

Пик эпидемии в модели SIR

Quadrature 117 (2020)

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

Nicolas Bacaer

Institut de recherche pour le développement
Отдел математического и компьютерного моделирования сложных систем
Les Cordeliers, Париж, Франция
nicolas.bacaer@ird.fr

резюме

Мы изучаем эпидемию, смоделированную дифференциальной системой SIR-типа. Когда население N велико, эпидемический пик наступает в момент времени T , с $T \sim (\ln N)/(a - b)$, a эффективная скорость контакта. b скорость, с которой выздоравливают инфекционные люди.

Введение

Рассмотрим, например, в [1, 2, 6, 7, 8] модель SIR Кермака и МакКендрика для эпидемии.

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

$S(t)$ это число здоровых людей. $I(t)$ количество людей, зараженных $R(t)$ количество людей, изъятых из передачи в результате изоляции, исцеления или смерти. $N = S(t) + I(t) + R(t)$ это общая численность населения. Предполагается, что эта общая численность населения является постоянной и достаточно большой, чтобы разумно моделировать эпидемию, используя дифференциальную систему, а не случайный процесс. Рассмотрим начальные условия

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

которые соответствуют началу эпидемии от одного «нулевого пациента».

Параметр a (с $a > 0$) на самом деле является произведением двух чисел: количества контактов в единицу времени и вероятности передачи во время контакта между незараженным человеком и зараженным человеком. Контакты делаются наугад. I/N есть вероятность того, что лица, находящегося в отсеке *ввода*. Это объясняет квадратичный термин в SI/N в дифференциальной системе. $b > 0$ это скорость, при которой люди покидают отсек I . Следовательно, основное предположение состоит в том, что время, проведенное в отсеке I , распределяется по экспоненциальному закону параметра b . Мы примем $a > b$ для реальной эпидемии.

Пример подробно представлен на рисунке 1. Мы использовали программное обеспечение Scilab и его функцию разрешения дифференциальных систем. Эта функция реализует схему предиктора-корректора Адамса для не крутых систем. Мы выбираем $N = 65 \times 10^6$ (население Франции), $a = 1/2$ в день и $b = 1/4$ в день. Поэтому в начале эпидемии зараженный человек заражает в среднем одного человека каждые два дня. Средняя продолжительность заражения $1/b$ 4 дня. Это соответствует воспроизводимости $\mathcal{R}_0 = a/b = 2$ (термин и обозначения взяты из [9, с. 102]). \mathcal{R}_0 поэтому это среднее число вторичных случаев, которые зараженный человек заражает в начале эпидемии. Не претендуя на реалистичность, это значения того же порядка, что и для эпидемии коронавируса 2020 года в гипотетическом случае, когда нет мер по ограничению эпидемии [5].

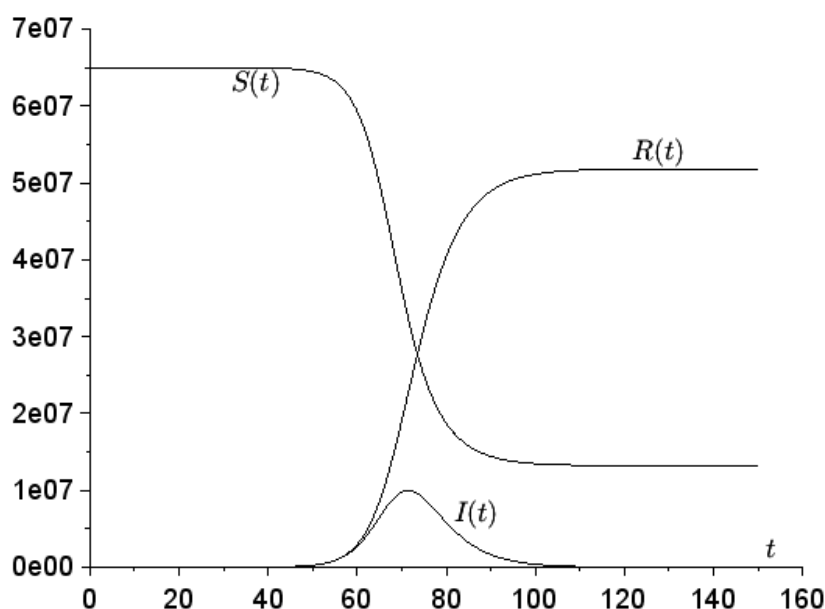


Рисунок 1. Имитация модели SIR с временем t в днях по абсциссе .

