

Relatório do EP2 de MAC0209 - IME - USP

Lara Ayumi Nagamatsu - Lucy Anne de Omena Evangelista
NUSP: 9910568 - 11221776

29 de junho de 2020

Resumo

O desenvolvimento de modelagens e de simulações para fenômenos naturais ou comportamentos cotidianos é importante em diversas áreas de conhecimento, e tem destaque especial naquelas que se relacionam diretamente com o comportamento da sociedade (área médica, de ciências sociais, políticas públicas e etc.). Nesse contexto e em meio à pandemia do COVID-19, este exercício programa tem como objetivo compreender o processo de modelagem do contágio do vírus, e simular o alastramento do mesmo em diferentes condições para diferentes populações independentes (denominadas ilhas). São realizadas simulações individuais e cruzadas, e é possível observar semelhanças e diferenças na dinâmica de contágio para as diferentes populações.

Sumário

1	Introdução	2
1.1	Motivação	2
1.2	Objetivos	2
2	Materiais e métodos	2
3	Resultados Experimentais	3
3.1	Aproximação por Método de Euler	3
3.2	Parte 1 - Única população	4
3.3	Parte 2 - Cinco populações	4
4	Conclusão	9

1 Introdução

A epidemia do novo coronavírus surgiu de forma avassaladora e imprevisível para a população mundial como um todo. Muitas pessoas já tiveram suas vidas diretamente afetadas pelo vírus, mas é inegável que ainda mais indivíduos podem se tornar vítimas dessa doença. Dessa forma, o potencial de alastramento da COVID-19 serve comprovadamente como um risco para a humanidade.

Assim, este EP foi proposto como uma forma de análise sobre o potencial de transmissão do novo coronavírus a partir dos materiais aprendido em aula.

1.1 Motivação

A importância deste estudo reside na observação do potencial de propagação do novo coronavírus dentro de populações. Aproveitando o contexto de realização da matéria de Modelagem e Simulação, acreditamos ser importante conseguir identificar e modelar fenômenos cotidianos com ferramentas computacionais para que, desta forma, consigamos auxiliar profissionais e tomadores de decisão na resolução de problemas que impactam a sociedade.

1.2 Objetivos

O objetivo principal deste EP é simular o alastramento da COVID-19 sob civilizações em condições variadas a partir da utilização do método de Euler sob equações diferenciais que modelam o comportamento do vírus. Por partes, nós temos os seguintes objetivos específicos:

- Aplicar a aproximação por método de Euler nas equações de evolução do contágio do vírus SARS-CoV-2;
- Simular a evolução do contágio do vírus para uma população, por meio de gráficos e de uma simulação dinâmica;
- Simular a evolução do contágio do vírus para cinco populações, por meio de gráficos e de uma simulação dinâmica;
- Comparar a evolução do contágio do vírus entre as cinco populações estudadas, verificando quais devem ser os fatores de interesse que diferem os diferentes comportamentos observados.

2 Materiais e métodos

Para a realização deste exercício programa, foi utilizada a linguagem Python a partir de um Jupyter Notebook nomeado como EP2_Modelagem&Simulação. As atividades realizadas estão descritas na imagem 1.

O tempo disponível para realização da tarefa é o de 4 semanas fechadas, iniciando-se na semana do dia 2 de junho e terminando no dia 30 do mesmo mês. Foi desenvolvido um cronograma para realização das tarefas de acordo com o tempo esperado, e é mostrado na figura 2.

Programação das atividades			
Atividades	Duração	Início	Término
Discussão sobre organização do projeto	2 semanas	Semana 1	Semana 2
Desenvolvimento de simulações	3 semanas	Semana 2	Semana 4
Desenvolvimento das animações	3 semanas	Semana 3	Semana 5
Organização do código	2 semanas	Semana 4	Semana 5
Preparação de relatório final	2 semanas	Semana 4	Semana 5
Revisão do relatório, notebook e resultados	1 semana	Semana 5	Semana 5

Figura 1: Organização das atividades.

