

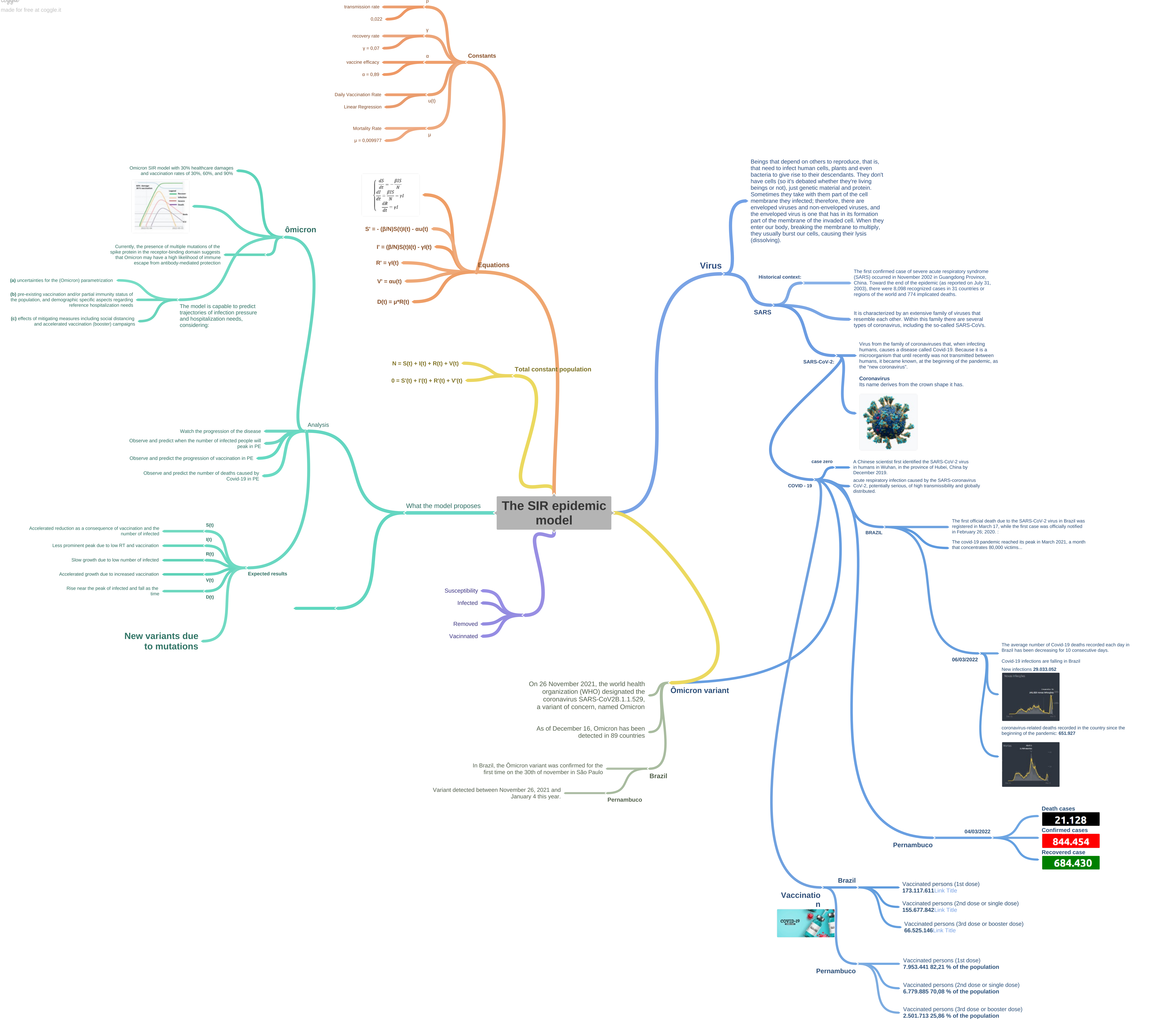
MÉTODOS NUMÉRICOS COMPUTACIONAIS

P1 - Modelo SIR e SIRV

Rodrigo Santos Batista

rsb6@cin.ufpe.br

Recife, 03 de Março de 2022



1. Introdução

1.1. Covid 19 (SARS-CoV-2):

Coronavírus é um vírus zoonótico, um RNA vírus da ordem Nidovirales, da família Coronaviridae⁽¹⁾. Esta é uma família de vírus que causam infecções respiratórias, os quais foram isolados pela primeira vez em 1937 e descritos como tal em 1965, em decorrência do seu perfil na microscopia parecendo uma coroa⁽²⁾. Os tipos de coronavírus conhecidos até o momento são: alfa coronavírus HCoV-229E e alfa coronavírus HCoV-NL63, beta coronavírus HCoV-OC43 e beta coronavírus HCoV-HKU1, SARS-CoV (causador da síndrome respiratória aguda grave ou SARS), MERS-CoV

1.2. Omicron

⁽³⁾ Em 26 de novembro de 2021 (OMS 2021), a OMS designou a variante SARS-CoV-2 B.1.1.529 como uma variante preocupante (VoC) com base no conselho do Grupo Consultivo Técnico da OMS sobre Evolução de Vírus (VOC). Esta variante recebeu o nome de Omicron. A África do Sul relatou o Omicron à OMS pela primeira vez em 24 de novembro de 2021. Na África do Sul, as infecções foram altas nas últimas semanas, coincidindo com a descoberta do Omicron. A primeira infecção confirmada por Omicron conhecida veio de um espécime coletado em 9 de novembro de 2021, e a primeira sequência disponível publicamente veio de um espécime coletado em 11 de novembro de 2021. O número de casos dessa variante parece estar aumentando em um número das províncias sul-africanas. O Omicron

(causador da síndrome respiratória do Oriente Médio ou MERS) e SARS-CoV-2, um novo coronavírus descrito no final de 2019 após casos registrados na China. Este provoca a doença chamada de COVID-19⁽²⁾.

