



Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem

Villamosmérnöki és Informatikai Kar

Hálózati Rendszerek és Szolgáltatások Tanszék

Járványterjedés modellezése és elemzése Pythonnal

SZAKDOLGOZAT

Készítette

Draskóczy Dóra Boglárka

Konzulens

dr. Horváth Illés Antal

2024. december 3.

Tartalomjegyzék

Kivonat	i
Abstract	ii
Bevezetés	1
1. Járványmodellek	3
1.1. SIR modell	4
1.2. SIS modell	4
1.3. SI modell	5
2. Differenciálegyenletek elmélete	8
2.1. Numerikus megoldás	8
2.1.1. Euler-módszer	9
2.1.2. Mid-point method - Felezőpont-módszer	9
2.1.3. Szakadás kezelése	11
2.2. Fixpontok	12
2.2.1. 1-dimenziós eset	12
2.2.2. Magasabb dimenziókban	12
3. SIRD modell	14
3.1. Két variánsos SIRD modell	14
3.2. SIRD modell egy vírus variánssal és egy oltással	16
3.2.1. Kötelező vs önkéntes oltás (I. eset)	16
3.2.2. Azonnali védettséget adó oltás esete (II. eset)	19
3.2.3. A védettség kialakulása nem instant (III. eset)	21
4. Közösségi modellek	24
4.1. Alapkonceptió	24

4.2. Különböző kezdeti feltétel vizsgálata	25
4.3. Számít-e, hogy milyen közösségből indul a járvány?	27
4.4. Kiket érdemes elkezdni oltani?	28

Irodalomjegyzék	32
------------------------	-----------

HALLGATÓI NYILATKOZAT

Alulírott *Draskóczy Dóra Boglárka*, szigorló hallgató kijelentem, hogy ezt a szakdolgozatot meg nem engedett segítség nélkül, saját magam készítettem, csak a megadott forrásokat (szakirodalom, eszközök stb.) használtam fel. Minden olyan részt, melyet szó szerint, vagy azonos értelemben, de átfogalmazva más forrásból átvettem, egyértelműen, a forrás megadásával megjelöltem.

Hozzájárulok, hogy a jelen munkám alapadatait (szerző(k), cím, angol és magyar nyelvű tartalmi kivonat, készítés éve, konzulens(ek) neve) a BME VIK nyilvánosan hozzáférhető elektronikus formában, a munka teljes szövegét pedig az egyetem belső hálózatán keresztül (vagy autentikált felhasználók számára) közzétegye. Kijelentem, hogy a benyújtott munka és annak elektronikus verziója megegyezik. Dékáni engedéllyel titkosított diplomatervek esetén a dolgozat szövege csak 3 év eltelte után válik hozzáférhetővé.

Budapest, 2024. december 3.

Draskóczy Dóra Boglárka
hallgató

Kivonat

Járványok mindig is jelen voltak az emberiség életében, csak amíg a század elejéig erről a szóról a pestis vagy a spanyolnátha jutott eszünkbe, mára már mindenki a koronavírusra asszociál a szó hallatán. Érthető, hiszen nem kis nyomot hagyott bennünk az a két év, ami hozott karanténos időszakot, megosztotta az embereket az oltakozás terén, és bár mindenki önképzett szakértőjévé vált a vírusoknak, úgy gondolom, a legtöbbünk néha azt sem tudta, kinek érdemes hinni egy-egy hír vagy javaslat hallatán. Többek között emiatt keltette fel az érdeklődésemet egy olyan projekt megvalósítása, amely során járványok terjedését kíséreljük meg szimulálni, előre meghatározott paraméterekkel lemodellezni, végül pedig valemelyest képet kapni és ezáltal adni is mások számára arról, miről is volt szó pontosan abban a két évben, milyen befolyásoló tényezőkre lett volna érdemes figyelni.

Szakdolgozatomban ismertetek alapvető és gyakran használt járványterjedési modelleket, illetve bemutatom ezek matematikai hátterét és megvizsgálók olyan konkrét eseteket, amelyek közelebb vihetnek minket egy pandémia lefolyásának megértéséhez. Ezen vizsgálódások kapcsán differenciálegyenleteket használtam a járvánnyal kapcsolatos számítások elvégzésére, amelyeket végül Python kódként is implementáltam. A kód segítségével adatokat nyertem ki az egyes esetek lefolyásáról, úgymint a halálozás mértéke vagy a fertőzés tetőzési adatai. Ezeket pedig grafikonon is megjelenítettem, hogy szemléletesebb képet alkossak a járvány lefolyásáról. Mind a kód, mind pedig az azzal generált adatok és diagramok megtalálhatók egy github repozitóriumban ([1]). Ezek az implementációk a paraméterek módosításával sokféle helyzetet lemodellezhetnek. Sajnos valós, orvosi adatokhoz végül nem jutottam hozzá időben, hogy a dolgozat kapcsán feldolgozhassam azokat, de igyekeztem a fiktív eseteket úgy megtervezni, hogy reális helyzeteket, olyan eseteket közelítsenek, ami akár a valóságban is megtörténhetne.

Abstract

Epidemics have always been a part of human history. While until the early 20th century the word would typically evoke thoughts of the plague or the Spanish flu, today it almost universally brings to our mind the coronavirus. This is understandable, as those two years left a significant mark on our everyday life. We were forced into periods of quarantines, people's opinion had been divided over vaccination, and I also remember, there was a time when everyone became a self-proclaimed expert on viruses. Yet, I believe most of us often didn't know who to trust when it came to news or advices about the pandemic. This uncertainty was one of the reasons why I became interested in undertaking a project aimed at simulating the spread of epidemics, modeling it with predefined parameters, and ultimately gaining insights — and sharing them with others — about what approximately happened during those two years. This might show people what influential factors should have been given more attention to.

In my thesis, I present basic and widely used epidemic models, detail their mathematical background, and analyze specific cases that can help us better understand the course of a pandemic. For these analyses, I used differential equations to perform calculations related to epidemics, which I then implemented in Python code. Using this code, I extracted data on the course of individual cases, such as mortality rates or peak infection statistics. I also visualized these on graphs to provide a clearer picture of the progression of an epidemic. Both the code and the data and diagrams generated with it can be found in my GitHub repository ([1]). These implementations allow for modeling various scenarios by adjusting the parameters. Unfortunately, I was unable to access real medical data in time to process them for this thesis. However, I aimed to design the fictional cases in such a way that each model would give the impression of approximating a scenario that could plausibly occur in reality too.

Bevezetés

A feladat megvalósítása során járványterjedési modelleket szimulálok és azok eredményeit értelmezem. Ehhez a Python nyelvet használom, abban implementálom le a járványhelyzetet leíró matematikai egyenleteket. Céлом első körben megismerni a modellekhez tartozó matematikai hátteret, mélyebb betekintést nyerni a differenciálegyenletek elméletébe, illetve azok numerikus megoldásába. Ezek után a dolgozatban bemutatok és összehasonlítok olyan járványlefutási scenáriókat, amik akár valós járványok (pl. a koronavírus járvány) kapcsán is felmerülhetnek.

Céлом, hogy közérthetőbbé és szemléletesebbé tegyek egy olyan témát, ami elsőre nem feltétlen minősül annak.

Járványok és az azokat okozó vírusok mindig is jelen voltak az emberiség történelmében. Ezek terjedése, lefolyásuk mikéntje és hatása nem elhanyagolható, akár az éves influenza szezonról van szó, akár egy pandémiáról. Mára sajnos mindannyian megtapasztalhattuk, milyen hatást képes gyakorolni a hétköznapijainkra egy világméretű járvány, ami nem kis pánikot keltett néhány évvel ezelőtt az emberekben annak megjelenésekor.

Azonban, ha az orvostudomány ismeri az adott vírus jellemzőit, lemodellezhető a járvány alakulása, továbbá hatékonyabb oltási terv készülhet az egyes releváns paraméterektől függően. A járványok lefolyásának szemléltetése pedig bárki számára érdekes lehet, sőt hasznos is, hiszen orvosi szaktudás hiányában nem feltétlenül tudjuk elképzelni, hogy egyes szám adatok mit is jelentenek, mekkora tétje lehet a védőoltások beadási idejének, hogy melyik korcsoporttal vagy szakterületen dolgozó emberekkel érdemes egy oltási kampányt elkezdeni.

