

A evolução do COVID-19 em Portugal

1. Os resultados para Portugal

Utilizando apenas os casos sintomáticos confirmados, e aplicando os modelos descritos, foi criado o gráfico da Figura 1 com os dados de novos casos sintomáticos confirmados (barras), com o número estimado de infeções (ou transmissões diárias) e com o número estimado de novos casos sintomáticos pelos dois modelos.

O ajustamento do modelo anterior e do novo modelo global aos dados fornecidos pela DGS em 1 de maio conduziu à seguinte representação gráfica dos resultados:

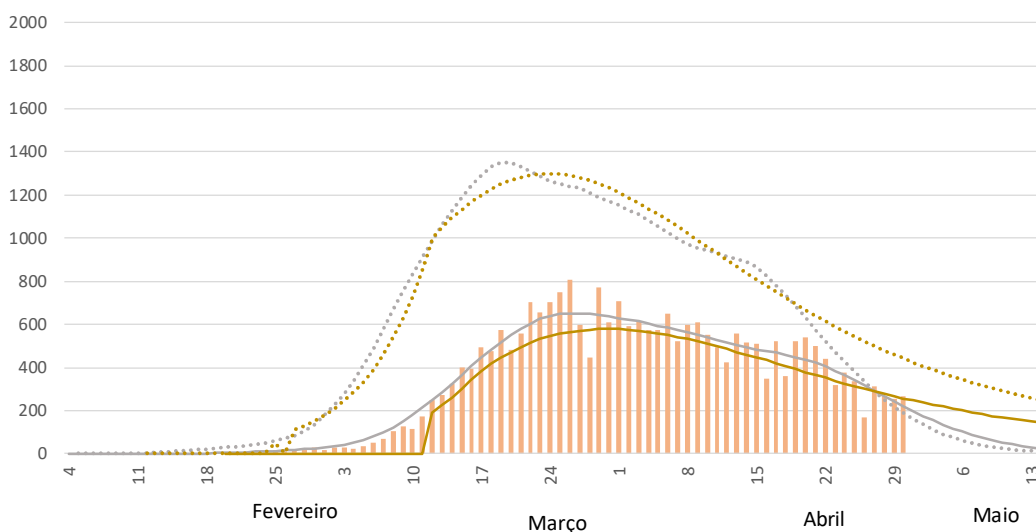


Figura 1. Análises para o dia 1 de maio utilizando os dois modelos, o inicial, que baseia as projeções nos últimos 14 dias, e o global que utiliza a informação de toda a série temporal através da equação descrita.

O modelo global foi ajustado com os seguintes parâmetros e resultado:

| N_0 | α | β | q | R^2 |
|-------|----------|---------|-----|-------|
| 16,95 | 0,170 | 0,0261 | 26 | 0,993 |

A tendência é clara, mostrando que o pico do número de infeções diárias terá ocorrido à volta de 20 de março e o número de casos sintomáticos terá iniciado a sua descida no final de março. Em qualquer dos modelos projeta-se uma diminuição progressiva durante o mês de maio.

É de realçar, no entanto, que os pressupostos do modelo global incluem a manutenção do processo ao longo do tempo, com os parâmetros constantes, o que é obviamente uma aproximação que pode não ser a realidade, nomeadamente se houver alteração significativa das preocupações com o confinamento.

2. Os dados de base

Para esta análise utilizaram-se os dados disponibilizados pela Direção Geral de Saúde. A DGS apresenta diariamente o número total de casos confirmados e, no seu Relatório de Situação diário, um gráfico com o número de casos sintomáticos confirmados. A evolução comparativa do número de casos sintomáticos confirmados e de total de casos confirmados indica que, numa primeira fase, eram os casos sintomáticos que eram sujeitos a testes que se iam confirmando algum tempo depois (Figura 2). Com o aumento do número de testes passaram a ser detetados muitos casos sem sintomas, pelo que é aconselhável que a análise incida apenas no número de casos sintomáticos confirmados. No entanto, é de registar que os dados fornecidos pela DGS têm algumas inconsistências, pelo menos aparentes, o que dificulta a qualidade das projeções. No entanto, as tendências gerais parecem claras.

