



PROCESSOS EPIDÊMICOS EM METAPOPOLAÇÕES PARA O ESTUDO DE PANDEMIAS

Thainá Ferreira Silva¹, Silvio da Costa Ferreira Junior²

Departamento de Física, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa - MG

thaina.ferreira@ufv.br¹, silviojr@ufv.br²

Grande área: Ciências Exatas e Tecnológicas / Área temática: Física Geral

Categoria: Pesquisa

Introdução

- Modelos epidêmicos podem ser utilizados para estudar diversas dinâmicas populacionais, como fenômenos biológicos, digitais e sociais [1].
- No estudo de epidemias, a realização de experimentos reais não é uma opção viável, por isso, abordagens de modelagem epidêmicas têm sido o principal recurso para comparar e testar teorias, bem como avaliar incertezas em casos de intervenção [2].
- Neste trabalho, desenvolvemos uma implementação computacional que utiliza o modelo epidêmico suscetível-infectado-recuperado (SIR) para analisar a disseminação de um patógeno.
- Este patógeno espalha-se em uma estrutura de metapopulações com dinâmica interna das populações dada a partir da hipótese de mistura homogênea.

Objetivos

Analisar a propagação de uma epidemia em uma rede unidimensional a partir de resultados computacionais utilizando o modelo SIR aplicado em metapopulações.

Metodologia

- Utilizamos o modelo compartimental SIR, nela:
 - indivíduos suscetíveis tornam-se infectados pelo contato com um indivíduo infectado com uma taxa βk , sendo $\beta=0,06$ a taxa de infecção por contato e $k=13d^{-1}$ o número de contatos diários dos indivíduos da rede;
 - indivíduos infectados tornam-se removidos com uma taxa $\mu=0,25d^{-1}$.
- Como utilizamos a hipótese de mistura homogênea, k é constante para todos os indivíduos de uma população [1].
- O modelo de metapopulações utilizado possui taxa de difusão por indivíduo entre as populações dada pelo modelo gravitacional: $d_{ij} = d_0 / (r_{ij})^a$, sendo d_0 e a constantes e r_{ij} a distância entre as populações i e j . Essas taxas determinam a quantidade de indivíduos que viajará, por dia de uma cidade i para uma cidade j , sendo essa quantidade dada por $N_i d_{ij}$, com N_i sendo a população total da cidade i . Essa mobilidade entre populações ocorre de forma recorrente [3].

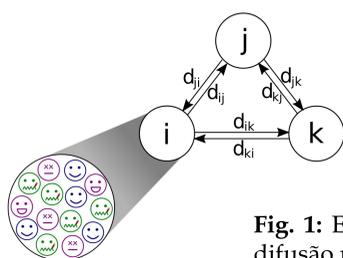


Fig. 1: Esquema de uma metapopulação com as taxas de difusão por indivíduo entre elas.

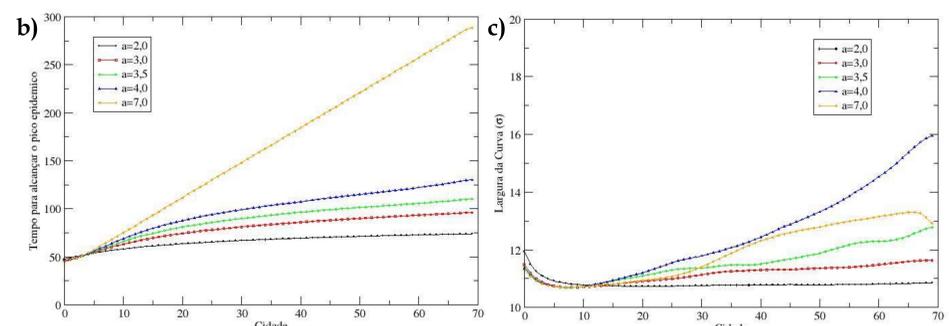
Apoio Financeiro

CNPq, FAPEMIG e CAPES.

Resultados e Discussão

Para os resultados obtidos, mantivemos a taxa de difusão total ($\sum_i \sum_{j \neq i} d_{ij}$) fixa de modo que d_0 é calculado em função de a .

Fig. 2: Gráficos para diferentes valores de a . a) Densidade média de infectados, considerando todas as populações. b) Tempo médio, por cidade, para alcançar o pico epidêmico. c) Largura da curva por cidade.



Discussões e Perspectivas Futuras

- A medida que aumentamos o valor de a , o que reduz a taxa de difusão das cidades que não são primeiras vizinhas, ocorre um efeito de achatamento da curva. O que, conseqüentemente, retarda o espalhamento da epidemia.
- A largura da curva nos mostra que, para cada cidade, de $a=2$ até $a=4$ temos uma dispersão crescente, que depois cai para $a=7$.
- Como perspectivas, vamos mudar a estrutura das redes, passando para duas dimensões.
- Pretendemos também estudar a propagação do patógeno considerando cidades reais e taxas de mobilidades reais.

Bibliografia

- [1] A.-L. Barabási and M. Pósfai, Network science. Cambridge: Cambridge University Press, 2016.
- [2] R. Pastor-Satorras, C. Castellano, P. Van Mieghem, and A. Vespignani, "Epidemic processes in complex networks," Rev. Mod. Phys., vol. 87, pp. 925–979, Aug 2015.
- [3] S.-P. D. Gómez-Gardeñes, J. and A. Arenas, "Critical regimes driven by recurrent mobility patterns of reaction-diffusion processes in networks," Nature Physics, vol. 14, pp. 391–395, 2018.

Agradecimentos

UFV, DPF e GISC.