

Un modello matematico degli inizi dell'epidemia di coronavirus in Francia

Nicolas Bacaër

Institut de Recherche pour le Développement
Unità di modellazione matematica e computerizzata di sistemi complessi
Les Cordeliers, Parigi, Francia
nicolas.bacaer@ird.fr

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

riassunto

Adattiamo un modello epidemico di tipo SEIR ai dati epidemici del nuovo coronavirus in Francia nel 2020. Se i contatti vengono ridotti a zero da una certa data T vicino all'inizio dell'epidemia, la dimensione finale dell'epidemia è vicina a quella ottenuta moltiplicando il numero cumulativo di casi $R(T)$ in questa data per riproducibilità \mathcal{R}_0 dell'epidemia. Più in generale, se i contatti sono divisi nel tempo T da $q > 1$ così quello $\mathcal{R}_0/q < 1$, quindi la dimensione finale dell'epidemia è vicina $R(T) \mathcal{R}_0 (1 - 1/q)/(1 - \mathcal{R}_0/q)$. Con le nostre stime, $\mathcal{R}_0 \simeq 2,3$ in Francia.

1. Il modello

Figura 1^a mostra il numero cumulativo di casi rilevati di coronavirus in Francia tra il 25 febbraio e il 27 marzo 2020. Dobbiamo distinguere la data del 15 marzo da cui sono state prese improvvisamente misure drastiche per fermare l'epidemia (chiusura delle scuole, ristoranti, ecc.). Per queste tre date, il numero cumulativo di casi è aumentato da 13 a 5 427 quindi a 32 964. Figura 1^b mostra gli stessi dati con coordinate logaritmiche sull'ordinata, nonché linee di regressione lineare. Vi sono tre periodi: nel primo, che dura fino al 6 marzo, la crescita è rapida ma abbastanza irregolare; nel secondo, che arriva fino al 15 marzo, la crescita è un po' più lenta ma costante; nel terzo, dal 16 marzo, la crescita è lenta e costante. Se adeguiamo una linea nei primi due periodi che vanno dal 25 febbraio al 15 marzo, scopriamo che il numero di casi aumenta di pari passo $e^{\lambda t}$ con un tasso di crescita $\lambda \simeq 0,31$ al giorno (rosso giusto). Il tempo del raddoppio è $\log(2)/\lambda \simeq 2,2$ giorni. Se, d'altra parte, ci limitiamo al secondo periodo, con dati che sono particolarmente ben allineati su scala logaritmica, otteniamo $\lambda \simeq 0,225$ al giorno e un tempo di raddoppio di 3,1 giorni (blu a destra). Poiché i dati all'inizio dell'epidemia sono disturbati da una grande percentuale di nuovi casi importati, è probabilmente la seconda stima a essere più affidabile; questo è quello che useremo di seguito per la fase pre-intervento. Per quanto riguarda il terzo periodo, troviamo un tasso di crescita di 0,146 al giorno e un tempo di raddoppio di 4,7 giorni.

