

Математическо моделиране в епидемиологията  
SIR модел

Тихомир Божков

Септември 2018

# Съдържание

1	Въведение . . . . .	2
2	SIR модел . . . . .	3
3	Числени резултати . . . . .	5
	3.1 Явен метод на Ойлер . . . . .	5
	3.2 Параметрична идентификация . . . . .	6
4	Заклучение . . . . .	10
	<b>Библиография</b>	<b>14</b>

# 1 Въведение

Историята на епидемиите е една забележителна тема. Болести като Черната смърт, голямата чума в Лондон от 1665г. и дори обикновена настинка са смятани за нелечими в миналото, а сега се лекуват за дни, дори за часове. Това е възможно благодарение на развитието на медицината и технологиите. Съвременната технология ни помага да предвидим и ограничим появата и разрастването на такива болести. В днешно време са разработени математически модели, с помощта на които могат да бъдат описани различни биологични процеси. Вследствие на това, на база на исторически данни много от епидемиите в миналото са били изследвани и тяхното поведение във времето е описано с математически модели.

SIR моделът е прост модел на епидемия причинена от инфекциозна болест при голяма популация. Нека популацията, която разглеждаме, се състои от три групи индивиди на податливи към зараза, на инфектирани от заразата и на оздравелите. Ще изведем математическия модел като опишем изменението на броя на податливите, инфектираните и оздравелите спрямо единицата за време  $t$  с три диференциални уравнения.

## 2 SIR модел

Какво представлява SIR моделът?



Фигура 1: Графично представяне на SIR модела

Да означим с  $S$  броя на податливите към зараза, които не са били, но могат да бъдат инфектирани, с  $I$ -броя на инфектираните, които са заразени и могат да предадат болестта на податливите, а с  $R$ -броя на възстановилите се от заразата. Последните може да са или да не са заразени, но не могат да станат инфектирани и не могат да предават болестта. Те може да имат натурален имунитет или да са се излекували от болестта, или може да са заразени, но да са неспособни да я предават на друг (например, защото са били под карантина), или са починали. Математическият модел не разграничава тези възможности.

Нова инфекция възниква в резултат на контакт между инфектирани и податливи. Тъй като моделът не описва преминаване от групата на инфектираните към групата на податливите и преминаване от групата на оздравелите към групата на податливите следва, че броят на податливите ще намалява.

SIR моделът се базира на следните допускания:

- Моделът, който ще разгледаме, предполага времева скала, достатъчно малка, така че естествените раждаемост и смъртност (т.е. смъртност, различна от тази причинена от болестта) може да бъде пренебрегната.
- Общото население е константа  $S + I + R = N$ , където  $N$  е числеността на популацията.
- Случаят, при който  $I = 0$ , не представлява интерес, защото ако няма инфектирани хора в популацията, няма да се наблюдава зараза.
- Моделът включва само едностранното преминаване  $S \rightarrow I \rightarrow R$  (Виж Фигура 1).
- Предполагаме, че броят на податливите се изменя пропорционално на срещите им с инфектираните, с коефициент на пропорционалност  $a$ , описващ възможността някой от индивидите да се зарази при една такава среща.
- В  $SIR$  модела, няма друг начин индивидите да влязат или да напуснат групата на податливите, т.е броят им ще намалява, затова този процес се описва с диференциалното уравнение:

$$\frac{dS}{dt} = -aS(t)I(t). \quad (1)$$

- Предполагаме, че изменението на броят на инфектираните е пропорционално на броят им за положителен константен коефициент  $r$ , който показва шанса инфектираният да оздравее. По този начин получаваме останалите две диференциални уравнения:

$$\frac{dI}{dt} = aS(t)I(t) - rI(t), \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = rI(t). \quad (3)$$

В резултат на тези допускания, получаваме система диференциални уравнения, която описва процеса на заразяване при *SIR* епидемиологията, която изглежда по следния начин:

$$\frac{dS}{dt} = -aS(t)I(t)$$

$$\frac{dI}{dt} = aS(t)I(t) - rI(t) \quad (4)$$

$$\frac{dR}{dt} = rI(t).$$

### 3 Числени резултати

Ще валидираме модела (4), като го приложим за моделиране на епидемия в английски интернат от 1978 г. Характерно за тази епидемия е че се появява внезапно и се отнася за кратък период от време. За численото решаване на (4) е използван методът на Ойлер. Началните условия за модела са  $S(0) = S_0 = 762$ ,  $I(0) = I_0 = 1$ ,  $R(0) = R_0 = 0$  (Виж [1]). Коефициентът  $r$  е взет със стойност 0.44036 от биологични съображения, а стойността на коефициента  $a$  получаваме чрез метода на най-бързото спускане (Виж Приложение 2).