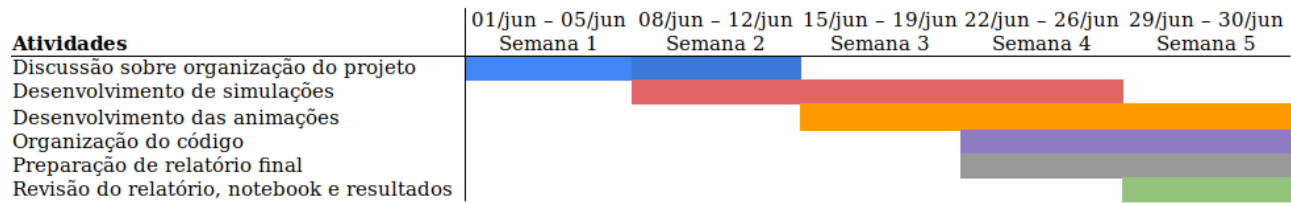


Figura 2: Cronograma das atividades.

3 Resultados Experimentais

3.1 Aproximação por Método de Euler

A fórmula dinâmica da COVID-19 adaptada pelo método de Euler é dada por

$$* \frac{dN}{dt} = \frac{N_{t+1} - N_t}{dt} \rightarrow N_{t+1} = N_t + \left[\alpha \left(1 - \frac{N}{\eta t^2} \right) N - \left(\frac{2\lambda t^2 - 1}{t} - \frac{\lambda(t_0)^2}{t} e^{-\lambda(t-t_0)^2} \right) N \right] dt \quad (1)$$

seja $N = N_t$, temos

$$*N_{t+1} = N_t + \left[\alpha \left(1 - \frac{N_t}{\eta t^2} \right) N_t - \left(\frac{2\lambda t^2 - 1}{t} - \frac{\lambda(t_0)^2}{t} e^{-\lambda(t-t_0)^2} \right) N_t \right] dt \quad (2)$$

para 'dt' o passo, 't' o tempo transcorrido até o momento, ' N_t ' o número de pessoas em um momento t e ' N_{t+1} ' o número de pessoas em um passo a mais de N_t (t+1).

3.2 Parte 1 - Única população

Os dados utilizados para se realizar os experimento da parte 1 foram retirados do artigo de Sonnino e Nardone [1]. O caso utilizado foi o da Itália, cujos parâmetros são: $t_0 = 70.6$; $\lambda = 0.014$; $\alpha = 2t_0\lambda$; e $\eta = 60.5$. $N_0 = 1$ foi escolhido como o número de infectados inicial e $dt = 1$ é o passo. Com esses parâmetros, adquirimos o gráfico 3.

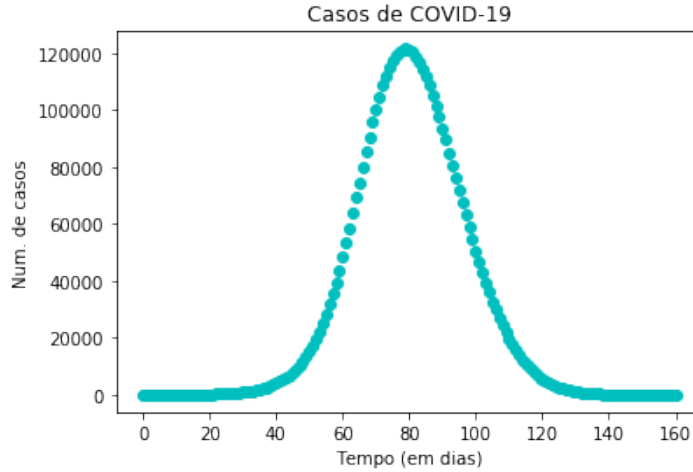


Figura 3: Gráfico da simulação para $t_0 = 70.6$, $\lambda = 0.014$, $\alpha \approx 0.2$ e $\eta = 60.5$.

Também foi feita uma simulação dinâmica para este caso, que pode ser verificado no arquivo notebook enviado.

3.3 Parte 2 - Cinco populações

Com base nos dados do artigo [1] sobre a Itália, Bélgica e Luxemburgo, foram estimados intervalos para a geração dos dados para o cálculo das simulações. A partir de uma semente ($seed = 100$), geramos os dados de λ (de 0.001 a 0.005), t_0 (de 30 a 90) e de A (de 600 a 2500). Como $\alpha = 2t_0\lambda$, os outros dados determinam seu valor. Dado um intervalo de tempo de 0 a 140 dias, os gráficos da figura 4 foram encontrados. Esse intervalo foi escolhido para que se consiga chegar ao ponto onde não há mais infectados pelo coronavírus.

