

Auf dem Höhepunkt der Epidemie in einem SIR-Modell

Nicolas Bacaër

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

Zusammenfassung

Wir untersuchen asymptotisches Verhalten, wenn die Größe N der Bevölkerung ist groß, der Zeit T dass eine Epidemie, die von einem System vom Typ SIR modelliert wird, ihren Höhepunkt erreicht. Wir finden das $T \sim (\log N)/(a - b)$, wo a ist die effektive Kontaktrate und b die Rate, mit der infektiöse Menschen aufhören, infiziert zu werden.

Das SIR-Modell

Betrachten Sie wie in [4, S. 75] das klassische Modell für eine Epidemie

$$\frac{dS}{dt} = -a \frac{SI}{N}, \quad \frac{dI}{dt} = a \frac{SI}{N} - bI, \quad \frac{dR}{dt} = bI,$$

wo $S(t)$ ist die Anzahl der Personen, die wahrscheinlich infiziert sind, $I(t)$ die Anzahl der infizierten Personen, $R(t)$ die Anzahl der Personen, die aus der Übertragung entfernt wurden (infolge von Entbindung, Heilung oder Tod) und $N = S(t) + I(t) + R(t)$ die Gesamtbevölkerung wird als konstant angenommen. Berücksichtigen Sie die Anfangsbedingungen

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

Wir werden annehmen $a > b$.

Ein Beispiel finden Sie in Abbildung 1. Wir haben gewählt $N = 65 \times 10^6$, $a = 1/2$ pro Tag und $b = 1/4$ pro Tag. Dies entspricht einer durchschnittlichen Infektionsdauer $1/b = 4$ Tage und reproduzierbar $\mathcal{R}_0 = a/b = 2$ (Der Begriff und die Notation stammen aus [5, S. 102]). Ohne zu behaupten, realistisch zu sein, sind dies Werte in der gleichen Größenordnung wie für das Coronavirus im hypothetischen Fall, in dem keine Intervention zur Verringerung der Epidemie erfolgt [3].

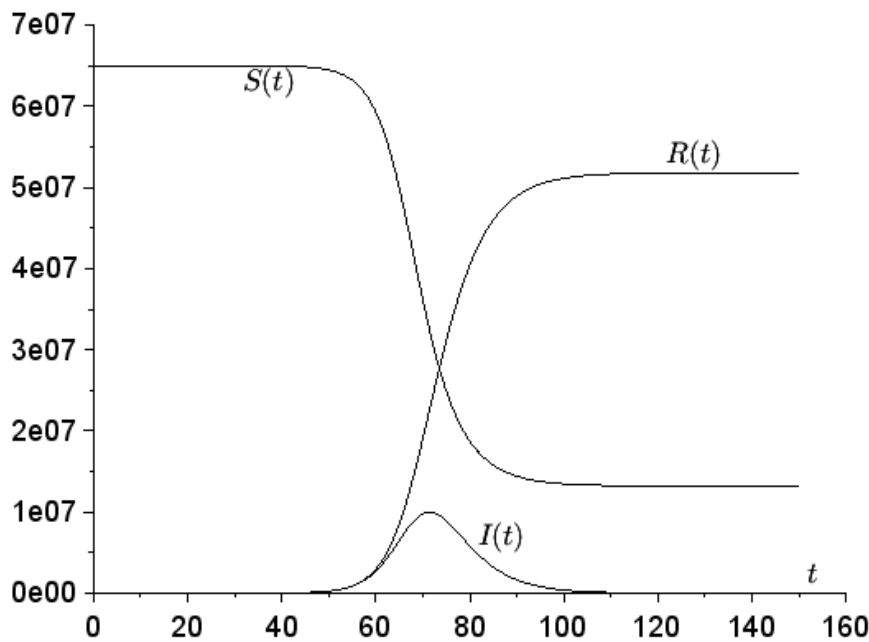


Abbildung 1. Eine Simulation des SIR-Modells.

Durch die Kombination der ersten und dritten Gleichung ist bekannt [4, S. 76] dass wir ein erstes Integral des Differentialsystems finden:

$$\frac{1}{S} \frac{dS}{dt} = -a \frac{I}{N} = -\frac{a}{bN} \frac{dR}{dt},$$

wo $\log[S(t)/S(0)] = -\frac{a}{bN} R(t)$. In der ersten Gleichung finden wir

$$\frac{dS}{dt} = -a \frac{S}{N} (N - S - R) = -a \frac{S}{N} \left(N - S + \frac{bN}{a} \log[S(t)/S(0)] \right).$$

Der epidemische Peak in Abbildung 1 entspricht $dI/dt = 0$, was aus der zweiten Gleichung passiert, wenn $S(t) = Nb/a$. Beachten Sie das $S(t)$ nimmt monoton ab. Wir schließen daraus, wenn T ist die Zeit des epidemischen Peaks, d. h. wenn

$$I(T) = \max_{t>0} I(t),$$

so

$$T = \int_0^T dt = \int_{S(0)}^{bN/a} \frac{dS}{-a \frac{S}{N} \left(N - S + \frac{bN}{a} \log[S/S(0)] \right)}.$$

