

# SIMULAÇÃO DE MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS EM REDES DE MOBILIDADE TEMPORAIS

PIBIC/CNPQ-2022/23-DECOM

\*Gabriel F. Costa<sup>1</sup>, Matheus M. G. Correia<sup>2</sup>, Leonardo B. L. Santos<sup>3</sup>, Vander L. S. Freitas<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Física, Universidade Federal de Ouro Preto, Ouro Preto, Brasil.

<sup>2</sup> Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais (INPE), São José dos Campos, Brasil.

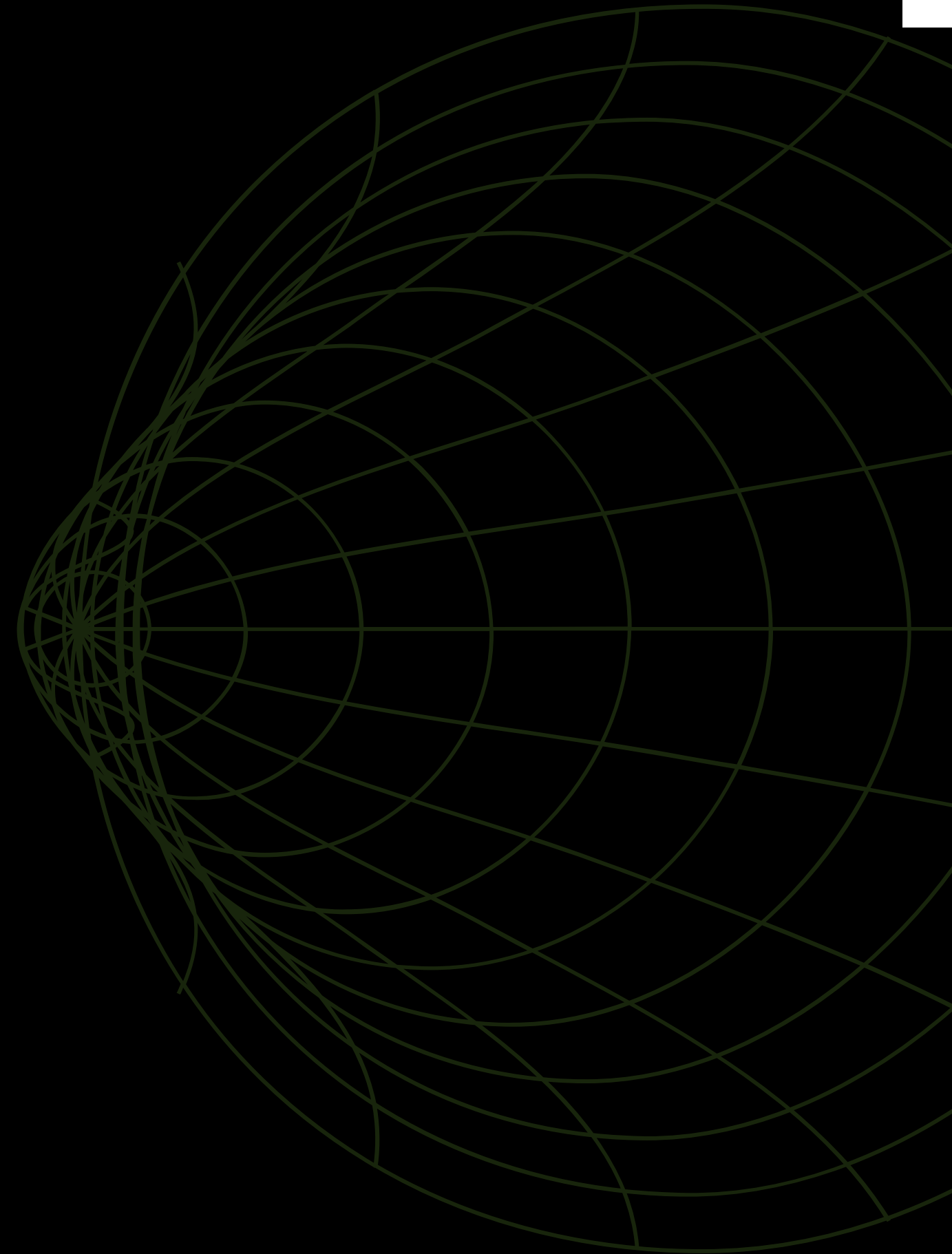
<sup>3</sup> Centro Nacional de Monitoramento e Alertas de Desastres Naturais (CEMADEN), São José dos Campos, São Paulo, Brasil.

