

Model SIR z zaburzeniem

Maciej Czerkawski

10 czerwca 2020

1 Model SIR

Model SIR jest modelem epidemiologicznym, gdzie zakłada się następujący schemat transferu stanu osobników:

$$S \longrightarrow I \longrightarrow R$$

,gdzie:

S - osobniki podatne (ang. Susceptible)
I - osobniki zainfekowane (ang. Infected)
R - osobniki ozdrowiałe (ang. Recovered)

Założenia modelu:

1. Przyrost w grupie osobników zainfekowanych jest proporcjonalny do ilości osobników zainfekowanych i do ilości osobników podatnych
2. Przyrost osobników ozdrowiałych jest proporcjonalny do ilości osobników aktualnie chorych.
3. Okres inkubacji jest zaniedbywany, tzn. osobnik, który się zaraził jest chory natychmiast.
4. Każdy osobnik ma jednakowe prawdopodobieństwo spotkania innego osobnika.

1.1 Deterministyczne równania modelu SIR

Zgodnie z założeniami modelu SIR dla przypadku deterministycznego określone są następujące równania(Kermacka-McKendricka):

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

Warto zauważyć, że dla deterministycznego przypadku, zakładamy stałą liczebność populacji, jest ona niejako wbudowana w model - $\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0$

1.2 Stochastyczne równania modelu SIR

Korzystając z faktu, że stochastyczne równania różniczkowe możemy zapisać w postaci:

$$dX_t = a * (X_t)dt + b(X_t)dW_t$$

,gdzie:

X_t - analizowana wielkość
 a - czynnik dryfu
 b - czynnik dyfuzji
 dW_t - proces Wienera

dodano do równań deterministycznych opisujących model SIR komponentę stochastyczną i otrzymano następujące równania:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \left(-\frac{\beta IS}{N}\right)dt + \sigma_S dW_t \\ \frac{dI}{dt} &= \left(\frac{\beta IS}{N} - \gamma I\right)dt + \sigma_I dW_t \\ \frac{dR}{dt} &= (\gamma I)dt + \sigma_R dW_t\end{aligned}$$

,gdzie na potrzeby symulacji stochastycznego modelu SIR będą ustalane różne wartości $\sigma_S, \sigma_I, \sigma_R$. Powyższe równania można rozwiązać przy pomocy metody Eulera-Maruyamy, gdzie zgodnie z założeniami SRR(stochastycznych równań różniczkowych) czas został podzielony na części o długości dt oraz dla każdego kroku czasowego oraz każdej grupy modelu SIR zrealizowano równanie:

$$\begin{aligned}S_t &= \left(-\frac{\beta I_{t-1} S_{t-1}}{N}\right)dt + \sigma_S dW_t \\ I_t &= \left(\frac{\beta I_{t-1} S_{t-1}}{N} - \gamma I_{t-1}\right)dt + \sigma_I dW_t \\ R_t &= (\gamma I_{t-1})dt + \sigma_R dW_t\end{aligned}$$

Na potrzeby symulacji przyjęto, że proces Wienera ma rozkład normalny o średniej równej zero i odchyleniu standardowym wynoszącym jeden $N(\mu = 0, \sigma = 1, dt)$.

