



PROEXC
PRÓ-REITORIA
DE EXTENSÃO E CULTURA

Título original: Metapopulation modeling of COVID-19 advancing into the countryside: an analysis of mitigation strategies for Brazil

Título traduzido: Modelagem metapopulacional do avanço da COVID-19 no interior do país: uma análise das estratégias de mitigação no Brasil.

Autores: Guilherme S. Costa ¹, Wesley Cota ¹ e Silvio C. Ferreira ^{1,2}

¹ *Departamento de Física, Universidade Federal de Viçosa, 265700-900 Viçosa, Minas Gerais, Brasil*

² *Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia de Sistemas Complexos, 22290-180, Rio de Janeiro, Brasil*

Projeto Covid-19 e a Matemática das Epidemias - Fazendo a Ponte entre Ciência e Sociedade

Tradução: Danillo Barros de Souza e Jonatas Teodomiro

Síntese: Camila Sousa e Júlia Lyra

Coordenação: Felipe Wergete Cruz

Introdução

Diante da intensa disseminação da Covid-19 pelo interior do Brasil, pesquisadores de diversas áreas têm se lançado a investigar o que pode acontecer a longo prazo no espalhamento do vírus em face a diferentes cenários de confinamento e de restrição de mobilidade.

Consciente da diversidade de população e infraestrutura dos estados e municípios brasileiros, um estudo coordenado pela Universidade Federal de Viçosa - UFV, em Minas Gerais, e pelo Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia de Sistemas Complexos, no Rio de Janeiro, utilizou um modelo epidêmico estocástico (variáveis representando a evolução de um sistema de valores com o tempo) para simular o nível de dispersão das curvas epidêmicas em diferentes lugares.

Com a variação das propriedades dessas curvas, entre elas o tamanho do pico epidêmico e a duração do surto, a pesquisa sinaliza para a necessidade de adotar diferentes políticas de mitigação do vírus. Mas não só isso. Pois o combate à propagação da Covid-19 somente será efetivo se as medidas levarem em conta tanto a especificidade da região em que serão implementadas, quanto a situação geral da pandemia no país.

Destrinchando

O trabalho, cuja modelagem incorpora dados demográficos, epidemiológicos e de mobilidade urbana obtidos em bases públicas, toma a situação de 31 de março de 2020 como condição inicial, com foco em 410 municípios, para rastrear a pandemia de forma integrada.

A abordagem trazida pelo estudo consiste em calibrar o modelo com dados de casos reportados de Covid-19 no Brasil em algumas semanas e realizar uma análise a longo prazo dos resultados da epidemia usando diferentes cenários de mitigação.

A partir daí, descobriu-se que as curvas epidêmicas podem variar bastante em escalas à nível estadual e municipal, sendo alguns estados caracterizados por surtos começando nas suas capitais e seguidos por ondas de propagação em direção ao interior do país, enquanto outros estados possuem múltiplos focos epidêmicos.

O modelo utiliza a abordagem da metapopulação, onde a população é agrupada em áreas que representam regiões geográficas e o contágio da epidemia obedece a um comportamento padrão, enquanto o trânsito de pessoas entre as áreas faz com que o vírus se espalhe por todo o contingente. Nele, a população foi dividida em áreas que representam os locais de residência (Fig. 1a).

Cada área possui um número fixo de habitantes. A taxa de mobilidade entre áreas (longa distância) é dada pelo número de indivíduos que viajam entre elas e retornam ao seu local de residência. Interações entre áreas rurais e urbanas também foram consideradas no projeto.

Notas + explicações

Como de praxe, a dinâmica epidêmica dentro de cada área leva em consideração grupos suscetíveis (S), que podem ser infectados, e recuperados (R), isto é, imunizados ou vítimas fatais do novo coronavírus.

