

A COVID-19 Através de um Modelo SIRDS por Autômatos Celulares Epidêmicos: Estratégias de Mitigação de Casos

Fernando A. F. Gomes¹, João F. da C. A. Meyer², Laécio C. de Barros³
 UNICAMP, Campinas, SP

Desenvolvemos um modelo de sistema dinâmico discreto para simular a COVID-19 utilizando o que chamamos de autômatos celulares epidêmicos (ECA's). Na modelagem, consideramos que o vírus se propaga simultaneamente a partir de diversos focos de infecção, simulando a dinâmica populacional, exclusivamente, humana de colonizar outros pontos de infecção através de deslocamentos por meios de transporte. Também simulamos situações que os modelos clássicos não reproduzem facilmente com a inclusão de parâmetros variáveis. Introduzimos uma variação na taxa de contaminação para modelar a introdução da variante *gamma* e a diminuição dos parâmetros de espalhamento e contaminação em um período para simular medidas de isolamento.

Um autômato celular epidêmico é definido pela quadra (G, E, U, f_0) [5], onde $G \subset \mathbb{Z}^d$ é o *grid* de células, E o conjunto de estados possíveis de cada célula, U a vizinhança de cada célula e f_0 é a função de transição. Usamos $d = 2$ e G uma matriz quadrada centrada na origem de ordem $n = 99$. Usando a estrutura aditiva de \mathbb{Z}^2 , definimos a vizinhança $U(x)$, com $x \in G$, a partir da vizinhança da célula fixa em $(0, 0) \in \mathbb{Z}^2$: $U(x) = x + y \forall y \in U(0)$. A vizinhança de x são, portanto, todos os elementos x transladados pelos elementos $y \in U(0)$. Usaremos duas vizinhanças aleatórias somadas onde são sorteadas k_1 e k_2 posições em um determinado círculo de raio $\|r_1\|_\infty$ e $\|r_2\|_\infty$ simulando, assim, os transportes. Definamos agora o conceito de *ocupação*. Uma *ocupação* sobre x é o mapa $\Phi : U(x) \rightarrow E$ que relaciona as posições de $U(x)$ com algum elemento de E . Seja agora S_0 o conjunto de todos os mapas Φ . Então, uma função local é o mapa $f_0 : S_0 \rightarrow E$ das *ocupações* em estados possíveis. Seja agora $E = \{0, i_1, i_2, \dots, i_a, r_1, r_2, \dots, r_b, d\} = \{0, 1, 2, \dots, k + 1, k + 2\}$ tendo, portanto, $k + 3$ valores o conjunto de estados possíveis. Temos essa formulação para descrever os seguintes estados, seja $x \in G$ qualquer, se o estado de x é designado por $\{0\}$, então esse indivíduo é suscetível, se o estado de x é designado por $\{i_1, i_2, \dots, i_a\}$, então esse indivíduo é infectado, se o estado de x é designado por $\{r_1, r_2, \dots, r_b\}$, então esse indivíduo é recuperado e se o estado de x é designado por $\{d\}$, então esse indivíduo é considerado um óbito. Já a função de transição f_0 é dada por:

$$f_0(\Phi) = \begin{cases} 1 & \text{para } \Phi(0) = 0 \text{ com probabilidade } p(s) \\ 0 & \text{para } \Phi(0) = 0 \text{ com probabilidade } 1 - p(s) \\ \Phi(0) + 1 & \text{para } \Phi(0) \in \{1, \dots, a - 1, a + 1, \dots, k\} \\ a + 1 & \text{para } \Phi(0) = a \text{ com probabilidade } p(r) \\ k + 2 & \text{para } \Phi(0) = a \text{ com probabilidade } 1 - p(r) \\ 0 & \text{para } \Phi(0) = k + 1 \\ k + 2 & \text{para } \Phi(0) = k + 2 \end{cases} \quad (1)$$

sendo $p(s)$ é a função que calcula a probabilidade de mudança de estado de suscetível a infectado e $p(r)$ a função que calcula se um indivíduo infectado recupera-se ou vai a óbito.

