

# SIR 모델의 전염병 피크

Quadrature 117 (2020)

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

Nicolas Bacaër

Institut de recherche pour le développement  
복잡한 시스템을위한 수학적 및 컴퓨터 모델링 유닛  
Les Cordeliers, 파리, 프랑스  
nicolas.bacaer@ird.fr

## 요약

우리는 SIR 유형 차등 시스템에 의해 모델링 된 전염병을 연구합니다. 인구  $N$ 이 클 때 전염병 최고점은 시간  $T$ 에 있으며  $T \sim (\ln N)/(a - b)$ .  $a$  효과적인 접촉률입니다.  $b$  감염된 사람들이 회복하는 속도입니다.

## 소개

예를 들어 [1, 2, 6, 7, 8] 전염병에 대한 Kermack 및 McKendrick의 SIR 모델을 고려하십시오.

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

$S(t)$  건강한 사람들의 수입니다.  $I(t)$  감염된 사람의 수입니다.  $R(t)$  고립, 회복 또는 사망으로 인해 전염에서 제거된 사람들의 수입니다.  $N = S(t) + I(t) + R(t)$  전체 인구입니다. 이 총 인구는 확률적 과정보다는 차등 시스템으로 전염병을 모델링하는 것이 합리적일 정도로 일정하고 충분히 크다고 가정합니다. 초기 조건 고려

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

이는 단일 "환자 제로"에서 전염병의 시작에 해당합니다.

매개 변수  $a$  (와  $a > 0$ )는 실제로 두 숫자의 곱입니다. 단위 시간당 접촉 수와 감염되지 않은 사람과 감염된 사람 간의 접촉으로 인해 전파 될 확률입니다. 연락처는 무작위로 발생합니다.  $I/N$  사람이  $I$  구획에있을 확률입니다. 이것은 2 차 항을 설명합니다.  $SI/N$  차등 시스템에서.  $b > 0$  사람들이 구획 두고있는 속도이다  $L/b$ . 따라서 기본 가정은 구획  $I$ 에서 보낸 시간 이 매개 변수  $b$ 의 지수 법칙에 따라 분포된다는 것 입니다. 우리는 가정합니다  $L > L_c$  진짜 전염병이 발생 할을.

예는 그림 1에 자세히 나와 있습니다. 우리는 미분 시스템을 해결하기 위해 Scilab 소프트웨어와 그 기능을 사용했습니다. 이 함수는 뺏뺏하지 않은 시스템에 대해 Adams 예측 자 수정 체계를 구현합니다. 우리가 고른다  $N = 65 \times 10^6$  (프랑스 인구),  $a = 1/2$  하루에  $b = 1/4$  하루. 따라서 전염병이 시작 될 때 감염된 사람은 평균 2 일에 한 명씩 감염됩니다. 평균 감염 기간  $1/b = 4$  일입니다. 이것은 재현성에 해당합니다  $\mathcal{R}_0 = a/b = 2$  (용어와 표기법은 [9, p. 102]에서 유래했습니다).  $\mathcal{R}_0$  따라서 감염된 사람이 전염병이 시작될 때 감염된 평균 2 차 사례 수입니다. 현실적이라고 주장하지 않고, 이는 전염병을 제한하기위한 개입이없는 가상의 경우에서 2020 년 코로나 바이러스 전염병에 대해 발견 할 수있는 것과 동일한 규모의 값입니다 [5].

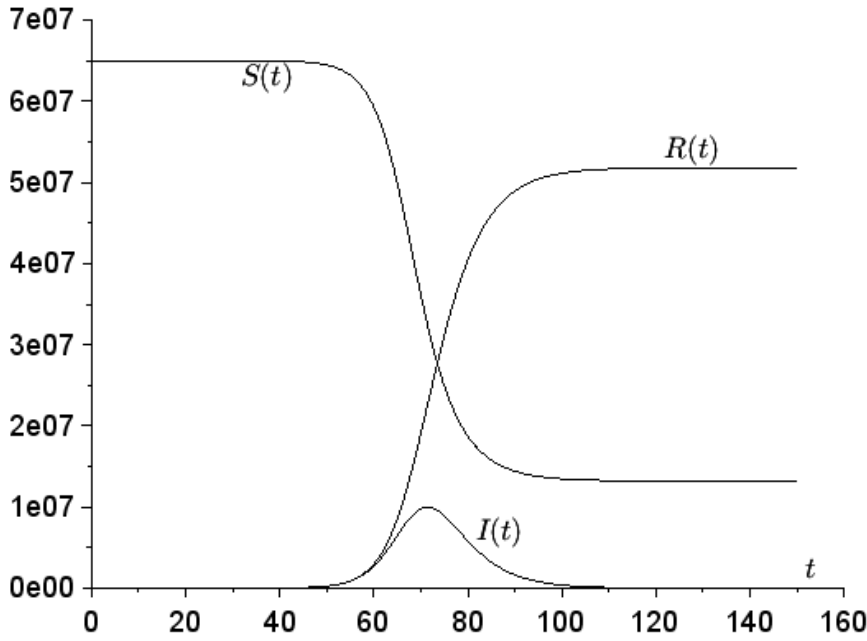


그림 1. 횡좌표에 시간  $t$  (일) 를 사용한 SIR 모델 시뮬레이션 .

