MAC0209 — Segundo EP - 2020

Roberto Marcondes Cesar Jr. - Roberto Hirata Jr.

1 de junho de 2020

1 Descrição

A atual pandemia causada vírus SARS-CoV-2 é talvez o maior acontecimento na vida de cada um de nós e não há um dia que não pensemos pelo menos cinco minutos no que está acontecendo com a nossa vida, com a vida dos nossos parentes, amigos, amigas, colegas e, principalmente, com as pessoas em situação vulnerável. Nossa proposta neste EP é que você estude e pense um pouco sobre a dinâmica como o vírus se espalha e infecta as pessoas de uma comunidade. Além disso, usando pacotes prontos de visualização, você irá experimentar com o modelo implementado.

1.1 Modelagem sem restrições

A primeira aproximação para modelar o número de pessoas infectadas pelo vírus é assumir que cada pessoa pode, ou vai, infectar um certo número de outras pessoas, digamos R pessoas. A figura 1 apresenta uma ilustração do modelo de infecção com R=5, ou seja, um único indivíduo no tempo t_0 (disco vermelho) infecta cinco indivíduos no tempo t_1 (as setas ilustram quais são os indivíduos infectados) e estes, por sua vez, infectam outros 5 indivíduos em t_2 , totalizando 31 pessoas infectadas deste o início.

Neste cenário, o modelo matemático pode ser descrito por:

$$N(t) = N_0 e^{(t-t_0)/\tau} (1)$$

Onde:

- $\tau = \mu/\ln(R)$, assumindo μ uma constante¹;
- N_0 é o número de pessoas infectadas pelo vírus num certo tempo t_0 , dado por $N_0 = Me^{t_0/\tau}$;
- M é o número de ocorrências diferentes do vírus.

 $^{^1{\}rm O}$ modelo de mu é um pouco mais complicado, mas pode ser tomado como uma constante; o valor de τ para a Itália antes das medidas de contenção é aproximadamente 3.88 dias.

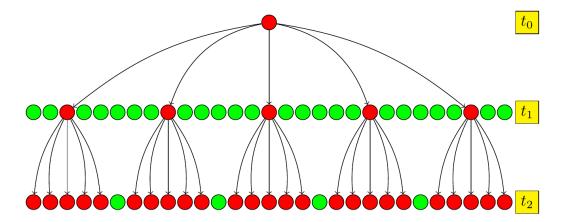


Figura 1: Modelo de infecção com R=5. No tempo t_0 , apenas um indivíduo (disco vermelho) está infectado. No tempo t_1 , mais cinco indivíduos são infectados e no tempo t_2 , cada um dos cinco indivíduos infectam mais cinco. No tempo t_2 teremos 30 novos indivíduos infectados.

A figura 1 apresenta um possível gráfico da equação 1 para R>1 (linha vermelha), R=1 (linha verde) e R<1 (linha azul).

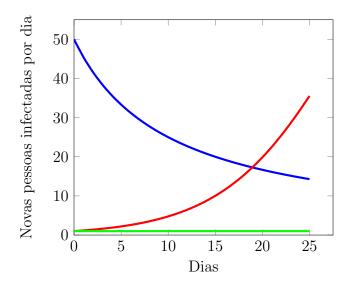


Figura 2: Modelo simples de evolução do número de pessoas infectadas por dia (Eq. 1). As linhas vermelha, verde e azul representam, respectivamente, a equação com R > 1, R = 1 e R < 1.

Antes de continuar a leitura, pense um minuto sobre o problema deste sistema.

1.2 Modelo COVID-19 - primeira aproximação real

Se você disse, ou pensou, que o problema do modelo anterior é que alguma hora não haverá mais cinco pessoas para cada pessoa infectar, ou em outras palavras, haverá competição, acertou. Por isso, um modelo mais realista deve ter um fator de desaceleração, que resulta justamente num modelo logístico. Esse modelo é conhecido como equação diferencial de Richard (Richard Differential Equation, ou simplesmente, RDE²).

$$\frac{dN}{dt} = \alpha N \left(1 - \left(\frac{N}{K(t)} \right)^{\nu} \right) \tag{2}$$

Onde:

- $\alpha > 0$ é o fator de crescimento;
- K > 0 é uma função que modela a capacidade de carregamento, que é uma função do tempo³.
- $\nu > 0$ é uma constante que afeta o comportamento assintótico do crescimento.