#### 3.1 Явен метод на Ойлер

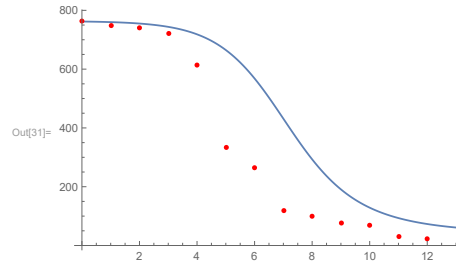
За моделирането на епидемиологията в Лондон използвахме коефициентите  $a = 0.00177$  и  $r = 0.44036$  (Виж [1]). За намирането на численото решение на системата диференциални уравнения, използвахме явния метод на Ойлер (Виж Приложение 1).

Приближавайки производните в (4) с разлика напред (Виж Приложение 1) построяваме следната числена схема:

$$\begin{aligned} s_{j+1} &= s_j + h(-as_j i_j), \\ i_{j+1} &= i_j + h(as_j i_j - r i_j), \\ r_{j+1} &= r_j + h(r i_j), \end{aligned}$$

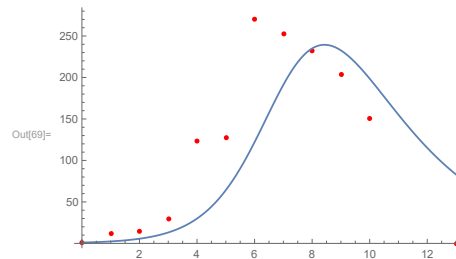
където  $s_j$ ,  $i_j$ ,  $r_j$  са приближените решения за системата диференциални уравнения съответно за  $S, I, R$  в  $t_j$ .

Следвайки от [1] за начални данни използваме  $S(0) = S_0 = 762$ ,  $I(0) = I_0 = 1$ ,  $R(0) = R_0 = 0$ . Съответните приближени решения за  $S, I$  и  $R$  са изобразени съответно на Фигури 2, 3 и 4.



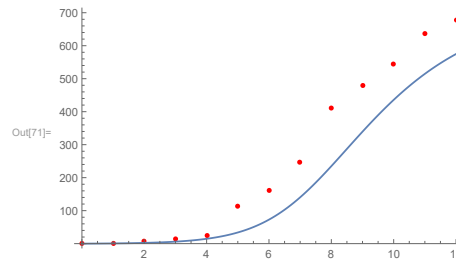
Фигура 2: Изменение на групата на податливите. С непрекъсната линия-приближеното решение, а с точки-реалните данни.

Забелязваме, че броят на податливите единствено намалява до достигане на краен момент, в който всички податливи ще оздравеят или ще преминат в друга група.



Фигура 3: Изменение на групата на инфектираните. Със непрекъсната линия са изобразени приближените решения за инфектираните, а с точки са отбелязани реалните данни.

От Фигура 3 вижда ме, че в началния момент броят на инфектираните се увеличава до даден момент, в който епидемията достига върхната си точка, а след това намалява до момент, в който всички индивиди от групата на инфектираните са преминали в групата на оздравелите.



Фигура 4: Изменение на групата на оздравелите. С непрекъсната линия е отбелязано приближеното решение за групата на оздравелите, а с точки са отбелязани реалните данни за оздравелите.

При Фигура 4 забелязваме, че броят на оздравелите се увеличава до достигане на момент, в който всички индивиди от популацията не преминават в групата на оздравелите.

От графиките се вижда, че след прилагането на явния метод на Ойлер приближените решения са близки до реалните. От това следва, че математическият модел описва добре експерименталните данни.

### 3.2 Параметрична идентификация

Ще разгледаме епидемията за 14-дневен период, като са дадени измервания на всеки 24 часа (Виж Таблица 1). Наблюдаваната от нас популация се състои от 763 човека. В началния момент податливите са 762, а заразените е 1, респективно оздравелите са 0. Вероятността индивид от групата на инфектираните да оздравее е  $r = 0.44036$ .

Таблица 1: Реални данни за грипна епидемия в Англия от 1978г.

