

No pico da epidemia em um modelo SIR

Nicolas Bacaër

Institut de recherche pour le développement
Unidade de modelagem matemática e computacional de sistemas complexos
Les Cordeliers, Paris, França
nicolas.bacaer@ird.fr

Sumário

Estudamos o comportamento assintótico, quando o tamanho N da população é grande, das vezes T que uma epidemia modelada por um sistema do tipo SIR leva para atingir seu pico. Nós achamos isso $T \sim (\log N)/(a - b)$ onde a é a taxa de contato efetiva e b a taxa na qual as pessoas infectadas deixam de ser infectadas.

O modelo SIR

Considere como em [4, p. 75] o modelo clássico para uma epidemia

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

onde $S(t)$ é o número de pessoas que provavelmente serão infectadas, $I(t)$ o número de pessoas infectadas, $R(t)$ o número de pessoas removidas da transmissão (como resultado de confinamento, cura ou morte) e $N = S(t) + I(t) + R(t)$ a população total assumida como constante. Considere as condições iniciais

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

Vamos assumir $a > b$.

Um exemplo pode ser encontrado na figura 1. Nós escolhemos $N = 65 \times 10^6$, $a = 1/2$ por dia e $b = 1/4$ por dia. Isso corresponde a uma duração média de infecção $1/b = 4$ dias e reproduzível $\mathcal{R}_0 = a/b = 2$ (o termo e a notação vêm de [5, p. 102]). Sem pretender ser realista, são valores da mesma ordem de grandeza que podem ser encontrados para o coronavírus no caso hipotético em que não há intervenção para reduzir a epidemia [3].

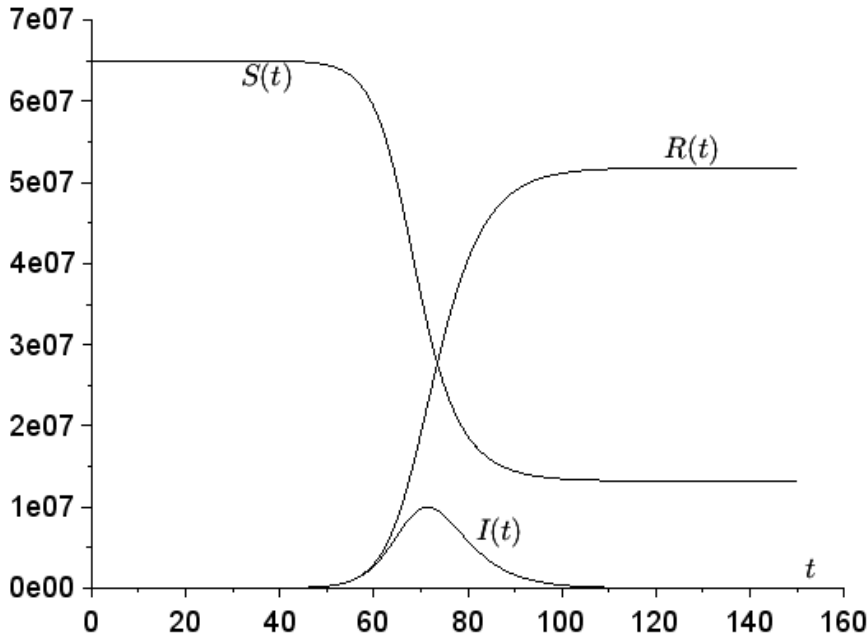


Figura 1. Uma simulação do modelo SIR.

Combinando a primeira e a terceira equações, é bem conhecido [4, p. 76] que encontramos uma primeira integral do sistema diferencial:

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

onde $\log[S(t)/S(0)] = -\frac{a}{bN} R(t)$. Na primeira equação, encontramos

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

O pico da epidemia na Figura 1 corresponde a $dI/dt = 0$, o que acontece a partir da segunda equação quando $S(t) = Nb/a$. Note que $S(t)$ está diminuindo monótono. Deduzimos que se T é a hora do pico da epidemia, ou seja, se

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

tão

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

Vamos posar $s = S/N$. Então

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

O comportamento assintótico do pico epidêmico

Vamos procurar um aumento de T . Para $b/a < s < 1 - 1/N$, percebemos que

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

Ouro nas proximidades de $s = 1$ nós temos

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

A integral $\int_{b/a}^1 \frac{ds}{1-s}$ é divergente. Quando $N \rightarrow +\infty$, então nós temos

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

Agora vamos procurar uma redução no T . Para todos $s > 0$, $\log s \leq s - 1$. Nós também temos $\log(1 - 1/N) \geq -2/N$ para todos $N \geq 2$. Deduzimos isso para todos $s \in]b/a, 1 - 1/N[$ e tudo $N \geq 2$,

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

Então

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

Nos deparamos com uma fração racional da forma $\frac{1}{s(u-vs)}$ com $u = 1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN}$ e $v = 1 - b/a$. Ele se divide em elementos simples como $\frac{1}{u}(\frac{1}{s} + \frac{v}{u-vs})$. Um primitivo é, portanto, $\frac{1}{u}[\log s - \log(u - vs)] = \frac{1}{u}\log \frac{s}{u-vs}$. Então

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

O membro à direita é equivalente a $(\log N)/(a - b)$ quando $N \rightarrow +\infty$. Como é o mesmo equivalente ao do limite superior obtido acima, concluímos que $T \sim (\log N)/(a - b)$ quando $N \rightarrow +\infty$.

