

Um modelo para a propagação de epidemias a partir de um centro regional

José E. J. Silva¹

DCT/UESB, Jequié, BA

João F. C. A. Meyer²

IMECC/UNICAMP, Campinas, SP

Claudia M. Dias³

DTL/IM/UFRRJ, Nova Iguaçu, RJ

Resumo. Neste trabalho foi proposto um modelo compartimental para o estudo do espalhamento de uma epidemia a partir de um centro regional. Mais especificamente, simulou-se como uma região central pode afetar a disseminação de uma doença em cidades circunvizinhas que dependem do centro regional. Foi introduzido um parâmetro ψ representando o fator de redução na transmissibilidade em consequência de estratégias não-farmacológicas de mitigação da doença, adotadas por autoridades sanitárias e pela própria população. Para efeito de validação do modelo, estudou-se a propagação da COVID-19 na região de saúde de Jequié-BA.

Palavras-chave. Modelagem Matemática, Centro Regional, COVID-19.

1 Introdução

O enfrentamento à propagação de epidemias tem sido uma necessidade dos povos ao longo dos séculos. Surtos epidêmicos têm causado diversos problemas de morbidade e mortalidade às sociedades, além de problemas econômicos de variados níveis de gravidade. Portanto, conhecer como epidemias surgem ou se espalham pode conduzir autoridades sanitárias na tomada de decisões capazes de reduzir a velocidade ou frear o espalhamento de uma epidemia [7]. Neste trabalho, foi considerada a hipótese de que uma epidemia se espalha a partir de um grande centro para regiões menores, a fim de propor um modelo para simular a propagação da doença.

2 Modelagem matemática

Nesta seção apresenta-se um modelo para m regiões, de modo que uma das regiões se destaca em relação às demais. Assim, considerando-se $i = 1, \dots, m$ e $j = 1, \dots, m$, assume-se a variação no tempo t dos seguintes estados: S^i - população suscetível da região i ; E^i - população de indivíduos expostos ou latentes da região i ; I^i - população de indivíduos infectados não-hospitalizados da região i ; H^i - população de indivíduos infectados hospitalizados da região i e R^i - população de indivíduos recuperados da região i . O mesmo vale para a região j ao se permutar i por j nos estados precedentes. Portanto, assume-se que apenas a região que se destaca possui hospital com capacidade de tratamento dos indivíduos que necessitam de hospitalização, seja a nível clínico ou

¹j261231@dac.unicamp.br

²jmeyer@ime.unicamp.br

³mazza@ufrj.br

intensivo. O valor $i = 1$ expressa essa região no modelo.

O modelo é traduzido por meio do sistema não-linear de equações diferenciais (1), formado por m equações.

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS^1}{dt} = -S^1 \sum_{j=1}^m \left(\frac{P_{1j} \psi^1 \beta^j I^j + \alpha^j H^j}{N^j} \right) + bN^1 + \nu R^1 - \mu_N S^1 \\ \frac{dE^1}{dt} = S^1 \sum_{j=1}^m \left(\frac{P_{1j} \psi^1 \beta^j I^j + \alpha^j H^j}{N^j} \right) - (\sigma + \mu_N) E^1 \\ \frac{dS^i}{dt} = -\psi^i S^i \sum_{j=1}^m P_{ij} \left(\frac{\beta^j I^j}{N^j} \right) + bN^i + \nu R^i - \mu_N S^i, \quad i \neq 1 \\ \frac{dE^i}{dt} = \psi^i S^i \sum_{j=1}^m P_{ij} \left(\frac{\beta^j I^j}{N^j} \right) - (\sigma + \mu_N) E^i, \quad i \neq 1 \\ \frac{dI^i}{dt} = \sigma E^i - (\delta + \gamma_1 + \mu_N + \mu_D) I^i \\ \frac{dH^i}{dt} = \delta I^i - (\gamma_2 + \mu_N + \mu_H) H^i \\ \frac{dR^i}{dt} = \gamma_1 I^i + \gamma_2 H^i - (\mu_N + \nu) R^i, \end{array} \right. \quad (1)$$