Egy járvány lefolyása persze függ attól is, hogy hány variánsa terjed a vírusnak, milyen magas annak halálozási rátája, valamint attól is, hogy mennyire gyors a lefolyása. Számít az is, hogy milyen kapcsolatban állnak egyes tagjai, milyen a társadalom szerkezete, hiszen minden populáció felbontható kisebb egységekre.

Szakdolgozatomban ilyen és ezekhez hasonló eseteket vizsgállok meg, alapvetően az SIR modellből kiindulva, ami az egyik legalapvetőbb járványterjedési modell, de más modellek is megjelennek a dokumentumban, hiszen egy vírus terjedését minden esetben olyan modellel érdemes vizsgálni, amely a leginkább ideális a vírus paramétereit tekintve (pl.: a terjedés sebessége, gyógyulási rátája, stb.)

A háttérben álló számítások differenciálegyenletekből álló egyenletrendszereken alapszanak, ezen számításokat pedig Python kódba ültetem át, hogy annak segítségével adatokat nyerjek ki a járvány lefolyásának menetéről, úgymint betegszám, halálozási arány, tetőzési időszak. Továbbá a járvány lefolyását táblázatokon kívül diagramokon is megjelenítem, hogy a kinyert információ könnyebben értelmezhető legyen, és a "száraz" számadatok beszédesebbé váljanak.

A dolgozat felépítése az alapvető járványterjedési modellek ismertetésével és szemléltetésével kezdődik, ami egyfajta bevezetőként szolgál a témához kapcsolódóan. Ezt követik az elméleti háttérrel szerzett ismeretek, olyan módszerek, amelyekkel differenciálegyenletek oldhatók meg – Euler-módszer és felezőpont-módszer. Ezután különböző eseteket tekintek át, amelyek során vagy több variáns, vagy oltás is jelen van az egyes rendszerekben. Végezetül pedig betekintek abba a scenárióba is, amikor a társadalmat nem egy egységként vizsgáljuk, hanem kisebb közösségekre bontjuk és itt is különféle eseteket hasonlítok össze, felvetek olyan kérdéseket, amik felmerültek társadalmi szinten a koronavírus járvány alatt is és a modellek alapján valamiféle válaszokat is adok rájuk.

Az egyes modellekhez tartozó egyenletrendszereket és szemléltető állapotdiagramokat minden esetben ismertetem, felhívva a figyelmet arra, hogy miben módosult az addig látottakhoz képest. Ezzel dinamikusan építem és bővítem lépésről-lépésre a vizsgált modellt. Ahhoz, hogy az ebből fakadó nehezebb áttekintést megkönnyítsem, állapotdiagramokat is mellékeltem minden egyenletrendszerhez.

1. fejezet

Járványmodellek

Az egyes fertőző betegségek terjedését matematikai modellekkel vizsgálhatjuk, szemléltethetjük [7]. Ennek célja, hogy segítse az egészségügyet, információt nyújtson a rendszer várható leterheltségéről, a halálesetekről, továbbá, hogy becslést adjon arról, hogy bizonyos megelőző lépések (pl. oltás, lezárások), hogyan befolyásolhatják a populáció megbetegedésének és halálozásának arányát. A következő fejezetekben olyan járványterjedési modelleket vizsgálunk, mint például az SIR modell [2, 8], amely azokra a járványokra érvényes, amikor a fertőzésen átesettek nem képesek újra elkapni a betegséget. De akadnak további modellek is, mint az SIS, amelyben nem szereznek az egyedek védettséget egyszeri betegség lefolyása után. Vagy az SI modell, amely során a fertőzés esélye folyamatosan fennáll a járvánnyal való érintkezés után, mint például a HIV, vagy a kerge marha kór esetében, de még az információterjedést is jól reprezentálja ez a modell.

Az egyes modellek leírására autonóm differenciálegyenleteket használunk, ezek jellemzője, hogy időfüggetlenek, azaz időben mindig állandó, ahogy kinéznek. Az 1.4. ábra diagramjain megfigyelhetjük miben is különböznek az egyes modellek lezajlásukat illetően. Az 1.1-es táblázatban pedig az egyes modellekhez választott β és γ értékek találhatók.

1.1. SIR modell

Az egyik alapvető járványmodell, az SIR modell három csoportot különböztet meg:

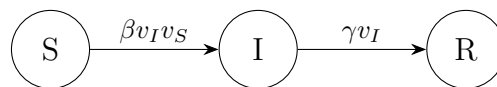
- S: fogékonyak (susceptible),
- I: fertőzők (infectious),
- R: gyógyultak (recovered).

Ez azokra a járványokra érvényes, amikor a fertőzésen átesettek nem képesek újra elkapni a betegséget.

A járvány terjedése előtt az összes egyed az S állapotban van, és a járvány néhány fertőző egyed megjelenésével kezdődik, majd a populáció jelentős része átesik a betegségen, és felgyógyult állapotba kerül. A járványt a következő differenciálegyenletek modellezzik, illetve az 1.1 ábra szemlélteti az állapotátmeneteket:

$$\begin{aligned}v'_S(t) &= -\beta v_I(t)v_S(t) \\v'_I(t) &= \beta v_I(t)v_S(t) - \gamma v_I(t) \\v'_R(t) &= \gamma v_I(t)\end{aligned}$$

Ahol:



1.1. ábra. SIR modell állapotainak szemléltetése

- β : egy sebesség jellegű mennyiség, ami a betegség fertőzőképességét mutatja.
- γ : a gyógyulási ráta, minél nagyobb az értéke, annál gyorsabban gyógyulnak az egyedek.

Ezen túl pedig érdemes még vizsgálni, és a későbbiekben fogjuk is, hogy az emberek közötti interakció mennyire befolyásolja a terjedés mértékét.

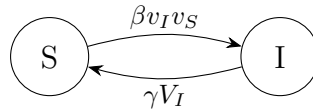
1.2. SIS modell

Az SIS modell olyan helyzetet modellez, amely során nem alakul ki védettség egy adott betegséggel szemben, tehát visszakerülhetnek az egyedek fogékony állapotba. Az egyenletrendszerünk ilyenkor úgy módosul, hogy a gyógyultak állapota kiesik,

hiszen aki éppen nem fertőzött, az ismét fogékony lesz a betegségre (lásd az 1.2 ábrát).

$$\begin{aligned}v'_S(t) &= -\beta v_I(t)v_S(t) + \gamma v_I(t) \\v'_I(t) &= \beta v_I(t)v_S(t) - \gamma v_I(t)\end{aligned}$$

Annak a határa, hogy mindenki egészséges marad és nem kezdődik el a járvány, általában: $\beta = \frac{\gamma}{v_S(0)}$ -nál van. Amennyiben $\frac{\beta}{\gamma} < 1$, a járvány már az elején lecseng, míg, ha $\frac{\beta}{\gamma} > 1$, felfut a járvány. Ebben a modellben a $\frac{\beta}{\gamma}$ arány a fertőzés reprodukciós rátájának felel meg, $\frac{\beta}{\gamma}v_S(t)$ pedig a pillanatnyi reprodukciós ráta [5].



1.2. ábra. SIS modell állapotainak szemléltetése

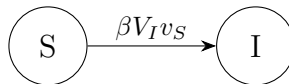
1.3. SI modell

Az SI modell az egyik legegyszerűbb járványterjedési modell. A SIS modellhez hasonlóan csak két állapotunk van: vagy fogékony a betegségre, azaz elkaphatja, vagy már elkapta. Viszont ebben az esetben nem képes kigyógyulni belőle, örökre magában hordozza a fertőzőképességet, tehát a modellt tekintve, nem kerül vissza az S állapotba, hanem a modellben csupán egyetlen típusú átmenet van, ahogyan aza az 1.3 ábrán látszik is.

