

Modelagem Matemática da Dinâmica da COVID-19 aplicada às epidemias na Bahia e no Brasil

Suani Pinho
Instituto de Física - UFBA

Seminário de Física – Departamento de Ciências Exatas e Naturais
UESB – Campus de Itapetinga - 14 de novembro de 2021

Sumário

- 1) Introdução
- 2) Modelo SEIIHURD
- 3) Simulações computacionais baseadas nos dados
 - 3.1) Efeito de distanciamento social
 - 3.2) Taxa de ocupação de leitos
 - 3.3) Papel dos assintomáticos
 - 3.4) Efeito das medidas governamentais
- 4) Número de Reprodutibilidade do Modelo SEIIHURD
 - 4.1) Número Básico de Reprodutibilidade
 - 4.2) Número Efetivo de Reprodutibilidade
 - 4.3) Aplicação aos dados da COVID-19

Introdução

Introdução

- Em dezembro de 2019, foi registrado o primeiro caso da COVID-19, síndrome respiratória aguda causada por um novo corona vírus denominado **SARS-CoV-2** na cidade de **Hubei na China**; em março de 2020, a OMS declarou a COVID-19 como uma pandemia. Em outubro de 2021, registram-se **mais de 247 milhões e de 5 milhões** de casos e mortes respectivamente no mundo
- De abril de 2020 a abril de 2021, os números de casos confirmados e de mortes no Brasil cresceram, respectivamente, **10 e 20** vezes mais do que, em média, no mundo, ocupando ainda hoje o **2º. lugar** no com mais de **600 mil mortes** e o **3º lugar** com mais de **21 milhões** casos confirmados no ranking mundial.
- Desde o início da pandemia, a OMS e as autoridades sanitárias em diversos países buscaram estabelecer uma política efetiva de **distanciamento social** e **aumento de leitos hospitalares** de modo a evitar o colapso dos sistemas de saúde, bem como a corrida no **processo de vacinação**.
- Diversas **variantes** do SARS-CoV-2 circula no mundo. A variante **Gamma (P1)**, surgida em Manaus, foi uma das responsáveis pelo colapso do sistema de saúde em março deste ano no Brasil. A circulação da variante **Delta**, surgida na Índia, cresce em todos os continentes (<https://www.gisaid.org/hcov19-variants/>)

Modelagem Matemática de Sistemas Vivos

– Caráter das variáveis dos modelos

- Modelos determinísticos
- Modelos estocásticos

– Níveis de Modelagem:

- Modelos inter-host
- Modelos intra-host

– Construção dos modelos

- Modelos baseados em populações (compartimentos)
- Modelos baseados em indivíduos (agentes)

– Técnicas utilizadas:

- Equações diferenciais
- Teoria dos Grafos
- Técnicas de ajustes de parâmetros com base nos dados

Modelagem Matemática da Dinâmica e do Controle da COVID-19

<https://www.even3.com.br/enmmcovid19/>

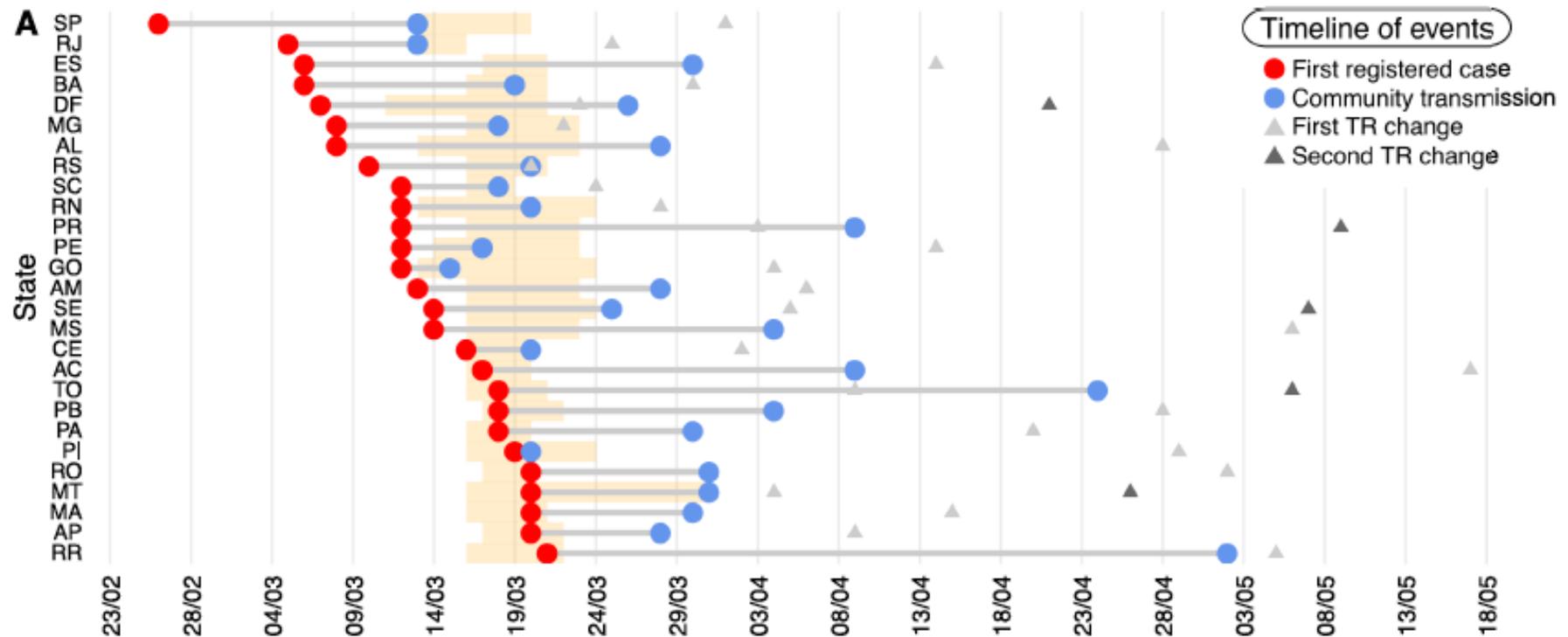
- Modelos básicos – SIR e **SEIR**
- ****** Efeito do **distanciamento físico** e da **adesão** da população - variação da taxa de transmissão com o tempo
- ****** Papel dos infectados **assintomáticos/sintomas leves** na dinâmica da COVID-19
- ****** Impacto no **sistema de saúde** – compartimentos de indivíduos **hospitalizados** (clínicos e de UTI)
- Efeito da **quarentena** e do **isolamento** e das estratégias de **testagem em massa**
- ****** Efeito da co-circulação ou da predominância das **variantes** e da **reinfecção**

Modelagem Matemática da Dinâmica e do Controle da COVID-19

- ** Questão das **sub-notificações** – aquisição, fitting e análise dos dados
- ** Efeito da **mobilidade** entre regiões distintas - modelos de **meta-populações** levando em conta dados de circulação.
- ** Estratégias de **vacinação** – compartimentos com **estrutura etária** e matriz de contato entre as populações.
- Papel dos super-disseminadores (**frontlines**) – modelos baseado em indivíduos em **rede complexas**.
- **Dinâmica viral** nos indivíduos – modelo intra-host
- Combinação de intervenções farmacológicas e não farmacológicas – **cross-scale modelling**.

Entrada do SARS-CoV-2 no Brasil

- Primeiro caso registrado em **26/02/2020** em São Paulo;
- Entre 04/03 e 25/03 todos os estados com casos notificados de COVID-19; em 11/04 quase todos os estados tinham declarado a transmissão comunitária.



Dinâmica da COVID-19 através do Modelo SIR

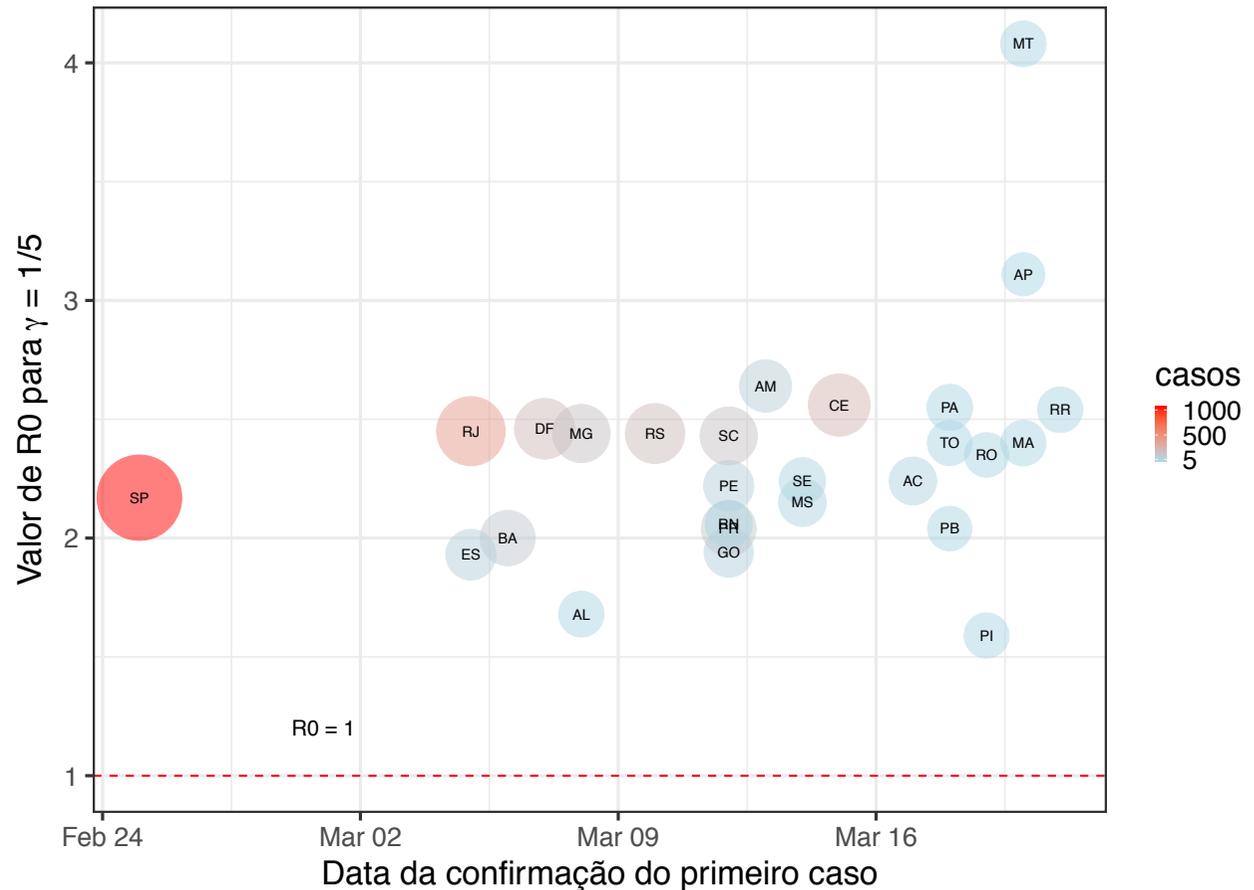


$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta IS \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases}$$

onde β e γ são as **taxas de transmissão** e de recuperação.

