

Simulação da COVID-19 através de um modelo SIRDS via autômatos celulares epidêmicos

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

Desenvolvemos um modelo de sistema dinâmico discreto para simular a COVID-19 utilizando o que chamamos de autômatos celulares epidêmicos. O modelo simula a propagação simultânea de vários focos de infecção que busca simular a dinâmica populacional, exclusivamente, humana de colonizar outros pontos de infecção através de viagens. Também simulamos situações que os modelos clássicos não reproduzem facilmente como a inclusão de parâmetros variáveis. Introduzimos uma variação na taxa de contaminação para modelar a introdução da variante *gamma* e o aumento da taxa de mortalidade quando a capacidade de suporte hospitalar estimada é alcançada.

Um autômato celular epidêmico é formado pela quadra (G, E, U, f_0) [1], 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 , vamos definir 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 a vizinhança aleatória onde são sorteadas k posições em um determinado círculo de raio $\|r\|_\infty$. 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:

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

Onde $p(s)$ 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

Para este modelo consideramos que o tempo médio de contaminação é de duas semanas [2] e o tempo médio de imunidade é de 14 semanas [3]. Para o surgimento da variante *gamma* no Brasil, assumimos que ela surge em Novembro de 2020 [4]. Simulamos um cenário com capacidade de suporte hospitalar de 2.6 leitos por mil habitantes [5]. Após esse valor, a mortalidade é aumentada em 30%. Consideramos uma taxa de ocupação prévia de leitos de 60%, uma taxa de hospitalização de 15% [6] sobre infectados e de mortalidade inicial de 1.5%.

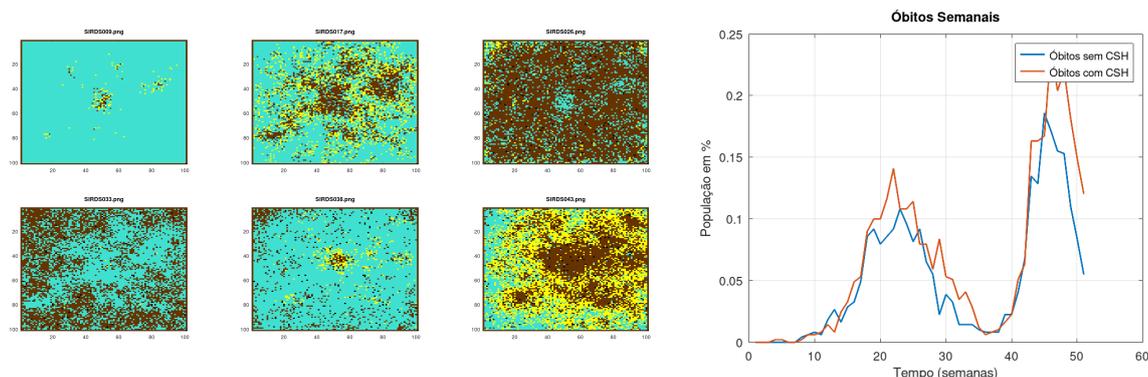


Figura 1: À esquerda evolução espacial do modelo SIRDS. Em azul, suscetíveis, em amarelo, infectados, em marrom, recuperados e, em preto, óbitos. Semanas: 9, 17, 26, 33, 38, 43. À direita, comparação das curvas de óbitos com e sem capacidade de suporte hospitalar (CSH)

No cenário com capacidade hospitalar, houve um aumento superior a 29% de mortalidade em relação a simulação sem capacidade de suporte hospitalar, evidenciando o quão perigoso torna-se sobrecarregar o sistema de saúde. Também obtivemos curvas condizentes epidemiologicamente.

Referências

- [1] 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.
- [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] 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.
- [4] 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.
- [5] Data SUS. **Número de leitos hospitalares por habitante**. Online. Acessado em 31/03/2023, <http://tabnet.datasus.gov.br/cgi/tabcgi.exe?idb2012/e02.def>.
- [6] K. V. M. de S. Noronha et al. “Pandemia por COVID-19 no Brasil: análise da demanda e da oferta de leitos hospitalares e equipamentos de ventilação assistida segundo diferentes cenários”. Em: **Cadernos de Saúde Pública** 36 (2020), e00115320. DOI: 10.1590/0102-311X00115320.