

Ein mathematisches Modell der Anfänge der Coronavirus-Epidemie in Frankreich

Nicolas Bacaër

Institut de Recherche pour le Développement
Mathematische und Computermodellierungseinheit komplexer Systeme
Les Cordeliers, Paris, Frankreich
nicolas.bacaer@ird.fr

<https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02509142>

Zusammenfassung

Wir passen ein Epidemiemodell vom Typ SEIR an die Epidemiedaten des neuen Coronavirus in Frankreich im Jahr 2020 an. Wenn die Kontakte ab einem bestimmten Datum auf Null reduziert werden T Kurz vor Beginn der Epidemie liegt die endgültige Größe der Epidemie nahe an der, die durch Multiplikation der kumulierten Anzahl von Fällen erhalten wird $R(T)$ an diesem Datum durch Reproduzierbarkeit \mathcal{R}_0 der Epidemie. Allgemeiner, wenn die Kontakte über die Zeit aufgeteilt sind T von $q > 1$ so dass $\mathcal{R}_0/q < 1$, dann ist die endgültige Größe der Epidemie nahe $R(T) \mathcal{R}_0 (1 - 1/q)/(1 - \mathcal{R}_0/q)$. Mit unseren Schätzungen, $\mathcal{R}_0 \simeq 2,3$ in Frankreich.

1. Das Modell

Abbildung 1^a zeigt die kumulierte Anzahl der in Frankreich zwischen dem 25. Februar und dem 27. März 2020 festgestellten Fälle von Coronavirus. Wir müssen das Datum des 15. März unterscheiden, ab dem plötzlich drastische Maßnahmen ergriffen wurden, um die Epidemie zu stoppen (Schulschließungen, Restaurants usw.). Für diese drei Daten stieg die kumulierte Anzahl der Fälle von 13 auf 5 427 dann zu 32 964. Abbildung 1^b zeigt die gleichen Daten mit logarithmischen Koordinaten auf der Ordinate sowie linearen Regressionslinien. Es gibt drei Perioden: In der ersten, die bis zum 6. März läuft, ist das Wachstum schnell, aber ziemlich unregelmäßig; im zweiten, der bis zum 15. März dauert, ist das Wachstum etwas langsamer, aber stetig; Im dritten Fall ist das Wachstum ab dem 16. März langsam und stetig. Wenn wir eine Linie über die ersten beiden Zeiträume vom 25. Februar bis 15. März anpassen, stellen wir fest, dass die Anzahl der Fälle mit $e^{\lambda t}$ zunimmt mit einer Wachstumsrate $\lambda \simeq 0,31$ pro Tag (rechts rot). Die Verdopplungszeit ist $\log(2)/\lambda \simeq 2,2$ Tage. Wenn wir uns andererseits auf die zweite Periode beschränken, mit Daten, die auf einer logarithmischen Skala besonders gut ausgerichtet sind, erhalten wir $\lambda \simeq 0,225$ pro Tag und eine Verdopplungszeit von 3,1 Tage (blau rechts). Da die Daten zu Beginn der Epidemie durch einen großen Anteil neu importierter Fälle gestört werden, ist es wahrscheinlich die zweite Schätzung, die zuverlässiger ist. Dies ist diejenige, die wir unten für die Phase vor der Intervention verwenden werden. Für die dritte Periode finden wir eine Wachstumsrate von 0,146 pro Tag und eine Verdopplungszeit von 4,7 Tage.

