

SIRモデルの流行のピークについて

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

まとめ

サイズが N 人口の大規模な、時間の $TSIR$ 型システムによってモデル化された流行がピークに達するまでにかかること。私たちはそれを見つけます $T \sim (\log N)/(a - b)$ 、どこ a は実効接触率であり、 b 感染者が感染するのを止める割合。

SIRモデル

[4、p. 75]伝染病の古典的なモデル

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

どこに $S(t)$ 感染する可能性が高い人の数、 $I(t)$ 感染した人の数、 $R(t)$ (監禁、治癒、または死亡の結果として) 感染から除外された人の数 $N = S(t) + I(t) + R(t)$ 総人口は一定とみなされます。初期条件を考慮する

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

想定します $a > b$ 。

図1に例を示します。 $N = 65 \times 10^6$ 、 $a = 1/2$ 1日あたり $b = 1/41$ 日あたり。これは感染の平均期間に対応します $1/b$ 4日と再現可能 $R_0 = a/b = 2$ (用語と表記は、[5、p. 102]に由来します)。現実的であると主張することなく、これらは、流行を減らすための介入がない仮説のケースでコロナウイルスに見られるものと同じ桁の値です[3]。

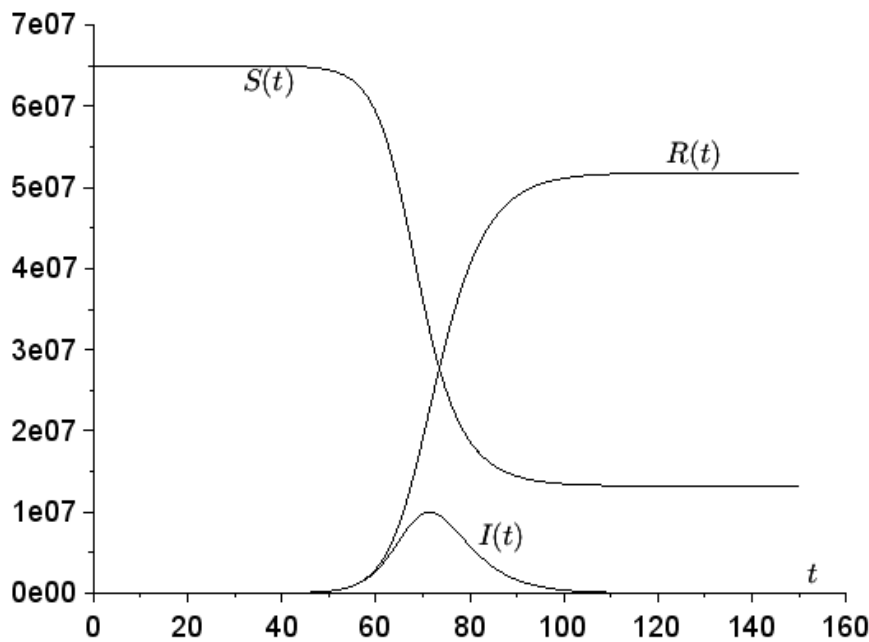


図1. SIRモデルのシミュレーション。

最初と3番目の方程式を組み合わせることで、よく知られています[4、p。76]微分システムの最初の積分を見つけること：

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

どこで $\log[S(t)/S(0)] = -\frac{a}{bN} R(t)$ 。最初の方程式では、

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

図1の流行のピークは、 $dI/dt = 0$ 、2番目の方程式から発生します $S(t) = Nb/a$ 。に注意してください $S(t)$ 単調に減少しています。もしそうなら T 流行のピークの時間、つまり

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

だから

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

ポーズしましょう $s = S/N$ 。だから

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

流行ピークの漸近的振る舞い

の増加を探しましょう T 。のために $b/a < s < 1 - 1/N$ 、私たちはそれに気づく

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

付近の金 $s = 1$ 、私たちは持っています

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

積分 $\int_{b/a}^1 \frac{ds}{1-s}$ 発散しています。いつ $N \rightarrow +\infty$ 、だから私たちは

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

では、の削減を探しましょう T 。すべてのために $s > 0$ 、 $\log s \leq s - 1$ 。私たちも持っています $\log(1-1/N) \geq -2/N$ すべてのために $N \geq 2$ 。私たちはすべてのためにそれを推測します $s \in]b/a, 1-1/N[$ そしてすべて $N \geq 2$ 、

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

だから

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

フォームの合理的な部分に出くわします $\frac{1}{s(u-vs)}$ と $u = 1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN}$ と $v = 1 - b/a$ 。次のような単純な要素に分解されます $\frac{1}{u}(\frac{1}{s} + \frac{v}{u-vs})$ 。したがって、プリミティブは $\frac{1}{u}[\log s - \log(u-vs)] = \frac{1}{u}\log \frac{s}{u-vs}$ 。だから