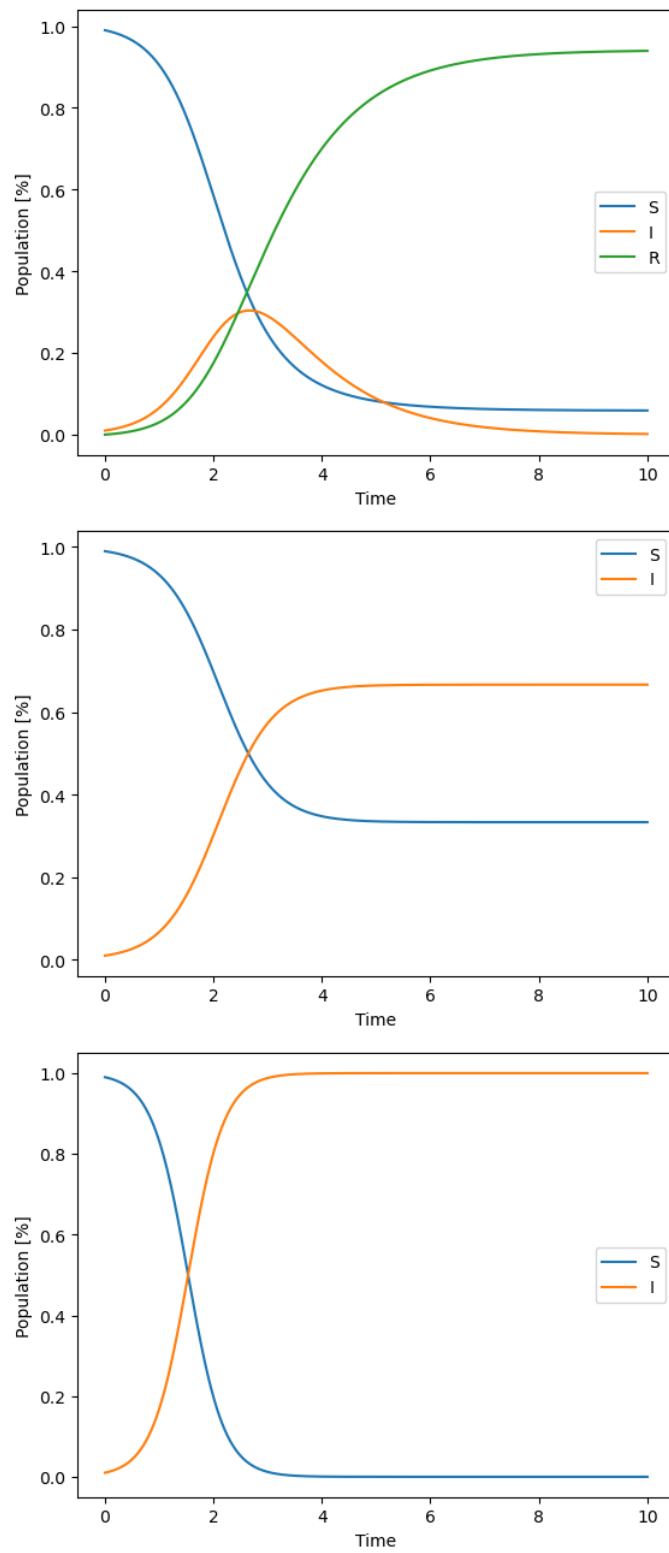
Ennek fényében az egyenletek is tovább egyszerűsödnek:

$$\begin{aligned}v'_S(t) &= -\beta v_I(t)v_S(t) \\v'_I(t) &= \beta v_I(t)v_S(t)\end{aligned}$$

Az 1.4. ábra idősor-diagramjain az figyelhető meg, időben milyen lefolyás szerint



1.3. ábra. SI modell állapotainak szemléltetése



1.4. ábra. A három alap modell: SIR, SIS, SI szemléltetése

Változó	Jelentés	Érték
β	fertőzőség	3
γ	gyógyulási ráta	1

1.1. táblázat. SIR, SI, SIS modellek paramétereit. Mindhárom modellben ugyan-ezekkel a paraméterekkel végeztem a számításokat

esnek át a populáció tagjai a fertőzésen. Az egyenletek paramétereit az 1.1. táblázat tartalmazza.

A későbbiekben az SIR modellt fogom bővíteni, abba belevéve a halálozást és az oltásokat, illetve azt vezetem át majd közösségi modellekre is.

2. fejezet

Differenciálegyenletek elmélete

2.1. Numerikus megoldás

A számos módszer közül az egyik, amely közelítő számítást ad differenciálegyenletek megoldására az explicit numerikus módszer. Az alábbiakban ezen belül is 2 módszert mutatok be, amelyekkel érdemes számításokat végezni, az Euler-módszert és a felezőpont-módszert. Ezekkel én is végeztem számításokat a dolgozat elkészítése közben.

Az általános autonóm differenciálegyenlet, amint vizsgálunk, a következő alakú:

$$v'(t) = f(v(t))$$

1 dimenzióban, vagy

$$\begin{aligned} v_1'(t) &= F_1(v_1(t), v_2(t), \dots, v_N(t)) \\ v_2'(t) &= F_2(v_1(t), v_2(t), \dots, v_N(t)) \\ &\vdots \\ v_N'(t) &= F_N(v_1(t), v_2(t), \dots, v_N(t)) \end{aligned}$$

N dimenzióban.

2.1.1. Euler-módszer

Az Euler-módszer egy olyan explicit numerikus módszer a differenciálegyenletek közelítésére, ami mindig az aktuális állapotot használja fel arra, hogy kiszámítsa a soron következőt:

$$v(t + \delta t) \approx v(t) + \delta t f(v(t)).$$

Ebből készíthetünk egy iterációt, amely egy $[0, T]$ intervallumon δt lépésként kiszámítja a megoldást. A teljes kumulatív hiba δt nagyságrendű lesz.

Többdimenziós esetben is használható, például az Euler-módszerre alkalmazva:

$$\begin{aligned}v_S(t_{n+1}) &= v_S(t_n) - \beta (v_S(t_n) v_I(t_n)) \\v_I(t_{n+1}) &= v_I(t_n) + \beta (v_S(t_n) v_I(t_n)) - \gamma v_I(t_n) \\v_R(t_{n+1}) &= v_R(t_n) + \gamma v_I(t_n)\end{aligned}$$

2.1.2. Mid-point method - Felezőpont-módszer

A mid-point method (felezőpont-módszer [4] 218. oldal, vagy javított Euler-módszer néven is ismert [3] 10.3.1 fejezet) az Euler-módszerhez hasonlóan működik, ám nem csupán az aktuális állapotot használja fel egy következő lépés kiszámításához, hanem egy úgynevezett közbenső értéket is (ez a mid-point), ami pontosabb eredményt ad. Ehhez a következő egyenletet használjuk:

$$v(t + \delta t) \approx v(t) + \delta t f(v(t) + (\delta t/2)f(v(t)))$$

Ennek hibája csupán a $(\delta t)^2$ nagyságrendű lesz, ami kisebb, mint az Euler-módszernél. A számítás során a felező pontokat felhasználva például a SIR modellre az alábbi módon vonatkoztathatjuk az eddigi egyenleteinkre a fenti képletet:

$$\begin{aligned}v_S(t_{n+1}) &= v_S(t_n) - \beta (v_{S_{mid}} v_{I_{mid}}) \\v_I(t_{n+1}) &= v_I(t_n) + \beta (v_{S_{mid}} v_{I_{mid}}) - \gamma v_{I_{mid}} \\v_R(t_{n+1}) &= v_R(t_n) + \gamma v_{I_{mid}}\end{aligned}$$

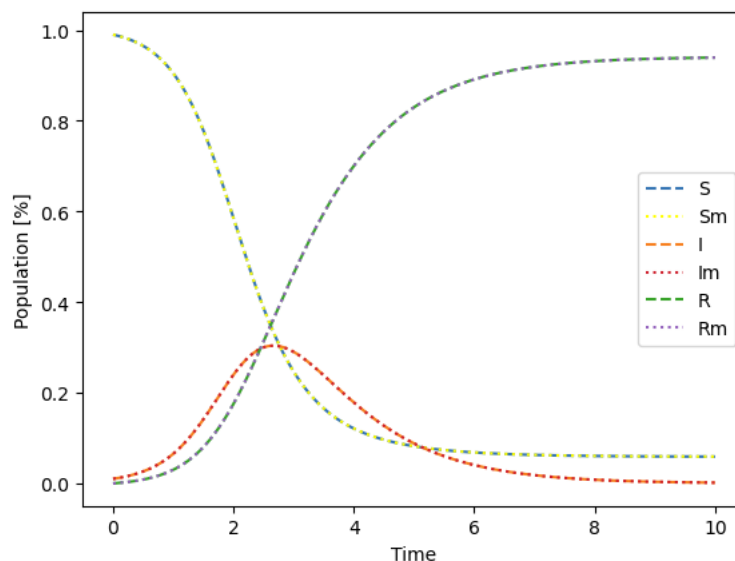
A középpontok számítása:

$$\begin{aligned}v_{Smid} &= v_S(t_n) - (dt/2) \beta v_S(t_n) v_I(t_n) \\v_{Imid} &= v_I(t_n) + (dt/2) [\beta v_S(t_n) v_I(t_n) - \gamma v_I(t_n)] \\v_{Rmid} &= v_R(t_n) + (dt/2) \gamma v_I(t_n)\end{aligned}$$

A 2.1 táblázatban és a 2.1 ábrán összevetem a SIR modell numerikus megoldását Euler-módszerrel és felezőpont-módszerrel.

