Járványterjedés modellezése Python nyelven

Programozás szakkör, 11-12. osztály

1. Egy egyszerű járványterjedési modell

Ezen az órán a koronavírus-járvány terjedését modellezzük egy N méretű populáción. Ez azt jelenti, hogy egyszerre N egyedet vizsgálunk (például Magyarország esetében vehetjük úgy, hogy $N \approx 10$ millió); megpróbáljuk számszerűen is megbecsülni, hogy az idő előrehaladtával milyen arányban fertőződnek, majd gyógyulnak meg az egyedek. A vizsgálathoz az ún. SEIR-modellt használjuk, amely a járvány terjedése szempontjából a populációt négy osztályra bontja:

- S susceptible, azaz fogékonyak,
- E exposed, azaz lappangó, de még nem fertőző esetek,
- I infectious, azaz fertőzők,
- R recovered, azaz gyógyultak.

Az „átjárás” az osztályok között egyirányú:

$$S \to E \to I \to R,$$

ahogy az emberek megfertőződnek, majd maguk is fertőzővé válnak, végül meggyógyulnak (az elhalálozással, mint másik lehetséges kimenetellel ez az egyszerű modell nem foglalkozik). Jelöljék a fenti betűk azt, hogy a populációban hány egyén tartozik az egyes osztályokba, azaz legyen

$$S + E + I + R = N,$$

és vizsgáljuk meg, hogy hogyan változnak ezek a számok adott időegység alatt.

Mivel (jelenleg) sem gyógyszer, sem vakcina nem áll rendelkezésre, tekinthetjük úgy, hogy kezdetben a teljes populáció fogékony, azaz $S \approx N$. A fogékonyak számának változása – adott időegység alatt – attól függ, hogy a vírus mekkora valószínűséggel adódik át, illetve a fogékonyak milyen mértékben kerülnek kapcsolatba a fertőző egyedekkel. Az átadást követően egy fogékony egyed átkerül a lappangó osztályba. A fogékonyak számában beálló változást a következőképpen írhatjuk:

$$\Delta S = -\beta \cdot \frac{I}{N} \cdot S,$$

ahol β az átadás valószínűsége egy fertőző és egy fogékony egyed között, I/N pedig egy „hasraütős” becslés arra nézve, hogy egy fogékony egyed átlagosan hány fertőzővel kerül kontaktusba. A három szám szorzata így éppen azt mondja meg, hogy S-ből várhatóan hányan „lépnek elő” az E osztályba. A lappangó esetek száma tehát éppen ennyivel emelkedik, másrészről viszont csökken is, hiszen egy részük időközben fertőzővé válik:

$$\Delta E = \beta \cdot \frac{I}{N} \cdot S - \sigma E,$$

ahol σ azt jelöli, hogy a lappangók mekkora hányada kerül át I-be. A fertőzők száma tehát σE-vel növekszik, amiből most a meggyógyulókat kell levonnunk:

$$\Delta I = \sigma E - \gamma I,$$

ahol γ a gyógyulási ráta. A gyógyultak immár az R osztályt gyarapítják:

$$\Delta R = \gamma I,$$

és itt meg is állapodnak.

2. Szimuláció

Láttuk, hogy a járvány terjedését az alábbi egyenletrendszer írja le:

$$\Delta S = -\beta \cdot \frac{I}{N} \cdot S$$
$$\Delta E = \beta \cdot \frac{I}{N} \cdot S - \sigma E$$
$$\Delta I = \sigma E - \gamma I$$
$$\Delta R = \gamma I$$

Hogyan tudjuk ennek alapján a járvány terjedését szimulálni? Egy egyszerű sémában a lépések például így nézhetnek ki:

- A hivatalos statisztikákból kikeressük az N, β, σ, γ paramétereket,
- Beállítjuk az S, E, I, R változók kezdőértékeit,
- Napról napra haladva kiszámoljuk és végrehajtjuk a változtatásokat T napon keresztül (közben eltároljuk az eredményeket),
- Ábrázoljuk a szimuláció során nyert adatokat.

