

Modelagem Epidemiológica do COVID-19

Modelo SIR/SEIR “0D” e “2D”

Força tarefa do ITA para simulação avançada do COVID-19

Instituto Tecnológico de Aeronáutica

Departamento de Física

Relatório para comunicação das investigações teóricas voltadas à modelagem epidemiológica do COVID-19. Versão 3.0.

23 de março de 2020

Sumário

1	Objetivo	1
2	Desenvolvimento Teórico - Modelo 0-D	1
2.1	Modelo SIR	1
2.2	Modelo SEIR	2
2.3	Modelo SEAIR	3
3	Desenvolvimento Teórico - Propagação epidêmica sobre um território	3
3.1	SIR - Espacial	5
3.2	SEIR - Espacial	5
3.3	Modelagem dos fluxos populacionais	6
3.4	Transformação para cidades/microrregiões	7
3.5	Inclusão de faixa etária	8
3.5.1	Modelo “0D” com faixas etárias	10
3.5.2	Matriz de contato	12
3.6	Cenários	13
3.6.1	Nenhuma intervenção	13
3.6.2	Fechamento de escola apenas	13
3.6.3	Fechamento de escola e distanciamento social	13
3.6.4	Fechamento de escola, distanciamento no trabalho e distanciamento social	13
3.6.5	Prescrição para outros cenários	13
4	Ajuste de parâmetros por MMQ - modelos 0D SIR, SEIR e SEAIR	14
4.1	China - SIR	15
4.2	Brasil - SIR	16
4.3	China - SEIR	17
4.4	Brasil - SEIR	17
4.5	China - SEAIR	17
4.6	Brasil - SEAIR	17

1 Objetivo

A presente versão deste relatório tem como objetivo a rápida comunicação da modelagem matemática para a descrição quantitativa da propagação da contaminação pelo COVID-19. Apresento dois tipos de modelo. O primeiro, mais simples, é um modelo global, pois considera a população como um todo e despreza a dinâmica local e a difusão territorial da epidemia. O segundo modelo resulta de um esforço para modelar a dinâmica espacial do vírus sobre o território de um país. A razão para considerar os dois casos está no fato de que o primeiro é de rápida implementação e permite captar as características gerais do problema. O segundo é mais realista, mas de implementação mais dispendiosa.

A abordagem “0-D” segue o padrão conhecido como SIR (susceptible-infected-recovered) e SEIR (susceptible-exposed-infected-recovered) (seção 2). Nós mostramos como essas abordagens podem ser extendidas para incluir a propagação regional das doenças infecciosas (seção 3).

2 Desenvolvimento Teórico - Modelo 0-D

2.1 Modelo SIR

No modelo SIR considera-se a evolução temporal da população susceptível (S), infectada (I) e recuperada (R). As equações diferenciais que regem a variação dessas populações é dada por

$$\frac{dS}{dt} = \Lambda N - \mu_{eq}S - \beta \frac{S}{N}I \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{S}{N}I - (\mu + \gamma)I \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu_{eq}R \quad (3)$$

$$\frac{dN}{dt} = \Lambda N - \mu_{eq}N - \mu_{cov}I \quad (4)$$

$$N = S + I + R \quad (5)$$

onde $\mu = \mu_{eq} + \mu_{cov}$ é a taxa de mortalidade total, composta da taxa de mortalidade de equilíbrio, μ_{eq} , mais a taxa de mortalidade da infecção pelo COVID-19, μ_{cov} . Os

outros parâmetros são Λ , taxa de natalidade, β , taxa de contaminação e γ , taxa de recuperação. Note que a equação (4) resulta da soma das equações (1) a (3), não sendo portanto linearmente independente delas. Trata-se da equação para a população total em sua forma mais geral, admitindo aumento da população por conta da taxa de natalidade e diminuição por conta da taxa de mortalidade. As simplificações mais usuais habitualmente consideram uma situação de equilíbrio; no entanto, pelo conhecimento prévio sobre a doença, acredito ser necessário avaliar o impacto sobre a taxa de mortalidade.