	Euler	Mid-point
Megfertőződöttek aránya	93.9385 %	93.9324 %
Egyszerre megbetegedettek aránya	30.393 %	30.3813 %
Tetőzési időszak	4.886	4.887

2.1. táblázat. Számadatok összevetése Euler-módszer és felezőpont-módszer esetén, ugyanazokkal a paraméterekkel számolva ($\beta = 3, \gamma = 1$)



2.1. ábra. Euler-módszer és Felező pont módszer lefutása, ami azt mutatja, mennyire esik egybe azonos paraméterekkel futtatva a 2 számítás eredménye

Az Euler-módszer és a felezőpont mindkettő jó közelítő megoldást ad eredményül az SIR modellre, ráadásul az eltérés közöttük nagyon kis mértékű, amint azt megfigyelhetjük a 2.1. táblázat numerikus értékeit vizsgálva, illetve a 2.1. ábrán. Fontosnak érzem megemlíteni, hogy bár a diagramon a két módszer által adott meg-

oldás ránézésre teljesen egybeesik, ez mégsincs így, ha részletesebb skálán néznénk a diagram görbéit, azok nem esnének teljesen egybe, de mivel ez tényleg kicsiny eltérés, mi ettől most eltekintünk.

A dolgozatban megjelenő további számításokhoz az Euler-módszer használata mellett döntöttem, mivel nem számottevő a különbség a felezőpont-módszer által adott eredményekhez képest, azonban a felhasznált képletek jóval egyszerűbbek, áttekinthetőbbek az olvasó számára is (és a kód megírása közben számomra is). Bár a matematikai pontosság sosem egy elhanyagolható tényező, most mégsem ez volt a legfőbb szempont. Mindazonáltal, a kódban pusztán annyi módosításra lenne szükség, ha a későbbiekben mégis úgy döntenénk, hogy a pontosabb módszerrel szeretnénk dolgozni, hogy a differenciálegyenletek képleteit átírjuk.

A dolgozat további részében az iterációs képleteket nem írom ki részletesen, azonban a kódbázisban [1] ezek is megtalálhatók. Amennyiben valaki kellő kíváncsiságot érez magában ezek áttekintésére, a GitHub linken megtalálhatja a képleteket a megfelelő nevű fájlban.

2.1.3. Szakadás kezelése

Abban az esetben, ha a $v'(t) = f(v(t))$ egyenlet jobboldalán lévő f függvény nem folytonos, kezelni kell azt az esetet, amikor $v'(t)$ átlép egy szakadási pontot.

Ha az f függvény szakad egy y pontban, és

$$v(t) < y < v(t) + \delta t f(v(t)),$$

akkor az Euler-módszerrel egy δt nagyságú lépéssel már túlhaladnánk a szakadási ponton. Ehelyett legyen

$$\delta t' = \frac{y - v(t)}{f(v(t))}.$$

Ha a t időpontból csak $\delta t'$ nagyságú lépést teszünk előre, akkor ez a $v(t)$ megoldást az f függvény y szakadási pontjába viszi, azaz

$$v(t + \delta t') \approx y,$$

és onnantól előre felé már haladhatunk az f szakadási pont utáni értéke szerint.

A fenti eljárást használhatjuk az Euler-módszerhez és a felezőpont-módszerhez is kiegészítéseként az esetleges szakadások átlépésére. Egy szakadási pont átlépése-

nek hibája $(\delta t)^2$ nagyságrendű, azaz az össz hiba nagyságrendjét egyik módszernél sem növeli.

2.2. Fixpontok

Ebben a fejezetben rövid áttekintést adok a fixpontok fajtajairól általában és azon belül a járványmodellekre is.

2.2.1. 1-dimenziós eset

Ez az egyenletek legegyszerűbb verziója. Olyan, időben autonóm rendszert ír le, amelynek jövőbeli változása csak a pillanatnyi állapottól függ.

$$v'(t) = F(v(t))$$

Egy v^* érték **fixpont**, ha $F(v^*) = 0$.

Ezen belül:

- $F'(v^*) < 0$ esetén v^* stabil fix pont,
- $F'(v^*) > 0$ esetén v^* instabil fix pont.

2.2.2. Magasabb dimenziókban

N db egyenletünk van:

$$\begin{aligned} v_1'(t) &= F_1(v_1(t), v_2(t), \dots, v_N(t)) \\ v_2'(t) &= F_2(v_1(t), v_2(t), \dots, v_N(t)) \\ &\vdots \\ v_N'(t) &= F_N(v_1(t), v_2(t), \dots, v_N(t)) \end{aligned}$$

Ekkor $(v_1^*, v_2^*, \dots, v_N^*)$ fixpont, ha

$$\begin{aligned} F_1(v_1^*, v_2^*, \dots, v_N^*) &= 0, \\ &\vdots \\ F_N(v_1^*, v_2^*, \dots, v_N^*) &= 0. \end{aligned}$$

Az F függvény parciális deriváltjaiból egy H mátrixot építünk:

$$H_{i,j} = \frac{\partial F_i}{\partial v_j}(v_1^*, v_2^*, \dots, v_N^*),$$

és H sajátértékeit vizsgálva is meg lehet állapítani a fixpontok jellemzőit:

- v_N^* stabil fixpont, ha a sajátértékek mind negatív valós részűek.
- v_N^* instabil fixpont, ha a sajátértékei közül legalább egynek a valós része pozitív.

Járványterjedés esetén kétféle stabil fixpontot szoktunk megkülönböztetni: az egyik, amikor a fertőzés eltűnik (pl. SIR rendszer esetén), de elképzelhető olyan stabil fixpont is pl. SIS modell esetén, ahol a populáció pozitív része fertőzött. Ez utóbbit endemikus állapotnak hívjuk, és olyan egyensúlynak felel meg, amikor ugyanannyi egyed fertőződik meg, mint amennyi meggyógyul, vagyis a fertőzés stabilan jelen van a populációban.

3. fejezet

SIRD modell

Az SIR modellt kiegészítjük egy további állapottal, amelybe azok az egyedek kerülnek át, akik a betegségből nem gyógyultak fel, hanem sajnálatos módon elhaláloztak.

Azonban ezzel kapcsolatban is több különféle esetet érdemes megvizsgálni. Ilyen például az az eset, amikor nem csak egy variánsa terjed a vírusnak, vagy az az eset is érdekes lehet, amikor a vírus mellett oltás is jelen van, ami hasonlóan védettséget adhat, mint egy gyengébb, halált nem okozó vírusvariáns.

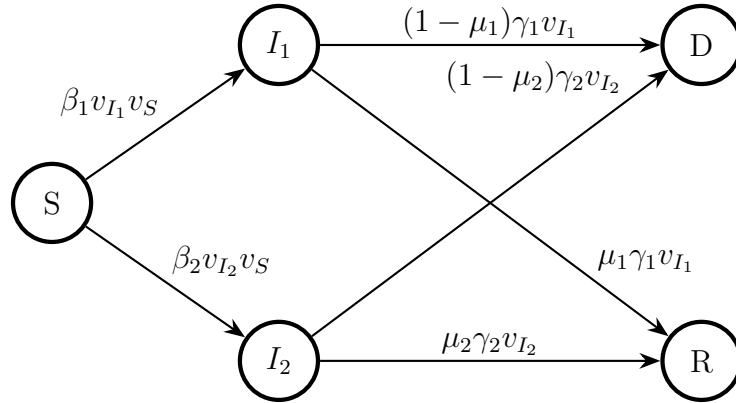
3.1. Két variánsos SIRD modell

Első körben vizsgáljunk meg egy olyan esetet, amelyben a vírusnak két variánsa terjed. Jelöljük az egyes variánsokat a-val és b-vel. Ezek jellemzői:

- (a) Kevésbé fertőz, de viszonylag halálos kimenetelű.
- (b) Nagy mértékben fertőz, de kevésbé halálos.

