

フランスにおけるコロナウイルス流行の始まりの数学的モデル

Nicolas Bacaër

Institut de Recherche pour le Développement
複雑なシステムの数学およびコンピュータモデリングユニット
Les Cordeliers、パリ、フランス
nicolas.bacaer@ird.fr

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

まとめ

現在コロナウイルスの流行に触発された、SEIRの2相数学モデルを研究しています。伝染病の開始に近い特定の日付 T から連絡先がゼロに減少した場合、伝染病の最終的なサイズは、累積ケースの数 $R(T)$ を掛けることによって得られるものに近くなります。この日に再現性で \mathcal{R}_0 流行の。より一般的には、連絡先が時間 T で数値 q で除算される場合、 $\mathcal{R}_0/q < 1$ 、その後、流行の最終的なサイズは $R(T) \mathcal{R}_0 (1 - 1/q) / (1 - \mathcal{R}_0/q)$ 。モデルのパラメータは、フランスのコロナウイルスに関連するデータにほぼ調整されています。

1.モデル

図1^a2020年2月25日から3月29日までのフランスで確認されたコロナウイルスの累積症例数を示す。これらのデータには、都市医学生物学研究所と入院患者の両方が含まれます[10]。流行を止めるために急な対策が講じられた3月15日（学校、レストランなどの閉鎖）を区別する必要があります。これら3つの日付では、確認された症例の累積数は13から5 423 それから 40 174。図1^bは、同じデータを対数座標と線形回帰直線で示しています。3つの期間があります。最初の期間は3月6日まで実行され、成長は急速ですがかなり不規則です。3月15日まで続く2番目の段階では、成長は少し遅くなりますが安定しています。3月16日から3番目の成長率はゆっくりですがまだ安定しています。2月25日から3月15日までの最初の2つの期間すべてでラインを調整すると、ケース数は次のように増加します。 $e^{\lambda t}$ レードで $\lambda \simeq 0,311$ 日あたり（赤）。倍増時間は $(\ln 2)/\lambda \simeq 2,2$ 日。一方、対数スケールで特によく整合しているデータを使用して、第2期間に限定すると、次のようになります。 $\lambda \simeq 0,225$ 1日あたりの倍増時間 3,1日（青）。流行開始時のデータは、新たに輸入された症例の大部分と確率的影響によって乱されているため、2番目の推定値がおそらく最も信頼できます。3期目は、抜本的な対策を実施した後、倍増する時間が4,9日。

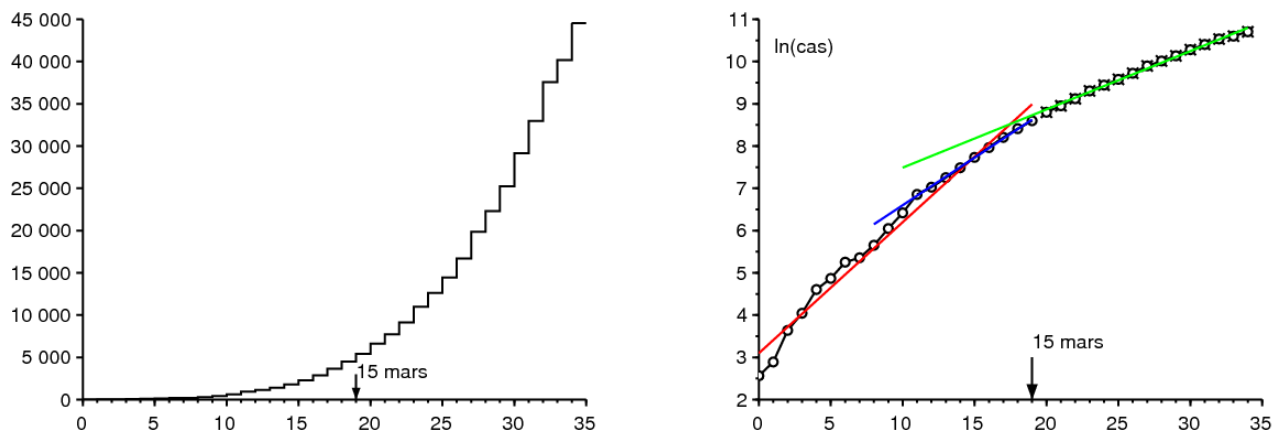


図1. a) フランスのサンテパブリクフランスおよび[11]によると、2020年2月25日から3月29日までの間に確認された症例の累積数。b) この数の自然対数と線形回帰直線。

