



ΕΘΝΙΚΟ & ΚΑΠΟΔΙΣΤΡΙΑΚΟ
ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΑΘΗΝΩΝ
Τμήμα Φυσικής

ΕΡΕΥΝΗΤΙΚΗ ΕΡΓΑΣΙΑ

Το επιδημιολογικό μοντέλο SIR

Κωνσταντίνος Αυγεράκης
ΑΜ 202100009

Επιβλέπων:
Δημήτριος Φραντζεσκάκης

Αθήνα, Σεπτέμβριος 2023

Abstract

This research project delves into the dynamics and epidemiological implications of the SIR (Susceptible-Infectious-Recovered) model, a fundamental framework in understanding the spread of infectious diseases. By examining the behavior of this dynamical system, we uncover insights with direct relevance to real-world epidemiology. Central to our investigation is the concept of the basic reproductive number \mathcal{R}_0 , a key parameter widely utilized in assessing the potential impact of pandemics, such as the ongoing COVID-19 crisis. Furthermore, we apply the Kermack-McKendrick approximations to the SIR model, leveraging these simplified frameworks to derive exact solutions under conditions where the approximations hold true, namely when the number of infectious individuals is substantially less than the susceptible population, or when the number of recovered individuals remains significantly below a predefined threshold. Finally, our results are put to use when we apply them in the context of a real life small scale epidemic, specifically the breakage of Bubonic Plague in Mumbai in 1906.

1 Πληθυσμιακά Μοντέλα (γενικά)

Αρχικά, απαραίτητο είναι να γίνει μία εισαγωγή στα πιο βασικά-γενικά πληθυσμιακά μοντέλα πριν αρχίσουμε να μελετάμε την εξειδικευμένη περίπτωση των επιδημιολογικών μοντέλων. Όσον αφορά τον συμβολισμό θα αναφερόμαστε σε έναν συνολικό πληθυσμό N , ο οποίος θα είναι συνάρτηση του χρόνου.

1.1 Μοντέλο του Malthus (1766-1834)

Το μοντέλο του Malthus, είναι εξαιρετικά απλοϊκό και στηρίζεται πάνω στον νόμο του Malthus, ο οποίος αναφέρει ότι η αύξηση ενός πληθυσμού θα έχει μορφή εκθετική, οπότε το αντίστοιχο μοντέλο προφανώς είναι:

$$\frac{dN}{dt} = rN, \quad r > 0$$

1.2 Η λογιστική Εξίσωση - Η εξίσωση Verhulst (1804-1849)

Παρόλο που το μοντέλο του Malthus είναι αρκετά λογικό, εμπεριέχει σφάλμα διότι στο βάθος του χρόνου υποδεικνύει ότι ο πληθυσμός N απειρίζεται, κάτι που δεν μπορεί να ισχύει μιας και σε μία καθημερινή κοινωνία, υπάρχουν όρια στους πόρους που προσφέρονται στον πληθυσμό, οι οποίοι για έναν πολύ μεγάλο αριθμό N δεν θα επαρκούν. Εδώ βρίσκει χρησιμότητα η εξίσωση του Verhulst κατά την οποία για μικρούς πληθυσμούς συμπεριφέρεται σαν το μοντέλο του Malthus, για πολύ μεγάλους πληθυσμούς έχουμε σημαντική μείωση του πληθυσμού και για σχετικά μεγάλους πληθυσμούς έχουμε αύξηση με ρυθμό αισθητά μικρότερο από τον εκθετικό. Στην συνέχεια παρατίθενται η απλή και η “γενικευμένη” μορφή αυτής της εξίσωσης:

$$\frac{dN}{dt} = rN \left(1 - \frac{N}{N_\infty} \right), \quad \text{όπου } r > 0 \text{ και } N_\infty = \lim_{t \rightarrow \infty} N(t)$$

$$\frac{dN}{dt} = rN^\alpha \left(1 - \left(\frac{N}{k} \right)^\beta \right)^\gamma, \quad \text{όπου } \alpha, \beta, \gamma, k > 0$$

1.3 Μοντέλο του Von Bertalanffy (1901-1972)

Το μοντέλο του Von Bertalanffy, αποτελεί μία ειδική περίπτωση της γενικευμένης λογιστικής εξίσωσης, και το χαρακτηρίζει η ασυμπτωτική συμπεριφορά του κατά την οποία ο πληθυσμός μας στο βάθος του

χρόνου προσεγγίζει μία τιμή έστω N_∞ . Γενικά, χρησιμοποιείται στην οικολογία για να μελετηθούν πληθυσμοί ψαριών. Η εξίσωση που περιγράφει το μοντέλο είναι η:

$$\frac{dN}{dt} = r(N_\infty - N)$$

1.4 Μοντέλο του Gompertz (1779-1865)