onde $N^j = S^j + E^j + I^j + H^j + R^j$, representa a subpopulação total da região j . A população total das regiões é dada por $N(t) = \sum_{j=1}^m N^j(t)$. O termo $S^1 \sum_{j=1}^m \left(\frac{P_{1j} \psi^1 \beta^j I^j + \alpha^j H^j}{N^j} \right)$ presente nas duas primeiras equações do sistema (1) traduz o fato de que apenas indivíduos suscetíveis da região central possuem a possibilidade de encontro com um indivíduo hospitalizado. Naturalmente, sinaliza-se para os encontros indispensáveis entre profissionais de saúde e pacientes hospitalizados. A matriz $P = P_{ij}$ traduz o fluxo entre as regiões i e j , considerando a importância dessas regiões, seja na prestação de serviços, assistência à saúde, educação, etc. Nesse sentido, a matriz P representa não só a conectividade entre uma dada região i e outra região j , mas também, o peso p_j que uma dada região j tem na transmissibilidade da doença. Sendo assim, a matriz P , do tipo $m \times m$ tem a seguinte caracterização:

$$P_{ij} = \begin{cases} p_j, & \text{se } i \text{ está conectada com } j. \\ 0, & \text{caso contrário.} \end{cases} \quad (2)$$

Quanto aos parâmetros do modelo (1), β^j e α^j representam transmissibilidade da doença por indivíduos infecciosos não hospitalizados e hospitalizados da região j , respectivamente; $\psi^i(t)$, com $0 \leq \psi^i(t) \leq 1$, representa o fator de redução na transmissibilidade β^i em consequência de estratégias não-farmacológicas de mitigação da doença adotadas por autoridades sanitárias e pela população da região i ; μ_N , μ_D e μ_H representam taxas de mortalidade: natural, induzida pela doença em indivíduos infecciosos não hospitalizados e em indivíduos hospitalizados, respectivamente; σ^{-1} é o período de latência; b é a taxa de natalidade; ν é a taxa de perda de imunidade; δ é a taxa de hospitalização; γ_1 e γ_2 são taxas de recuperação de indivíduos infecciosos não hospitalizados e hospitalizados, respectivamente.

Para o caso $m = 1$, o modelo foi analisado qualitativamente, determinando os seus pontos de equilíbrio e estudando sua estabilidade pelo critério de Routh-Hurwitz [3]. Além disso, usando o

método da matriz de próxima geração, conforme [2], o número de reprodução básica R_0 foi calculado no caso $m = 1$ [6] e, também, para o caso $m = 2$.

3 Simulações numéricas

Os resultados numéricos foram obtidos com a rotina *ODE45* do MATLAB [®] para a solução do sistema de equações diferenciais do modelo (1) em sua forma adimensionalizada, a fim de melhor padronizar a aplicação para diferentes centros regionais. Já para os ajustes de casos ativos notificados, utilizou-se a rotina *fmincon* do MATLAB [®]. Alguns cenários foram simulados para $m = 1, \dots, 5$ pelo período de 1000 dias. A seguir, usando dados de casos ativos notificados da COVID-19 [5], foram obtidos ajustes para a primeira onda da doença na região de saúde de Jequié-BA, no período de 180 dias, a partir de 23 de março de 2020, com $m = 1, 2$.

Na Figura 1 são apresentadas curvas para o caso $m = 5$ quando somente a população de uma região circunvizinha usa estratégia não-farmacológica de mitigação da doença. Assim, na Figura 1, de cima para baixo e da esquerda para a direita, as curvas mostram, respectivamente, as simulações para os percentuais de 30%, 50%, 70% e 90% da população da região circunvizinha 1 usando um conjunto de estratégias não-farmacológicas de mitigação da doença com eficácia de 90%, enquanto que o centro regional e as regiões circunvizinhas 2,3 e 4 não usam.

