Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics, v. 9, n. 1, 2022.

Trabalho apresentado no XLI CNMAC, Unicamp - Campinas - SP, 2022.

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics
Preprint

Estimação de Parâmetros de um Modelo SIR Aplicado para SARS-CoV-2

Mary E. S. Alencastro[1] Fausto A. F. De Moraes[2]
Bacharelado em Ciência da Computação, UTFPR, Santa Helena, PR
Evandro Alves Nakajima[3]
COCIC/UTFPR, Santa Helena, PR

Identificada pela primeira vez em dezembro de 2019 em Wuhan, capital de Hubei, na China, a COVID-19 (doença respiratória causada pelo vírus Sars-CoV-2) atingiu, até o primeiro bimestre de 2022, mais de 450 milhões de pessoas em todo mundo, com mais de 6 milhões de óbitos relatados [1]. Quando uma nova infecção surge, sua dinâmica de transmissão e evolução epidemiológica são desconhecidas e, sendo assim, modelos matemáticos têm grande importância na estimação de cenários possíveis da disseminação da enfermidade e os efeitos das medidas preventivas adotadas, auxiliando na tomada de decisões das políticas públicas de saúde.

O modelo SIR (*Susceptible-Infected-Recovered*) utilizado neste trabalho, é o modelo mais famoso e paradigmático da epidemiologia matemática, sendo a população dividida em compartimentos de indivíduos suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R) [2]. O sistema de equações diferenciais ordinárias que descreve o processo de infecção é dado pela Equação 1:

$$\frac{dS}{dt}(t) = -\beta\frac{S(t)I(t)}{N}, \quad \frac{dI}{dt}(t) = \beta\frac{S(t)I(t)}{N} - \gamma I(t), \quad \frac{dR}{dt}(t) = \gamma I(t) \tag{1}$$

onde N é o número total de indivíduos, β é a taxa de transmissão da doença e γ^{-1} é o número de dias que um indivíduo leva para se recuperar após a infecção. Sendo I_0 o número de infectados em $t = 0$, as condições iniciais do sistema podem ser descritas como:

$$S(0) = S_0 = N - I_0, \quad I(0) = I_0, \quad R(0) = R_0. \tag{2}$$

Com base em dados obtidos é possível estimar os valores de β e γ para realizar previsões do comportamento da epidemia. Para isso, utilizou-se o método de Otimização por Enxame de Partículas (PSO - *Particle Swarm Optimization*), método estocástico criado em 1995 por James Kennedy e Russell Eberhart [3].

O PSO pode ser resumido em inicialmente definir n valores aleatórios para cada parâmetro X_j, denotadas por partículas $X^0_{j,i}$, com $i = 1, ..., n$. Para cada i, o sistema dado pela Equação 1 é resolvido e um conjunto de dados para o número de infectados e recuperados é obtido. Esses valores são então comparados com dados reais e o conjunto de parâmetros $X^0_{j,i}$ que mais aproxima o modelo à realidade é considerado o melhor global. Cada partícula é então atualizada por:

$$X^{k+1}_{j,i} = X^k_{j,i} + c\;\omega\;(g - X^k_{j,i}) \tag{3}$$

em que ω é uma constante aleatória cujo valor máximo diminui a cada iteração, c é uma constante aleatória fixa e k é a iteração. O processo é então repetido até atingir um critério de parada,

[1]maryalencastro@alunos.utfpr.edu.br
[2]faustomoraes@alunos.utfpr.edu.br
[3]enakajima@utfpr.edu.br

como por exemplo o erro quadrático do modelo em relação aos dados reais ou um número fixo de iterações.

Os dados utilizados neste trabalho são referentes aos 70 primeiros dias desde o primeiro caso na cidade Santa Helena-PR, extraídos de [4]. O processo de estimação de parâmetros e a resolução do sistema de equações diferenciais foi implementado no software Maple. Por se tratar de uma cidade com apenas 25 mil habitantes e pelo primeiro caso registrado ter ocorrido apenas em 29/05/2020 (três meses após o primeiro caso no Brasil) o valor de suscetíveis iniciais (S_0) também foi adotado como parâmetro a ser determinado pelo PSO, para o qual foram utilizadas 200 partículas para cada parâmetro por 100 iterações. As condições iniciais para o número de infectados e de recuperados foram respectivamente $I_0 = 1$ e $R_0 = 0$.

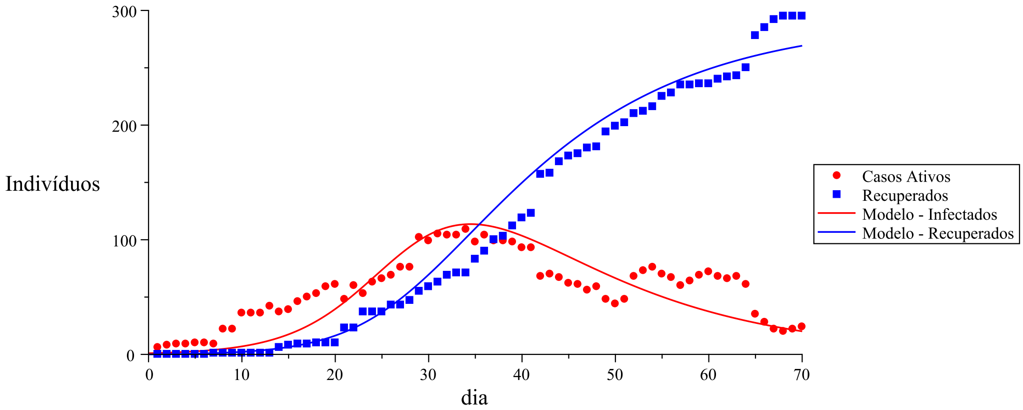

Figura 1: Comparação entre valores obtidos pelo modelo e dados reais

A Figura 1 apresenta o gráfico das funções $I(t)$ e $R(t)$ com os melhores valores obtidos para $\beta = 0,27$, $\gamma = 0,07$ e $S_0 = 300$. Os resultados deste trabalho são compatíveis com os encontrados em [5]. O valor de r^2 para o número de infectados e recuperados do modelo comparados com o número real de infectados e recuperados foram $0,79$ e $0,98$ respectivamente.

Referências

[1] John Hopkins University e Medicine. **Coronavirus Resource Center**. Online. Acessado em 11/03/2022, `https://coronavirus.jhu.edu/map.html`. 2020.

[2] A. Huppert e G. Katriel. "Mathematical modelling and prediction in infectious disease epidemiology". Em: **Clinical Microbiology and Infection** 19.11 (2013), pp. 999–1005. DOI: `https://doi.org/10.1111/1469-0691.12308`.

[3] J. Kennedy e R. Eberhart. "Particle swarm optimization". Em: **Proceedings of International Conference on Neural Networks**. 1995, pp. 1942–1948. DOI: `https://10.1109/ICNN.1995.488968`.

[4] Fundação Oswaldo Cruz - Fiocruz. **Monitora Covid-19**. Online. Acessado em 8/12/2021, `https://bigdata-covid19.icict.fiocruz.br/`. 2020.

[5] E. A. Nakajima et al. "Estimating Parameters of a SEIRD Model Applied to SARS-CoV-2 Infections in Germany based on the Particle Swarm Optimization Method". Em: **Applied Mathematics and Information Sciences** 15.4 (2021), pp. 423–428. DOI: `https://10.18576/amis/150403`.