação e GIS .....	19
Isolamento horizontal ou vertical .....	20
Implementação em plataforma colaborativa .....	20
Referencias .....	22

## **Apresentação**

Nestes dias de confinamento social a academia tem pensado em algumas ações para ajudar nesta batalha contra o corona vírus. A grande desvantagem dessa batalha contra o vírus é que não sabemos onde está o inimigo. Ele pode vir de qualquer lado, pois não sabemos onde estão os focos de infecção e para onde ele está se deslocando.

Se tivéssemos meios de prever como seria a penetração espacial da contaminação em tempo real, ganharia tempo para organizar melhor a nossa defesa.

Assim poderia se alocar recursos de prevenção e mitigação de forma mais acertada, em vez de, como agora, apontar para todos os lados.

A proposta deste esforço é desenvolver um Sistema de Informação Geográficos que possa, em tempo real, ser alimentado com dados de focos de infecção e a partir de modelos matemáticos prever as possíveis direções e intensidade de espalhamento da contaminação, além de mostrar as áreas mais vulnerável nas cidades e municípios a partir de dados populacionais, socioeconômicos, saneamento básico, serviços públicos de saúde e outros dados relevantes.

Com os atuais recursos computacionais e disponibilidade de base de dados espaciais pode-se implementar este sistema a nível de escala de cidades e bairros. Seria um sistema de predição em tempo real baseado no SIG para dizer para onde a contaminação está se alocando e com qual intensidade a partir dos dados dos infectados, dados da população por setor censitário, vetores de disseminação, além de mais variáveis imponderáveis.

É um esforço de um grupo interdisciplinar de geógrafos, engenheiros, programadores, matemáticos e biólogos num esforço colaborativa de montar essa ferramenta na Universidade de Brasília, para ajudar as autoridades de saúde nessa guerra às cegas.

## O SIG PrEpidemia da UNB

O Sistema de Informações Geográficas PrEpidemia da UNB será composto por quatro módulos funcionais. Cada módulo funcional será desenvolvido por um grupo com afinidade e expertise na área específica.

### Módulo 1 - Vulnerabilidade

Módulo que mostra mapas de vulnerabilidade da população a nível de setor censitários - Este módulo é alimentado com dados censitários do IBGE e a partir de dados populacionais, socioeconômicos, saneamento básico, serviços públicos de saúde e outros dados relevantes, mostra a susceptibilidade da população.

- Alimentado pelo grupo a partir de dados secundários
- Acesso aberto

### Módulo 2 - Acompanhamento

Módulo de acompanhamento dos casos infectados a nível municipal que mostra a quantidade de pessoas infectados e a sua localização e outros dados como data da sua provável infecção, estado clínico, onde e em que trabalha. Este módulo tem como objetivo disponibilizar uma ferramenta de tomada de decisão para os gestores.

- Alimentado a partir de dados oficiais do serviço de saúde
- Acesso limitado a gestores

### Módulo 3 - Ocorrência

Módulo de mapas de ocorrência de covid-19 construídos a partir de dados oficiais, onde estes dados são relativizados a população estadual, municipal ou distrital, para assim ter dados normalizados para cada nível.

- Alimentado a partir de dados oficiais do serviço de saúde
- Acesso aberto

### Módulo 4 - Registro da comunidade

Módulo de acompanhamento em tempo real de ocorrências e suspeitos de infecção, pessoas em isolamento social ou quarentena, agrupados por setor censitários ou outra unidade de território no município que possa acompanhar a dinâmica da epidemia, a partir da percepção do usuário.

- Alimentado a partir de aplicativo ou página na internet onde a população alimenta a dado georeferenciada.
- Acesso aberto

### Módulo 5 - Modelagem e simulação

Módulo de modelagem e simulação que elabore projeções da dinâmica da epidemia a partir de informações georeferenciadas do Módulo 1 e 2 e por meio de modelos matemáticos. Este módulo pode prever a direção e intensidade da epidemia para assim municiar os gestores públicos a tomarem medidas de prevenção, mitigação e isolamento social.

- Alimentado a partir dos módulos 1 e 2 e modelos matemáticos
- Acesso aberto

No caso específico do Módulo 5, os professores e pesquisadores da FGA tem a expertise de engenharia, programação e software para liderar a elaboração deste modelo matemático e sua implantação no sistema.

## **Módulos SIG**

**Modulo 1 - Vulnerabilidade**

**Módulo 2 - Acompanhamento**

**Módulo 3 - Ocorrência**

**Módulo 4 - Registro**

## Modelagem e simulação

Equipe

Professores - FGA

Fábio Macedo Mendes - Engenharias

Manuel Nascimento Dias Barcelos Júnior - Engenharia Aeroespacial

Renato Coral Sampaio - Engenharia de Software

Rudi Henri van Els - Engenharia de Energia

Sergio Henrique da Silva Carneiro - Engenharia Aeroespacial

Bolsistas

Augusto Arcela – Mestre em ecologia, bolsista do projeto

A proposta do módulo 5 de modelagem e simulação do sistema de predição se iniciou tomando como referência uma ferramenta em SIG para o planejamento de serviços de eletrificação rural e distribuição de energia elétrica "*Open Source Spatial Electrification Tool OnSETT*"<sup>1</sup> e uma pesquisa de doutorado de sobre modelagem e simulação espacial de epidemias com SIG de Joana Simões [1].<sup>2</sup>

A pesquisa de Simões apresenta uma ferramenta de simulação de propagação tendo como estudo de caso Portugal e trabalha a nível de "Conselhos" que deve ser equivalente a municípios no Brasil.

Depois de uma revisão da bibliografia encontrei um trabalho originalmente desenvolvido em Espanha e depois replicada em Portugal e Brasil, denominado "Mapa de risco de propagação do COVID-19 por contágio comunitário no Brasil"<sup>3</sup>. Este último trabalho apresenta o mapa de risco numa escala de municípios [2].