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

右側のメンバーは次と同等です $(\log N)/(a-b)$ いつ $N \rightarrow +\infty$ 。それは上で得られた上限と同等であるため、 $T \sim (\log N)/(a-b)$ いつ $N \rightarrow +\infty$ 。

図1の例では、 $T \simeq 71,4$ 数日間 $(\log N)/(a-b) \simeq 72,0$ 日。近似はかなりよさそうです。図2では、サイズを変化させています N 母集団とパラメータの a 、 b 修正されました。私たちはそれに気づきます $(\log N)/(a-b)$ 過大評価することもあるれば、過小評価することもある T 。

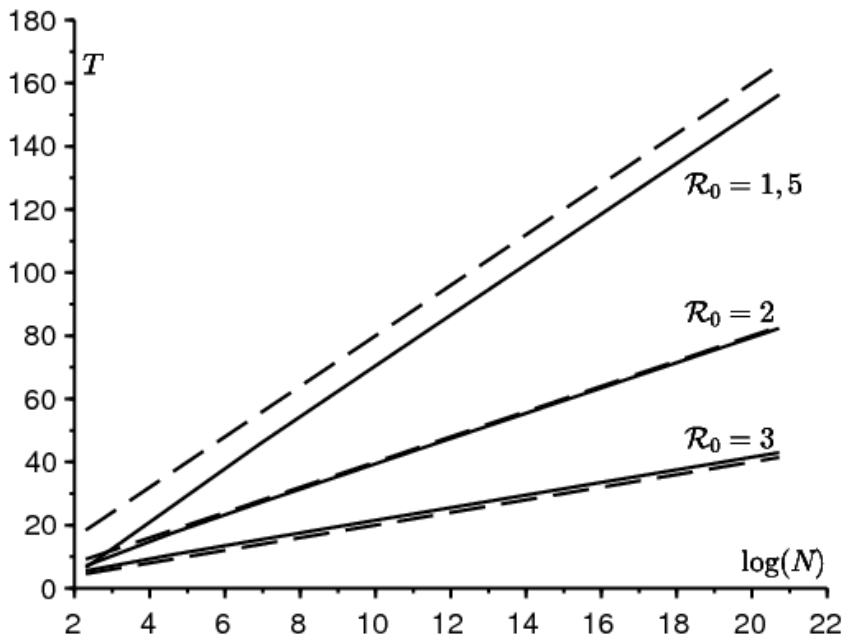


図2.日付の比較 T 式 (1) の積分で計算された流行のピーク (実線) と同等のもの $(\log N)/(a - b)$ (点線)、に応じて $\log N$ 、いつ N 10から 10^8 3つのパラメーター値 a など $\mathcal{R}_0 = a/b \in \{1,5; 2; 3\}$ 。

に注意してください $a - b$ 私たちがそれ以来持っている以来、その最初の流行の成長率です N 背が高い、 $S(t) \simeq N$ と $dI/dt \simeq (a - b)I$ 。この率は疫学データから推定できます。総人口を知る N したがって、流行のピークの日付を予測できます。実際には、人口の均一な混合のモデルの根底にある仮説は、国の規模では疑わしいままであり、都市の規模では少し劣ります。

歴史的に、KermackとMcKendrickは、再現性が \mathcal{R}_0 は1に近かったため、小さな流行につながりました。限られた開発で $e^x \simeq 1 + x + x^2/2$ 、彼らは明示的に解けるリカッチ方程式に到達したので、

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

どこに X 、 Y と Z パラメータに応じて特に複雑な方法で自分自身を表現する N 、 a と b (例[1]を参照)。流行のピークは $T \simeq Z/Y$ 。ちなみに、私たちの知る限りでは、近似 (2) は厳密に示されたことは一度もないため、インフォーマルな記号の上下で使用するのはこのためです。 \simeq 。それに加えて $1/N$ 前が小さい $(\mathcal{R}_0 - 1)^2$ 。この場合、

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

(例[2]を参照)。と N 無限に向かう傾向があるので、 $Z \simeq \frac{\log N}{2}$ そして最後に $T \simeq \frac{\log N}{a-b}$ 。同じ漸近的な振る舞いが見られます。式 (1) に基づく分析は、すべての人に有効です $\mathcal{R}_0 > 1$ だけでなく \mathcal{R}_0 1に近い。

謝辞

感謝します Hisashi Inaba テキストに対する彼のコメントのため。

参考文献

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.