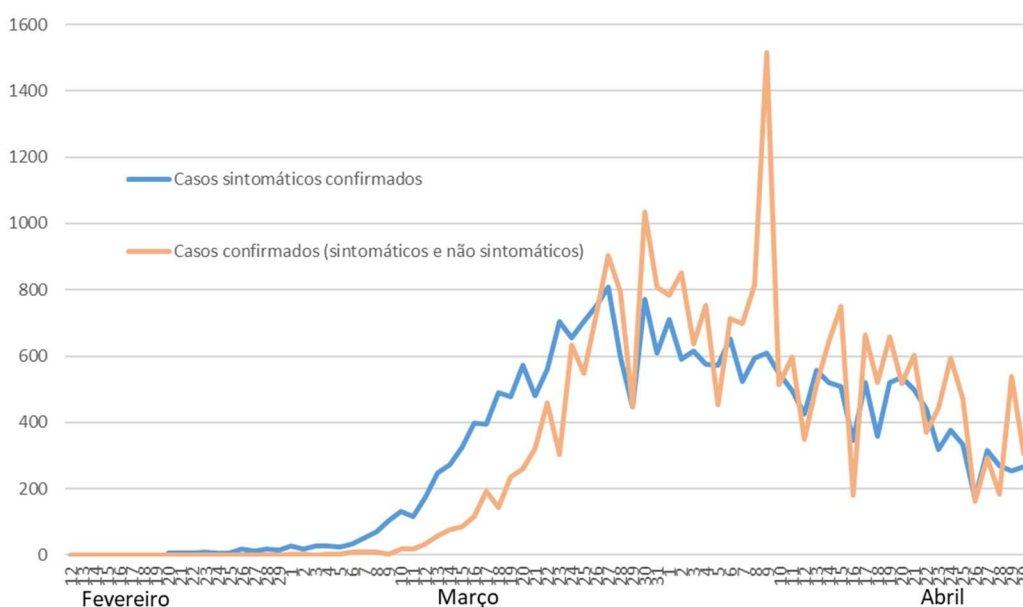


Figura 2. Comparação entre o número de casos confirmados (sintomáticos e não sintomáticos) e o número de casos confirmados por dados de início de sintomas (DGS).

3. Dos casos sintomáticos às estimativas das datas das infeções

A previsão da evolução do COVID-19 em Portugal, como em qualquer país em que ocorra pela primeira vez só pode ser feita com base no conhecimento do seu comportamento anterior, em particular na China e no cruzeiro Diamond Princess. Esta análise tem apenas como pressupostos a distribuição proposta por Baker et al. (2020) para o período de incubação a partir dos dados de Whuan e a taxa de casos sintomáticos do Diamond Princess. O modelo tem a vantagem de poder ser diariamente atualizado com base no número de novos casos sintomáticos detetados.

A partir dos dados públicos dos casos do cruzeiro Diamond Princess podemos estimar que o número de pessoas infetadas (634 tiveram testes positivos) seja sensivelmente o dobro do das pessoas que apresentaram sintomas (314).

A partir dos dados de Whuan, Baker et al. (2020) estabeleceram uma distribuição estatística do período de incubação dos infetados, uma distribuição de Weibull com parâmetros estimados 6,4 e 2,3 (Figura 3). A maior parte das pessoas que desenvolveram sintomas foram infetadas 4 a 7 dias antes do desenvolvimento desses sintomas, com as maiores proporções (14.5%) nos dias 5 e 6 antes. A proporção de pessoas infetadas 14 dias antes ou ainda antes (0.6%) é muito diminuta, o que tem tido como consequência que o período de quarentena seja de 14 dias.