Conjuntos de indivíduos infectados são: expostos (E), que carregam o vírus, mas não o transmite; assintomáticos (A), ou pré-sintomáticos, mas contagiosos; não-confirmados (U), que são sintomáticos, mas não foram ainda identificados pelas testagens; e confirmados (C), que testaram positivo para a Covid-19. As transições epidêmicas obedecem o modelo SEAU CR, no qual indivíduos suscetíveis se tornam expostos ao entrar em contato com pessoas contagiosas (A, U ou C).

Independente das medidas heterogêneas de testagem entre os estados, o estudo assume que todos os municípios têm capacidade de detectar a Covid-19 nos primeiros pacientes hospitalizados. Por conta disso, espera-se que o número de municípios com casos confirmados seja observável e menos propenso aos efeitos da subnotificação.

A Figura 3 compara a evolução de municípios com casos confirmados obtida nas simulações, com diferentes medidas de mitigação, e os dados reais para cada estado brasileiro.

Os parâmetros moderados de mitigação, em geral, se assemelham aos dados reais do Brasil, porque apresentam bom desempenho na maioria dos estados, especialmente aqueles com maior incidência do novo coronavírus.

Entretanto, alguns estados (AC, AM, PA, PE, PI e RR) se igualam mais as simulações sem mitigação, enquanto outros (PB, PR e RN) estão mais perto de simulações com forte mitigação. Um mapa com a classificação das medidas de combate que melhor se encaixam com os dados de casos confirmados em cada estado é apresentada na Figura 3.

Diferentes cenários de mitigação são comparados na Figura 4a), em que a fração de indivíduos sintomáticos em toda a população comprova que a supressão de mobilidade de longa distância tem um impacto pequeno na diminuição do avanço da epidemia.

A progressão espaço-temporal de epidemia apresenta padrões complexos, como mostrado na Figura 7. Na figura, mapas de cores com predomínio de casos sintomáticos em cada município são exibidos dentro de intervalos de três semanas para simulações de mitigação moderada. Mapas e vídeos sugerem que a epidemia começa em lugares com maior população, geralmente regiões metropolitanas, e se espalham em direção ao interior do país.

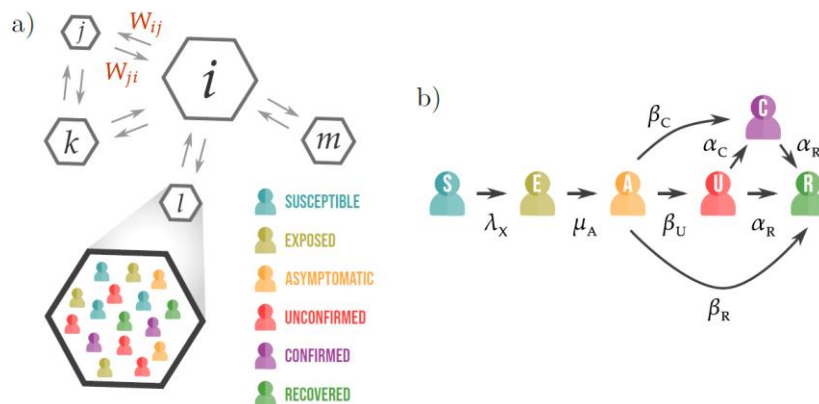


Figura 1. Representação esquemática de a) estrutura metapopulacional e b) transições epidêmicas SEAUCR com suas respectivas taxas. Áreas i e j com tamanhos diferentes de população (representado pela área dos hexágonos) podem ter mobilidade de indivíduos com taxas W_{ij} e W_{ji} . Os eventos epidêmicos ocorrem dentro das áreas sobre as hipóteses de “população bem misturada”, como ilustrado no zoom da área l . Seis categorias são utilizadas no modelo SEAUCR: suscetíveis (S), expostos (E), assintomáticos (A), não-sintomáticos (U), confirmados (C) e recuperados (R).

