

Il modello SIR

Marco Barbato

13 aprile 2020

Sommario

Il modello SIR (*Susceptible-Infected-Recovered model* [KK]) è un modello semplificato che descrive la propagazione di una epidemia in una popolazione. Ne presento qui una versione con ulteriori ipotesi semplificative sufficienti per riprodurre qualitativamente gli andamenti che si vedono nelle epidemie reali come quella in corso in questi giorni (COVID-19) a causa della diffusione del virus SARS-CoV-2.

1 Modello a classi

Definiamo i gradi di libertà del sistema, ovvero le variabili di stato che descrivono, in funzione del tempo t , l'andamento delle quantità che rappresentano matematicamente il corso dell'epidemia. [MAA]

A questo fine, suddividiamo l'intera popolazione in tre classi (Fig. 1): la classe dei suscettibili, degli infetti (o contagiati) e dei rimossi, nel modo che segue, in funzione del tempo:

- sia $S(t)$ il numero di individui suscettibili (*susceptible*). È *suscettibile* quella parte della popolazione che è sana, non è immune (per immunità acquisita da vaccinazione) e non è ancora entrata in contatto con persone contagiate oppure che non manifesta i sintomi del contagio. Appartengono a questa classe infatti anche gli individui positivi asintomatici, cioè coloro che non manifestano i sintomi del contagio e non sono ancora stati sottoposti al vaglio di un criterio misurabile e ripetibile per stabilirne l'infezione; essi rappresentano un po' il gatto di Schrödinger dell'epidemia: ogni individuo della classe S potenzialmente si trova in entrambi gli stati $\{|sano\rangle, |infetto\rangle\}$ ma solo la prova del tampone decide manifestamente se

l'individuo appartiene alla classe S o alla classe I ; tuttavia consideriamo tutti questi "gatti di Schrödinger" come appartenenti alla classe S .

- $I = I(t)$ il numero di individui contagiati (*infected*): sono quelli il cui contagio è *conclamato* ad esempio dopo la prova del tampone;
- $R = R(t)$ il numero di individui rimossi (*recovered*). Questa classe necessita di un maggior chiarimento: appartengono alla classe dei rimossi tutti quelli che sono passati prima per la classe degli infetti e ne sono usciti vincitori o sconfitti dalla lotta col virus. Considerazioni sulla mortalità e sulla letalità dell'infezione vanno oltre l'applicabilità di questo modello. Sono quei casi che per decesso o immunità non entrano più nel ciclo del modello SIR.

È importante sottolineare che le tre classi S, I, R hanno intersezione vuota ($S \cap I \cap R = \emptyset$: ogni individuo si situa in modo esclusivo in solo una delle tre classi) e che le tre quantità soddisfano il vincolo per ogni t :

$$S(t) + I(t) + R(t) = N \quad (1)$$

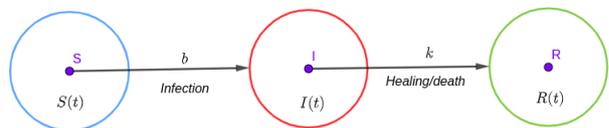


Figura 1: Il modello SIR

Viene presa in considerazione poi la normalizzazione a 1 delle tre funzioni descritte, per poi poter approssimare queste quantità con delle variabili continue anziché discrete e applicare ad esse la

matematica del continuo. Si tratta di prendere in esame la frazione della popolazione totale in ognuna delle tre categorie. Così, se N è la popolazione totale, abbiamo

- $s(t) = S(t)/N$, la frazione di popolazione suscettibile
- $i(t) = I(t)/N$, la frazione di popolazione contagiata
- $r(t) = R(t)/N$, la frazione di popolazione rimossa

Naturalmente risulta

$$s(t) + i(t) + r(t) = 1 \quad (2)$$

In base alle assunzioni che abbiamo fatto, possiamo inferire qualitativamente sull'andamento delle tre funzioni $s(t), i(t), r(t)$ con il tempo:

1. la popolazione suscettibile diminuisce mano a mano che il contagio aumenta: se alla fine saranno tutti contagiati, dovrà andare a zero; se invece si riesce a domare il contagio, tenderà ad un valore compreso tra 0 e 1. Quindi sostanzialmente è una funzione monotona decrescente;
2. il numero di contagiati aumenta naturalmente per il meccanismo di trasmissione del virus ma a epidemia terminata deve ritornare a zero, qualunque sia l'esito. Quindi avrà verosimilmente un andamento "a campana";
3. infine il numero dei rimossi conta in sé i deceduti e i guariti ed è ragionevolmente una funzione monotona crescente.