## 전염병 피크

SIR 시스템의 첫 번째와 세 번째 방정식을 결합하면 잘 알려져 있습니다 [8, p. 76] 첫 번째 적분을 찾습니다.

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

그래서 우리는

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

첫 번째 방정식을 연기함으로써 우리는

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

그림 1의 전염병 피크는 다음과 같습니다.  $dI/dt = 0$ , 두 번째 방정식에 따라 발생하는  $S(t) = Nb/a$ .  $S(t)$  감소하는 함수입니다.  $dS/dt \leq 0$  첫 번째 방정식에 따라. 우리는 만약  $T$  가 유행성 최고점의 순간 이라면, 즉

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

우리는

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

우리는 정의합니다  $s = S/N$ . 그런 다음 우리는

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

$T$  의 상한을 구합니다. 모두를위한  $b/a < s < 1 - 1/N$ , 우리는

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

근처에서  $s = 1$ , 우리는

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

적분

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

발산합니다. 와  $N \rightarrow +\infty$ , 그래서 우리는

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

$T$  의 하한을 구합니다. 우리는  $\ln s \leq s - 1$  모두를위한  $s > 0$ . 우리도 가지고있다  $\ln(1 - 1/N) \geq -2/N$  모든  $N \geq 2$ . 그래서 우리는  $s \in ]b/a, 1 - 1/N[$  모든 정수  $N \geq 2$ 에 대해

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

그래서 우리는

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

우리는 형태의 합리적인 부분을 발견합니다.  $\frac{1}{s(u-vs)}$  와

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

간단한 요소로 나눕니다.

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

기본 요소는

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

그래서 우리는

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

오른쪽은  $\sim (\ln N)/(a - b)$  만약  $N \rightarrow +\infty$ . 위에서 얻은 상한값과 동일하므로  $T \sim (\ln N)/(a - b)$  만약  $N \rightarrow +\infty$ .

그림 1의 예에서 우리는  $T \simeq 71,4$  일 동안  $(\ln N)/(a - b) \simeq 72,0$  일. 근사치는 꽤 좋은 것 같습니다. 그림 2에서 우리는 모수뿐만 아니라 모집단의 크기  $N$ 을 변경합니다.  $a, b$  고정. 우리는  $(\ln N)/(a - b)$  때로는 과대 평가, 때로는 과소 평가  $T$ 를.

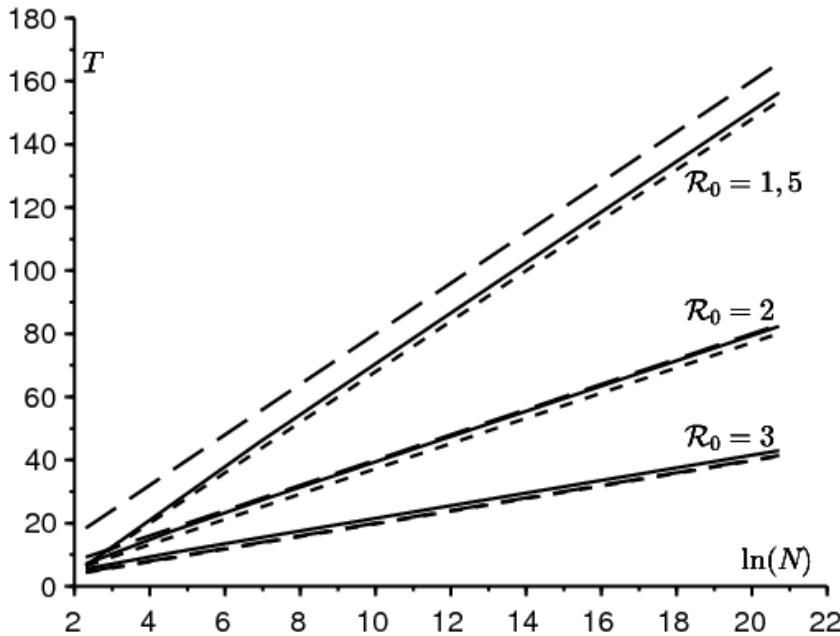


그림 2. 한편으로는 공식 (1)의 적분으로 계산된 전염병의 피크 날짜  $T$ (실선), 다른 한편으로는 동등한 비교  $(\ln N)/(a - b)$ (큰 점선) 및 근사치  $[\ln(2N(b/a - 1)^2)]/(a - b)$ (작은 점선),  $\ln N$ , 만약  $10 \leq N \leq 10^8$  매개 변수의 세 가지 값  $a$  재현성  $R_0 = a/b \in \{1,5 ; 2 ; 3\}$ .