Пик эпидемии

Комбинируя первое и третье уравнения системы SIR, это хорошо известно [8, с. 76], что мы находим первый интеграл:

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

Итак, мы имеем

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

Возвращаясь к первому уравнению, находим

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

Пик эпидемии на рисунке 1 соответствует $dI/dt = 0$, что происходит согласно второму уравнению, когда $S(t) = Nb/a$, $S(t)$ является убывающей функцией, потому что $dS/dt \leq 0$ из первого уравнения. Мы делаем вывод, что если T - время пика эпидемии, то есть, если

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

тогда у нас

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

Мы определяем $s = S/N$, у нас тогда

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

Мы ищем верхнюю грань T . Для всего $b/a < s < 1 - 1/N$, у нас есть

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

По соседству $s = 1$, у нас есть

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

Интеграл

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

расходится. С $N \rightarrow +\infty$ И так, у нас есть

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

Мы ищем нижнюю границу T . У нас есть $\ln s \leq s - 1$ для всего $s > 0$, У нас также есть $\ln(1 - 1/N) \geq -2/N$ для всех $N \geq 2$, И так, мы имеем для $s \in]b/a, 1 - 1/N[$ и для любого целого числа $N \geq 2$,

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

И так, мы имеем

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

Мы сталкиваемся с рациональной долей формы $\frac{1}{s(u-vs)}$ с

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

Разбивается на простые элементы

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

Примитив это

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

И так, мы имеем

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

Член справа $\sim (\ln N)/(a-b)$ если $N \rightarrow +\infty$, Поскольку он эквивалентен полученному выше верхнему пределу, мы заключаем, что $T \sim (\ln N)/(a-b)$ если $N \rightarrow +\infty$,

В примере на рисунке 1 мы имеем $T \simeq 71,4$ дни в то время как $(\ln N)/(a - b) \simeq 72,0$ дней. Приближение кажется довольно хорошим. На рисунке 2 мы варьируем размер N популяции, а также параметр a , с фиксированной b . Мы заметили $(\ln N)/(a - b)$ иногда завышены, иногда недооценивать T .