Lass uns posieren $s = S/N$. Also

$$T = \frac{1}{a} \int_{b/a}^{1-1/N} \frac{ds}{s(1-s + \frac{b}{a} \log[s/(1-1/N)])}. \quad (1)$$

Das asymptotische Verhalten des epidemischen Peaks

Lassen Sie uns nach einer Steigerung von suchen T . Für $b/a < s < 1 - 1/N$ das merken wir

$$\frac{1}{s(1-s + \frac{b}{a} \log[s/(1-1/N)])} \leq \frac{1}{s(1-s + \frac{b}{a} \log s)}.$$

Gold in der Nähe von $s = 1$ haben wir

$$\frac{1}{s(1-s + \frac{b}{a}\log s)} \sim \frac{1}{(1-s)(1-b/a)}.$$

Das Integral $\int_{b/a}^1 \frac{ds}{1-s}$ ist divergent. Wann $N \rightarrow +\infty$, so haben wir

$$T \leq \frac{1}{a} \int_{b/a}^{1-1/N} \frac{ds}{s(1-s + \frac{b}{a}\log s)} \sim \frac{1}{a} \int_{b/a}^{1-1/N} \frac{ds}{(1-s)(1-b/a)} \sim \frac{\log N}{a-b}.$$

Lassen Sie uns nun nach einer Reduzierung in suchen T . Für alles $s > 0$, $\log s \leq s - 1$. Wir haben auch $\log(1 - 1/N) \geq -2/N$ für alle $N \geq 2$. Das leiten wir für alles $s \in]b/a, 1 - 1/N[$ und alles $N \geq 2$,

$$\begin{aligned} 1 - s + \frac{b}{a}\log[s/(1 - 1/N)] &= 1 - s + \frac{b}{a}\log s - \frac{b}{a}\log(1 - 1/N) \\ &\leq 1 - s + \frac{b}{a}(s - 1) + \frac{2b}{aN}. \end{aligned}$$

Also

$$T \geq \frac{1}{a} \int_{b/a}^{1-1/N} \frac{ds}{s[1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN} - (1 - b/a)s]}.$$

Wir stoßen auf einen rationalen Bruchteil der Form $\frac{1}{s(u-vs)}$ mit $u = 1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN}$ und $v = 1 - b/a$. Es zerfällt in einfache Elemente wie $\frac{1}{u}(\frac{1}{s} + \frac{v}{u-vs})$. Ein Primitiv ist daher $\frac{1}{u}[\log s - \log(u - vs)] = \frac{1}{u}\log \frac{s}{u-vs}$.

Also

$$\begin{aligned} T &\geq \frac{1}{a(1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN})} \log \left\{ \frac{1 - 1/N}{b/a} \frac{1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN} - (1 - b/a)b/a}{1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN} - (1 - b/a)(1 - 1/N)} \right\} \\ &= \frac{1}{a - b + 2b/N} \log \left\{ \frac{1 - 1/N}{b/a} \frac{(1 - b/a)^2 + \frac{2b}{aN}}{(1 + b/a)/N} \right\} \\ &= \frac{1}{a - b + 2b/N} \left[\log N + \log \left\{ \frac{1 - 1/N}{b/a} \frac{(1 - b/a)^2 + \frac{2b}{aN}}{(1 + b/a)} \right\} \right]. \end{aligned}$$

Das Mitglied auf der rechten Seite entspricht $(\log N)/(a - b)$ wann $N \rightarrow +\infty$. Da es das gleiche Äquivalent wie das der oben erhaltenen Obergrenze ist, schließen wir daraus $T \sim (\log N)/(a - b)$ wann $N \rightarrow +\infty$.

Im Beispiel in Abbildung 1 haben wir $T \simeq 71,4$ Tage während $(\log N)/(a - b) \simeq 72,0$ Tage. Die Annäherung sieht ziemlich gut aus. In Abbildung 2 variieren wir die Größe N der Bevölkerung sowie der Parameter a mit b behoben. Das merken wir $(\log N)/(a - b)$ manchmal überschätzt, manchmal unterschätzt T .

