

Modelado matemático de la evolución de covid-19 mediante funciones tipo Gompertz

C. Treviño¹, J.C. Cajas^{2*}, Julián Bravo Castellero³, Nidiyare Hevia-Montiel³, Jorge Luis Pérez-González³, María del Carmen Jorge-Jorge³, Yuriria Cortés Poza³

Resumen

Se construye una aproximación analítica para la evolución de la curva epidémica de covid-19. Partiendo de la observación de que el número de infectados es mucho menor que la población total susceptible, se reduce el modelo susceptible-infectado-recuperado (SIR) y se obtiene una solución analítica de tipo Gompertz proponiendo una forma dependiente del tiempo para el parámetro de crecimiento. Se utilizan los resultados del modelo con los datos disponibles para el estado de Yucatán.

Palabras Clave

COVID-19, Modelos matemáticos, Aproximación analítica, Crecimiento de epidemias

¹UMDI, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, Sisal, Yucatán, México, ctrev05@gmail.com

²ENES - Unidad Mérida, Universidad Nacional Autónoma de México, Mérida, Yucatán, México, carlos.cajas@enesmerida.unam.mx

³IIMAS - Unidad Académica de Yucatán, Universidad Nacional Autónoma de México, Mérida-Yucatán, México, julian@mym.iimas.unam.mx, nidiyare.hevia@iimas.unam.mx, jorge.perez@iimas.unam.mx, mcj@mym.iimas.unam.mx, yuriria.cortes@iimas.unam.mx

*Autor para Correspondencia, Corresponding Author

Introducción

La relevancia de los modelos matemáticos de enfermedades infecciosas se remonta tan lejos en el pasado como 1760, con el trabajo pionero de Daniel Bernoulli [1]. En la actualidad, las predicciones matemáticas de dichos modelos han sido empleadas para diseñar estrategias de contención de enfermedades como el Síndrome Respiratorio Agudo Severo (SARS) [2, 3], la Malaria [4], Dengue y Zika [5, 6] entre otras; y a todo esto se suma la respuesta excepcional que la comunidad científica ha tenido frente al severo brote de Covid-19 que se desarrolla en el presente [7]. En este resumen presentamos una aproximación analítica para la evolución de la enfermedad en el estado de Yucatán con un número pequeño de parámetros muy fáciles de obtener.

1. Modelo SIR model para enfermedades infecciosas

Partimos del modelo SIR clásico [8] dado por

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta IS \\ \frac{dI}{dt} &= \beta IS - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I,\end{aligned}$$

donde S es la población susceptible, I representa al número de personas infectadas, y R es el número de personas recuperadas, con la restricción de que $S + I + R = N$, donde N es la

población total. Los parámetros β y γ son considerados como constantes que dependen del tipo de enfermedad.

1.1 Modelo para infecciones con $I_{max} \ll N$

En el caso en el que el número máximo de infectados es mucho menor que la población total, la segunda ecuación puede simplificarse usando $S = N$ de la siguiente forma

$$\frac{dI}{dt} = \gamma(R_0 - 1)I, \quad (1)$$

where $R_0 = \beta N / \gamma$. Ahora observando esta ecuación, es posible ver que si los parámetros β y γ son efectivamente constantes el número de infectados crecerá de forma monótona. Esto no corresponde a lo observado en diferentes países y regiones, donde las infecciones alcanzaron picos acotados con I_{max} del orden de centenas de miles y N del orden de decenas o centenas de millones. Por esta razón se propone un parámetro de crecimiento $k(t)$ dependiente del tiempo encontrando.

$$\frac{dI}{dt} = k(t)I. \quad (2)$$

Una relación equivalente es válida para los infectados acumulados I_t y tiene la ventaja de permitir un cálculo fácil del parámetro de crecimiento, pues en términos discretos, en un día $k(t)$ puede verse como el cociente $k = \Delta I_t / I_t \text{ días}^{-1}$, lo que hace que sea muy fácil de calcular. A partir de las curvas epidémicas de distintos países se ha observado que $k(t)$ puede aproximarse como

$$\ln(k(t)/k_\alpha) \simeq b - mt, \quad (3)$$

donde m y b son los parámetros de un ajuste lineal para $\ln k(t)$, m tiene unidades de días⁻¹ y b es adimensional. El parámetro $k_\alpha = 1$ días⁻¹ se utiliza para mantener la consistencia en las unidades utilizadas. Se obtienen la siguiente ecuación

