

# 在SIR模型中的流行高峰

Nicolas Bacaër

Institut de recherche pour le développement

复杂系统的数学和计算机建模单位

, 法国

巴黎莱斯科德利耶尔 nicolas.bacaer@ird.fr

## 总结

我们研究渐近行为，当  $N$  的人口很大  $T$  由SIR类型系统建模的流行病需要达到顶峰。我们发现  $T \sim (\log N)/(a - b)$ ，在哪里  $a$  是有效接触率， $b$  感染者停止感染的速度。

## SIR模型

考虑[4, p. 75]流行病的经典模型

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

在哪里  $S(t)$  是可能被感染的人数， $I(t)$  感染人数  $R(t)$  因传播，分娩，治愈或死亡而被转移的人数；以及  $N = S(t) + I(t) + R(t)$  假定总人口不变。考虑初始条件

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

我们将假设  $a > b$ 。

可以在图1中找到一个示例。我们选择了  $N = 65 \times 10^6$ ， $a = 1/2$  每天和  $b = 1/4$  每天。这对应于平均感染时间  $1/b = 4$  天且可重现  $\mathcal{R}_0 = a/b = 2$ （该术语和表示法来自[5, p. 102]）。在没有声称是现实的情况下，这些值与在没有干预措施来减少流行病的假设情况下所发现的冠状病毒的值处于相同的数量级[3]。

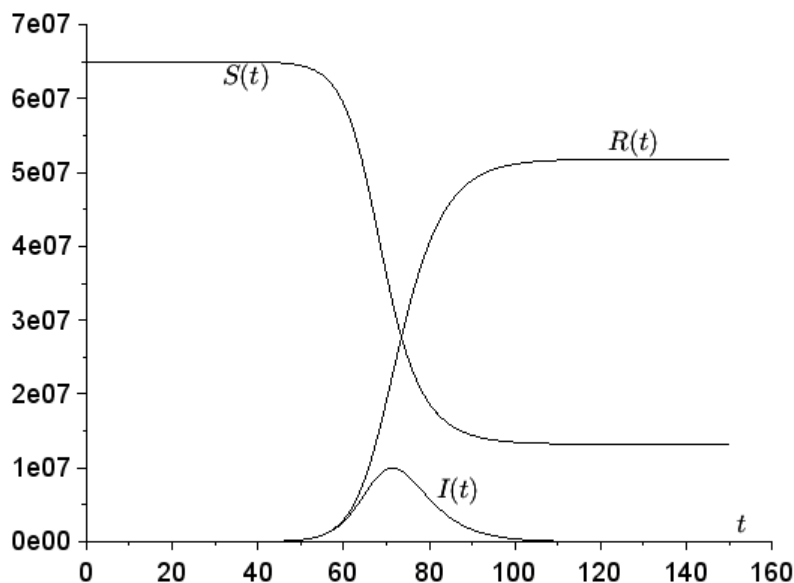


图1. SIR模型的仿真。

通过结合第一和第三等式, 众所周知[4, p. 76], 我们找到了微分系统的第一积分:

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

在哪里  $\log[S(t)/S(0)] = -\frac{a}{bN} R(t)$ 。在第一个方程中, 我们发现

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

图1中的流行病高峰对应于  $dI/dt = 0$ , 这是从第二个等式  $S(t) = Nb/a$ 。注意  $S(t)$  正在减少单调。我们推论  $T$  是流行高峰的时间, 即

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

所以

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

摆姿势  $s = S/N$ 。所以

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

## 流行病高峰的渐近行为

让我们寻找增加  $T$ 。对于  $b/a < s < 1 - 1/N$ , 我们注意到

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

黄金附近  $s = 1$ , 我们有

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

积分  $\int_{b/a}^1 \frac{ds}{1-s}$  是发散的。什么时候  $N \rightarrow +\infty$ , 所以我们有

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

现在让我们寻找减少  $T$ 。为了一切  $s > 0$ ,  $\log s \leq s - 1$ 。我们也有  $\log(1 - 1/N) \geq -2/N$  对于所有  $N \geq 2$ 。我们推断出一切  $s \in ]b/a, 1 - 1/N[$  和所有  $N \geq 2$ ,