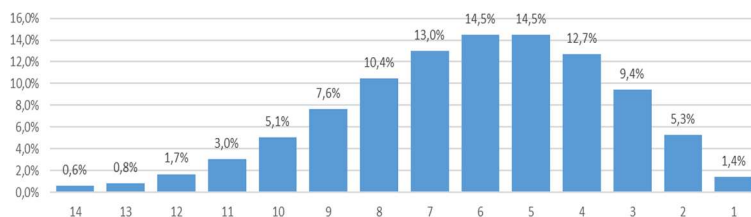


Figura 3. Percentagem de pessoas sintomáticas distribuídas pelos números de dias da infeção anteriores aos sintomas, segundo a distribuição de Weibull estimada por Baker et al. (2020).

Com base nesta informação é possível estimar o número de infeções a partir do número de pessoas sintomáticas nos 14 dias subsequentes. Assim, se tivermos 1000 pessoas que apresentaram sintomas no dia 15, estimamos que 6 dessas pessoas tenham sido infetadas no dia 1, 8 pessoas no dia 2, e assim por diante. E se fizermos essa operação para os vários dias podemos estimar o número total de infeções nos dias anteriores, até ao 14º dia anterior.

Podemos depois, para o período dos últimos 14 dias estimar da forma inversa o número de novos sintomáticos assumindo uma tendência linear constante no aumento (ou diminuição) da taxa de crescimento das infeções. Sendo essa tendência desconhecida a melhor forma será a sua estima a partir do melhor ajustamento entre os valores estimados de novos casos sintomáticos e os correspondentes valores observados nos últimos 14 dias.

É esta a base do modelo de análise utilizado que tem simultaneamente a vantagem e o inconveniente de se basear nos dados da evolução anterior para projetar a evolução no futuro próximo. A modelação ajusta-se aos dados com base no modelo de análise descrito, e por isso mostra adesão à realidade dos dados, mas depende da qualidade desses mesmos dados. Assume-se, no entanto, que estes dão uma boa representação da evolução do vírus.

Bibliografia:

Backer JA , Klinkenberg D, Wallinga J. 2020. Incubation period of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) infections among travellers from Wuhan, China, 20–28 January 2020. Euro Surveill. 2020;25(5):pii=2000062. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.5.2000062>

4. A evolução dos modelos de análise

A modelação da evolução do COVID-19 em Portugal foi baseada, no início, em informação limitada pela dimensão da série temporal em análise. Por isso, foi produzido um modelo ajustado diariamente, já anteriormente referido, com projeções baseado nas tendências verificadas no período de 14 dias anterior.

O tempo já decorrido a partir do início do surto epidémico permite agora ter já uma visão mais completa da evolução e desenvolver um modelo global para o conjunto do surto epidémico, que aqui se apresenta.

O modelo continua a basear-se na estimativa do número de infeções a partir do número de casos sintomáticos e na distribuição de Weibull para os tempos de incubação do vírus determinados para Wuhan.

No entanto, com o alongamento da série temporal é agora possível ajustar uma equação global para o conjunto do surto epidémico, e com isso produzir projeções mais robustas, menos dependentes da variabilidade diária dos números fornecidos pela DGS.

O modelo baseia-se no princípio de que a dinâmica das novas infeções (N) pode ser definida por dois parâmetros, o primeiro de crescimento (α) referente à capacidade reprodutiva do vírus no meio considerado, e o segundo de decréscimo (β) relacionado com a tempo de vida do vírus e o esforço para o seu isolamento desde o tempo da quarentena (q).

A equação simplificada pode ser expressa da seguinte forma:

$$Nt = N_0 (1 + \alpha)^t (1 - \beta)^{t-q}$$

O expoente t-q sempre nulo ou positivo.

Quando não existe um parâmetro de decréscimo, β é zero e o crescimento é exponencial. A partir do momento de ativação do isolamento, ou quarentena, no tempo q, a curva deixa de ser exponencial e começa a infletir. Esta equação tem fundamentos e interpretações fáceis, com N_0 a representar a dimensão da população quando se estabelece o início da série (t = 0) e α e β a representarem os parâmetros de crescimento e decréscimo, respetivamente.