A nossa proposta é trabalhar na escala dentro do município, nas cidades a nível de bairro, com a predição de propagação, para assim orientar as ações de combate e mitigação a nível operacional no município. Ou seja, a base de dados populacionais, socioeconômicos, sanitários etc., para alimentar o módulo de vulnerabilidade e a sua apresentação no SIG terão como delimitação territorial os setores censitários.

### Modelo de epidemia

A partir de uma pequena revisão sobre modelos epidemiológicos na literatura conseguiu-se identificar três maiores tendências.

1. Modelos determinísticos comportamentais DCM que são baseados em sistemas de equações diferenciais da movimentação da população em estados discretos, incluindo entrada e saída da população em taxas específicas. Uma que a estrutura do modelo e os parâmetros são especificados não há variação na saída do modelo.

2. Modelo estocásticos de contato individual, também conhecido como "*Individual or Agent Based-Models (ABM)*", que representa unidades individuais numa população e os contatos entre eles como eventos únicos e discretos.

---

<sup>1</sup> <http://www.onsset.org>

<sup>2</sup> [http://www.casa.ucl.ac.uk/JoanaMargarida/thesis\\_post\\_viva.pdf](http://www.casa.ucl.ac.uk/JoanaMargarida/thesis_post_viva.pdf)

<sup>3</sup> <https://covid-19-risk.github.io/map/brazil/pt/>

3. Modelo de rede são também modelos estocásticos e representa unidades individuais, mas diferente de ABM, providenciam uma plataforma geral e flexível para representar interações interpessoais no tempo. [3]

Quanto a implementação destes modelos também há várias opções. Segue um levantamento nos repositórios de software *opensource* com alguns pacotes em Python e R que podem ser usados como ponto de partido.

	Pacote computacional	Modelo
1	<b>Agent-based implementation of a simple spatial epidemics model</b> Model of the logistic growth (Verhulst) of a disease. Because of the limited and constant number of agents with two possible conditions, it is equivalent to the Bass (innovation) diffusion model (susceptibles as possible "adopters" of an infect). At time step 0, one agent is infected. At time step 1 the neighbouring agents of the infectious one within a certain critical distance are infected too and so on. Although their Boolean agents-like two possible states (susceptible and infected), due to the agents random spatial mobility (Brownian motion), they are in fact Brownian agents. <a href="https://github.com/Staphylosaurus/simple-agent-based-spatial-epidemics-model">https://github.com/Staphylosaurus/simple-agent-based-spatial-epidemics-model</a>	ABM
2	<b>Mesa: Agent-based modeling in Python 3+</b> <a href="#">Mesa</a> is an Apache2 licensed agent-based modeling (or ABM) framework in Python. It allows users to quickly create agent-based models using built-in core components (such as spatial grids and agent schedulers) or customized implementations; visualize them using a browser-based interface; and analyze their results using Python's data analysis tools. Its goal is to be the Python 3-based counterpart to NetLogo, Repast, or MASON. <a href="https://mesa.readthedocs.io/en/master/index.html">https://mesa.readthedocs.io/en/master/index.html</a>	ABM
3	<b>Mesa-geo - a GIS extension to Mesa Agent-Based Modeling</b> mesa-geo implements a GeoSpace that can host GIS-based GeoAgents, which are like normal Agents, except they have a shape attribute that is a <a href="#">Shapely object</a> . You can use Shapely directly to create arbitrary shapes, but in most cases you will want to import your shapes from a file. Mesa-geo allows you to create GeoAgents from any vector data file (e.g. shapefiles), valid GeoJSON objects or a GeoPandas GeoDataFrame. <a href="https://github.com/Corvince/mesa-geo">https://github.com/Corvince/mesa-geo</a>	ABM
4	GAMA is a modeling and simulation development environment for building spatially explicit agent-based simulations. Multiple application domains: Use GAMA for whatever application domain you want. High-level and Intuitive Agent-based language: Write your models easily using GAML, a high-level and intuitive agent-based language. GIS and Data-Driven models: Instantiate agents from any dataset, including GIS data, and execute large-scale simulations (up to millions of agents).	ABM DCM

	Declarative user interface: Declare interfaces supporting deep inspections on agents, user-controlled action panels, multi-layer 2D/3D displays & agent aspects.[4] <a href="https://gama-platform.github.io/wiki/Home">https://gama-platform.github.io/wiki/Home</a>	
5	<p>COVID-19 Scenarios</p> <p>This tool is based on an SIR model (see about page for details) that simulates a COVID19 outbreak. The population is initially mostly susceptible (other than for initial cases). Individuals that recover from COVID19 are subsequently immune. Currently, the parameters of the model are <i>not</i> fit to data but are simply defaults. These might fit better for some localities than others. In particular the initial cases counts are often only rough estimates.</p> <p>The primary purpose of the tool is to explore the dynamics of COVID19 cases and the associated strain on the health care system in the near future. The outbreak is influenced by infection control measures such as school closures, lock-down etc. The effect of such measures can be included in the simulation by adjusting the mitigation parameters. Analogously, you can explore the effect of isolation on specific age groups in the column "Isolated" in the table on severity assumptions and age specific isolation.</p> <p><a href="https://github.com/neherlab/covid19_scenarios">https://github.com/neherlab/covid19_scenarios</a></p>	DCM

Cada estratégia de modelagem tem suas vantagens e desvantagens. Nada impede que fizemos mais de uma modelagem até para comparar os resultados. Afinal, a proposta é usar estes modelos para subsidiar tomada de decisão e neste caso sempre é bom avaliar diferentes cenários.