Verificando as imagens das cinco ilhas na figura 4 é difícil verificar qualitativamente o quanto as curvas de contágio diferem entre si. A maior mudança observada é a do formato da curva da ilha dois em relação às demais, e o deslocamento do para a esquerda da ilha quatro.

Com isso, a figura 5 apresenta N_0, N_1, N_2, N_3 e N_4 sob o mesmo gráfico. Há uma animação dinâmica da evolução da contaminação contida no notebook entregue em conjunto com o relatório.

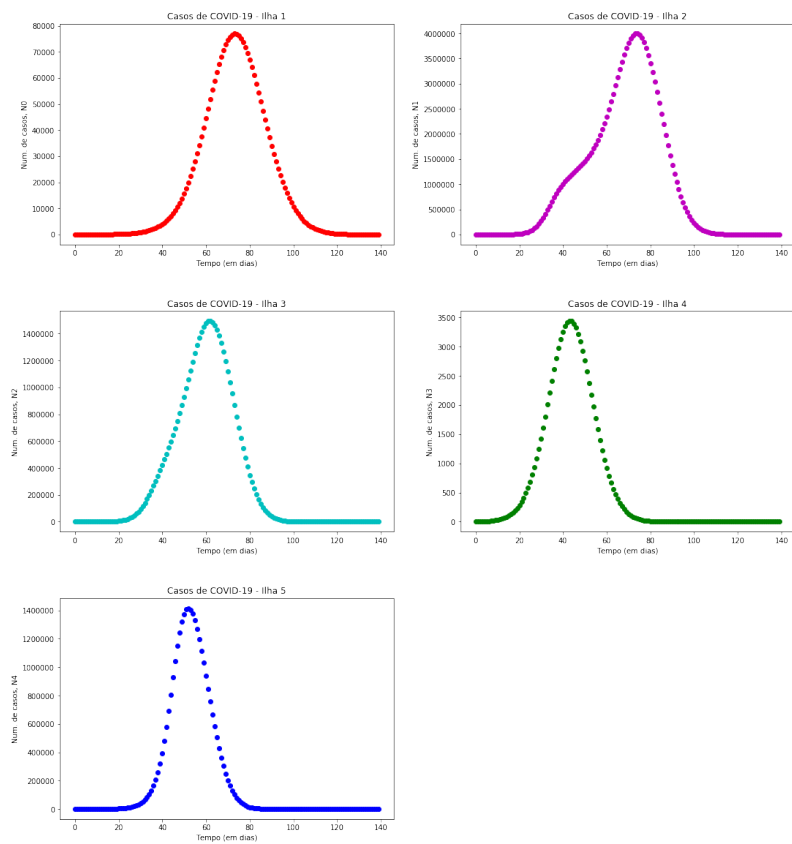


Figura 4: Gráficos encontrados com a semente = 100

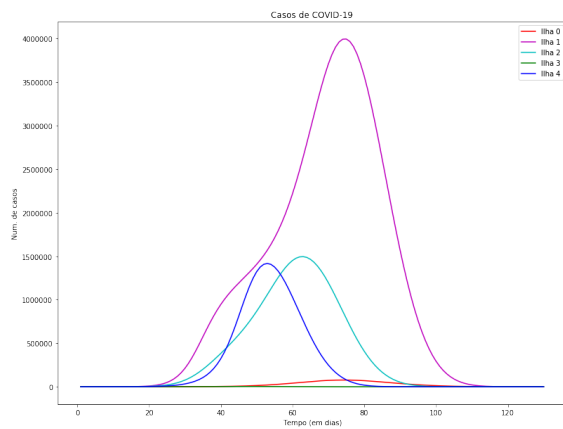


Figura 5: Comparação dos Gráficos da figura 4

A simulação para o módulo do vetor de estados resultou no gráfico da figura 6.