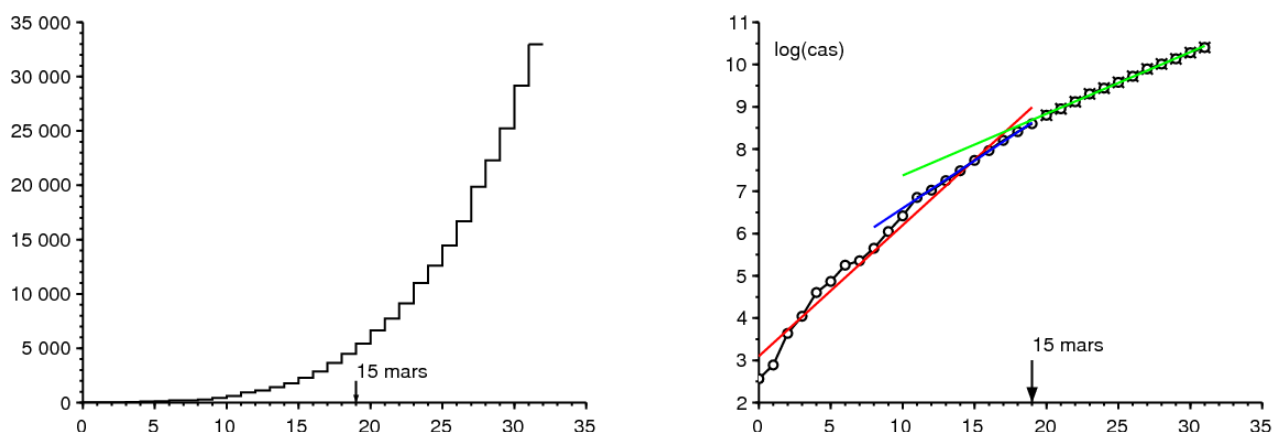


Abbildung 1. a) Kumulierte Anzahl der zwischen dem 25. Februar und dem 27. März 2020 in Frankreich festgestellten Fälle nach Angaben von Santé publique France. b) Natürlicher Logarithmus der kumulierten Anzahl von Fällen und linearen Regressionslinien.

Lassen Sie uns ein mathematisches Modell für diese Epidemie vorschlagen. Teilen wir die französische Bevölkerung nach dem klassischen SEIR-Modell in vier Kompartimente ein (siehe zum Beispiel [3, S. 61]): wahrscheinlich infiziert (S), infiziert aber nicht infektiös (E), ohne Schutz ansteckend (I) und aus der Antriebskette entfernt (R). Dieses letzte Abteil fasst diejenigen zusammen, die ansteckend, aber eingesperrt sind, die Geheilten und die Verstorbenen. Wir können dieses Modell natürlich ad

infinitum verfeinern, um es realistischer zu machen, aber wir haben versucht, die Anzahl unbekannter Parameter so weit wie möglich zu begrenzen. Wir streben auch ein eher theoretisches als praktisches Ergebnis an.

Hinweis N die Gesamtbevölkerung, a die effektive Kontaktrate, b die Rate, mit der infizierte Menschen ansteckend werden und c die Rate, mit der infektiöse Menschen isoliert werden:

$$\frac{dS}{dt} = -a S \frac{I}{N} \quad (1)$$

$$\frac{dE}{dt} = a S \frac{I}{N} - b E \quad (2)$$

$$\frac{dI}{dt} = b E - c I \quad (3)$$

$$\frac{dR}{dt} = c I, \quad (4)$$

mit $N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$. Um die Verknüpfung mit den Daten herzustellen, können wir das denken $R(t)$ entspricht der kumulierten Anzahl der derzeit bekannten Fälle t .

Zu Beginn der Epidemie bleibt die Anzahl der Fälle im Vergleich zur Gesamtbevölkerung sehr gering, so dass $S(t) \simeq N$, was zur Linearisierung führt

$$\frac{dE}{dt} \simeq a I - b E, \quad \frac{dI}{dt} \simeq b E - c I.$$

Die Epidemie neigt daher dazu, exponentiell zu wachsen $e^{\lambda t}$, wo λ ist der größte Eigenwert der Matrix

$$\begin{pmatrix} -b & a \\ b & -c \end{pmatrix}. \quad (5)$$

Das charakteristische Polynom ist

$$\lambda^2 + (b+c)\lambda + b(c-a) = 0. \quad (6)$$

Also

$$\lambda = \frac{-(b+c) + \sqrt{(b+c)^2 - 4b(c-a)}}{2} = \frac{-(b+c) + \sqrt{(b-c)^2 + 4ab}}{2}. \quad (7)$$

Durchschnittliche Dauer im Fach E , das ist es wert $1/b$ und die wir an die Inkubationszeit anpassen, würde in der Größenordnung von 4 Tagen liegen [4]. Deshalb nimm $b = 0,25$ pro Tag. Durchschnittliche Dauer im Fach I vor der Isolation, was sich lohnt $1/c$ ist schwieriger abzuschätzen, da es nicht nur von den biologischen Eigenschaften des Virus abhängt, sondern auch von der Schnelligkeit, mit der die Fälle isoliert werden, die von Land zu Land unterschiedlich ist. Angenommen, es ist ungefähr ein Tag vergangen, seit die Epidemie in Frankreich stattfindet, wenn die Einwohner bereits über die Existenz der Pandemie informiert sind. Patienten sind bald isoliert. Also $c = 1$ pro Tag. Wir schließen daraus aus Formel (7)

$$a = \frac{(2\lambda + b + c)^2 - (b - c)^2}{4b} = (\lambda + c) \left(1 + \frac{\lambda}{b}\right). \quad (8)$$

Dies würde es ermöglichen, die effektive Kontaktrate numerisch zu berechnen a aus der beobachteten Wachstumsrate λ .

