

# SIRモデルの流行ピーク

Quadrature 117 (2020)

<https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02518993>

Nicolas Bacaër

Institut de recherche pour le développement  
複雑なシステムの数学的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

## 概要

微分SIR型システムによってモデル化された流行を研究しています。人口  $N$  が大きい場合、流行のピークは時間  $T$  にあり、 $T \sim (\ln N)/(a - b)$ 。  $a$  有効接触率です。  $b$  感染者の回復率です。

## 前書き

[1、2、6、7、8]の例のように、流行のためのカーマックとマッケンドリックのSIRモデルを考えてみましょう

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

$S(t)$  健康な人の数です。  $I(t)$  感染した人の数です。  $R(t)$  隔離、治癒、または死亡の結果として感染から除外された人々の数です。  $N = S(t) + I(t) + R(t)$  総人口です。この総人口は一定であり、確率論的プロセスではなく微分システムを使用して伝染病をモデル化するのに妥当な大きさであると想定されています。初期条件を考慮する

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

これは、単一の「ゼロ患者」からの流行の始まりに対応します。

パラメータ  $a$  (と  $a > 0$ ) は、実際には2つの数値の積です。単位時間あたりの接触数と、非感染者と感染者との接触時の感染確率です。連絡はランダムに行われます。  $I/N$  人がコンパートメント  $I$  にいる確率です。これは、  $SI/N$  差動システムで。  $b > 0$  人々がコンパートメント  $I$  を離れる割合です。したがって、基本的な仮定は、コンパートメント  $I$  で費やされた時間は、パラメーター  $b$  の指数法則に従って分散されるということです。実際の流行が発生するためには、  $a > b$  と仮定します。

例を図1に示します。Scilabソフトウェアとその微分システムの分解能関数を使用しました。この関数は、非急勾配システム用のAdams予測子修正子スキームを実装します。我々が選択しました  $N = 65 \times 10^6$  (フランスの人口)、  $a = 1/2$  1日あたり  $b = 1/4$  1日あたり。したがって、伝染病の開始時には、感染者は平均して2日ごとに1人に感染します。感染の平均期間  $1/b$  4日です。これは再現性に対応します  $\mathcal{R}_0 = a/b = 2$  (用語と表記は、[9、p. 102]に由来します)。  $\mathcal{R}_0$  したが

って、感染者が伝染病の開始時に感染する二次症例の平均数です。現実的であると主張することなく、これらは、伝染病を制限するための介入がない仮説のケースでの2020コロナウイルスの伝染病で見られるものと同じ桁の値です[5]。

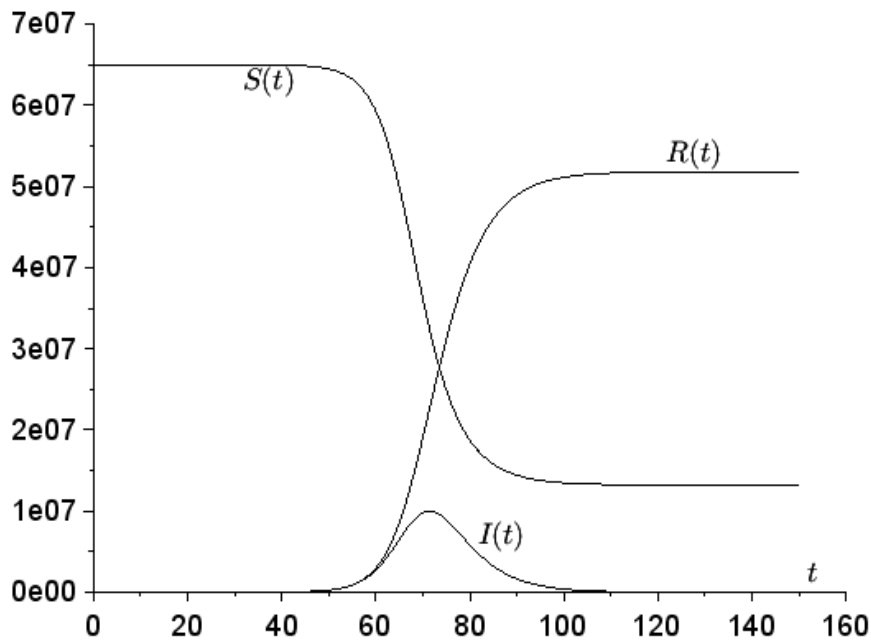


図1.横座標に日数の時間*t*を使用したSIRモデルのシミュレーション。

## 流行のピーク

SIRシステムの1番目と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[8、p。76]最初の積分を見つけること：

