

Sobre el pico epidémico en un modelo SIR

Nicolas Bacaër

Institut de recherche pour le développement
Unidad de modelado matemático e informático de sistemas complejos
Les Cordeliers, París, Francia
nicolas.bacaer@ird.fr

Resumen

Estudiamos el comportamiento asintótico, cuando el tamaño N de la población es grande, de la época T que una epidemia modelada por un sistema de tipo SIR tarda en alcanzar su punto máximo. Encontramos que $T \sim (\log N)/(a - b)$ donde a es la tasa de contacto efectiva y b La velocidad a la que las personas infecciosas dejan de infectarse.

El modelo SIR

Considere como en [4, p. 75] el modelo clásico para una epidemia

$$\frac{dS}{dt} = -a\frac{SI}{N}, \quad \frac{dI}{dt} = a\frac{SI}{N} - bI, \quad \frac{dR}{dt} = bI,$$

donde $S(t)$ es la cantidad de personas que probablemente estén infectadas, $I(t)$ el número de personas infectadas $R(t)$ el número de personas retiradas de la transmisión (como resultado de confinamiento, curación o muerte) y $N = S(t) + I(t) + R(t)$ Se supone que la población total es constante. Considera las condiciones iniciales

$$S(0) = N - 1, \quad I(0) = 1, \quad R(0) = 0.$$

Asumiremos $a > b$.

Un ejemplo se puede encontrar en la figura 1. Hemos elegido $N = 65 \times 10^6$, $a = 1/2$ por día y $b = 1/4$ por día. Esto corresponde a una duración promedio de la infección $1/b = 4$ días y reproducible $\mathcal{R}_0 = a/b = 2$ (el término y la notación provienen de [5, p. 102]). Sin pretender ser realistas, estos son valores del mismo orden de magnitud que lo que se puede encontrar para el coronavirus en el caso hipotético donde no hay intervención para reducir la epidemia [3].

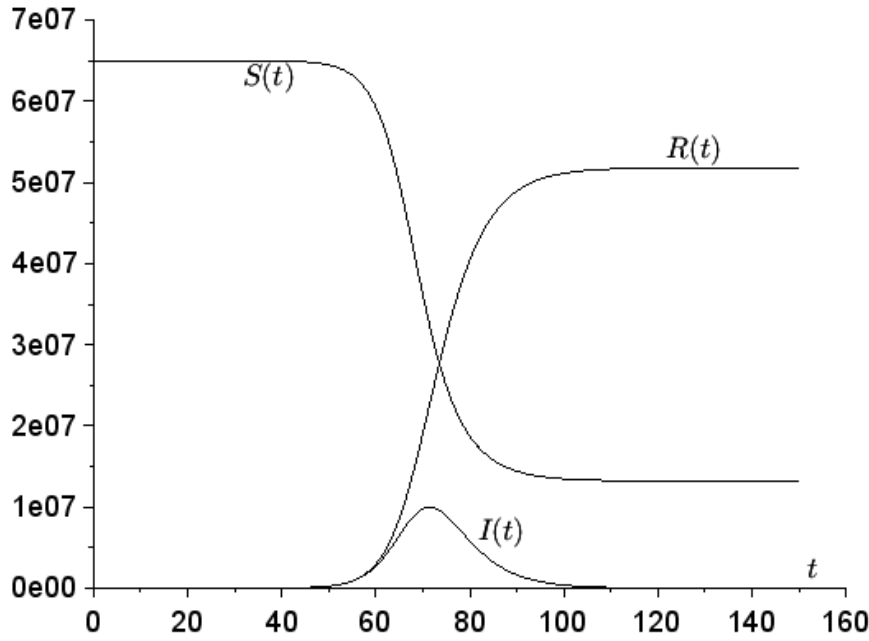


Figura 1. Una simulación del modelo SIR.

Al combinar las ecuaciones primera y tercera, es bien conocido [4, p. 76] que encontramos una primera integral del sistema diferencial:

$$\frac{1}{S} \frac{dS}{dt} = -a \frac{I}{N} = -\frac{a}{bN} \frac{dR}{dt},$$

donde $\log[S(t)/S(0)] = -\frac{a}{bN} R(t)$. En la primera ecuación, encontramos

$$\frac{dS}{dt} = -a \frac{S}{N} (N - S - R) = -a \frac{S}{N} \left(N - S + \frac{bN}{a} \log[S(t)/S(0)] \right).$$