2.2 Modelo SEIR

No modelo SEIR considera-se a evolução temporal da população susceptível (S), exposta(E), infectada (I) e recuperada (R). As equações diferenciais que regem a variação dessas populações é dada por

$$\frac{dS}{dt} = \Lambda N - \mu_{eq}S - \beta \frac{S}{N}I \quad (6)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta \frac{S}{N}I - (\mu_{eq} + a)E \quad (7)$$

$$\frac{dI}{dt} = aE - (\mu + \gamma)I \quad (8)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu_{eq}R \quad (9)$$

$$\frac{dN}{dt} = \Lambda N - \mu_{eq}N - \mu_{cov}I \quad (10)$$

$$N = S + E + I + R \quad (11)$$

onde $\mu = \mu_{eq} + \mu_{cov}$ é a taxa de mortalidade total, composta da taxa de mortalidade de equilíbrio, μ_{eq} , mais a taxa de mortalidade da infecção pelo COVID-19, μ_{cov} . Nesta equação foi introduzido o parâmetro a , isto é, a taxa de conversão de indivíduos expostos para infectados. Note que a equação (17) resulta da soma das equações (12) a (16), não sendo portanto linearmente independente delas. As mesmas considerações feitas anteriormente se aplicam a este caso.

2.3 Modelo SEAIR

No modelo SEAIR tem sido utilizado frequentemente na literatura recente sobre o COVID-19, e consiste basicamente na introdução de uma nova variável dinâmica, a dos assintomáticos ou sub-clínicos. Os assintomáticos também podem infectar e também provêm dos expostos, mas tem uma taxa de infecção menor, nenhuma mortalidade e em tese podem ter uma taxa de recuperação menor. Nesse caso, as equações dinâmicas podem ser escritas como:

$$\frac{dS}{dt} = \Lambda N - \mu_{eq}S - \beta \frac{S}{N}I - \alpha\beta \frac{S}{N}A \quad (12)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta \frac{S}{N}I + \alpha\beta \frac{S}{N}A - (\mu_{eq} + a)E \quad (13)$$

$$\frac{dI}{dt} = a\rho E - (\mu_{eq} + \mu_{cov} + \gamma)I \quad (14)$$

$$\frac{dA}{dt} = a(1 - \rho)E - (\mu_{eq} + \gamma^{(A)})A \quad (15)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + \gamma^{(A)}I - \mu_{eq}R \quad (16)$$

$$\frac{dN}{dt} = \Lambda N - \mu_{eq}N - \mu_{cov}I \quad (17)$$

$$N = S + E + A + I + R \quad (18)$$

nesse modelo, é introduzido o fator α , que representa o quanto a infectividade do assintomático é menor do que a do simptomático (α deve ser um valor positivo menor ou igual a 1), e a probabilidade ρ , que é a probabilidade de um exposto se tornar sintomático.

3 Desenvolvimento Teórico - Propagação epidêmica sobre um território

A generalização para considerar a propagação espacial (ou territorial) se baseia na equação da continuidade. Nesse caso, vamos trabalhar com a área total A_T de um território (digamos, o território brasileiro), e discretizá-lo em partes de igual área, A_i , que chamaremos de elemento de área. A forma das áreas é arbitrária, contanto que tenham sempre a mesma área, mas por simplificação podemos imaginá-la como

sendo um quadrado. Cada elemento área A_i pode ser caracterizada pela coordenada geográfica central (latitude e longitude).

Em poucas palavras, o problema se resumirá a calcular a evolução das populações dentro dos elementos de área, levando-se em conta o fluxo da população para dentro e para fora dela. Antes disso, vamos introduzir alguma notação e definições importantes:

$A_T :=$ ‘Área total do território.’

$A_i :=$ ‘ i -ésimo elemento de área. Seu valor é simplesmente A .’

$$A_T = \sum_i A_i$$

$s_i = \frac{S}{A_i} :=$ ‘densidade de pessoas susceptíveis no i -ésimo elemento de área.’

$e_i = \frac{E}{A_i} :=$ ‘densidade de pessoas expostas no i -ésimo elemento de área.’

$y_i = \frac{I}{A_i} :=$ ‘densidade de pessoas infectadas no i -ésimo elemento de área.’

$r_i = \frac{r}{A_i} :=$ ‘densidade de pessoas recuperadas no i -ésimo elemento de área.’

$n_i = \frac{N}{A_i} :=$ ‘densidade total de pessoas no i -ésimo elemento de área.’

$\Gamma_n(A_i) :=$ ‘fluxo total de indivíduos através do i -ésimo elemento de área.’