Време(в дни)	Податливи	Инфектирани	Оздравели
0	762	1	0
1	750	12	1
2	740	15	8
3	721	29	13
4	613	124	26
5	332	128	113
6	264	270	161
7	119	252	247
8	99	232	412
9	78	204	481
10	68	150	545
11	30	96	637
12	22	62	679
13	0	0	763

Чрез метода на най-бързото спускане (Виж Приложение 2) ще определим коефициента  $a$  като целта ни е решението да е максимално близко да реалните данни.

$$\sum_{k=0}^{13} ((S(t_k) - s_k)^2 + (I(t_k) - i_k)^2 + (R(t_k) - r_k)^2),$$

където  $s_k$ ,  $i_k$  и  $r_k$  са реалните данни от Таблица 1 в моментите от време  $t_k$  съответно за податливи, инфектирани и оздравели, а  $S(t_k)$ ,  $I(t_k)$  и  $R(t_k)$  са съответните стойности на решенията на (4).

Избираме начално приближение  $a_0 = 1$  и построяваме редица от приближения  $a_0, a_1, \dots, a_n$ , където  $a_n$  е резултатът от метода на най-бързото спускане. След краен брой итерации получаваме, че стойността на параметъра  $a$  е 0.001767.

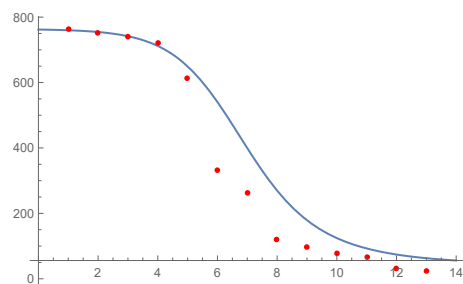
{0.126048, 0.0146776, 0.00427557, 0.00268074, 0.00176725, 0.00176725}

Фигура 5: Стойности на коефициента  $a$  по време на итериране, получени чрез метода на най-бързото спускане

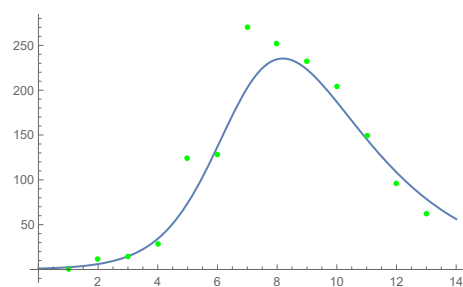
За така получените стойности на параметрите  $a$  и  $r$  получаваме решения изобразени на Фигури 6, 7, 8.

На Фигура 6 резултати са взети за коефициенти  $a = 0.00177$  и  $r = 0.44036$ . Получените резултати са близки до тези в [1].

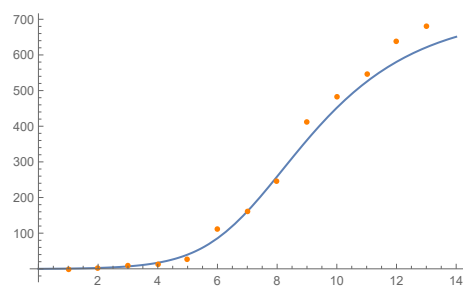




Фигура 6: Графика на групата на податливите с приближено решение получено чрез параметрична идентификация за  $a$ . Вземаме реалното решение за податливите отбелязано с точки от Таблица 1, а с непрекъсната линия е приближеното решение.



Фигура 7: Графика на групата на инфектираните с приближено решение получено чрез параметрична идентификация за  $a$ . Реалните данни са отбелязани с точки, а приближеното решение е отбелязано с непрекъсната линия.



Фигура 8: Графика на групата на оздравелите с приближено решение получено чрез параметрична идентификация за  $a$ . Реалните данни за оздравелите са отбелязани с точки, а приближеното решение е отбелязано с непрекъсната линия.

На Фигури 6, 7 и 8 са показани измененията съответно на податливите, инфектираните и оздравелите в епидемията. Фигурите показват, че резултатите получени след параметрична идентификация са по-добри от резултатите в [1].

## 4 Заключение

В настоящия доклад разгледахме разпространението на епидемията в интернат в Лондон от 1978 г. описана от *SIR* модела. Специфичното за модела е разделянето на популацията в три групи. Чрез явния метод на Ойлер получихме приближено решение близко до реалните данни. За да намерим вероятността даден индивид да премине от една група в друга използвахме метода на най-бързото спускане. Най-доброто приближение към реалните данни получихме чрез параметрична идентификация. Така получихме резултати много близки до реалните, с което показахме, че модела описва добре експерименталните данни.

Моделът има и някои недостатъци.

- Числеността на популацията трябва да е фиксирана.
- Може да разглеждаме популацията само за кратък период от време.
- Моделът предполага, че факторите за заразяване и оздравяване на всеки един индивид са еднакви.
- Не се допуска, че е възможно индивид, който е преминал от една група в друга да се върне обратно в нея.

Можем да разглеждаме модела в двете посоки и може да бъде разглеждан за по-продължителен период от време чрез добавяне на допълнителни параметри.