Poi facciamo qualche ipotesi sui tassi di variabilità delle nostre variabili dipendenti:

- Non ci sono aumenti nel numero dei suscettibili, poiché ignoriamo immigrazioni e nascite. Modelli più elaborati possono tenere conto anche di queste eventualità.
- L'unico modo che un individuo ha per lasciare il gruppo dei suscettibili è divenire infetto. Assumiamo che la derivata di $S(t)$ rispetto al tempo dipenda dal numero dei suscettibili, dal numero dei contagiati e dall'entità del contatto tra suscettibili e contagiati. Dimostreremo

questo fatto tra poco. In particolare, supponiamo che ogni individuo infetto abbia un numero medio b di contatti giornalieri aventi il carattere potenziale di trasmettere la malattia. Con una popolazione totale molto grande ed un piccolo numero di infetti possiamo ignorare situazioni più complicate da conteggiare come il fatto che una persona infetta contagi più persone suscettibili. [SySc]

- Assumiamo altresì che una frazione media k di individui abbandoni giornalmente, con qualunque esito, il gruppo di infettivi e raggiunga la classe dei rimossi. Per esempio se la durata dell'infezione è di tre giorni, allora, in media, un terzo delle persone attualmente contagiate ogni giorno raggiunge la classe dei rimossi. A dire il vero, con il termine *infetto* vogliamo significare *infettivo*, cioè capace di trasmettere la malattia ad una persona suscettibile.

Vediamo ora cosa queste ipotesi ci dicano a riguardo della dinamica delle nostre variabili di stato.

2 Equazione per i suscettibili

Vediamo in dettaglio come ciascuna quantità che compare nella seguente equazione

$$\dot{s}(t) = -bs(t)i(t) \quad (3)$$

discenda dalle considerazioni precedenti. In particolare

- perché è presente il fattore $iI(t)$? *Perché maggiore è il numero di contagiati e maggiore è la probabilità di un suscettibile di trovarsi nelle vicinanze di un infetto.*
- da dove viene il segno $-$? *Perché ogni infezione corrisponde ad una diminuzione della popolazione dei suscettibili.*

Ma facciamo una valutazione quantitativa per dedurre la (3). Il contagio avviene solo qualora vengano a contatto due individui, uno sano e uno infetto. Questo contagio non è conseguenza certa di un contatto, bensì può avvenire in modo aleatorio secondo una probabilità β . Dal punto di vista pratico, per abbassare questo fattore si adottano le

misure di distanziamento sociale e i dispositivi di protezione (mascherine, guanti, etc.).

In un gruppo di N persone il numero totale di possibili incontri a due N_T è il binomiale di Newton:

$$N_T = \binom{N}{2} = \frac{N(N-1)}{2} \quad (4)$$

Ora scriviamo un'equazione alle differenze che quantifica gli andamenti delle variabili di stato. Supponiamo che il primo giorno in cui si è manifestato il contagio ci siano $S_0 = S(t_0)$ individui suscettibili e un focolaio di $I_0 = I(t_0)$ infettivi: il numero di possibili contatti tra queste due classi (che costituiscono un rischio di contagio) è quindi dato da $S_0 I_0$ che è la cardinalità del prodotto cartesiano dei due insiemi. La probabilità di entrare in contatto con un individuo infettivo (un contatto a rischio) è, classicamente, il numero possibile di contatti tra una classe e l'altra diviso il numero possibile di contatti totali:

$$p = \frac{S_0 \cdot I_0}{N_T} = \frac{2S_0 I_0}{N(N-1)} \quad (5)$$

dove N è la numerosità totale della popolazione. Se β è il fattore di trasmissibilità citato in precedenza, il numero totale di persone che oltre ad essere venute in contatto hanno anche contratto la malattia sarà dato dal numero di contatti a rischio, pN , per la probabilità β che l'incontro a rischio si trasformi in una nuova infezione¹:

$$\beta p N = \beta \frac{2S_0 I_0}{N-1} = b S_0 I_0 \quad (6)$$

dove

$$b = \frac{2\beta}{N-1} \quad (7)$$

Facciamo ora l'ulteriore ipotesi che il trasferimento da una classe all'altra nel periodo di tempo che va da t_i a t_{i+1} non avvenga con continuità nel tempo ma avvenga istantaneamente all'istante t_{i+1} .

