

SIR模型中的流行病高峰

Quadrature 117 (2020)

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

Nicolas Bacaër

Institut de recherche pour le développement
複雜系統單元的數學和計算機建模

Les Cordeliers, 法國巴黎
nicolas.bacaer@ird.fr

摘要

我們正在研究以SIR型差分系統為模型的流行病。當人口 N 很大時，流行高峰在時間 T ， $T \sim (\ln N)/(a - b)$ 。 a 是有效接觸率。 b 是感染者恢復的速度。

介紹

例如在[1、2、6、7、8]中考慮Kermack和McKendrick的SIR模型

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

$S(t)$ 是健康人的人數。 $I(t)$ 是被感染的人數。 $R(t)$ 是指由於隔離，康復或死亡而從傳播中移出的人數。 $N = S(t) + I(t) + R(t)$ 是總人口。假定該總人口是恆定的，並且足夠大，因此可以通過差分系統而不是隨機過程對流行進行建模。考慮初始條件

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

對應於從一個“患者零”開始的流行病。

參數 a （與 $a > 0$ ）實際上是兩個數字的乘積：每單位時間的接觸數和未感染者與感染者之間的接觸傳播的概率。接觸是隨機發生的。 I/N 是一個人坐在車廂 I 中的概率。這解釋了 SI/N 在差速器系統中。 $b > 0$ 是人們離開車廂內的速度。因此，基本假設是，根據參數 b 的指數定律分配在隔室 I 中花費的時間。我們將假設 $a > b$ 導致實際流行。

圖1中詳細說明了一個示例。我們使用Scilab軟件及其功能來求解差分系統。此功能為非剛性系統實現了Adams預測器校正方案。我們選擇 $N = 65 \times 10^6$ （法國人口）， $a = 1/2$ 每天和 $b = 1/4$ 每天。因此，在流行開始時，被感染的人平均每兩天感染一個人。平均感染時間 $1/b$ 是4天。這對應於可再現性 $\mathcal{R}_0 = a/b = 2$ （該術語和表示法來自[9, p. 102]）。 \mathcal{R}_0 因此，是感染者在流行開始時感染的平均繼發病例數。在沒有聲稱是現實的情況下，這些值與在沒有乾預措施來限制流行病的假設情況下2020年冠狀病毒流行病的發現數量級相同。]。

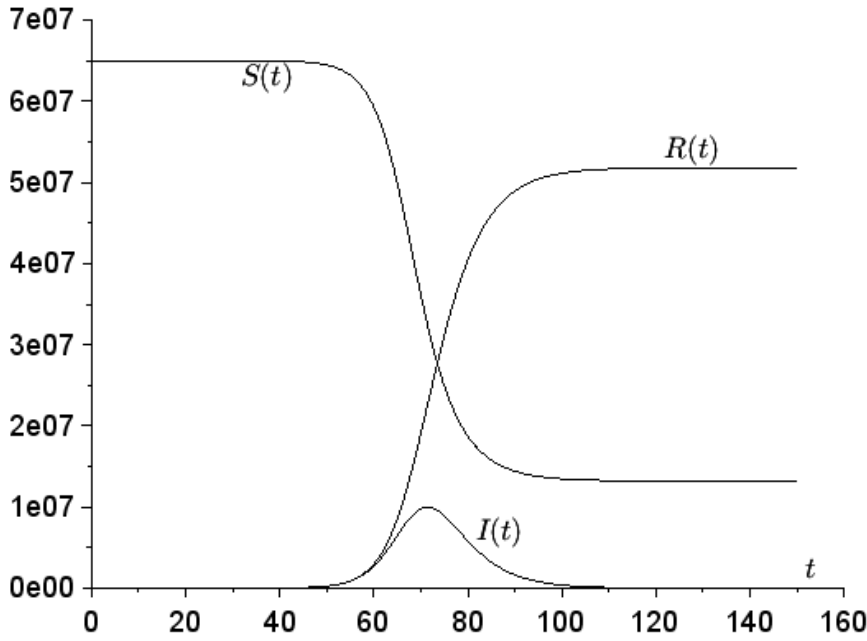


圖1. SIR模型的模擬，橫坐標為時間 t ，單位為天。

流行高峰

通過組合SIR系統的第一和第三等式，眾所周知[8, p. 76]我們找到了第一個積分：

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

所以我們有

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

通過推遲第一個方程，我們發現

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

圖1中的流行病高峰對應於 $dI/dt = 0$ ，這是根據第二個公式 $S(t) = Nb/a$ 。 $S(t)$ 是一個遞減函數，因為 $dS/dt \leq 0$ 根據第一個方程式。我們推論如果 T 是流行病高峰的瞬間，即

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

然後我們有

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

我們定義 $s = S/N$ 。然後我們有

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

我們尋求 T 的上限。為了一切 $b/a < s < 1 - 1/N$, 我們有

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

在附近 $s = 1$, 我們有

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

積分

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

是發散的。用 $N \rightarrow +\infty$, 所以我們有

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

我們尋求 T 的下限。我們有 $\ln s \leq s - 1$ 為了一切 $s > 0$ 。我們還有 $\ln(1 - 1/N) \geq -2/N$ 對所有人 $N \geq 2$ 。所以我們有 $s \in]b/a, 1 - 1/N[$ 對於任何 $N \geq 2$ 的整數,

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

所以我們有

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

我們遇到了形式的合理部分 $\frac{1}{s(u-vs)}$ 與

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

它分為簡單的元素

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

原語是

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

所以我們有

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

右邊是 $\sim (\ln N)/(a - b)$ 如果 $N \rightarrow +\infty$ 。由於它與上面獲得的上限相同，因此我們得出以下結論：
 $T \sim (\ln N)/(a - b)$ 如果 $N \rightarrow +\infty$ 。