Stellen Sie sich vor, dass Maßnahmen im Bereich der öffentlichen Gesundheit die effektive Kontaktrate durch eine Zahl teilen könnten k . Das ist größer als 1. Wie viel muss mindestens wert sein k die Epidemie zu stoppen? Dieser Wert von k , traditionell notiert \mathcal{R}_0 nach Lotka und von ihm "Reproduzierbarkeit" genannt [6, p. 102] wird einfach erhalten, indem man feststellt, dass wenn a wird ersetzt durch $a' = a/\mathcal{R}_0$, die neue Wachstumsrate der Epidemie λ' muss Null sein, was nach Gleichung (6) zu führt $c - a'/\mathcal{R}_0 = 0$ und zu

$$\mathcal{R}_0 = \frac{a}{c} = \left(1 + \frac{\lambda}{b}\right) \left(1 + \frac{\lambda}{c}\right) \simeq 2,33$$

wenn wir den numerischen Wert verwenden ($\lambda \simeq 0,225$ pro Tag), vorgeschlagen durch die Epidemiekurve von Abbildung 1. Betrachtet die Unsicherheiten bezüglich der Parameter b und c Dies kann nur ein ungefährender Wert sein.

Auf technischere Weise (siehe zum Beispiel [7]) hätte man das bemerken können \mathcal{R}_0 war auch der spektrale Radius der Matrix

$$\begin{pmatrix} 0 & a \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b & 0 \\ -b & c \end{pmatrix}^{-1}.$$

Kehren wir zum SEIR-Modell (1) - (4) zurück. Erinnern wir uns daran, wie die endgültige Größe der Epidemie ohne jegliche Intervention bestimmt werden kann. Dies ist eine einfache Anpassung der für das SIR-Modell verwendeten Methode (siehe zum

Beispiel [5, S. 76]). Gleichung (1) zeigt das

$$\frac{d}{dt} \log S = -\frac{a}{N} I(t).$$

Also durch Integration $t = 0$ bei $t = +\infty$,

$$\log S(\infty) - \log S(0) = -\frac{a}{N} \int_0^{\infty} I(t) dt. \quad (9)$$

Zu Beginn der Epidemie befand sich noch niemand im Abteil R daher $R(0) = 0$. Gleichung (4) zeigt das

$$R(\infty) = c \int_0^{\infty} I(t) dt, \quad (10)$$

wo $R(\infty)$ bezeichnet die Grenze, wenn $t \rightarrow +\infty$ der Funktion $R(t)$, die zunimmt und zunimmt um N . Darüber hinaus haben wir jederzeit $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N$. Wann $t \rightarrow +\infty$, die Epidemie hört schließlich damit auf $E(t)$ und $I(t)$ tendieren gegen 0. An der Grenze also nur die Menschen, die der Epidemie entkommen sind und diejenigen, die infiziert waren, aber durch das Abteil gingen R ::

$$S(\infty) + R(\infty) = N. \quad (11)$$

Durch die Kombination von (9), (10) und (11) sehen wir das

$$N - R(\infty) = S(0) \exp\left(-\frac{a}{c} \frac{R(\infty)}{N}\right).$$

Zu Beginn der Epidemie gab es also nur wenige Infizierte in der Bevölkerung $S(0) \simeq N$. Die Gleichung für die endgültige Größe der Epidemie kann wie folgt geschrieben werden

$$1 - \frac{R(\infty)}{N} \simeq \exp\left(-\mathcal{R}_0 \frac{R(\infty)}{N}\right), \quad (12)$$

die zufällig die gleiche Form wie für das SIR-Modell hat [5]. Mit $\mathcal{R}_0 \simeq 2,33$ finden wir digital $R(\infty)/N \simeq 87\%$.

2. Zweite Phase mit drastischen Eingriffen

Stellen Sie sich das an einem bestimmten Datum vor T Es werden drastische Maßnahmen ergriffen, damit die neue effektive Kontaktrate auf 0 reduziert wird, solange dies der Fall ist $R(T)$ kumulative Fälle. Zum Beispiel gab es zum 15. März, dem Datum, an dem die Maßnahmen in Bezug auf Schulen und öffentliche Plätze in Kraft traten, 5.427 kumulative Fälle. Können wir dann vorhersagen, wie hoch die neue endgültige Größe der Epidemie unter diesen Annahmen gewesen wäre?

Gegen Ende der exponentiellen Phase wo $t \leq T$ und wo die Gesamtzahl der Fälle immer noch einen winzigen Teil der Gesamtbevölkerung ausmacht, haben wir

$$E(t) \simeq u e^{\lambda t}, \quad I(t) \simeq v e^{\lambda t}, \quad R(t) \simeq w e^{\lambda t},$$

wo (u, v) ist ein Eigenvektor, der dem größten Eigenwert zugeordnet ist λ der Matrix (5). Also, $-b u + a v = \lambda u$. Mit Gleichung (8) finden wir das

$$u = \frac{a v}{\lambda + b} = \frac{\lambda + c}{b} v.$$

Wie $dR/dt \simeq \lambda R$ für $t < T$ wann t ist nicht zu nahe an 0, haben wir

$$I(T) = \frac{1}{c} \frac{dR}{dt}(T) \simeq \frac{\lambda}{c} R(T).$$

Aber $I(T) \simeq v e^{\lambda T}$ daher

$$E(T) \simeq u e^{\lambda T} = \frac{\lambda + c}{b} v e^{\lambda T} \simeq \frac{\lambda + c}{b} I(T) \simeq \left(\frac{\lambda^2}{bc} + \frac{\lambda}{b}\right) R(T).$$