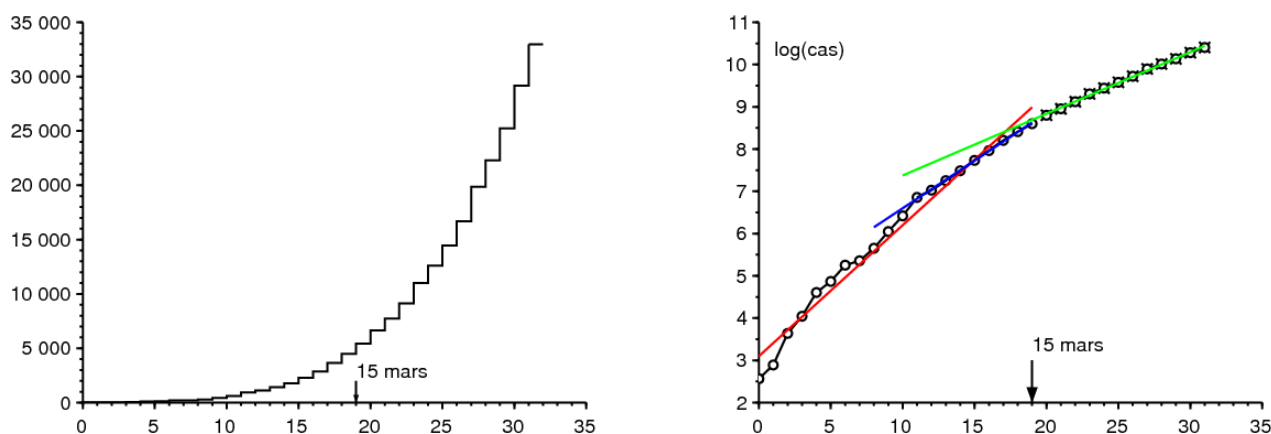


Figura 1. a) Numero cumulativo di casi rilevati in Francia tra il 25 febbraio e il 27 marzo 2020, secondo Santé publique France. b) Logaritmo naturale del numero cumulativo di casi e linee di regressione lineare.

Proponiamo un modello matematico per questa epidemia. Dividiamo la popolazione francese in quattro scomparti secondo il classico modello SEIR (vedi ad esempio [3, p. 61]): probabile che sia infetto (S), infetto ma non infettivo (E), infettivo senza protezione (I) e rimosso dalla catena di trasmissione (R). Quest'ultimo compartimento raggruppa coloro che sono contagiosi ma confinati, i guariti e i defunti. Possiamo ovviamente affinare questo modello all'infinito per renderlo più realistico, ma abbiamo cercato di limitare il più possibile il numero di parametri sconosciuti; miriamo anche a ottenere un risultato più teorico che pratico.

nota N la popolazione totale, a il tasso di contatto effettivo, b la velocità con cui le persone infette diventano infettive e c la velocità con cui le persone infette sono isolate:

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

$$\frac{dE}{dt} = aS \frac{I}{N} - bE \quad (2)$$

$$\frac{dI}{dt} = bE - cI \quad (3)$$

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

con $N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$. Per creare il collegamento con i dati, possiamo pensarci $R(t)$ corrisponde al numero cumulativo di casi noti al momento t .

All'inizio dell'epidemia, il numero di casi rimane molto piccolo rispetto alla popolazione totale, quindi $S(t) \simeq N$, che porta alla linearizzazione

$$\frac{dE}{dt} \simeq aI - bE, \quad \frac{dI}{dt} \simeq bE - cI.$$

L'epidemia quindi tende a crescere esponenzialmente come $e^{\lambda t}$, dove λ è il più grande autovalore della matrice

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

Il polinomio caratteristico è

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

pertanto

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

Durata media nel compartimento E , che vale $1/b$ che assimiliamo al periodo di incubazione, sarebbe dell'ordine di 4 giorni [4]. Quindi prendi $b = 0,25$ al giorno. Durata media nel compartimento I prima dell'isolamento, che vale la pena $1/c$, è più difficile da stimare perché dipende non solo dalle caratteristiche biologiche del virus, ma anche dalla tempestività con cui i casi vengono isolati, che varia da paese a paese. Supponiamo che sia trascorso circa 1 giorno dall'epidemia in Francia, quando gli abitanti sono già ben consapevoli dell'esistenza della pandemia; i pazienti sono presto isolati. In tal modo $c = 1$ al giorno. Ne deduciamo dalla formula (7) che

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

che consentirebbe di calcolare numericamente la velocità di contatto effettiva a dal tasso di crescita osservato λ .