Most azt az esetet vizsgáljuk, amikor a variánsok nem függetlenek egymástól: ha valaki az egyiket átesik, az védettséget nyújt a másik ellen is és fordítva.

$$\begin{aligned}v'_S[t] &= v_S[t](-\beta_1 v_{I_1}[t] - \beta_2 v_{I_2}[t]) \\v'_{I_1}[t] &= \beta_1 v_{I_1}[t] v_S[t] - \gamma_1 v_{I_1}[t] \\v'_{I_2}[t] &= \beta_2 v_{I_2}[t] v_S[t] - \gamma_2 v_{I_2}[t] \\v'_R[t] &= \mu_1 \gamma_1 v_{I_1}[t] + \mu_2 \gamma_2 v_{I_2}[t] \\v'_D[t] &= (1 - \mu_1) \gamma_1 v_{I_1}[t] + (1 - \mu_2) \gamma_2 v_{I_2}[t]\end{aligned}$$



3.1. ábra. SI_1I_2RD modell állapotainak szemléltetése

A 3.2. táblázatban látható azon esetek összehasonlítása, amikor csak a halálosabb variáns van jelen (a verzió), illetve amikor mindkét variáns jelen van (b variáns). A 3.1. táblázatban pedig az egyes paraméterek egyes értékei az egyes esetekben, amiket az egyenletrendszerben használunk.

Változó	Jelentés	a variáns	b variáns
β	fertőzőség	1,5	10
γ	gyógyulási ráta	1	1
μ	halálozás mértéke	0,01	0,0001

3.1. táblázat. Az egyes változók értékei a SIRD modellben

	1. eset	2. eset
Össz halálozás aránya	0,4937 %	0,032 %
Össz fertőzés aránya a járvány során	46,82 %	99,98 %
Az egyszerre megbetegedők maximális aránya	6,97 %	66,69 %
Túlterhelt időszak	5,19	3,34

3.2. táblázat. Adatok összevetése 2 vírusvariáns jelenlétekor

Az adatokat megfigyelve azt a következtetést vonhatjuk le, hogy sok szempontból pozitív hatása volt a gyengébb, de jobban fertőző vírusvariánsnak, mivel a halálozás mennyisége több, mint 10%-ot esett, és a túlterhelt időszak (azon időszak, amikor a populáció legalább 10%-a fertőzött) hossza is jelentősen csökkent, ami egy valódi járványhelyzetben csökkentheti a kórházak leterheltségét, szemben viszont az egyszerre megbetegedők számával, ami 10-szeresére nőtt, ami már kevésbé szolgálja a kórházak kapacitásainak felszabadítását. Amit ebből mégis érdemes lehet következtetésként levonni, hogy egy ilyen variáns hasonlóan viselkedik egy oltáshoz, mivel

nem betegít meg sok embert súlyosan, nem is okoz sok halálesetet, mégis védettséget ad. A következő alfejezetben így az oltás vizsgálatával folytatjuk.

3.2. SIRD modell egy vírus variánssal és egy oltással

Ebben a fejezetben különböző oltásos eseteket tekintünk át, figyelembe véve olyan tényezőket, mint az oltási hajlandóság, vagy a rendelkezésre álló oltási kapacitás. Ezeket jól szemléltetik a 3.4. ábra és a 3.9. ábra diagramjai.

3.2.1. Kötelező vs önkéntes oltás (I. eset)

Egy olyan esetet vizsgálunk, amely során bizonyos idő eltelte szükséges az oltás beadása után addig, amíg a védettség kialakul, ám azzal a feltevessel élünk, hogy ez idő alatt nem fertőződhet meg az adott személy (például karanténban van).

Ekkor megjelenik egy új állapot, ahova az oltottakat soroljuk (vaccinated). Továbbá két eddig nem használt paramétert is be kell vezetnünk:

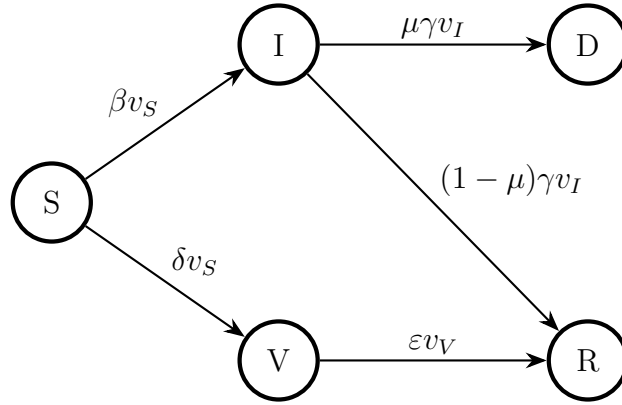
ε : A védettség kialakulásának gyorsasága.

δ : Az oltás sebességére jellemző paraméter; önkéntes oltás esetén az oltási hajlandóságot jellemzi, kötelező oltás esetén az oltási kapacitást, tehát azt a korlátot, amilyen sebességgel be tudják oltani a populációt.

Ezek alapján az egyenleteink a következőkre módosulnak, szemléltetésük pedig a 3.2 ábrán található:

$$\begin{aligned}v'_S(t) &= -\beta v_I(t) v_S(t) - \delta v_S(t) \\v'_I(t) &= \beta v_I(t) v_S(t) - \gamma v_I(t) \\v'_V(t) &= \delta v_S(t) - \varepsilon v_V(t) \\v'_R(t) &= \gamma v_I(t) (1 - \mu) + \varepsilon v_V(t) \\v'_D(t) &= \mu \gamma v_I(t)\end{aligned}\tag{3.1}$$

A (3.1) egyenletben az, hogy az $S \rightarrow V$ átmenet rátája v_S -sel arányos, azt modellezi, hogy az oltás önkéntes, minél több ember oltattatta be magát vagy esett át a



3.2. ábra. *SIRD* modell állapotainak szemléltetése, amikor vakcinát is alkalmaznak, és az oltás önkéntes

betegségen, annál lassabban oltakoznak a többiek közül. A megfelelő állapotdiagram a 3.2. ábrán látható.

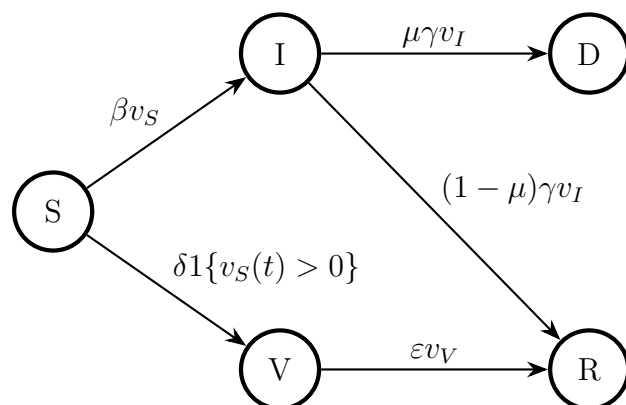
Amikor az oltás kötelező, akkor az egyenletrendszer a következőképpen módosul:

$$\begin{aligned}
 v'_S(t) &= -\beta v_I(t) v_S(t) - \delta 1\{v_S(t) > 0\} \\
 v'_I(t) &= \beta v_I(t) v_S(t) - \gamma v_I(t) \\
 v'_V(t) &= \delta 1\{v_S(t) > 0\} - \varepsilon v_V(t) \\
 v'_R(t) &= \gamma v_I(t) (1 - \mu) + \varepsilon v_V(t) \\
 v'_D(t) &= \mu \gamma v_I(t)
 \end{aligned} \tag{3.2}$$

A (3.2) egyenletben az az oltás sebessége független az egészségesek számától, csak az oltási kapacitástól függ. Az $1\{v_S(t) > 0\}$ szorzó azt jelenti, hogy azt a tagot csak a $v_S(t) > 0$ esetben kell figyelembe venni, egyébként 0. A megfelelő állapotdiagram a 3.3. ábrán látható.

A (3.2) egyenletben a $v'_V(t)$ egyenlet jobboldalán szereplő $1\{v_S(t) > 0\}$ tag nem folytonos, hanem van egy szakadása, amikor elfogynak az S -beli egyedek. Ezt a szakadást numerikusan a 2.1.3. fejezetben leírt módszerrel lehet kezelni.

Az pedig, hogy az oltás jelenlétének, illetve kötelezővé tételének milyen jelentősége van, a 3.3. táblázatba foglalt adatok szemléltetik. Kiolvasható belőle, hogy mennyivel kevesebben fertőződnek meg, illetve ennek eredményeként milyen arányban csökken az egy időben betegségben szenvedők aránya. A túlterhelt időszak is egy kötelező oltás esetén több, mint felére csökken, de már a nem kötelező oltás



3.3. ábra. *SIRD* modell állapotainak szemléltetése, amikor vakcinát is alkalmaznak, és az oltás kötelező

esetén is jelentős különbséget figyelhetünk meg. A halálozás aránya pedig az oltás jelenlétében 1 % alá esik.