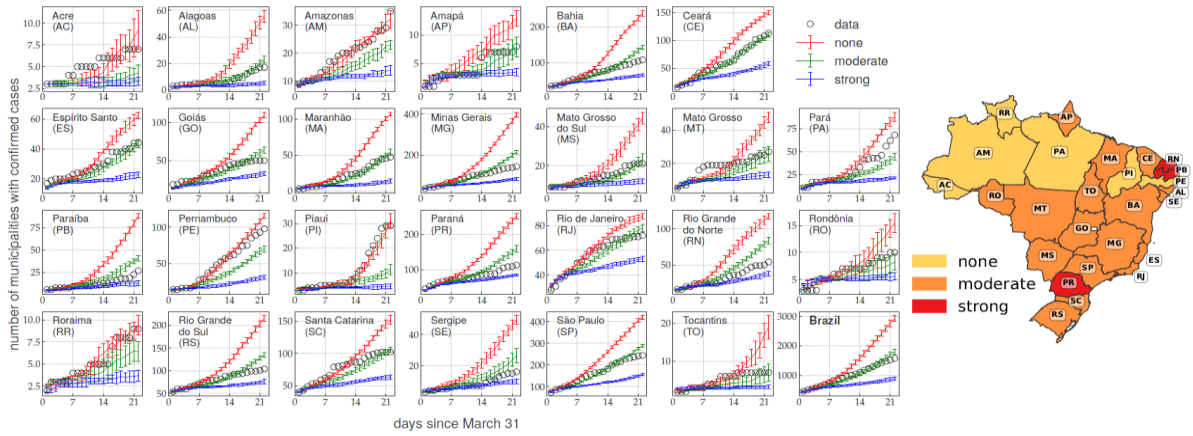


Figura 3. Simulações e observações do número de municípios com casos confirmados de COVID-19 para os 26 estados do Brasil nas primeiras três semanas de simulação. Dados para o país inteiro são mostrados no canto inferior direito. Simulações foram feitas utilizando medidas de mitigação nula, moderada e forte. A direita: mapa indicando o cenário de mitigação dominante de cada estado nessas 3 semanas de simulação.

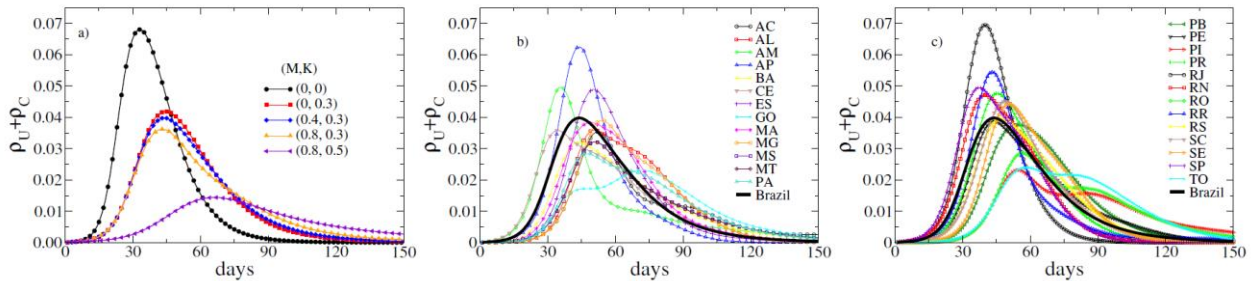


Figura 4. a) Evolução da prevalência da epidemia, em toda a população do país, em diferentes valores de mitigação controlados pelos parâmetros (M, K) . b,c) Prevalência da epidemia para os 26 estados do Brasil com medida de mitigação moderada com $(M, K) = (0.4, 0.3)$. Dia 0 corresponde a 31 de março de 2020.

