

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 SIRD¹.

W ramach modelu podzielono populację na cztery grupy: osoby niezakażone S , osoby zakażone I , ozdrowieńcy R oraz osoby zmarłe w wyniku epidemii D . Transmisję osób z grupy S do grupy I określa współczynnik zakażeń β , 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,

¹ *Susceptible-Infectious-Recovered-Deceased model.*

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

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

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

1.2 Parametry

Parametry wykorzystywane w modelowaniu matematycznym epidemii wśród populacji:

- β – podstawowy wskaźnik infekcji,
- γ – wskaźnik ozdowień,
- μ – wskaźnik śmiertelności,
- σ – wskaźnik utraty odporności,
- ϕ – odsetek osób poprawnie zakrywających usta i nos ($0 \leq \phi \leq 1$),
- θ – skuteczność zakrywania ust i nosa zdefiniowana jako procentowy wpływ na spadek zakażeń ($0 \leq \theta \leq 1$); domyślnie przyjęto $\theta = 0,5$,
- δ – odsetek osób poddających się izolacji ($0 \leq \delta \leq 1$),
- η – skuteczność izolacji społeczeństwa zdefiniowany jako procentowy wpływ na spadek zakażeń ($0 \leq \eta \leq 1$); domyślnie przyjęto $\eta = 0,85$.

1.3 Równania różniczkowe

Równania różniczkowe wchodzące w skład modelu:

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

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

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

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:

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

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.