Immagina che le misure di sanità pubblica potrebbero dividere il tasso di contatto effettivo per un numero k che è maggiore di 1. Quanto deve valere almeno k per fermare l'epidemia? Questo valore di k , notato tradizionalmente \mathcal{R}_0 seguendo Lotka e da lui chiamato "riproducibilità" [6, p. 102], si ottiene semplicemente osservando che quando a è sostituito da $a' = a/\mathcal{R}_0$, il nuovo tasso di crescita dell'epidemia λ' deve essere zero, che secondo l'equazione (6) porta a $c - a'/\mathcal{R}_0 = 0$ e a

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

se utilizziamo il valore numerico ($\lambda \simeq 0,225$ al giorno) suggerito dalla curva epidemica della figura 1. Visualizza le incertezze sui parametri b e c , questo può essere solo un valore approssimativo.

In un modo più tecnico (vedi ad esempio [7]), si sarebbe potuto notare \mathcal{R}_0 era anche il raggio spettrale della matrice

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

Torniamo al modello SEIR (1) - (4). Ricordiamo come determinare la dimensione finale dell'epidemia in completa assenza di intervento; è un facile adattamento del metodo usato per il modello SIR (vedi ad esempio [5, p. 76]). L'equazione (1) lo mostra

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

Quindi integrando $t = 0$ a $t = +\infty$,

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

All'inizio dell'epidemia, nessuno era ancora nel compartimento R , pertanto $R(0) = 0$. L'equazione (4) lo mostra

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

dove $R(\infty)$ indica il limite quando $t \rightarrow +\infty$ della funzione $R(t)$, che aumenta e aumenta di N . Inoltre, abbiamo sempre $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N$. quando $t \rightarrow +\infty$, l'epidemia alla fine si ferma così $E(t)$ e $I(t)$ tendono verso 0. Al limite, quindi, solo le persone che sono fuggite dall'epidemia e quelle che sono state infettate ma che sono passate attraverso il compartimento R :

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

Combinando (9), (10) e (11), vediamo che

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

All'inizio dell'epidemia, c'erano solo poche persone infette nella popolazione, quindi $S(0) \simeq N$. L'equazione per la dimensione finale dell'epidemia può essere scritta come

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

che ha la stessa forma del modello SIR [5]. con $\mathcal{R}_0 \simeq 2,33$, troviamo digitalmente $R(\infty)/N \simeq 87\%$.

2. Seconda fase con intervento drastico

Immagina che ad una certa data T , vengono prese misure drastiche in modo che la nuova velocità di contatto effettiva sia ridotta a 0 mentre è presente $R(T)$ casi cumulativi. Ad esempio, ci sono stati 5.427 casi cumulativi a partire dal 15 marzo, data in cui sono entrate in vigore le misure relative alle scuole e ai luoghi pubblici. Possiamo quindi prevedere quale sarebbe stata la nuova dimensione finale dell'epidemia sotto questi presupposti?

Verso la fine della fase esponenziale dove $t \leq T$ e dove il numero totale di casi rappresenta ancora una piccola parte della popolazione totale, abbiamo

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

dove (u, v) è un autovettore associato al più grande autovalore λ della matrice (5). In tal modo, $-bu + av = \lambda u$. Con l'equazione (8), lo troviamo

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

come $dR/dt \simeq \lambda R$ per $t < T$ quando t non è troppo vicino a 0, abbiamo

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

ma $I(T) \simeq v e^{\lambda T}$, pertanto

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

Abbiamo dovuto ridurre i contatti a zero $t > T$

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

Senza dover risolvere questo sistema, è chiaro che sarà la dimensione finale dell'epidemia $R(\infty) = R(T) + E(T) + I(T)$, poiché c'è $E(T) + I(T)$ individui infetti che non sono ancora nel compartimento R al momento T . In tal modo

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

Pertanto, se i contatti si riducono a zero da una certa data vicino all'inizio dell'epidemia (abbastanza vicini da rendere valida l'approssimazione lineare ma non troppo vicini perché il sistema linearizzato abbia avuto il tempo di convergere verso l'autovettore

associato al primo autovalore), quindi la dimensione finale dell'epidemia è vicina a quella ottenuta moltiplicando il numero cumulativo di casi in questa data per la riproducibilità \mathcal{R}_0 dell'epidemia. Un risultato simile si ottiene allo stesso modo per un modello SIR. Nell'appendice, notiamo tuttavia che questo non è più \mathcal{R}_0 chi determina il rapporto $R(\infty)/R(T)$ in modelli con un periodo infettivo che non è distribuito esponenzialmente, ma un'espressione più complicata.