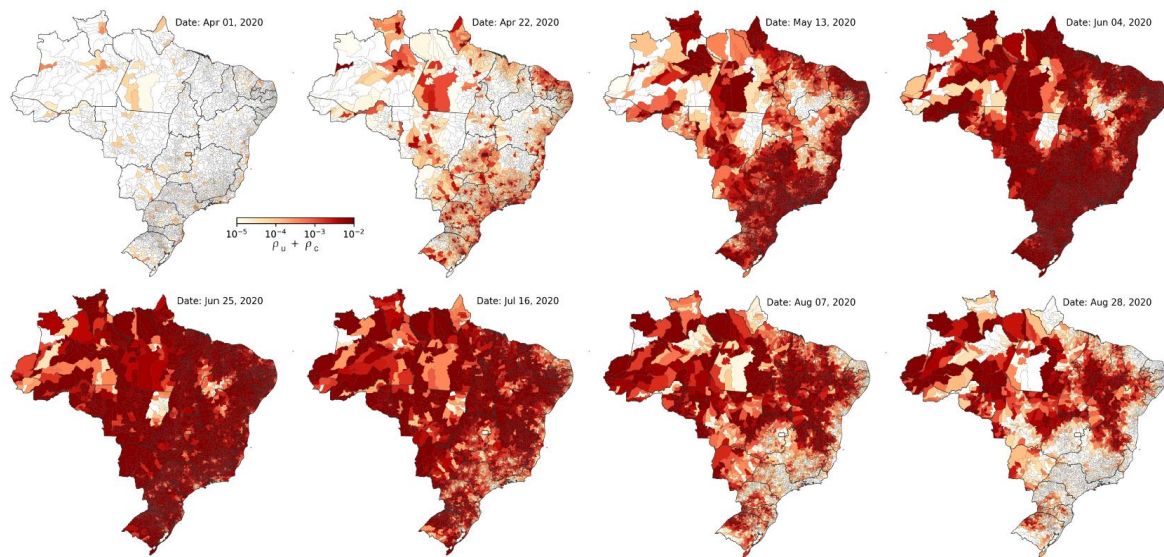


Figura 7. Mapa de cores representando a evolução da quantidade de casos sintomáticos (U e C) no Brasil em uma simulação com mitigação moderada.

REFERÊNCIAS:

1. Q. Li, X. Guan, P. Wu, X. Wang, L. Zhou, Y. Tong, R. Ren, K. S. Leung, E. H. Lau, J. Y. Wong, X. Xing, N. Xiang, Y. Wu, C. Li, Q. Chen, D. Li, T. Liu, J. Zhao, M. Liu, W. Tu, C. Chen, L. Jin, R. Yang, Q. Wang, S. Zhou, R. Wang, H. Liu, Y. Luo, Y. Liu, G. Shao, H. Li, Z. Tao, Y. Yang, Z. Deng, B. Liu, Z. Ma, Y. Zhang, G. Shi, T. T. Lam, J. T. Wu, G. F. Gao, B. J. Cowling, B. Yang, G. M. Leung, and Z. Feng, "Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus-Infected Pneumonia," *N. Engl. J. Med.* **382**, 1199 (2020).

2. J. T. Wu, K. Leung, and G. M. Leung, "Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study," *Lancet* **395**, 689 (2020).

3. M. Chinazzi, J. T. Davis, M. Ajelli, C. Gioannini, M. Litvinova, S. Merler, A. Pastore y Piontti, K. Mu, L. Rossi, K. Sun, C. Viboud, X. Xiong, H. Yu, M. E. Halloran, I. M. Longini, and A. Vespignani, "The effect of travel restrictions on the spread of the 2019 novel coronavirus (COVID-19) outbreak," *Science* **368**, 395 (2020).

4. R. Li, S. Pei, B. Chen, Y. Song, T. Zhang, W. Yang, and J. Shaman, "Substantial undocumented infection facilitates the rapid dissemination of novel coronavirus (SARS-CoV-2)," *Science* **368**, 489 (2020).

5. M. U. G. Kraemer, C.-H. Yang, B. Gutierrez, C.-H. Wu, B. Klein, D. M. Pigott, L. du Plessis, N. R. Faria, R. Li, W. P. Hanage, J. S. Brownstein, M. Layan, A. Vespignani, H. Tian, C. Dye, O. G. Pybus, and S. V. Scarpino, "The effect of human mobility and control measures on the COVID-19 epidemic in China," *Science* **368**, 493 (2020).