El pico epidémico en la Figura 1 corresponde a $dI/dt = 0$, que sucede a partir de la segunda ecuación cuando $S(t) = Nb/a$. Tenga en cuenta que $S(t)$ está disminuyendo monótono. Deducimos que si T es el momento del pico epidémico, es decir, si

$$I(T) = \max_{t>0} I(t),$$

entonces

$$T = \int_0^T dt = \int_{S(0)}^{bN/a} \frac{dS}{-a \frac{S}{N} \left(N - S + \frac{bN}{a} \log[S/S(0)] \right)}.$$

Posar $s = S/N$. Entonces

$$T = \frac{1}{a} \int_{b/a}^{1-1/N} \frac{ds}{s \left(1 - s + \frac{b}{a} \log[s/(1-1/N)] \right)}. \quad (1)$$

El comportamiento asintótico del pico epidémico

Busquemos un aumento de T . Para $b/a < s < 1 - 1/N$, notamos que

$$\frac{1}{s \left(1 - s + \frac{b}{a} \log[s/(1-1/N)] \right)} \leq \frac{1}{s \left(1 - s + \frac{b}{a} \log s \right)}.$$

Oro en las cercanías de $s = 1$, se tiene

$$\frac{1}{s(1-s + \frac{b}{a}\log s)} \sim \frac{1}{(1-s)(1-b/a)}.$$

La integral $\int_{b/a}^1 \frac{ds}{1-s}$ es divergente Cuando $N \rightarrow +\infty$, entonces tenemos

$$T \leq \frac{1}{a} \int_{b/a}^{1-1/N} \frac{ds}{s(1-s + \frac{b}{a}\log s)} \sim \frac{1}{a} \int_{b/a}^{1-1/N} \frac{ds}{(1-s)(1-b/a)} \sim \frac{\log N}{a-b}.$$

Ahora busquemos una reducción en T . Por todos $s > 0$, $\log s \leq s - 1$. También tenemos $\log(1 - 1/N) \geq -2/N$ para todos $N \geq 2$. Deducimos eso por todos $s \in]b/a, 1 - 1/N[$ y todo $N \geq 2$,

$$\begin{aligned} 1 - s + \frac{b}{a}\log[s/(1 - 1/N)] &= 1 - s + \frac{b}{a}\log s - \frac{b}{a}\log(1 - 1/N) \\ &\leq 1 - s + \frac{b}{a}(s - 1) + \frac{2b}{aN}. \end{aligned}$$

Entonces

$$T \geq \frac{1}{a} \int_{b/a}^{1-1/N} \frac{ds}{s[1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN} - (1 - b/a)s]}.$$

Nos encontramos con una fracción racional de la forma $\frac{1}{s(u-vs)}$ con $u = 1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN}$ y $v = 1 - b/a$. Se descompone en elementos simples como $\frac{1}{u}(\frac{1}{s} + \frac{v}{u-vs})$. Un primitivo es por lo tanto $\frac{1}{u}[\log s - \log(u - vs)] = \frac{1}{u}\log \frac{s}{u-vs}$. Entonces

$$\begin{aligned} T &\geq \frac{1}{a(1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN})} \log \left\{ \frac{1 - 1/N}{b/a} \frac{1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN} - (1 - b/a)b/a}{1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN} - (1 - b/a)(1 - 1/N)} \right\} \\ &= \frac{1}{a - b + 2b/N} \log \left\{ \frac{1 - 1/N}{b/a} \frac{(1 - b/a)^2 + \frac{2b}{aN}}{(1 + b/a)/N} \right\} \\ &= \frac{1}{a - b + 2b/N} \left[\log N + \log \left\{ \frac{1 - 1/N}{b/a} \frac{(1 - b/a)^2 + \frac{2b}{aN}}{(1 + b/a)} \right\} \right]. \end{aligned}$$

El miembro de la derecha es equivalente a $(\log N)/(a - b)$ cuando $N \rightarrow +\infty$. Como es el mismo equivalente que el del límite superior obtenido anteriormente, concluimos que $T \sim (\log N)/(a - b)$ cuando $N \rightarrow +\infty$.

En el ejemplo de la Figura 1, tenemos $T \simeq 71,4$ días mientras $(\log N)/(a - b) \simeq 72,0$ días La aproximación se ve bastante bien. En la Figura 2, variamos el tamaño N de la población, así como el parámetro a , con \bar{a} Notamos que $(\log N)/(a - b)$ a veces sobreestima, a veces subestima T .