Notiamo nel passare l'analogia con il concetto di "potenziale di crescita" delle popolazioni in demografia [8, p. 176]. È il rapporto tra la popolazione stazionaria finale e la popolazione in un determinato istante se la fertilità è improvvisamente divisa in questo istante dalla riproducibilità \mathcal{R}_0 , in modo che la popolazione rimanga con un tasso asintotico di crescita zero. Come nel nostro calcolo, è supponendo che la popolazione iniziale sia "stabile" nel senso di Lotka (vale a dire dato dal primo autovettore) che Keyfitz ha ottenuto una formula relativamente semplice per il potenziale di aumentare, una formula che coinvolge anche \mathcal{R}_0 sebbene in modo più complicato rispetto al nostro modello SEIR [8, p. 179].

Si noti inoltre che la stima di $R(T) + E(T) + I(T)$ dai dati $R(T)$ solo uno è analogo al problema sorto all'inizio dell'epidemia di HIV per stimare il numero di persone sieropositive dal numero di casi di AIDS segnalati.

Torniamo al nostro modello. con $R(T) = 5427$ e $\mathcal{R}_0 \simeq 2,33$, dà $R(\infty) \simeq 12600$. Ancora una volta, evidenzia l'incertezza attorno ai parametri b e c , che si riflette nel valore di $R(\infty)$.

Figura 2^a illustra questo modello a due fasi. Abbiamo preso $N = 65 \times 10^6$ (la popolazione della Francia), $S(0) = N - 1$, $E(0) = 1$, $I(0) = 0$ e $R(0) = 0$. Il parametro a è dato dalla formula (8) con $\lambda = 0,225$ al giorno. Abbiamo preso $T = 40,1$ giorni così $R(T) \simeq 5415$ essere molto vicino ai dati 542715 marzo. Continuando la simulazione un po' più a lungo rispetto alla figura, troviamo numericamente quello $R(\infty)/R(T) \simeq 2,33 \simeq \mathcal{R}_0$.

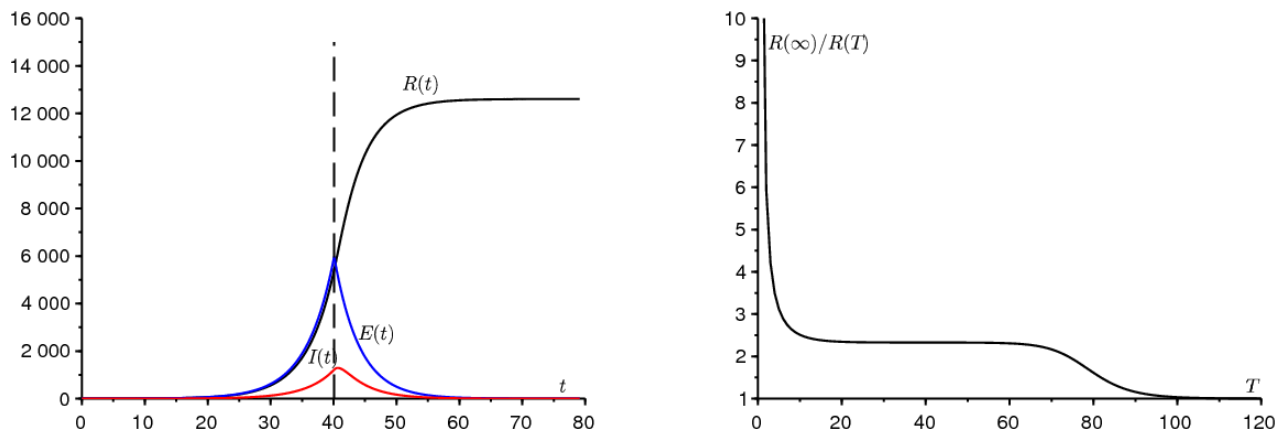


Figura 2. a) Esempio di simulazione del modello bifase. b) Il rapporto $R(\infty)/R(T)$ a seconda di T .