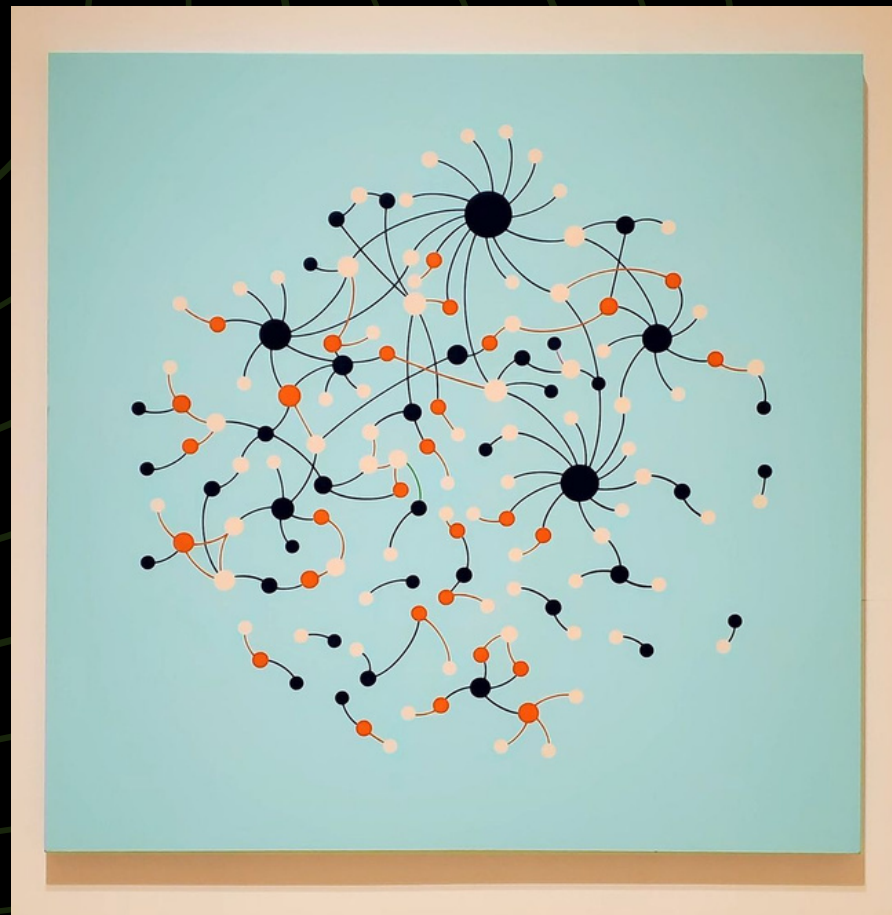
<sup>4</sup> Departamento de Computação, Universidade Federal de Ouro Preto, Ouro Preto, Brasil.



## OBJETIVOS DE PESQUISA

- 1) Simular o modelo SIR de metapopulação em redes de mobilidade temporal.
- 2) Comparar os resultados obtidos de redes dinâmicas e versões estáticas.
- 3) Quantificar as diferenças entre a dinâmica simulada na rede temporal e sua versão estática.
- 4) Investigar a tolerância em alterar a resolução temporal da rede em relação à sua versão mais refinada.
- 5) Analisar as correspondências entre as mudanças na dinâmica com as mudanças topológicas da rede, no tempo.