Neste trabalho vamos usar as duas modelagens DCM e ABM. Para as análises a nível de estado, município e região administrativas vamos usar a modelagem determinístico comportamental (DCM), e para as análises a nível de cidade e bairros vamos usar o modelo baseado em agentes (ABM)

## Modelagem DCM

### DCM Base-line espaciotemporal

A primeira modelagem vai ser para avaliar como seria a evolução do COVID-19 na RIDE sem medidas de restrição ou isolamento. Este estudo, que chamaremos de *base-line* determinístico, mostrará como seria a evolução em cada região administrativa (RA) e município do entorno. Como dados de entrada temos os shapes dos RA e municípios com sua respectiva população. A proposta dessa simulação é avaliar onde o impacto será maior nos diferentes RA e municípios da RIDE.

Pretende-se usar para essa simulação o ambiente Gama, que permite ter como entrada shapes e visualizará a evolução por região. Será usado um modelo já implementado no ambiente Gama que foi inicialmente desenvolvido para Vietnam<sup>4</sup> que usa uma adaptação do modelo de estado de indivíduos *Susceptible*, *Exposed*, *Infectious* e *Recovered* (SEIR). Neste caso o estado Infectiosa podem ter 3 estágios. O primeiro estado é assintomático (A), o segundo é sintomático (U) que pode ter duas taxas de infecção ou transmissão. Sintomático com taxa de transmissão assintomática ( $U_a$ ) ou Sintomático com taxa de transmissão sintomática ( $U_s$ ). Além disso o modelo apresenta os indivíduos falecidos (D) e recuperados (R).

O modelo completo é:

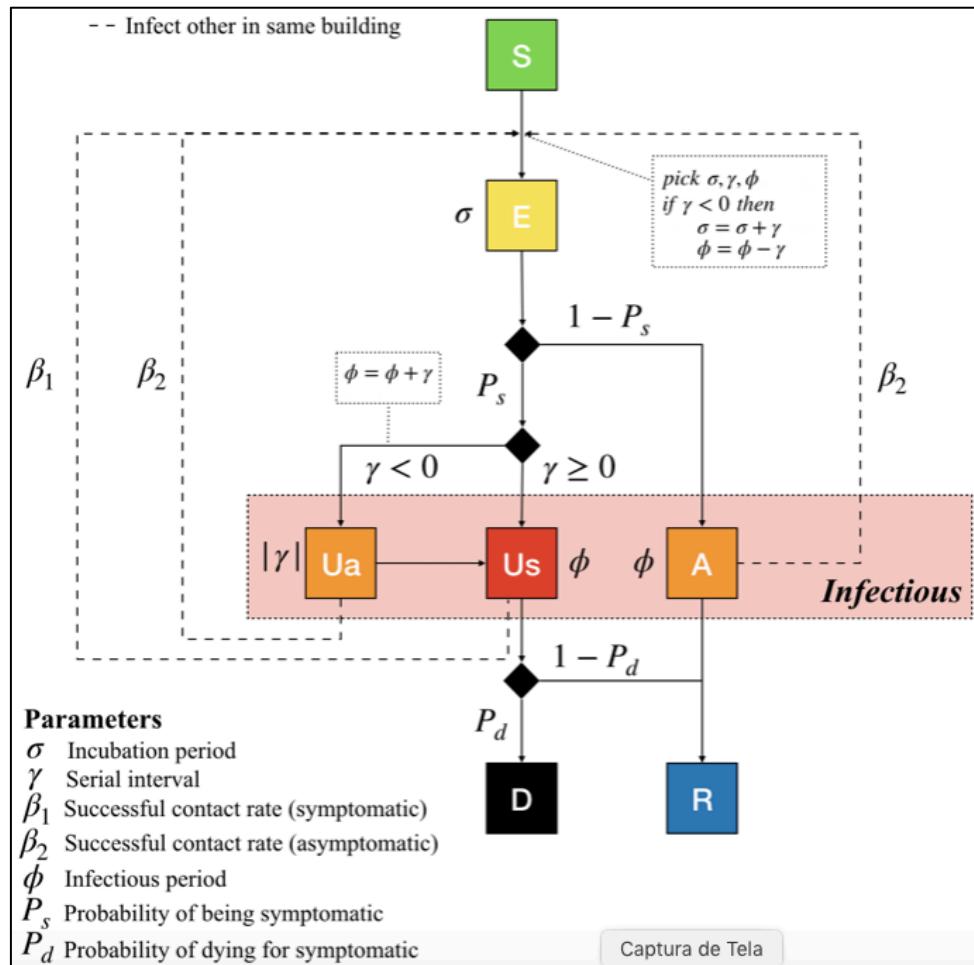


Figure 1 - Modelo Covid19-Scenarios

<sup>4</sup> <https://gama-platform.github.io/covid19#the-epidemiological-model>

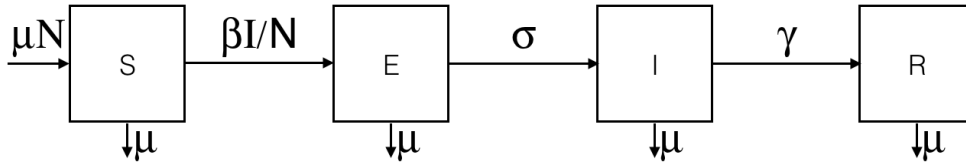


## Implementação do modelo no Gama

O modelo SEIR, baseado em equações diferenciais ordinárias, está acoplado à própria linguagem e pode ser determinada pela linha:

```
equation eqSEIR type: SEIR vars: [S,E,I,R,t] params: [N,beta,gamma,sigma,mu] ;
```

As variáveis correspondem aos compartimentos, e os parâmetros às taxas de evolução da epidemia.