Το μοντέλο του Gompertz είναι ακόμα μία ειδική περίπτωση της γενικευμένης λογιστικής εξίσωσης. Στα πλαίσια αυτού του μοντέλου ο πληθυσμός N αλλάζει με αργό ρυθμό στην αρχή και στο τέλος της μελετούμενης χρονικής περιόδου (η λύση $N(t)$ έχει μορφή σιγμοειδούς συνάρτησης). Έχει χρησιμοποιηθεί για την μελέτη της πληθυσμιακής ανάπτυξης πτηνών, φυτών, ψαριών, βακτηρίων καθώς και κυττάρων καρκίνου. Η εξίσωση που αντιστοιχεί στο μοντέλο είναι η:

$$\frac{dN}{dt} = \alpha N \ln\left(\frac{\beta}{N}\right), \text{ όπου } \alpha, \beta > 0$$

2 Το μοντέλο SIR

Προτού αρχίσουμε να “χτίζουμε” το μοντέλο πρέπει να αναφερθούμε στις απαιτήσεις και τον συμβολισμό που θα χρησιμοποιήσουμε [3]. Γενικά ο πληθυσμός που θα μελετήσουμε θα απαιτήσουμε να είναι σε αριθμό σταθερός, δεν θα λάβουμε δηλαδή υπόψιν μας δημογραφικούς όρους (π.χ. γεννήσεις). Επίσης θα χωρίσουμε τον πληθυσμό σε τρεις κατηγορίες-κλάσεις από τις οποίες λαμβάνει και το μοντέλο το όνομα του, συγκεκριμένα αυτές θα είναι οι:

- S: Ευάλωτοι (Susceptible), οι οποίοι θα είναι όσοι είναι δυνατόν να κολλήσουν την ασθένεια αλλά κατά τ’άλλα είναι υγιείς.
- I: Μολυσμένοι (Infected), οι οποίοι θα είναι όσοι φέρουν την ασθένεια και έχουν την δυνατότητα να την μεταδώσουν.
- R: Αναρρώσαντες-Διεγγραμμένοι (Recovered-Removed) οι οποίοι είτε ξεπέρασαν την ασθένεια, είτε περιθωριοποιήθηκαν (π.χ. καραντίνα), είτε απεβίωσαν λόγω αυτής.

Με βάση αυτόν τον συμβολισμό λοιπόν είμαστε σε θέση να ορίσουμε αντίστοιχες συναρτήσεις του χρόνου για τον ολικό πληθυσμό $N(t) = N_0 = \text{constant}$, και για τις τρεις διαφορετικές κατηγορίες του $S(t)$, $I(t)$ και $R(t)$. Προφανώς τώρα θα ισχύει:

$$N_0 = S + I + R \quad (1)$$

Δύο ακόμα απαιτήσεις που θα κάνουμε, θα είναι ότι αρχικά αν δεν υπάρχουν μολυσμένοι τότε οι πληθυσμοί των κατηγοριών S και R παραμένουν απολύτως σταθεροί, καθώς και αν κάποιος ο οποίος κόλλησε την ασθένεια (και είχε περάσει στην κατηγορία I) και έπειτα την ξεπέρασε τότε αποκτά μόνιμη ανοσία και δεν είναι δυνατόν να ξανακολλήσει (περνάει στην R κατηγορία, όχι στην S). Εν συνεχεία, υποθέτουμε ότι αν υπάρχει έλλειψη ευάλωτων τότε οι μολυσμένοι μειώνονται με ρυθμό ο οποίος είναι ανάλογος με το πλήθος τους, δηλαδή:

$$\frac{dI}{dt} = -\gamma I$$

Τέλος, στο μοντέλο μας επίσης υποθέτουμε ότι οι ρυθμοί μεταβολής του πλήθους των S και I εξαρτώνται γραμμικά από το γινόμενο των δύο πληθυσμών, προφανώς με αντίθετο πρόσημο για την κάθε περίπτωση, αρνητικό για τον ρυθμό μεταβολής των ευάλωτων μιας και συνεχώς μειώνονται και θετικό για τον ρυθμό μεταβολής των μολυσμένων. Αυτό έρχεται σε συμφωνία με τον νόμο δράσης της μάζας ο οποίος σχετικά με την χημεία αναφέρει ότι η ταχύτητα των χημικών αντιδράσεων είναι ανάλογη με την ποσότητα των αντιδρώντων ουσιών, και μπορεί με παρόμοια λογική να εφαρμοστεί και εδώ. Τελικά καταλήγουμε στο εξής σύστημα:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (2\alpha)$$

$$\frac{dI}{dt} = +\beta SI - \gamma I \quad (2\beta)$$

$$\frac{dR}{dt} = +\gamma I \quad (2\gamma)$$

Φυσικά πρέπει να αναφερθούμε και στους δύο συντελεστές οι οποίοι εμφανίζονται στις εξισώσεις, συγκεκριμένα τους β και γ . Το β αποτελεί τον μέσο ρυθμό μετάδοσης της μελετούμενης ασθένειας, και συνολικά ο όρος βSI ταυτίζεται με τον μέσο αριθμό νέων κρουσμάτων στην μονάδα του χρόνου, ενώ το γ πρόκειται για τον μέσο ρυθμό ανάρρωσης από την μελετούμενη ασθένεια, και συγκεκριμένα το $\frac{1}{\gamma}$ εκφράζει τον μέσο χρόνο που χρειάζεται ένας μολυσμένος για να περάσει στους διαγραφμένους-αναρρώσαντες.