この流行に触発された数学モデルを研究します。古典的なSEIRモデルの変種に従って、フランスの人口を5つの区画に分割してみましょう（例[3, p. 61]を参照）：感染する可能性が高い（ S ）、潜伏期に感染した、言い換えればまだ感染性ではない（ E ）、保護なしで感染性（ I ）、確認された症例に数えられることにより、伝染の連鎖から取り除かれました（ R_1 ）または存在しないことによって（ R_2 ）。したがって、これらの最後の2つのコンパートメントにはそれぞれ、感染性はあるが隔離されている人と、回復または死亡したために感染性がなくなった人の両方が含まれます。一部の患者は軽度の症状を示し、検査を受けずに自宅にとどまります。他の患者は老人ホームに住んでおり、合併症や死亡さえあったとしても検査を受けていません。これらのカテゴリはコンパートメントにあります R_2 。このモデルを無限に改良して、より現実的なものにすることができますが、不明なパラメーターの数をできるだけ制限するようにしました。主な目的はまた、流行の最終的なサイズに関する理論的な結果を得ることです。

いくつかの表記法を紹介しましょう：

- N : 総人口（大きいと想定） $N = S(t) + E(t) + I(t) + R_1(t) + R_2(t)$;
- a : 実効接触率;
- b : 潜在的な感染者が感染力を持つ率;
- c : 感染者が隔離され、したがって伝染の連鎖から排除される平均率。
- f : 隔離時に確認された症例に含まれる感染者の割合（ $0 \leq f \leq 1$ ）；この割合は時間とともに変化する可能性があります、簡単にするために一定であると仮定します。

だから

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

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

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

$$\frac{dR_1}{dt} = f c I, \quad (4)$$

$$\frac{dR_2}{dt} = (1 - f) c I. \quad (5)$$

図1のデータにリンクするには $R_1(t)$ 現在確認されている累積症例数に対応 t 。注意するなら $R(t) = R_1(t) + R_2(t)$ 、私たちはそれに気づきます

$$\frac{dR}{dt} = c I. \quad (6)$$

から推論 $R_1(0) = R_2(0) = 0$ あれ $R_1(t) = f R(t)$ と $R_2(t) = (1 - f) R(t)$ すべてのために $t \geq 0$ 。

流行が始まった当初、全人口に比べて症例数は非常に少ないため、 $S(t) \simeq N$ 、線形化につながります

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

数字 $E(t)$ と $I(t)$ 数字も $R_1(t)$ と $R_2(t)$ したがって、指数関数的に成長する傾向があります $e^{\lambda t}$ 、どこ λ は行列の最大固有値です

$$\begin{pmatrix} -b & a \\ b & -c \end{pmatrix}. \quad (7)$$

特性多項式は

$$\lambda^2 + (b + c)\lambda + b(c - a) = 0. \quad (8)$$

だから

$$\lambda = \frac{-(b + c) + \sqrt{(b + c)^2 - 4b(c - a)}}{2} = \frac{-(b + c) + \sqrt{(b - c)^2 + 4ab}}{2}. \quad (9)$$

[9]は、潜伏期間、つまり症状が発現する前の期間が5~6日であることを示しています。症状が現れる前に感染する可能性があるため、潜伏期間は少し短いかもしれません。潜伏期の平均期間は4日に固定されています。です $1/b$ 。だから $b = 0,25$ 1日あたり。

隔離前の感染性区画の平均時間、つまり $1/c$ は、多くの要因に依存するため、推定がより困難です。それはウイルスの生物学的特徴、年齢などの個人の特徴に依存するだけでなく、国ごとに異なる、ケースが分離される迅速性にも依存します。フランスでの流行は、住民がすでにパンデミックの存在を十分に認識しているときに起こります。患者は隔離されて間もない。まったく感染しないものもあれば、隔離される数日前に感染するものもあります。平均が1日程度であるとして。モデルの形式は、分布が指数関数であることを意味します。この平均は、感染の80%が0日間感染性を維持し、感染の20%が5日間感染性を維持してから隔離される場合、より洗練されたモデルで得られます。まとめると、 $c = 1$ 1日あたり。