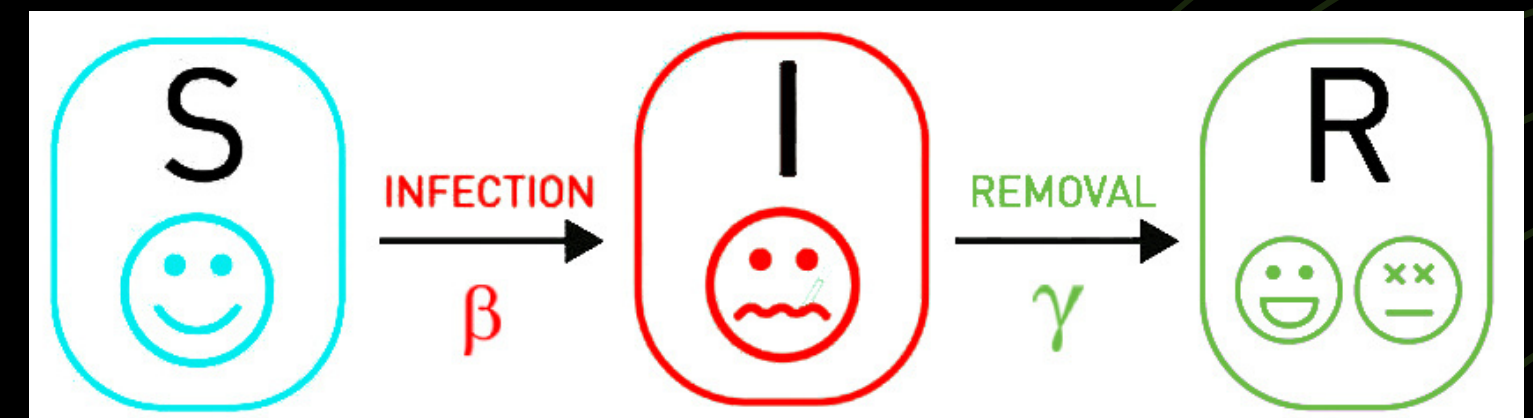


## REDES

Uma rede é um conjunto de elementos interconectados<sup>4</sup>. Na teoria dos grafos e na ciência de redes, as redes são representadas por um conjunto de nós interconectados por links (ou arestas). As redes são uma forma poderosa de representar e estudar sistemas complexos em diversas áreas, como biologia, sociologia, tecnologia, transportes, entre outras.

## MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIR

O modelo SIR é uma estrutura matemática amplamente utilizada para modelar e analisar epidemias. Ele divide a população em três compartimentos: **Suscetíveis**, **Infectados** e **Removidos**. O modelo descreve a propagação de uma doença ao longo do tempo, levando em consideração as taxas de infecção ( $\beta$ ), recuperação ( $\gamma$ ) e contato entre indivíduos.