R0 - NÚMERO BÁSICO DE REPRODUÇÃO

$$R_0 = \frac{\beta S(0)}{\gamma} = 2 \quad (BA)$$



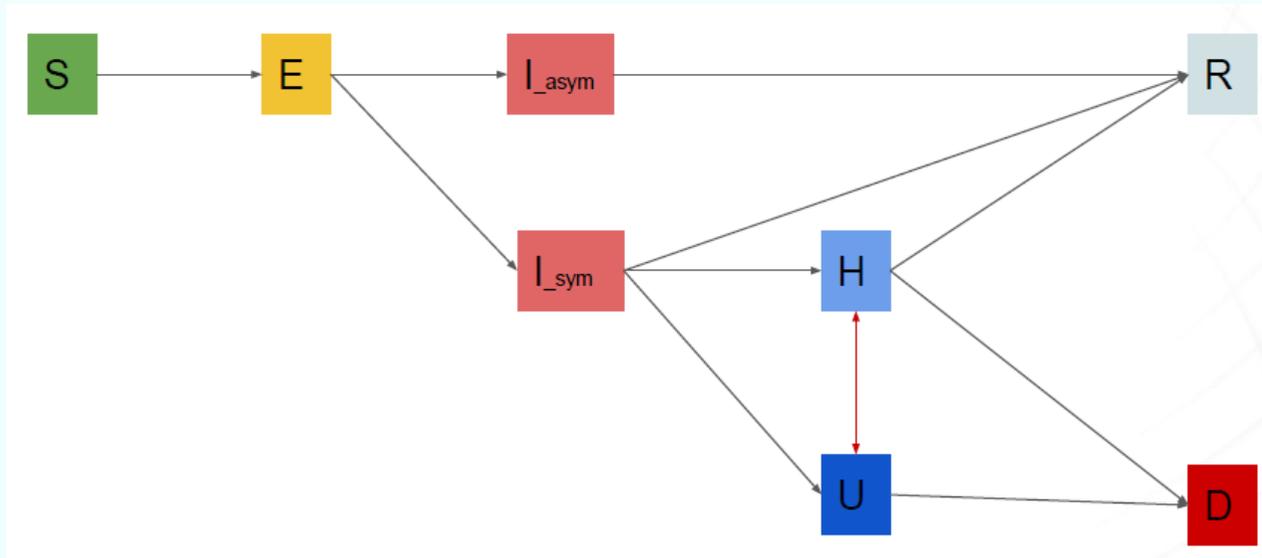
Boletim 1 – Rede Covida (03/04/2020)

Aumentando a Complexidade do Modelo SIR aplicado à Dinâmica da COVID-19

- Variação da taxa de transmissão com o tempo
- Diferenciação entre indivíduos recuperados dos mortos
- Inclusão do compartimento dos expostos – modelo SEIR
- Inclusão do compartimento dos indivíduos assintomáticos
- Inclusão dos compartimentos dos indivíduos hospitalizados
- **Inclusão do fluxo entre municípios**
- **Inclusão de faixa etária nos compartimentos**
- **Inclusão da vacina**
- **Inclusão de variantes**

Modelo SEIIHURD

Modelo SEIHURD



Oliveira et al., Nature Communications 12, 333 (2021) - Mathematical modeling of COVID-19 in 14.8 million individuals in Bahia, Brazil

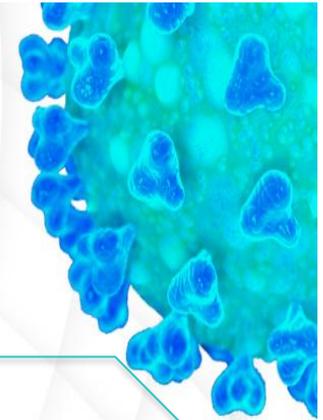
REDE
CoVida
Ciência, Informação
e Solidariedade



CIDACS-FioCruz-Ba

Juliane Oliveira, Daniel Jorge, Pablo Ramos, Roberto Andrade

Equipe de Modelagem e Análises Rede Covida (www.redecovida.org)



Alan Amad - Swansea University
Arthur Rios - UFBA
Aureliano Paiva - Cidacs/Fiocruz
Caio de Castro - Cidacs/Fiocruz,
UFBA
Daniel Jorge - UFBA
Diego Souza - Cidacs/Fiocruz
Elaine Barbosa –UFBA
Felipe Pereira - USP
José Bertolino de Castro - UFBA
Jose Vivas Miranda - UFBA
Juliane de Oliveira - Cidacs/Fiocruz
Luciana Cardim - Cidacs/Fiocruz

Mateus Souza Silva – UFBA
Matheus Torquato - Swansea
University
Moreno Rodrigues - FIOCRUZ-RO
Nívea Bispo da Silva - Cidacs/Fiocruz,
UFBA
Pablo Ramos - Cidacs/Fiocruz
Rafael Veiga - Cidacs/Fiocruz
Raphael do Rosário - UFBA
**Roberto Andrade - Cidacs/Fiocruz,
UFBA**
Rodrigo de Vasconcelos - UEFS
Rosemeire Fiaconne - UFBA
Suani Pinho - UFBA

Sistema de EDO's – Modelo SEIHURD

$$\frac{dS}{dt} = \frac{-\beta(t)S(I_s + \delta I_a)}{N}$$

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\beta(t)S(I_s + \delta I_a)}{N} - \kappa E$$

$$\frac{dI_a}{dt} = (1 - p)\kappa E - \gamma_a I_a$$

$$\frac{dI_s}{dt} = p\kappa E - \gamma_s I_s$$

$$\frac{dH}{dt} = h\xi\gamma_s I_s + (1 - \mu_U + \omega_U \mu_U)\gamma_U U - \gamma_H H$$

$$\frac{dU}{dt} = h(1 - \xi)\gamma_s I_s + \omega_H \gamma_H H - \gamma_U U$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma_a I_a + (1 - h)\gamma_s I_s + (1 - \mu_H)(1 - \omega_H)\gamma_H H$$

$$\frac{dD}{dt} = (1 - \omega_H)\mu_H \gamma_H H + (1 - \omega_U)\mu_U \gamma_U U$$

$$\beta(t) = \beta_0 \mathcal{H}(t_1 - t) + \sum_{i=1}^{n-1} \beta_1 \mathcal{H}(t_{i+1} - t) \mathcal{H}(t - t_i) + \beta_0 \mathcal{H}(t - t_n)$$

Distribuição
de Heavside

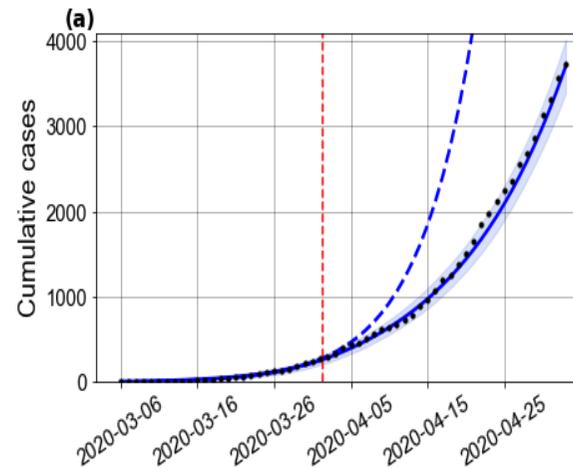
| Parameter | Description | Interval | Fixed |
|------------|--|--|-------|
| β_0 | Pre-intervention transmission rate | [0, 2] | - |
| β_1 | Post-intervention transmission rate | [0, 2] | - |
| t_1 | Time of transmission rate change | [March 15 th , April 15 th] | - |
| δ | Factor that reduce the asymptomatic infectivity | [0, 0.7] | - |
| p | Proportion of latent (E) that proceed to symptomatic infective | [0.13, 0.5] | 0.2 |
| κ | Mean exposed period | [1/6, 1/3] | 1/4 |
| γ_a | Mean asymptomatic period | [1/3.70, 1/3.24] | 1/3.5 |
| γ_s | Mean symptomatic period | [1/5, 1/3] | 1/4 |
| h | Proportion of symptomatic needing hospitalization or ICU | [0.05, 0.25] | - |
| $1 - \xi$ | Proportion of symptomatic that proceed to ICU | [0.01, 0.5] | 0.47 |
| γ_H | Mean Hospital period | [1/12, 1/4] | - |
| γ_U | Mean ICU period | [1/12, 1/3] | - |
| μ_H | Death rate of hospitalized individuals | [0.1, 0.2] | 0.15 |
| μ_U | Death rate of ICU individuals | [0.4, 0.5] | 0.4 |
| ω_H | Proportion of hospitalized that goes to ICU | [0.1, 0.3] | 0.14 |
| ω_U | Proportion of ICU that goes to hospitalization | [0.1, 0.3] | 0.29 |

Simulações Computacionais

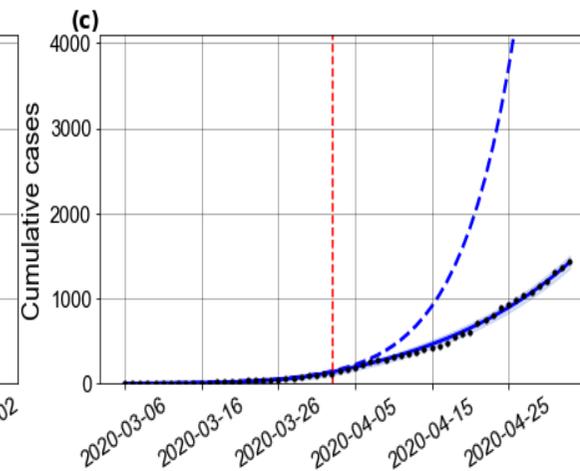
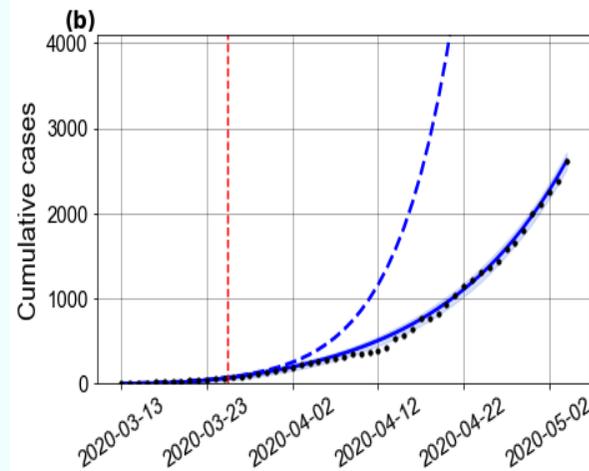
Simulações Computacionais

Efeito das Medidas de Distanciamento Social (Bahia, Capital, Interior)