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

だから私たちは

$$\ln[S(t)/S(0)] = -\frac{a}{bN} R(t).$$

最初の方程式を参照すると、

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

図1の流行ピークは、 $dI/dt = 0$ 、これは2番目の方程式に従って発生します。 $S(t) = Nb/a$ 。 $S(t)$ 減少関数です  $dS/dt \leq 0$ 最初の方程式から。私たちは、場合と推論*T*は流行のピークの時間である、すなわち場合

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

私たちはそれから

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

私たちは定義します  $s = S/N$ 。その時

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

$T$  の 上限を求めます。全てにおいて  $b/a < s < 1 - 1/N$ 、我々は持っています

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

近所で  $s = 1$ 、我々は持っています

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

積分

$$\int_{b/a}^1 \frac{ds}{1-s}$$

発散しています。と  $N \rightarrow +\infty$ 、だから私たちは持っています

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

$T$  の 下限を求めます。我々は持っています  $\ln s \leq s - 1$  全てにおいて  $s > 0$ 。また、 $\ln(1-1/N) \geq -2/N$  すべてのために  $N \geq 2$ 。だから私たちは  $s \in ]b/a, 1-1/N[$  任意の整数のための  $N \geq 2$ 、

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

だから私たちは

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

フォームの合理的な部分に出くわします  $\frac{1}{s(u-vs)}$  と

$$u = 1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN}, \quad v = 1 - b/a.$$

単純な要素に分解されます

$$\frac{1}{s(u-vs)} = \frac{1}{u} \left( \frac{1}{s} + \frac{v}{u-vs} \right).$$

プリミティブは

$$\frac{1}{u} [\ln s - \ln(u - vs)] = \frac{1}{u} \ln \frac{s}{u - vs}.$$

だから私たちは

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

右のメンバーは  $\sim (\ln N)/(a - b)$  もし  $N \rightarrow +\infty$ 。上で得られた上限と同じであるため、 $T \sim (\ln N)/(a - b)$  もし  $N \rightarrow +\infty$ 。

図1の例では、 $T \simeq 71,4$  数日間  $(\ln N)/(a - b) \simeq 72,0$  日々。近似はかなり良いようです。図2では、母集団のサイズ  $N$  とパラメーターを変化させています  $a$ 、 $b$  を固定。気づく  $(\ln N)/(a - b)$  時には過大評価、過小評価時々  $T$  を。

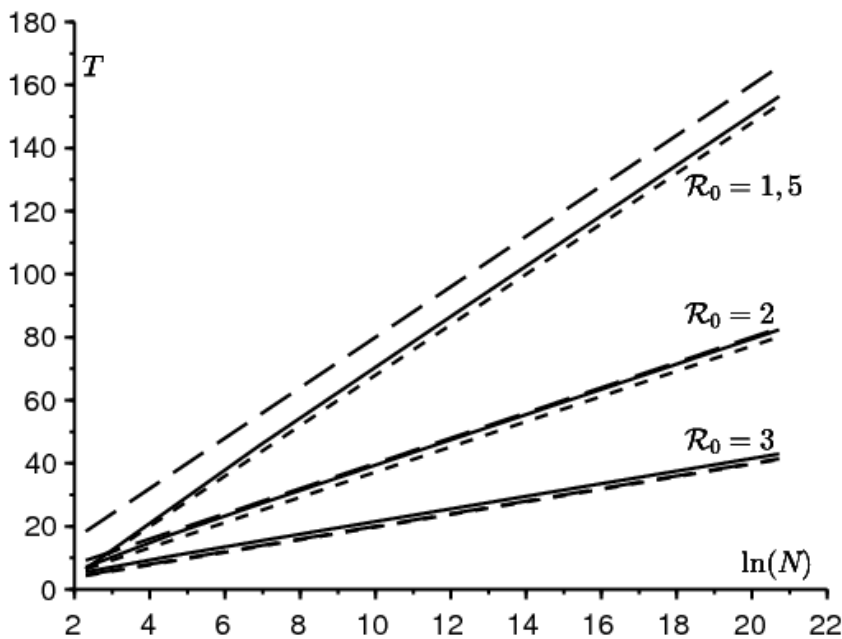


図2. 式 (1) の積分で計算された、流行のピークの日付  $T$  (実線) と、同等の日付  $T$  との比較  $(\ln N)/(a - b)$  (大きな点線) と近似  $[\ln(2N(b/a - 1)^2)]/(a - b)$  (小さな点線)、に応じて  $\ln N$ 、 $10 \leq N \leq 10^8$  3つのパラメーター値  $a$  再現性あり  $R_0 = a/b \in \{1,5; 2; 3\}$ 。