$\Gamma_s(A_i) :=$ ‘fluxo de indivíduos susceptíveis através do i -ésimo elemento de área.’

$\Gamma_e(A_i) :=$ ‘fluxo de indivíduos expostos através do i -ésimo elemento de área.’

$\Gamma_y(A_i) :=$ ‘fluxo de indivíduos infectados através do i -ésimo elemento de área.’

$\Gamma_r(A_i) :=$ ‘fluxo de indivíduos recuperados através do i -ésimo elemento de área.’

Os fluxos tem tanto um contribuição positiva, isto é, de indivíduos que se deslocam de fora para dentro, $\Gamma^{\text{in}}(A_i)$, quanto uma contribuição negativa, isto é, de indivíduos que se deslocam de dentro para fora, $-\Gamma^{\text{out}}(A_i)$. Qualquer um dos fluxos acima definidos podem ser escritos como:

$$\Gamma_k(A_i) = \Gamma_k^{\text{in}}(A_i) - \Gamma_k^{\text{out}}(A_i)$$

onde k é índice que simplesmente representa uma das variáveis populacionais, isto é, $k = n, s, e, y, r$. Chamamos a atenção também para o fato de que o fluxo da população total é igual a soma dos fluxos de suas parcelas, isto é,

$$\Gamma_n(A_i) = \Gamma_s(A_i) + \Gamma_e(A_i) + \Gamma_y(A_i) + \Gamma_r(A_i) . \quad (19)$$

No modelo SIR basta omitir o segundo termo da soma. Vamos mostrar como esses fluxos podem ser modelados nas seções seguintes.

3.1 SIR - Espacial

As equações de taxa agora devem ser resolvidas para cada elemento de área, considerando-se os fluxos de saída e entrada.

$$\frac{ds_i}{dt} = \frac{\Gamma_s(A_i)}{A} + \Lambda n_i - \mu_{eq} s_i - \beta \frac{s_i}{n_i} y_i \quad (20)$$

$$\frac{dy_i}{dt} = \frac{\Gamma_y(A_i)}{A} + \beta \frac{s_i}{n_i} y_i - (\mu + \gamma) y_i \quad (21)$$

$$\frac{dr_i}{dt} = \frac{\Gamma_r(A_i)}{A} + \gamma y_i - \mu_{eq} r_i \quad (22)$$

$$\frac{dn_i}{dt} = \frac{\Gamma_n(A_i)}{A} + \Lambda n_i - \mu_{eq} n_i - \mu_{cov} y_i \quad (23)$$

$$n_i = s_i + y_i + r_i \quad (24)$$

Para obter a população de uma determinada parcela em todo território brasileiro, digamos, do número total de infectados, basta somar sobre todos os elementos de área e multiplicar o resultado pelo valor do elemento de área, *i.e.*

$$s = A \sum_i s_i \quad (25)$$

O acoplamento entre os diversas elementos de área é regido pelos fluxos de entrada, que como veremos mais a frente, é função dos fluxos de saída dos outros elementos de área.

3.2 SEIR - Espacial

As equações para o modelo SEIR podem ser escritas como

$$\frac{ds_i}{dt} = \frac{\Gamma_s(A_i)}{A} + \Lambda n_i - \mu_{eq} s_i - \beta \frac{s_i}{n_i} y_i \quad (26)$$

$$\frac{de_i}{dt} = \frac{\Gamma_e(A_i)}{A} + \beta \frac{s_i}{n_i} y_i - (\mu_{eq} + a) e_i \quad (27)$$

$$\frac{dy_i}{dt} = \frac{\Gamma_y(A_i)}{A} + a e_i - (\mu + \gamma) y_i \quad (28)$$

$$\frac{dr_i}{dt} = \frac{\Gamma_r(A_i)}{A} + \gamma y_i - \mu_{eq} r_i \quad (29)$$

$$\frac{dn_i}{dt} = \frac{\Gamma_n(A_i)}{A} + \Lambda n_i - \mu_{eq} n_i - \mu_{cov} y_i \quad (30)$$

$$n_i = s_i + e_i + y_i + r_i \quad (31)$$

É importante considerar que os parâmetros do modelo podem agora ser considerados localmente, levando-se em conta as peculiaridades de cada região do território nacional.