式 (9) から、

$$a = \frac{(2\lambda + b + c)^2 - (b - c)^2}{4b} = (\lambda + c) \left(1 + \frac{\lambda}{b}\right). \quad (10)$$

これにより、有効接触率を数値で計算できます。 a 観測された成長率から λ 。

公衆衛生対策が数によって有効接触率を分割することができることを想像 k よう $k > 1$ 。この数は、流行を止めるために少なくともどれだけの価値があるのでしょうか？この最小値は、伝統的に注記されています R_0 口トカに続き、彼によって「再現性」 [6, p. 102]、それは単に a に置き換えられます $a' = a/R_0$ 、流行の新しい成長率 λ' ゼロでなければなりません。式 (8) によれば、これは $c - a/R_0 = 0$ そして

$$R_0 = \frac{a}{c} = \left(1 + \frac{\lambda}{b}\right) \left(1 + \frac{\lambda}{c}\right) \simeq 2,33$$

数値 ($\lambda \simeq 0,225$ 1日あたり) 図1の流行曲線で示唆されています。パラメーターの不確実性を表示します b と c 、これは概算値にしかありません。

より技術的な方法 ([7]などの例を参照) では、 R_0 マトリックスのスペクトル半径も

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

非線形SEIRモデル (1) - (6) に戻ります。介入がまったくない場合の流行の最終的な大きさを決定する方法を思い出してください。これは簡単で、SIRモデルに使用される方法のよく知られている適応に加えて (たとえば、[4, p. 76]を参照)。式 (1) は、

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

統合することで $t = 0$ で $t = +\infty$ 、

$$\ln S(\infty) - \ln S(0) = -\frac{a}{N} \int_0^{\infty} I(t) dt, \quad (11)$$

どこに $S(\infty)$ 制限を指定するとき $t \rightarrow +\infty$ 機能の $S(t)$ これは減少し、プラスです。と $R(0) = 0$ 、式 (6) は、

$$R(\infty) = c \int_0^{\infty} I(t) dt. \quad (12)$$

また、常に持っています $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N$ 。もし $t \rightarrow +\infty$ その後、流行は最終的に終了します： $E(t) \rightarrow 0$ と $I(t) \rightarrow 0$ 。だから

$$S(\infty) + R(\infty) = N. \quad (13)$$

(11)、(12)、(13) を組み合わせると、

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

伝染病が始まった当初、感染した人々はほんのわずかでした。 $S(0) \simeq N$ 。伝染病の最終的なサイズの陰的な方程式は、次のように書くことができます。

$$1 - \frac{R(\infty)}{N} \simeq \exp\left(-\mathcal{R}_0 \frac{R(\infty)}{N}\right), \quad (14)$$

これはたまたまSIRモデルと同じ形状です[4]。と $\mathcal{R}_0 \simeq 2,33$ 、見つけた $R(\infty)/N \simeq 87\%$ 。ほんの一部 f これらのケースの確認されています。

2.大幅な介入を伴う第2フェーズ

ある特定の日付 T で、新しい実効接触率が0に減少するように大幅な対策が講じられたとします。この時点で、 $R_1(T)$ 。たとえば、5423学校や公共の場に関する措置が施行された3月15日の累積事件。次に、これらの仮定の下で流行の新しい最終的なサイズがどうなるかを予測できますか $R(\infty)$ 、または少なくとも確認されたもの $R_1(\infty)$ ？

指数関数フェーズの終わりに向かって $t \leq T$ ケースの総数が依然として総人口のごく一部を占めている場合、

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

どこに (u, v) は、行列 (7) の最大固有値に関連付けられた固有ベクトルです。 λ 。だから、 $-bu + av = \lambda u$ 。式 (10) を使用すると、

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

でも $dR/dt \simeq \lambda R$ のために $t < T$ もし $t \rightarrow 0$ に近づきません。

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

と $I(T) \simeq v e^{\lambda T}$ 、私たちは持っています

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

連絡先はゼロに削減されることになっています。 $t > T$

$$\frac{dS}{dt} = 0, \quad \frac{dE}{dt} = -bE, \quad (15)$$

他の式 (3)、(4)、(5) は同じままです。このシステムを解く必要がなければ、伝染病の最終的なサイズは $R(\infty) = R(T) + E(T) + I(T)$ 、あるので $E(T) + I(T)$ Rコンパートメントにまだ時刻 T にいない感染者。だから