Tomando o ano de 2019 como parâmetro, onde ainda não se tinha previsão da proporção da doença e quais as implicações que suas possíveis mutações, foi identificada pela primeira vez em Wuhan, na província de Hubei, China por Dezembro de 2019. Este vírus causa síndrome respiratória aguda grave que podem se tornar potencialmente fatais. Até o final de junho 2020, a Organização Mundial da Saúde (OMS) estimou que o número de casos confirmados já estava chegando à ordem 10 000 000, com mais de 490 000 mortes confirmadas.

também foi descoberto em Botsuana em amostras coletadas em 11 de novembro de 2021. Em 28 de novembro de 2021, às 15h, casos foram detectados em quatro países adicionais. Omicron tem algumas deleções (Karim e Karim 2021) e mais de 30 mutações, algumas das quais se sobrepõem às dos VoCs alfa, beta, gama ou delta, incluindo 69–70del, T95I, G142D/143–145del, K417N, T478K, N501Y, N655Y, N679K e P681H. Essas deleções e mutações são conhecidas por aumentar a transmissibilidade viral, a afinidade de ligação viral e o escape de anticorpos. Algumas das outras mutações omicron conhecidas conferem maior transmissibilidade e afetam a afinidade de ligação (Greaney et al. 2021, Harvey et al. 2021).

2. Desenvolvimento

A fim de entender e combater essa doença e tentar prever suas possíveis mutações e tratamentos para estas, a comunidade científica tem feito análises estatísticas e modelos que consigam prever o comportamento da doença e como esta reage sob diferentes variáveis populacionais e regionais.

É proposto, nesse trabalho, uma variante do modelo original SIR (Suscetível-Infetado-Recuperado), intitulado-se SIRV (Susceptible-Infected-Removed-Vaccinated), o qual levará em consideração, também, o número de pessoas vacinadas. Dessa forma, será possível analisar estatisticamente a progressão da doença no território brasileiro / pernambucano. Esse modelo pode ser aplicado tanto para o SARS - CoV - 2 quanto para sua variante.

Vamos nos ater aqui ao primeiro, o segundo pode ser tomado de maneira análoga.