在圖1的示例中，我們有 $T \simeq 71,4$ 幾天 $(\ln N)/(a - b) \simeq 72,0$ 天。近似值似乎很好。在圖2中，我們改變了總體的大小 N 以及參數 a ，用 b 固定。我們注意到 $(\ln N)/(a - b)$ 有時高估，有時低估 T 。

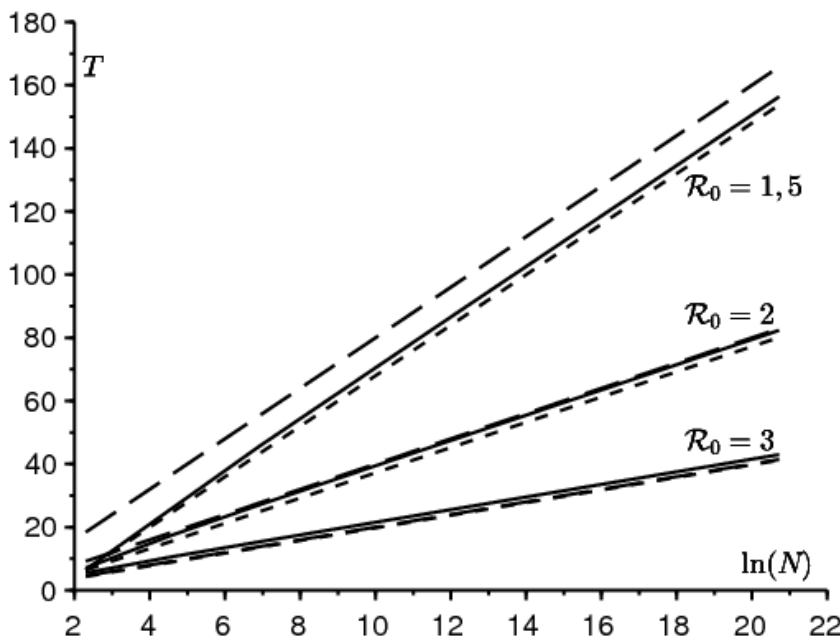


圖2.一方面比較用公式 (1) 的積分計算的流行病高峰的日期 T (實線)，另一方面比較 $(\ln N)/(a - b)$ (大虛線) 和近似值 $[\ln(2N(b/a - 1)^2)]/(a - b)$ (小虛線)，具體取決於 $\ln N$ 如果 $10 \leq N \leq 10^8$ 對於參數的三個值 a 具有再現性 $R_0 = a/b \in \{1,5; 2; 3\}$ 。

$a - b$ 是該流行病的初始增長率。然後我們有 N 大， $S(t) \simeq N$ 和 $dI/dt \simeq (a - b)I$ 。可以從流行病學數據估計該比率。人口 N 是已知的。因此，我們可以預測流行高峰的日期。實際上，對於整個國家而言，人口均勻混合模型所依據的假設仍然值得懷疑，而對於一個城市而言，則要少得多。

從歷史上看，Kermack和McKendrick通過假設生殖能力接近於1來大致解決了SIR系統，從而導致了小規模流行。與近似 $e^x \simeq 1 + x + x^2/2$ ，他們得出了一個明確可解的Riccati方程，因此

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

X , Y 和 Z 是參數 N , a 和 b 的複雜函數。參見例如[3]。流行高峰是 $T \simeq Z/Y$ 。順便說一句，據我們所知，從未嚴格證明近似值 (2)，這就是為什麼我們非正式符號的上方和下方使用 \simeq 。現在我們假

設 $1/N \ll (\mathcal{R}_0 - 1)^2$ 。在這種情況下，

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

(例如，請參見[4])，這樣

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

圖2也顯示了這種近似值。它似乎特別接近的真正價值牛逼如果 \mathcal{R}_0 正如人們所期望的那樣接近1。隨著 N 向無窮大收斂，我們仍然可以 $T \simeq \frac{\ln N}{a-b}$ 。我們發現相同的漸近行為。但是，我們基於公式 (1) 的分析對所有 $\mathcal{R}_0 > 1$ 不只是為了 \mathcal{R}_0 接近1。此外，我們的證明是嚴格的。

結論

發現該流行病的高峰是一次 $T \sim (\ln N)/(a-b)$ 如果 N 收斂到無窮大。儘管簡單，但此結果似乎是新的。在科學文獻中，僅在峰高上找到了信息，這很容易由系統的第一個積分確定。確實，有了

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

我們獲得

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

(例如參見[1, 公式7.26])。在某些參考文獻中，例如[7, p. 238]，存在一些反演，其中時間 t 是單調變量 R 或 S 的函數，這導致像 (1) 一樣的積分直至變量的變化。但是 SIR 微分系統以以下形式寫在那裡 $dS/dt = -\alpha SI$ 。這個想法可能沒有被採納 $\alpha = a/N$ ，這在某種程度上更現實，對於限制大量人口給出有趣的結果是必要的。

對於像冠狀病毒這樣的流行病，SIR 模型缺乏現實性。這導致考慮使用具有更多隔室的模型，例如，為處於潛伏期但已感染但尚未傳染的人提供額外的隔室。關於這一主題，請參見[5]，它也嘗試根據流行曲線估算參數。在這種情況下，對流行病高峰的分析研究無疑更加困難。

謝謝

我們感謝 Hisashi Inaba 他對文本的評論。

參考書目

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.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.