Die Kontakte sollen auf Null reduziert werden, haben wir für $t > T$

$$\frac{dS}{dt} = 0, \quad \frac{dE}{dt} = -bE, \quad \frac{dI}{dt} = bE - cI, \quad \frac{dR}{dt} = cI. \quad (13)$$

Ohne dieses System lösen zu müssen, ist klar, dass die endgültige Größe der Epidemie sein wird $R(\infty) = R(T) + E(T) + I(T)$, da gibt es $E(T) + I(T)$ infizierte Personen, die sich noch nicht im Abteil befinden R zu der Zeit T . Also

$$R(\infty) \simeq R(T) \left(1 + \frac{\lambda^2}{bc} + \frac{\lambda}{b} + \frac{\lambda}{c} \right) = R(T) \left(1 + \frac{\lambda}{b} \right) \left(1 + \frac{\lambda}{c} \right) = \mathcal{R}_0 R(T).$$

Wenn also die Kontakte ab einem bestimmten Datum kurz vor Beginn der Epidemie auf Null reduziert werden (nahe genug, damit die lineare Annäherung noch gültig ist, aber nicht zu nahe, damit das linearisierte System Zeit zur Konvergenz hatte in Richtung des dem ersten Eigenwert zugeordneten Eigenvektors) liegt die endgültige Größe der Epidemie nahe an der, die durch Multiplikation der kumulierten Anzahl von Fällen an diesem Datum mit der Reproduzierbarkeit erhalten wird \mathcal{R}_0 der Epidemie. Ein ähnliches Ergebnis wird auf die gleiche Weise für ein SIR-Modell erhalten. Im Anhang stellen wir jedoch fest, dass dies nicht mehr der Fall ist \mathcal{R}_0 wer bestimmt das Verhältnis $R(\infty)/R(T)$ in Modellen mit einer Infektionsperiode, die nicht exponentiell verteilt ist, sondern einen komplizierteren Ausdruck aufweist.

Lassen Sie uns nebenbei die Analogie zum Konzept des „Wachstumspotenzials“ von Bevölkerungsgruppen in der Demographie anmerken [8, S. 176]. Es ist das Verhältnis zwischen der stationären Endbevölkerung und der Bevölkerung zu einem bestimmten Zeitpunkt, wenn die Fruchtbarkeit zu diesem Zeitpunkt plötzlich durch die Reproduzierbarkeit geteilt wird \mathcal{R}_0 , so dass die Bevölkerung mit einer asymptotischen Wachstumsrate von Null belassen wird. Wie bei unserer Berechnung hat Keyfitz unter der Annahme, dass die Anfangspopulation im Sinne von Lotka (dh vom ersten Eigenvektor gegeben) „stabil“ ist, eine relativ einfache Formel für das Potential von erhalten erhöhen, eine Formel, die auch beinhaltet \mathcal{R}_0 obwohl komplizierter als bei unserem SEIR-Modell [8, S. 179].

Beachten Sie auch, dass die Schätzung von $R(T) + E(T) + I(T)$ aus den Daten $R(T)$ Nur eines ist analog zu dem Problem, das zu Beginn der HIV-Epidemie aufgetreten ist, um die Anzahl der HIV-positiven Menschen anhand der Anzahl der gemeldeten AIDS-Fälle abzuschätzen.

Kehren wir zu unserem Modell zurück. Mit $R(T) = 5\,427$ und $\mathcal{R}_0 \simeq 2,33$ gibt es $R(\infty) \simeq 12\,600$. Markieren Sie erneut die Unsicherheit um die Parameter b und c , was sich im Wert von widerspiegelt $R(\infty)$.

Abbildung 2^a veranschaulicht dieses Zwei-Phasen-Modell. Wir haben genommen $N = 65 \times 10^6$ (die Bevölkerung von Frankreich), $S(0) = N - 1$, $E(0) = 1$, $I(0) = 0$ und $R(0) = 0$. Der Parameter a ist gegeben durch Formel (8) mit $\lambda = 0,225$ pro Tag. Wir haben genommen $T = 40,1$ Tage so $R(T) \simeq 5\,415$ sehr nah an den Daten sein $5\,427$ 15. März. Wenn wir die Simulation etwas länger als in der Abbildung fortsetzen, finden wir das numerisch $R(\infty)/R(T) \simeq 2,33 \simeq \mathcal{R}_0$.

