

Modelowanie epidemii

Krzysztof Kowalski

28 marca 2021

Spis treści

1	Cel dokumentu	3
2	Modelowanie epidemii	3
2.1	Modelowanie deterministyczne	3
2.2	Modelowanie stochastyczne	3
2.3	Modele przedziałowe	3
2.4	Model SIR	3
2.5	Model SIR z dynamiką życiową	5
2.6	Model SIS	6
2.7	Model SIRS	6
2.8	Model SIRD	7
2.9	Model SEIR	8
2.10	Model SEIQRD	8
2.11	Inne rozszerzone modele SEIR	9

1 Cel dokumentu

Niniejszy dokument zawiera informacje na temat sposobów modelowania epidemii. Opisuje on różne modele epidemiczne oraz sytuacje, w których powinno się je stosować. Dokument ten ma za zadanie przybliżyć temat modelowania epidemicznego oraz dać podstawy wiedzy potrzebnej do stworzenia projektu modelującego pandemię koronawirusa SARS-CoV-2, która rozpoczęła się pod koniec 2019 roku.

2 Modelowanie epidemii

2.1 Modelowanie deterministyczne

Modelowanie deterministyczne polega na stworzeniu takiego modelu matematycznego opisującego pewny proces, w którym definiowanie stanów i przejścia między stanami są jednoznacznie określone za pomocą współczynników. Oznacza to, że w modelu takim nie ma losowości. Modele takie są opisywane równaniami różniczkowymi.

2.2 Modelowanie stochastyczne

Modelowanie stochastyczne jest podejście konkurencyjnym do modelowania deterministycznego. Polega ono na wykorzystaniu metod probabilistycznych do opisu przejść pomiędzy stanami. Tak więc w odróżnieniu od modelowania deterministycznego, w którym takie przejścia są reprezentowane za pomocą stałych współczynników, tutaj są one reprezentowane czystym prawdopodobieństwem.

2.3 Modele przedziałowe

Modele przedziałowe polegają na tworzeniu modelu, w którym zbiór (np. społeczeństwo) jest dzielone na przedziały (np. stany zdrowia). Połączenia między przedziałami są definiowane za pomocą kierunku oraz stałego współczynnika z jakim zachodzi zmiana.

2.4 Model SIR

Model SIR to jeden z najbardziej podstawowych modeli epidemiologicznych, który ma bardzo wiele modyfikacji. Składa się on z trzech klas. Na jego podstawie przedstawione zostanie co oznaczają poszczególne elementy w modelach i jak należy je interpretować. Dla bardziej rozbudowanych modeli tego

typu logika ich tworzenia i interpretowania jest zbliżona, jednak liczba klas i parametrów je łączących się powiększa.

Schemat modelu:



Rysunek 1: Model SIR

S (*Susceptible*) - osobniki podatne na zarażenie;

I (*Infected*) - osobniki zarażone i zarażające innych;

R (*Removed*) - osobniki wyzdrowiałe lub umarłe;

β - współczynnik przenoszenia wirusa - częstość z jaką następuje zarażenie;

γ - współczynnik pozbycia się wirusa - $\gamma = 1/D$, gdzie D to średni czas trwania zaraźliwości;

N - liczba wszystkich osobników w całej populacji.

Powyższy model można zapisać w postaci następującego układu równań różniczkowych:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \cdot S \cdot \frac{I}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \cdot S \cdot \frac{I}{N} - \gamma \cdot I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma \cdot I\end{aligned}$$

Poza tym należy zauważyć, że: $\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0$ oraz $S(t) + I(t) + R(t) = N$. Z powyższych równań po odpowiednich przekształceniach można oszacować współczynnik reprodukcji wirusa: $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$.

Powyższe równania spełniają następujące założenia:

- Przyrost grupy osobników zainfekowanych jest proporcjonalny do liczby osobników podatnych oraz zainfekowanych - $\beta \cdot S \cdot I$;
- Przyrost grupy osobników ozdrowiałych (usuniętych) jest wprost proporcjonalny do liczby osobników aktualnie chorych - $\gamma \cdot I$;
- Brak okresu inkubacji, więc osobnik podatny, który się zaraził zaczyna chorować natychmiast;
- Populacja jest dokładnie wymieszana, więc każdy typ osobnika ma jednakowe prawdopodobieństwo spotkania osobnika innego typu.