No exemplo da Figura 1, temos $T \simeq 71,4$ dias enquanto $(\log N)/(a - b) \simeq 72,0$ dias. A aproximação parece muito boa. Na Figura 2, variamos o tamanho N da população, bem como o parâmetro a com b fixo. Percebemos que $(\log N)/(a - b)$ às vezes superestima, às vezes subestima T .

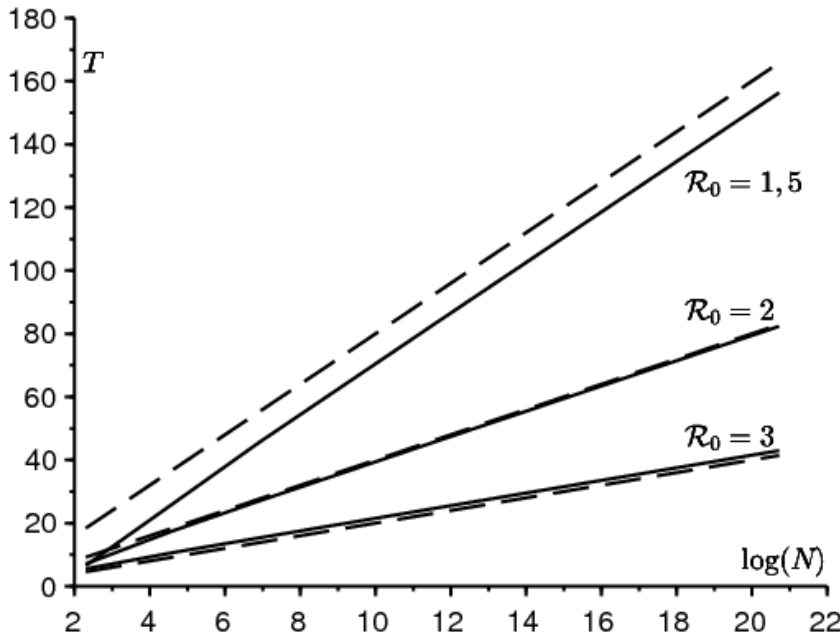


Figura 2. Comparação de datas T o pico da epidemia (linha sólida), calculado com a integral da fórmula (1), com o equivalente $(\log N)/(a - b)$ (linha pontilhada), dependendo da $\log N$ quando N varia de 10 a 10^8 para três valores de parâmetro a como $\mathcal{R}_0 = a/b \in \{1,5 ; 2 ; 3\}$.

Note que $a - b$ é a taxa de crescimento da epidemia em seu início, desde então, por N alto, $S(t) \simeq N$ e $dI/dt \simeq (a - b)I$. Essa taxa pode ser estimada a partir de dados epidemiológicos. Conhecendo a população total N , portanto, podemos prever a data do pico da epidemia. Na prática, a hipótese subjacente ao modelo de uma mistura homogênea da população permanece duvidosa na escala de um país, um pouco menos na escala de uma cidade.

Historicamente, Kermack e McKendrick haviam se aproximado do sistema SIR assumindo que a reprodutibilidade \mathcal{R}_0 foi próximo de 1, o que leva a uma pequena epidemia. Com desenvolvimento limitado $e^x \simeq 1 + x + x^2/2$, eles chegaram a uma equação de Riccati explicitamente solucionável, de modo que

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

onde X , Y e Z se expressam de uma maneira particularmente complicada, dependendo dos parâmetros N , a e b (veja por exemplo [1]). O pico da epidemia ocorre em $T \simeq Z/Y$. Observemos de passagem que, até onde sabemos, a aproximação (2) nunca foi rigorosamente demonstrada, razão pela qual usamos acima e abaixo do sinal informal \simeq . Agora, suponha, além disso, que $1/N$ seja pequeno na frente $(\mathcal{R}_0 - 1)^2$. Nesse caso,

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

(veja por exemplo [2]). Com N que tende ao infinito, então temos $Z \simeq \frac{\log N}{2}$ e finalmente $T \simeq \frac{\log N}{a - b}$. Encontramos o mesmo comportamento assintótico. Nossa análise baseada na fórmula (1) é válida, no entanto, para todos $\mathcal{R}_0 > 1$ e não apenas para \mathcal{R}_0 perto de 1.

Agradecimentos

Nós agradecemos Hisashi Inaba por seus comentários sobre o texto.

Referências

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.