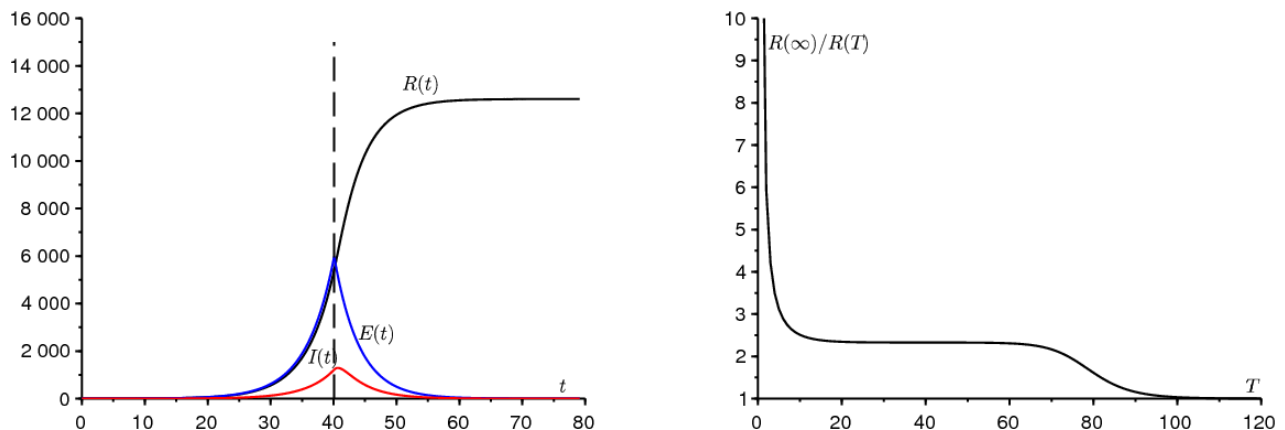


Abbildung 2. a) Beispiel für die Simulation des Zweiphasenmodells. b) Der Bericht $R(\infty)/R(T)$ abhängig von T .

Abbildung 2^b zeigt, wie der Bericht $R(\infty)/R(T)$ variiert je nach Zeit T wo die Kontaktrate auf Null reduziert wird. Wir können deutlich ein Plateau beobachten, auf dem dieses Verhältnis nahe liegt \mathcal{R}_0 . Wann $T \rightarrow 0$ haben wir $R(T) \rightarrow 0$ und $R(\infty) \rightarrow E(0) + I(0) = 1$, so der Bericht $R(\infty)/R(T)$ neigt zur Unendlichkeit. Der Bericht rückt näher \mathcal{R}_0 wann T liegt in der Größenordnung der Umkehrung der Differenz zwischen den beiden Eigenwerten der Matrix (5). Wann im Gegenteil $T \rightarrow \infty$ dann kommt die Intervention zu spät; Die Epidemie ist bereits vorbei und $R(\infty)/R(T) \rightarrow 1$. Es wird erwartet, dass die Breite des Regals wo $R(\infty)/R(T)$ ist nah an \mathcal{R}_0 wächst als Konstante multipliziert mit $\log(N)$ wann $N \rightarrow +\infty$, da dies beispielsweise das Verhalten der Zeit bis zum epidemischen Peak in einem SIR-Modell mit konstanten Koeffizienten ist [2].

Wenn wir wissen wollen, wann der Höhepunkt neuer Fälle eintreten wird, was für Überlastungsprobleme in Krankenhäusern wichtig sein kann, müssen wir das System lösen (13). Wir finden $E(t) = E(T) e^{-b(t-T)}$ und

$$I(t) = I(T) e^{-c(t-T)} + bE(T) \frac{e^{-b(t-T)} - e^{-c(t-T)}}{c - b}.$$

Mit den Zahlenwerten von Abbildung 2^a haben wir $E(T) \simeq 5\,970$, $I(T) \simeq 1\,218$ und die Ableitung von $I(t)$ bricht 0,6 Tage ab, nachdem die Kontaktrate auf 0 reduziert wurde. Bei einer Kontaktrate ungleich Null wäre die Verzögerung offensichtlich länger.

3. Verallgemeinerung

In der Realität ist die effektive Kontaktrate sicherlich nicht ganz Null für $t > T$. Der erhaltene Wert für $R(\infty)$ kann dennoch als Untergrenze des realen Wertes betrachtet werden, da es sicher ist, dass die endgültige Größe der Epidemie bei Kontakten ungleich Null größer sein wird als bei Kontakten ungleich Null für $t > T$. Zu diesem Thema sei daran erinnert, dass Epidemiemodelle vom Typ SIR oder SEIR mit variabler Kontaktrate nicht "eintönig" sind, da eine Verringerung der Kontaktrate manchmal zu einer größeren endgültigen Größe der Epidemie führen kann. [1].