Są to jednak założenia opisane relatywnie ogólnie. Dlatego też powstało wiele modyfikacji modelu SIR, które dokładniej i wierniej odzwierciedlają pojedyncze choroby i infekcje.

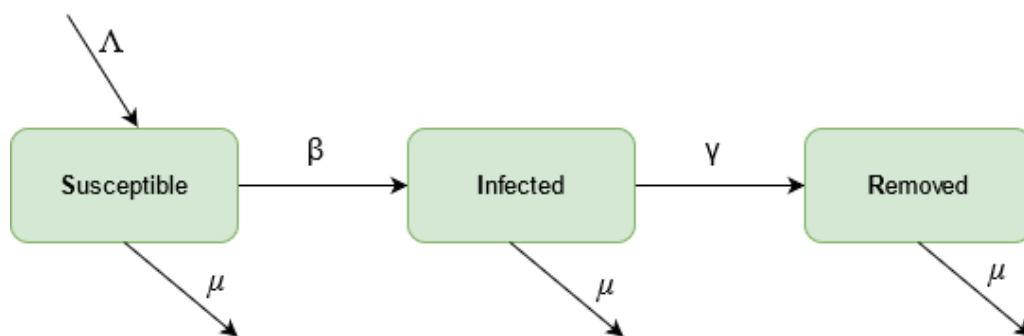
2.5 Model SIR z dynamiką życiową

Podstawowy model SIR nie uwzględnia dynamiki związanej z rodzeniem się nowych osobników oraz z umieraniem ich z przyczyn naturalnych. Taki model jest bardziej dokładny dla infekcji, które są analizowane przez dłuższy okres czasu (np. lata). Dlatego można zmodyfikować go o dwa nowe współczynniki, które będą odpowiadać za rodzenie się nowych dzieci, które trafiają do klasy podatnej oraz za umieranie, które może się stać w każdej klasie:

Λ - współczynnik urodzeń;

μ - współczynnik śmierci naturalnej.

Schemat modelu:



Rysunek 2: Model SIR z dynamiką życiową

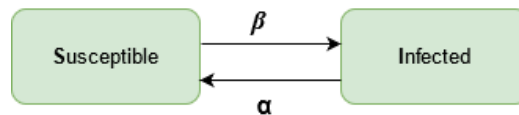
Powyższy model można zapisać w postaci następującego układu równań różniczkowych:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \Lambda - \mu \cdot S - \beta \cdot S \cdot \frac{I}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \cdot S \cdot \frac{I}{N} - \gamma \cdot I - \mu \cdot I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma \cdot I - \mu \cdot R\end{aligned}$$

2.6 Model SIS

Model SIS zakłada, że osobnik z grupy zarażającej (Infected) po wyzdrowieniu od razu trafia ponownie do grupy podatnej na zarażenie. Oznacza to, że przejście choroby nie daje żadnej odporności na daną chorobę i ponownie można na nią zachorować.

Schemat modelu:



Rysunek 3: Model SIS

α - współczynnik pozbycia się wirusa;

Powyższy model można zapisać w postaci następującego układu równań różniczkowych:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \cdot S \cdot \frac{I}{N} + \alpha \cdot I \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \cdot S \cdot \frac{I}{N} - \alpha \cdot I\end{aligned}$$

2.7 Model SIRS

Model SIRS łączy cechy modelu SIR oraz SIS. Model ten zakłada, że osobnik po przebyciu choroby nabywa odporność na pewien czas, a następnie ponownie wraca do grupy podatnej na zakażenie.

Schemat modelu:



Rysunek 4: Model SIR

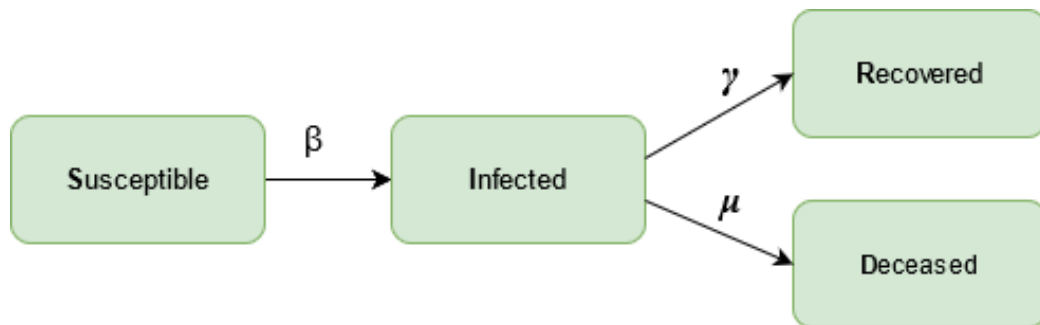
Powyższy model można zapisać w postaci następującego układu równań różniczkowych:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \alpha \cdot R - \beta \cdot S \cdot \frac{I}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \cdot S \cdot \frac{I}{N} - \gamma \cdot I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma \cdot I - \alpha \cdot R\end{aligned}$$

2.8 Model SIRD

Model SIRD różni się od modelu SIR tym, że występuje rozróżnienie między osobami, które po przebyciu infekcji wyzdrowiały oraz osobami, które umarły.

Schemat modelu:



Rysunek 5: Model SIRD

R (*Recovered*) - osobniki, które wyzdrowiały po przebyciu infekcji;

D (*Deceased*) - osobniki, które umarły po przebyciu infekcji;

Powyższy model można zapisać w postaci następującego układu równań różniczkowych:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \cdot S \cdot \frac{I}{N - D} \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \cdot S \cdot \frac{I}{N - D} - \gamma \cdot I - \mu \cdot I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma \cdot I \\ \frac{dD}{dt} &= \mu \cdot I\end{aligned}$$

2.9 Model SEIR

Model SEIR stosowany jest w przypadkach, w których po zainfekowaniu występuje okres inkubacji. W tym czasie osobnik jest już zarażony, ale jeszcze nie zaraża innych osobników.

Schemat modelu:



Rysunek 6: Model SEIR

E (*Exposed*) - osobniki, które uległy zarażeniu, ale nie zarażają;

σ - współczynnik inkubacji - z jakim zarażeni stają się zarażającymi.

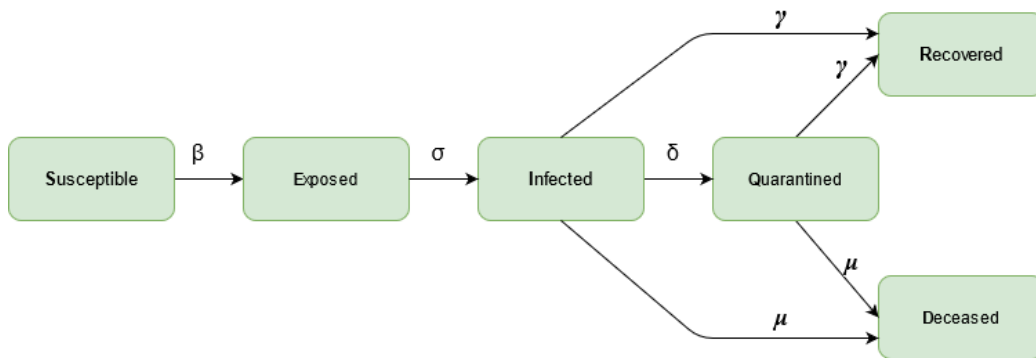
Powyższy model można zapisać w postaci następującego układu równań różniczkowych:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \cdot S \cdot \frac{I}{N} \\ \frac{dE}{dt} &= \beta \cdot S \cdot \frac{I}{N} - \sigma \cdot E \\ \frac{dI}{dt} &= \sigma \cdot E - \gamma \cdot I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma \cdot I\end{aligned}$$

2.10 Model SEIQRD

Model SEIQRD jest modelem, w którym występuje stała reprezentująca działania społeczności w celu zatrzymania rozprzestrzeniania się choroby. Jest to dodatkowa klasa zawierająca osobniki, które zostają objęte kwarantanną. Ponadto w tym modelu występuje rozróżnienie między śmiercią z powodu choroby i wyzdrowieniem. Model ten nie uwzględnia dynamiki życiowej (urodzenia i śmierć naturalna).