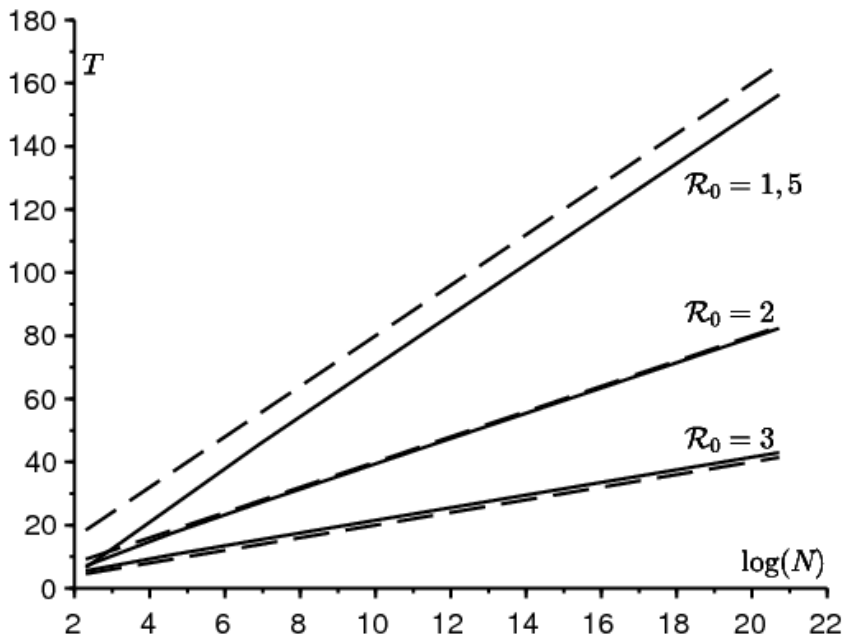


Abbildung 2. Datumsvergleich T der Peak der Epidemie (durchgezogene Linie), berechnet mit dem Integral der Formel (1), mit dem Äquivalent $(\log N)/(a - b)$ (gepunktete Linie), abhängig von $\log N$, wenn N variiert von 10 bis 10^8 für drei Parameterwerte a wie $\mathcal{R}_0 = a/b \in \{1,5 ; 2 ; 3\}$.

Beachten Sie das $a - b$ ist die Wachstumsrate der Epidemie zu Beginn seit wir dann haben, z N groß, $S(t) \simeq N$ und $dI/dt \simeq (a - b)I$. Diese Rate kann aus epidemiologischen Daten geschätzt werden. Die Gesamtbevölkerung kennen N können wir daher das Datum des Höhepunkts der Epidemie vorhersagen. In der Praxis bleibt die Hypothese, die dem Modell einer homogenen Bevölkerungsmischung zugrunde liegt, auf der Ebene eines Landes zweifelhaft, auf der Skala einer Stadt etwas weniger.

In der Vergangenheit hatten Kermack und McKendrick das SIR-System durch die Annahme dieser Reproduzierbarkeit angenähert \mathcal{R}_0 war nahe 1, was zu einer kleinen Epidemie führt. Mit begrenzter Entwicklung $e^x \simeq 1 + x + x^2/2$ Sie waren zu einer explizit lösbarer Riccati-Gleichung gekommen, so dass

$$I(t) \simeq \frac{X}{\text{ch}^2(Yt - Z)}, \quad (2)$$

wo X , Y und Z drücken sich in Abhängigkeit von den Parametern besonders kompliziert aus N , a und b (siehe zum Beispiel [1]). Der epidemische Höhepunkt findet in statt $T \simeq Z/Y$. Lassen Sie uns nebenbei bemerken, dass nach unserem Kenntnisstand die Annäherung (2) nie rigoros demonstriert wurde, weshalb wir über und unter dem informellen Zeichen verwenden \simeq . Nehmen wir nun zusätzlich an, dass $1/N$ vorne klein sein ($\mathcal{R}_0 - 1$)². In diesem Fall

$$Y \simeq \frac{a - b}{2}, \quad Z \simeq \frac{1}{2} \log[2N(b/a - 1)^2]$$

(siehe zum Beispiel [2]). Mit N was zur Unendlichkeit tendiert, so haben wir $Z \simeq \frac{\log N}{2}$ und schließlich $T \simeq \frac{\log N}{a-b}$. Wir finden das gleiche asymptotische Verhalten. Unsere auf Formel (1) basierende Analyse gilt jedoch für alle $\mathcal{R}_0 > 1$ und nicht nur für \mathcal{R}_0 in der Nähe von 1.

Danksagung

Wir danken Hisashi Inaba für seine Kommentare zum Text.

Referenzen

1. N. Bacaër (2012) Le modèle de Kermack et McKendrick pour la peste à Bombay et la reproductivité nette d'un type avec saisonnalité. *Journal of Mathematical Biology* 64 (2012) 403 – 422. <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-01340008>
2. N. Bacaër (2019) Sur la taille finale des épidémies dans un environnement périodique. *Comptes Rendus Biologies* 342 (2019) 119 – 123. <https://doi.org/10.1016/j.crvi.2019.07.001>
3. N. Bacaër (2020) Un modèle mathématique de l'épidémie de coronavirus en France. <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02509142>
4. A. Hillion (1986) *Les Théories mathématiques des populations*. Presses Universitaires de France, Paris.
5. A. J. Lotka (1939) *Théorie analytique des associations biologiques*, 2e partie. Hermann, Paris.