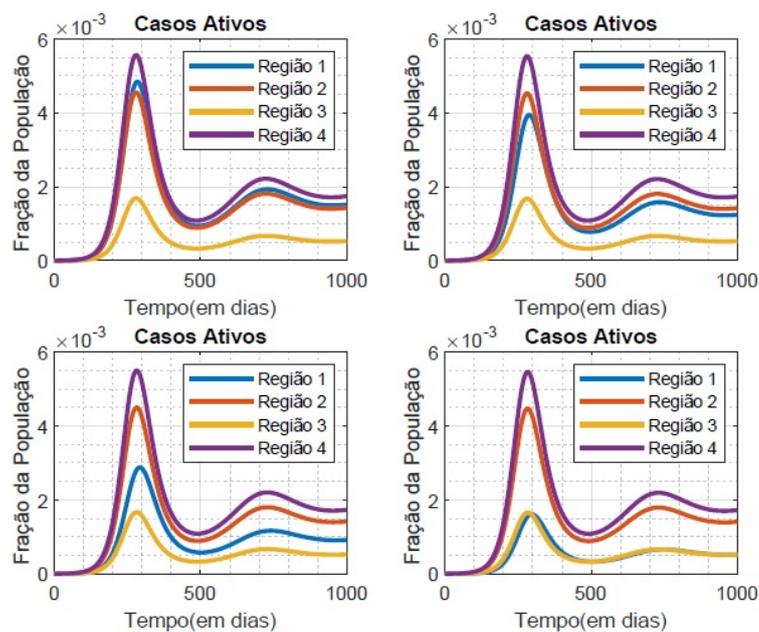


Figura 1: Curvas para $m = 5$ quando $\psi^2(t) = 0,73$, $\psi^2(t) = 0,55$, $\psi^2(t) = 0,37$ e $\psi^2(t) = 0,19$, respectivamente, da esquerda para a direita e de cima para baixo. Além disso, $\psi^1(t) = \psi^3(t) = \psi^4(t) = \psi^5(t) = 1$, $\alpha^j = 0.034$, $\beta^j = 0.2142$, $\gamma_1 = 7.1428 \times 10^{-2}$ por dia^{-1} [1], $\gamma_2 = 0.05$ por dia^{-1} , $\delta = 1.7 \times 10^{-3}$, $b = 1.242 \times 10^{-9}$, $\sigma = 0.2174$ por dia^{-1} [8], $\nu = 6.667 \times 10^{-3}$ [1], $\mu_D = 4.00 \times 10^{-4}$ e $\mu_H = 9.00 \times 10^{-4}$.

A matriz P do tipo 5×5 de fluxos entre as regiões é tomada como cheia (todas as re-

giões admitem fluxo entre si) e os pesos são tomados como: $p_1 = 0.70$, $p_2 = 0.09$, $p_3 = 0.10$, $p_4 = 0.03$ e $p_5 = 0.08$. O parâmetro $\psi^2(t)$ que mede a redução na transmissibilidade β^2 é dado por $\psi^2(t) = 1 - 0.9k$, em que k representa a proporção da população da região circunvizinha 1 que usa, adequadamente, o conjunto de estratégias não-farmacológicas de mitigação da doença. Para as demais regiões, $\psi^j(t) = 1$. Neste caso, observa-se que o impacto na redução de casos ativos se restringe quase que completamente à própria região circunvizinha 1. Em cada um dos casos as curvas mantêm a mesma forma. Todavia, no tocante à própria região circunvizinha 1 o pico de casos ativos, na primeira onda da doença, decai de algo um pouco abaixo de uma proporção de 5×10^{-3} da população, no primeiro gráfico, para algo um pouco abaixo da proporção de 2×10^{-3} da população.

Os resultados dos ajustes apresentados nas Figuras 2 e 3 exprimem, principalmente, o impacto da adesão das populações das regiões às estratégias não-farmacológicas de mitigação da doença. Uma parte dos parâmetros foi estimada; uma outra, fixada com valores de acordo com a literatura existente e γ_2 , adotado de acordo com simulações realizadas: $\gamma_1 = 7.143 \times 10^{-2}$ por dia^{-1} [1], $\sigma = 1.9231 \times 10^{-1}$ por dia^{-1} [8], $b = 1.742 \times 10^{-2}$, $\nu = 5.556 \times 10^{-3}$ por dia^{-1} [1], $\mu_N = 3.6844 \times 10^{-5}$ [4], $\mu_D = 4.0 \times 10^{-4}$ [6], $\mu_H = 9.0 \times 10^{-4}$ [6] e $\gamma_2 = 6.5789 \times 10^{-2}$ por dia^{-1} (adotado).

Nas Figuras 2 e 3 são mostradas as curvas de ajustes de casos ativos notificados para um dos casos, com $m = 2$, onde Jequié-BA é o município central. A Figura 2 mostra o ajuste de casos ativos notificados para o município de Jequié-BA.