Betrachten Sie nun den Fall, in dem die Kontaktrate nicht auf 0 reduziert, sondern einfach durch eine Zahl geteilt wird $q > 1$ so dass $\mathcal{R}_0/q < 1$ während $\mathcal{R}_0 > 1$. Die Reduzierung auf 0 entspricht dem Grenzfall, in dem q gegen die Unendlichkeit geht. In diesem Fall haben wir für $t > T$,

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{a}{q} S \frac{I}{N}, \quad \frac{dE}{dt} = \frac{a}{q} S \frac{I}{N} - bE, \quad \frac{dI}{dt} = bE - cI, \quad \frac{dR}{dt} = cI.$$

Nach der gleichen Überlegung wie in Abschnitt 1 haben wir für $t > T$

$$\frac{1}{S} \frac{dS}{dt} = -\frac{a}{q c N} \frac{dR}{dt}.$$

Durch die Integration zwischen $t = T$ und $t = +\infty$ Daraus schließen wir

$$\log \frac{S(\infty)}{S(T)} = -\frac{\mathcal{R}_0}{q N} (R(\infty) - R(T)).$$

Angenommen, wie in Abschnitt 2 zu dieser Zeit T ist weder zu klein noch zu groß, das heißt in der Schale von Fig. 2^b. Wie $S(\infty) = N - R(\infty)$ und

$$S(T) = N - E(T) - I(T) - R(T) \simeq N - \mathcal{R}_0 R(T),$$

wir haben

$$N - R(\infty) \simeq [N - \mathcal{R}_0 R(T)] \exp\left(-\frac{\mathcal{R}_0}{q N} (R(\infty) - R(T))\right).$$

Wie $R(T)/N$ soll klein sein, haben wir $\exp\left(\frac{\mathcal{R}_0 R(T)}{q N}\right) \simeq 1 + \frac{\mathcal{R}_0 R(T)}{q N}$ und

$$1 - \frac{R(\infty)}{N} \simeq \left[1 - \frac{\mathcal{R}_0 R(T)}{N} + \frac{\mathcal{R}_0 R(T)}{q N}\right] \exp\left(-\frac{\mathcal{R}_0}{q} \frac{R(\infty)}{N}\right).$$

Gold $\mathcal{R}_0/q < 1$ durch Hypothese. Also die Lösung $R(\infty)/N$ dieser Gleichung wird nach dem klassischen grafischen Argument [5] vor 1 klein sein. Damit $\exp\left(-\frac{\mathcal{R}_0}{q} \frac{R(\infty)}{N}\right) \simeq 1 - \frac{\mathcal{R}_0}{q} \frac{R(\infty)}{N}$ bekommen wir endlich

$$R(\infty) \simeq R(T) \mathcal{R}_0 \frac{1 - 1/q}{1 - \mathcal{R}_0/q}. \quad (14)$$

Wann $q \rightarrow +\infty$ finden wir das $R(\infty) \simeq R(T) \mathcal{R}_0$. Das merken wir auch $(1 - 1/q)/(1 - \mathcal{R}_0/q) > 1$, wie es sein sollte.

Fig. 3 vergleicht zu T fest wie in Abbildung 2^a und für verschiedene Werte des Parameters q , die endgültige Größe der Epidemie auf einer logarithmischen Skala $\log(R(\infty)/N)$ erhalten durch numerische Simulation mit Formel (14) für $q > \mathcal{R}_0$ und mit der streng positiven Lösung der Gleichung

$$1 - \frac{R(\infty)}{N} \simeq \exp\left(-\frac{\mathcal{R}_0}{q} \frac{R(\infty)}{N}\right) \quad (15)$$

für $q < \mathcal{R}_0$. In der Tat gibt es im letzteren Fall eine schwere Epidemie, und es reicht aus, Gleichung (12) anzupassen, die mehr oder weniger unabhängig von der anfänglich infizierten Fraktion ist $1 - S(T)/N \simeq \mathcal{R}_0 R(T)/N$ solange es klein ist, was wir angenommen haben. Wir sehen, dass die beiden Näherungen in der Nähe von nicht mehr gültig sind $q = \mathcal{R}_0$.