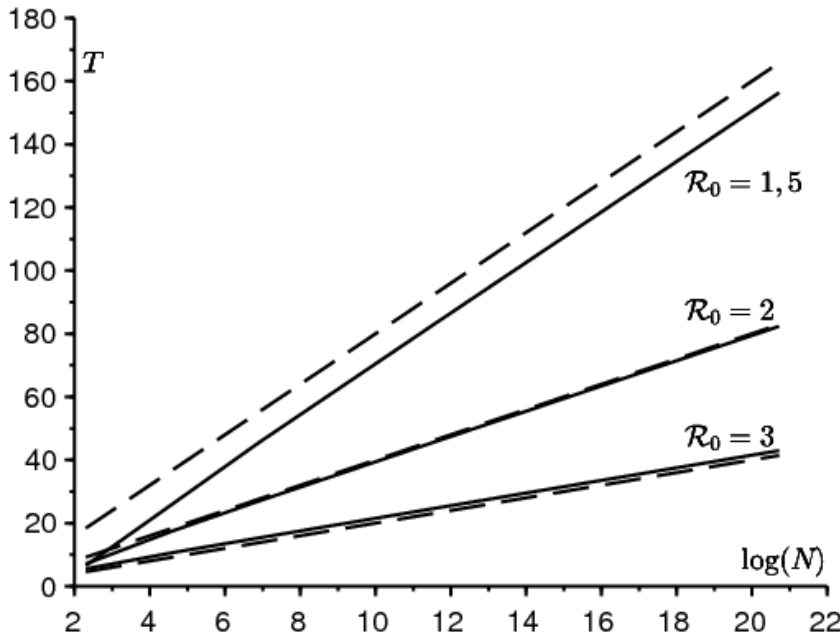


Figura 2. Comparación de fechas T El pico de la epidemia (línea continua), calculado con la integral de la fórmula (1), con el equivalente $(\log N)/(a - b)$ (línea de puntos), dependiendo de $\log N$, cuando N varía de 10 a 10^8 para tres valores de parámetros a tal como $\mathcal{R}_0 = a/b \in \{1,5 ; 2 ; 3\}$.

Tenga en cuenta que $a - b$ es la tasa de crecimiento de la epidemia en sus comienzos, ya que tenemos N grande, $S(t) \simeq N$ y $dI/dt \simeq (a - b)I$. Esta tasa puede estimarse a partir de datos epidemiológicos. Conociendo la población total N , por lo tanto, podemos predecir la fecha del pico de la epidemia. En la práctica, la hipótesis que subyace al modelo de una mezcla homogénea de la población sigue siendo dudosa a escala de un país, un poco menos a la escala de una ciudad.

Históricamente, Kermack y McKendrick habían aproximado el sistema SIR al suponer que la reproducibilidad \mathcal{R}_0 estaba cerca de 1, lo que lleva a una pequeña epidemia. Con desarrollo limitado $e^x \simeq 1 + x + x^2/2$, habían llegado a una ecuación de Riccati explícitamente solucionable, de modo que

$$I(t) \simeq \frac{X}{\text{ch}^2(Yt - Z)}, \quad (2)$$

donde X , Y y Z expresarse de una manera particularmente complicada dependiendo de los parámetros N , a y b (ver por ejemplo [1]). El pico epidémico tiene lugar en $T \simeq Z/Y$. Observemos de pasada que, hasta donde sabemos, la aproximación (2) nunca se ha demostrado rigurosamente, por lo que usamos arriba y abajo del signo informal \simeq . Ahora supongamos además que $1/N$ ser pequeño delante $(\mathcal{R}_0 - 1)^2$. En este caso,

$$Y \simeq \frac{a - b}{2}, \quad Z \simeq \frac{1}{2} \log[2N(b/a - 1)^2]$$

(ver por ejemplo [2]). Con N que tiende hacia el infinito, entonces tenemos $Z \simeq \frac{\log N}{2}$ y finalmente $T \simeq \frac{\log N}{a - b}$. Encontramos el mismo comportamiento asintótico. Nuestro análisis basado en la fórmula (1) es válido, sin embargo, para todos $\mathcal{R}_0 > 1$ y no solo para \mathcal{R}_0 cerca de 1.

Agradecimientos

Gracias Hisashi Inaba por sus comentarios sobre el texto.

Referencias

1. N. Bacaër (2012) Le modèle de Kermack et McKendrick pour la peste à Bombay et la reproductivité nette d'un type avec saisonnalité. *Journal of Mathematical Biology* 64 (2012) 403 – 422. <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-01340008>
2. N. Bacaër (2019) Sur la taille finale des épidémies dans un environnement périodique. *Comptes Rendus Biologies* 342 (2019) 119 – 123. <https://doi.org/10.1016/j.crvi.2019.07.001>
3. N. Bacaër (2020) Un modèle mathématique de l'épidémie de coronavirus en France. <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02509142>
4. A. Hillion (1986) *Les Théories mathématiques des populations*. Presses Universitaires de France, Paris.
5. A. J. Lotka (1939) *Théorie analytique des associations biologiques*, 2e partie. Hermann, Paris.