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

いつもから $R_1(t) = f R(t)$ 、私たちはそれも推定します

$$R_1(\infty) \simeq \mathcal{R}_0 R_1(T).$$

したがって、伝染病の開始に近い特定の日付から連絡先がゼロに減少した場合-線形近似がまだ有効であるほど十分に近いが、線形化されたシステムが収束するのに時間がかかりすぎていない最初の固有値に関連付けられた固有ベクトルに向かって-流行の最終的なサイズ (確認済みまたは合計) は、この日付の累積ケース数 (確認済みまたは合計) を乗算して得られるサイズに近い再現性 \mathcal{R}_0 流行の。SIRモデルについても、同様の結果が得られます。付録では、これはもうないことに注意してください \mathcal{R}_0 商を決定する $R(\infty)/R(T)$ 指数関数的に分布するのではなく、より複雑な表現である感染期間を持つモデルで。

と $R_1(T) = 5423$ と $\mathcal{R}_0 \simeq 2,33$ 、それは与える $R(\infty) \simeq 12600$ 。繰り返しになりますが、パラメータの不確実性を強調してください b と c の値に反映されます $R_1(\infty)$ 。

人口統計学における人口の「成長可能性」の概念との類似性を説明する際に注意してみましょう[8、p. 176]。これは、最終的な定常人口と特定の瞬間の人口の間の比率であり、この瞬間に出生率が再現性によって突然分割されず、 R_0 、人口がゼロ成長の漸近率で残されるように。私たちの計算と同様に、ロトカという意味で初期母集団が「安定」している（つまり、最初の固有ベクトルによって与えられる）と仮定することで、Keyfitzは、増加、また含まれる式 R_0 ただし、SEIRモデルよりも複雑です[8、p. 179]。

また、 $R(T) + E(T) + I(T)$ データから $R(T)$ 報告されているAIDSケースの数からHIV陽性の人々の数を推定するためにHIVの流行の始まりに生じた問題に類似しているのは1つだけです。

図2^aは、この2フェーズモデルを示しています。取りました $N = 65 \times 10^6$ （フランスの人口）と初期条件

$$S(0) = N - 1, \quad E(0) = 1, \quad I(0) = 0, \quad R(0) = 0. \quad (16)$$

パラメータ a は式 (10) で与えられ、 $\lambda = 0,225$ 図1のように、1日あたり。パラメータ f についてはほとんど情報がありません。ただし、振り返ってみると、老人ホームでのウイルスによる多数の死亡は、流行の開始時に確認された症例; たとえば修正しましょう $f = 0,5$ 説明のため。取りました $T = 43,2$ 数日 $R_1(T) \simeq 5438$ データに近い 54233月15日 図より少し長くシミュレーションを続けると、数値的に $R_1(\infty)/R_1(T) \simeq 2,33 \simeq R_0$ 。