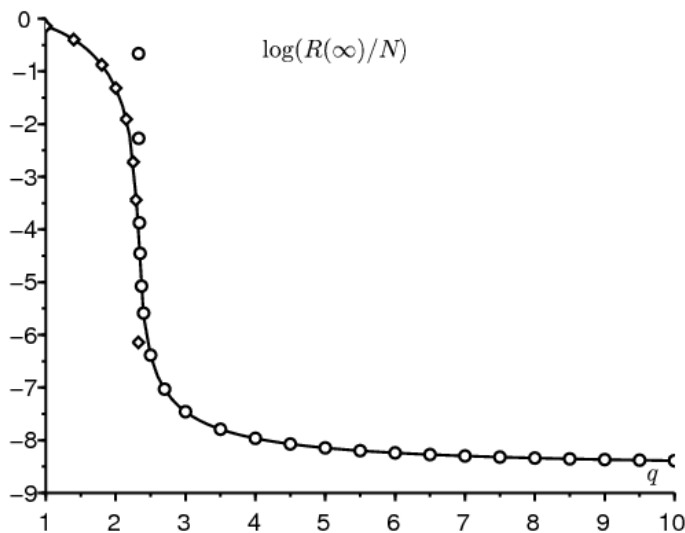


Abbildung 3. $\log(R(\infty)/N)$ abhängig von q (durchgezogene Linie), verglichen mit Formel (14) (kleine Kreise) gültig für $q > \mathcal{R}_0$ und mit der Lösung von Gleichung (15) (kleine Diamanten) gültig für $q < \mathcal{R}_0$.

Beachten Sie, dass die endgültige Größe der Epidemie um mehrere Größenordnungen variiert, wenn q ist nah an \mathcal{R}_0 . Da ist es sehr schwer zu quantifizieren. In diesem Bereich ist es auch schwierig, die endgültige Größe der Epidemie vorherzusagen. Es gibt nur wenn q ist deutlich höher als \mathcal{R}_0 dass die Vorhersage mit Formel (14) weniger empfindlich auf den Wert von q wird.

4. Versuchen Sie zu schätzen q

Kehren wir zu Abbildung 1 zurück. Versuchen wir zu schätzen q durch Anpassen einer Simulation des Modells an Daten nach dem 15. März. Dazu gehen wir von den Daten aus $R(T) = 5427$. Da die Daten der letzten 8 Tage besonders gut aufeinander abgestimmt sind, beginnen wir mit der Simulation unseres Modells mit $R(T - \tau) = e^{-\lambda\tau} R(T)$ wo $\lambda = 0,225$ pro Tag und $\tau = 8$ Tage und mit den entsprechenden Schätzungen $I(T - \tau) \simeq \frac{\lambda}{c} R(T - \tau)$, $E(T - \tau) \simeq (\frac{\lambda^2}{bc} + \frac{\lambda}{b}) R(T - \tau)$ und $S(T - \tau) = N - E(T - \tau) - I(T - \tau) - R(T - \tau)$. Für $t > T$ beträgt die effektive Kontaktrate a/q und wir versuchen uns anzupassen $R(t)$ zu Daten bis 27. März. Die beste Passform ist zwischen $q = 1,5$ und $q = 2$ herum $q = 1,7$. Da dieser Wert kleiner als ist \mathcal{R}_0 Es scheint, dass die Eindämmungsmaßnahmen immer noch unzureichend sind.

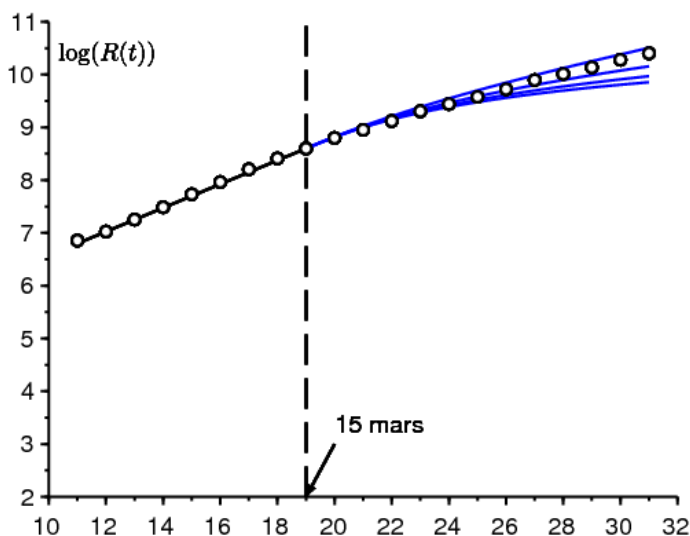


Abbildung 4. Natürlicher Logarithmus der Anzahl der Fälle zwischen dem 7. und 27. März (kleine Kreise) und $\log(R(t))$ als Funktion der Zeit t in 4 Simulationen mit von oben nach unten $q \in \{1,5; 2; 2,5; 3\}$.