Schemat modelu:



Rysunek 7: Model SEIQRD

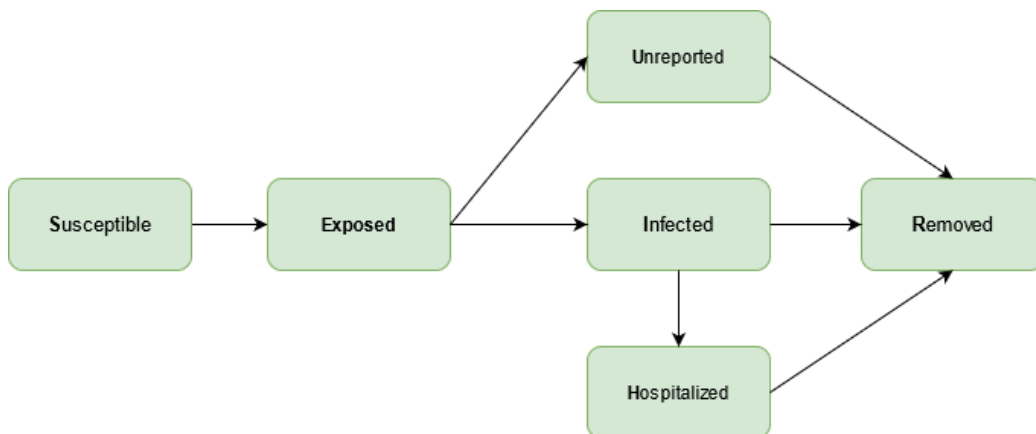
Q (*Quarantined*) - osobniki, które po zarażeniu zostały objęte kwarantanną;
 δ - współczynnik kwarantanny - częstość obejmowania kwarantanną osobników z grupy zarażonej.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \cdot S \cdot \frac{I}{N - D - Q} \\ \frac{dE}{dt} &= \beta \cdot S \cdot \frac{I}{N - D - Q} - \sigma \cdot E\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\frac{dI}{dt} &= \sigma \cdot E - \gamma \cdot I - \mu \cdot I - \delta \cdot I \\ \frac{dQ}{dt} &= \gamma \cdot I - \mu \cdot Q - \gamma \cdot Q \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma \cdot I + \gamma \cdot Q \\ \frac{dD}{dt} &= \mu \cdot I + \mu \cdot Q\end{aligned}$$

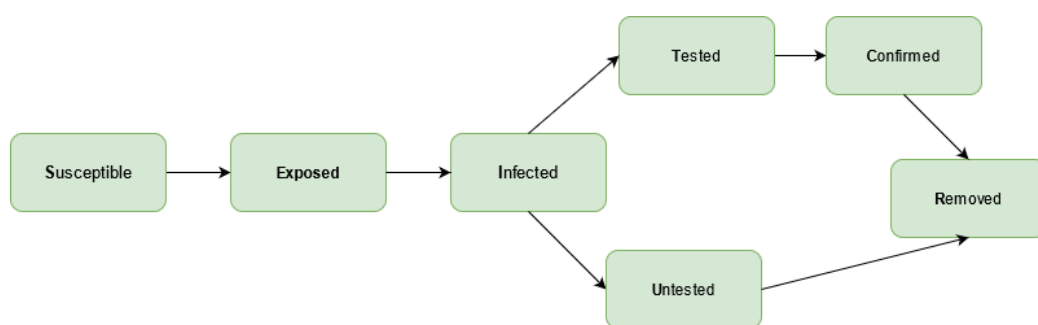
2.11 Inne rozszerzone modele SEIR

Poniższy model zakłada, że nie wszystkie przypadki zarażeń są zgłaszane i zapisywane. Może to być łagodnym przebiegiem choroby (lub bezobjawowym) lub niechęcią ludzi do zgłaszania się. Istnieją zatem osobniki w grupie Unreported, którzy zarażają innych, lecz nie są sklasyfikowani jako osoby z wirusem. Jest w tym modelu stworzona również dodatkowa grupa na osoby hospitalizowane, które mają bardziej niebezpieczny przebieg choroby. Schemat modelu:



Rysunek 8: Model SEIR rozszerzony

Kolejny model zakłada, że nie wszyscy ludzie z grupy zarażającej (Infected) są testowani. Ten model działa podobnie do poprzedniego modelu, ponieważ nie wszyscy ludzie zarażający są klasyfikowani jako ludzie z wirusem. Ponownie może to być związane z przechodzeniem choroby bezobjawowo. Schemat modelu:



Rysunek 9: Model SEIR rozszerzony