Oltás	Nincs	Kötelező	Nem kötelező
Össz halálozás	5,05 %	0,21 %	0,37%
Össz fertőzés a járvány során	99,99 %	13,35 %	22,33 %
Az egyszerre megbetegedők maximális aránya	67,54 %	8,25 %	9,69 %
Túlterhelt időszak hossza	3,35	1,20	2,14

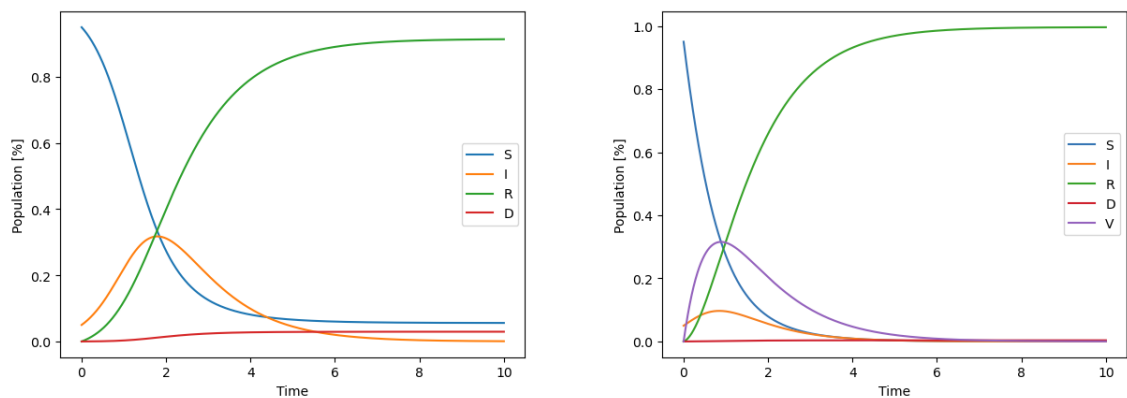
3.3. táblázat. *SIRD* modell, I. eset: Számszerű adatok összevetése

A 3.4. ábra diagramjain azt figyelhetjük meg, hogy hogyan alakul a járvány lefutása attól függően, hogy elérhető-e oltás (amit önkéntesen alkalmaznak). A 3.5. ábra pedig az önkéntes illetve kötelező oltások esetén hasonlítja össze ezt a lefolyást.

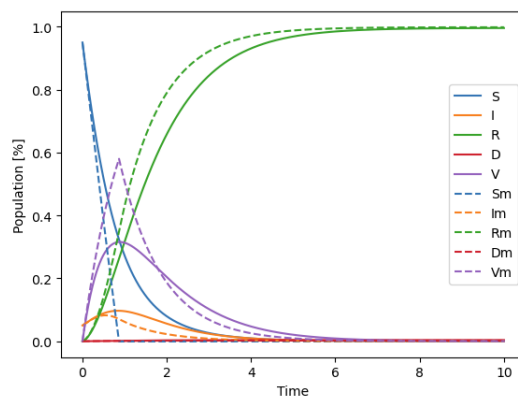
A 3.4. táblázat pedig az ezen futtatások során alkalmazott paraméterértékeket tartalmazza.

Változó	Jelentés	Érték
β	terjedés gyorsasága	3
γ	gyógyulási ráta	1
ε	védettség kialakulási ráta	1
δ	oltási kapacitás/ hajlandóság	1
μ	halálozás mértéke	0.01

3.4. táblázat. Paraméterek



3.4. ábra. SIRD modell I. eset: A bal oldali grafikonokon egy olyan járványlefutás látható, amikor nem elérhető oltás, míg a jobboldalon az önkéntes oltásos eset.

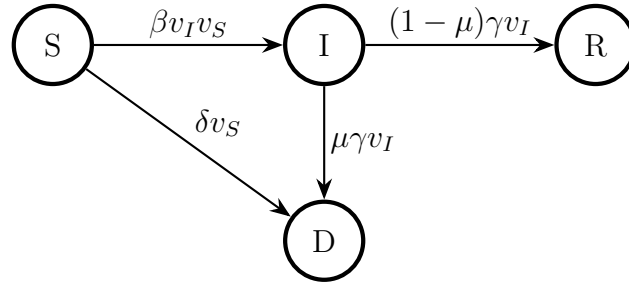


3.5. ábra. SIRD modell I. eset: Járvány lefutása önkéntes oltás (folytonos görbék) illetve kötelező oltás esetén (szaggatott görbék).

3.2.2. Azonnali védettséget adó oltás esete (II. eset)

Tekintsünk most egy olyan esetet, amikor az oltás után a személyek egyből védetté válnak, így nincs szükség az előbbi extra állapotra az oltottaknak, ők a fogékonyak közül egyből a felgyógyultak közé kerülnek át. A paramétereket illetően csupán az oltás sebességére van szükségünk, azaz δ -ra.

Az egyenleteink és az állapotátmenetek pedig az előzőhöz egészen hasonlóak:



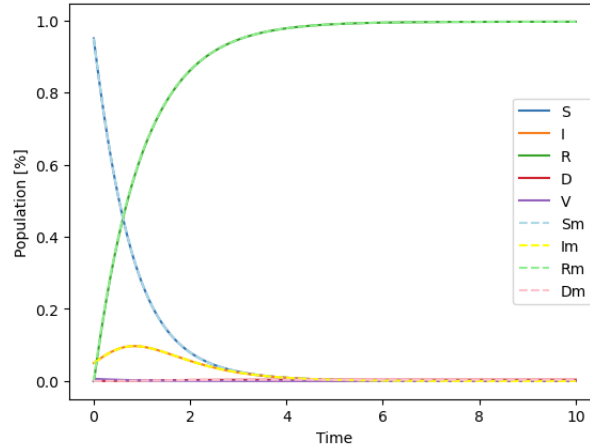
3.6. ábra. *SIRD* modell állapotainak szemléltetése, amikor vakcinát is alkalmaznak, és annak hatása azonnali

$$\begin{aligned}
 v'_S(t) &= -\beta v_I(t) v_S(t) - \delta v_S(t) \\
 v'_I(t) &= \beta v_I(t) v_S(t) - \gamma v_I(t) \\
 v'_R(t) &= \gamma v_I(t) (1 - \mu) + \delta v_S(t) \\
 v'_D(t) &= \mu \gamma v_I(t)
 \end{aligned}$$

Ez az eset tulajdonképpen annak felel meg, mintha az előző esetbeli 3.4. táblázatban ε nagyon nagy értékű (tart ∞ -hez). A 3.5. táblázatban találjuk az imént ismertetett egyenletrendszer, illetve az előző esethez tartozó egyenletrendszer paramétereit. A 3.7. diagramon azoknak a görbéknek a közelítőleges egybeesése látható, amikor ez az ε érték kellően nagy. Az egyéb paraméterértékek ugyanazok az első és a második esetben is.

Változó	Jelentés	Érték
β	terjedés gyorsasága	3
γ	gyógyulási ráta	1
ε	védettség kialakulási ráta	150
μ	halálozás mértéke	0.01
δ	oltási kapacitás / hajlandóság	1

3.5. táblázat. Az I. és II. esetek egybeesésének szemléltetése kellően nagy ε esetén



3.7. ábra. SIRD II. eset

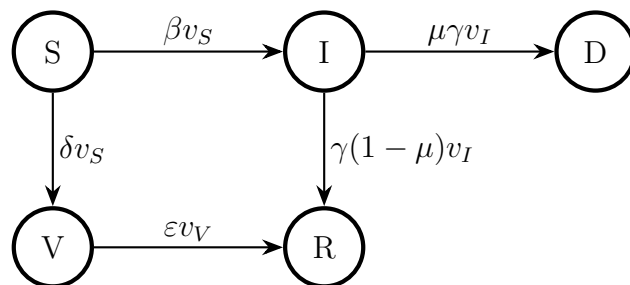
3.2.3. A védettség kialakulása nem instant (III. eset)

Végül pedig nézzünk meg egy olyan esetet (az adatok összevetését a 3.6. táblázatban szemléltetjük), amikor oltás után szükséges, hogy bizonyos idő elteltén a védettség kialakulásáig, azonban ez idő alatt is megfertőződhetnek a már beoltottak. Ez talán az egyik legrealisabb eset. Itt ismét lesz egy állapotunk az oltottak számára, továbbá a 2 paraméterre is szükség lesz, amik már az első esetnél is felmerültek.