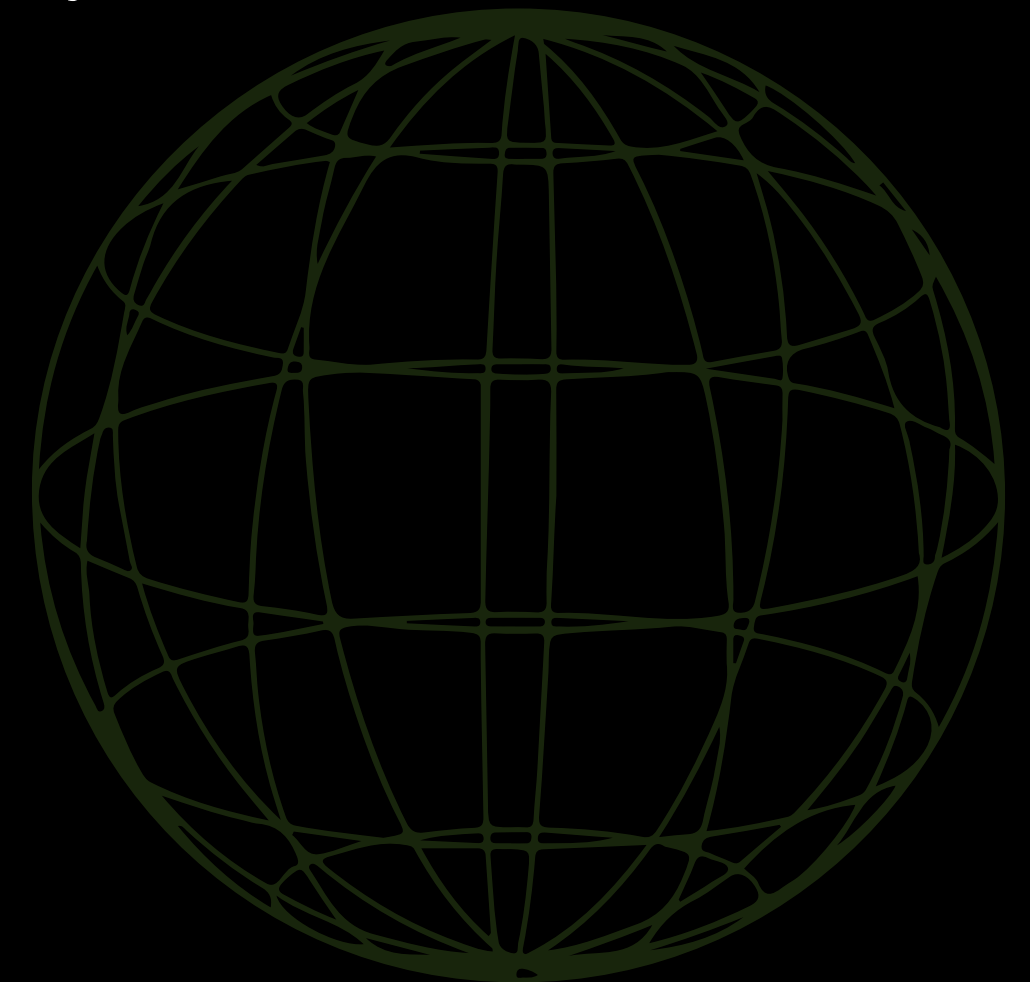


O modelo SIR é uma abordagem simples, mas poderosa, que pode ser usada para simular diferentes cenários de propagação de doenças. Por exemplo, o modelo pode ser utilizado para simular os efeitos de diferentes taxas de vacinação, estratégias de rastreamento de contatos e políticas de quarentena.

O modelo SIR tem sido usado para estudar uma ampla gama de doenças, incluindo sarampo, gripe e COVID-19. O modelo ajudou a informar as políticas e práticas de saúde pública e tem sido utilizado para desenvolver novas estratégias para prevenir e controlar a propagação de doenças.

Para uma única população com  $N$  hospedeiros, o modelo SIR determinístico é o seguinte:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta IS}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta IS}{N} - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I. \end{cases}$$