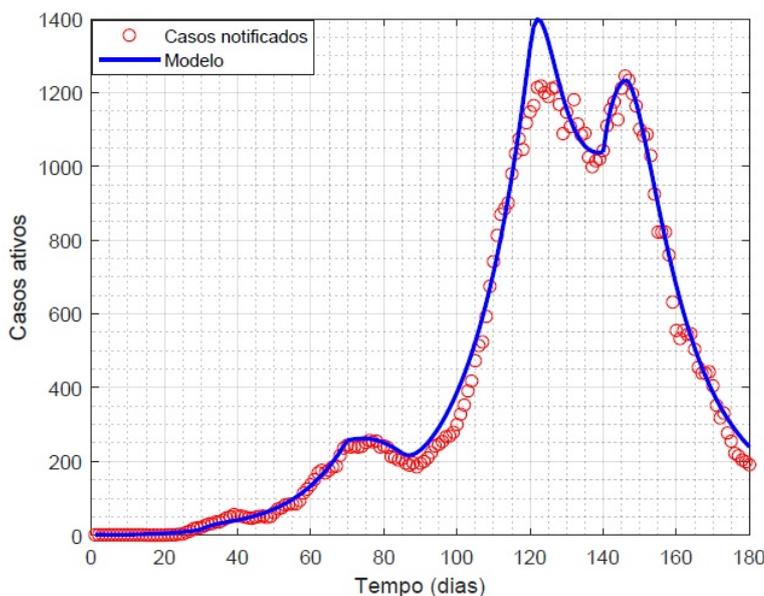


Figura 2: Ajuste da curva de casos ativos para o Município de Jequié-BA no caso $m = 2$, para a primeira onda da COVID-19, com notificações iniciadas em 23 de março de 2020.

Durante o período da primeira onda, Figura 2, o parâmetro de redução de transmissibilidade foi estimado: $\psi^1(t)$ decrescendo de 1 a 1.00×10^{-4} nos primeiros 50 dias; retornando a crescer a 0.2849 nos 21 dias seguintes e retomando ao patamar de 2.08×10^{-2} ao final do 102º; a seguir, crescendo novamente até 1 nos 22 dias subsequentes; por último, tornando a trajetória decrescente de modo

a permanecer em 1.0006×10^{-4} nos últimos 60 dias analisados. A taxa de transmissibilidade β^1 foi estimada, variando de 1.55×10^{-1} a 1.001×10^{-1} nos primeiros 50 dias; a seguir, retomando trajetória crescente, de modo a atingir 0.800 no 72º dia e assim permanecendo até o 102º; novamente, decrescendo a 0.2357 nos 22 dias seguintes, retomando ao patamar de 0.800 em mais 20 dias para, por último, decrescer até 0.100 nos 35 dias finais analisados. A taxa de transmissibilidade por indivíduos hospitalizados $\alpha^1 = \alpha^2$ foi crescente no intervalo $[0.01; 0.4480]$ nos primeiros 50 dias da evolução da doença; a partir de então, manteve-se em trajetória decrescente até o 125º dia, quando atingiu o valor de 0.015; em seguida, teve um rápido crescimento nos 26 dias seguintes, quando chegou a 0.1248, tornando a decrescer a 0.0135 nos últimos 35 dias analisados.

Nas simulações, forçou-se $\alpha^1 = \alpha^2$. O fato de que esse parâmetro foi crescente nos primeiros 50 dias das notificações dos casos admite a possibilidade de se inferir sobre um possível desconhecimento inicial no uso de normas adequadas de proteção pelos profissionais de saúde ao cuidar dos pacientes hospitalizados. Observa-se, também um outro período de crescimento desse parâmetro durante o 5º mês do início das notificações. Possivelmente, traduzindo um novo relaxamento num período de redução do número de casos notificados da doença.

Na Figura 3, mostra-se o ajuste da curva de casos ativos notificados para o Município de Manoel Vitorino, situado a 40km de Jequié.