2.1 Λύση σε πεπλεγμένη μορφή

Εφοδιάζοντας τώρα το σύστημα μας με κατάλληλες αρχικές συνθήκες (S_0, I_0, R_0) , όλες προφανώς μεγαλύτερες του μηδενός, μπορούμε να προχωρήσουμε στην λύση του συστήματος. Αρχικά, όπως μπορούμε εύκολα να διακρίνουμε στις εξισώσεις (2α) και (2β) δεν εμφανίζεται πουθενά η κλάση R , οπότε αν λύσουμε το σύστημα μόνο αυτών των δύο εξισώσεων μπορούμε σύμφωνα με την εξίσωση (1) κατευθείαν να υπολογίσουμε και το R , άρα αυτή την τακτική θα ακολουθήσουμε [4]. Αρχικά ορίζουμε την συνάρτηση $f : (0, +\infty) \times \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ με τύπο $f(s, i) = -\beta i + \gamma \ln s - \beta s$ καθώς και την σύνθεση αυτής με τις συναρτήσεις (S, I) , δηλαδή την $F(t) = f \circ (S, I)$. Σύμφωνα με τις εξισώσεις (2α) και (2β) εξάγουμε ότι:

$$\frac{dS}{dt} = SI \frac{\partial f}{\partial i}(S, I)$$

$$\frac{dI}{dt} = -SI \frac{\partial f}{\partial s}(S, I)$$

Από τις προκείμενες εξισώσεις παρατηρούμε πλέον πολύ εύκολα:

$$\frac{dF}{dt} = \frac{\partial F}{\partial S} \frac{dS}{dt} + \frac{\partial F}{\partial I} \frac{dI}{dt} = 0$$

Και έτσι καταλήγουμε στην τελική λύση σε πεπλεγμένη μορφή:

$$I + S - \frac{\gamma}{\beta} \ln S = c, \text{ για κάποιο σταθερό } c \in \mathbb{R} \quad (3)$$

Τώρα έχοντας στα χέρια μας την σχέση (3), μας είναι εύκολο να φτιάξουμε ένα διάγραμμα φάσης από το οποίο θα μπορούμε να αντλήσουμε τις απαραίτητες πληροφορίες. Αυτό παρατίθεται στην συνέχεια:

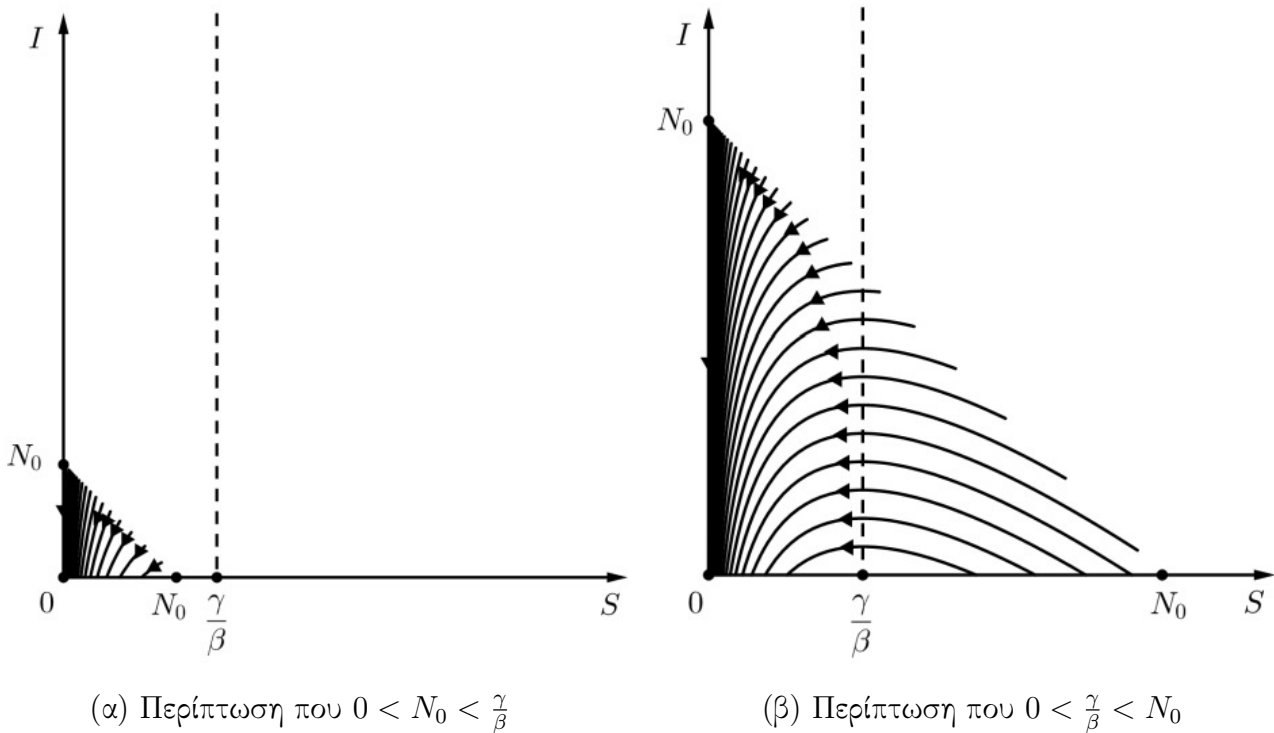


Figure 1: Διάγραμμα φάσης SI

Όπως παρατηρούμε το διάγραμμα έχει δύο δυνατές συμπεριφορές αναλόγως με την σχέση του $\frac{\gamma}{\beta}$ και του συνολικού πληθυσμού N_0 (κατ' επέκταση μπορούμε να πούμε και S_0 δίχως να αλλάζει το νόημα). Αν ισχύει $N_0 > \frac{\gamma}{\beta}$ τότε αρχικά παρατηρούμε αύξηση των μολυσμένων και μείωση των ευάλωτων και στην συνέχεια μείωση των μολυσμένων ώσπου να μηδενιστούν, σχήμα που μας παραπέμπει στο ξέσπασμα μίας επιδημίας έως ένα σημείο, στο οποίο αρχίζει να εξασθενεί και εν τέλει “σβήνει”. Στην περίπτωση τώρα που $N_0 < \frac{\gamma}{\beta}$ δεν φαίνεται να ξεσπάει ποτέ επιδημία, και οι λίγοι μολυσμένοι περνάνε στην κλάση R σχετικά άμεσα.

2.2 Επιδημιολογικά Συμπεράσματα

Μετά από την ανάλυση μας για την μορφή του διαγράμματος φάσης, κατανοούμε πλέον ότι μία επιδημία θα ξεσπάσει αν και μόνο αν ισχύει:

$$\boxed{\frac{\gamma}{\beta} < S_0 < N_0} \quad (4)$$

Δηλαδή υπάρχει το όριο-κατώφλι $\frac{\gamma}{\beta}$ για τον πληθυσμό των μολυσμένων, αποτέλεσμα που αποκαλείται θεώρημα κατωφλιού (ουδού) της Επιδημιολογίας (threshold theorem of Epidemiology). Έχοντας πλέον κατανοήσει τα παραπάνω οδηγούμαστε σε κάποιους βασικούς τρόπους αποτροπής του ενδεχόμενου ξεσπάσματος μίας ασθένειας, οι οποίοι είναι:

- Η μείωση του S_0 , πιθανώς με μία μέθοδο περιθωριοποίησης των μολυσμένων π.χ. καραντίνα.
- Η αύξηση του γ που δύναται να επιτευχθεί με κατάλληλη περίθαλψη των νοσούντων (στις δομές υγείας ή μέσω κατάλληλων φαρμάκων που ελαφρύνουν την ασθένεια), ώστε να αναρρώσουν το γρηγορότερο δυνατό.

- Η μείωση του β που μπορεί να πραγματοποιηθεί μόνο με μείωση κοινωνικών επαφών, η με μεγαλύτερη επιμέλεια για την προσωπική υγιεινή (λ.χ. χρήση μάσκας και αντισηπτικού).

Οφείλουμε βεβαίως να σημειώσουμε ότι αν στα πλαίσια αυτού του μοντέλου ξεσπάσει επιδημία, αυτή δεν θα βγεί ποτέ τόσο εκτός ελέγχου ώστε όλοι οι ευάλωτοι να κολλήσουν κάποια στιγμή την ασθένεια, και έτσι όταν καταλήξει σε ύφεση, πάντα κάποιο ποσοστό της κλάσης S παραμένει άθικτο.