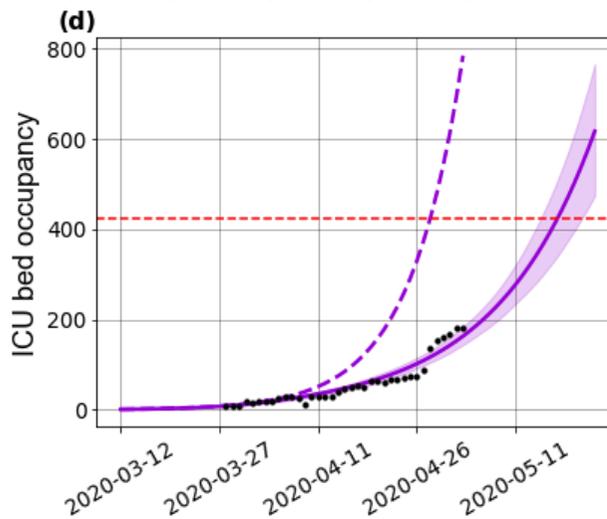
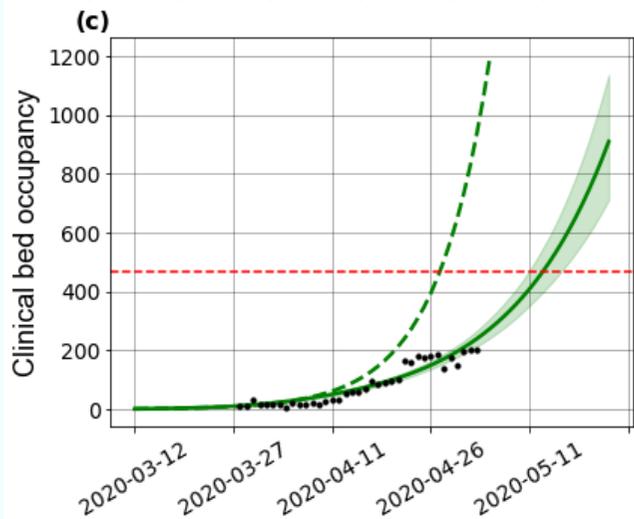
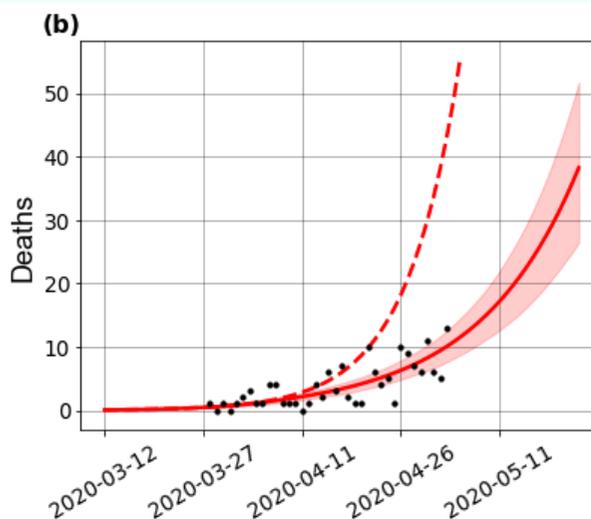
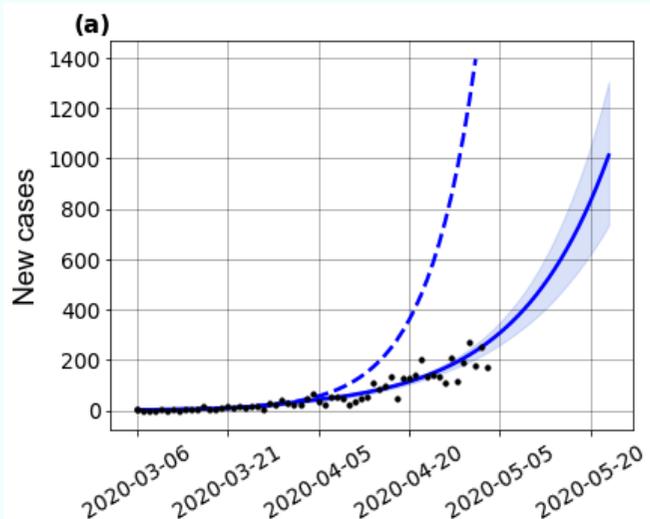
Redução de 36%
no valor de β para
todo o estado



Redução de 55%
no valor de β para
a capital (Salvador)



Efeito da redução da taxa de transmissão na previsão de leitos de UTI e leitos clínicos (Bahia)

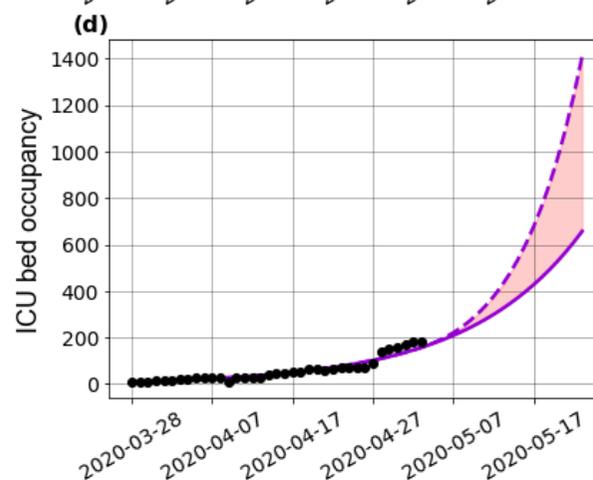
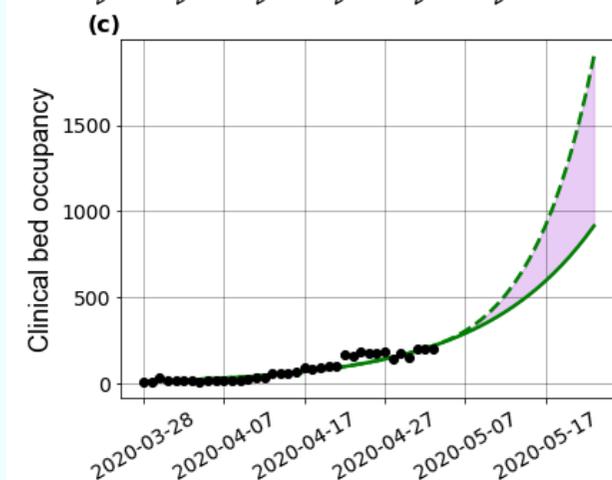
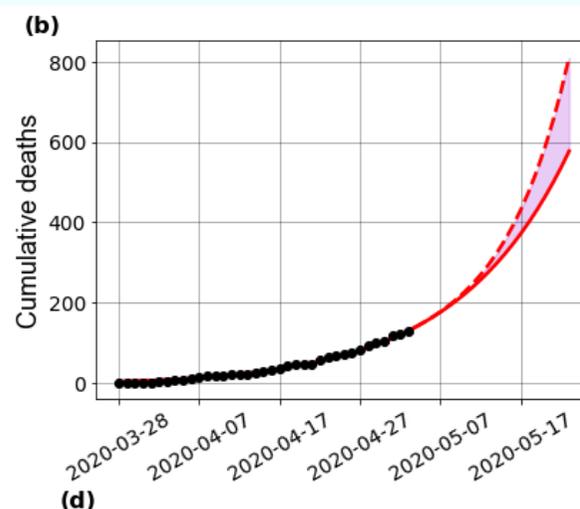
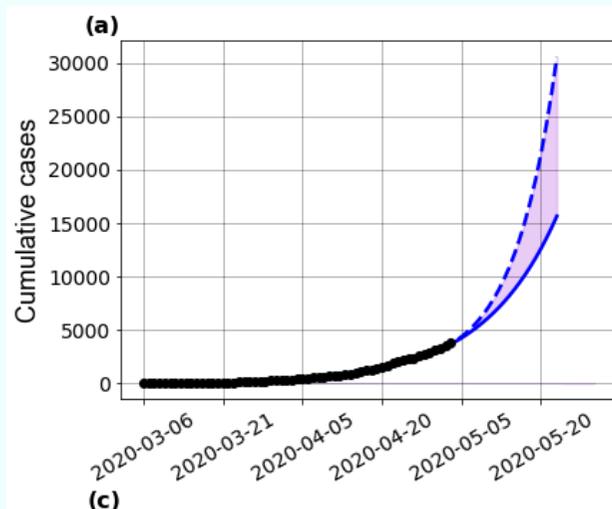


Redução do número de casos e de mortes em **4** e **7** vezes (em 4 de maio)

Aumento do número de leitos clínicos e de UTI em **6.5** e **6.4** vezes (em 4 de maio)

Atingiria o limite de leitos disponíveis **15 dias** antes, na ausência da medida de distanciamento social

Efeito do Relaxamento das Medidas de Distanciamento social para Assintomáticos (aumento de δ em 50% em 5 de maio)



Aumento do número de **casos** e **de mortes** em **50%** e **35%** (em 25 de maio) respectivamente

Redução de **leitos clínicos** e **de UTI** em **75%** e **88%** (em 25 de maio) respectivamente

Efeito das Ações Governamentais e Cenários Pós-Pandemia

Efeito das medidas governamentais e aderência da população

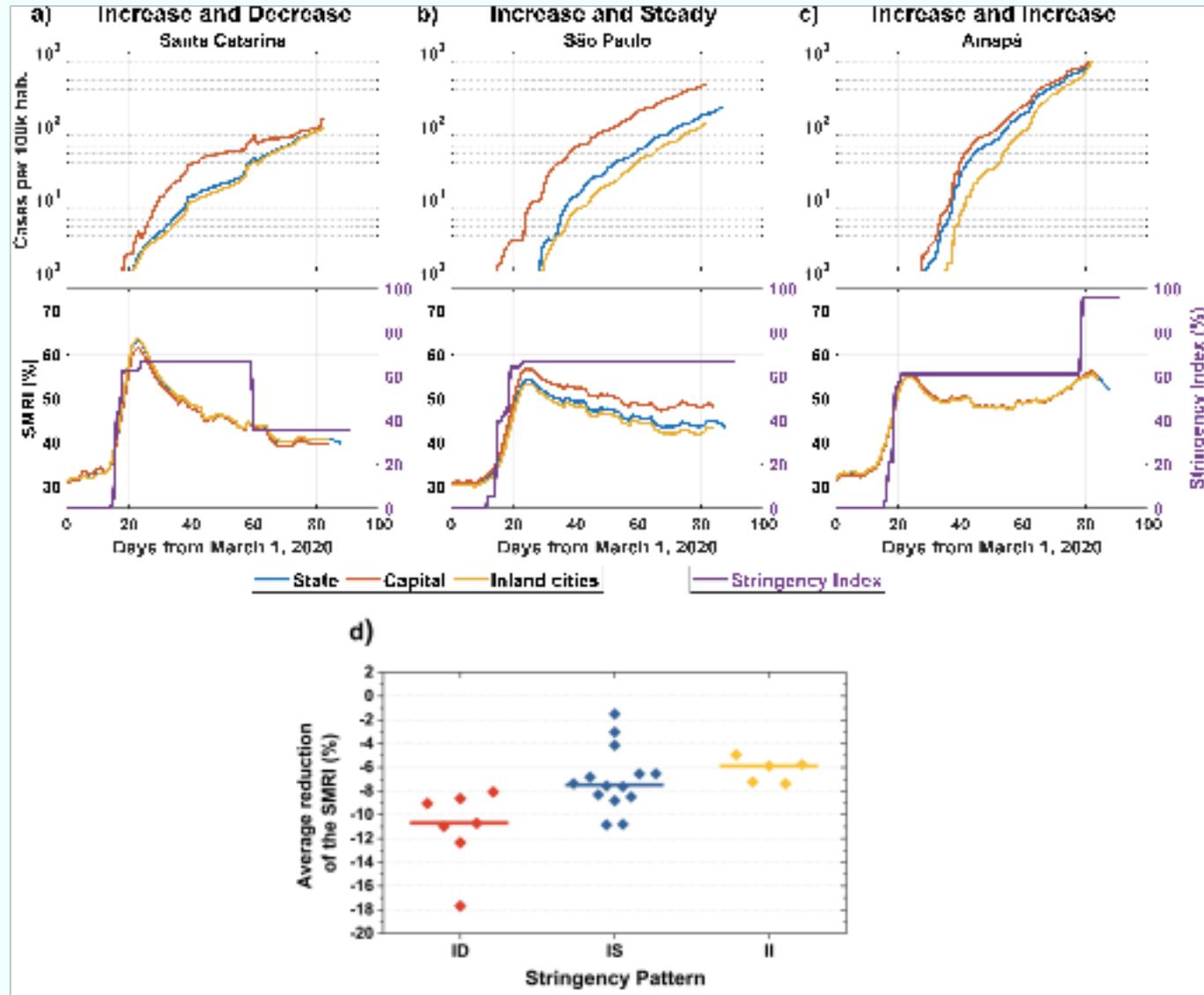
- **Índice de adstringência** – índice que estabelece um score com base nas medidas governamentais adotadas pelos estados brasileiros para conter a propagação da epidemia:

| Measure adopted | |
|---|--|
| Cancellation of public events | |
| Closure of schools/universities | |
| Home-office for governmental employees | |
| Isolation | |
| Closure of non-essential businesses and public activities | |
| Transport lock | |
| Health etiquette policies | |