O que é equivalente à:

```
equation eqSEIR {  
  diff(S,t) = mu * N - beta * S * I / N - mu * S ;  
  diff(E,t) = beta * S * I / N - mu * E - sigma * E ;  
  diff(I,t) = sigma * E - mu * I - gamma * I ;  
  diff(R,t) = gamma * I - mu * R ;  
}
```

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \mu N - \frac{\beta IS}{N} - \mu S \\ \frac{dE}{dt} = \frac{\beta IS}{N} - \sigma E - \mu E \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \end{array} \right.$$

Aonde:

N = Número populacional total

S = Número de pessoas suscetíveis (sem anticorpos, portanto sem resistência)

E = Número de pessoas expostas ao vírus, mas que ainda não apresentam sintomas

I = Número de pessoas infectadas e doentes

R = Número de pessoas que criaram resistência após infecção

$\beta$  = Beta = Taxa de infecção (probabilidade de um contato entre uma pessoa infectada e outra suscetível de haver contaminação)

$\sigma$  = Sigma = Taxa latente (1 / período de incubação do vírus)

$\gamma$  = Gamma = Taxa de recuperação (1 / período infeccioso)

$\mu$  = Mu = Taxa de letalidade. Assume que a letalidade de todos os compartimentos é igual

$R_0$  = Quantidade de pessoas que serão infectadas a partir de um infectado

$Beta = R_0 / (N * \gamma^{-1})$  ou  $R_0 = Beta * N * \text{período infeccioso}$

A integral da equação se dá pelo comando `solve`, o qual possui diferentes métodos. Ele é instanciado através de uma habilidade do agente (`reflex`). A cada passo, um passo da integral é executado, com comprimento definido pelo `step_size`. As variáveis são atualizadas utilizando o sistema de equação instanciado anteriormente. O método escolhido por padrão é o Range-Kutta 4, o qual sugerem ser uma boa escolha em termos de acurácia.

```
reflex solving {  
  solve eqSEIR method: "rk4" step_size: h;  
}
```

Quanto maior o passo de integração (float entre 0 e 1), mais rápida será, porém menos acurada. Por padrão, o passo é 1, o que significa que a cada passo da simulação (nesse caso  $t$ ), a integral da equação é feita sobre 1 unidade de tempo definida.

### Modelo de transmissão entre regiões

Neste modelo a transmissão de uma região é feito de forma aleatória baseado na proximidade entre as regiões (regiões vizinhas) e a quantidade de pessoas *Exposed* e *Susceptible*. Vamos chamar este ação de transmissão entre vizinhos. A [explicação do modelo de transmissão](#).

[Os agentes do modelo EBM SEIR são os municípios, criados a partir do shapefile \(no caso da RIDE\). A transmissão é considerada como uma habilidade do agente município e pode ser propagado aos vizinhos \(neighbours\), considerados os municípios que fazem fronteira entre si.](#)

```
init {  
  create Municipio from: municipios_shp_file with: [h::0.1, N::500, I::1.0]; //cria os  
  agentes da simulação a partir dos municípios dados pelo arquivo shapefile. Determina o  
  número populacional, de infectados e o tamanho do passo da simulação (não sei em que  
  unidade)  
  ask Municipio {  
    neighbours <- Municipio where (each touches self); //determina que os  
    vizinhos são os municípios fronteiriços  
  }  
}
```

Os municípios candidatos à propagação do vírus são os vizinhos daqueles que apresentam infecções, ou seja são os que compartilham os limites geográficos com os municípios afetados. O trecho do código que faça isso é mostrado a seguir.

```

60 reflex transmission {
61   Province candi <- any(neighbours);
62   if (candi != nil) {
63     int r <- rnd(2);
64     switch r {
65       match 0 {
66         if (N > 1) and (S > 1) {
67           N <- N - 1;
68           candi.N <- candi.N + 1;
69           S <- S - 1;
70           candi.S <- candi.S + 1;
71         }
72       }
73       match 1 {
74         if (N > 1) and (E > 1) {
75           N <- N - 1;
76           candi.N <- candi.N + 1;
77           E <- E - 1;
78           candi.E <- candi.E + 1;
79         }
80       }
81     }
82   }
83 }

```

Box - 1 Código transmissão áreas vizinhos

#### Comentário do trecho de código

60	reflex transmission {
61	Município candi <- any(neighbours); //candidato é qualquer vizinho
62	if (candi != nil) { //se o vizinho não for desconhecido
	int r <- rnd(2); //gera um número inteiro aleatório de 0 a 2
	switch r { //construção ifelse
	match 0 { //se r = 0 então não haverá propagação:
	if (N > 1) and (S > 1) { //se o tamanho populacional e a população suscetível do município de origem for maior que 1
	N <- N - 1; // transfere 1 pessoa do número populacional total do município de origem
	candi.N <- candi.N + 1; // e a adiciona na população do município candidato
	S <- S - 1; // transfere 1 pessoa do número populacional suscetível do município de origem
	candi.S <- candi.S + 1; // adiciona esta pessoa na população suscetível do município candidato
	match 1 { // se r = 1 então haverá propagação:
	if (N > 1) and (E > 1) { //se o tamanho populacional e a população exposta do município de origem for maior que 1
	N <- N - 1; // transfere 1 pessoa do número populacional total do município de origem
	candi.N <- candi.N + 1; // e a adiciona na população do município candidato
77	E <- E - 1; // transfere 1 pessoa do número populacional exposta do município de origem
78	candi.E <- candi.E + 1; // adiciona esta pessoa na população exposta do município candidato

Suspeito que ao não se colocar match 2 é como se não houvesse havido viagem intermunicipal nesse passo.

#### Adaptação do modelo de transmissão entre municípios para o RIDE

O resultado dessa modelagem será uma avaliação da evolução do processo para a RIDE como um todo, e a evolução de cada região administrativa ou município de forma individual. O código original no ambiente Gama terá que ser incrementado para apresentar a avaliação individual nas áreas.

## DCM temporal com mitigação

Uma segunda modelagem determinística terá como objetivo avaliar a evolução em toda RIDE em função de estratégias de isolamento. A proposta é avaliar como será a evolução da situação em função de parâmetros de mitigação como por exemplo, fechamento de escolas, lock-down parcial e total. Também pode ser avaliada a situação de um grupo específico de idade.