A verificação da adequação do modelo global pode fazer-se utilizando as séries temporais mais completas, as referentes à China e à Coreia do Norte. Na Europa duas das séries mais completas são as que dizem respeito à Suíça e à Áustria. Nestes casos, admitindo que a quarentena se teria processado quase desde o início, fez-se q=0, e ajustaram-se os restantes parâmetros. O ajustamento desta equação aos dados estimados do número diário de infeções permite a utilização do mesmo modelo para a globalidade do surto.

A tabela seguinte mostra os parâmetros ajustados e o grau de ajustamento:

| País | N_0 | α | β | R^2 |
|---------------|-------|----------|---------|-------|
| China | 0,467 | 1,841 | 0,039 | 0,99 |
| Coreia do Sul | 1,680 | 1,882 | 0,059 | 0,93 |
| Áustria | 0,078 | 1,818 | 0,038 | 0,99 |
| Suíça | 0,824 | 1,069 | 0,033 | 1,00 |

A adequação do modelo para representar a globalidade do surto epidémico pode evidenciar-se na figura 4.

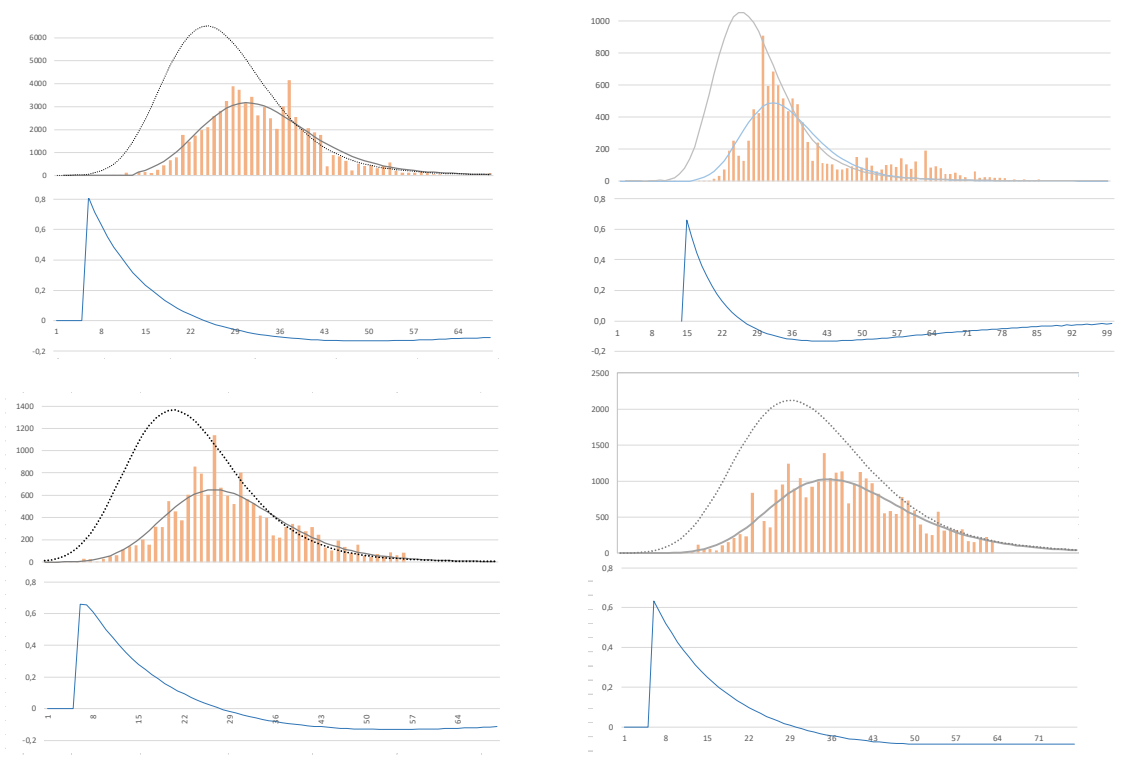


Figura 4. Modelo global de análise dos surtos epidêmicos na China, Coreia do Sul, Áustria e Suíça, da esquerda para a direita e de cima para baixo, a partir da equação e dos dados do quadro apresentado.