3.3 Modelagem dos fluxos populacionais

O fluxo total de saída em um elemento de área i pode ser prescrito, com base em conhecimento prévio sobre a região, ou por meio de algum tipo de modelo. É razoável considerar, por exemplo, que o fluxo de saída é proporcional à densidade populacional:

$$\Gamma_n^{\text{out}}(A_i) = \xi n_i . \quad (32)$$

Sabendo o fluxo total, podemos considerar que os fluxos das parcelas é proporcional às parcelas, isto é,

$$\begin{aligned} \Gamma_s^{\text{out}}(A_i) &= \frac{s_i}{n_i} \Gamma_n^{\text{out}}(A_i) \\ \Gamma_e^{\text{out}}(A_i) &= \frac{e_i}{n_i} \Gamma_n^{\text{out}}(A_i) \\ \Gamma_y^{\text{out}}(A_i) &= \frac{y_i}{n_i} \Gamma_n^{\text{out}}(A_i) \\ \Gamma_r^{\text{out}}(A_i) &= \frac{r_i}{n_i} \Gamma_n^{\text{out}}(A_i) \end{aligned}$$

Para modelar os fluxos de entrada em um determinado elemento de área A_i , nós temos que considerar que todas os outros elementos de área contribuem para o fluxo.

Podemos escrever, de modo geral, o fluxo de entrada total em um elemento de área A_i como

$$\Gamma_n^{\text{in}}(A_i) = \sum_{j \neq i} f(d_{ij}) \Gamma_n^{\text{out}}(A_j) \quad (33)$$

onde a soma é feita sobre todo os elementos de área, menos o elemento i , d_{ij} é a distância entre o elemento de área j e i e $f(d_{ij})$ é uma função decrescente de d_{ij} . Essa função deve ter a seguinte propriedade

$$\sum_{i \neq j} f(d_{ij}) = 1 \quad (34)$$

A função $f(d_{ij})$ deve ser interpretada como a fração do fluxo de população em A_j que se desloca para A_i . Os fluxos parciais também podem ser considerados proporcionais às parcelas populacionais, ou seja,

$$\begin{aligned} \Gamma_s^{\text{in}}(A_i) &= \sum_{j \neq i} \frac{s_j}{n_j} f(d_{ij}) \Gamma_n^{\text{out}}(A_j) \\ \Gamma_e^{\text{in}}(A_i) &= \sum_{j \neq i} \frac{e_j}{n_j} f(d_{ij}) \Gamma_n^{\text{out}}(A_j) \\ \Gamma_y^{\text{in}}(A_i) &= \sum_{j \neq i} \frac{y_j}{n_j} f(d_{ij}) \Gamma_n^{\text{out}}(A_j) \\ \Gamma_r^{\text{in}}(A_i) &= \sum_{j \neq i} \frac{r_j}{n_j} f(d_{ij}) \Gamma_n^{\text{out}}(A_j) \end{aligned}$$

3.4 Transformação para cidades/microrregiões

No modelo apresentado anteriormente, definimos um elemento de área arbitrário do território nacional. Note que as equações diferenciais desse modelo podem ser escritas independentemente do valor da área, bastando multiplicá-las membro a membro pela densidade A . Em geral, podemos trabalhar com o número total de municípios ou microrregiões em vez de trabalhar com elementos de área arbitrários. Tal abordagem facilita a implementação, a integração das informações do IBGE e a interpretação dos resultados. As equações, nessa abordagem, tomam a seguinte forma¹:

¹A partir desse ponto, vamos escrever as equações sempre no formalismo SEIR.

$$\frac{dS_i}{dt} = \Gamma_i^s + \Lambda N_i - \mu_{eq} S_i - \beta \frac{S_i}{N_i} I_i \quad (35)$$

$$\frac{dE_i}{dt} = \Gamma_i^e + \beta \frac{S_i}{N_i} I_i - (\mu_{eq} + a) E_i \quad (36)$$

$$\frac{dI_i}{dt} = \Gamma_i^y + a E_i - (\mu + \gamma) I_i \quad (37)$$

$$\frac{dR_i}{dt} = \Gamma_i^r + \gamma I_i - \mu_{eq} R_i \quad (38)$$

$$\frac{dN_i}{dt} = \Gamma_i^n + \Lambda N_i - \mu_{eq} N_i - \mu_{cov} I_i \quad (39)$$

$$N_i = S_i + E_i + I_i + R_i \quad (40)$$

Agora cada população ou parcela populacional (S_i, E_i, I_i, R_i) é indexada pela i -ésima microrregião ou i -ésimo município. A interpretação para os fluxos e para a função $f(d_{i,j})$ é análoga ao caso anterior. Note também que mudamos a notação do fluxo; o sub-índice i indica a microrregião/município e o índice superescrito indica a parcela populacional.