A implementação destas simulações será realizada pelo software *COVID-19 Scenarios*,<sup>5</sup> que será ajustado para a região do RIDE com modelo determinístico especificamente desenvolvido para COVID-19.

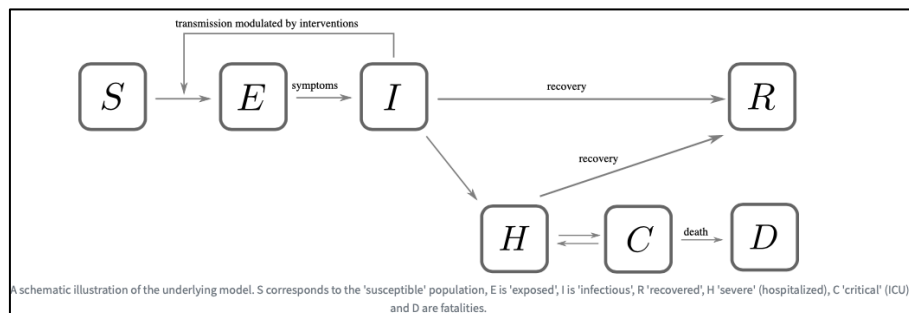


Figure 2 - Modelo determinístico COVID-19

O modelo é alimentado com parâmetros populacionais e epidemiológicos. É necessária fazer a estratificação da população da RIDE em faixas etárias e estimar a capacidade de internação para avaliar a sobrecarga do sistema de saúde. Os parâmetros que alimentam o modelo são:

Populacional	Epidemiológica
Tamanho da População	Média anual $R_0$
Distribuição de idade	Latência [dias]
Casos suspeitos iniciais	Período infeccioso [dias]
Importações por dia	Variação sazonal
Leitos hospitalares (est.)	Pico sazonal
UTI/Unidades Semi-Intensivas (est.)	Internação hospitalar [dias]
Casos confirmados	Permanência na UTI [dias]
Intervalo de tempo de simulação	Gravidade do excedente de UTI

O modelo permite avaliar 4 níveis de atenuação (sem, fraca, moderada e forte) e as equações que descrevem o modelo são:

<sup>5</sup> <https://neherlab.org/covid19/>

$$\begin{aligned}
\frac{dS_a(t)}{dt} &= -N^{-1}\beta_a(t)S_a(t)\sum_b I_b(t) \\
\frac{dE_a(t)}{dt} &= N^{-1}\beta_a(t)S_a(t)\sum_b I_b(t) - E_a(t)/t_l \\
\frac{dI_a(t)}{dt} &= E_a(t)/t_l - I_a(t)/t_i \\
\frac{dH_a(t)}{dt} &= (1 - m_a)I_a(t)/t_i + (1 - f_a)C_a(t)/t_c - H_a(t)/t_h \\
\frac{dC_a(t)}{dt} &= c_a H_a(t)/t_h - C_a(t)/t_c \\
\frac{dR_a(t)}{dt} &= m_a I_a(t)/t_i + (1 - c_a)H_a(t)/t_h \\
\frac{dD_a(t)}{dt} &= f_a C_a(t)/t_c
\end{aligned}$$

onde

- Susceptible individuals [ $S$ ] are exposed to the virus by contact with an infected individual.
- Exposed individuals [ $E$ ] progress towards a symptomatic state on average time  $t_l$
- Infected individuals [ $I$ ] infect an average of  $R_0$  secondary infections. On a time-scale of  $t_i$ , infected individuals either recover or progress towards hospitalization.
- Hospitalized individuals [ $H$ ] either recover or worsen towards a critical state on a time-scale of  $t_h$ .
- Critical individuals [ $C$ ] model ICU usage. They either return to the hospital state or die [ $D$ ] on a time-scale of  $t_c$
- Recovered individuals [ $R$ ] can not be infected again.

Este modelo permite também avaliar a capacidade de suporte do sistema de saúde com quantidade de leitos hospitalares e Unidades de terapia intensiva.

Tabela comparativa dos dois modelos DCM

	DCM base-line espaciotemporal	DCM com mitigação
Software	Gama	Covid-19 Scenarios
SEIR	x	x
Abrangência	Várias áreas	Uma área
Mitigação	Não	Sim
Tipo	Espaciotemporal	Temporal
Avaliação da capacidade de suporte sistema de saúde	Não	Sim
Produto para o SIG	Sequência de shapes com evolução espacial	não
Cenários	diversos gráficos e tabelas com evolução temporal	diversos gráficos e tabelas com evolução temporal
Parâmetros do modelo - Ro	?	?
Parâmetros do modelo - ....	?	?
.....	?	?
	?	?

## **Resultados da modelagem DCM**

Os primeiros resultados.

## Modelo Baseado em Agentes

A modelagem baseada em agentes é uma modelagem estocástica onde os indivíduos ou grupo de indivíduos são os agentes do sistema. O sistema é montado a partir de um modelo populacional e as ações que podem ser executados pelos agentes em um ou vários ambientes.

O modelo baseado em agentes do "*Object-oriented Platform for People in Infectious Epidemics (OPPIE)*" do *Los Alamos National Laboratory* dos Estados Unidos da América (Um dos principais centros de modelagem e simulação de desastres e epidemias usa as seguintes categorias no seu modelo:

*Each individual has a schedule of activities based on the National Household Transportation Survey. A schedule specifies the type of activity, the starting and ending time, and the location of each assigned activity. There are six types of activities: home, work, shopping, social recreation, school, and other.*  
[6]

O esforço computacional para fazer essa modelagem deve ser enorme, mas os pesquisadores dos Los Alamos têm supercomputadores a sua disposição. No nosso caso, como não temos acesso a supercomputadores, propõe-se a criação de no máximo três espaços virtuais. Estes espaços podem ser por exemplo, escola, trabalho e comercio e rodar o modelo em áreas densamente povoados no RIDE como por exemplo as zonas urbanas das regiões administrativas do DF e a sede dos municípios do RIDE.