Могат да бъдат моделирани други болести като например—СПИН.

## Приложение 1: Явен метод на Ойлер

Явният метод на Ойлер е алгоритъм за намиране на приближено решение за система ОДУ. За да обясним метода на Ойлер, ще разгледаме задачата на Коши. Търсим диференцируема функция  $u = u(x)$ , която удовлетворява диференциалното уравнение и съответното начално условие:

$$u'(x) = f(x, u(x)), \quad x \in (x_0, X], \quad (5)$$

$$u(x_0) = u_0. \quad (6)$$

Ще намерим приближеното решение в посочения интервал, като дискретизираме задачата и намерим приближеното решение за всяка точка от нашата мрежа. Въвеждаме равномерна мрежа

$$w_N = \{x_i = x_0 + ih, h = \frac{X - x_0}{N}, i = 0, 1, \dots, N\}.$$

Интегрираме диференциално уравнение (5) по  $x$  в интервала  $[x_i, x_{i+1}]$  и получаваме

$$\int_{x_i}^{x_{i+1}} u'(x) dx = \int_{x_i}^{x_{i+1}} f(x, u(x)) dx.$$

Прилагаме квадратурната формула на левите правоъгълници към лявата страна на последното и получаваме

$$\frac{u(x_{i+1}) - u(x_i)}{h} \approx f(x_i, u(x_i))$$

Пренебрегвайки грешката и означавайки с  $y_i$  приближеното решение в точката  $x_i$ , получаваме

$$y_{i+1} = y_i + hf(x_i, y_i), \quad i = \overline{0, \dots, N-1} \quad (7)$$

Началното условие се апроксимира точно:  $y_0 = u_0$ . Така всяко следващо приближение  $y_{i+1}$  бихме могли да намерим от предишното  $y_i$ , като използваме формула (7).

## Приложение 2: Метод на най-бързото спускане

Методът на най-бързото спускане е метод за намиране на локален (в някои случаи глобален) минимум или максимум на функция. Той се основава на доказано в математиката свойство на функциите да нарастват по посока на градиента. В случая движейки се по посока на градиент-вектора, след краен брой последователни стъпки ще се стигне до оптималната точка. Всяка следваща точка се получава като към вектора на предходната се събере при търсене на максимум и извади при търсене на минимум градиент-вектора умножен с константа  $\lambda$ . Използването на  $\lambda$  се налага, защото градинтът дава само посоката на нарастване, а не точката с гарантирано доближение да екстремума.

Целевата функция може да се запише в следния вид

$$Z = f(x_1, x_2, \dots, x_n) = f(\vec{X}),$$

където  $\vec{X} = x_1, x_2, \dots, x_n$

$$\nabla f(X) = \left( \frac{\partial f}{\partial x_1}, \frac{\partial f}{\partial x_2}, \dots, \frac{\partial f}{\partial x_n} \right)$$

Избира се коя да е точка  $x_i$

$$x_1 = x_0 \pm \lambda_0 \nabla f(x)$$

и така до

$$x_k = x_{k-1} \pm \lambda_k \nabla f(x_{k-1}),$$

където  $1 \leq k \leq n$ .

Когато се търси максимум се взема знак (+), а когато се търси минимум (-). Процесът продължава, докато първите производни станат достатъчно малки, т.е.

$$\left| \frac{\partial f}{\partial x_i} \right| < \eta,$$

където  $\eta$  е достатъчно малко положително число, определящо изискваната точност.

За коефициента  $\lambda_k$ , може да се вземе някое подходящо малко число, което да гарантира сходимост на операциите. Ако се цели по-бърза сходимост на итерациите, се използва метода на най - бързото спускане, при който  $\lambda_k$  се изчислява на всяка итерация.

Коефициентът  $\lambda_k$  се изчислява, като се замести с

$$x_k = x_{k-1} \pm \lambda_k \nabla f(x_{k-1})$$

в целевата функция. За точката  $x_{k-1}^-$  се получава

$$Z = f(x_1^{k-1}, x_2^{k-1}, \dots, x_n^{k-1}, \lambda_k),$$

Ако се реши уравнението

$$\frac{\partial Z}{\partial \lambda_k} = 0,$$

се получава стойността на  $\lambda_k$ , даваща най-бързото приближаване до екстремума. При използването на постоянен коефициент  $\lambda_k$  може да се получи осцилация (редуване на по-големи с по-малки стойности на  $Z$ ). За да се избегне осцилацията трябва да изберем много малка стойност на  $\lambda_k$ .

# Библиография

- [1] Murray J.D. *Mathematical biology*, volume 17. 2001.