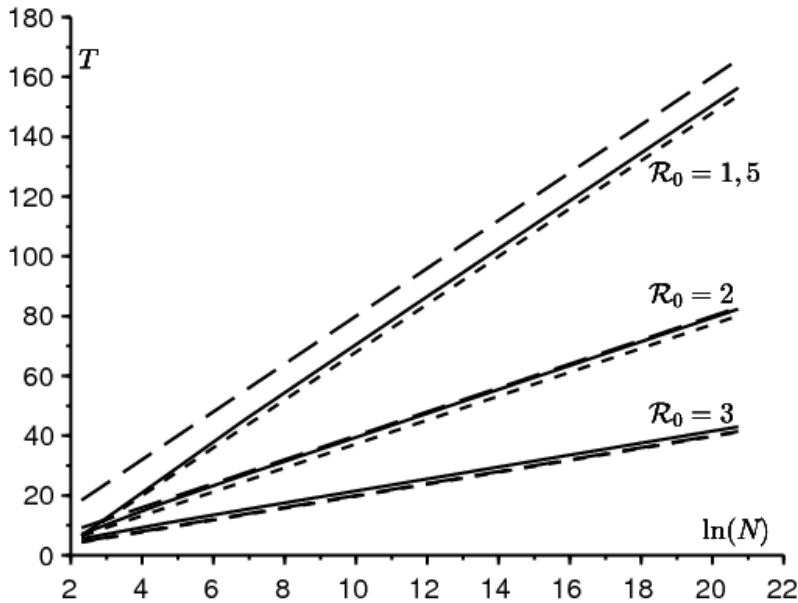


Рисунок 2. Сравнение между, с одной стороны, датой T пика эпидемии (сплошная линия), рассчитанной по интегралу формулы (1), с другой стороны, эквивалентным $(\ln N)/(a - b)$ (большие пунктирные линии) и приближение $[\ln(2N(b/a - 1)^2)]/(a - b)$ (маленькие пунктирные линии), в зависимости от $\ln N$, если $10 \leq N \leq 10^8$ для трех значений параметров a с воспроизводимостью $\mathcal{R}_0 = a/b \in \{1,5; 2; 3\}$,

$a - b$ это начальный темп роста эпидемии. Затем мы имеем для N большое, $S(t) \simeq N$ а также $dI/dt \simeq (a - b)I$, Этот показатель можно оценить по эпидемиологическим данным. Население N известно. Поэтому мы можем предсказать дату пика эпидемии. На практике гипотеза, лежащая в основе модели однородного состава населения, остается сомнительной для всей страны, чуть меньше для города.

Исторически Kermack и McKendrick грубо решили систему SIR, предположив, что воспроизводимость близка к 1, что привело к небольшой эпидемии. С приближением $e^x \simeq 1 + x + x^2/2$ они пришли к явно разрешимому уравнению Риккати, так что

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

X , Y и Z - сложные функции параметров N , a и b . Смотрите, например, [3]. Пик эпидемии $T \simeq Z/Y$, Попутно отметим, что, насколько нам известно, приближение (2) никогда не было строго продемонстрировано, поэтому мы используем неформальный знак выше и ниже. \simeq , Теперь мы предполагаем в дополнение $1/N \ll (\mathcal{R}_0 - 1)^2$, В таком случае,

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

(см., например, [4]), так что

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

Это приближение также показано на рисунке 2; это кажется особенно близким к истинному значению T , если \mathcal{R}_0 близко к 1, как и следовало ожидать. С N , сходящимся к бесконечности, мы тем не менее имеем $T \simeq \frac{\ln N}{a - b}$, Мы находим такое же асимптотическое поведение. Наш анализ, основанный на формуле (1),

действителен, однако, для всех $\mathcal{R}_0 > 1$ и не только для \mathcal{R}_0 близко к 1. Кроме того, наше доказательство строгое.

Вывод

Мы обнаружили, что пик эпидемии произошел одновременно $T \sim (\ln N)/(a - b)$ если N сходится к бесконечности. Этот результат кажется новым, несмотря на его простоту. В научной литературе мы нашли только информацию о высоте пика, которая легко определяется по первому интегралу системы. Действительно, с

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

мы получаем

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

(см., например, [1, уравнение 7.26]). В некоторых ссылках, таких как [7, с. 238], существуют инверсии, где время t является функцией монотонных переменных R или S , что приводит к интегралам типа (1), за исключением замены переменной. Но дифференциальная система SIR была написана там в виде $dS/dt = -\alpha SI$, Идея, вероятно, не пришла от принятия $\alpha = a/N$, что как-то более реалистично и необходимо для границы большой популяции, чтобы дать интересные результаты.

Для эпидемии, подобной эпидемии коронавируса, модели SIR не хватает реализма. Это приводит к рассмотрению моделей с большим количеством отделений, например, с дополнительным отделением для людей в латентной фазе, которые инфицированы, но еще не заразны. См. На эту тему [5], которая также пытается оценить параметры по кривой эпидемии. Аналитическое исследование эпидемического пика в этом контексте, несомненно, является более сложным.

Спасибо

Мы благодарим Hisashi Inaba за его комментарии к тексту.

Библиографические ссылки

1. В. 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.crv.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.