2.3 Αδιαστατοποίηση του προβλήματος

Στην συνέχεια αδιαστατοποιούμε τις εξισώσεις μας για να καταλήξουμε στην πιο ευρέως χρησιμοποιούμενη εκδοχή του SIR μοντέλου [4]. Αυτό θα το πραγματοποιήσουμε χρησιμοποιώντας δύο χαρακτηριστικά μεγέθη του προβλήματος μας, ένα από αυτά θα είναι ο συνολικός πληθυσμός N_0 με τον οποίο μπορεί να συγκριθεί κάθε κλάση, και το άλλο θα είναι ο συντελεστής γ ο οποίος έχοντας μονάδες s^{-1} συνδυάζεται με την ανεξάρτητη μεταβλητή του χρόνου. Οπότε πραγματοποιούμε τις εξής αλλαγές στις μεταβλητές μας:

$$S \rightarrow S_\alpha = \frac{S}{N_0} \quad I \rightarrow I_\alpha = \frac{I}{N_0} \quad R \rightarrow R_\alpha = \frac{R}{N_0} \quad t \rightarrow \tau = \gamma t$$

Με τετριμμένους πλέον υπολογισμούς το σύστημα μας καταλήγει στην μορφή:

$$\frac{dS_\alpha}{d\tau} = -\mathcal{R}_0 S_\alpha I_\alpha \quad (5\alpha)$$

$$\frac{dI_\alpha}{d\tau} = +\mathcal{R}_0 S_\alpha I_\alpha - I_\alpha \quad (5\beta)$$

$$\frac{dR_\alpha}{d\tau} = +I_\alpha \quad (5\gamma)$$

Αυτό που επιτύχαμε φτιάχνοντας το αδιάστατο πρόβλημα, είναι η μείωση των συντελεστών μας σε μόνο έναν, τον \mathcal{R}_0 , ο οποίος ονομάζεται βασικός αριθμός αναπαραγωγής (basic reproductive number) και ορίζεται ως:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta N_0}{\gamma} \quad (6)$$

Ο ίδιος ο \mathcal{R}_0 εκφράζει πρακτικά τον μέσο αριθμό κρουσμάτων που θα προκαλέσει ένας μολυσμένος αν βρεθεί ανάμεσα σε αποκλειστικά ευάλωτους. Ανακεφαλαιώνοντας τώρα μπορούμε να εκφράσουμε τα προηγούμενα συμπεράσματα σε σχέση με τον \mathcal{R}_0 . Συνδυάζοντας λοιπόν τις εξισώσεις (4) και (6) καταλήγουμε ότι ικανή και αναγκαία συνθήκη για να ξεσπάσει μία επιδημία είναι η:

$$1 < \mathcal{R}_0 S_{\alpha_0} < \mathcal{R}_0 \quad (7)$$

Ή στην περίπτωση όπου $S_{\alpha_0} \neq 0$ και $S_{\alpha_0} \neq 1$ ισοδύναμα:

$$\mathcal{R}_0 > \frac{1}{S_{\alpha_0}} \quad (8)$$

Οπότε:

- Αναγκαία συνθήκη για να ξεσπάσει μία επιδημία είναι η $\mathcal{R}_0 > 1$.
- Ικανή συνθήκη για να μην ξεσπάσει μια επιδημία είναι η $\mathcal{R}_0 \leq 1$.

Αξιίζει να σημειωθεί, η ευκολία που προσδίδει ο βασικός αριθμός αναπαραγωγής όσον αφορά την ποσοτικοποίηση του πόσο δύσκολα ελεγχόμενη είναι μία επιδημία, και γι' αυτό προτιμάται για την περιγραφή ενός νοσήματος. Ειδικότερα, όσο μεγαλύτερος είναι ο \mathcal{R}_0 από τον αριθμό ένα, τόσο πιο “ανεξέλεγκτη” είναι και η επιδημία. Ενδεικτικά, θα αναφερθούμε στις προσεγγιστικές τιμές που λαμβάνει ο \mathcal{R}_0 σε κάποιες από τις πιο επίκαιρες-γνωστές ασθένειες, συγκεκριμένα:

- Η πρώτη εκδοχή του COVID-19 έχει $2.4 < \mathcal{R}_0 < 3.4$
- Η μετάλλαξη Άλφα του COVID-19 έχει $4.0 < \mathcal{R}_0 < 5.0$
- Η μετάλλαξη Δέλτα του COVID-19 έχει $\mathcal{R}_0 \approx 5.1$
- Η μετάλλαξη Όμικρον του COVID-19 έχει $\mathcal{R}_0 \approx 9.5$
- Ο SARS είχε $2.0 < \mathcal{R}_0 < 4.0$
- Η κοινή Γρίπη έχει $1.2 < \mathcal{R}_0 < 1.4$
- Η Ιλαρά έχει $10 < \mathcal{R}_0 < 12$
- Η Ανεμοβλογιά έχει $12 < \mathcal{R}_0 < 18$

Έχοντας στο νου τα δεδομένα αυτά, παρατηρούμε ότι ο COVID-19 ξεπερνάει αρκετά τα επίπεδα μίας “απλής Γρίπης” (στις τελευταίες του μεταλλάξεις εντυπωσιακά πολύ), ενώ η ιλαρά και η ανεμοβλογιά ποσοτικά και μόνο ανήκουν στις πολύ μεταδοτικές ασθένειες.