$$\frac{dI_t}{dt} = k_\alpha e^{b-mt} I_t. \quad (4)$$

Que puede integrarse directamente para obtener

$$I_t(t) = I_{t0} e^{(k_0 - k_\alpha e^{b-mt})/m}. \quad (5)$$

donde $k_0 = k_\alpha e^{b-mt_0}$ y suponemos que el valor de I_t es conocido en t_0 , $I_{t0} = I_t(t_0)$. La solución resulta ser una función de tipo Gompertz. El valor máximo de los infectados totales puede aproximarse como

$$I_{tmax} = I_{t0} e^{k_0/m}. \quad (6)$$

Puede encontrarse entonces el tiempo en el que se llega al punto de inflexión (que corresponde al pico de los infectados activos) y el valor de los infectados totales allí

$$t_i = \frac{b - \ln(m/k_\alpha)}{m}, \quad I_t(t_i) = I_{t0} e^{(k_0 - m)/m} = \frac{I_{tmax}}{e} \quad (7)$$

En resumen, si un ajuste lineal representa razonablemente bien el $\ln k(t)$, entonces es posible construir la curva epidémica y derivar de ella información valiosa de la evolución temporal de la enfermedad.

2. Interpretación del modelo

Las ec. (4) nos dice cómo aumentan los infectados acumulados en el tiempo. Comparando con la ec. (1) podemos ver que el parámetro de crecimiento $k(t)$ hace el papel de la combinación de parámetros $\gamma(R_0 - 1)$. Sin embargo, dado que las medidas de restricción de la movilidad ayudan a disminuir la propagación del virus, y varían en el tiempo de acuerdo a su implementación, el resultado es que es el parámetro dependiente en el tiempo. La dependencia temporal explícita de $k(t)$ y sobre todo su origen son temas profundos que invitan a investigarlos en detalle.

A partir de la curva epidémica aproximada brindada por el modelo es posible construir un panorama del crecimiento de la enfermedad. Permite tener una idea clara de la fecha de ocurrencia de máxima transmisión de la enfermedad (comunemente llamado el pico de infectados) así como de la magnitud de la misma. También es posible dar una aproximación de la magnitud de la infección activa, pensada como el número de personas que presentan síntomas en los últimos 14 días.

La magnitud del parámetro de crecimiento $k(t)$ es la que determina la velocidad de avance de la enfermedad. Valores por encima de 0,15 producen un crecimiento muy acelerado de la infección, aumentando el riesgo de desbordar la capacidad del sistema de salud pública. Por otra parte, valores por debajo de 0,1 producen un crecimiento más lento de la enfermedad que se considera un riesgo menor para el sistema de salud.

3. Resultados para el estado de Yucatán

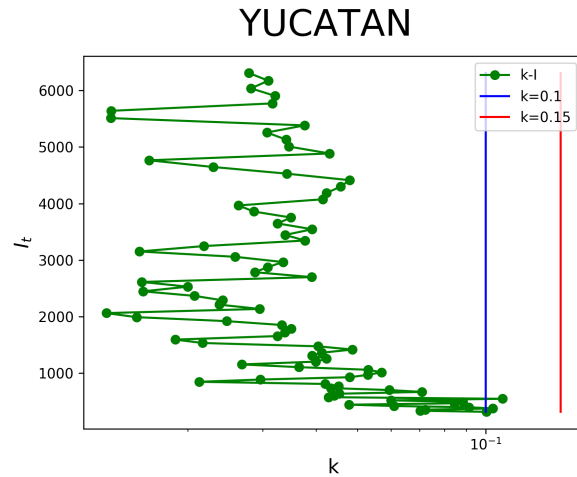


Figura 1. Espacio fase $k(t)$ - I_t . Los valores a la izquierda de la línea azul representan una situación que no crece demasiado rápido, mientras que valores a la derecha de la línea roja son considerados como poco controlables.

El las figuras 1 y 2 se muestran los resultados obtenidos a partir de la solución analítica ec.(5) utilizando los datos de la Secretaría de Salud federal para el estado de Yucatán disponibles en <https://coronavirus.gob.mx/datos/>. El parámetro de crecimiento $k(t)$ muestra que las transmisión de la enfermedad en la región está en un rango considerado como manejable. Los casos se ordenaron por día de llegada a la unidad médica de atención. Se observa una tendencia lineal confiable para $\ln k(t)$ que produce un ajuste muy bueno para la curva epidémica acumulada. Se observa de manera preocupante que después de dos semanas de descenso en el número de contagios se tiene un repunte muy importante en el número de casos nuevos reportados. Esto en combinación con el aumento en la movilidad producto de la reactivación económica escalonada (semáforo en naranja en este momento) puede desembocar en un aumento muy considerable en el número de casos y en la demanda de atención médica. Se recomienda maximizar las medidas de prevención de contagios.

