

# Model matematyczny epidemii

Mikołaj Bartkowiak · 148164 (I1.1)

mikolaj.bartkowiak@student.put.poznan.pl

Szymon Stanisławski · 150192 (I6.2)

szymon.stanislawski@student.put.poznan.pl

Projekt ma na celu zamodelowanie symulacji przebiegu epidemii wśród populacji na podstawie podanych parametrów wejściowych. W tym celu wykorzystano podstawowy model SIR [1] w celu skonstruowania nowego modelu pozwalającego modelować przebieg pandemii z określoną dokładnością. Zbudowany model domyślnie oparty jest na danych opisujących przebieg epidemii COVID-19, jednak jego modularność pozwala na zastosowanie go w przypadku innych epidemii.

## 1 Model

W celu modelowania matematycznego przebiegu epidemii skonstruowano model SIRDV<sup>1</sup>.

W ramach modelu podzielono populację na pięć grup: osoby niezakażone  $S$ , osoby zakażone  $I$ , ozdrowieńcy  $R$ , osoby zmarłe w wyniku epidemii  $D$  oraz osoby zaszczepione  $V$ . Transmisję osób z grupy  $S$  do grupy  $I$  określa współczynnik zakażeń  $\beta$ , który może ulec redukcji poprzez poprawne zakrywanie ust i nosa bądź izolację społeczeństwa w domach (*lockdown restrictions*), zmniejszając w ten sposób liczbę zakażeń. Maksymalną skuteczność stosowania maseczek oraz izolacji określono jako wynikającą z badań dotyczących efektywności tych środków w przypadku epidemii COVID-19; zakrywanie ust i nosa skutkuje 50% zmniejszeniem transmisyjności, zaś lockdown – 85% [2].

Dla uproszczenia modelu założono brak pozaepidemicznego wpływu demograficznego, tj. wskaźnik urodzeń jest równy wskaźnikowi zgonów niespowodowanych epidemią.

### 1.1 Zmienne

Zmienne wykorzystywane w modelu dotyczą wyszczególnionych klas populacji (*compartments*), do których zaliczają się:

- $S(t)$  – liczba osób podatnych na zakażenie (osoby niezakażone),
- $I(t)$  – liczba osób zakażonych,

---

<sup>1</sup> *Susceptible-Infectious-Recovered-Deceased model.*

- $R(t)$  – liczba ozdrowieńców: osób które przeszły zakażenie i uzyskały czasową odporność,
- $D(t)$  – liczba zgonów,
- $V(t)$  – liczba osób zaszczepionych.

Populację  $N(t)$  w dowolnym momencie określa następująca suma:

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t) + V(t). \quad (1)$$

## 1.2 Parametry

Parametry wykorzystywane w modelowaniu matematycznym epidemii wśród populacji:

- $\beta$  – podstawowy wskaźnik infekcji,
- $\gamma$  – wskaźnik ozdowień,
- $\mu$  – wskaźnik śmiertelności,
- $\sigma$  – wskaźnik utraty odporności po przechorowaniu,
- $\phi$  – odsetek osób poprawnie zakrywających usta i nos ( $0 \leq \phi \leq 1$ ),
- $\theta$  – skuteczność zakrywania ust i nosa zdefiniowana jako procentowy wpływ na spadek zakażeń ( $0 \leq \theta \leq 1$ ); domyślnie przyjęto  $\theta = 0,5$ ,
- $\delta$  – odsetek osób poddających się izolacji ( $0 \leq \delta \leq 1$ ),
- $\eta$  – skuteczność izolacji społeczeństwa zdefiniowany jako procentowy wpływ na spadek zakażeń ( $0 \leq \eta \leq 1$ ); domyślnie przyjęto  $\eta = 0,85$ ,
- $\lambda$  – wskaźnik wyszczepienia podawany jako odsetek osób szczepionych dziennie,
- $\alpha$  – wskaźnik skuteczności szczepionki ( $0 \leq \alpha \leq 1$ ).

## 1.3 Równania różniczkowe

Równania różniczkowe wchodzące w skład modelu:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -(1 - \phi\theta)(1 - \delta\eta)\beta \frac{IS}{N} + \sigma R - \lambda S, \\ \frac{dI}{dt} &= (1 - \phi\theta)(1 - \delta\eta)\beta \left( \frac{IS}{N} + (1 - \alpha) \frac{V}{N} \right) - (\gamma + \mu)I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \sigma R, \\ \frac{dD}{dt} &= \mu I, \\ \frac{dV}{dt} &= \lambda S - (1 - \phi\theta)(1 - \delta\eta)(1 - \alpha)\beta \frac{V}{N}. \end{aligned} \quad (2)$$

Korzystając z zależności (1) zmianę całkowitej populacji  $N(t)$  opisuje równanie różniczkowe

$$\frac{dN}{dt} = \frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} + \frac{dV}{dt}$$

które po zastosowaniu podstawień (2) upraszcza się do:

$$\frac{dN}{dt} = -\mu I. \quad (3)$$

## 1.4 Równania różnicowe

Korzystając z zależności

$$\frac{df}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{f(t + \Delta t) - f(t)}{\Delta t} \approx \frac{f(n + 1) - f(n)}{T_p} = \frac{\Delta f(n)}{T_p}$$

równania (2) przekształcono do postaci dyskretnych równań różnicowych:

$$\begin{aligned} \frac{\Delta S(n)}{T_p} &= -(1 - \phi\theta)(1 - \delta\eta)\beta \frac{I(n)S(n)}{N(0)} + \sigma R(n) - \lambda S(n), \\ \frac{\Delta I(n)}{T_p} &= (1 - \phi\theta)(1 - \delta\eta)\beta \left( \frac{IS(n)}{N(0)} + (1 - \alpha) \frac{V(n)}{N(0)} \right) - (\gamma + \mu)I(n), \\ \frac{\Delta R(n)}{T_p} &= \gamma I(n) - \sigma R(n), \\ \frac{\Delta D(n)}{T_p} &= \mu I(n), \\ \frac{\Delta V(n)}{T_p} &= \lambda S(n) - (1 - \phi\theta)(1 - \delta\eta)(1 - \alpha)\beta \frac{V(n)}{N(0)}. \end{aligned} \tag{4}$$

Analogicznie dokonano dyskretyzacji dla zmiennej  $N$  określającej całkowitą populację (3):

$$\frac{\Delta N(n)}{T_p} = -\mu I(n).$$

Parametr  $T_p$  nazywany jest okresem próbkowania i oznacza okres dla którego dokonywana jest dyskretyzacja, wyrażany w dniach. Na potrzeby symulacji realistycznie przyjęto  $T_p = 1$ , gdyż najczęściej dane epidemiologiczne podawane są w wymiarze dniowym.

## 2 Literatura

- [1] I. Cooper, A. Mondal i C. G. Antonopoulos, „A SIR model assumption for the spread of COVID-19 in different communities,” *Chaos, Solitons & Fractals*, tom 139, 2020.
- [2] S. Talic, S. Shah, H. Wild, D. Gasevic, A. Maharaj, Z. Ademi, X. Li, W. Xu, I. Mesa-Eguiagaray, J. Rostron, E. Theodoratou, X. Zhang, A. Motee, D. Liew i D. Ilic, „Effectiveness of public health measures in reducing the incidence of covid-19, SARS-CoV-2 transmission, and covid-19 mortality: systematic review and meta-analysis,” *BMJ*, tom 375, 2021.