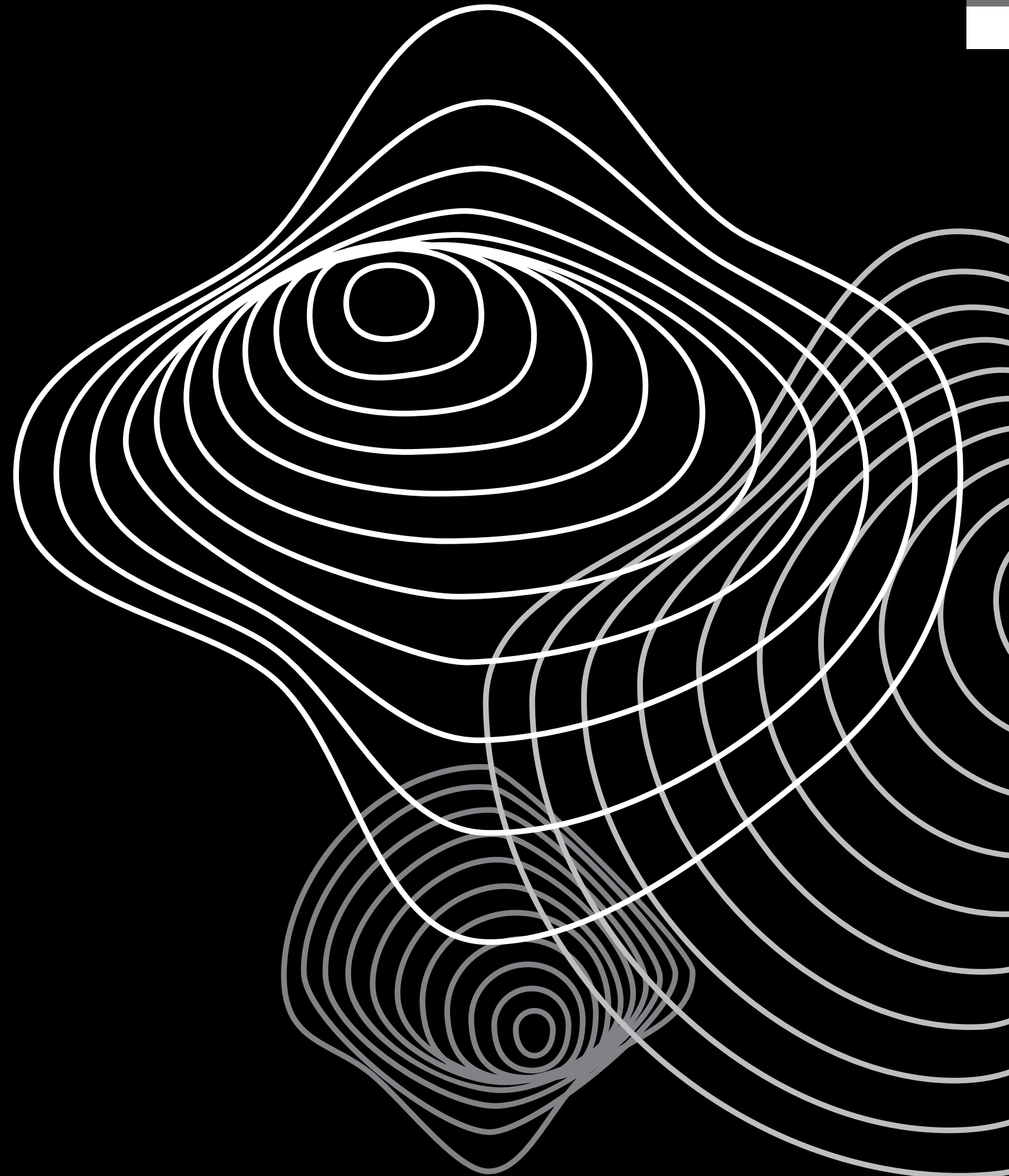
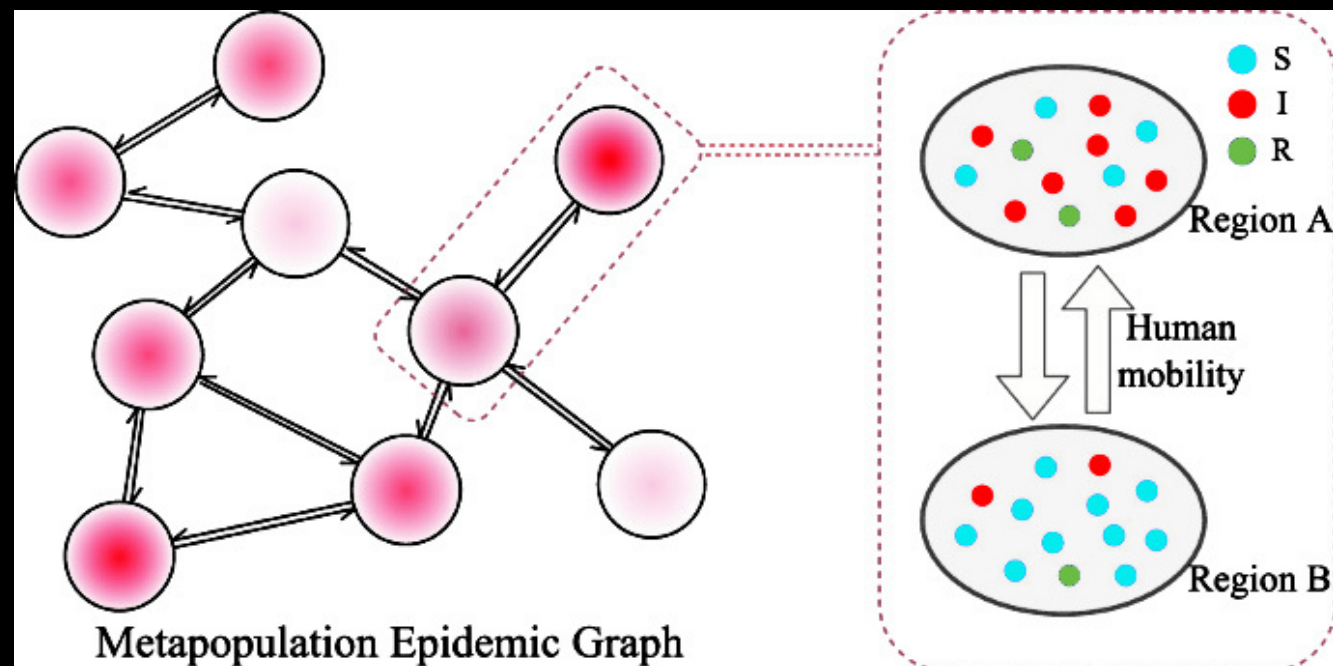