### Modelo populacional

Na modelagem baseada em agentes (ABM) de epidemias, os agentes são os habitantes da área de estudo e precisamos de um modelo populacional para representar os agentes.

Nos diversos estudos de COVID-19 com ABM encontra-se várias implementações do modelo populacional. O estudo de Vietnam por meio de ambiente Gama se usa um *shape* com os edifícios e casas e sua respectiva população. Este modelo foi implementado para uma região numa zona rural e para um bairro de uma cidade.<sup>6</sup>

Outra implementação é da cidade de Bozen-Bolzano em Itália também realizada no ambiente Gama.<sup>7</sup>

Nestes dois exemplos, não ficou claro como eles estão linkando a população com os edifícios e casas no *shape file*. Na cidade de Bozen-Bolzano, considera-se uma população inicial de 300 indivíduos que são alocados aleatoriamente em um dos edifícios.

Não se pode dizer que nestes dois exemplos se usou um modelo populacional propriamente dito. Aparentemente, os exemplos queriam mostrar mais o funcionamento do funcionamento dos agentes, sem uma direta relação com a população na área estudada.

---

<sup>6</sup> <https://gama-platform.github.io/covid19>

<sup>7</sup> <https://www.inf.unibz.it/~ntroquard/virusmodel/REPORT/report.html>

Nosso caso, vamos usar como base o modelo populacional do IBGE, que é uma representação da espacialização da população no Brasil em unidades territoriais de 1km<sup>2</sup> e 40.000 m<sup>2</sup> na zona rural e urbana respectivamente. O modelo populacional do IBGE é disponibilizado num *shape* de polígonos no site do IBG.<sup>8</sup>

A vantagem é que o modelo populacional é um shape com um mosaico de polígonos (1x1km e 200x200m) contendo informação com população e domicílios. Certamente, a partir do olhar do engenheiro é muito mais fácil fazer a modelagem e simulação a partir deste modelo em vez de usar uma estrutura irregular do o setor censitário.

Os arquivo representa a população urbana em células de 40.00m<sup>2</sup> e a população rural em células de 1mk<sup>2</sup>. Para juntar a população urbana e rural numa mesma representação vamos transformar o polígono georeferenciada num ponto usando a ferramenta Polygon centroids (Vector - Geometry tools) do QGIS. Assim convertemos o mosaico de polígonos numa matriz de pontos.

Os dados foram salvos em um arquivo mantendo somente o código IBGE do setor, a quantidade de população no ponto e quantidade de domicílios. O arquivo foi filtrado e os registros sem valor de população ou quantidade de domicílios foram retirados.

Não foi possível disponibilizar este arquivo shape no IDE-GIS da UnB, por isso, usei a ferramenta qgis2web para gerar uma página interativa e aloquei página foi alocado no meu servidor [http://www.adekusjournal.com/modelo\\_pop](http://www.adekusjournal.com/modelo_pop)

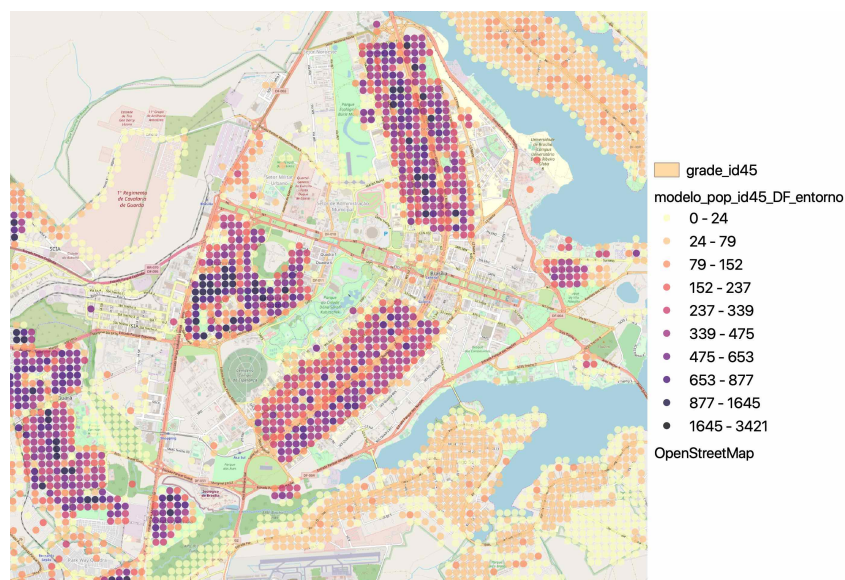


Figure 3 - Modelo populacional de parte do DF

Tabela de atributo

	Descrição	Formato
1	Coordenados geográficos	UTM ou lat,long
2	ID_Unico	setor censitário
3	população	numero inteiro
4	domicílios ocupados	numero inteiro

<sup>8</sup> <http://mapasinterativos.ibge.gov.br/grade/default.html>



Como o formato shape é formado por um conjunto de arquivos DBF, SHP, SHX, QPJ, PRJ, CPG e o próprio formato SHP, penso que é possível trabalhar diretamente com o arquivo no formato DBF no Python.

Ou seja, não será necessária criar um arquivo intermediária, mas usar todo as funcionalidades que o formato DBF baseado no antigo DBASE fornece.

A base que estamos inicialmente usando tem 3.3 milhões de indivíduos organizados em 24,9 mil células. A figura 4 mostra histograma dessa base, onde mostra que a maioria dos registros tem 4 indivíduos, a média é 135 e a maior célula tem 3421 indivíduos. A nível de comparação, a densidade populacional da Favela de Paraisópolis, o bairro com a maior densidade demográfica do país e de 0,045 pessoas por metro quadrado, segundo dados do IBGE, enquanto no DF a maior densidade é de 0,17 pessoas por metro quadrado.