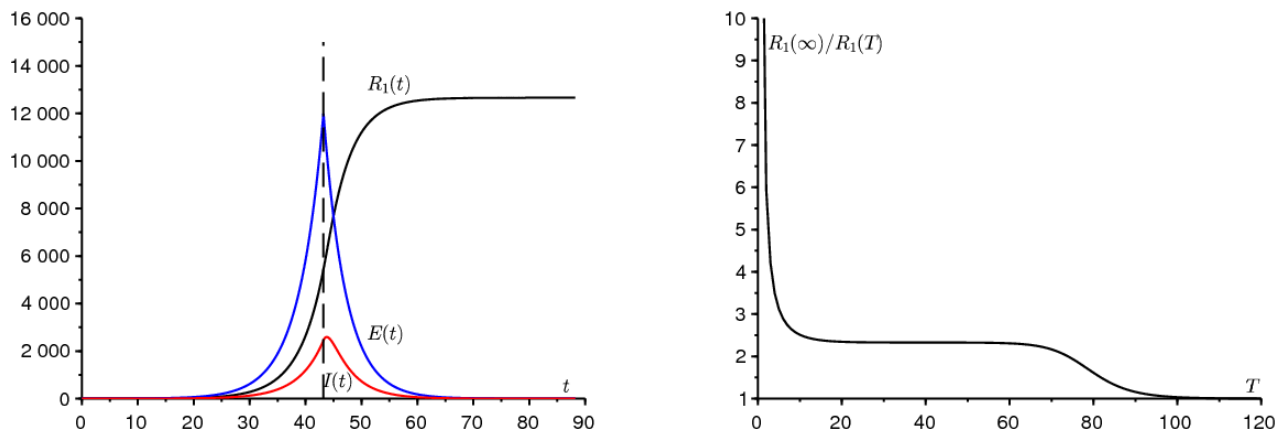


図2. a) 2相モデルのシミュレーションの例。b) 商 $R_1(\infty)/R_1(T)$ に応じて T 。

図2^b 商がどのように $R_1(\infty)/R_1(T)$ 時間によって異なります T ここで、接触率はゼロに減少します。この商が近い高原を実際に観察します R_0 。もし $T \rightarrow 0$ そう $R_1(T) \rightarrow 0$ と $R_1(\infty) \rightarrow f(E(0) + I(0)) > 0$ 。だから $R_1(\infty)/R_1(T) \rightarrow +\infty$ 。商が近づく R_0 もし T は、行列の2つの固有値の差の逆の次数です (7)。逆の場合 $T \rightarrow \infty$ 、その後、介入は遅すぎます。流行はすでに過ぎており、 $R_1(\infty)/R_1(T) \rightarrow 1$ 。もし $N \rightarrow +\infty$ 次にトレイの幅、 $R_1(\infty)/R_1(T)$ に近い R_0 、おそらく成長する $(\ln N)/\lambda$ これは、たとえば、一定の係数をもつSIRモデルの流行ピークまでの時間の振る舞いだからです ([2]または[5、p. 12]を参照)。

3.汎化

実際には、有効接触率は確かに完全にゼロではありません $t > T$ 。取得した値 $R(\infty)$ それにもかかわらず、実際の値の下限と見なすことができます。なぜなら、流行の最終的なサイズは、ゼロではないコンタクトの場合よりも、ゼロではないコンタクトの場合の方が大きくなるからです。この問題では、接触率が変動するSIRまたはSEIRタイプの流行モデルは「単調」ではないことを思い出してください。 [1]。

ここで、接触率が0に減らされず、数値 q ($q > 1$)。0への削減は、境界線の場合に対応します。 $q \rightarrow +\infty$ 私たちは $t > T$ 、

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{a}{q} S \frac{I}{N}, \quad \frac{dE}{dt} = \frac{a}{q} S \frac{I}{N} - bE, \quad (17)$$

式 (3)、(4)、(5) は同じままです。セクション1と同じ推論により、 $t > T$

$$\frac{1}{S} \frac{dS}{dt} = -\frac{a}{qcN} \frac{dR}{dt}.$$

を統合することにより $t = T$ と $t = +\infty$ 、私たちはそれを推定します

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

どこに $\mathcal{R}_0 = a/c > 1$ 。と $S(\infty) = N - R(\infty)$ 、私たちは持っています

$$1 - \frac{R(\infty)}{N} = \frac{S(T)}{N} \exp\left(-\frac{\mathcal{R}_0}{q} \frac{R(\infty) - R(T)}{N}\right). \quad (18)$$

セクション2のように、時間 T が小さすぎず、長すぎない、つまり図2のプラトーにあると仮定します。^b。最初の近似として、 $S(T) \simeq N$ と $R(T)$ に比べて小さい N 。次に、2つのケースが発生します。

もし $1 < q < \mathcal{R}_0$ 、次に古典的なグラフィカルな引数[4]は、式 (18) の左と右のメンバーを $R(\infty)/N$ ソリューションが $R(\infty)/N$ は無限小ではないが、方程式の厳密に正の解に近い

$$1 - \frac{R(\infty)}{N} \simeq \exp\left(-\frac{\mathcal{R}_0}{q} \frac{R(\infty)}{N}\right). \quad (19)$$

逆の場合 $q > \mathcal{R}_0$ 、次に解決策 $R(\infty)/N$ 式 (18) の式は小さいです。と $S(T) = N - E(T) - I(T) - R(T)$ と $E(T) + I(T) + R(T) \simeq \mathcal{R}_0 R(T)$ 、式 (18) の指数の次数1への近似は、

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

無視することによって $1/N^2$ 、私たちはそれを見つけます

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

最後に、

$$R(\infty) \simeq R(T) \mathcal{R}_0 \frac{1 - 1/q}{1 - \mathcal{R}_0/q}. \quad (20)$$

