

Calibragem do modelo epidemiológico SIR aplicado à COVID-19

Helena T. F. Vicente¹
 Noemi Zeraick Monteiro²
 Sandro R. Mazorche³
 UFJF, Juiz de Fora, MG

Na data de 11 de março de 2020, o diretor geral da Organização Mundial de Saúde (OMS), Tedros Adhanom Ghebreyesus, declarou oficialmente a Doença Coronavírus 2019 (COVID-19) como uma pandemia. Originária de Wuhan na China, teve seu primeiro caso em território brasileiro confirmado na data de 26 de fevereiro de 2020. Desde então o país, assim como todo o mundo, viu-se obrigado a lidar com uma nova doença sem recursos imediatos de ação. Uma mudança drástica de paradigmas de higienização e contato social foi imposta para reduzir ao máximo sua disseminação. A evolução da doença no Brasil passou a ser registrada pelo governo através da contagem de pessoas infectadas e de pessoas mortas, informações disponibilizadas em [4].

A partir desses dados, iniciamos o estudo de um modelo epidemiológico SIR [1] aplicado à COVID-19, modelando a dinâmica da doença através de um fluxo temporal da população, o qual passa por três estágios: Suscetíveis, Infectados e Removidos. Trabalhamos inicialmente com o modelo clássico e sem dinâmica vital.

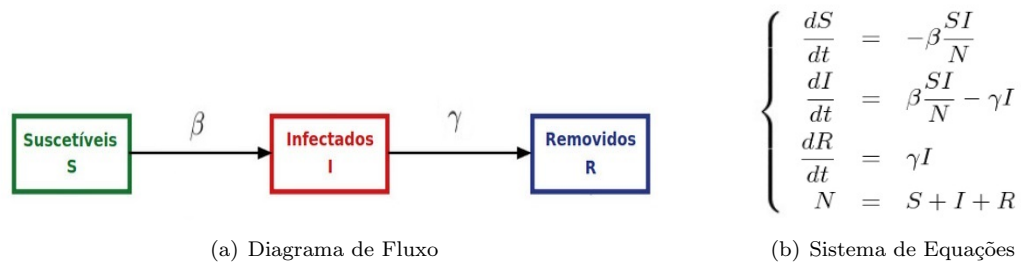


Figura 1: Modelo SIR sem dinâmica vital.

Nossa proposta é utilizar os dados liberados pelo governo para calibrar os parâmetros β e γ , ajustando a curva dos infectados do modelo, I_M , o mais próximo possível à da evolução real do vírus, I_R . Para tal, utilizamos o método dos mínimos quadrados com restrição, onde acoplamos o modelo SIR discretizado ao algoritmo FDIPA [2] -Feasible Direction Interior Point Algorithm.

$$\begin{cases} \text{minimizar} & f(\beta, \gamma), \\ \text{sujeito a} & g(\beta, \gamma) \leq 0, \end{cases} \quad (1)$$

onde $f(\beta, \gamma) = \sum_{i=1}^n (I_M^i - I_R^i)^2$ e $g(\beta, \gamma) = [\frac{1}{35} - \gamma; \gamma - \frac{1}{4}; -\beta; \beta - 1]^t$. A escolha do algoritmo FDIPA se deve principalmente à sua robustez quanto aos seus parâmetros e ao fato de não necessitar da

¹helenatambasco@ice.ufjf.br.

²nzmonteiro@ice.ufjf.br.

³sandro.mazorche@ufjf.edu.br.

derivada segunda da função $f(\beta, \gamma)$ para montar o sistema que encontra a direção de busca [2]. Toda a codificação foi adaptada para o Octave seguindo as ideias de [3] e o banco de dados abrange o intervalo dos dados coletados pelo governo entre os dias 26/02/2020 e 15/06/2020.

Geramos uma tabela contendo os parâmetros β , correspondente à taxa do fluxo de pessoas que migram de suscetíveis para infectados, γ , correspondente à taxa do fluxo de pessoas que migram de infectados para removidos, \mathfrak{R}_0 , correspondente ao número básico de reprodução, e $\frac{1}{\gamma}$, o tempo de recuperação, para cada estado brasileiro e para o Brasil como um todo.

Tabela 1: Parâmetros do modelo SIR sem dinâmica vital.

Siglas	β	γ	\mathfrak{R}_0	$\frac{1}{\gamma}$	Siglas	β	γ	\mathfrak{R}_0	$\frac{1}{\gamma}$
RO	0.1730	0.0551	3.1359	18.1203	PE	0.1606	0.0438	3.6631	22.8017
AC	0.1540	0.0430	3.5738	23.2024	AL	0.2344	0.1250	1.8750	7.9969
AM	0.1895	0.0533	3.5559	18.7561	SP	0.1659	0.0455	3.6395	21.9309
RR	0.1455	0.0402	3.6168	24.854	MG	0.1599	0.0506	3.1591	19.7485
PA	0.1960	0.0555	3.5297	18.0013	RJ	0.1835	0.0616	2.9774	16.2174
AP	0.1719	0.0484	3.5522	20.6539	ES	0.1512	0.0411	3.6711	24.2799
TO	0.1631	0.0525	3.1067	19.0447	RS	0.1493	0.0407	3.6616	24.516
MA	0.1976	0.0554	3.5634	18.0302	PR	0.1153	0.0320	3.5983	31.1894
PI	0.1897	0.0614	3.0865	16.2692	SC	0.1608	0.0576	2.7899	17.3439
BA	0.1752	0.0493	3.5485	20.2453	DF	0.1500	0.0410	3.6518	24.342
SE	0.1573	0.0444	3.5434	22.5184	MS	0.1201	0.0327	3.6700	30.5395
CE	0.1630	0.0445	3.6588	22.4352	MT	0.1484	0.0403	3.6796	24.7824
RN	0.1519	0.0410	3.7033	24.3741	GO	0.1390	0.0479	2.8986	20.8408
PB	0.1772	0.0492	3.6021	20.3197	BR	0.1875	0.0508	3.6907	19.6794

Esses dados são importantes no início de uma nova infecção porque a princípio não existem ou são difíceis de se encontrar na literatura, justificando a necessidade de ser feita toda essa calibragem. Nossos estudos futuros visam mostrar variações perante a modificação da perspectiva desse modelo, como a introdução da dinâmica vital, alterações do modelo clássico SIR e também sob a concepção da escrita desses modelos em derivadas fracionárias.

Agradecimentos

Agradecemos à Pró-Reitoria de Pós-graduação e Pesquisa da Universidade Federal de Juiz de Fora, por conceder-nos a bolsa PIBIC com a qual apoia nossa pesquisa.

Referências

- [1] Kermack, W. O. and McKendrick, A. G. Contributions to the mathematical theory of epidemics, *Bulletin of Mathematical Biology*, 1991. DOI: 10.1007/BF02464425.
- [2] Harskovits, J. Feasible Direction Interior-Point Technique for Nonlinear Optimization, *Journal of Optimization Theory and Applications*, 1998. DOI: 10.1023/A:1021752227797.
- [3] Monteiro, N. Z. and Mazonche, S. R. Fractional Derivatives Applied to Epidemiology, *TCAM, Trends in Computational and Applied Mathematics*, 2021. (to appear)
- [4] Painel Coronavírus, *Ministério da Saúde*. Disponível em: <https://covid.saude.gov.br/>. Acesso em: 15 jun. 2020.