$a - b$  流行の初期の成長率です。次に、 $N$  を大きくします。  $S(t) \simeq N$  そして  $dI/dt \simeq (a - b)I$ 。この率は疫学データから推定できます。人口  $N$  は既知です。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、国全体では疑わしいままであり、都市ではやや低い。

歴史的に、KermackとMcKendrickは、再現性が1に近いと仮定してSIRシステムを大まかに解決し、小さな流行をもたらしました。近似あり  $e^x \simeq 1 + x + x^2/2$ 、彼らは明示的に解けるリカッチ方程式に到達したので、

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

$X$ 、 $Y$ 、 $Z$ は、パラメータ $N$ 、 $a$ 、 $b$ の複雑な関数です。例[3]を参照してください。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) は厳密には示されていません。そのため、インフォーマルな記号の上下で使用しています。  $\simeq$ 。今、さらに  $1/N \ll (\mathcal{R}_0 - 1)^2$ 。その場合、

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

(たとえば、[4]の例を参照)。

$$T \simeq \frac{\ln[2N(b/a - 1)^2]}{a - b}.$$

この近似は図2にも示されています。次の場合、 $T$ の真の値に特に近いようです。  $\mathcal{R}_0$  予想通り、1に近いです。 $N$ 無限に収束し、我々はそれにもかかわらず持っています  $T \simeq \frac{\ln N}{a-b}$ 。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  $\mathcal{R}_0 > 1$  だけでなく  $\mathcal{R}_0$  1に近い。加えて、私たちの証明は厳密です。

## 結論

流行のピークが一度に発生したことがわかりました  $T \sim (\ln N)/(a - b)N$ が無限大に収束する場合。この結果は、その単純さにもかかわらず新しいようです。科学文献では、システムの最初の積分によって容易に決定されるピークの高さに関する情報のみが見つかりました。確かに、

$$S(T) = \frac{Nb}{a}, \quad \ln \frac{S(T)}{S(0)} = -\frac{a}{bN} R(T), \quad N = S(T) + I(T) + R(T),$$

私達は手に入れました

$$\frac{I(T)}{N} = 1 - \frac{b}{a} + \frac{b}{a} \ln \left( \frac{N}{N-1} \frac{b}{a} \right) \simeq 1 - \frac{b}{a} + \frac{b}{a} \ln \frac{b}{a}$$

(たとえば、[1、式7.26]を参照)。[7、p. 238]、時間 $t$ が単調変数 $R$ または $S$ の関数である逆変換があり、変数の変更を除いて (1) のような積分につながります。しかし、SIR差分システムは次の形式で記述されています  $dS/dt = -\alpha SI$ 。考えは多分取るから来なかった  $\alpha = a/N$ これは、大規模な母集団の境界が興味深い結果を生み出すために、いくぶんより現実的で必要なものです。

コロナウイルスのような流行の場合、SIRモデルには少し現実味がありません。これにより、たとえば潜伏期にあり感染しているがまだ感染していない人のための追加のコンパートメントなど、より多くのコンパートメントを持つモデルを検討することにつながります。この問題については、[5]を参照してください。これも、流行曲線からパラメーターを推定しようとしています。この文脈での流行ピークの分析的研究は、間違いなくより困難です。

## ありがとう

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. B. Anselme, Biomathématiques, Dunod, Paris, 2015.
2. N. Bacaër, Histoires de mathématiques et de populations, Cassini, Paris, 2009.
3. 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>
4. 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>
5. N. Bacaër (2020) Un modèle mathématique de l'épidémie de coronavirus en France.  
<https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02509142>
6. M. Corlosquet – Habart, J. Janssen, R. Manca,  
Modélisation stochastique du risque de pandémie : stratégies de couverture et d'assurance,  
Lavoisier, Cachan, 2012.
7. J. Gani, Processus stochastiques de population,  
P. –L. Hennequin (éd.), École d'été de probabilités de Saint – Flour IV,  
Springer, Berlin, 1975, p. 188 – 293.
8. A. Hillion (1986) Les Théories mathématiques des populations.  
Presses Universitaires de France, Paris.
9. A. J. Lotka (1939) Théorie analytique des associations biologiques, 2e partie. Hermann, Paris.