Nesse modelo, assumimos que o total da população de Pernambuco se manterá constante. Dessa forma pode-se tomar:

$$2.1. N = S(t) + I(t) + R(t) + V(t)$$

$$2.2. 0 = V' + I' + R' + V'$$

Portanto, o conjunto de equações pode ser descrito como:

$$\dot{S}(t) = -\frac{\beta}{N}S(t)I(t) - \alpha u(t),$$

$$\dot{I}(t) = \frac{\beta}{N}S(t)I(t) - \gamma I(t),$$

$$\dot{R}(t) = \gamma I(t),$$

$$\dot{V}(t) = \alpha u(t),$$

Onde seus estados e parâmetros são definidos da seguinte forma:

2.3. $S(t)$: representa a população suscetível a ter a doença no tempo t , ou seja, é a população que não foi infectada e que não possui imunização.

2.4. $I(t)$: representa a população infectada com o vírus no tempo t , esses são os indivíduos que estão infectados e podem disseminar a doença para a população que está no estado suscetível.

2.5. $R(t)$: representa a população removida no tempo t , dizer que uma população foi removida nesse modelo significa que ou ficou recuperada da doença ou faleceu.

2.6. $V(t)$: representa a população efetivamente vacinada no tempo t . São os indivíduos que foram vacinados e ganharam imunidade "total" à doença.

2.7. β : Representa a taxa de transmissão da doença, a qual é calculada sendo a quantidade de contatos que um indivíduo tem com outros indivíduos multiplicada pela probabilidade de transmissão de um indivíduo infectado com outro suscetível. Esse parâmetro pode ser modificado utilizando técnicas de combate a pandemia como o distanciamento social e vacinação.

2.8. γ : Representa a taxa de recuperação dos indivíduos infectados, a taxa $1/\gamma$ representa a média do período de infecção da doença.

2.9. α : Representa a eficácia da vacina. É calculada operando a fração de indivíduos que ganharam imunização total em virtude da vacinação, com todos os que foram vacinados.

2.10. $u(t)$: Representa a taxa de vacinação por dia. Diz a quantidade de vacinas administradas no dia t .

Pode-se definir, ainda, uma equação que determina a quantidade de mortes como uma fração total da quantidade de removidos.

$$D(t) = \mu R(t)$$

μ é definido como a taxa de mortalidade dada pela doença.

O modelo, pode ser ajustado, então com dados do Departamento de Saúde do Brasil (4).

Tem-se que a taxa de transmissão é aproximadamente 2,02% de acordo com Tracker da Universidade de São Paulo (USP) e da Universidade Estadual Paulista (Unesp) (5).

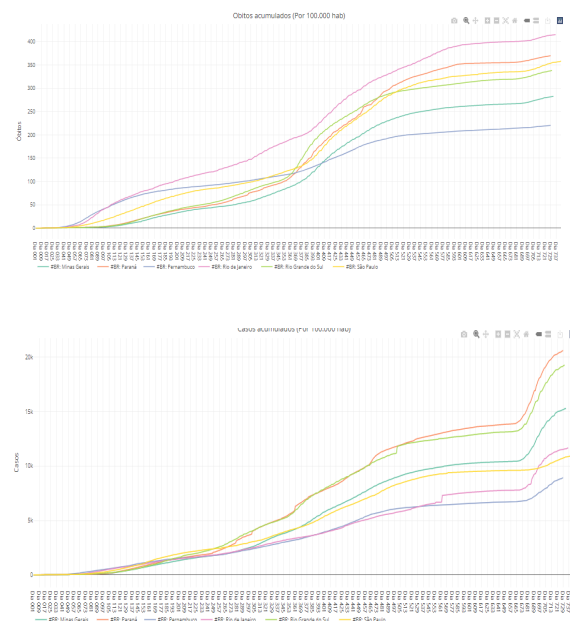
Tendo em vista que o período médio de infecção da COVID é de 14 dias, então $\gamma = 1/14 = 0,07$.

Para estimar a taxa de eficácia da vacina se utiliza a média da eficácias de cada vacina (AstraZenica - 91,3%; CoronaVac - 95%;

Janssem - 95%; Pfizer - 96%) (6) e portanto, resulta em uma eficácia de $\alpha = 94\%$ ou 0,94.