2.4 Οι εκτιμήσεις Kermack-McKendrick

Επαναφέρουμε την προσοχή μας στο αρχικό σύστημα (2), ώστε να αναφερθούμε στις ευρέως γνωστές εκτιμήσεις του Kermack και του McKendrick οι οποίες είναι δύο σε αριθμό [2].

2.4.1 Η μεταβολή του S

Η πρώτη εκτίμηση έχει να κάνει με μία πρόβλεψη που μπορούμε να κάνουμε για τον αριθμό των ευάλωτων που τελικά θα κολλήσουν το νόσημα. Συγκεκριμένα η πρόβλεψη αυτή μπορεί να επιτευχθεί αν δεχτούμε τις εξής υποθέσεις:

- Ο αρχικός αριθμός των ευάλωτων S_0 ξεπερνάει το “κατώφλι” $\frac{\gamma}{\beta}$ αλλά όχι κατά πολύ, δηλαδή $S_0 = \frac{\gamma}{\beta} + \kappa$, όπου $\kappa \ll \frac{\gamma}{\beta}$.
- Αν ο αρχικός αριθμός των μολυσμένων I_0 είναι πολύ μικρότερος από τον αρχικό αριθμό των ευάλωτων S_0 , δηλαδή $I_0 \ll S_0$

Επαναφέρουμε τώρα την προσοχή μας στην εξίσωση (3) την οποία εφοδιάζουμε και με τις αρχικές συνθήκες του προβλήματος, και καταλήγουμε:

$$I + S - \frac{\gamma}{\beta} \ln S = I_0 + S_0 - \frac{\gamma}{\beta} \ln S_0 \Rightarrow I - I_0 + S - S_0 - \frac{\gamma}{\beta} \ln \frac{S}{S_0} = 0$$

Εν συνεχεία, λαμβάνουμε το όριο όπου $t \rightarrow +\infty$, με αποτέλεσμα ο όρος I να μηδενιστεί (στο μοντέλο που χτίσαμε, τελικά η επιδημία εξασθενεί και εξαφανίζεται στο βάθος του χρόνου). Επίσης, χρησιμοποιώντας την δεύτερη μας υπόθεση ότι $I_0 \ll S_0$ αγνοούμε τον όρο I_0 , και τέλος συμβολίζουμε $\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S_\infty$, άρα γράφουμε:

$$S_\infty - S_0 - \frac{\gamma}{\beta} \ln \left(1 - \left(\frac{S_0 - S_\infty}{S_0} \right) \right) = 0$$

Αν τώρα λάβουμε υπόψιν ότι το κλάσμα εντός του λογάριθμου είναι αρκούντως μικρό (έρχεται σε συμφωνία με τις υποθέσεις που κάναμε προηγουμένως) μπορούμε να εκτιμήσουμε τον λογάριθμο με βάση το ανάπτυγμα Taylor. Συγκεκριμένα κρατάμε μέχρι τετραγωνικούς όρους και καταλήγουμε:

$$S_\infty - S_0 + \frac{\gamma}{\beta} \left(\frac{S_0 - S_\infty}{S_0} \right) + \frac{\gamma}{2\beta} \left(\frac{S_0 - S_\infty}{S_0} \right)^2 \approx 0$$

Τώρα λύνουμε ως προς $S_0 - S_\infty$ και προκύπτει:

$$S_0 - S_\infty \approx 2S_0 \left(\frac{\beta}{\gamma} S_0 - 1 \right) = \frac{2\beta}{\gamma} \left(\frac{\gamma}{\beta} + \kappa \right) \kappa \approx 2\kappa$$

Καταλήξαμε λοιπόν ότι αν οι αρχικά ευάλωτοι, σε αριθμό είναι $S_0 = \frac{\gamma}{\beta} + \kappa$ και τηρούνται οι προαναφερθείσες υποθέσεις τότε μια καλή προσέγγιση για τον τελικό αριθμό των ευάλωτων που θα νοσήσουν είναι 2κ . Πολλοί συγγραφείς, αναφέρονται σε αυτό το αποτέλεσμα ως θεώρημα ουδού της Επιδημιολογίας (threshold theorem of Epidemiology) και όχι αυτό που αναφέραμε στο κεφάλαιο 1.2.