3.5 Inclusão de faixa etária

A inclusão da faixa etária pode ser realizada a partir da quebra da população em estratos de faixa etária. Dessa forma, uma dada variável de população, digamos, a população total $N_{i,k}$, é agora indexada pela sua i -ésima microrregião e sua k -ésima faixa etária. No Brasil, por exemplo, temos $M = 558$ microrregiões e podemos, por exemplo, trabalhar com faixas etárias espaçadas em cinco anos até 80 ou mais, totalizando $Q = 17$ faixas etárias. Considerando que temos quatro parcelas populacionais (S, E, I, R) , teremos no total $4 \times 558 \times 17 = 37944$ variáveis dependentes do tempo e $\times 558 \times 17 = 9486$ sistemas de equações diferenciais ordinárias a resolver. Apesar de parecer muito, é um cálculo factível para os padrões computacionais atuais. Antes de escrever as equações, é necessário introduzir uma nova notação.

$S_{ik} :=$ ‘número de indivíduos susceptíveis na i -ésima região e k -ésima faixa etária.’
 $E_{ik} :=$ ‘número de indivíduos expostos na i -ésima região e k -ésima faixa etária.’
 $I_{ik} :=$ ‘número de indivíduos infectados na i -ésima região e k -ésima faixa etária.’
 $R_{ik} :=$ ‘número de indivíduos recuperados na i -ésima região e k -ésima faixa etária.’
 $N_{ik} :=$ ‘número total de indivíduos na i -ésima região e k -ésima faixa etária.’

$\Gamma_{ik}^n :=$ ‘fluxo total de indivíduos através da i -ésima região, na k -ésima faixa etária.’
 $\Gamma_{ik}^s :=$ ‘fluxo total de susceptíveis através da i -ésima região, na k -ésima faixa etária.’
 $\Gamma_{ik}^e :=$ ‘fluxo total de expostos através da i -ésima região, na k -ésima faixa etária.’
 $\Gamma_{ik}^y :=$ ‘fluxo total de infectados através da i -ésima região, na k -ésima faixa etária.’
 $\Gamma_{ik}^r :=$ ‘fluxo total de recuperados através da i -ésima região, na k -ésima faixa etária.’

$$\begin{aligned}
 S_i &= \sum_k S_{ik} & ; & & \Gamma_i^s &= \sum_k \Gamma_{ik}^s \\
 E_i &= \sum_k E_{ik} & ; & & \Gamma_i^e &= \sum_k \Gamma_{ik}^e \\
 I_i &= \sum_k I_{ik} & ; & & \Gamma_i^y &= \sum_k \Gamma_{ik}^y \\
 R_i &= \sum_k R_{ik} & ; & & \Gamma_i^r &= \sum_k \Gamma_{ik}^r \\
 N_i &= \sum_k N_{ik} & ; & & \Gamma_i^n &= \sum_k \Gamma_{ik}^n
 \end{aligned}$$

As equações podem então ser escritas como:

$$\frac{d}{dt}S_{ik} = \Gamma_{ik}^s + \delta_{1k}\Lambda_{ik}N_{ik} - \mu_{eq,ik}S_{ik} - \sum_j \beta_{i,kj} \frac{S_{ik}}{N_i} I_{ij} \quad (41)$$

$$\frac{d}{dt}E_{ik} = \Gamma_{ik}^e + \sum_j \beta_{i,kj} \frac{S_{ik}}{N_i} I_{ij} - (\mu_{eq,ik} + a_{ik})E_{ik} \quad (42)$$

$$\frac{d}{dt}I_{ik} = \Gamma_{ik}^y + a_{ik}E_{ik} - (\mu_{ik} + \gamma_{ik})I_{ik} \quad (43)$$