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

所以

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

我们遇到了形式的合理部分  $\frac{1}{s(u-vs)}$  与  $u = 1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN}$  和  $v = 1 - b/a$ 。它分为简单的元素，例如  $\frac{1}{u}(\frac{1}{s} + \frac{v}{u-vs})$ 。因此，原语是  $\frac{1}{u}[\log s - \log(u - vs)] = \frac{1}{u} \log \frac{s}{u-vs}$ 。所以

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

右边的成员等于  $(\log N)/(a - b)$  什么时候  $N \rightarrow +\infty$ 。由于它与上面获得的上限相同，因此我们得出以下结论： $T \sim (\log N)/(a - b)$  什么时候  $N \rightarrow +\infty$ 。

在图1的示例中， $T \simeq 71,4$  几天  $(\log N)/(a - b) \simeq 72,0$ 天。近似值看起来不错。在图2中，我们改变了大小  $N$  人口以及参数  $a$ ，带有  $b$  固定的。我们注意到  $(\log N)/(a - b)$  有时高估，有时低估  $T$ 。

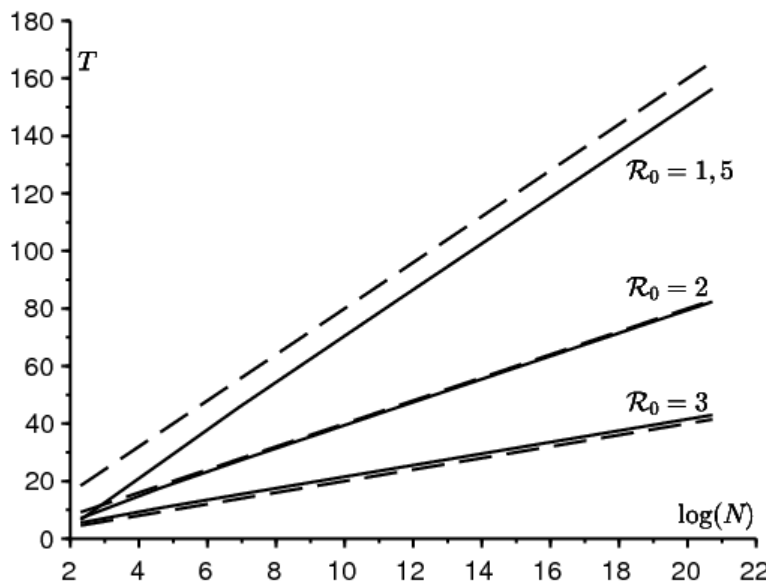


图2.日期比较  $T$ 用公式 (1) 的积分计算的流行病高峰 (实线)， $(\log N)/(a - b)$  (虚线)，具体取决于  $\log N$ ，何时  $N$  从10到  $10^8$  对于三个参数值  $a$  如  $R_0 = a/b \in \{1,5; 2; 3\}$ 。

注意  $a - b$  是从那时起开始流行的增长率，因为  $N$  高， $S(t) \simeq N$  和  $dI/dt \simeq (a - b)I$ 。可以从流行病学数据估计该比率。知道总人口  $N$ ，因此我们可以预测疫情高峰的日期。在实践中，人口均匀混合模型所依据的假设在一个国家规模上仍然值得怀疑，而在一个城市规模上则更少。

从历史上看，Kermack和McKendrick通过假设可重复性来近似SIR系统  $R_0$ 接近1，导致小流行病。发展有限  $e^x \simeq 1 + x + x^2/2$ ，他们得出了一个明确可解的Riccati方程，因此

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

在哪里  $X$ ， $Y$  和  $Z$  根据参数以特别复杂的方式表达自己  $N$ ， $a$  和  $b$  (例如参见[1])。流行高峰发生在  $T \simeq Z/Y$ 。让我们顺便指出，据我们所知，从未严格证明过近似 (2)，这就是为什么我们在非正式符号的上方和下方使用  $\simeq$ 。现在假设  $1/N$  前面小  $(R_0 - 1)^2$ 。在这种情况下，

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

(例如参见[2])。用  $N$  趋于无穷大, 所以我们有  $Z \simeq \frac{\log N}{2}$  最后  $T \simeq \frac{\log N}{a-b}$ 。我们发现相同的渐近行为。我们基于公式 (1) 的分析对所有  $\mathcal{R}_0 > 1$  不仅是为了  $\mathcal{R}_0$  接近1。

## 致谢

我们感谢 Hisashi Inaba 他对文本的评论。

## 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.crv.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.