

# Estimação de Parâmetros Epidemiológicos Usando Redes Neurais Convolucionais

Abimael R. Sergio;<sup>1</sup> Magdiel B. Izidoro;<sup>2</sup> Pedro Henrique T. Schimit<sup>3</sup>

PPG em Informática e Gestão do Conhecimento, Universidade Nove de Julho, São Paulo, SP

Durante a pandemia da COVID-19, modelos epidemiológicos foram propostos, e com as características singulares da doença, a estimação de parâmetros desse modelo foi muito importante para facilitar o uso. O objetivo era modelar e prever a propagação da doença, auxiliando na tomada de decisões para medidas de controle [2].

Neste artigo, propõe-se uma metodologia de estimação de parâmetros epidemiológicos, baseados em redes neurais convolucionais (RNC) [2–4]. Para otimizar o uso das RNC que reconhecem imagens, a evolução temporal dos compartimentos de uma doença é transformada em uma imagem. A rede é então treinada para ter como saída os parâmetros do modelo epidemiológico em questão. E com esses parâmetros, é possível replicar a evolução temporal dos compartimentos, usada como entrada da rede. A estimação desses parâmetros não é importante somente para prever a evolução temporal da doença, mas também para trazer respostas sobre o tempo de incubação da doença, período de infectividade, entre outras características da doença.

O modelo epidemiológico considerado é o modelo SIR (Suscetível-Infectado-Recuperado) apresentado em [1]. Nesse modelo, a população é baseada em um autômato celular (AC) bi-dimensional de lado  $N$ , em que cada célula representa um indivíduo que está em um dos compartimentos da doença. Cada indivíduo interage com  $C$  vizinhos dentro de um raio de Moore  $r$  de forma probabilística definida no artigo. Indivíduos suscetíveis tem uma probabilidade de infecção dada por  $P_i = 1 - e^{-Kn_I}$ , em que  $n_I$  representa o número de vizinhos infectados e  $K$  é um fator de infectividade do modelo. Indivíduos infectados podem se curar da doença com probabilidade  $P_c$ , se tornando um indivíduo recuperado, ou morrer pela doença com probabilidade  $P_d$ . Indivíduos suscetíveis e recuperados podem morrer de causas naturais com probabilidade  $P_n$ . Indivíduos que morrem são substituídos por indivíduos suscetíveis para manter a população constante, que é uma aproximação razoável para um curto período de tempo.

A evolução temporal dos estados  $S$ ,  $I$  e  $R$  vinda da simulação do modelo é usada como entrada da rede. Dessa forma, 1000 simulações são realizadas com um AC de lado  $N = 500$  e condições iniciais  $S(0) = 0,995$ ,  $I(0) = 0,005$  e  $R(0) = 0$  como concentrações normalizadas dos estados, que são aleatoriamente distribuídos no reticulado. Para cada uma das 1000 simulações os parâmetros do modelo SIR são aleatoriamente escolhidos nos intervalos  $C \in [1, 10]$ ,  $r \in [1, 10]$ ,  $P_c \in [0,01, 1]$ ,  $P_d \in [0,01, 1]$ ,  $P_n \in [0,01, 1]$ , e  $K \in [0, 2]$ .

A partir da evolução temporal dos estados da doença por 484 passos de tempo, uma imagem é construída para servir de entrada da RNC. Dessa forma, os estados  $S$ ,  $I$  e  $R$  normalizados são considerados como sendo os canais **R** (vermelho), **G** (verde) e **B** (azul) de uma imagem no padrão RGB, onde a intensidade de cada canal representa a fração normalizada de indivíduos em cada estado. Iniciando no centro da imagem, faz-se uma espiral em sentido anti-horário, na qual cada pixel da imagem representa a combinação RGB dos estados epidemiológicos correspondentes ao respectivo tempo de simulação. Esse processo continua até preencher completamente uma imagem de tamanho  $22 \times 22$ , totalizando 484 pixels.