Quindi alla fine del periodo $(t_i, t_{i+1}]$ avremo un numero di suscettibili inferiore dovuto al fatto che ci sono stati dei contagi:

$$S_{i+1} = S_i - \beta p N = S_i - b S_i I_i \quad (8)$$

¹In letteratura si trova più spesso questo fattore indicato con R_0 che nella notazione adottata introdurrebbe qualche ambiguità col numero di rimossi nel primo periodo

Quindi

$$\Delta S_{i+1} = S_{i+1} - S_i = -b S_i I_i \quad (9)$$

Dividendo per la popolazione N e trattando questo delta come un differenziale (approssimazione nell'ipotesi del continuo) avremo l'equazione differenziale (3).

3 Equazione per i rimossi

La corrispondente equazione per $r(t)$ segue dalla contabilità secondo la quale esiste un fattore k che nell'unità di tempo un individuo lasci la classe degli infetti per quella dei rimossi; se esiste una probabilità k perché avvenga questo flusso, l'equazione sarà semplicemente:

$$\dot{r}(t) = k i(t) \quad (10)$$

segua dalle considerazioni della Sezione 2.

Il bilancio della classe dei rimossi è semplice perché c'è un solo flusso: quello proveniente dalla classe degli infetti (vedi Fig. 1); per cui l'ingresso in questa classe è la combinazione dei tassi di mortalità e guarigione che riassumiamo con la costante k .

4 Equazione per gli infetti

Data l'ipotesi di classi a intersezione vuota (non ci sono persone contate due volte) dalla (2), derivando ambo i membri rispetto al tempo otteniamo

$$\dot{s}(t) + \dot{i}(t) + \dot{r}(t) = 0 \quad (11)$$

In sostanza, il bilancio dalla classe degli infetti dipende da due flussi (vedi Fig. 1): da una parte da quelli che escono per rimozione, secondo una costante che rappresenta il tasso di mortalità e di guarigione combinati; e dall'altra, dagli individui che provengono dalla classe dei suscettibili; la (2) rappresenta quindi un vincolo che abbassa l'ordine del sistema da tre a due (abbiamo di fatto solo due gradi di libertà: $s(t), i(t)$ essendo il terzo $r(t)$ deducibile da queste due.

Dalla (10) e la (11) si ha infine la (12)

$$\dot{i}(t) = (b s(t) - k) i(t) \quad (12)$$

Quindi in realtà ci sono due gradi di libertà, il terzo potendosi dedurre dal vincolo (2).

5 Ritratto di fase del sistema SIR

È possibile disegnare il diagramma in fase [B] del seguente sistema di equazioni differenziali ordinarie non lineari:

$$\dot{s}(t) = -bs(t)i(t) \quad (13)$$

$$\dot{i}(t) = (bs(t) - k)i(t) \quad (14)$$

Questo sistema (13) ha un punto di equilibrio (stabile) che si ottiene annullando le derivate rispetto al tempo:

$$0 = -bs(t)i(t) \rightarrow i(t) = 0 \quad (15)$$

$$0 = (bs(t) - k)i(t) \rightarrow s(t) \equiv k/b \quad (16)$$

Se $s(t) = 0 \rightarrow \dot{s} = 0, \dot{i} = -ki$ è la condizione in cui la classe degli infetti si svuota da sola che è quello che avviene a fine contagio, quindi $i(t) = i_0 e^{-kt}$.

Se $i(t) = 0$ non c'è alcuna dinamica (l'infezione non parte).

Queste poche considerazioni sono sufficienti per tracciare a mano un ritratto di fase. Quindi anche con queste ipotesi estremamente semplificate si ottiene un andamento delle variabili che assomiglia a ciò che accade in realtà. In particolare il numero di infetti aumenta fino ad un picco massimo (Fig. 5) e poi scende, mentre la popolazione dei suscettibili diminuisce dal massimo della popolazione inizialmente sana ad un valore che rappresenta i suscettibili che non sono stati toccati dal contagio. I rimanenti sono in parte deceduti e in parte immunizzati.