$$\frac{d}{dt}R_{ik} = \Gamma_{ik}^r + \gamma_{ik}I_{ik} - \mu_{eq,ik}R_{ik} \quad (44)$$

$$\frac{d}{dt}N_{ik} = \Gamma_{ik}^n + \delta_{1k}\Lambda_{ik}N_{ik} - \mu_{eq,ik}N_{ik} - \mu_{cov,ik}I_{ik} \quad (45)$$

$$N_{ik} = S_{ik} + E_{ik} + I_{ik} + R_{ik} \quad (46)$$

onde δ_{1k} é a função delta de Kronecker (1 se $k = j$ e 0 noutro caso) e $\beta_{i,kj}$ é a taxa de exposição que um indivíduo susceptível da faixa etária k tem a um indivíduo infectado da faixa etária j , na região i . Note na notação aqui adotada a dependência dos parâmetros com a região e faixa etária estão explicitadas por meio dos índices subscritos, por exemplo, $\mu_{eq,ik}$ é a taxa de mortalidade na faixa etária k na região i .

Em uma escala temporal maior do que a escala típica das epidemias, o envelhecimento da população produz um fluxo entre as faixas etárias, apenas positivo. Nas equação acima, não levamos em consideração esse fluxo contínuo, desprezível contanto que as faixas etárias não sejam mais estreitas do que um ano.

3.5.1 Modelo “0D” com faixas etárias

É possível escrever as equações SEIR considerando as faixas etárias, desconsiderando no entanto sua distribuição espacial. Isso pode ser útil em modelos globais em que a informação sobre as taxas de infecção por faixa etária é importante. Nesse caso, os índices subscritos indicam apenas a faixa etária, e não mais a região.

$$\frac{d}{dt}S_k = \delta_{1k}\Lambda_k N_k - \mu_{eq,k}S_k - \sum_j \beta_{kj} \frac{S_k}{N} I_j \quad (47)$$

$$\frac{d}{dt}E_k = \sum_j \beta_{kj} \frac{S_k}{N} I_j - (\mu_{eq,k} + a_k)E_k \quad (48)$$

$$\frac{d}{dt}I_k = a_k E_k - (\mu_k + \gamma_k)I_k \quad (49)$$

$$\frac{d}{dt}R_k = \gamma_k I_k - \mu_{eq,k}R_k \quad (50)$$

$$\frac{d}{dt}N_k = \delta_{1k}\Lambda_k N_k - \mu_{eq,ik}N_k - \mu_{cov,k}I_k \quad (51)$$

$$N_k = S_k + E_k + Y_k + R_k \quad (52)$$

O modelo SIR pode ser escrito como:

$$\frac{d}{dt}S_k = \delta_{1k}\Lambda_k N_k - \mu_{eq,k}S_k - \sum_j \beta_{kj} \frac{S_k}{N} I_j \quad (53)$$

$$\frac{d}{dt}I_k = \sum_j \beta_{kj} \frac{S_k}{N} I_j - (\mu_k + \gamma_k)I_k \quad (54)$$

$$\frac{d}{dt}R_k = \gamma_k I_k - \mu_{eq,k}R_k \quad (55)$$

$$\frac{d}{dt}N_k = \delta_{1k}\Lambda_k N_k - \mu_{eq,ik}N_k - \mu_{cov,k}I_k \quad (56)$$

$$N_k = S_k + Y_k + R_k \quad (57)$$

Por último, o modelo SEAIR:

$$\frac{d}{dt}S_k = \delta_{1k}\Lambda_k N_k - \mu_{eq,k}S_k - \sum_j \beta_{kj} \frac{S_k}{N} A_j - \sum_j \alpha_j \beta_{kj} \frac{S_k}{N} I_j \quad (58)$$

$$\frac{d}{dt}E_k = \sum_j \beta_{kj} \frac{S_k}{N} I_j + \sum_j \alpha_j \beta_{kj} \frac{S_k}{N} A_j - (\mu_{eq,k} + a_k)E_k \quad (59)$$

$$\frac{d}{dt}I_k = a_k \rho_k E_k - (\mu_k + \gamma_k)I_k \quad (60)$$

$$\frac{d}{dt}A_k = a_k(1 - \rho_k)E_k - (\mu_{k,eq} + \gamma_k^A)A_k \quad (61)$$