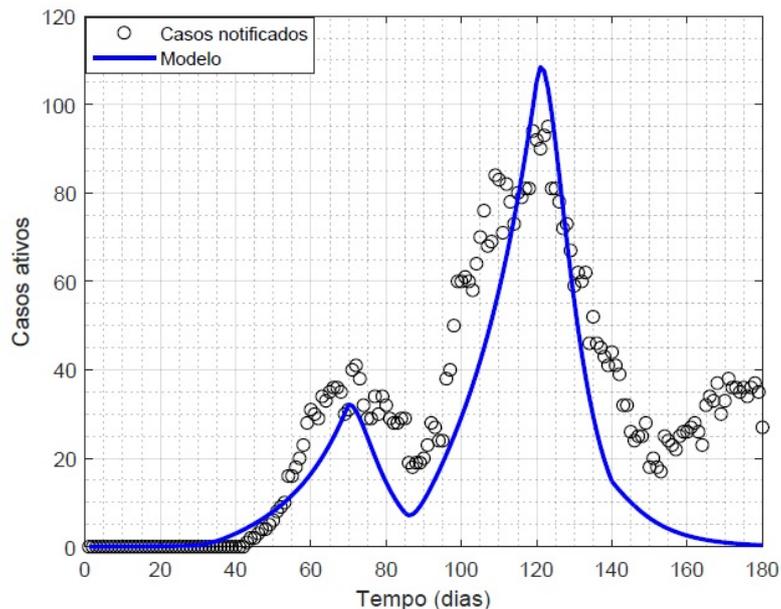


Figura 3: Ajuste da curva de casos ativos para o Município de Manoel Vitorino-BA no caso $m = 2$, para a primeira onda da COVID-19.

Na Figura 3, no período da primeira onda, o parâmetro de redução de transmissibilidade foi estimado: $\psi^2(t)$ permaneceu quase constante, variando de 1.000 a 0.990 nos primeiros 72 dias, quando teve um forte decrescimento, de modo a atingir 1.0048×10^{-4} no 85º dia do início das notificações no Município de Jequié-BA; retoma a trajetória crescente de modo a atingir, novamente 1.000 no 120º dia. Depois, tornando a decrescer drasticamente, de modo a permanecer

entre 2.365×10^{-4} e 1.00066×10^{-4} durante os dois últimos meses analisados. A taxa de transmissibilidade β^2 também foi estimada, inicialmente crescendo de 0.300 a 0.7844 nos primeiros 72 dias; inverte a trajetória de modo a chegar a 0.4995 no 85º dia; em seguida, retoma a trajetória crescente de modo a atingir 0.800 no 120º dia; a partir daí, continua decrescendo até atingir o valor de 0.1010 no 145º dia, quando torna a crescer levemente e permanecer no valor de 0.1343 nos últimos 35 dias analisados. O peso p_1 que mede a influência da região central no espalhamento da doença começou com valor $p_1 = 0.80$; cresceu para $p_1 = 0.95$ no 72º dia; decresceu ligeiramente a $p_1 = 0.35$ no 85º dia; novamente, retomou ao patamar de $p_1 = 0.95$ no 120º dia; a seguir, retomou a trajetória decrescente, atingindo o valor $p_1 = 0.55$ nos últimos 35 dias analisados.

Na Figura 4, mostra-se o ajuste da curva de casos ativos notificados para o Município de Jitaúna, situado a 27km de Jequié, também para o caso $m = 2$.

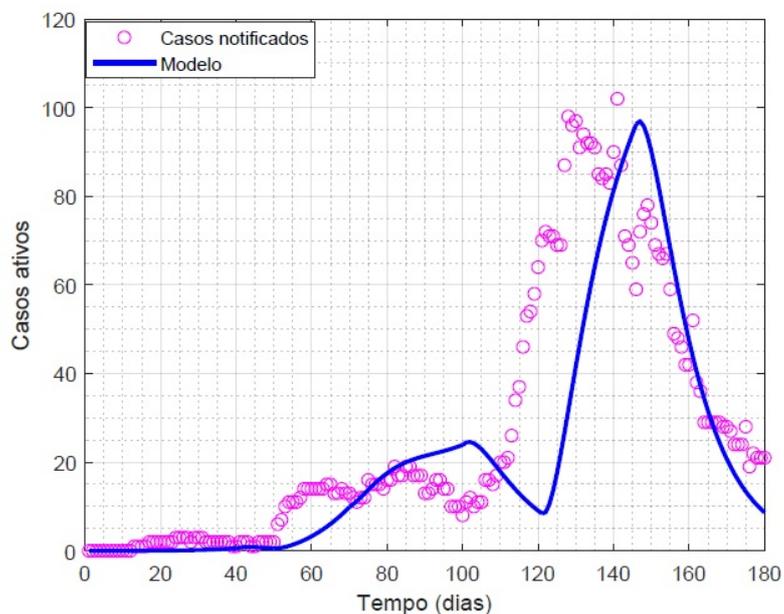


Figura 4: Ajuste da curva de casos ativos para o Município de Jitaúna-BA no caso $m = 2$, para a primeira onda da COVID-19.