Referencias

- [1] Daniel Bernoulli. Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite vérole et des avantages de l'inoculation pour le prévenir. *Histoire et Mémoires de l'Académie des Sciences*, 2:1–79, 1760.
- [2] Xiefei Yan and Yun Zou. Optimal and sub-optimal quarantine and isolation control in sars epidemics. *Mathematical and Computer Modelling*, 47:235–245, 2008.
- [3] Afia Naheed, Manmohan Singh, and David Lucy. Numerical study of SARS epidemic model with the inclusion of diffusion in the system. *Applied Mathematics and Computation*, 229:480–498, 2014.

YUCATAN

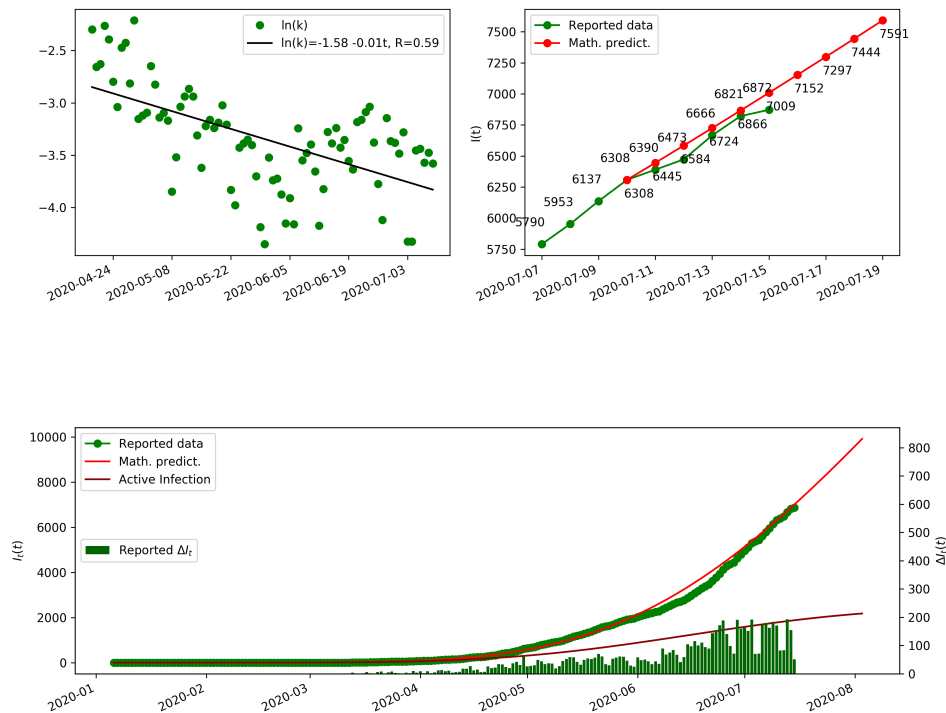


Figura 2. Ajuste lineal de $\ln k(t)$ con los datos de Yucatán hasta el día 19 de mayo (arriba izq.), predicción a siete días para la evolución de la infección (arriba der.), Curva epidémica acumulada y activa.

- [4] M.Ghosh, S.Olaniyi, and O.S.Obabiyi. Mathematical analysis of reinfection and relapse in malaria dynamics. *Applied Mathematics and Computation*, 373:125044, 2020.
- [5] Mudassar Imran, Muhammad Usman, Tufail Malik, and Ali R. Ansari. Mathematical analysis of the role of hospitalization/isolation in controlling the spread of Zika fever. *Virus Research*, 225, 2018.
- [6] Chawarat Rotejanaprasert, Andrew B. Lawson, and Sopon Iamsirithaworn. Spatiotemporal multi-disease transmission dynamic measure for emerging diseases: an application to dengue and zika integrated surveillance in thailand. *BMC Medical Research Methodology*, 19(200), 2019.
- [7] Duccio Fanelli and Francesco Piazza. Analysis and forecast of covid-19 spreading in china, italy and france. *Chaos, Solitons and Fractals*, 134:109761, 2020.
- [8] Herbert W. Hethcote. The mathematics of infectious diseases. *SIAM Review*, 42:599–653, 2000.