

Simulador do contágio de COVID-19

Projeto da disciplina de Inteligência Artificial - Professor Nizam Oma
Pós-Graduação em Engenharia Elétrica e Computação - Universidade Presbiteriana Mackenzie

1st Anderson Martins Silva

TIA: 71953371

and_uerj@yahoo.com.br

2nd Letícia Sakamoto Soares

TIA: 71953477

sakamoto.leri@gmail.com

3rd Vitor C M Pereira

TIA: 72008180

vitormeriat@gmail.com

Abstract—The article presents a summary of the contagion simulator of COVID-19, based on a depth search model based on the SIR, mathematical modeling of the epidemic. The main idea is to verify the possible contagion scenarios from the premises predicted by consulted academic studies.

Index Terms—COVID-19, SIR Epidemiology, Depth-first Search, Artificial Intelligence

I. INTRODUÇÃO

Segundo Werneck e Carvalho [1], o contágio da COVID-19 pelo novo coronavírus (SARS-CoV-2) tem sido um dos maiores desafios sanitários em escala global neste século.

Coronavírus é um vírus zoonótico, um RNA vírus da ordem Nidovirales, da família Coronaviridae [5]. 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 [6]. 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 (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 [6].

Para analisar e simular o contágio houve a implementação utilizando duas técnicas: S.I.R. e Busca em profundidade, com visualização em movimentação browniano, para entendimento do movimento browniano verifique a referência [7].

O modelo S.I.R. [3] permite uma projeção da evolução de uma doença infecciosa em uma população de acordo com suas taxas de infecção e com suas condições iniciais $S(0)$, $I(0)$ e $R(0)$ e consegue descrever de maneira quantitativa o intervalo de tempo que vai do primeiro contágio até o pico epidêmico de infecção, informação essencial para que governos desenvolvam ações para diminuir o número de infectados ou, pelo menos, estender o tempo em que esse pico de contágios será atingido. [2] [4]

Um algoritmo de busca, ou depth-first search - DFS, é o seguinte: liste todos os caminhos possíveis a partir de s e escolha entre os que atingem T um de mínimo custo. [8]

II. METODOLOGIA

Esta é a implementação de um modelo para simulação de doenças infecciosas, tendo como base o parametros do S.I.R. em conjunto com o princípio da aplicação de autômatos celulares.

Para essa finalidade, nossa simulação tende a mostrar como se daria o comportamento infeccioso usando como principal foco a mobilidade de uma população sem isolamento social. Sendo assim, utilizando os princípios do movimento browniano, é possível simular o processo do contágio de uma população com base em seu nível de mobilidade.

A. Busca em Largura e Profundidade

O algoritmo de busca em largura e profundidade é um algoritmo recursivo que usa o conceito de retroceder e envolve buscas exaustivas em todos os nós, seguindo em frente ou retornando, o que significa está avançando e não há mais nós no caminho atual, podendo retroceder no mesmo caminho para encontrar nós a percorrer. Todos os nós serão visitados no caminho atual até que todos os nós não visitados tenham sido percorridos, após o qual o próximo caminho será selecionado. [10].

B. S.I.R.

Segundo o modelo S.I.R., a população deve ser dividida em 3 grupos durante o processo de simulação.

- S (Suscetível)
- I (Infectado)
- R (Removido)

O modelo prevê a seguinte implementação para a divisão da população nos grupos S, I e R:

- Um indivíduo infectado (I) pode infectar os demais indivíduos suscetíveis (S);
- Os indivíduos infectados (I) tendem se curar ou falecer, assumindo o status de removidos (R);
- Um indivíduo removido (R) não tem mais a capacidade de infectar novos indivíduos.

C. Autômatos celulares e movimento Browniano

Com base na modelagem dos autômatos celulares, utilizamos os parâmetros relacionados ao espaço celular para realizar a movimentação browniana, e simular as condições de mobilidade de uma determinada população.