Para calcular o parâmetro $u(t)$ utilizamos no trabalho, a técnica de regressão linear, onde é necessário alimentar de dados diários de vacinações desde que começou ser implementada, até o presente momento. Dessa forma, é possível prever uma equação da reta que mais se aproxima dos dados coletados, de maneira eficaz, buscando minimizar o erro quadrático médio.

Para taxa de mortalidade, foi apenas uma coleta de dados do site oficial de monitoramento de casos (4), cujo resultado é obtido por meio de uma fração do (n° de óbitos) / (n° de casos confirmados) o que nos dá $\mu = 0,009977$ (4)



3. Resultados

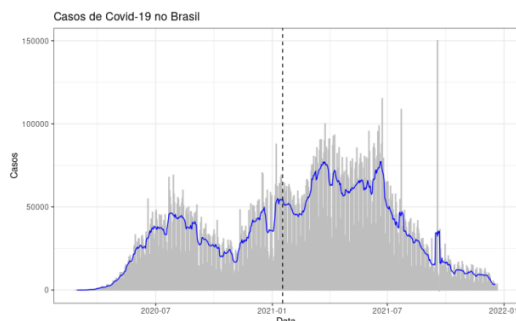
Nos modelos do modelo SIR a taxa de infecção segue quase instantaneamente a taxa de transmissão definida por $R_t(t)$. No entanto, para a previsão de casos positivos, o modelo precisa levar em

consideração um atraso de tempo (ou convolução) apropriado para o tempo de atraso para transmissão (a abordagem SIR é marcada por um efeito de transmissão mais direto, em comparação com uma

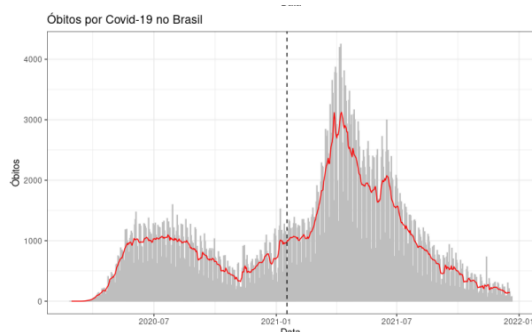
formulação SEIR que é mais realista) e tempo de incubação, bem como atraso na testagem e notificação de casos positivos. Para o total de atrasos adotamos em média $t_{shift} = 14$ dias. Para a data de registro do caso, adicionamos um atraso de relatório adicional. Para o desenvolvimento de doença grave levando a hospitalizações, assumimos uma média de 14 dias.

Para esse modelo, nosso objetivo era prever com a maior acurácia, possível, como a doença irá se comportar no futuro, sendo observado um pico menos proeminente do número de infectados ($I(t)$); uma redução acelerada de indivíduos suscetíveis devido a infecção ou vacinação ($S(t)$); um aumento cada vez maior do número de vacinados no decorrer do tempo ($V(t)$); uma redução de indivíduos removidos ($R(t)$) devido ao aumento de vacinações; assim como uma alta no número de óbitos ($D(t)$) próximo do pico de infectados e posteriormente uma redução.

3.1 (7)



3.2 (7)



Pode-se observar nos gráficos 3.1 e 3.2 alguns comportamentos de interesse. A primeira fase da pandemia no Brasil se inicia entre abril e maio de 2020, com seu pico próximo a junho e julho de 2020. Como resultado das medidas de restrição de circulação de pessoas, observa-se uma tendência de queda em novembro de 2021. O pico de casos observado no final de 2021 pode ser atribuído a um represamento de casos no sistema de notificação federal. O final de 2020 inaugura uma nova fase da pandemia no Brasil. Com o enfraquecimento das medidas restritivas de combate à pandemia e a campanha vacinal em seu início, observa-se um forte aumento na quantidade de casos e óbitos no Brasil no final de 2020 e início de 2021. Em junho de 2021, o Brasil vivenciou o período mais letal da pandemia, com a expansão da variante Gama (P.1) no país. Isto culminou com a lotação de centros de terapia intensiva e provocou picos de mais 4 mil óbitos por dia. Este pico ocorreu após o início da vacinação, pois a cobertura vacinal brasileira ainda era muito baixa e desigual, com uma média de 7%. Após 5 meses do início da disponibilização de vacinas em território nacional, apenas um quarto dos brasileiros haviam se vacinado com, ao menos, a primeira dose de algum imunizante. Porém em grupos já vacinados, a quantidade de casos graves e óbitos começou a diminuir conforme os esquemas vacinais eram concluídos.