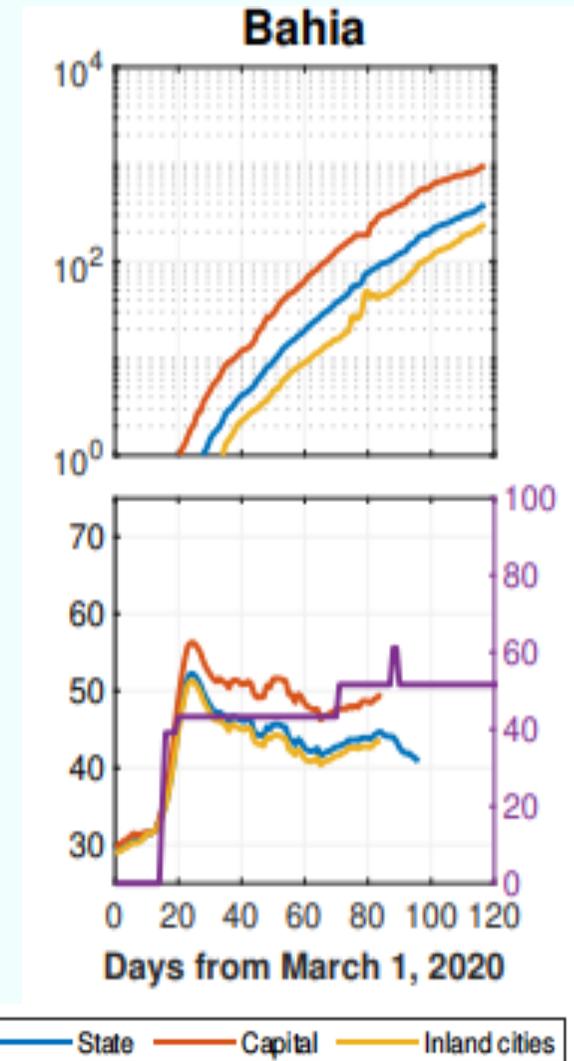
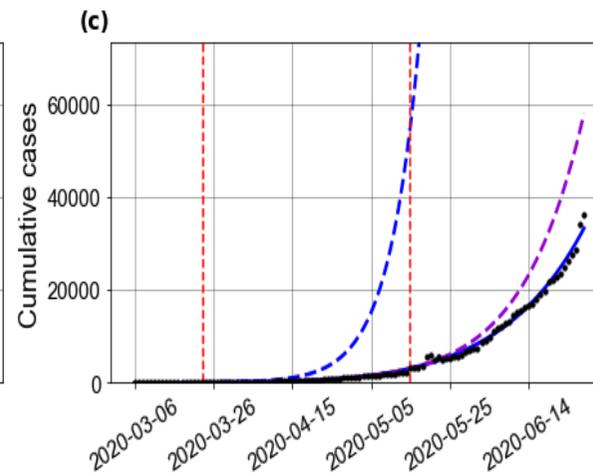
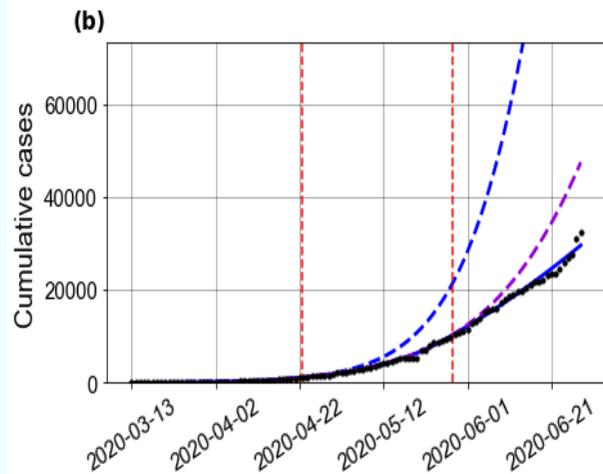
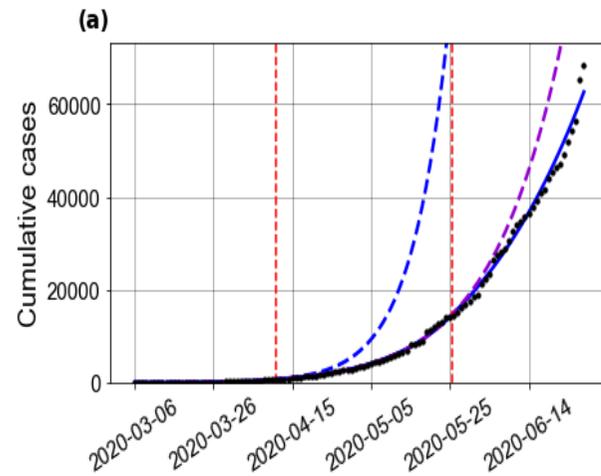
Jorge et al. - *Assessing the nationwide impact of COVID-19 mitigation policies on the transmission rate of SARS-CoV-2 in Brazil*. *Epidemics* 35, 100465 (2021)

- **Modelo SEIIR** – aplicado a todos os estados brasileiros
- **Mobilidade social** - aderência da população às recomendações de distanciamento social (<https://inloco.com.br/>)

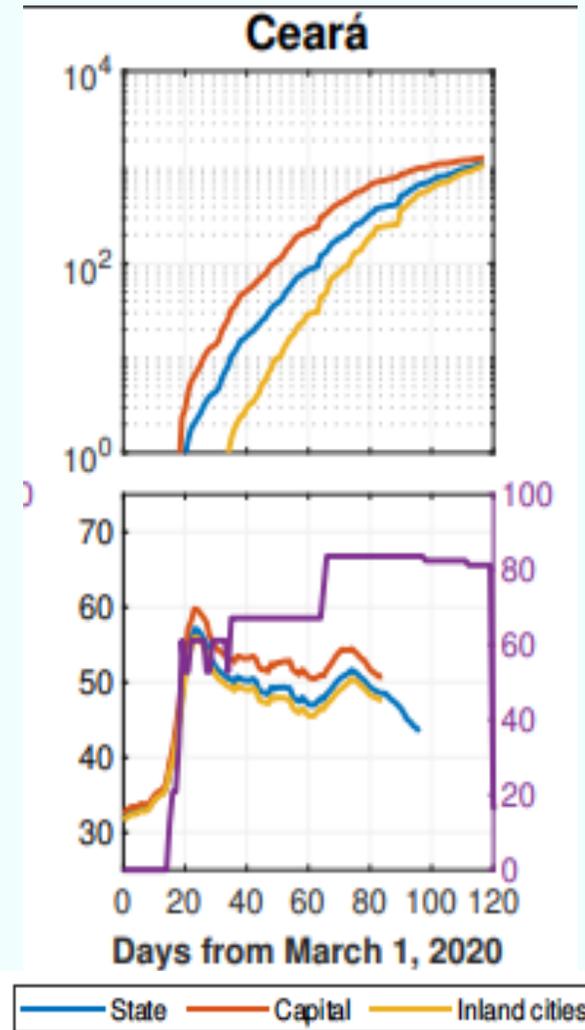
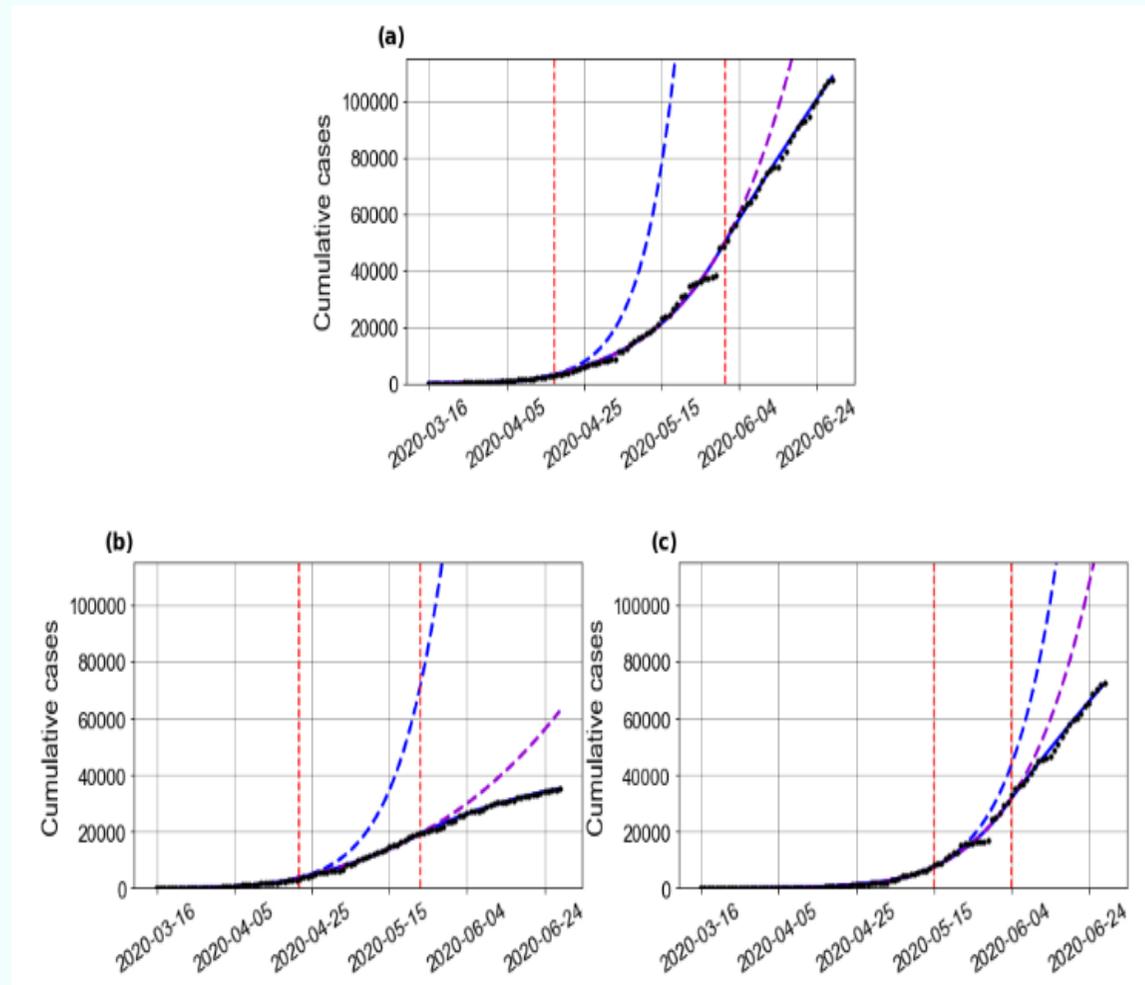
Padrões das medidas governamentais e da adesão da população



Impacto das medidas governamentais e da adesão da população na Bahia



Impacto das medidas governamentais e da adesão da população no Ceará



Número de Reprodutibilidade

Cálculo do Número Básico de Reprodutibilidade

- O número básico de reprodutibilidade, \mathcal{R}_0 , pode ser obtido com base nos compartimentos infectantes, através do método do operador de próxima geração (Diekmann e Heesterbeek, 2000; Van den Driessche & Watmough, 2002):

$$\mathcal{R}_0 = \lambda \Rightarrow \det(KT^{-1} - \lambda I) = 0$$

em que K é uma matriz não negativa dos compartimentos infectantes e T é uma matriz dos termos de transição associados a estes compartimentos. Os autovalores são obtidos no ponto de equilíbrio livre de doença, de modo que \mathcal{R}_0 corresponde ao maior autovalor.