## METAPOPULAÇÕES

Os modelos de metapopulação representam populações hospedeiras geograficamente isoladas, conectadas por meio de movimento. Assumindo mistura homogênea dentro de contextos locais, os indivíduos dentro de cada população têm contatos aleatórios e igualmente prováveis.

As populações permanecem estáveis ao longo do tempo e podem ser calibradas usando dados do censo. Presume-se que a transmissão da doença seja inteiramente local, com hospedeiros de diferentes subpopulações entrando em contato apenas se viajarem para o mesmo local.



## 6 METODOLOGIA

### MOBILIDADE E DADOS GEOGRÁFICOS

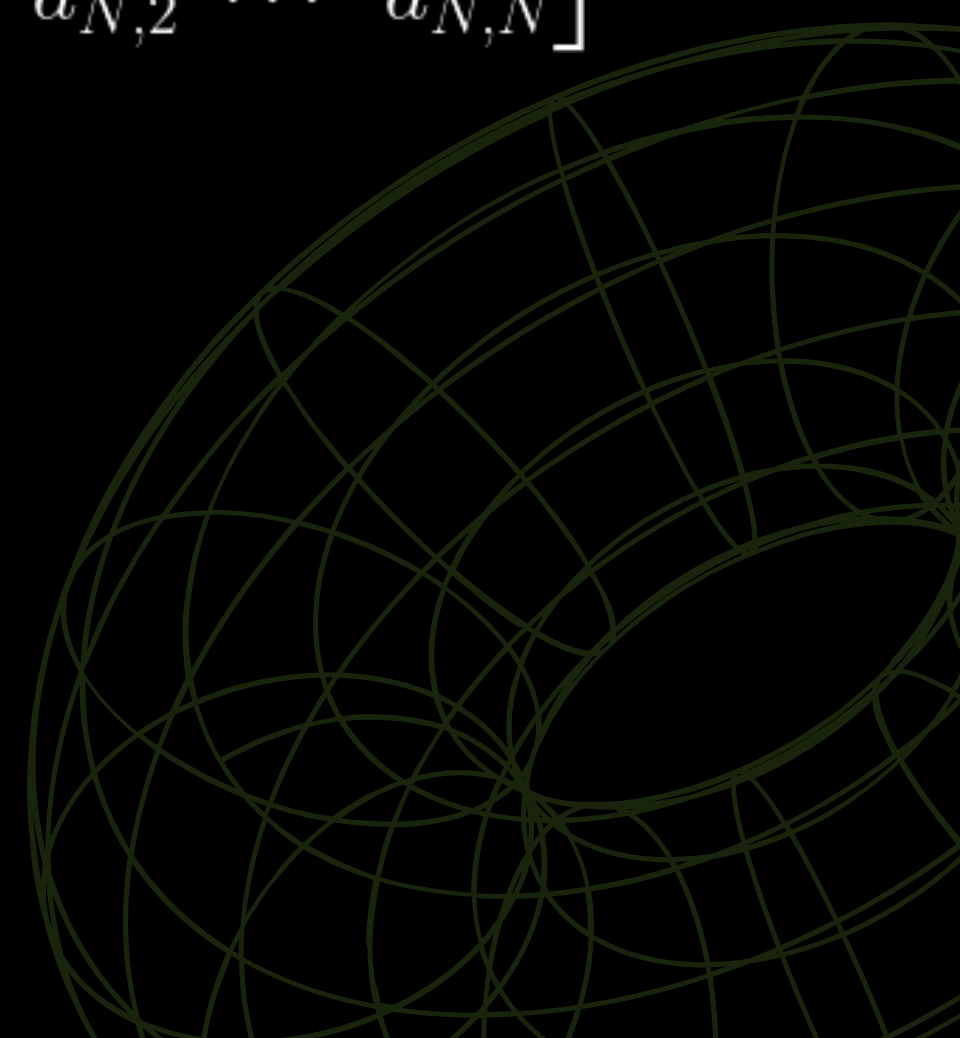
Utilizamos o Baidu Mobility Data<sup>1</sup> de janeiro a fevereiro de 2020, antes da declaração oficial da pandemia de COVID-19. Este conjunto de dados rastreia movimentos diários entre 340 cidades chinesas<sup>3</sup>.