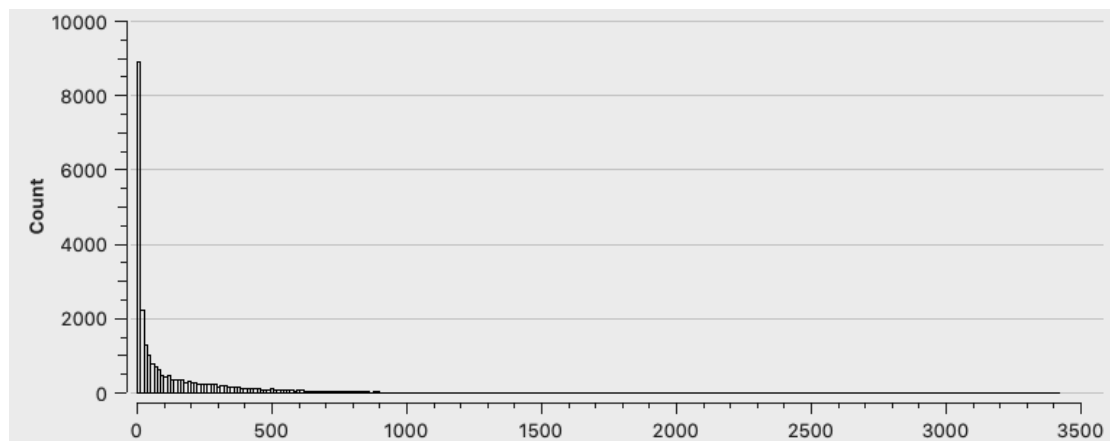


Figure 4 - Histograma do modelo populacional do DF

A simulação da propagação da infecção será feita em dois níveis. O primeiro nível é baseado na célula do modelo populacional, simulando o comportamento interno na célula. O segundo nível será para simular o comportamento a partir da interação dos membros da célula com o meio externo.

No primeiro nível, cada célula tem uma população e pode-se considerar cada indivíduo um agente num espaço padronizado. O valor da população da célula pode variar de 1 agente, por exemplo numa região com características rurais, ou ate alguns milhares de agentes, por exemplo num espaço urbano com densidade populacional muito alto, como por exemplo um complexo de apartamentos.

## Modelo populacional e interface com mapa de vulnerabilidades

Os indivíduos ou agentes numa célula podem ser categorizado por meio de uma busca à base de dados dos setores censitários para ver por exemplo, a estratificação de idade, porcentual de crianças, adultos e idosos. Também pode-se avaliar as condições socioeconômicas, sanitárias para caracterizar melhor os agentes

dessa célula e rodar o modelo de propagação da doença a partir dessas características. Essa base de dados vamos chamar de mapa de vulnerabilidade.

O módulo ou mapa de vulnerabilidade será baseado no base de dados dos setores censitários contendo dados populacionais, socioeconômicos, sanitários etc.

As células do modelo computacional são contidos num setor censitários. Por exemplo a figura a seguir mostra os pontos ou células populacionais contido nos setores censitários no final da Asa Norte e parte do Lago Norte de Brasília.

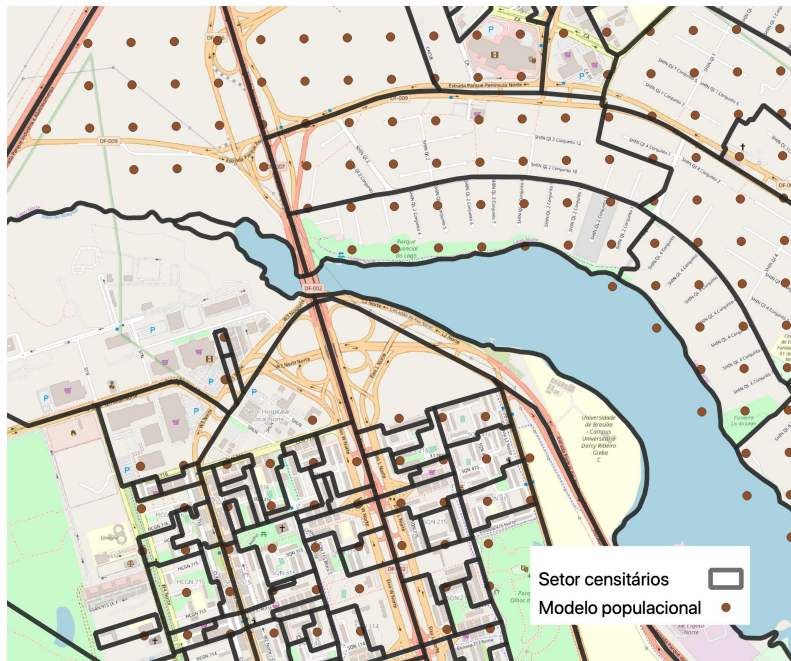


Figure 5 - Modelo populacional e setores censitários

Dessa forma temos o modelo populacional organizado numa estrutura simples de células regulares com área fixa, enquanto os setores censitários são polígonos georeferenciados com seu correspondente tabela de atributos.

Essa tabela de atributos pode até ser armazenado num banco de dados externa ao SIG, de forma que você pode dinamicamente buscar os atributos quando precisar, assim otimizando recursos computacionais. A figura 6 mostra essa possibilidade.