Figura 2^b mostra come il rapporto $R(\infty)/R(T)$ varia a seconda del tempo T dove la velocità di contatto è ridotta a zero. Possiamo osservare chiaramente un plateau in cui questo rapporto è vicino \mathcal{R}_0 . quando $T \rightarrow 0$, abbiamo $R(T) \rightarrow 0$ e $R(\infty) \rightarrow E(0) + I(0) = 1$, quindi il rapporto $R(\infty)/R(T)$ tende all'infinito. Il rapporto si sta avvicinando \mathcal{R}_0 quando T è dell'ordine dell'inverso della differenza tra i due autovalori della matrice (5). Quando, al contrario $T \rightarrow \infty$, quindi l'intervento arriva troppo tardi; l'epidemia è già passata e $R(\infty)/R(T) \rightarrow 1$. Si prevede che la larghezza della mensola dove $R(\infty)/R(T)$ è vicino a \mathcal{R}_0 cresce come una costante moltiplicata per $\log(N)$ quando $N \rightarrow +\infty$, poiché questo è ad esempio il comportamento del tempo fino al picco epidemico in un modello SIR con coefficienti costanti [2].

Se vogliamo sapere quando si verificherà il picco di nuovi casi, che può essere importante per i problemi di congestione negli ospedali, dobbiamo risolvere il sistema (13). Noi troviamo $E(t) = E(T) e^{-b(t-T)}$ e

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

Con i valori numerici di figura 2^a, abbiamo $E(T) \simeq 5970$, $I(T) \simeq 1218$ e il derivato di $I(t)$ annulla 0,6 giorni dopo che la velocità di contatto è stata ridotta a 0. Per una velocità di contatto diversa da zero, il ritardo sarebbe ovviamente più lungo.

3. Generalizzazione

In realtà, la velocità di contatto effettiva non è certamente del tutto nulla per $t > T$. Il valore ottenuto per $R(\infty)$ può comunque essere considerato come un limite inferiore del valore reale poiché è certo che la dimensione finale dell'epidemia sarà maggiore con contatti diversi da zero rispetto a contatti zero per $t > T$. A questo proposito, va ricordato che i modelli epidemici di tipo SIR o SEIR con una velocità di contatto variabile non sono "monotoni", nel senso che una riduzione della frequenza di contatto a volte può portare a una dimensione finale più grande dell'epidemia. [1].

Consideriamo ora il caso in cui la velocità di contatto non è ridotta a 0 ma semplicemente divisa per un numero $q > 1$ così quello $\mathcal{R}_0/q < 1$, mentre $\mathcal{R}_0 > 1$. La riduzione a 0 corrisponde al caso limite dove q tende all'infinito. In questo caso, abbiamo per $t > T$,

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

Con lo stesso ragionamento della sezione 1, abbiamo per $t > T$

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

Integrando tra $t = T$ e $t = +\infty$, lo deduciamo

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

Supponiamo che nella sezione 2 quella volta T non è né troppo piccolo né troppo grande, vale a dire nel vassoio di Figura 2^b. come $S(\infty) = N - R(\infty)$ e

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

noi abbiamo

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

come $R(T)/N$ dovrebbe essere piccolo, abbiamo $\exp\left(\frac{\mathcal{R}_0 R(T)}{q N}\right) \simeq 1 + \frac{\mathcal{R}_0 R(T)}{q N}$ e

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

oro $\mathcal{R}_0/q < 1$ per ipotesi. Quindi la soluzione $R(\infty)/N$ di questa equazione sarà piccola davanti a 1, secondo il classico argomento grafico [5]. Usando quello $\exp\left(-\frac{\mathcal{R}_0}{q} \frac{R(\infty)}{N}\right) \simeq 1 - \frac{\mathcal{R}_0}{q} \frac{R(\infty)}{N}$, finalmente abbiamo

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

quando $q \rightarrow +\infty$, lo troviamo $R(\infty) \simeq R(T) \mathcal{R}_0$. Lo notiamo anche noi $(1 - 1/q)/(1 - \mathcal{R}_0/q) > 1$, come dovrebbe essere.