O conjunto de dados inclui duas **matrizes de adjacência** para fluxos de entrada e saída. A matriz de entrada mostra a porcentagem de pessoas mudando do nó  $i$  para o nó  $j$ , com o nó  $j$  representando a soma de todas as outras entradas. A matriz de saída se comporta de forma semelhante. Cada nó tem até 100 vizinhos.

A matriz de adjacência de uma rede direcionada com  $N$  nós é uma matriz  $N \times N$ . Seus elementos, são definidos como 1 se houver um link direcionado do nó  $j$  para o nó  $i$ , e 0 se os nós  $i$  e  $j$  não forem conectados.

### REPRESENTAÇÃO MATRICIAL

$$A_{i,j} = \begin{bmatrix} a_{1,1} & a_{1,2} & \cdots & a_{1,N} \\ a_{2,1} & a_{2,2} & \cdots & a_{2,N} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{N,1} & a_{N,2} & \cdots & a_{N,N} \end{bmatrix}.$$



## MODELOS DE MOVIMENTO DE HOSPEDEIRO

Modelos de movimentação de hospedeiros são utilizados para simular a movimentação de hospedeiros dentro de uma rede metapopulacional. Esses modelos podem ser adaptados para representar a mobilidade humana, rastreando os movimentos individuais entre diferentes locais ou nós. Os modelos de movimento **Euleriano** e **Lagrangiano** são as duas classes mais comumente usadas de tais modelos.

Empregamos especificamente o modelo de movimento euleriano<sup>2</sup> que descreve a **difusão** de hospedeiros entre metapopulações, com a seguinte equação diferencial:

$$\frac{dN_i}{dt} = - \sum_{j=1}^K f_{i,j} N_i + \sum_{j=1}^K f_{j,i} N_j,$$

$N_{\{i\}}$  representa o número de hospedeiros atualmente localizados no sítio  $i$ , e  $K$  denota o número total de populações. O termo  $f_{\{i, j\}}$  corresponde à taxa (nossa matriz de adjacência aqui corresponderá à matriz  $N \times N$  de taxas de viagem) na qual os hospedeiros se movem do sítio  $i$  para o sítio  $j$ , com  $f_{\{i, j\}}$  contabilizando o movimento dentro da mesma população. O modelo requer um total de parâmetros  $K(K - 1)$  para uma especificação completa.