A figura 3 apresenta o comportamento de uma função logística. Uma vez mais, pense um minuto sobre o problema desse modelo.

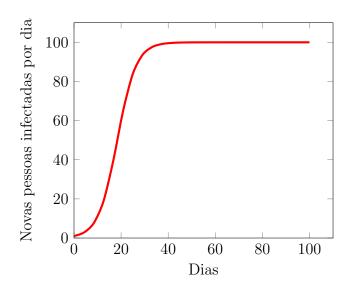


Figura 3: Comportamento de uma função logística.

²Também conhecida por Equação Diferencial Logística Generalizada.

 $^{^3 \}rm Neste$ caso, é o número máximo de indivíduos que podem ficar doentes.

1.3 Modelo COVID-19 - segunda aproximação real

Se você disse, ou pensou, que o problema do modelo é que ele ainda não é bom pois o número de pessoas infectadas não decresce e um bom governo irá introduz medidas de restrição à circulação e contato das pessoas para diminuir o número de casos, acertou. Para corrigir isso, precisamos introduzir um novo elemento no sistema que modele as medidas restritivas e funcione como um "atrito", um desacelerador. O novo modelo com esse novo elemento pode ser escrito da seguinte maneira⁴:

$$\frac{dN}{dt} = \alpha N \left(1 - \left(\frac{N}{K(t)} \right)^{\nu} \right) - c(t)N \tag{3}$$

Onde:

- $\alpha > 0$ é o fator de crescimento;
- K > 0 é uma função que modela a capacidade de carregamento, que é uma função do tempo⁵.
- $\nu > 0$ é uma constante que afeta o comportamento assintótico do crescimento.
- c é uma função que leva em conta a razão de mortalidade, induzida pelas medidas de restrição de circulação de pessoas e também é uma função do tempo.

A figura 4 representa⁶ comportamento do modelo da equação 4.

⁴A função c é uma função do tempo e tem que levar em conta o momento inicial, t_0 , das medidas de restrição, mas isso será embutido na equação que descreve o modelo.

⁵Neste caso, é o número máximo de indivíduos que podem ficar doentes.

 $^{^6\}mathrm{Representa}$ no sentido que há um conjunto de parâmetros que fazem com que a curva tenha esse comportamento.

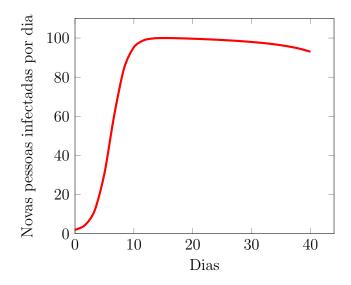


Figura 4: Representação de uma possível curva para o modelo dinâmico do Covid-19.

1.4 Modelo dinâmico do COVID-19

A modelagem das funções c e K para o COVID-19 que será usada aqui vem do artigo de Sonnino [Sonnino, 2020], que modela diversos vírus que afetam o sistema respiratório e ajustam o modelo baseado no histórico de crescimento da infeção de pessoas em várias ocasiões desses vírus no mundo. Podemos assumir os seguintes modelos para c(t) e K(t):

$$c(t) = \frac{2t^2 - \sigma}{\sigma t} - \frac{t_o^2}{\sigma t} e^{-(t - t_0)^2/\sigma}$$
$$K(t) = \frac{2A}{t_0} t^2$$

Finalmente, o modelo mais realista do Covid-19, que também é chamado de modelo dinâmico do Covid-19 pode ser escrito da seguinte maneira (note que $\nu = 1$):

$$\frac{dN}{dt} = \alpha \left(1 - \frac{N}{\eta t^2} \right) N - \left(\frac{2\lambda t^2 - 1}{t} - \frac{\lambda t_0^2}{t} e^{-\lambda (t - t_0)^2} \right) N \tag{4}$$

onde:

- $\alpha > 0$ é o fator de crescimento;
- t_0 é um tempo inicial que depende das medidas de restrição.
- $\bullet \ \lambda = \sigma^{-1}$
- $\eta = 2A/t_0$, onde A é um parâmetro que depende do vírus e das medidas de restrição.