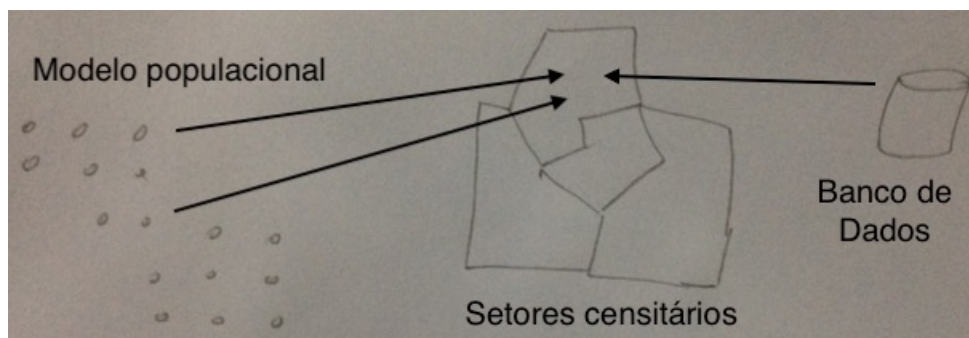


Figure 6 - modelo populacional, censos setor e banco de dados

\_\_\_\_\_ A partir da consulta á mapa de vulnerabilidade de cada agente numa célula, pode-se aplicar o conjunto de regras do modelo em cada iteração do modelo. Por exemplo, pode-se, baseada na porcentagem de idosos, adultos e crianças aplicar algumas regras. Outra regra pode se basear nas condições de renda ou saneamento, ou outros dados na mapa de vulnerabilidade que dizem respeito a situação socioeconômica dessa célula.

A regra aqui é que se avalia os fatores que influenciam o que está acontecendo com os agentes dentro da célula.

\_\_\_\_\_ Outra coisa que se pode levar em consideração é a transmissão entre células vizinhos, mais ou menos da mesma forma como foi feito no modelo DCM espaciotemporal, conforme mostrado no box com código 1.

## **Modelo populacional e interface com área externa**

Num segundo nível é avaliada a interação dos agentes dentro da célula com o mundo externo a sua célula. Estima-se qual a quantos agentes tem necessidade de fazer alguma atividade fora do seu espaço, para onde eles vão e quanto tempo eles permanecem fora. Os espaços virtuais que inicialmente se cogita usar são: escola, trabalho e comercio.

Neste análise pode-se fazer a ligação dos agentes com uma outra base de dados que mostra as características de mobilidade daquela Região Administrativas ou município.

A mapa de mobilidade, será elaborada a partir de estudo de mobilidade entre as regiões administrativas e municípios, e outros parâmetros socioeconomicas, com por exemplo renda e emprego.

A princípio podemos usar os seguintes elementos de avaliação

- proporção de adultos que trabalham em outras regiões do DF
- característica do comercio local
- quantidade de escolas e proporção de alunos nas escolas locais

## **Software de Modelagem ABM**

Software Mesa e Gama

## **Interface ente modelagem e simulação e GIS...**

Shape in

Consulta a base de dados

- Shape out

- Análises em forma de gráficos temporais num recorte geográfico.  
Veja o exemplo de [2]

A primeira proposta do modelo computacional será o Agent-Based-Model (ABM).

Por enquanto a tendência do grupo é usar o pacote ABM Python [5] e a ambiente de modelagem Gama [4].

O esforço computacional para fazer essa modelagem deve ser enorme, mas os pesquisadores dos Los Alamos têm supercomputadores a sua disposição.

No nosso caso, propõe-se a criação de três espaços virtuais. Estes espaços podem ser por exemplo, escola, trabalho e comercio. As proporções de indivíduos que vão para cada espaço virtual serão fornecidas pelo mapa de vulnerabilidade do módulo 1.

Ou seja, o modulo 1 deve estimar para cada setor censitária o fluxo aproximado de pessoas e de qual faixa etária que devem sair das células para estes espaços e a localização geográfica desses espaços.

### **Isolamento horizontal ou vertical**

Sem medidas de isolamento, a mobilidade dos agentes é livre, obedecendo critérios naturais, como distância á escola, e quantidade de população que trabalho em espaços de trabalho distante da sua residência. Por exemplo, quantidade (ou proporção) de pessoas adultos de Taguatinga que trabalham no Plano Piloto.

A imposição de isolamento horizontal ou vertical pode ser avaliada com cenários a partir deste modelo.

Este mapeamento de fluxo no fundo são os parâmetros de isolamento horizontal e vertical do combate à propagação da infecção.

Como os espaços virtuais são também georeferenciados, pode se avaliar o impacto a nível de bairro ou cidade.

O objetivo é modelar o impacto das medidas de isolamento horizontal ou vertical

## **Implementação em plataforma colaborativa**

Dado a urgência do problema tem que ser feito uma escolha entre qual estratégia de desenvolvimento.

Vai partir do zero?

Vai usar alguns pacotes com ferramentas já pronto?

Vai usar uma plataforma já pronto?

Vai usar um programa específico para este fim já pronto?



## Referencias

- [1] Simões JM de A. An agent-based approach to spatial epidemics through GIS. PhD thesis, Department of Geography, University College of London, 2006.
- [2] Granell C, Matamalas JT, Soriano D, Steinegger B. A mathematical model for the spatiotemporal epidemic spreading of COVID19. MedRxiv 2020:1–13. doi:<https://doi.org/10.1101/2020.03.21.20040022>.
- [3] Jenness SM, Goodreau SM, Morris M. Epimodel: An R package for mathematical modeling of infectious disease over networks. J Stat Softw 2018;84. doi:10.18637/jss.v084.i08.
- [4] Taillandier P, Gaudou B, Grignard A, Huynh Q-N, Marilleau N, Caillou P, et al. Building, composing and experimenting complex spatial models with the GAMA platform. Geoinformatica 2019;23:299–322. doi:10.1007/s10707-018-00339-6.
- [5] Masad D, Kazil J. Mesa : An Agent-Based Modeling Framework. Proc. 14th Python Sci. Conf (SCPYPY 2015), 2015, p. 51–8.
- [6] Valle SYD, Mniszewski SM, Hyman JM. Modeling the impact of behavior changes on the spread of pandemic influenza. Model. Interplay Between Hum. Behav. Spread Infect. Dis., Springer-Verlang; 2013, p. 59–77. doi:10.1007/978-1-4614-5474-8\_4.