Modelagem Epidemiológica do COVID-19

Modelo SIR/SEIR "0D" e "2D"

Prof. Marco Antonio Ridenti

Instituto Tecnológico de Aeronáutica
Departamento de Física

Relatório para comunicação das investigações teóricas voltadas à modelagem epidemiológica do COVID-19. Versão 1.0.

23 de março de 2020

Sumário

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

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

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu_{eq}R \tag{3}$$

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

$$N = S + I + R \tag{5}$$

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 mortalidade, 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

$$\begin{aligned}
\frac{dS}{dt} &= \Lambda - \mu_{eq} S - \beta \frac{S}{N} I && (6) \\
\frac{dE}{dt} &= \beta \frac{S}{N} I - (\mu_{eq} + a) E && (7) \\
\frac{dI}{dt} &= aE - (\mu + \gamma) I && (8) \\
\frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu_{eq} R && (9) \\
\frac{dN}{dt} &= \Lambda - \mu_{eq} N - \mu_{cov} I && (10) \\
N &= S + E + I + R && (11) \\
& && (12)
\end{aligned}$$

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 (10) resulta da soma das equações (6) a (9), não sendo portanto linearmente independente delas. As mesmas considerações feitas anteriormente se aplicam a este caso.

3 Desenvolvimento Teórico - Propagação epidêmica sobre um território

A generalização para considerar a propação 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:

$$
\begin{aligned}
A_T &:= \text{`Área total do território.'} \\
A_i &:= \text{`}i\text{-ésimo elemento de área. Seu valor é simplesmente } A\text{.'} \\
A_T &= \sum_i A_i \\
s_i &= \frac{S}{A_i} := \text{`densidade de pessoas susceptíveis no } i\text{-ésimo elemento de área.'} \\
e_i &= \frac{E}{A_i} := \text{`densidade de pessoas expostas no } i\text{-ésimo elemento de área.'} \\
y_i &= \frac{I}{A_i} := \text{`densidade de pessoas infectadas no } i\text{-ésimo elemento de área.'} \\
r_i &= \frac{r}{A_i} := \text{`densidade de pessoas recuperadas no } i\text{-ésimo elemento de área.'} \\
n_i &= \frac{N}{A_i} := \text{`densidade total de pessoas no } i\text{-ésimo elemento de área.'}
\end{aligned}
$$

$$\begin{aligned}
\Gamma_n(A_i) &:= \text{‘fluxo total de indivíduos através do } i\text{-ésimo elemento de área.’} \\
\Gamma_s(A_i) &:= \text{‘fluxo de indivíduos susceptíveis através do } i\text{-ésimo elemento de área.’} \\
\Gamma_e(A_i) &:= \text{‘fluxo de indivíduos expostos através do } i\text{-ésimo elemento de área.’} \\
\Gamma_y(A_i) &:= \text{‘fluxo de indivíduos infectados através do } i\text{-ésimo elemento de área.’} \\
\Gamma_r(A_i) &:= \text{‘fluxo de indivíduos recuperados através do } i\text{-ésimo elemento de área.’}
\end{aligned}$$

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 fluxo 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,

$$\Gamma_n(A_i) = \Gamma_s(A_i) + \Gamma_e(A_i) + \Gamma_y(A_i) + \Gamma_r(A_i) \ . \tag{13}$$

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.

$$\begin{aligned}
\frac{ds_i}{dt} &= \frac{\Gamma_s(A_i)}{A} + \lambda - \mu_{eq} s_i - \beta \frac{s_i}{n_i} y_i && (14) \\
\frac{dy_i}{dt} &= \frac{\Gamma_y(A_i)}{A} + \beta \frac{s_i}{n_i} y_i - (\mu + \gamma) y_i && (15) \\
\frac{dr_i}{dt} &= \frac{\Gamma_r(A_i)}{A} + \gamma y_i - \mu_{eq} r_i && (16) \\
\frac{dn_i}{dt} &= \frac{\Gamma_n(A_i)}{A} + \lambda - \mu_{eq} n_i - \mu_{cov} y_i && (17) \\
n_i &= s_i + y_i + r_i && (18)
\end{aligned}$$

onde $\lambda = \Lambda/A$. 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.*

$$s = A\sum_i s_i \tag{19}$$

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

$$\begin{aligned}
\frac{ds_i}{dt} &= \frac{\Gamma_s(A_i)}{A} + \lambda - \mu_{eq}s_i - \beta\frac{s_i}{n_i}y_i && (20)\\
\frac{de_i}{dt} &= \frac{\Gamma_e(A_i)}{A} + \beta\frac{s_i}{n_i}y_i - (\mu_{eq}+a)e_i && (21)\\
\frac{dy_i}{dt} &= \frac{\Gamma_y(A_i)}{A} + ae_i - (\mu+\gamma)y_i && (22)\\
\frac{dr_i}{dt} &= \frac{\Gamma_r(A_i)}{A} + \gamma y_i - \mu_{eq}r_i && (23)\\
\frac{dn_i}{dt} &= \frac{\Gamma_n(A_i)}{A} + \lambda - \mu_{eq}n_i - \mu_{cov}y_i && (24)\\
n_i &= s_i + e_i + y_i + r_i && (25)
\end{aligned}$$

3.3 Modelagem dos fluxos populacionais

O fluxo total de sáida 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:

$$\Gamma_n^{\text{out}}(A_i) = \xi n_i \; . \tag{26}$$

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

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

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

$$\Gamma_n^{\text{in}}(A_i) = \sum_{j\neq i} f(d_{ij})\Gamma_n^{\text{out}}(A_j) \tag{27}$$

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

$$\sum_{i\neq j} f(d_{ij}) = 1 \tag{28}$$

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,

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