- Para o modelo SEIHRD, os compartimentos considerados são E , I_s e I_a :

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta p}{\gamma_s} + \frac{\beta \delta (1 - p)}{\gamma_a}.$$

Cálculo do Número Efetivo de Reprodutibilidade

- O número efetivo de reprodutibilidade, $\mathcal{R}(t)$, pode ser obtido com base nos compartimentos infectantes, através do método associado aos *infection-age models* (Nishiura & Chowell, 2009).
- Sendo $A(t, \tau)$ a taxa de novas infecções no tempo t causadas por indivíduos infectados no tempo $\tau \leq t$; temos que o número de novas infecções $J(t)$ e o número de reprodutibilidade $\mathcal{R}(t)$ são dados por:

$$J(t) = \int_{\tau=0}^{\infty} J(t - \tau)A(t, \tau)d\tau,$$

$$\mathcal{R}(t) = \int_{\tau=0}^{\infty} A(t, \tau)d\tau.$$

- Sendo $g(\tau)$ uma distribuição de probabilidade normalizada do intervalo de tempo que um indivíduo infectado leva para infectar casos secundários; e escrevendo $A(t, \tau) = \mathcal{R}(t)g(\tau)$, então:

$$\mathcal{R}(t) = \frac{J(t)}{\int_{\tau=0}^{\infty} J(t - \tau)g(\tau)d\tau}. \quad (I)$$

Cálculo de $J(t)$ e de $\mathcal{R}(t)$ usando EDP's

- Considere o infection-age model associado ao modelo SEIHRD em que τ é o *tempo* decorrido desde a ocorrência da infecção:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N} S(t) (I_s(t) + \delta I_a(t)),$$

$$\left(\frac{\partial}{\partial t} + \frac{\partial}{\partial \tau}\right) e(t, \tau) = -\kappa e(t, \tau),$$

$$e(t, \tau = 0) = \frac{\beta}{N} S(t) (I_s(t) + \delta I_a(t)) = J(t),$$

$$\left(\frac{\partial}{\partial t} + \frac{\partial}{\partial \tau}\right) i_a(t, \tau) = (1-p)\kappa e(t, \tau) - \gamma_a i_a(t, \tau),$$

$$\left(\frac{\partial}{\partial t} + \frac{\partial}{\partial \tau}\right) i_s(t, \tau) = p\kappa e(t, \tau) - \gamma_s i_s(t, \tau),$$

$$i_s(t, \tau = 0) = i_a(t, \tau = 0) = 0.$$

Aplicando o método de integração ao longo da linha característica:

$$\frac{du(s)}{ds} = -\kappa u(s),$$

$$\frac{dv_a(s)}{ds} = (1-p)\kappa u(s) - \gamma_a v_a(s),$$

$$\frac{dv_s(s)}{ds} = p\kappa u(s) - \gamma_s v_s(s).$$

Sejam:

$$u(s) = e(t, \tau) = e(t_0 + s, s)$$

$$v_a(s) = i_a(t, \tau) = i_a(t_0 + s, s)$$

$$v_s(s) = i_s(t, \tau) = i_s(t_0 + s, s)$$

$$e(\tau) = J(t - \tau) e^{-\kappa \tau},$$

$$i_a(\tau) = J(t - \tau) (1-p) \frac{\kappa}{\kappa - \gamma_a} (e^{-\gamma_a \tau} - e^{-\kappa \tau}),$$

$$i_s(\tau) = J(t - \tau) p \frac{\kappa}{\kappa - \gamma_s} (e^{-\gamma_s \tau} - e^{-\kappa \tau}).$$

Obtenção de $\mathcal{R}(t)$ para o modelo SEIHURD a partir de dados das epidemias

Analisando o infection-age model associado ao modelo SEIHURD em que, τ é o tempo decorrido desde a ocorrência da infecção, obtemos a **equação de renovação**:

$$J(t) = \frac{\beta}{N} S(t) \left(\int_0^{\infty} p \frac{\kappa}{\kappa - \gamma_s} (e^{-\gamma_s \tau} - e^{-\kappa \tau}) J(t - \tau) d\tau + \delta \int_0^{\infty} (1 - p) \frac{\kappa}{\kappa - \gamma_a} (e^{-\gamma_a \tau} - e^{-\kappa \tau}) J(t - \tau) d\tau \right),$$

De modo que a distribuição de probabilidade $g(\tau)$ do intervalo de tempo que um indivíduo infectado leva para infectar casos secundários pode

$$A_a(t, \tau) = \delta \frac{\beta}{N} S(t) (1 - p) \frac{\kappa}{\kappa - \gamma_a} (e^{-\gamma_a \tau} - e^{-\kappa \tau}),$$

$$A_s(t, \tau) = \frac{\beta}{N} S(t) p \frac{\kappa}{\kappa - \gamma_s} (e^{-\gamma_s \tau} - e^{-\kappa \tau}),$$

$$A(t, \tau) = A_a(t, \tau) + A_s(t, \tau).$$

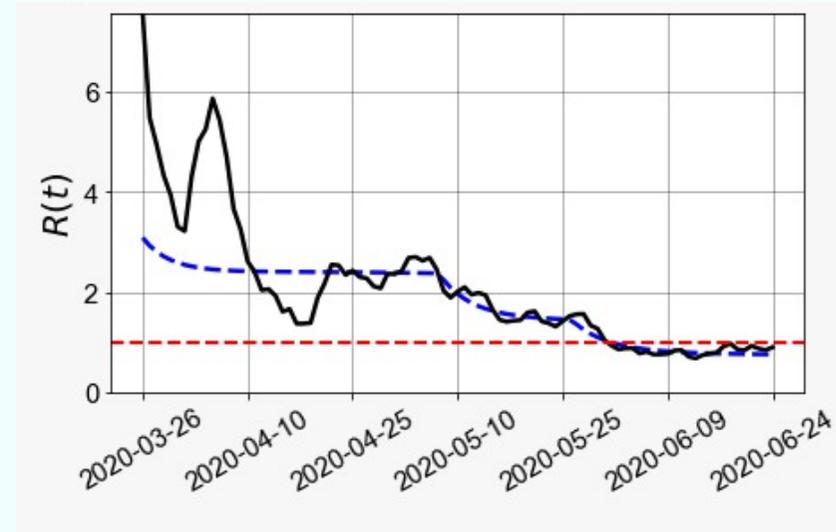
$$g_a(\tau) = \frac{A_a(t, \tau)}{\int_{\tau=0}^{\infty} A_a(t, \tau) d\tau} = \frac{\kappa \gamma_a}{\kappa - \gamma_a} (e^{-\gamma_a \tau} - e^{-\kappa \tau}),$$

$$g_s(\tau) = \frac{A_s(t, \tau)}{\int_{\tau=0}^{\infty} A_s(t, \tau) d\tau} = \frac{\kappa \gamma_s}{\kappa - \gamma_s} (e^{-\gamma_s \tau} - e^{-\kappa \tau}).$$

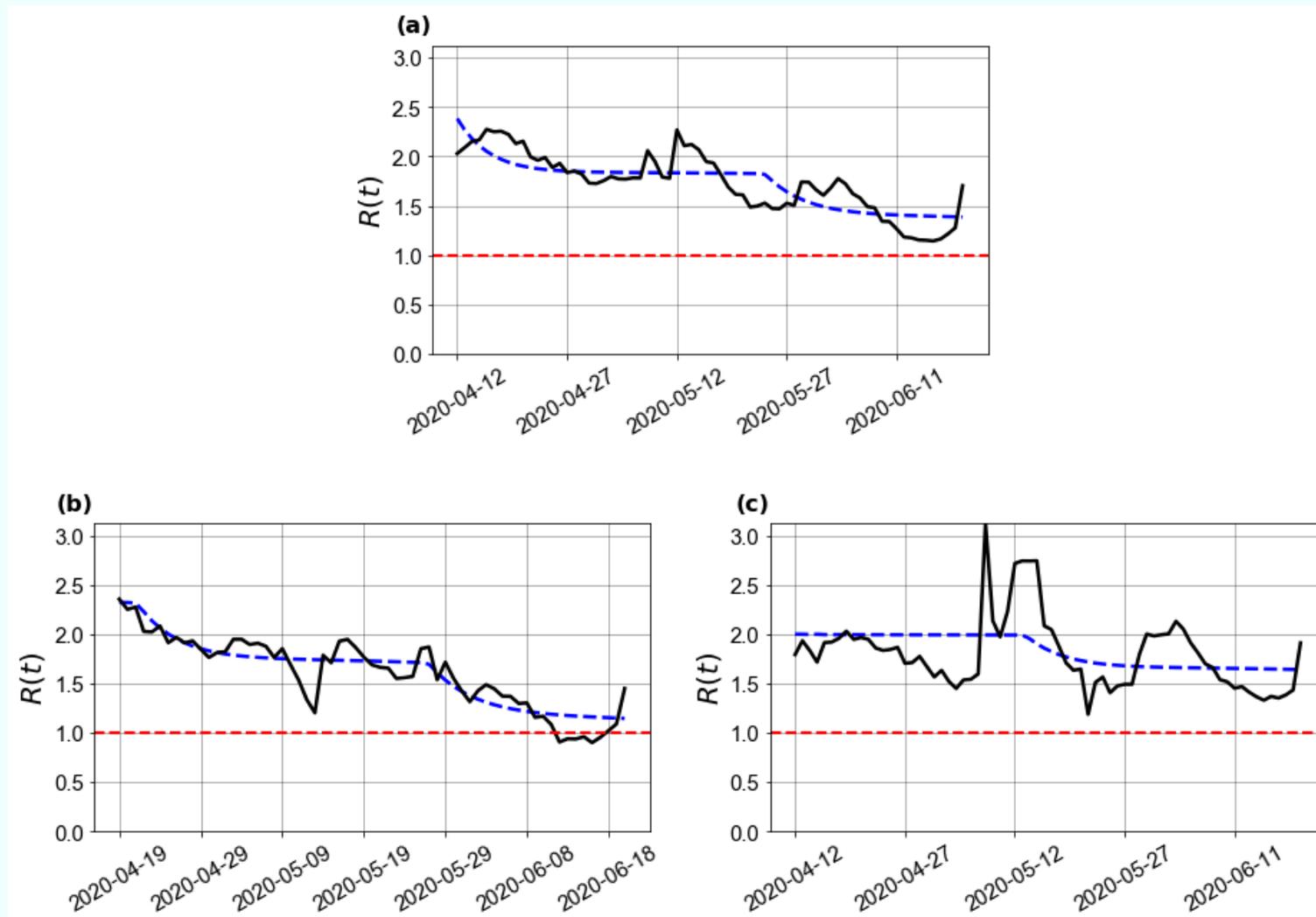
$$g(\tau) = \frac{p g_s(\tau) / \gamma_s + \delta (1 - p) g_a(\tau) / \gamma_a}{p / \gamma_s + \delta (1 - p) / \gamma_a},$$