La figura 3 confronta, per T riparatato come in figura 2^a e per diversi valori del parametro q , la dimensione finale dell'epidemia su scala logaritmica $\log(R(\infty)/N)$ ottenuto mediante simulazione numerica con formula (14) per $q > \mathcal{R}_0$ e con la soluzione strettamente positiva dell'equazione

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

per $q < \mathcal{R}_0$. In effetti, in quest'ultimo caso, esiste un'epidemia grave ed è sufficiente adattare l'equazione (12), che è più o meno indipendente dalla frazione infetta iniziale $1 - S(T)/N \simeq \mathcal{R}_0 R(T)/N$ fintanto che è piccolo, che abbiamo assunto. Vediamo che le due approssimazioni cessano di essere valide nelle vicinanze di $q = \mathcal{R}_0$.

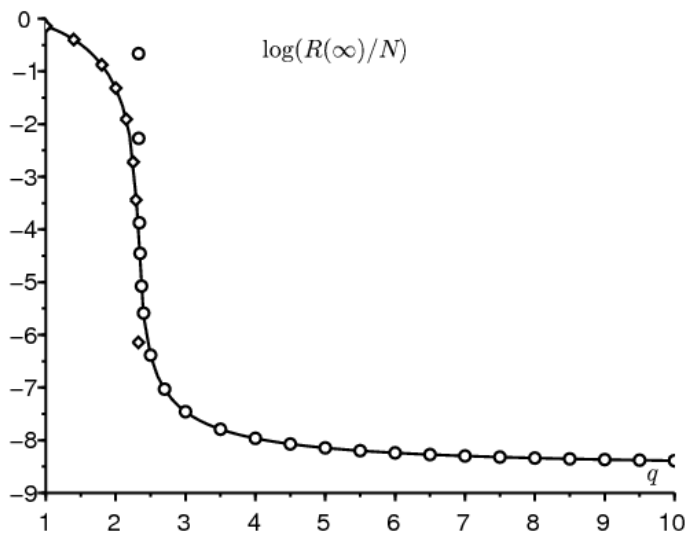


Figura 3 $\log(R(\infty)/N)$ a seconda di q (linea continua), rispetto alla formula (14) (piccoli cerchi) valida per $q > \mathcal{R}_0$ e con la soluzione dell'equazione (15) (piccoli diamanti) valida per $q < \mathcal{R}_0$.

Si noti che la dimensione finale dell'epidemia varia di diversi ordini di grandezza quando q è vicino a \mathcal{R}_0 . Dal momento che è molto difficile da quantificare q predire la dimensione finale dell'epidemia è anche difficile in quest'area. C'è solo se q è significativamente maggiore di \mathcal{R}_0 che la previsione con formula (14) diventa meno sensibile al valore di q .

4. Tentare di stimare q

Torniamo alla Figura 1. Proviamo a stimare q adattando una simulazione del modello ai dati dopo il 15 marzo. Per questo, partiamo dai dati $R(T) = 5427$. Poiché i dati degli 8 giorni precedenti sono particolarmente ben allineati, iniziamo con la simulazione del nostro modello $R(T - \tau) = e^{-\lambda\tau} R(T)$ dove $\lambda = 0,225$ al giorno e $\tau = 8$ giorni e con le stime corrispondenti $I(T - \tau) \simeq \frac{\lambda}{c} R(T - \tau)$, $E(T - \tau) \simeq (\frac{\lambda^2}{bc} + \frac{\lambda}{b}) R(T - \tau)$ e $S(T - \tau) = N - E(T - \tau) - I(T - \tau) - R(T - \tau)$. per $t > T$, la velocità di contatto effettiva è a/q e proviamo ad adeguarci $R(t)$ ai dati fino al 27 marzo. La migliore misura è tra $q = 1,5$ e $q = 2$, in giro $q = 1,7$. Poiché questo valore è inferiore a \mathcal{R}_0 , sembrerebbe che le misure di contenimento siano ancora insufficienti.