2.4.2 Το R και το $\frac{dR}{dt}$

Η δεύτερη εκτίμηση, έχει ως κύριο θέμα τον προσδιορισμό μίας έκφρασης για τον πληθυσμό κλάσης R σε συνάρτηση με τον χρόνο καθώς και για μία έκφραση για τον ρυθμό μεταβολής αυτού. Αρχίζουμε ξανά από την εξίσωση (3) και σε συνδυασμό με την (1) προκύπτει:

$$R + \frac{\gamma}{\beta} \ln S = c \Rightarrow S = S_0 e^{-\frac{\beta}{\gamma} R}, \text{ υποθέσαμε } R_0 = 0 \quad (9)$$

Συνδυάζοντας τώρα την (2γ) με την (1) και την (9) καταλήγουμε στην εξής έκφραση:

$$\frac{dR}{dt} = \gamma (N_0 - R - S_0 e^{-\frac{\beta}{\gamma} R})$$

Μέσω αυτής της έκφρασης δεν είναι δυνατό να προσδιορίσουμε αναλυτικά το $R(t)$, οπότε στα πλαίσια αυτής της εκτίμησης θα μελετήσουμε την εξίσωση στη περίπτωση όπου η επιδημία δεν θεωρείται πολύ “μεγάλη”. Η επιδημία δεν θα θεωρηθεί μεγάλη, αν απαιτήσουμε ο πληθυσμός R καθ’ολη την διάρκεια της ασθένειας να παραμείνει πολύ μικρότερος από το $\frac{\gamma}{\beta}$, δηλαδή όταν $\lim_{t \rightarrow \infty} R(t) \ll \frac{\gamma}{\beta}$. Την υπόθεση αυτή θα την χρησιμοποιήσουμε για να προσεγγίσουμε το εκθετικό με το αντίστοιχο ανάπτυγμα Taylor. Κρατώντας έως τετραγωνικούς όρους στο ανάπτυγμα καταλήγουμε στην εξίσωση:

$$\frac{dR}{dt} \approx \gamma \left(N_0 - S_0 + \left(\frac{S_0 \beta}{\gamma} - 1 \right) R - \frac{S_0 \beta^2}{2\gamma^2} R^2 \right)$$

Η μορφή που προέκυψε, πρόκειται για μία απλή συνήθης διαφορική εξίσωση Riccati [1] με σταθερούς συντελεστές, της οποίας η λύση προκύπτει μέσω της απλούστατης μεθόδου χωριζόμενων μεταβλητών, καθώς τα εμφανιζόμενα ολοκληρώματα έχουν να κάνουν με απλές ρητές συναρτήσεις. Η λύση που θα προκύψει τελικά θα είναι:

$$R(t) \approx \frac{\gamma^2}{S_0 \beta^2} \left(\frac{S_0 \beta}{\gamma} - 1 + \alpha \tanh(\varphi(t)) \right) \quad \frac{dR}{dt} \approx \frac{\alpha^2 \beta^2}{2S_0 \gamma} \operatorname{sech}^2(\varphi(t))$$

όπου τα $\varphi(t)$ και το α είναι:

$$\varphi(t) = \frac{1}{2} \alpha \gamma t - \xi, \quad \alpha = \left(\left(\frac{S_0 \beta}{\gamma} - 1 \right)^2 + \frac{2S_0(N_0 - S_0)\beta^2}{\gamma^2} \right)^{\frac{1}{2}}, \quad \xi = \tanh^{-1} \left(\frac{1}{\alpha} \left(\frac{S_0 \beta}{\gamma} - 1 \right) \right)$$

Σημειώνουμε ότι η έκφραση για το $\frac{dR}{dt}$ χρησιμοποιήθηκε από τους Kermack-McKendrick για να προσεγγιστούν τα πραγματικά δεδομένα που είχαν, όσον αφορά τους εβδομαδιαίους θανάτους που προκλήθηκαν από ένα ξέσπασμα βουβωνικής πανώλης στο Μουμπάι στην Ινδία, που διήρκεσε από τον Δεκέμβριο του 1905 έως και τον Ιούλιο του 1906. Η συγκεκριμένη συνάρτηση που χρησιμοποιήθηκε ήταν η $890 \operatorname{sech}^2(0.2t - 3.4)$ όπου το t μετριόταν σε εβδομάδες.

Στην συνέχεια, παραθέτουμε το αντίστοιχο διάγραμμα που έφτιαξαν οι Kermack-McKendrick, στο οποίο μπορεί να γίνει η σύγκριση των πραγματικών δεδομένων (μαύρες κουκίδες) με την καμπύλη που αναφέραμε προηγουμένως:

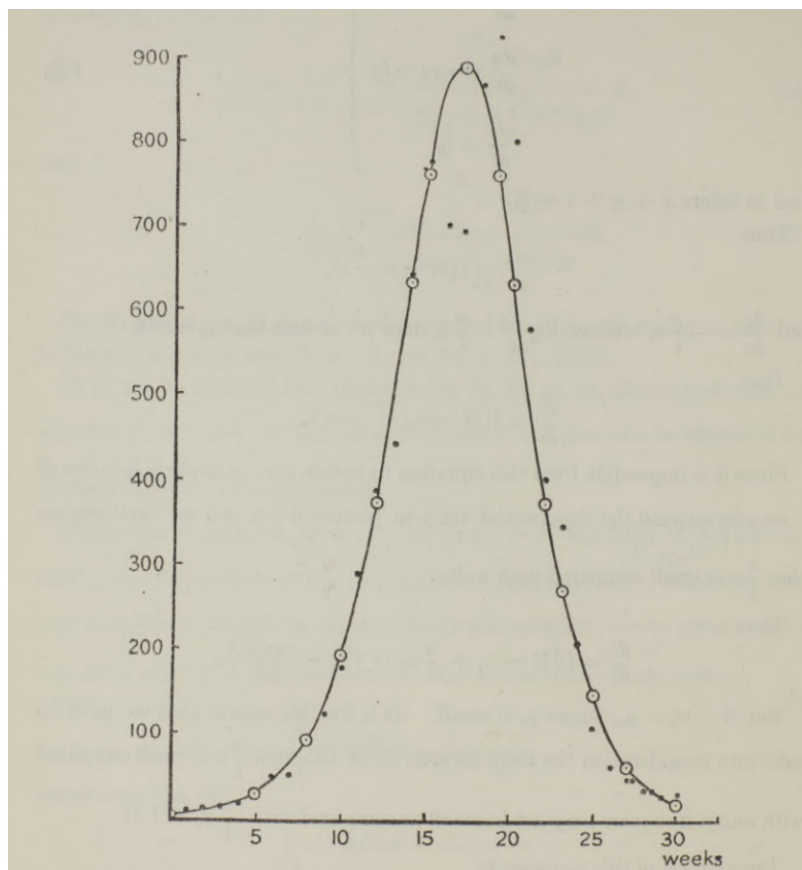


Figure 2: Διάγραμμα θανάτων-χρόνου από το ξέσπασμα βουβωνικής πανώλης στο Μουμπάι, βλ.[2]

Συμπεράσματα

Έπειτα από την ανάλυση που κάναμε είναι εύκολο να δει κανείς πόσο βοηθητικά είναι τα μαθηματικά μοντέλα συνήθων διαφορικών εξισώσεων για την μελέτη οποιουδήποτε είδους πληθυσμιακού μοντέλου, και ειδικότερα όπως είδαμε εμείς, επιδημιολογικού μοντέλου. Προφανώς το μοντέλο που μελετήσαμε είναι εξαιρετικά απλοϊκό, και οι υποθέσεις που κάναμε απέχουν αρκετά από την πραγματικότητα και την συμπεριφορά μίας επιδημίας ή πανδημίας όπως αυτή του COVID-19 με την οποία όλοι ήρθαμε αντιμέτωποι πρόσφατα. Η απλοϊκότητα όμως του μοντέλου κρύβει και την περισσότερη χρησιμότητα του, διότι οι προβλέψεις και οι περιγραφές που μας δίνει, μπορούν να μας βοηθήσουν εκτενώς όσον αφορά την κατανόηση μας για τις χρονικές εξελίξεις των διαφόρων νοσημάτων. Αυτό το παρατηρήσαμε και στο κομμάτι των επιδημιολογικών συμπερασμάτων, τα οποία βασίζονται σε λογική η οποία ανέκαθεν χρησιμοποιείται ως προς την αντιμετώπιση των επιδημιών, καθώς και στην εισαγωγή στον βασικό αριθμό αναπαραγωγής R_0 ο οποίος ξεφεύγει από το SIR και χρησιμοποιείται γενικά στην επιστήμη της Επιδημιολογίας. Γι' αυτό και οι δυνατότητες που έχουμε για την κατασκευή ενός επιδημιολογικού μοντέλου δεν τελειώνουν στο SIR, πρακτικά από εκεί αρχίζουν, αφού πλέον έχοντας μία σταθερή βάση μπορούμε να χτίσουμε πάνω σε αυτήν, βελτιστοποιώντας όσο το δυνατόν περισσότερο τα μοντέλα μας, και προσεγγίζοντας ολοένα και περισσότερο την πραγματικότητα.

Βιβλιογραφία

- [1] ΓΗ Αλικάκος και ΝΔ Καλογερόπουλος. *συνήθεις διαφορικές εξισώσεις. Σύγχρονη Εκδοτική, Αθήνα*, 2003.
- [2] W. O. Kermack and A. G. McKendrick. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character*, 115(772):700–721, 1927.
- [3] Νικόλαος Παπάλας. Μαθηματικά μοντέλα επιδημιολογίας τύπου SIR και η εφαρμογή τους στη διάδοση του covid-19, <https://apothesis.eap.gr/archive/item/75138>. 2021.
- [4] Νικόλαος Γιαλελής Βασιλική Μπιτσούνη και Ιωάννης Στρατής. Μία εισαγωγή στη μαθηματική βιολογία. 2023.