O número total de hospedeiros permanece constante ao longo do tempo:

$$N = \sum_{i=1}^K N_i.$$

Combinando o modelo SIR com o modelo Euleriano, obtemos um conjunto análogo de equações  $3 \times K$ , para  $K$  subpopulações (nós):

$$\frac{dS_i}{dt} = -\beta_i \frac{S_i I_i}{N_i} - \sum_{j=1}^K f_{i,j} S_i + \sum_{j=1}^K f_{j,i} S_j,$$

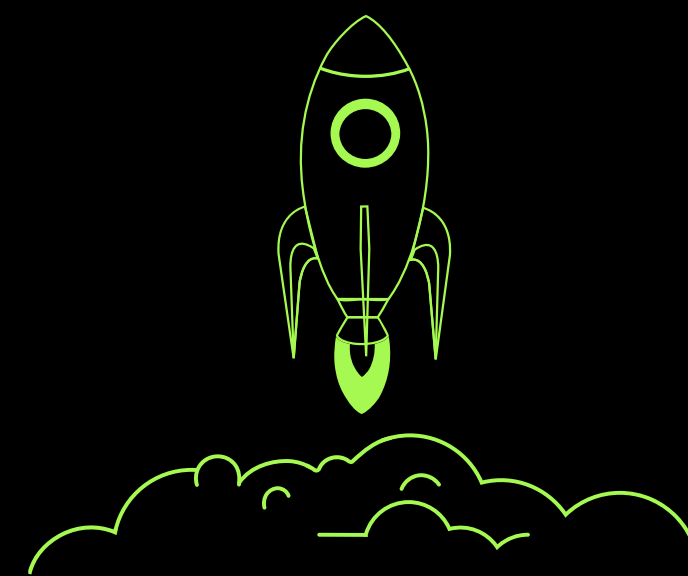
$$\frac{dI_i}{dt} = \beta_i \frac{S_i I_i}{N_i} - \gamma I_i - \sum_{j=1}^K f_{i,j} I_i + \sum_{j=1}^K f_{j,i} I_j,$$

$$\frac{dR_i}{dt} = \gamma I_i - \sum_{j=1}^K f_{i,j} R_i + \sum_{j=1}^K f_{j,i} R_j.$$

## CONCLUSÃO

Este projeto é atualmente um trabalho em andamento. Cumprimos com sucesso o objetivo número um e o nosso foco mudou agora para o objetivo número dois.

Ao longo do nosso trabalho, encontramos o formidável desafio de obter dados relevantes de mobilidade temporal a partir de databases nacionais e internacionais, o que consumiu uma quantidade significativa do nosso tempo de investigação. Mas agora estamos na reta final para a coleta de resultados significativos sobre os dados da China.







# MUITO OBRIGADO!

A UNIVERSIDADE FEDERAL DE OURO PRETO E AO CNPQ PELO AUXÍLIO E FOMENTO A CIÊNCIA!



# REFERÊNCIAS

## BIBLIOGRÁFICAS

<sup>1</sup> China Data Lab. Baidu Mobility Data, 2020.

<sup>2</sup> Daniel T. Citron, Carlos A. Guerra, Andrew J. Dolgert, Sean L. Wu, John M. Henry, Héctor M. Sánchez C., and David L. Smith. **Comparing metapopulation dynamics of infectious diseases under different models of human movement**, 2021.

<sup>3</sup> Vander L. S. Freitas, Leonardo B. L. Santos, Ming Tang, Yong Zou, Elbert E. N. Macau. **The effects of COVID-19 on Chinese commuting patterns in early 2020**, 2022.

<sup>4</sup> A. L. Barabási. **Network Science**, 2016.

## IMAGENS

<sup>1</sup> BarabasiLAB Art - Museum of Modern Art, MOMA. Source: Postmasters, URL: <https://www.postmastersart.com>.

<sup>2</sup> SIR schematic diagram - A. L. Barabási. **Network Science**, 2016.

<sup>3</sup> SIR model in a metapopulation network - Qi Cao, Renhe Jiang ✱, Chuang Yang, Zipei Fan, Xuan Song, Ryosuke Shibasaki. **Metapopulation Graph Neural Networks: Deep Metapopulation Epidemic Modeling with Human Mobility**, 2023.

# GITHUB DO PROJETO



Simulação de modelos  
epidemiológicos em redes de  
mobilidade temporais