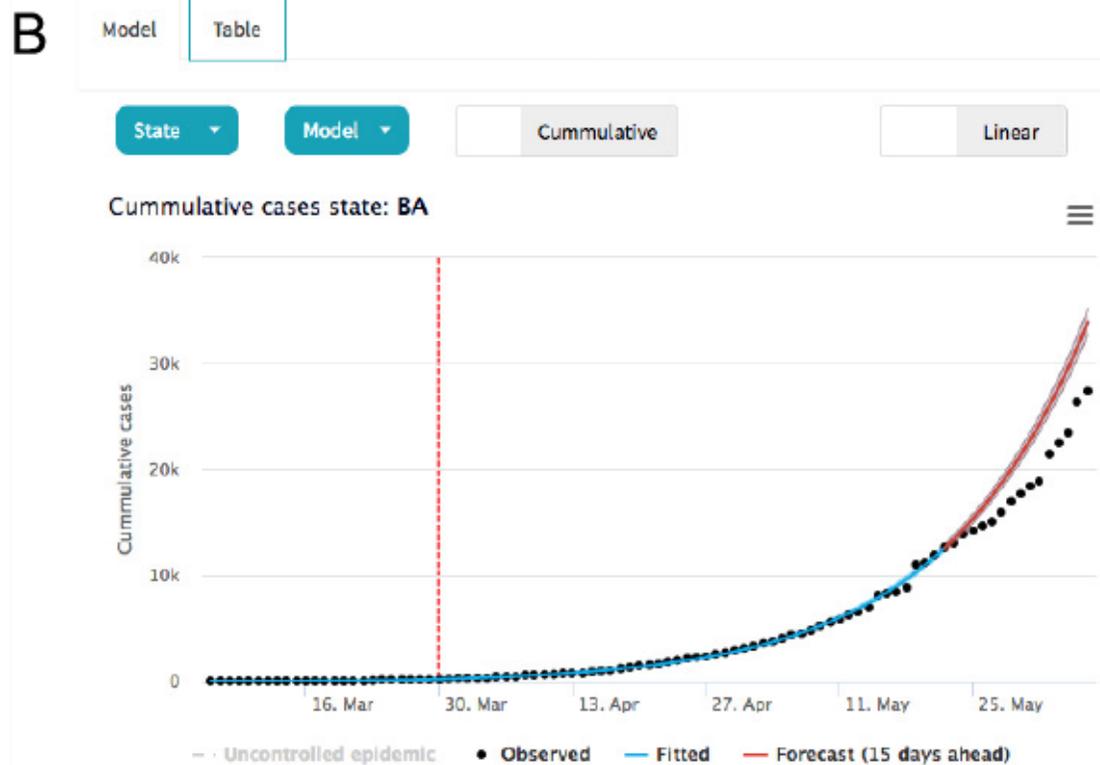
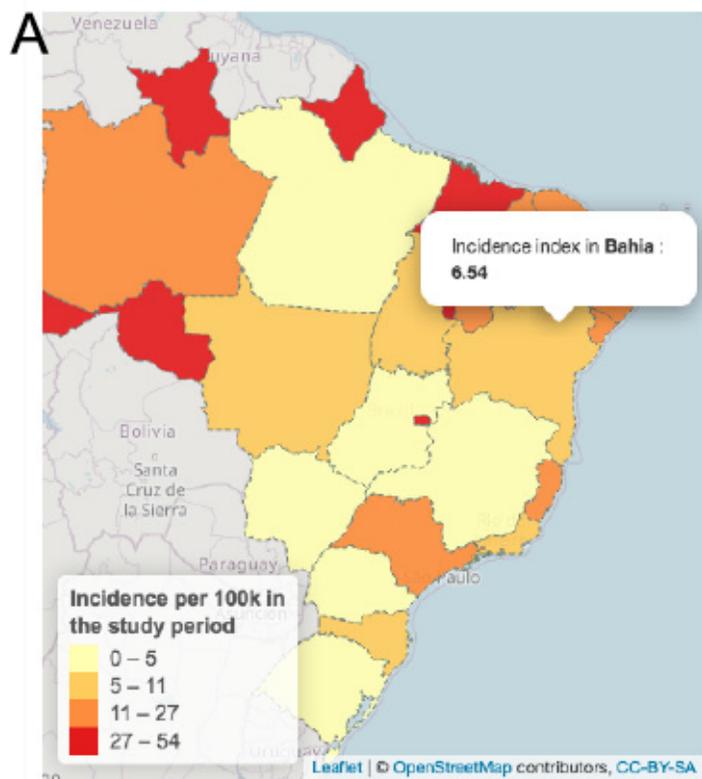
Sendo o número de casos registrados $b(t) = pJ(t - (1/k))$ onde k é tempo médio de latência. Logo **$J(t) = b(t + (1/k)) / p$** , obtemos finalmente a expressão de $\mathcal{R}(t)$

Análise Comparativa com base no $R(t)$



Cenários do $R(t)$ – Bahia (estado, capital, interior)

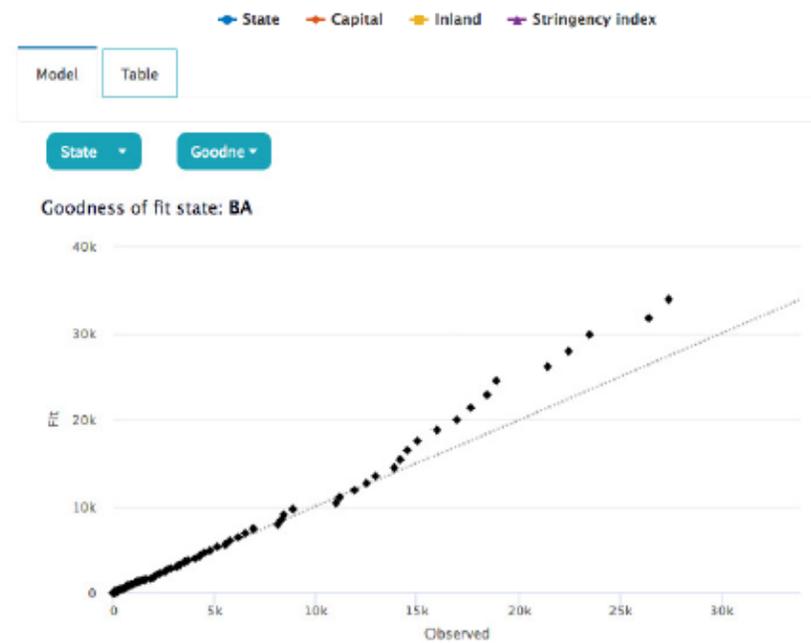




E



F



G

Model Table

BA



| | State | Capital | Inland cities |
|--------------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|
| β_0 | 1.53 (1.32 - 1.95) | 1.53 (1.4 - 1.87) | 1.38 (1.19 - 1.76) |
| β_1 | 0.91 (0.82 - 1.2) | 0.89 (0.76 - 1.18) | 0.88 (0.8 - 1.1) |
| β_2 | - | - | 1.38 (1.21 - 1.73) |
| t_0 | Mar/30 (Mar/27 - Apr/04) | Apr/01 (Mar/28 - Apr/18) | Apr/03 (Mar/30 - Apr/08) |
| t_1 | - | - | May/10 (May/09 - May/12) |
| δ | 0.33 (0.27 - 0.51) | 0.32 (0.24 - 0.51) | 0.3 (0.25 - 0.51) |
| R_0 | 2.64 (2.05 - 4.34) | 2.59 (2.06 - 4.17) | 2.26 (1.78 - 3.92) |
| Date of first case | Mar/06 | - | - |
| Date of community transmission | Mar/26 | - | - |

Reproduction Number for Heterogeneous Models: A general method

$$\vec{x}(t, \tau) = (x_1(t, \tau), \dots, x_n(t, \tau)),$$

$$\frac{d}{dt} X(t) = \mathcal{F}(t) - \int_0^{\infty} \mathcal{V}(t, \tau) d\tau,$$

$$X(t) = (X_1(t), \dots, X_n(t)).$$

$$\left(\frac{\partial}{\partial t} + \frac{\partial}{\partial \tau} \right) x(t, \tau) = -\mathcal{V}(t, \tau),$$

$$x(t, \tau = 0) = \mathcal{F}(t).$$

$$\begin{array}{l} \xrightarrow{\text{orange}} \vec{\mathcal{F}}(t) \longrightarrow \Omega(t) \\ \xrightarrow{\text{blue}} \vec{\mathcal{V}}(t, \tau) \longrightarrow \Gamma(\tau) \end{array} \longrightarrow A(t, \tau) = \Omega(t) \Gamma(\tau)$$

Matriz de próxima geração:

$$\mathcal{R}_{ij}(t) = \int_0^{\infty} A_{ij}(t, \tau) d\tau$$

Matriz do intervalo de geração:

$$g_{ij}(t, \tau) = \frac{A_{ij}(t, \tau)}{\int_0^{\infty} A_{ij}(t, \tau) d\tau}$$

Jorge, Oliveira, Miranda, Andrade and Pinho. *Estimating the effective reproduction number for heterogeneous models using incidence data* - arXiv: 2102.12637 (submitted to Royal Society Open Science, 2021)

Aplicações: Modelo para COVID-19

Modelo SEIIHURD:

$$\frac{dS}{dt} = \frac{-\beta(t)S(I_s + \delta I_a)}{N}$$

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\beta(t)S(I_s + \delta I_a)}{N} - \kappa E$$

$$\frac{dI_a}{dt} = (1-p)\kappa E - \gamma_a I_a$$

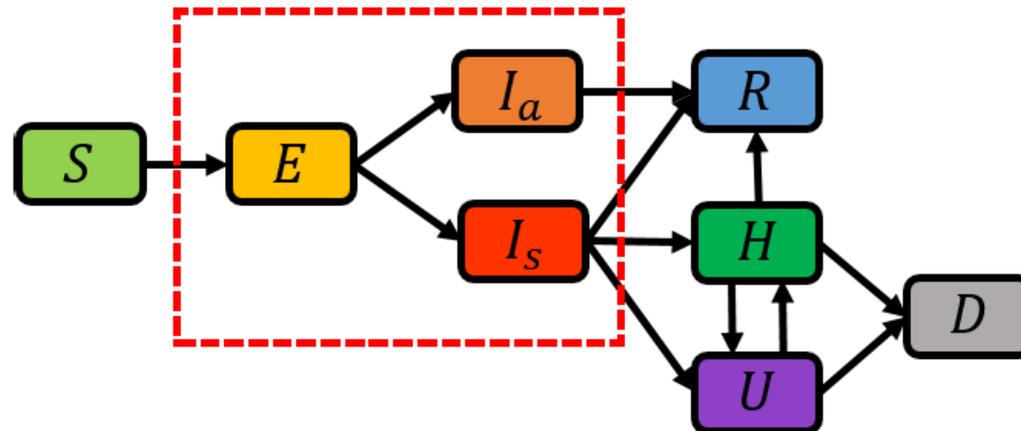
$$\frac{dI_s}{dt} = p\kappa E - \gamma_s I_s$$

$$\frac{dH}{dt} = h\xi\gamma_s I_s + (1 - \mu_U + \omega_U \mu_U)\gamma_U U - \gamma_H H$$

$$\frac{dU}{dt} = h(1 - \xi)\gamma_s I_s + \omega_H \gamma_H H - \gamma_U U$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma_a I_a + (1 - h)\gamma_s I_s + (1 - \mu_H)(1 - \omega_H)\gamma_H H$$

$$\frac{dD}{dt} = (1 - \omega_H)\mu_H \gamma_H H + (1 - \omega_U)\mu_U \gamma_U U$$



$$\frac{d}{dt} \mathbf{X}(t) = \mathcal{F}(t) - \int_0^\infty \mathcal{V}(t, \tau) d\tau,$$