もし $q \rightarrow +\infty$ だから私たちはそれを見つける $R(\infty) \simeq R(T) \mathcal{R}_0$ 。また、 $(1 - 1/q)/(1 - \mathcal{R}_0/q) > 1$ 、あるはずですが。

(20) と同じ数式がバインドします $R_1(\infty)$ と $R_1(T)$ 。

図3は、パラメーターに応じて実線で示しています q 、流行の対数スケールでの最終的なサイズ、 $\ln(R(\infty)/N)$ 、システム (1) ~ (6) の数値シミュレーションによって取得 $t < T$ の初期 (16) およびシステム (17) 条件 $t > T$ 。図2のように^a、総人口は $N = 65 \times 10^6$ とパラメータ a は式 (10) で与えられ、 $\lambda = 0,2251$ 日あたり; 私たちは再び取りました $f = 0,5$ と $T = 43,2$ 数日 $R_1(T) \simeq 5438$ 。図はまた、小さな円で、式 (20) が与えることを示しています $q > \mathcal{R}_0$ 。最後に、小さなダイヤモンドでは、方程式 (19) の厳密に正の解が $q < \mathcal{R}_0$ 。2つの近似がしきい値近くで無効になることがわかります ($q = \mathcal{R}_0$)。

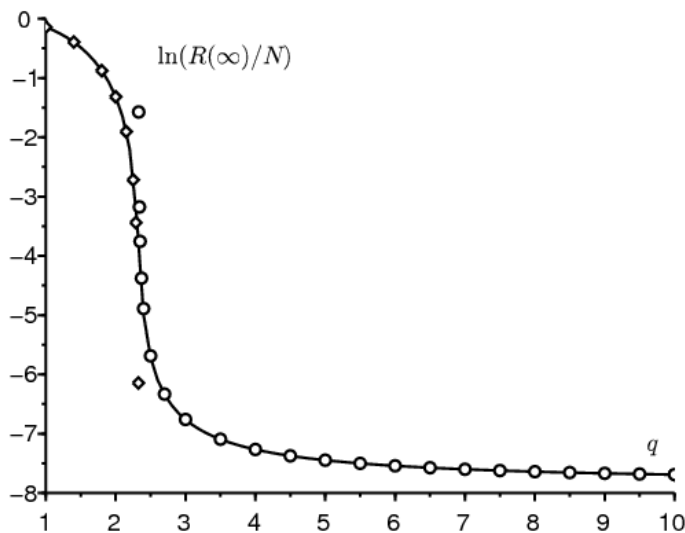


図3. $\ln(R(\infty)/N)$ に応じて q (実線)、有効な式 (20) (小さな円) との比較 $q > R_0$ 方程式 (19) の解 (小さなダイヤモンド) が有効な場合 $q < R_0$ 。

パラメータ q が近い場合、流行の最終的なサイズは数値異なることに注意してください。 R_0 。数量化が難しいため、この領域では、流行の最終的なサイズを予測することも困難です。パラメータ q が大幅に大きい場合のみ R_0 式 (20) を使用した予測は、 q_0 。

4. パラメータ q の推定

図1に示されていない4月15日までのデータを含め、3月15日以降のデータにモデルのシミュレーションを当てはめることにより、パラメータ q を推定してみましょう。フランスは、COVID-19の兆候を示す患者が生物学的検査によって体系的に確認されなくなったことを考えると、「流行のダイナミクスを十分に反映していない」。

データから始める $R_1(T) = 5423$ と関係 $R(T) = R_1(T)/f$ と $R_2(T) = (1 - f)R(T)$ 。過去8日間のデータは特に適切に調整されているため、モデルのシミュレーションを $R(T - \tau) = e^{-\lambda\tau} R(T)$ どこに $\lambda = 0,225$ 1日あたり $\tau = 8$ 日、および対応する見積もり $I(T - \tau) \simeq \frac{\lambda}{c} R(T - \tau)$ 、 $E(T - \tau) \simeq (\frac{\lambda^2}{bc} + \frac{\lambda}{b}) R(T - \tau)$ と $S(T - \tau) = N - E(T - \tau) - I(T - \tau) - R(T - \tau)$ 。