A paraméterek keresgélése kapcsán fontos megemlíteni, hogy a gyakorlatban β helyett az $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$ értéket szokták megadni. A jelenlegi koronavírus-statisztikák alapján

- $R_0 = \frac{\beta}{\gamma} = 2.6$ (egy ember átlagosan hány másikat fertőz meg a járvány során),
- $\sigma = \frac{1}{5.2}$ (a napokban mért átlagos lappangási idő reciproka),
- $\gamma = \frac{1}{3.3}$ (a napokban mért átlagos gyógyulási idő reciproka).

Legyen továbbá $N = 10$ millió, valamint kezdetben $S = N - (5000 - 343 - 34)$, $E = 5000$, $I = 343$, $R = 34$, azaz 5000 lappangó esetet teszünk fel, a fertőzőkre és gyógyultakra vonatkozó adatokat pedig a `koronavirus.gov.hu`-ról néztük le.

3. Feladatok

1. feladat. Szimuláld a járvány terjedését a fent leírt algoritmus szerint. Vigyázz, hogy adott napon először mindig a ΔS, ΔE, ΔI, ΔR változást számítsd ki mind a négy változóra, és csak utána hajtsd végre a

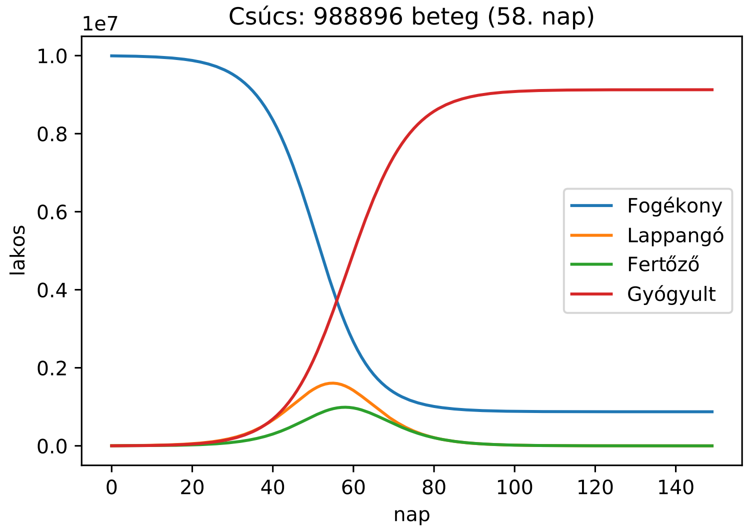
$$S \leftarrow S + \Delta S, \quad E \leftarrow E + \Delta E, \quad I \leftarrow I + \Delta I, \quad R \leftarrow R + \Delta R$$

frissítést (különben hibás eredményre jutsz)!

2. feladat. Ábrázold az S, E, I, R változók alakulását az idő függvényében. Használd a `plot()` függvényt (puskázhatsz a korábbi órák anyagából, illetve itt találsz segítséget: `https://matplotlib.org/`).

3. feladat. Határozd meg, hogy hanyadik napon tetőzik a járvány és mekkora a fertőző betegek száma ezen a napon.

Házi feladat. Gondold végig, hogy a valóságban melyik paramétert tudjuk befolyásolni; hogyan lehetne csökkenteni a csúcsponton a fertőző betegek számát?



1. ábra. Járványgörbék alakulása $R_0 = 2.6$ esetén. A kontaktusok kerülésével az R_0 érték csökkenthető, ami a fertőzők görbéjének ellapulásához vezet; más paramétert jelenleg nem tudunk befolyásolni.

Megoldás

```
from numpy import *
from matplotlib.pyplot import *

N = 1e7
R0,g,s = 2.6, 1/3.3, 1/5.2
u0 = array([N-5000-343-34,5000,343,34])
T  = 150
u  = zeros((T,4))
for t in range(T):
  S,E,I,R = u0
  u0 += array([
      -R0*g/N*S*I,
      R0*g/N*S*I - s*E,
      s*E - g*I,
      g*I
  ])
  u[t] = u0
m = argmax(u[:,2])
```

```
t = arange(T)
plot(t,u[:,0],label='Fogékony')
plot(t,u[:,1],label='Lappangó')
plot(t,u[:,2],label='Fertőző')
plot(t,u[:,3],label='Gyógyult')
xlabel("nap")
ylabel("lakos")
title("Csúcs: {:.0f} beteg ({}. nap)".format(u[m,2],m))
legend()
```