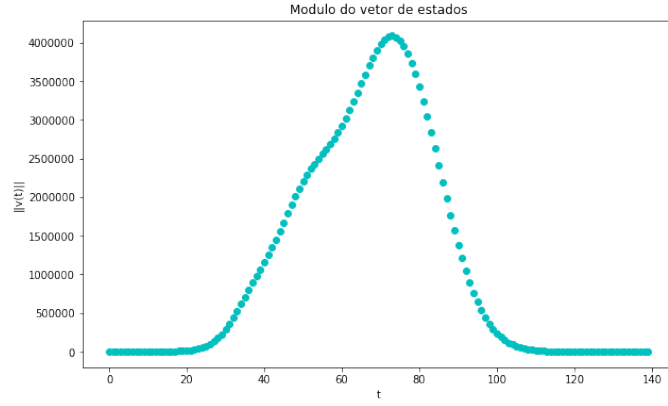


Figura 6: Gráfico de $||v(t)||$

Por fim, os gráficos resultantes do mapeamento de $N_i x N_j$, sendo $i \neq j$ assumindo valores de 0 a 4, encontram-se nas figuras 7, 8, 9, 10 e 11.

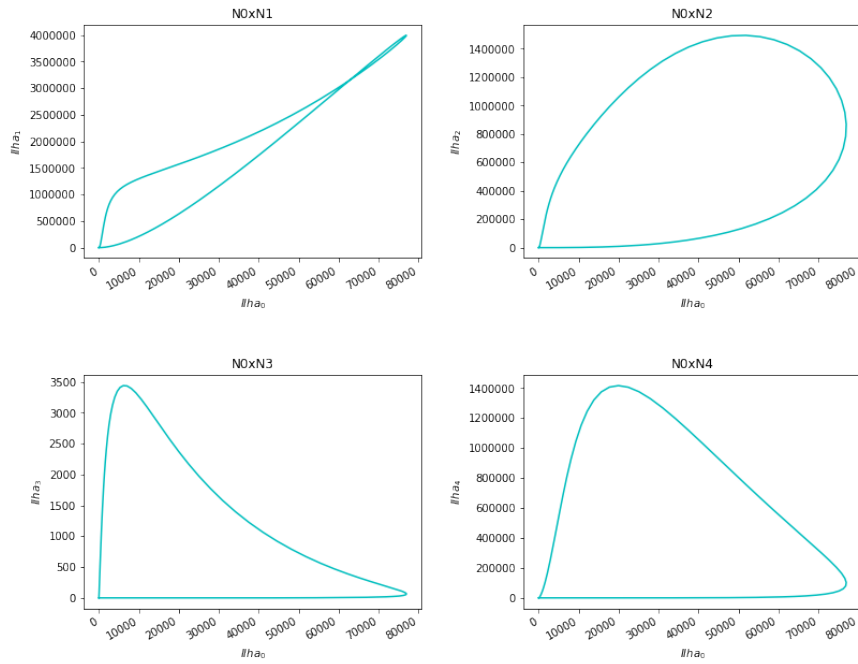


Figura 7: Gráfico de $N_0 x N_i$, $i = 1, 2, 3$ e 4

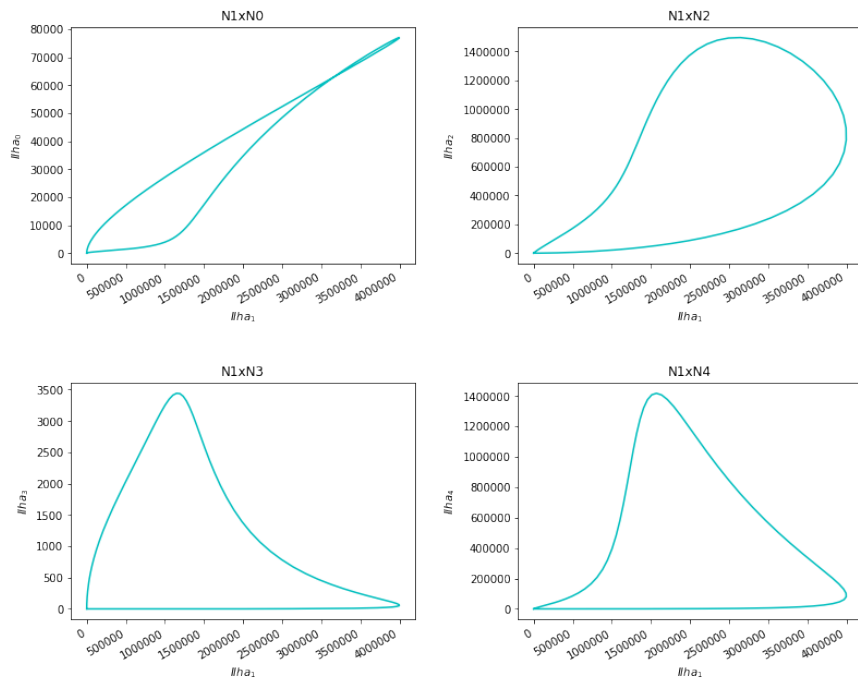


Figura 8: Gráfico de $N_1 x N_i$, $i = 0, 2, 3$ e 4

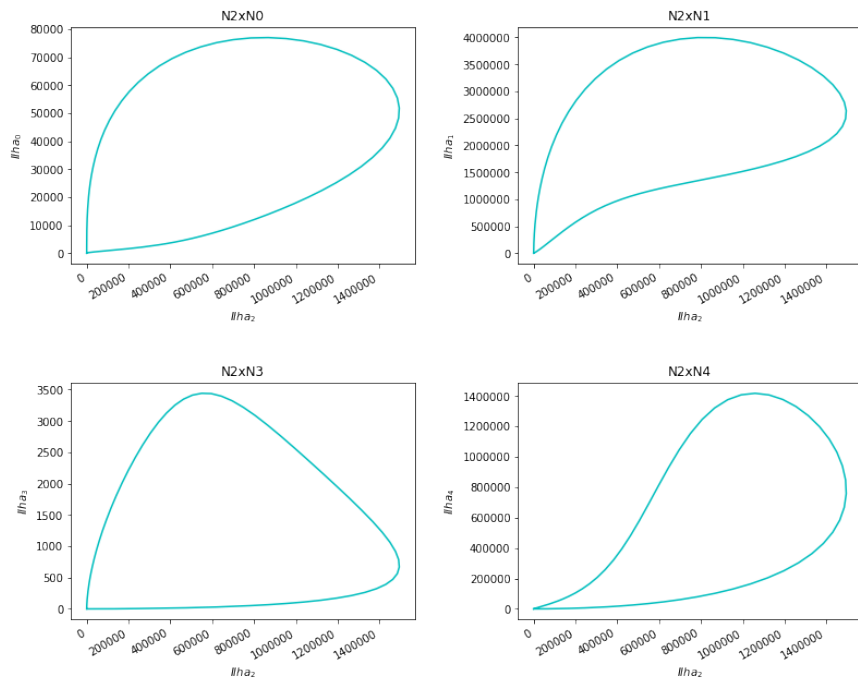


Figura 9: Gráfico de $N_2 x N_i$, $i = 0, 1, 3$ e 4

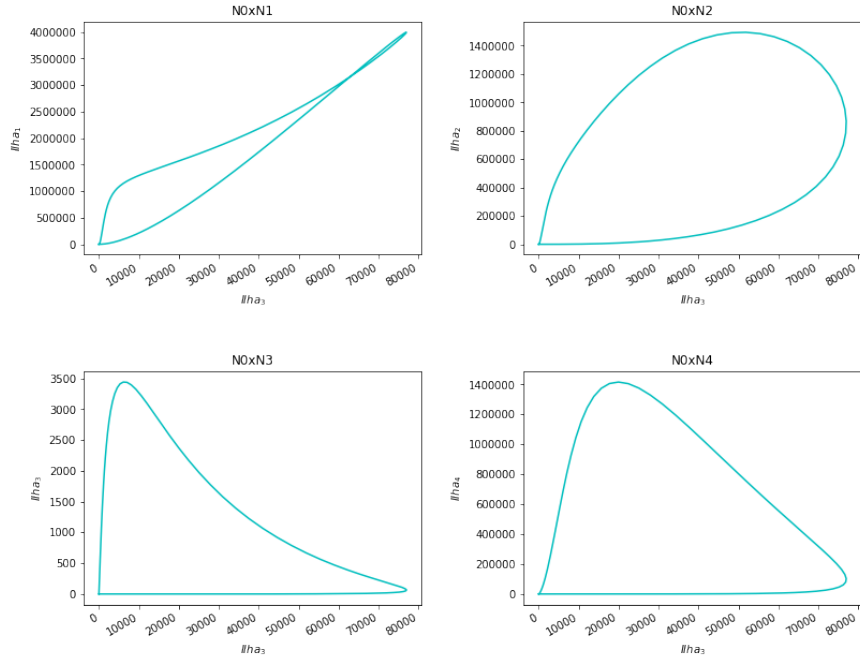


Figura 10: Gráfico de N_3xN_i , $i = 0, 1, 2$ e 4

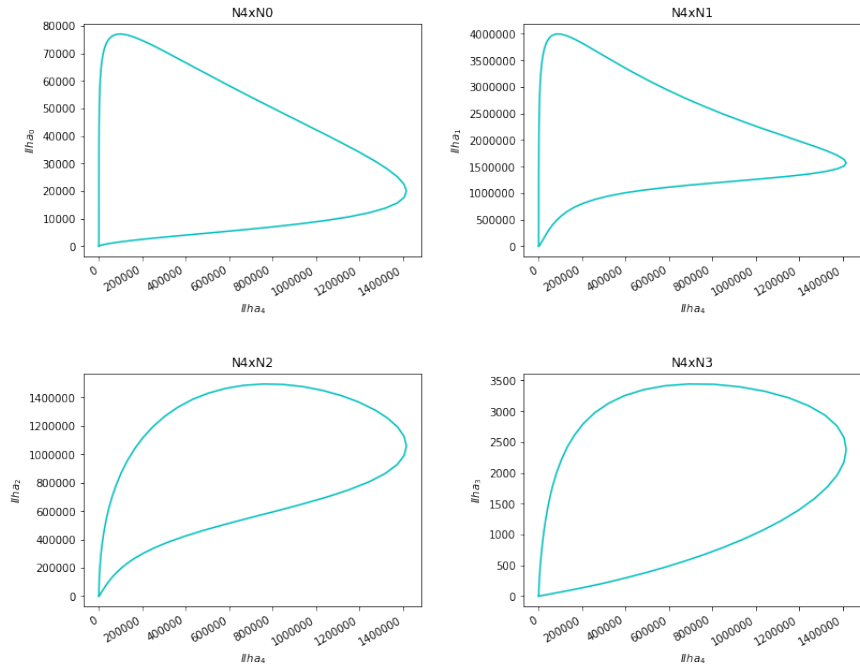


Figura 11: Gráfico de N_4xN_i , $i = 0, 1, 2$ e 3

4 Conclusão

Com a realização deste exercício programa foi possível verificar como se comporta o padrão de contágio por COVID-19 em determinada população de acordo com parâmetros $\lambda, \alpha, \eta, t_0$.