6 Soluzione delle ODE con Octave

Anche se è semplice fare una bozza qualitativa a mano dei ritratti in fase basandosi sulle considerazioni sopra, si è proceduto ad una simulazione numerica utilizzando le librerie di soluzione di equazioni differenziali ordinarie (ODE) di Octave.

Il sistema di equazioni differenziali è il seguente:

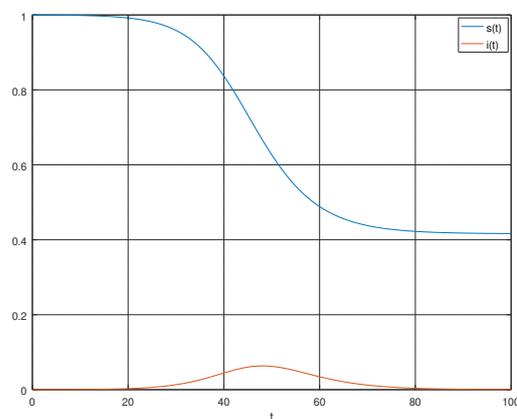


Figura 2: Andamenti temporali delle variabili $s(t), i(t)$.

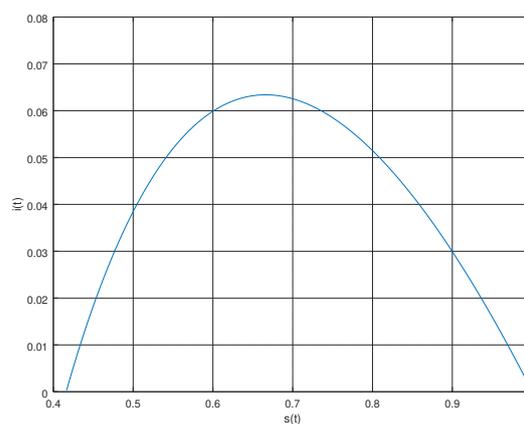


Figura 3: Ritratto di fase per variabili $s(t), i(t)$.

```

## SIR model
function xdot = sir (x, t)

    xdot = zeros (2,1);
    b = 0.5;
    k = 0.333;

    xdot(1) = -b * x(1) * x(2);
    xdot(2) = (b*x(1) - k) * x(2);

endfunction

per risolvere il quale viene poi invocato il metodo
lsode:

t = linspace (0, 100, 1000);
x0=[1 0.0001]; # si assume una percentuale
               # di infetti iniziale dello
               # 0,01% della popolazione
y = lsode ("sir", x0, t);
x1=y(:,1);
x2=y(:,2);
plot(x1, x2); # ritratto di fase
plot(t,x1,t,x2); # grafici t,s(t) e t,i(t)

```

L'andamento del ritratto in fase va letto in questo modo: la traiettoria del sistema inizia nel punto (1; 0,0001) e si muove nel verso delle s decrescenti, vedendo aumentare i fino ad un picco di circa 0.0634 per poi ridiscendere a zero, per $i(t)$, e stabilizzarsi a 0.4166 per $s(t)$.

7 Limitazioni del modello

Come ogni astrazione matematica, anche questo modello ha delle limitazioni che sono chiaramente dichiarate per riuscire a pervenire a delle equazioni quantitative. Alcune sono state espresse all'inizio. Possiamo anche evidenziare che questo modello non tiene conto del flusso verso gli infetti dovuto ai soggetti positivi asintomatici: l'incontro tra due suscettibili non genera un nuovo infetto in questo modello, ma in realtà sappiamo che non è così, anche l'incontro tra due suscettibili in cui uno sia positivo asintomatico, o paucisintomatico, può generare un infetto.

Un'altra ipotesi fatta direttamente nell'articolo [KK], è che una sola infezione renda immune un suscettibile che sopravvive alle complicazioni.

Nonostante queste ed altre limitazioni, tuttavia, la dinamica del modello è abbastanza aderente alla realtà da rappresentarne almeno qualitativamente il comportamento.

Riferimenti bibliografici

- [MAA] David Smith e Lang Moore, [Mathematical Association of America](#)
- [SySc] [System Sciences](#)
- [L] [Lamberti, UniRoma](#)
- [B] G. Benettin, Appunti di Meccanica Razionale, 1991
- [KK] Kermack, McKendrik, *A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics*, Proceedings of the Royal Society, 1927,