Abschließend haben wir ein Zwei-Phasen-Szenario untersucht, bei dem die Kontaktrate ab einem bestimmten Datum reduziert wird. Wir haben eine einfache ungefähre Formel für die endgültige Größe der Epidemie gefunden, die auf der Anzahl der zum Zeitpunkt der Reduktion festgestellten Fälle basiert. Es bleibt jedoch, dieses Ergebnis strenger darzulegen und zu demonstrieren, wahrscheinlich indem es als asymptotisches Ergebnis erscheint, wenn $N \rightarrow +\infty$. Was die praktische Frage vom 27. März betrifft, so ist das Modell vielleicht etwas zu simpel, um daraus Schlussfolgerungen zu ziehen. Insbesondere wird erwartet, dass eine nicht exponentielle Verteilung der in den verschiedenen Kompartimenten verbrachten Zeiten die Schätzung des Parameters beeinflusst. q .

Danksagung

Wir danken Hisashi Inaba, Ali Moussaoui und Frédéric Hamelin für ihre Kommentare zum Manuskript.

Anhang

Stellen Sie sich ein SIR-Modell mit einer Infektionsperiode vor, die nicht unbedingt exponentiell verteilt ist. Entweder $I(t, x)$ die Dichte der seitdem infizierten Menschen x Zeiteinheiten zu Zeit t . Entweder $a(x)$ die effektive Kontaktrate und $b(x)$ die Rate, mit der infizierte Menschen aufhören, die Infektion zu verbreiten. Wir haben zu Beginn der Epidemie

$$\begin{aligned} I(t, 0) &\simeq \int_0^\infty a(x) I(t, x) dx \\ \frac{\partial I}{\partial t} + \frac{\partial I}{\partial x} &= -b(x) I(t, x) \\ \frac{dR}{dt} &= \int_0^\infty b(x) I(t, x) dx \end{aligned}$$

Wir schließen daraus, wie in Lotkas stabiler Bevölkerungstheorie [6]

$$I(t, x) \simeq k e^{\lambda t} e^{-\lambda x - \int_0^x b(y) dy}$$

wo k ist eine Konstante und die Wachstumsrate λ ist die einzige Lösung für die Gleichung

$$1 = \int_0^\infty a(x) e^{-\lambda x - \int_0^x b(y) dy} dx.$$

Wenn wir fragen $I(t) = \int_0^\infty I(t, x) dx$ ist das Problem zu schätzen $I(T) + R(T)$ von $R(T)$. Gold

$$\lambda R(T) \simeq \frac{dR}{dt}(T) = \int_0^\infty b(x) I(T, x) dx \simeq \int_0^\infty b(x) k e^{\lambda T} e^{-\lambda x - \int_0^x b(y) dy} dx.$$

Daraus schließen wir

$$k \simeq \frac{\lambda R(T) e^{-\lambda T}}{\int_0^\infty b(x) e^{-\lambda x - \int_0^x b(y) dy} dx}.$$

Schließlich

$$\frac{I(T) + R(T)}{R(T)} \simeq \frac{\lambda \int_0^\infty e^{-\lambda x - \int_0^x b(y) dy} dy}{\int_0^\infty b(x) e^{-\lambda x - \int_0^x b(y) dy} dy} + 1.$$

Wir sehen, dass das Mitglied auf der rechten Seite keinen besonderen Grund hat, mit ihm übereinzustimmen $\mathcal{R}_0 = \int_0^\infty a(x) e^{-\int_0^x b(y) dy} dx$. In dem speziellen Fall, in dem die Raten konstant sind, mit $a(x) \equiv a$ und $b(x) \equiv b$ jedoch $\lambda = a - b$ und deshalb $(I(T) + R(T))/R(T) \simeq \frac{\lambda}{b} + 1 = \frac{a}{b} = \mathcal{R}_0$.

Referenzen

1. Bacaër N., Gomes M. G. M. (2009) Sur la taille finale des épidémies avec saisonnalité. Bull. Math. Biol. 71 : 1954 – 1966. <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-01299608>
2. Bacaër N. (2020) Sur le pic épidémique dans un modèle S – I – R, <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02518993>
3. Corlosquet – Habart M., Janssen J., Manca R. (2012) Modélisation stochastique du risque de pandémie : stratégies de couverture et d'assurance. Lavoisier, Cachan.
4. Guan W. J. et coll. (2020) Clinical characteristics of 2019 novel coronavirus infection in China. New England Journal of Medicine, doi : 10.1056/NEJMoa2002032
5. A. Hillion (1986) Les Théories mathématiques des populations. Presses Universitaires de France, Paris.
6. Lotka A. J. (1939) Théorie analytique des associations biologiques, 2e partie. Hermann, Paris.
7. Nkague Nkamba L. (2012) Robustesse des seuils en épidémiologie et stabilité asymptotique d'un modèle à infectivité et susceptibilité différentielle. Thèse, Université de Lorraine et Université Gaston Berger.
8. Pressat R. (1995) Éléments de démographie mathématique. AIDELF, Paris.