<sup>1</sup>abimaelr.sergio@uni9.edu.br

<sup>2</sup>magdiel.izidoro@uni9.edu.br

<sup>3</sup>schimit@uni9.pro.br

A rede convolucional usada possui uma arquitetura composta por uma camada de entrada de dimensão  $22 \times 22 \times 3$ , seguida por uma camada convolucional com 128 filtros, kernel de tamanho  $2 \times 2$ , ativação ReLU e padding 'same'. Em seguida, há uma camada de pooling, uma camada de dropout com taxa de 0.2 e uma camada densa com 512 unidades e ativação ReLU. A saída da rede possui duas ramificações, cada uma com três neurônios e ativações diferentes. O modelo é treinado por 100 épocas com batch size de 32, utilizando o otimizador Adam com taxa de aprendizado de 0.001 e função de perda Mean Absolute Error (MAE). O treinamento conta com *early stopping* monitorando a perda, interrompendo após três épocas sem melhoria, e um mecanismo *ReduceLROnPlateau* que reduz a taxa de aprendizado se a perda não melhorar após duas épocas. A saída da rede neural consiste nos seguintes valores:  $C, r, K, P_c, P_d, P_n$ .

Com a rede treinada, 300 novas simulações do modelo SIR são usadas para testar a rede. Dessa forma, 300 imagens usam a rede para fornecer 300 conjuntos de parâmetros de saída. Com esses parâmetros de saída, roda-se o modelo SIR novamente e compara-se um a um com as simulações originais. A comparação é realizada como sendo o erro percentual médio entre os estados  $S, I$  e  $R$  quando o sistema atinge o regime permanente, o que geralmente acontece após o passo de tempo 100. Dessa forma, o erro médio ficou em 5%, mostrando que a RNC foi capaz de identificar padrões temporais nos dados gerados e ajustar os parâmetros do modelo SIR de forma eficaz. Isso possibilitou a obtenção de uma dinâmica epidemiológica semelhante à da simulação inicial.

Este trabalho considera uma metodologia baseada em redes neurais convolucionais para a estimação de parâmetros epidemiológicos a partir da evolução temporal da doença. A abordagem proposta demonstrou ser capaz de identificar padrões temporais e fornecer estimativas dos parâmetros, permitindo a replicação da dinâmica epidemiológica original com baixo erro percentual. Essa metodologia pode ser aplicada a outros modelos epidemiológicos, ampliando sua utilidade na previsão de surtos e no desenvolvimento de estratégias de controle. Além disso, a transformação de séries temporais em imagens para análise por redes neurais abre novas possibilidades para a modelagem de fenômenos complexos em diversas áreas, como ecologia, economia e sistemas sociais, destacando a versatilidade e o potencial dessa técnica.

## Agradecimentos

PHTS tem suporte para pesquisa do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) - #421779/2022-5, e da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - #2022/16196-0. MBI e ARS têm bolsa de estudos da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) - #88887.983720/2024-00 e 88887.940868/2024-00.

## Referências

- [1] P. H. T. Schimit e L. H. A. Monteiro. “On the basic reproduction number and the topological properties of the contact network: An epidemiological study in mainly locally connected cellular automata”. Em: **Ecological Modelling** 220.7 (2009), pp. 1034–1042. DOI: 10.1016/j.ecolmodel.2009.01.014.
- [2] K. Sun, J. Chen e C. Viboud. “Early epidemiological analysis of the coronavirus disease 2019 outbreak based on crowdsourced data: a population-level observational study”. Em: **Lancet Digital Health** 2 (2020), pp. 201–208. DOI: 10.1016/S2589-7500(20)30026-1.
- [3] H. L. Tessmer, K. Ito e R. Omori. “Can machines learn respiratory virus epidemiology?: A comparative study of likelihood-free methods for the estimation of epidemiological dynamics”. Em: **Frontiers in microbiology** 9 (2018), p. 343. DOI: 10.3389/fmicb.2018.00343.
- [4] J. Voznica, A. Zhukova, V. Boskova, E. Saulnier, F. Lemoine, M. Moslonka-Lefebvre e O. Gascuel. “Deep learning from phylogenies to uncover the epidemiological dynamics of outbreaks”. Em: **Nature Communications** 13 (2022), p. 3896. DOI: 10.1038/s41467-022-31511-0.