Contudo, há uma grande possibilidade de uma mutação ocorrer e selecionar uma cepa mais resistente, portanto novas medidas devem ser tomadas para tentar, de alguma forma, contornar essa situação. Seja por medidas restritivas, seja por vacinação de reforço.

A massiva imunização da população brasileira tem como resultado a queda drástica na mortalidade e nas internações causadas pelo coronavírus, mesmo diante de mutações mais transmissíveis, como a variante Delta e a Ômicron. Mesmo com a ascensão de novas variantes mais transmissíveis, a vacinação possibilitou

que houvesse a redução das ocorrências de casos mais graves da doença, a redução da taxa de hospitalização e de mortes causadas pelo coronavírus.

REFERÊNCIAS:

1 Brasil. Ministério da Saúde. Protocolo de manejo clínico para o novo-coronavírus (2019-nCoV). [cited 2020 Feb 12]. Available from: <https://portalarquivos2.saude.gov.br/images/pdf/2020/fevereiro/11/protocolo-manejo-coronavirus.pdf>

» <https://portalarquivos2.saude.gov.br/images/pdf/2020/fevereiro/11/protocolo-manejo-coronavirus.pdf>

2 Brasil. Ministério da Saúde. Coronavírus: o que você precisa saber e como prevenir o contágio. [cited 2020 Feb 18]. Available from: <https://saude.gov.br/saude-de-a-z/coronavirus>
» <https://saude.gov.br/saude-de-a-z/coronavirus>

3 Belfin RV, Bródka P, Radhakrishnan BL, Rejula V. 2020. COVID-19 peak estimation and effect of nationwide lockdown in India. medRxiv. 2020.05.09.20095919.

4 <https://bigdata-covid19.iciict.fiocruz.br/>

5 <https://www.cnnbrasil.com.br/saude/taxa-de-transmissao-da-covid-19-cai-no-brasil-apos-um-mes-e-meio/>

6 <https://www.uol.com.br/vivabem/noticias/redacao/2021/08/25/eficacia-das-vacinas-coronavac-astrazeneca-pfizer-e-janssen.htm>

7 https://bigdata-covid19.iciict.fiocruz.br/pilula_12.pdf

Referencia usadas como leitura adicional:

- <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2021.12.07.21267405v1.full.pdf>
- <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2021.12.25.21268394v2.full.pdf>

- <https://wp.ufpel.edu.br/fentransporte/2020/04/09/a-evolucao-epidematica-do-covid-19-modelo-sir/>
- <https://g1.globo.com/pe/pernambuco/noticia/2022/02/18/omicron-atinge-marca-de-100percent-de-prevalencia-em-amostras-de-covid-em-pernambuco.ghtml>
- https://bigdata-covid19.iciet.fiocruz.br/nota_tecnica_24.pdf
- <https://www.folhape.com.br/noticias/variante-omicron-ja-e-dominante-em-pernambuco-diz-secretaria-estadual/212349/>
- <http://portal.saude.pe.gov.br/noticias/secretaria-executiva-de-vigilancia-em-saude/pe-confirma-circulacao-da-variante-omicron>
- [An Extended SEIR Model with Vaccination for Forecasting the COVID-19 Pandemic in Saudi Arabia Using an Ensemble Kalman Filter](#)
- <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2021.02.05.21250572v1.full>
- [Veja quais são as taxas de eficácia de cada vacina da covid-19](#)
- <https://calculate.org.au/wp-content/uploads/sites/15/2018/10/spread-of-disease.pdf>
- <https://olhardigital.com.br/2021/12/15/coronavirus/taxa-de-eficacia-das-vacinas-na-populacao-supera-testes-diz-fiocruz/>
- <https://veja.abril.com.br/brasil/covid-19-taxa-de-recuperados-no-brasil-e-maior-do-que-a-mundial/>