1.5 Considerações sobre as dificuldades de se criar um modelo

Modelar um sistema real não é fácil e nem simples, tanto que existe um aforisma famoso sobre o assunto: Todos os modelos estão errados. Uma extensão importante desse aforisma é: Embora errados alguns são úteis. De fato, como discutimos em aula, os modelos apresentados até agora são simplificações bastante grandes da realidade. Um objeto é representado por um ponto, iniciamos a modelagem sem atrito, a corda que prende um objeto não tem peso etc. É por isso mesmo que há uma intensa discussão neste momento sobre a responsabilidade dos cientistas. Veja, por exemplo, o artigo: "Some scientists need to be transparent about the limitations of models and what they tell us, and this paper nicely discusses that.", no link abaixo:

https://tinyurl.com/y8abdqn5

Há vários modelos matemáticos que estão sendo propostos para prever o comportamento da COVID-19 e os melhores modelos são bem mais complexos que o modelo proposto neste exercício de simulação. Algumas razões para a complexidade dos modelos e para que o erro deles seja tão alto são:

- 1. As pessoas que morrem com a doença, não são contadas efetivamente como tendo a doença;
- 2. As pessoas infectadas não são contadas efetivamente como infectadas;
- 3. As pessoas curadas não estão efetivamente curadas;
- 4. As pessoas não têm a mesma probabilidade de contrair a doença;
- 5. As pessoas não têm a mesma probabilidade de se curar;
- 6. Os sistemas não são fechados, a menos que haja "lockdowns" muito restritivos.

Para você entender um pouco mais da complexidade do problema, você pode ler o artigo da Dra. Marumbia, indicado no texto da reportagem acima, e este outro artigo da Dra. Letícia Kawano:

https://tinyurl.com/ya9atr29

1.6 Simulações

Neste EP você vai simular o modelo dinâmico do COVID-19 resolvendo numericamente, por Euler, a eq. 4 para algumas situações diferentes ligadas aos parâmetros α , λ , A e t_0

- 1. Assumindo que estamos numa ilha isolada, simule a evolução de N para um conjunto $\{\alpha, \lambda, A, t_0\}$. Nesse caso, o vetor de estados é unidimensional $\mathbf{v}(t) = [N](t)$. Faça um gráfico bonito para mostrar a evolução de \mathbf{v} em relação a t, i.e. $\mathbf{v}(t)$. Faça também uma simulação dinâmica usando os recursos explicados em aula.
- 2. Agora, com sua experiência anterior, simule para cinco ilhas diferentes sorteando os valores de {α, λ, A, t₀}. Nesse caso, o vetor de estados é 5-dimensional v(t) = [N₀, N₁, N₂, N₃, N₄](t). Faça gráficos bonitos para mostrar a evolução de v em relação a t, i.e. v(t) para as diferentes ilhas. Assim, os gráficos irão mostrar a evolução de N_i, onde i é um rótulos para cada ilha, em relação a t. Crie igualmente um gráfico mostrando a evolução do módulo de v(t), i.e. ||v(t)||. Plote também os produtos cartesianos das coordenadas do vetor de estados, i.e. N₀ × N₁, N₀ × N₂, etc., de maneira similar aos gráficos de borboleta das equações de Lorenz. Faça também uma simulação dinâmica usando os recursos explicados em aula.
- 3. Valendo dois pontos extras na **média final**, apresente e implemente um segundo modelo de sua escolha e compare com o modelo deste EP2.

1.7 Entrega

A entrega do EP consistirá no envio ("upload" até 23h55m do dia indicado no e-disciplinas), via e-disciplinas, de um arquivo zip contendo:

- Relatório PDF no formato definido no template https://www.ime.usp.br/~cesar/courses/mac0209/template-relatorio-mac0209.zip. Você pode usar o latex do https://www.overleaf.com/ ou qualquer variação.
- Jupyter Notebook contendo descrição e códigos das análise e simulações.
- Planilhas em fomato CSV dos dados.

2 Plágio

Plágio é a copia/modificação não autorizada e/ou sem o conhecimento do autor original. O plágio é um problema grave que pode levar até a expulsão do aluno da universidade. Leia o Código de Ética da USP (em particular, a seção V):http://www.mp.usp.br/sites/default/files/arquivosanexos/codigo_de_etica_da_usp.pdf.

Referências

[Sonnino, 2020] Sonnino, Giorgio. (2020). Dynamics of the COVID-19 - Comparision between the Theoretical Predictions and the Real Data. https://arxiv.org/abs/2003.13540.