Velocidade de movimento Browniano (v)

- Representa a intensidade do movimento browniano
- Refere-se à intensidade da mobilidade populacional

Tamanho espacial (D)

- Representa a escala do espaço em que as células estão
- Refere-se à densidade populacional

D. Implementação

O código [9] foi desenvolvido em Python, utilizando apenas os seguintes pacotes:

- numpy
- pandas
- matplotlib

Quanto a implementação lógica, o código pode ser agrupado em 3 passos:

- Movimento celular/indivíduo
- Contato infeccioso com indivíduos
- Remoção do indivíduo

E. Movimentação

A lógica da movimentação é dada por:

$$\left(\frac{dx}{dt}\right)^2 + \left(\frac{dy}{dt}\right)^2 = v \quad (1)$$

$$\theta = \text{random}(0, 2\pi) \quad (2)$$

F. Infecção

Um indivíduo infectado (I), em movimento infecta um indivíduo suscetível (S).

A probabilidade de infecção α , é proporcional a distância d , entre o indivíduo infectado (I) e outro suscetível (S).

O i -ésimo indivíduo suscetível S_i , é infectado pelo j -ésimo indivíduo infectado I_j .

$$\alpha(S_i, I_j) = e^{-\kappa \cdot d(S_i, I_j)}$$

$$\kappa > 0, d \geq 0 \Rightarrow -\kappa \cdot d \leq 0 \Rightarrow 0 < e^{-\kappa \cdot d(S_i, I_j)} \leq 1 \Rightarrow \alpha \in (0, 1)$$

Onde κ é o coeficiente de probabilidade da infecção e $d(S_i, I_j)$ é a distância entre a i -ésima pessoa suscetível S_i , e a j -ésima pessoa infectada I_j

Então a probabilidade de um dado i suscetível (S_i), estar infectado é dado por:

$$\alpha(S_i) = 1 - \prod_j \alpha(S_i, I_j)$$

G. Remoção

A probabilidade diária para a remoção de uma pessoa infectada (I) é dada pela constante β . Sendo assim, a probabilidade de um determinado indivíduo ser removido é $\gamma(k)$, onde k é número de dias após sua infecção. Essa probabilidade é dada por:

$$\gamma(k) = \beta(1 - \beta)^{k-1}$$

RESULTADOS

Foram simulados diversos cenários sem o isolamento social começando com uma população inicial de 100 indivíduos e com duração de 30, 60 e 90 dias. Verificou-se na simulação de 90 dias que a partir do 30º dia deu-se o pico do contágio e a queda foi gradual, com infecção de 90% da população até o 25º dia, conforme figura 3. Abaixo, temos as figuras que mostram os resultados finais das simulações dos outros cenários com a aplicação do modelo S.I.R., utilizando os parâmetros iniciais de:

- Infectados igual a um;
- Recuperados igual a zero.