Az egyenleteink pedig a következők:

$$\begin{aligned}
 v'_S(t) &= -\beta v_I(t) v_S(t) - \delta v_S(t) \\
 v'_I(t) &= \beta v_I(t) v_S(t) - \gamma v_I(t) + \beta v_V(t) v_I(t) \\
 v'_V(t) &= \delta v_S(t) - \varepsilon v_V(t) - \beta v_V(t) v_I(t) \\
 v'_R(t) &= \gamma v_I(t) (1 - \mu) + \varepsilon v_V(t) \\
 v'_D(t) &= \mu \gamma v_I(t)
 \end{aligned}$$

A 3.3. táblázat egy olyan esetet ír le, amikor az oltás beadása után bizonyos idő szükséges a védettség kialakulásához, de ez idő alatt az egyedek nem fertőződhetnek meg. Mindeközben a III. esetnél a védettség kialakulása közben is elkapható a vírus, ennek adatait a 3.6. táblázat mutatja. A halálozás aránya és a megbetegedések száma ekkor is jelentősen csökken az oltás jelenlétében, sőt még az egyszerre betegek száma is kevesebb, mint harmadára esik vissza. Egyedül a túlterhelt időszak hossza nem változik érdemben.



3.8. ábra. *SIRD* modell állapotainak szemléltetése, amikor vakcinát is alkalmaznak, de annak hatására nem azonnal alakul ki a védettség

Oltás	Nincs	Kötelező	Nem kötelező
Össz halálozás	5,05 %	0,80 %	1,15%
Össz fertőzés a járvány során	99,99 %	38,15 %	49,79 %
Egyszerre megbetegedők maximális aránya	67,54 %	16,26 %	19,22 %
Túlterhelt időszak	3,35	2,96	3,51

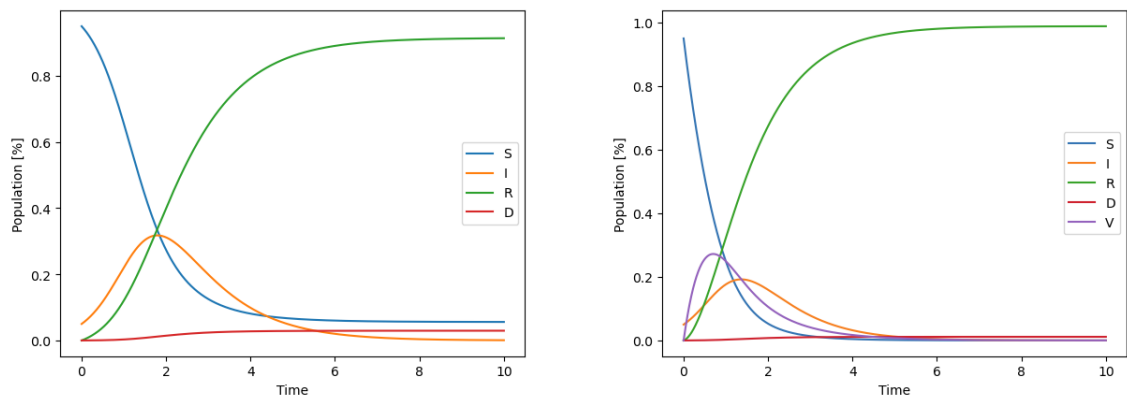
3.6. táblázat. *SIRD* modell, III. eset: Számszerű adatok összevetése

A 3.7 táblázat mutatja a fentebbi esetben használt paramétereket, amik a járvány terjedését és minőségét meghatározzák, természetesen ezek az értékek lehetnének eltérőek az itt látottaktól, és akkor a százalékok valamelyest más értékeket vennének fel, de érdemi különbséget nem tapasztalnánk.

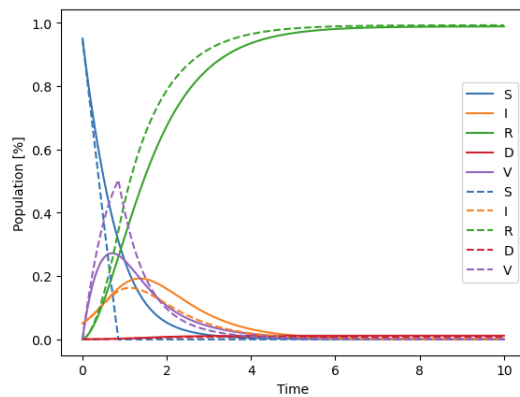
Változók	Jelentés	Érték
β	fertőzőség	3
γ	gyógyulási ráta	1
μ	halálozás mértéke	0,01
δ	az oltás sebessége	1
ε	oltási hajlandóság/kapacitás	1

3.7. táblázat. *SIRD* modell paraméterei

A 3.9. és 3.10. ábrák ugyanazt szemléltetik, mint az I. esetnél, csak a III. esetre vonatkozóan.



3.9. ábra. SIRD modell III. eset: a bal oldali grafikonokon a kötelező, illetve a választható oltásos esetek láthatók. Míg a jobb oldali grafikonokon az alap SIRD modell, illetve a baloldali grafikonok összehasonlítása kerül szemléltetésre.



3.10. ábra. SIRD modell III. eset: a bal oldali grafikonokon a kötelező, illetve a választható oltásos esetek láthatók. Míg a jobb oldali grafikonokon az alap SIRD modell, illetve a baloldali grafikonok összehasonlítása kerül szemléltetésre.

4. fejezet

Közösségi modellek

4.1. Alapkoncepció

A társadalmat kisebb egységekre tudjuk bontani, például egy országot megyékre, vagy korcsoportok alapján. Ezen belül az adott egység létszámának ismeretében, továbbá az egyedek közötti kapcsolat erősségéből adódóan további következtetéseket vonhatunk le.

- L db közösségre osztjuk a populációt
- Az egyes közösségek mérete: $W_1, W_2, W_3, \dots, W_L$
- Az egészhez képest az egyes közösségek aránya egy egészet tesz ki:

$$W_1 + W_2 + \dots + W_L = 1.$$

- A közösségek közti kapcsolatok erősségét pedig egy $A_{L \times L}$ -es mátrixban tároljuk, ahol az A_{ij} elem azt mondja meg, hogy az i . és j . közösségek között mennyire erős, vagy gyakori a kapcsolat. Az A mátrix szimmetrikus.

Ebben az esetben az SIR modellre vonatkozó egyenleteink a következőképpen módosulnak:

$$\begin{aligned}v'_{S,I}(t) &= -\beta \sum_{k=1}^L A_{kl} v_{k,I}(t) W_k v_{l,S}(t) \\v'_{I,I}(t) &= \beta \sum_{k=1}^L A_{kl} v_{k,I}(t) W_k v_{l,S}(t) - \gamma v_{I,I}(t) \\v'_{R,I}(t) &= \gamma v_{I,I}(t)\end{aligned}$$

Változó	Jelentés	Érték
L	közösségek száma	3
w	közösségek létszámának aránya	[0.5, 0.3, 0.2]
A	közösségek közti kapcsolat erőssége	$\begin{bmatrix} 6 & 2 & 1 \\ 2 & 3 & 1 \\ 1 & 1 & 0.5 \end{bmatrix}$
β	fertőzőségi ráta	1.5
γ	gyógyulási ráta	1

4.1. táblázat. SIR modell változóinak értéke közösségek vizsgálatához

Ahol:

- l : futó index az egyes közösségeken.
- $v'_{l,S}$: az egészséges egyedek aránya az l . közösségben.

A közösségekre vonatkozó SIR modell az $A_{kl} \equiv 1$ esetben visszaadja a korábban vizsgált, homogén populációra vonatkozó SIR modellt. A vizsgált mennyiségek ugyanazok, mint korábban, azonban fontos megjegyezni, hogy az egyes közösségekben külön-külön eltérő lehet a járvány lefolyása.