Verificamos que dependendo das condições iniciais (lockdown, quarentena, etc.) conseguimos dados muito diferentes. Pensando que, em todos os casos o início dos testes começou com apenas uma pessoa, e vendo que em alguns casos chegamos em 4.000.000 pessoas infectadas, o potencial de transmissão da COVID-19 é inquestionavelmente muito alto. É importante notar que nos estudos realizados, todos os gráficos chegaram no pico antes dos 100 primeiros dias, reforçando o comportamento observado.

Olhando para os resultados deste relatório, na imagem 6, onde é mostrada a evolução de contágio para as 5 ilhas diferentes, é possível verificar o quanto elas são diferentes mesmo que no gráfico anterior (figura 4) elas apresentassem basicamente o mesmo comportamento. Com isso percebemos o quanto é importante a análise comparativa da evolução e contágio para diferentes populações. Mesmo que o comportamento seja semelhante, é difícil dizer, por exemplo, qual será o pico máximo de uma ilha dado o que se sabe de outra.

É interessante destacar que a ilha 2 que possuiu comportamento levemente diferente do que as demais, apresenta uma desaceleração na quantidade de contágios por volta de $t = 40$, que volta a subir em seguida. Este caso pode indicar uma ilha onde as medidas de prevenção de contágio foram interrompidas, não cumpridas ou mal estabelecidas. De tal forma foi o contágio de pessoas nessa ilha que quando observamos o módulo do vetor de estados de todas as ilhas na figura 6 verificamos que o formato da sua curva prevalece.

Contribuições dos Autores

Lara foi principal responsável pelo desenvolvimento das simulações, principais gráficos comparativos e desenvolvimento da estrutura do relatório. Lucy foi principal responsável pelas animações, pelas conclusões do relatório e revisão do código.

Referências

- [1] Giorgio Sonnino and Pasquale Nardone: Dynamics of the COVID-19
<https://arxiv.org/pdf/2003.13540.pdf>