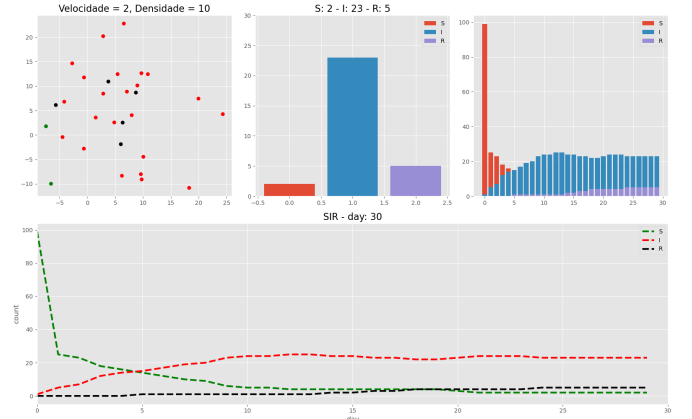


Fig. 1. Simulação com 30 dias

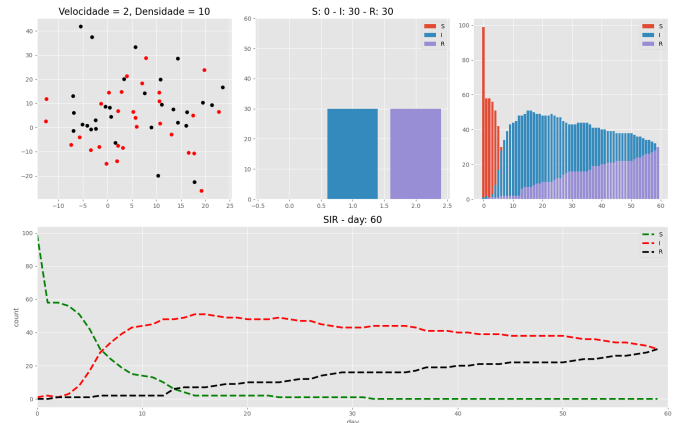


Fig. 2. Simulação com 60 dias

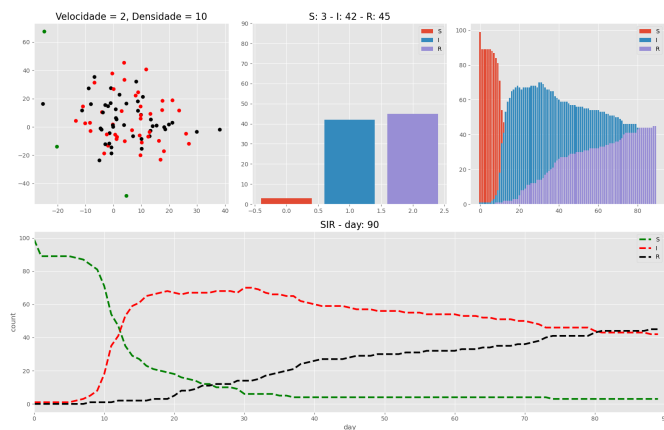


Fig. 3. Simulação com 90 dias

CONCLUSÃO

O estudo teve como objetivo simular em um período de dias a forma de contágio da covid-19 sem o isolamento social em uma população de 100 indivíduos. Diante das simulações feitas, observou-se que o isolamento social é uma medida importante de redução do contágio, consequentemente o achatamento da curva é uma forma de evitar que as unidades de terapia intensiva dos hospitais fiquem na sua ocupação máxima em um curto espaço de tempo.

Contudo, o projeto mostrou-se satisfatório as expectativas do estudo e como proposta de trabalho futuro, espera-se utilizar modelos mais sofisticados para simular o contágio da covid-19 em que o cenário social seja classificado em três categorias: sem isolamento, isolamento parcial ou isolamento total, e baseando-se em dados de cidades com os parâmetros populacionais para uma nova simulação.

REFERENCES

- [1] WERNECK, G.L.; CARVALHO, M.S. A pandemia de Covid-19 no Brasil: uma crônica de uma crise sanitária anunciada. Cadernos de Saúde Pública. p. 1-4, 2020. doi: 10.1590/0102-311X00068820
- [2] SCHIMIT, P. H. T. Modelagem e controle de propagação de epidemias usando autômatos celulares e Teoria dos Jogos. Tese de doutorado. USP. São Paulo. 2010.
- [3] HERBEN, W. Hethcote. The mathematics of infectious diseases. SIAM Review, 2000, v.42, n. 41, p. 599-648.
- [4] JO, Hyeontae et al. Analysis of COVID-19 spread in South Korea using the SIR model with time-dependent parameters and deep learning. medRxivdoi: 10.1101/2020.04.13.20063412, 2020.
- [5] Brasil. Ministério da Saúde. Protocolo de manejo clínico para o novo-coronavírus (2019-nCoV). Disponível em: <https://portal.arquivos2.saude.gov.br/images/pdf/2020/fevereiro/11/protocolo-manejo-coronavirus.pdf>.
- [6] Brasil. Ministério da Saúde. Coronavírus: o que você precisa saber e como prevenir o contágio. Disponível em: <https://saude.gov.br/saude-de-a-z/coronavirus>.
- [7] Movimento browniano: uma proposta do uso das novas tecnologias no ensino de física. JS Figueira. Revista Brasileira de Ensino de Física 33 (4), 4314-4314
- [8] Aplicação de métodos de busca em grafos com nós parcialmente ordenados à locação de torres de transmissão. Figueiredo, J.N.; Gonzaga, C.C. Pesquisa Operacional. Vol. 23, Issue 1, pp.
- [9] Pereira, V.C.M., Silva, A.M., Soares, L.S.. Disponível em: <https://github.com/vitormeriat/simulador-contagio-covid19>. Acesso em Junho de 2020.

- [10] HOLZMANN, Gerard J.; PELED, Doron A.; YANNAKAKIS, Mihalis. On nested depth first search. The Spin Verification System, v. 32, p. 81-89, 1996.