6. J. M. Read, J. R. E. Bridgen, D. A. T. Cummings, A. Ho, and C. P. Jewell, "Novel coronavirus 2019-nCoV: early estimation of epidemiological parameters and epidemic predictions," medRxiv , 2020.01.23.20018549 (2020).

7. G. Pullano, F. Pinotti, E. Valdano, P.-Y. Boelle, C. Poletto, and V. Colizza, "Novel coronavirus (2019-nCoV) early-stage importation risk to Europe, January 2020," Eurosurveillance **25** (2020).

8. L. Danon, E. Brooks-Pollock, M. Bailey, and M. J. Keeling, "A spatial model of CoVID-19 transmission in England and Wales: early spread and peak timing," medRxiv , 2020.02.12.20022566 (2020).

9. A. Arenas, W. Cota, J. Gomez-Gardenes, S. Gomez, C. Granell, J. T. Matamalas, D. Soriano-Panos, and B. Steinegger, "A mathematical model for the spatiotemporal epidemic spreading of covid19," medRxiv (2020), 10.1101/2020.03.21.20040022

10. V. Colizza, R. Pastor-Satorras, and A. Vespignani, "Reaction-diffusion processes and metapopulation models in heterogeneous networks," Nat. Phys. **3**, 276 (2007).

11. L. Danon, T. House, and M. J. Keeling, "The role of routine versus random movements on the spread of disease in Great Britain," Epidemics **1**, 250 (2009).

12. J. Gomez-Gardeñes, D. Soriano-Pañnos, and A. Arenas, "Critical regimes driven by recurrent mobility patterns of reaction diffusion processes in networks," Nat. Phys. **14**, 391 (2018).

13. O. Diekmann and J. A. P. Heesterbeek, *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation*, Wiley Series in Mathematical & Computational Biology (Wiley, 2000).

14. J. Murray, *Mathematical Biology: I. An Introduction*, Interdisciplinary Applied Mathematics (Springer New York, 2011).

15. W. Cota, "Monitoring the number of COVID-19 cases and deaths in brazil at municipal and federative units level," SciELOPreprints:362 (2020), 10.1590/scielopreprints.362.

16. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), *Estimativas da população residente para os municípios e para as unidades da federação brasileiros com data de referência em 1o de julho de 2019*, Tech. Rep. (IBGE Rio de Janeiro, 2019) [Online; accessed 04-May-2020].

17. S. Gomez, A. Arenas, J. Borge-Holthoefer, S. Meloni, and Y. Moreno, "Discrete-time Markov chain approach to contact-based disease spreading in complex networks," EPL (Europhysics Lett. **89**, 38009 (2010).

18. H. Hu, K. Nigmatulina, and P. Eckhoff, "The scaling of contact rates with population density for the infectious disease models," Math. Biosci. **244**, 125 (2013).

19. X. He, E. H. Y. Lau, P. Wu, X. Deng, J. Wang, X. Hao, Y. C. Lau, J. Y. Wong, Y. Guan, X. Tan, X. Mo, Y. Chen, B. Liao, W. Chen, F. Hu, Q. Zhang, M. Zhong, Y.

Wu, L. Zhao, F. Zhang, B. J. Cowling, F. Li, and G. M. Leung, "Temporal dynamics in viral shedding and transmissibility of COVID-19," *Nature Medicine* (2020), 10.1038/s41591-020-0869-5.

20. W. Cota and S. C. Ferreira, "Optimized Gillespie algorithms for the simulation of Markovian epidemic processes on large and heterogeneous networks," *Comput. Phys. Commun.* **219**, 303 (2017).

21. Supplementary Material

22. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), "Censo demográfico 2010: resultados gerais da amostra," (2012), [Online; accessed 04-May-2020].