2 Wyniki symulacji

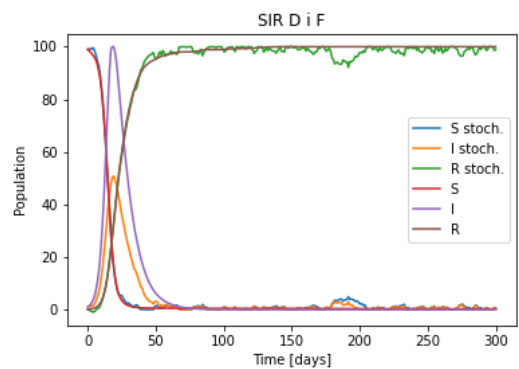
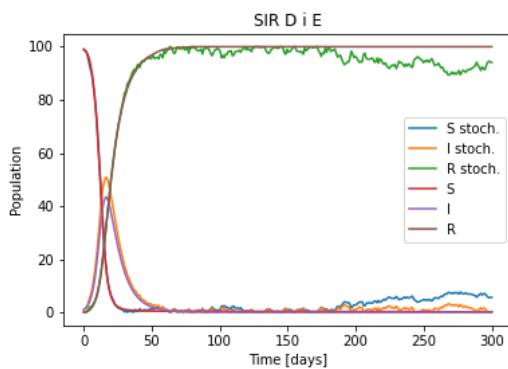
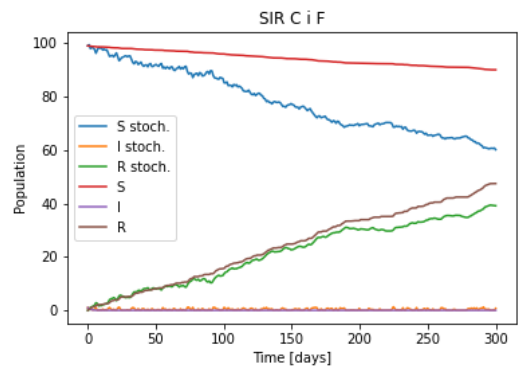
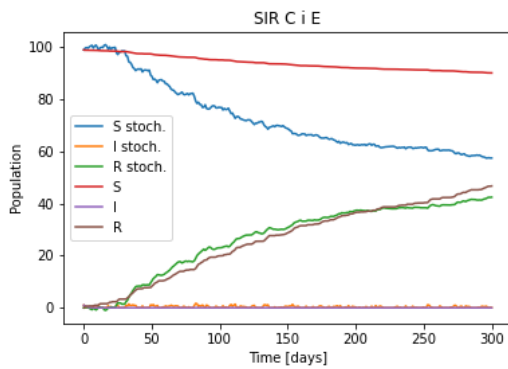
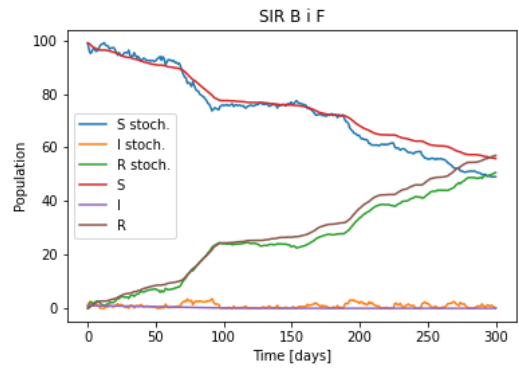
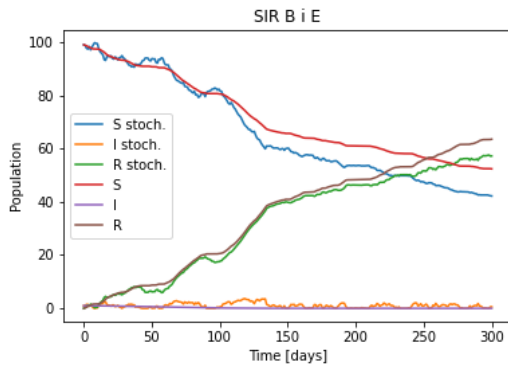
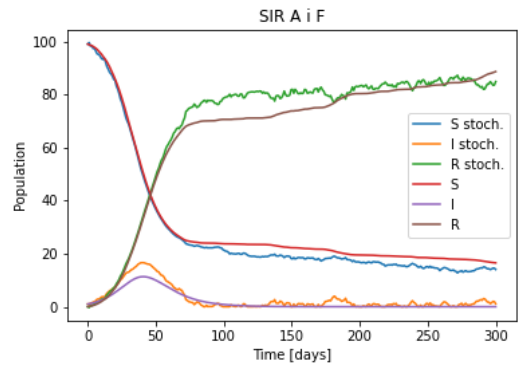
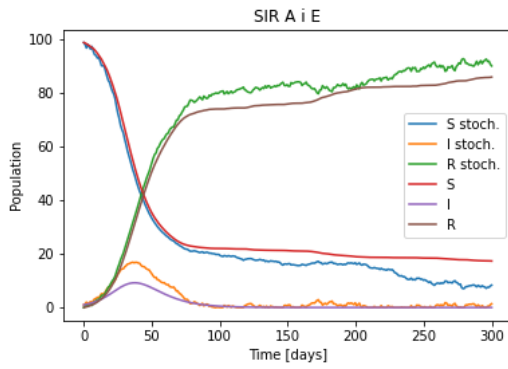
W pierwszej kolejności określono zestawy parametrów deterministycznych dla przeprowadzonych symulacji:

$$\begin{array}{ll} \text{A. } \beta = 0.2 \quad \gamma = 0.1 & \text{B. } \beta = 0.2 \quad \gamma = 0.2 \\ \text{C. } \beta = 0.1 \quad \gamma = 0.5 & \text{D. } \beta = 0.5 \quad \gamma = 0.1 \end{array}$$

Następnie utworzono kombinacje powyższych z różnymi wartościami $\sigma_S, \sigma_I, \sigma_R$:

$$\text{E. } \sigma_S = 1.0 \quad \sigma_I = 0.5 \quad \sigma_R = 0.3 \qquad \text{F. } \sigma_S = 0.5 \quad \sigma_I = 0.5 \quad \sigma_R = 0.5$$

Wszystkie osiem wykresów umieszczono na następnej stronie raportu.



Na powyższych wykresach wykreślono przebiegi deterministyczne oraz stochastyczne dla różnych wartości parametrów, tak jak w zestawach parametrów.

3 Wnioski

Obserwując przebiegi dla A i E oraz A i F zauważamy, że krzywa podatności S w początkowym okresie epidemii zachowuje się w sposób zbliżony. Ponadto dla tych zestawów krzywa I w początkowym etapie jest zlokalizowana ponad krzywą deterministyczną, co odbija się wyższą pozycją krzywej stochastycznej R w dalszym okresie epidemii. Ze względu na współczynnik zawarte w zestawie A opisywana jest sytuacja, w której epidemia się rozwija w sposób szybki.

Przebiegi dla B i E oraz B i F pokazują dość dużą nieregularność zarówno przebiegu stochastycznego jak i deterministycznego, ze względu na dobranie jednakowych współczynników β oraz γ . Obserwujemy, że dla zestawu E szybciej dochodzi do przecięcia się krzywej S z krzywą R niż dla zestawu F, co spowodowane jest różnicą we współczynnikach σ .

Przebiegi C i F oraz B i F prezentują sytuację w której nie możemy mówić o rozprzestrzenianiu się epidemii, ze względu na wartość współczynników β oraz γ . Warto zauważyć, że stochastyczna krzywa podatności znajduje się znacznie poniżej krzywej teoretycznej, zachorowania występują jednak co jakiś czas, najprawdopodobniej pojedynczo.

Przebiegi D i E oraz D i E prezentują sytuację szybkiego rozwoju epidemii, gdzie zauważalny jest bardzo szybkie zarażenie całej populacji, w przypadku krzywej teoretycznej dla D i F widzimy niemal natychmiastowe zarażenie całej populacji, procesy stochastyczne znaczenie osłabiają wzrost liczby zarażonych i rozkładają je w czasie.