$a - b$  전염병의 초기 성장률입니다. 그런 다음  $N$  대형에 대해  $S(t) \simeq N$  과  $dI/dt \simeq (a - b)I$ . 이 비율은 역학 데이터에서 추정할 수 있습니다. 인구  $N$ 이 알려져 있습니다. 따라서 우리는 전염병의 정점을 예측할 수 있습니다. 실제로, 인구의 균일한 혼합 모델의 기초가 되는 가정은 그림에도 불구하고 전체 국가에 대해 의심스럽고 도시에 대해서는 조금 덜합니다.

역사적으로 Kermack과 McKendrick은 생식력이 1에 가깝다고 가정하여 SIR 시스템을 대략적으로 해결하여 작은 전염병을 일으켰습니다. 근사치  $e^x \simeq 1 + x + x^2/2$ , 그들은 명시적으로 풀 수 있는 Riccati 방정식에 도달했습니다.

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

$X, Y$  및  $Z$ 는 매개 변수  $N, a$  및  $b$ 의 복잡한 함수입니다. 예를 들어 [3]을 참조하십시오. 전염병의 정점은  $T \simeq Z/Y$ . 우리가 아는 한 근사치 (2)가 엄격하게 입증된 적이 없으므로 비공식 기호의 위와 아래를 사용합니다.  $\simeq$ . 이제 우리는 추가로 가정합니다  $1/N \ll (\mathcal{R}_0 - 1)^2$ . 이 경우

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

(예를 들어 [4] 참조)

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

이 근사치는 그림 2에도 나와 있습니다. 그것의 진정한 가치에 특히 가까운 것 같다  $T$ 의 경우  $\mathcal{R}_0$ 에 상대적으로 1에 가깝습니다.  $N$  무한대에 가까워 수렴, 우리는 그림에도 불구하고  $T \simeq \frac{\ln N}{a-b}$ . 우리는 동일한 점근적 행동을 찾습니다. 그러나 공식 (1)을 기반으로 한 분석은 모두에게 유효합니다.  $\mathcal{R}_0 > 1$  뿐만 아니라  $\mathcal{R}_0$  1에 가깝습니다. 또한 우리의 증거는 엄격합니다.

## 결론

전염병의 정점은 한 번에 발견되었습니다  $T \sim (\ln N)/(a-b)$  만약  $N \rightarrow \infty$  무한대로 수렴한다. 이 결과는 단순함에도 불구하고 새로운 것처럼 보입니다. 과학 문헌에서 정보는 시스템의 첫 번째 적분에 의해 쉽게 결정되는 피크 높이에 대해서만 발견되었습니다. 실제로

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

우리는 얻는다

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

(예를 들어 [1, 방정식 7.26] 참조). [7, p. 238], 시간  $t$ 가 단조 변수  $R$  또는  $S$ 의 함수인 반전이 있으며, 이는 변수 변경까지 (1)과 같은 적분으로 이어집니다. 그러나 SIR 차동 시스템은 다음과 같은 형식으로 작성되었습니다.  $dS/dt = -\alpha SI$ . 아이디어가 떠오르지 않았을 것입니다.  $\alpha = a/N$ , 이는 더 현실적이고 많은 인구의 한계가 흥미로운 결과를 제공하는 데 필요합니다.

코로나 바이러스와 같은 전염병의 경우 SIR 모델에는 사실성이 부족합니다. 이로 인해 더 많은 구획이 있는 모델을 고려하게 됩니다. 예를 들어 감염되었지만 아직 전염성이 없는 잠복기의 사람들을 위한 추가 구획이 있습니다. 이 주제에 대해서는 전염병 곡선에서 매개 변수를 추정하려고 시도하는 [5]를 참조하십시오. 이러한 맥락에서 전염병 피크에 대한 분석 연구는 의심 할 여지없이 더 어렵습니다.

## 감사

감사합니다 Hisashi Inaba 텍스트에 대한 그의 의견.

## 참고 문헌

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.