$$\vec{\mathcal{F}}(t) = \frac{\beta S}{N} \begin{pmatrix} I_s + \delta I_a \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \quad \vec{\mathcal{V}}(\tau) = \begin{pmatrix} \kappa i_e \\ \gamma_s i_s - \kappa i_e \\ \gamma_a i_a - \kappa i_e \end{pmatrix}$$

$$\mathbf{x}(t, \tau) = (x_1(t, \tau), \dots, x_n(t, \tau)),$$

$$\mathbf{X}(t) = (X_1(t), \dots, X_n(t)).$$

$$\left(\frac{\partial}{\partial t} + \frac{\partial}{\partial \tau} \right) \mathbf{x}(t, \tau) = -\mathcal{V}(t, \tau),$$

$$\mathbf{x}(t, \tau = 0) = \mathcal{F}(t).$$

$$\mathcal{R}_{ij}(t) = \int_0^\infty A_{ij}(t, \tau) d\tau.$$

$$\mathcal{R}(t) = \beta \frac{S}{N} \begin{pmatrix} \frac{p}{\gamma_s} + \delta \frac{(1-p)}{\gamma_a} & 1/\gamma_s & 1/\gamma_a \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Aplicações: Modelo espacial para COVID-19

$$\frac{dS_i}{dt} = - \sum_j^n \lambda_{ij}(t) S_i(t) \left[I_j^s(t) + \delta I_j^a(t) \right] S_i(t),$$

$$\frac{dE_i}{dt} = \sum_j^n \lambda_{ij}(t) S_i(t) \left[I_j^s(t) + \delta I_j^a(t) \right] - \kappa E_i(t),$$

$$\frac{dI_i^s}{dt} = p\kappa E_i(t) - \gamma_s I_i^s(t),$$

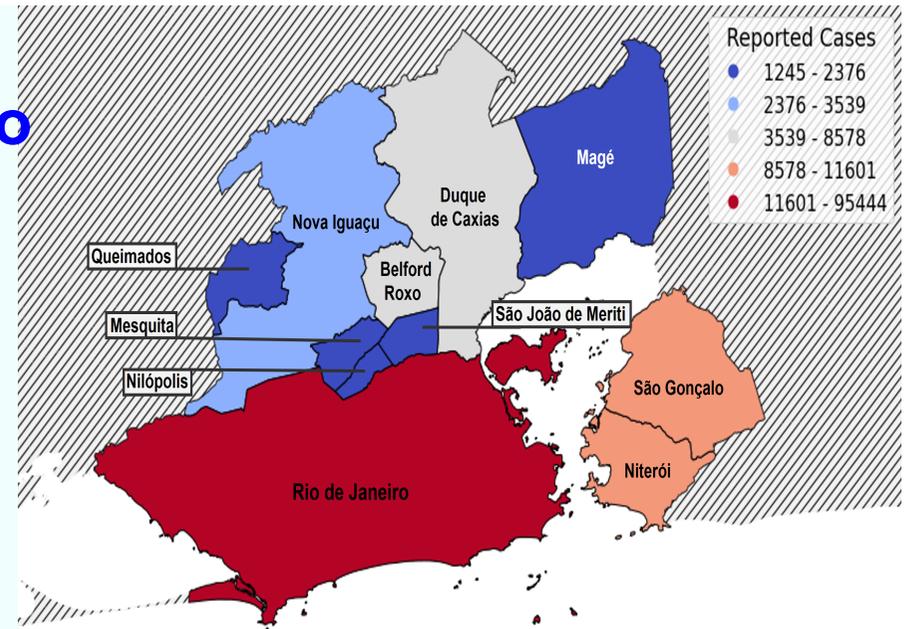
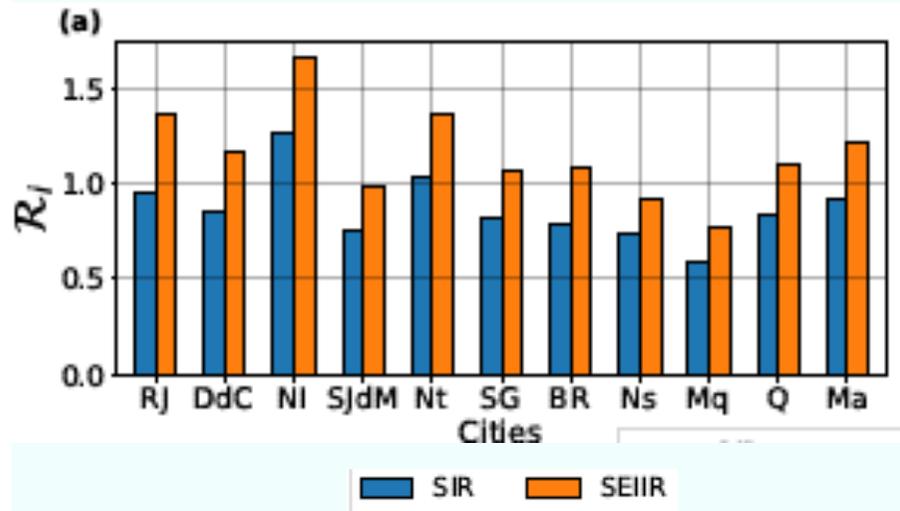
$$\frac{dI_i^a}{dt} = (1 - p)\kappa E_i(t) - \gamma_a I_i^a(t),$$

$$\frac{dR_i}{dt} = \gamma_s I_i^s(t) + \gamma_a I_i^a(t).$$

$$\lambda_{ii} = \frac{\beta_i}{N_i} \left(1 - \sum_j^n \Phi_{ij} \right)^2 + \sum_j^n \frac{\beta_j}{N_j} \Phi_{ij}^2$$

$$\lambda_{ij} = \frac{\beta_i}{N_i} \Phi_{ji} \left(1 - \sum_k^n \Phi_{ik} \right) + \frac{\beta_j}{N_j} \Phi_{ij} \left(1 - \sum_k^n \Phi_{jk} \right) + \sum_k^n \frac{\beta_k}{N_k} \Phi_{ik} \Phi_{jk}$$

Números Efetivos de Reprodução



<https://covid.saude.gov.br/>

<https://google.com/covid19/mobility/>

$$R_{ij}(t) = S_i(t) \lambda_{ij}(t) \left[\frac{p}{\gamma_s} + \frac{\delta(1-p)}{\gamma_a} \right], \quad g_{ij}(\tau) = g(\tau) = \frac{\frac{p}{\gamma_s} g^s(\tau) + \frac{\delta(1-p)}{\gamma_a} g^a(\tau)}{\frac{p}{\gamma_s} + \frac{\delta(1-p)}{\gamma_a}}.$$

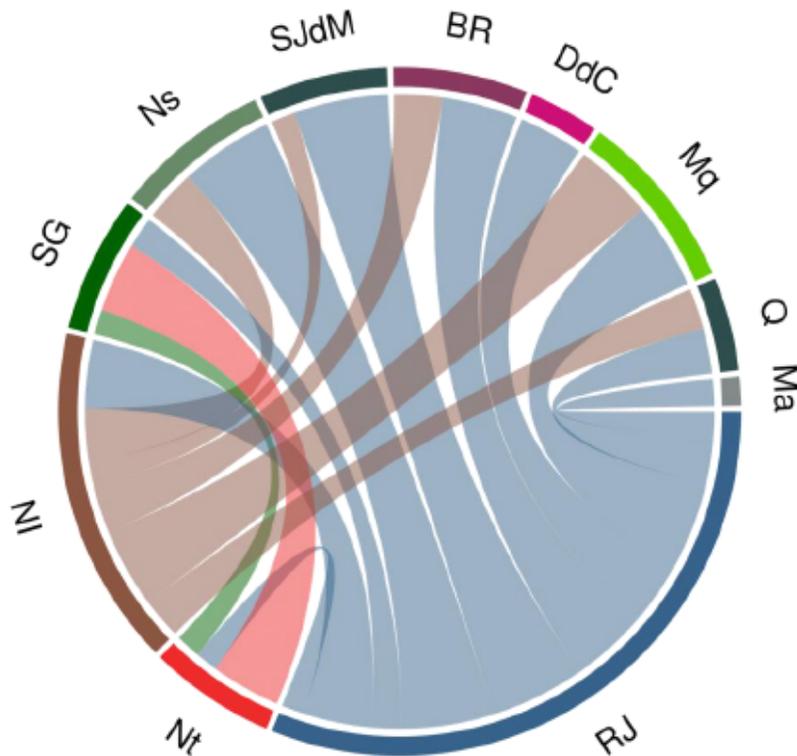
$$\bar{\mathcal{R}}_j(t) = \sum_i^n \mathcal{R}_{ij}(t).$$

$$\mathcal{B}_i(t) = \sum_j^n \mathcal{T}_{ij}.$$

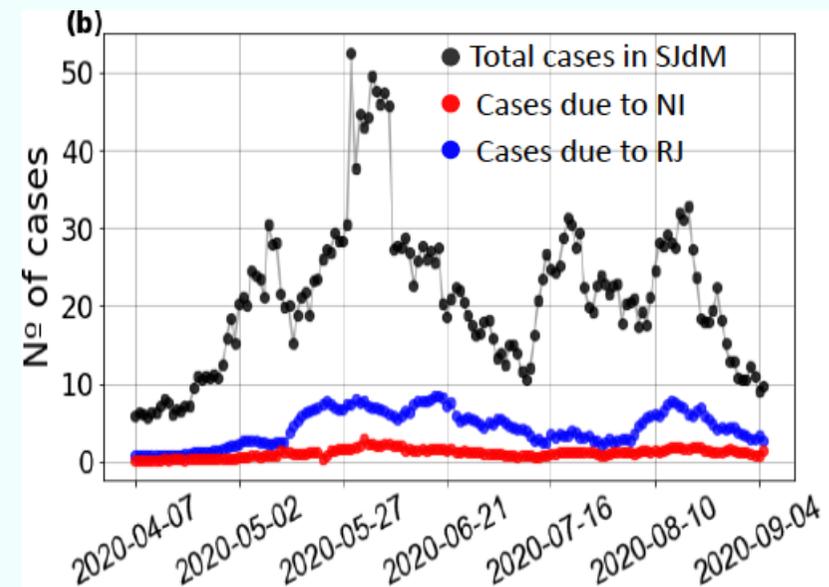
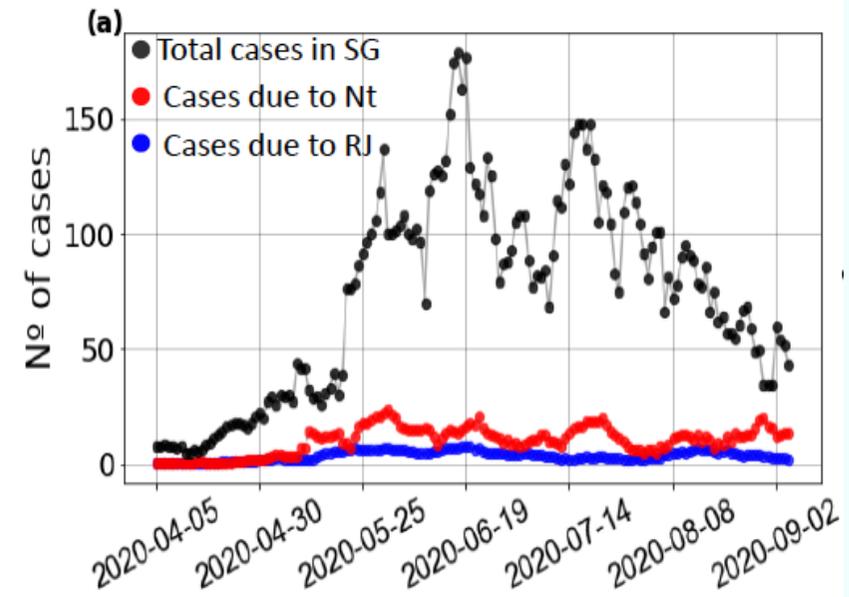
$$\mathcal{T}_{ij}(t) = \rho_i \int_t^{t+\Delta t} \mathcal{J}_{ij}(t' - \ell_j) dt'.$$

$$\mathcal{J}_{ij}(t) = \mathcal{R}_{ij}(t) \int_0^\infty g_{ij}(t, \tau) \mathcal{F}_j(t - \tau) d\tau.$$

Aplicações: Modelo espacial para COVID-19



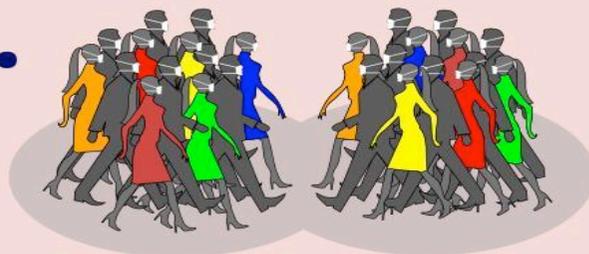
A espessura das linhas que ligam os municípios é proporcional ao número de casos que um gera no outro. A cor de cada linha representa o município que está gerando os casos.