Na Figura 4, no período da primeira onda, o parâmetro de redução de transmissibilidade foi estimado: $\psi^2(t)$ decrescendo de 1.000 a 1.143×10^{-1} nos primeiros 50 dias; retomando a trajetória crescente de modo a permanecer em 1.000 do 72º ao 125º. Depois, tornando a decrescer até 1.0385×10^{-4} durante o período restante. A taxa de transmissibilidade β^2 também foi estimada, inicialmente variando com um leve crescimento no intervalo $[0.100; 0.1143]$ nos primeiros 50 dias; inverte a trajetória de modo a retornar a 0.100 nos 21 dias subsequentes; a seguir, assume trajetória crescente de modo a atingir 0.800 no 102º dia e assim permanecer até o 125º dia do início das notificações no Município central de Jequié-BA para, a partir daí, novamente inverter a trajetória de modo a alcançar o valor de 0.1007 nos últimos 35 dias analisados. O peso p_1 que mede a influência da região central no espalhamento da doença começou com valor $p_1 = 0.80$; cresceu para $p_1 = 0.95$ no 72º dia, patamar em que permaneceu até o 102º dia; a partir daí, teve uma rápida trajetória decrescente, chegando a $p_1 = 0.46$ no 120º dia; a seguir, retomou a trajetória crescente, atingindo novamente o valor $p_1 = 0.95$ no 145º dia; a partir daí, tornou a decrescer a $p_1 = 0.35$ nos últimos

35 dias analisados.

Observa-se, ainda, na Figura 4 que o modelo se aproxima dos dados de casos ativos notificados, mas mantendo um possível atraso em torno de 20 dias entre o 80º dia e o 120º dia após o início das notificações; portanto, diferente do que se observa com a aproximação na Figura 3.

4 Considerações Finais

Neste trabalho, foi apresentado um modelo para estudar a propagação de uma epidemia que chega primeiramente num centro regional e tem forte possibilidade de atingir regiões circunvizinhas que possuem relação de dependência de uma variedade de serviços do centro regional. Os resultados observados sugerem que medidas não-farmacológicas de mitigação da doença somente são eficazes quando possuem adesão, principalmente, da população da região central. Para os demais casos que não incluem a região central, essas medidas seriam, sensivelmente, pouco eficazes no controle e impactos da propagação da doença. Acredita-se que o modelo tenha potencial de fornecer informações para a tomada de decisões viáveis para o enfrentamento de epidemias pelas autoridades sanitárias e pela população.

Referências

- [1] S. Choi e M. Ki. “Estimating the reproductive number and the outbreak size of COVID-19 in Korea”. Em: **Epidemiology and health** 42 (2020), e2020011.
- [2] O. Diekmann, J. Heesterbeek e M. G. Roberts. “The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models”. Em: **Journal of the royal society interface** 7.47 (2010), pp. 873–885.
- [3] L. Edelstein-Keshet. **Mathematical Models in Biology**. Philadelphia, PA, USA: SIAM, 2005.
- [4] IBGE. **Projeções da População: Brasil e Unidades da Federação**. 2ª ed. Rio de Janeiro: Coordenação de População e Indicadores Sociais. Fundação Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, 2018.
- [5] SESAB. **Site oficial da Secretaria Estadual de Saúde da Bahia**. Online. Acessado em 12/09/2022, <https://www.saude.ba.gov.br/tag/base-de-dados/>.
- [6] J. E. J. Silva, J. F. C. A. Meyer e C. M. Dias. “Um modelo para a propagação da epidemia de COVID-19 em Jequié-BA.” Em: **Boletim Digital do 5º Encontro de Biomatemática**. (2023). Aceito.
- [7] S. C. Ujvari. **A História da humanidade contada pelo virus**. Editora Contexto, 2015.
- [8] Y. Xiang et al. “COVID-19 epidemic prediction and the impact of public health interventions: A review of COVID-19 epidemic models”. Em: **Infectious Disease Modelling** 6 (2021), pp. 324–342.