23. R. M. Lana, M. F. d. C. Gomes, T. F. M. de Lima, N. A. Honório, and C. T. Codeço, "The introduction of dengue follows transportation infrastructure changes in the state of Acre, Brazil: A network-based analysis," *PLoS Negl. Trop. Dis.* **11**, e0006070 (2017).

24. Agência Nacional de Aviação Civil (ANAC), "Dados estatísticos da agência nacional de aviação civil," (2019), [Online; accessed 04-May-2020].

25. F. C. Coelho, R. M. Lana, O. G. Cruz, C. T. Codeço, D. Villela, L. S. Bastos, A. P. y. Piontti, J. T. Davis, A. Vespignani, and M. F. Gomes, "Assessing the potential impact of covid-19 in brazil: Mobility, morbidity and the burden on the health care system," *medRxiv*, 10.1101/2020.03.19.20039131 (2020).

26. V. E. Pitzer, G. M. Leung, and M. Lipsitch, "Estimating variability in the transmission of severe acute respiratory syndrome to household contacts in hong kong, china," *American journal of epidemiology* **166**, 355 (2007).

27. C. Zhan, C. Tse, Y. Fu, Z. Lai, and H. Zhang, "Modelling and Prediction of the 2019 Coronavirus Disease Spreading in China Incorporating Human Migration Data," *SSRN Electron. J.* , 1 (2020).

28. "<https://www.worldometers.info/coronavirus/>" [Online; accessed 04-May-2020].

29. A. R. Farias, R. Mingoti, L. d. Valle, C. A. Spadotto, and E. Lovisi Filho, "Identificação, mapeamento e quantificação das áreas urbanas do brasil," *Embrapa Gestão Territorial-Comunicado Técnico (INFOTECA-E)* (2017).

30. E. Bendavid, B. Mulaney, N. Sood, S. Shah, E. Ling, R. Bromley-dulfano, C. Lai, Z. Weissberg, R. Saavedra-walker, J. J. Tedrow, D. Tversky, A. Bogan, T. Kupiec, D. Eichner, R. Gupta, J. P. A. Ioannidis, and J. Bhattacharya, "COVID-19 Antibody Seroprevalence in Santa Clara County, California," *medRxiv* , 2020.04.14.20062463 (2020).

31. "Estudo inédito estima que RS tenha 5.650 pessoas infectadas pela covid-19," (2020), [Online; accessed 04-May-2020].

32. A. Aktay, S. Bavadekar, G. Cossoul, J. Davis, D. Desfontaines, A. Fabrikant, E. Gabrilovich, K. Gadepalli, B. Gipson, M. Guevara, et al., "Google covid-19

community mobility reports: Anonymization process description (version 1.0),” arXiv preprint arXiv:2004.04145 (2020).

33. V. Colizza, A. Barrat, M. Barthelemy, A.-J. Valleron, and A. Vespignani, “Modeling the worldwide spread of pandemic influenza: Baseline case and containment interventions,” *PLoS Medicine* 4, e13 (2007).

34. Z. Du, L. Wang, S. Cauchemez, X. Xu, X. Wang, B. J. Cowling, and L. A. Meyers, “Risk for Transportation of Coronavirus Disease from Wuhan to Other Cities in China,” *Emerg. Infect. Dis.* 26, 1049 (2020).

35. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), Divisão Regional do Brasil em Regiões Geográficas Imediatas e Regiões Geográficas Intermediárias (Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística Rio de Janeiro, 2017).

36. A. Aleta, D. Martín-Corral, A. Pastore, M. Ajelli, M. Litvinova, M. Chinazzi, N. E. Dean, M. E. Halloran, I. M. Longini, S. Merler, A. Pentland, A. Vespignani, E. Moro, and Y. Moreno, “Modeling the impact of social distancing , testing , contact tracing and household quarantine on second-wave scenarios of the COVID-19 epidemic”, 1.