Comentários finais

- Ressaltamos o papel da modelagem matemática em apresentar, testar e discutir cenários na primeira onda da pandemia no Brasil.
- Evidenciamos o efeito positivo da **adoção** de medidas de distanciamento social, bem como da sua **adesão** na redução da taxa de transmissão e no número de reprodutibilidade.
- Quantificamos o impacto destas medidas **no quantitativo dos leitos hospitalares** para o estado da **Bahia**, levando em conta o papel dos **assintomáticos** na dinâmica da pandemia,
- Destacamos a relevância em estimar o número de reprodutibilidade levando em conta os dados e a dinâmica de modelos heterogêneos, por se tratar de um estimador do caráter epidêmico.
- Faz-se necessário sofisticar o modelo a fim de descrever o período pós-pandêmico, devido à complexidade associada às **variantes** e sua resposta imunológica às diferentes **vacinas**, e eventualmente à **imunidade cruzada**.

A muvuca é inimiga da prevenção.



EVITE AGLOMERAÇÕES E
A PROPAGAÇÃO DO CORONAVÍRUS

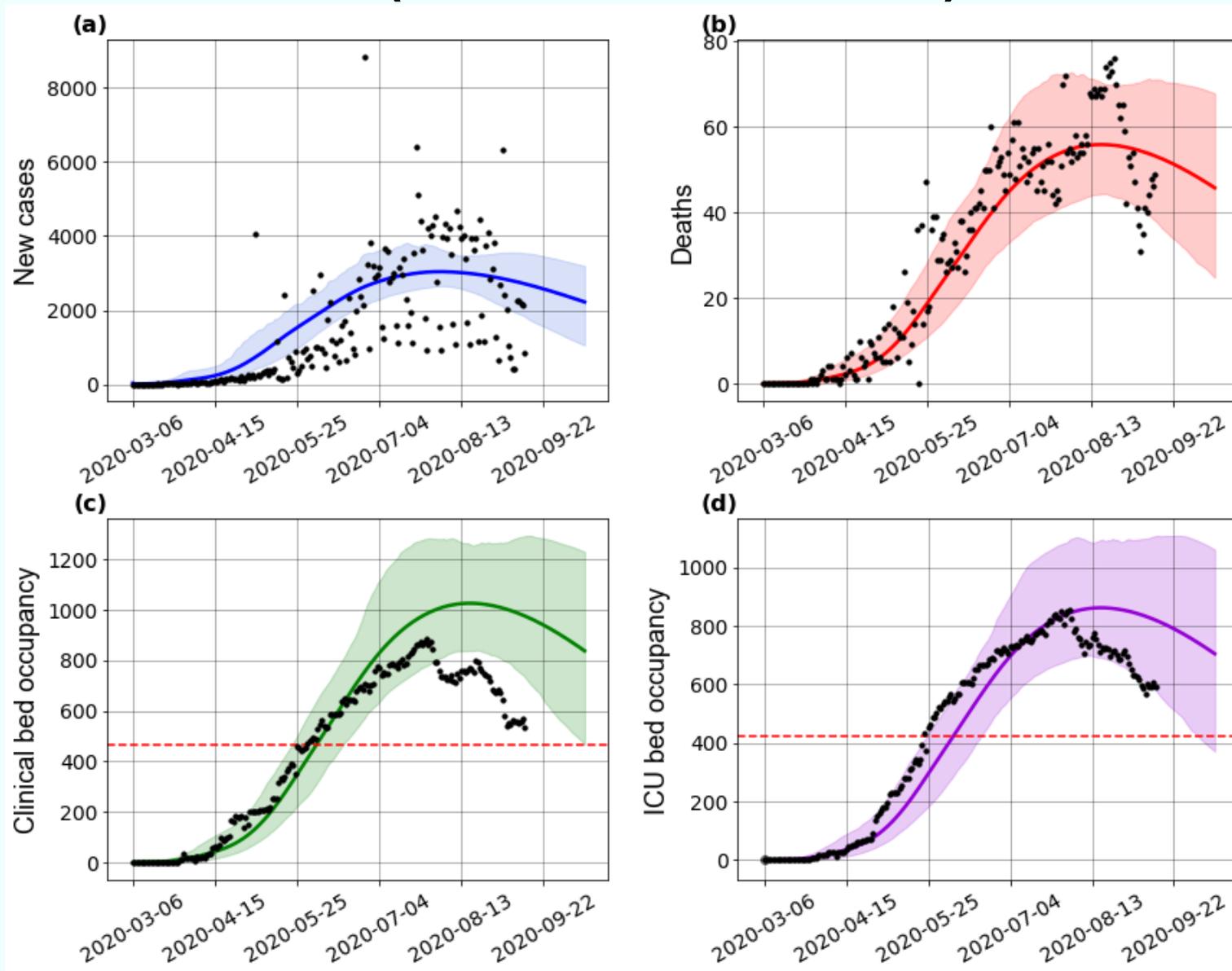


Série "Dizeres Populares"
Faculdade de Medicina da Bahia - UFBA
#fiqueemcasa #coronavirus #covid19

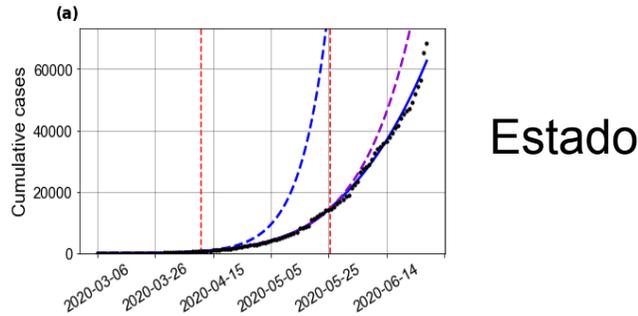
Obrigada !



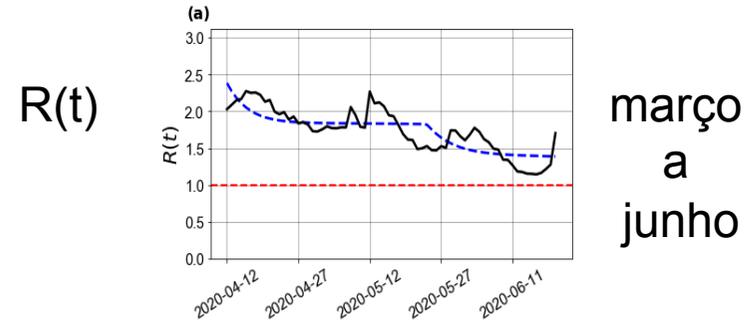
Aplicação do modelo aos dados da Bahia (03/03/20 a 13/09/20)



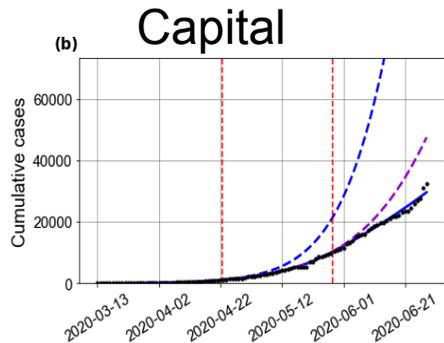
Cenários – Bahia (estado, capital, interior)



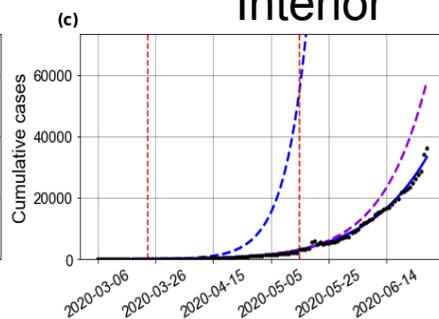
Estado



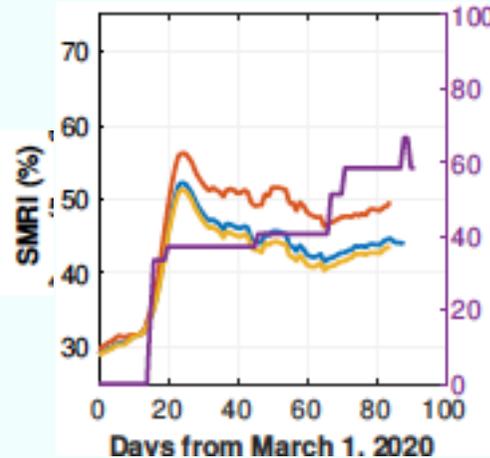
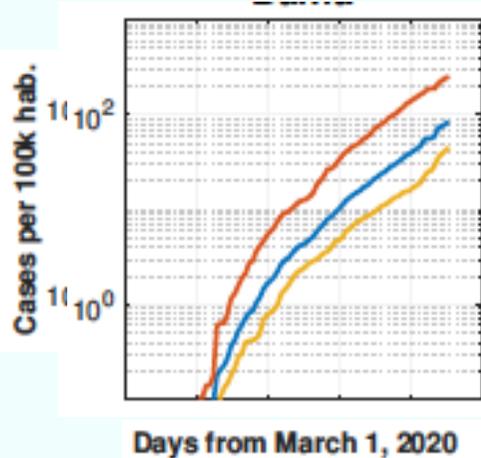
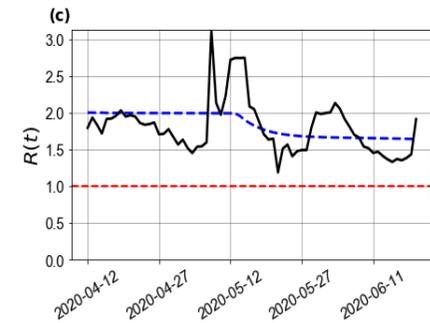
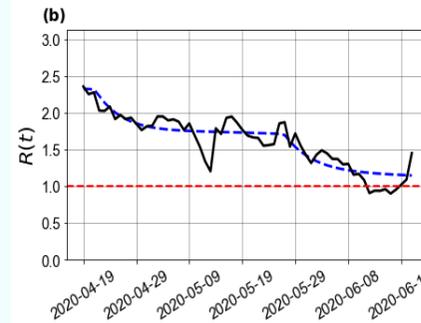
março
a
junho



Capital



Interior



Índice de adstringência – patamares

Redução do índice de mobilidade