$$\frac{d}{dt}R_k = \gamma_k I_k + \gamma_k A_k - \mu_{eq,k}R_k \quad (62)$$

$$\frac{d}{dt}N_k = \delta_{1k}\Lambda_k N_k - \mu_{eq,ik}N_k - \mu_{cov,k}I_k \quad (63)$$

$$N_k = S_k + E_k + Y_k + R_k \quad (64)$$

3.5.2 Matriz de contato

Um dos grandes problemas está em calcular a matriz de β_{kj} . Essa matriz pode ser escrita como a probabilidade p de um contato resultar na infecção vezes a chamada matriz de contato C_{kj} . Essa matriz contabiliza o número de contatos que uma população da faixa k faz com uma população da faixa j . Felizmente, encontramos na literatura trabalhos recentes que calculam a matriz de contato para vários países, inclusive o Brasil (Prem *et al* [?]). Nesses trabalhos, a matriz de contato total resulta da soma de matriz de contato de casa C_{kj}^H , matriz de contato do trabalho C_{kj}^W , matriz de contato de escola C_{kj}^S e matriz de contato de outras origens C_{kj}^O

$$C_{kj} = C_{kj}^H + C_{kj}^W + C_{kj}^S + C_{kj}^O \quad (65)$$

Como não sabemos o valor de p , vamos trabalhar com o valor de β determinado pela regressão linear no início da curva, fixados todos os outros parâmetros do modelo. Nesse caso, nós precisamos escalar a matriz, primeiro normalizando-a

$$\tilde{C} = \frac{C}{\det C} \quad (66)$$

para então multiplicá-la por β . Se o β foi obtido a partir do modelo não estratificado, ele pode ser posteriormente refinado para reajustar a curva.

3.6 Cenários

3.6.1 Nenhuma intervenção

Deve-se utilizar a matriz de contato total dada pela equação 65.

3.6.2 Fechamento de escola apenas

$$C_{kj} = C_{kj}^H + C_{kj}^W + 0 \cdot C_{kj}^S + C_{kj}^O \quad (67)$$

3.6.3 Fechamento de escola e distanciamento social

$$C_{kj} = \mathbf{A} \cdot C_{kj}^H + C_{kj}^W + 0 \cdot C_{kj}^S + \mathbf{B} \cdot C_{kj}^O \quad (68)$$

onde \mathbf{A} é uma matriz diagonal, $A_{ii} = 1.5$ para $i = 1$ a 4 e $A_{ii} = 1.1$ para os outros valores de i , e \mathbf{B} é uma matriz diagonal, $B_{ii} = 0.5$ para $i = 1$ a 4 e $B_{ii} = 1.0$. Isso representa um aumento nos contatos de casa, sobretudo dos jovens (50%), e uma diminuição dos contatos de comunidade dos mais jovens (50%).

3.6.4 Fechamento de escola, distanciamento no trabalho e distanciamento social

$$C_{kj} = \mathbf{A} \cdot C_{kj}^H + \mathbf{D} \cdot C_{kj}^W + 0 \cdot C_{kj}^S + \mathbf{B} \cdot C_{kj}^O \quad (69)$$

onde \mathbf{D} é uma matriz diagonal, com $A_{ii} = 0.5$ qualquer que seja o $i = 1$. Ela representa uma diminuição de 50% dos contatos no trabalho. Para fechamento do trabalho, basta multiplicar a matriz de trabalho por 0.

3.6.5 Prescrição para outros cenários

Outros cenários são possíveis, como deixar em casa as pessoas de mais de 54 anos (idosos). Nesse caso, mantenha-se a matriz de contato em casa, e anule-se o bloco da matriz correspondente a faixa dos idosos. Para um *knock down* anule-se a matriz de trabalho e escola, multiplique-se por \mathbf{A} a matriz de casa e reduza-se em (50%) a