のために $t > T$ 、実効接触率は a/q 。4月15日まで、確認済みの症例数をデータに合わせるようにしています。最高のフィット感です $q = 1,7$ 。この値はしきい値を下回っているため R_0 、封じ込め措置はまだ不十分であると思われる。しかし、図の最後の点は、モデルとのギャップが実際の流行の減速の方向に拡大していることを示しています。の価値 f 選択は適切ではないか、流行の過程で変化しています。または、モデルが少し単純すぎるかもしれません。特に、異なるコンパートメントで費やされた時間の非指数関数的な分布が、曲線が曲がり始める瞬間に影響を与えることが予想されます。

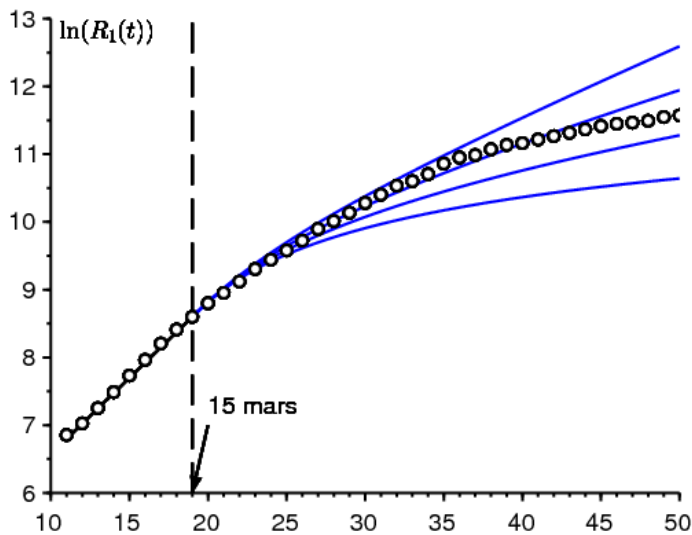


図4. 3月7日から4月15日までに確認された症例数の自然対数（小さな円、Santé publique France [11]）および $\ln(R_1(t))$ 時間の関数として t 上から下への4つのシミュレーション $q \in \{1,5; 1,7; 2; 2,5\}$ 。

結論として、接触率が特定の日付から減少する2段階のシナリオを検討しました。減少時に検出された症例数に基づいて、流行の最終的なサイズの簡単な近似式を見つけました。ただし、この結果をより厳密に示し、実証する必要があります。おそらく、 $N \rightarrow +\infty$ 。

謝辞

感謝します Hisashi Inaba、Ali Moussaoui と Frédéric Hamelin 原稿へのコメントのため。

別館

記法を用いて、必ずしも指数的に分布するとは限らない感染期間をもつSIRモデルを考えます。

- $I(t, x)$: x 時間単位から時間までに感染した人の密度 t ;
- $a(x)$: 実効接触率;
- $b(x)$: 感染した人々が感染の伝染を止める割合。

流行の始まりに

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

ロトカの安定人口理論[6]のように、

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

どこに k 定数であり、成長率 λ 方程式の唯一の解です

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

もし $I(t) = \int_0^\infty I(t, x) dx$ 、問題は推定することです $I(T) + R(T)$ から $R(T)$ 。金

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

私たちはそれを推測します

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

最後に、

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

この結果には、一致する特定の理由がないことがわかります $\mathcal{R}_0 = \int_0^\infty a(x) e^{-\int_0^x b(y) dy} dx$ 。レートが一定である特別なケースでは、 $a(x) \equiv a$ と $b(x) \equiv b$ ただし、 $\lambda = a - b$ したがって $(I(T) + R(T))/R(T) \simeq \frac{\lambda}{b} + 1 = \frac{a}{b} = \mathcal{R}_0$ 。

参考文献

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, Quadrature 117 : 1 – 4. <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. Hillion A. (1986) Les Théories mathématiques des populations. Presses Universitaires de France, Paris.
5. Lauwerier H. A. (1984) Mathematical Models of Epidemics. Mathematisch Centrum, Amsterdam.
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.
9. Sansonetti Ph. (2020) Covid – 19 ou la chronique d'une émergence annoncée. Exposé, Collège de France, 18 mars 2020.
10. Santé publique France (2020) Covid – 19, point épidémiologique hebdomadaire du 09 avril 2020. www.santepubliquefrance.fr
11. https://fr.wikipedia.org/wiki/Pand%C3%A9mie_de_Covid-19_en_France