¹fernando.augusto.fgomes@gmail.com

²jmeyer@unicamp.br

³laeciocb@ime.unicamp.br

No modelo, consideramos o tempo médio infectante de duas semanas [2] e o tempo médio de imunidade de 14 semanas [4]. Para a variante *gamma*, assumimos que ela surge em Novembro de 2020 [3]. Para simularmos um período de isolamento social, entre as semanas 17 à 22, diminuimos as taxas de contato k_1 e k_2 em 20% e 15,5% e a probabilidade de contágio em 5,5%. Rodamos o modelo 10 vezes e o comparamos, proporcionalmente, com os dados do Brasil [1].

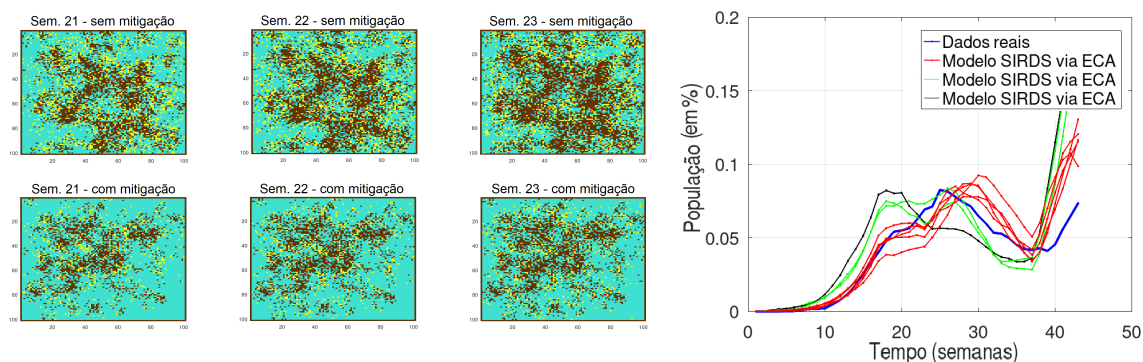


Figura 1: À esquerda, evolução espacial do ECA com estratégias de mitigação abaixo e sem estratégia de mitigação acima. Em azul, suscetíveis, em amarelo, infectados, em marrom, recuperados e, em vermelho, óbitos. À direita, comparação de casos ativos do Brasil com 10 curvas do modelo com estratégias de mitigação. Fonte: dos autores

Na Figura 1, à esquerda, vemos que a epidemia evolui consideravelmente menos com as estratégias de mitigação, à direita, foram identificados quatro padrões de comportamento. As curvas em vermelho exibem o mesmo padrão de espalhamento da curva de casos real, as curvas em verde formam um platô durante a fase de mitigação, a curva em preto decaiu significativamente o número de casos e houve duas simulações degeneradas onde a curva de casos não se forma. O modelo, além de exibir simulações espaciais e temporais, com a inclusão de parâmetros variáveis, permite a análise da heterogeneidade das curvas de dados reais. Neste caso, em vermelho, assemelhando-se aos dados coletados, mostrando a importância das estratégias de isolamento; mesmo que parciais.

Referências

- [1] **Brazil**. <https://www.worldometers.info/coronavirus/country/brazil/>. Accessed: March 30, 2024. 2023.
- [2] A. W. Byrne et al. “Inferred duration of infectious period of SARS-CoV-2: rapid scoping review and analysis of available evidence for asymptomatic and symptomatic COVID-19 cases”. Em: **BMJ open** 8 (2020), e039856. DOI: 10.1136/bmjopen-2020-039856.
- [3] N. R. Faria et al. “Genomics and epidemiology of the P. 1 SARS-CoV-2 lineage in Manaus, Brazil”. Em: **Science** 6544 (2021), pp. 815–821. DOI: science.abh2644.
- [4] C. J. Reynolds et al. “Discordant neutralizing antibody and T cell responses in asymptomatic and mild SARS-CoV-2 infection”. Em: **Science immunology** 54 (2020), eabf3698. DOI: 10.1126/sciimmunol.abf3698.
- [5] B. Schönfisch. “Propagation of fronts in cellular automata”. Em: **Physica D: Nonlinear Phenomena** 4 (1995), pp. 433–450. DOI: 10.1016/0167-2789(94)00192-S.