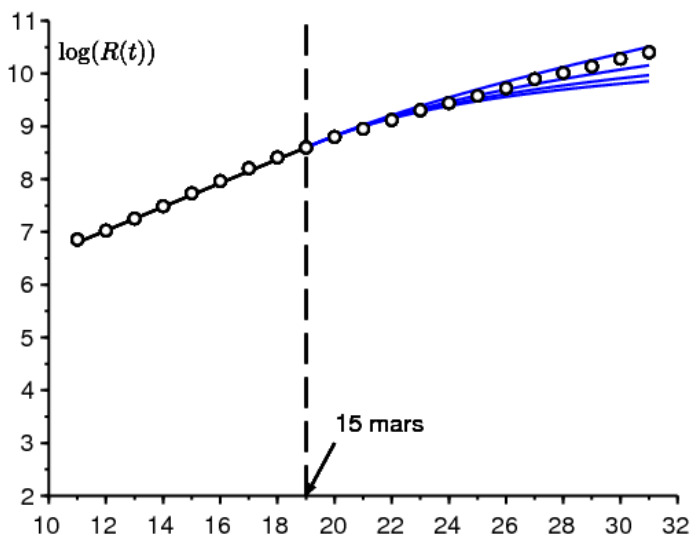


Figura 4. Logaritmo naturale del numero di casi tra il 7 e il 27 marzo (piccoli cerchi) e $\log(R(t))$ in funzione del tempo t in 4 simulazioni con dall'alto verso il basso $q \in \{1,5; 2; 2,5; 3\}$.

In conclusione, abbiamo esplorato uno scenario in due fasi in cui la velocità di contatto è ridotta da una certa data. Abbiamo trovato una semplice formula approssimativa per la dimensione finale dell'epidemia in base al numero di casi rilevati al momento della riduzione. Tuttavia, resta da dichiarare e dimostrare questo risultato in modo più rigoroso, probabilmente facendolo apparire come un risultato asintotico quando $N \rightarrow +\infty$. Per quanto riguarda la domanda pratica al 27 marzo, il modello è forse un po' troppo semplicistico per trarne delle conclusioni. In particolare, si prevede che una distribuzione non esponenziale dei tempi trascorsi nei diversi scomparti influenzerà la stima del parametro q .

grazie

Noi ringraziamo Hisashi Inaba, Ali Moussaoui e Frédéric Hamelin per i loro commenti sul manoscritto.

annesso

Considera un modello SIR con un periodo infettivo che non è necessariamente distribuito in modo esponenziale. se $I(t, x)$ la densità delle persone infette da allora x unità di tempo al tempo t . se $a(x)$ il tasso di contatto effettivo e $b(x)$ la velocità con cui le persone infette smettono di diffondere l'infezione. Abbiamo all'inizio dell'epidemia

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

Ne deduciamo, come nella teoria della popolazione stabile di Lotka [6]

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

dove k è una costante e il tasso di crescita λ è l'unica soluzione all'equazione

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

Se chiediamo $I(t) = \int_0^\infty I(t, x) dx$, il problema è stimare $I(T) + R(T)$ da $R(T)$. o

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

Lo deduciamo

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

infine,

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

Vediamo che il membro a destra non ha particolari motivi per coincidere $\mathcal{R}_0 = \int_0^\infty a(x) e^{-\int_0^x b(y) dy} dx$. Nel caso speciale in cui le tariffe sono costanti, con $a(x) \equiv a$ e $b(x) \equiv b$ tuttavia $\lambda = a - b$ e quindi $(I(T) + R(T))/R(T) \simeq \frac{\lambda}{b} + 1 = \frac{a}{b} = \mathcal{R}_0$.

riferimenti

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.