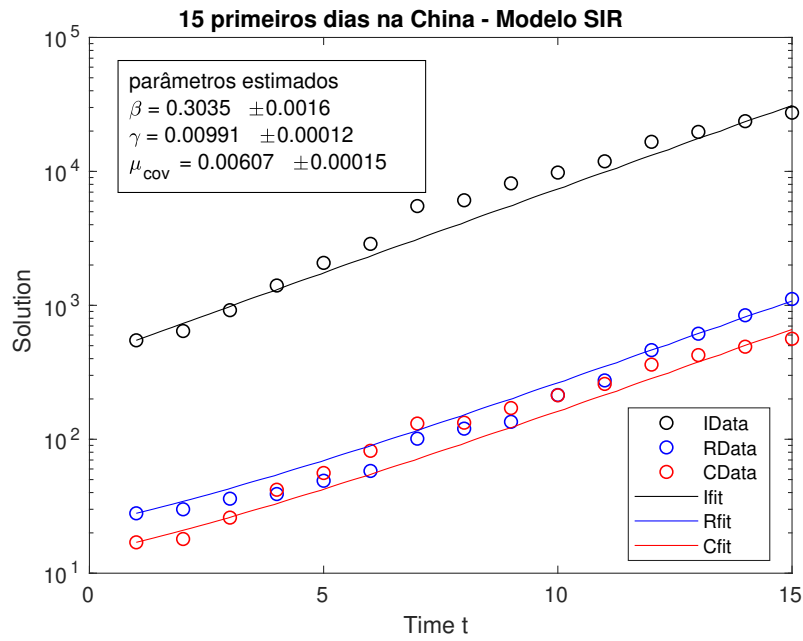
matriz comunitária, multiplicando-a por uma matriz diagonal com valores iguais a 0,5 .

Observação: a normalização ou procedimento de escalar a matriz deve ser feito após somar das matrizes não escalonadas.

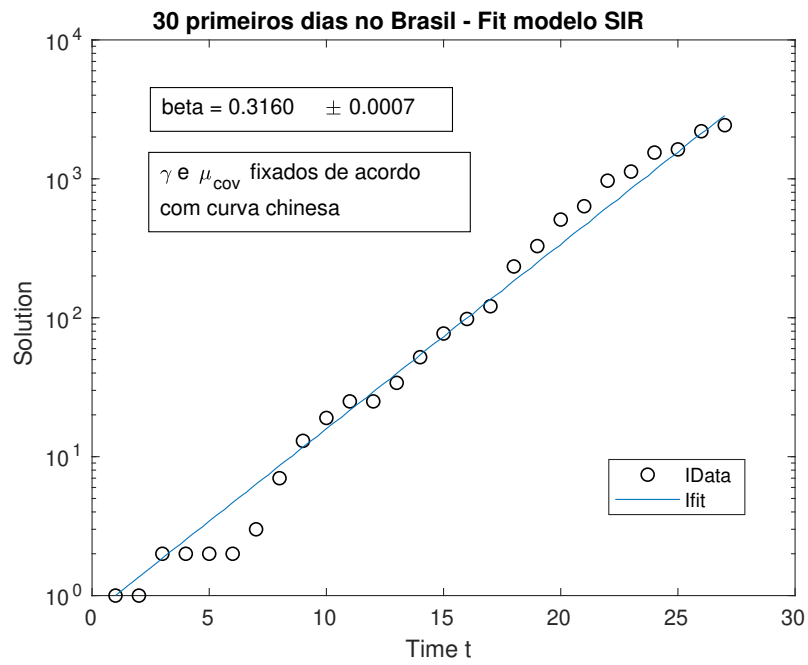
4 Ajuste de parâmetros por MMQ - modelos 0D SIR, SEIR e SEAIR

Um problema chave na implementação dos códigos é o conhecimento sobre os parâmetros do modelo. Como a quantidade de parâmetros é muito grande, é impossível obter todos eles por ajuste pelo método dos mínimos quadrados utilizando a informação disponível no início da epidemia. Por isso, é importante que alguns parâmetros, supostos intrínsecos à natureza da doença, possam ser fornecidos ou estimados a partir de outros estudos. Nós vamos usar essa abordagem, e fazer uso dos dados da curva chinesa de infectados, recuperados e casualidades para obter respectivamente β , γ e μ_{cov} a partir de um ajuste por método dos mínimos quadrados não linear (método Gauss-Macquardt) sobre a função obtida da solução das EDO's variando-se os parâmetros. Fixando-se γ e μ_{cov} obtido no caso chinês, obtemos o β do caso brasileiro. Note que

4.1 China - SIR



4.2 Brasil - SIR



4.3 China - SEIR

4.4 Brasil - SEIR

4.5 China - SEAIR

4.6 Brasil - SEAIR