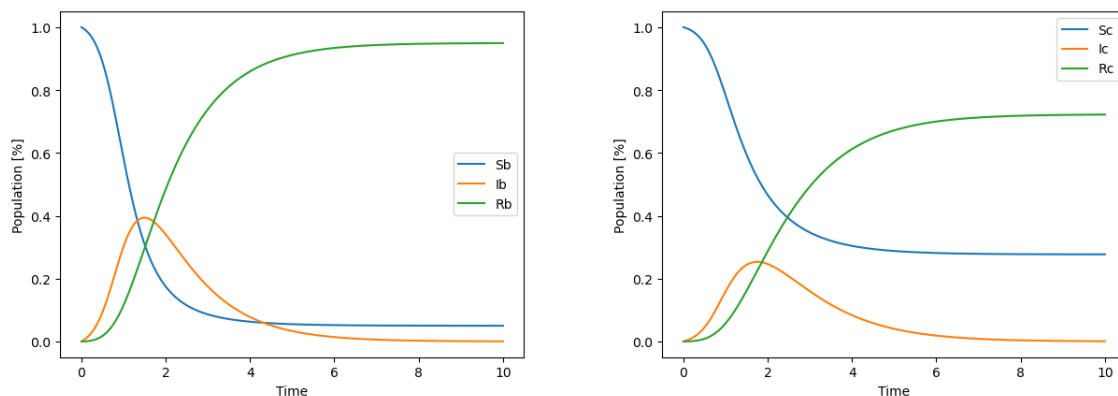
Például vegyünk egy három közösségből felépülő populációt! Legyen az első és második jelentősen aktívabb, mint a harmadik, és megoszlásukat tekintve legyenek a legaktívabbak a legtöbben. Ez egy valós társadalomban egyébként is reális, hiszen a fiatalabb korosztály és a felnőttek a legaktívabbak, míg az idősebbek már kevésbé és ők egyre kevesebben is vannak.

A modell elkészítéséhez a 4.1. táblázatban feltüntetett értékeket használtam.

Ekkor összevethetjük, hogyan alakul a járvány lefolyása például a második - aktívabb - és a harmadik, - kevésbé aktív - közösségekben. a 4.1. ábra diagramjain ezt figyelhetjük meg.

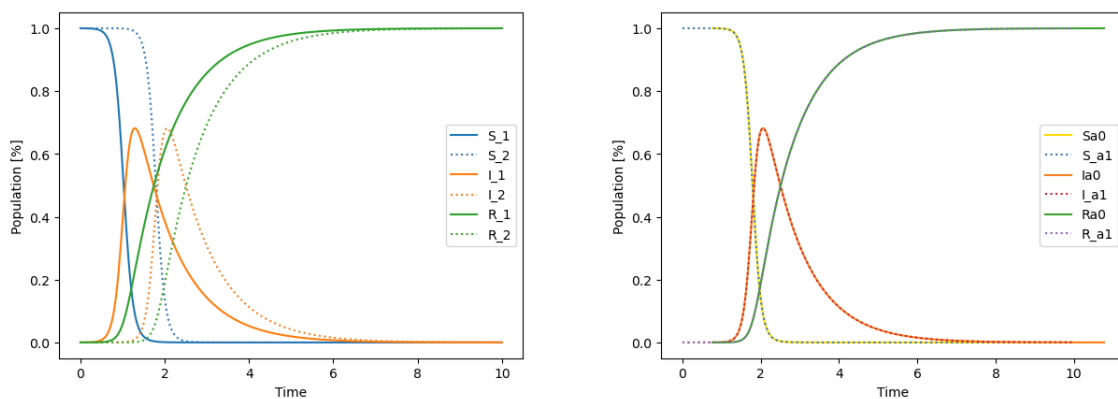
4.2. Különböző kezdeti feltétel vizsgálata

Érdemes megvizsgálni azt is, hogy hogyan zajlik le egy járvány, ha az a közösség, ahonnan indul, kevesebb kontaktszámmal bír. Azt feltételezhetnénk, hogy ennek jelentős hatása lesz a járványra. Nos, csupán olyan tekintetben, hogy lassabban fog beindulni, azonban végeredményben pontosan ugyanúgy fog lezajlani, mintha egy kapcsolatokban erősebb közösségből indultunk volna ki. Erre utaló elméleti eredmények ismertek [6], bár más járványmodellre [6].



4.1. ábra. A járvány két különböző aktivitású közösségbeni lefolyásának összehasonlítása

Szemléltetésképp, nézzük ezt meg egy 2 közösségre bontott populációra. A létszám megoszlása nem egy erős befolyásoló tényező, akár 50-50-et, akár 60-40-et választunk, én most az előbbivel dolgoztam. Érdekes módon a kezdeti feltétel hiába lesz nagyságrendekkel kisebb, a járvány lefolyásának mikéntjét nem fogja befolyásolni, csak időben eltolódik a folyamat. Ezt figyelhetjük meg a 4.2 ábra diagramjain, a görbék előállításához használt paraméterek pedig a 4.2 táblázatban lelhetők fel.



4.2. ábra. Mindkét diagramon szerepel "mindkét" járvány lefolyása, a második diagramon eltoltuk az első járvány értékeit időben, hiszen a különbség a kettő lefolyás között az, hogy eltérő kezdeti betegszámból indultunk ki, azonban ez csak időbeli eltolódást eredményezett a vírus lefolyásában.

Ennek magyarázata az, hogy hiába van kevesebb kontaktszám az egyik közösségben, egészen rövid idő alatt a járvány átér a másik (többi) közösségbe is és kiegyenlítődik

Változó	Jelentés	Érték
β	fertőzőség	3
γ	gyógyulási ráta	1
$v_{I_1}[0]$	kezdetben fertőzött egyedek száma az első közösségben	0.0001
$v_{I_2}[0]$	kezdetben fertőzött egyedek száma a második közösségben	0.0000001

4.2. táblázat. SIR modell paraméterei közösségekre

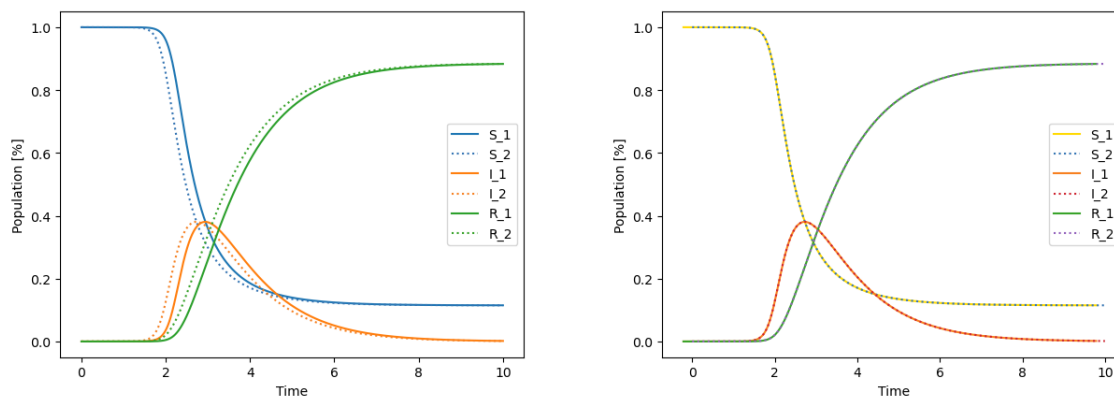
a fertőzöttek száma, ha pedig elér egy bizonyos értéket - például 1%-ot - onnantól kezdve a járvány lefolyása ugyanúgy bekövetkezik.

4.3. Számít-e, hogy milyen közösségből indul a járvány?

Elsőre talán logikusnak tekinthetjük azt a megfontolást, hogy ha egy szociálisan kevésbé aktív közösségből indul a járvány, ráadásul egészen kicsiny kezdeti értékkel (azaz kevés fertőzöttel), akkor talán a járvány útjára sem indul, vagy valahogyan másképp alakul a lefolyása a két esetben. A koronavírus járvány például egy kínai nagyvárosból indult, ahol az egyedek közötti aktivitás minden bizonnyal magas volt. Jogosan tehetjük fel a kérdést: egy kis faluból is elindulhatott volna a járvány, vagy lehet, hogy idő előtt vége lett volna? Vegyünk példának ismét egy 2 populációból álló közösséget és futtassuk a járványt egyszer az egyik, aztán a másik közösségből indítva, kis kezdeti értékkel! A 4.3. táblázatbeli adatokat használjuk, azaz az egyik közösségünk jóval aktívabb, mint a másik, e kettő között pedig inkább kisebb interakció van, mint nagyobb, de mégsem elhanyagolható mértékű. Nagyon kicsiny kezdeti feltételből indítjuk a járványt, a többi paraméternek pedig egy átlagos értéket adunk. Azzal ellentétben, amit vártunk, egészen hasonló képet rajzol ki a 2 féle lefolyás, amit a 4.3. ábra diagramjain meg is figyelhetünk. Azt láthatjuk, hogy akad némi különbség a két lefolyás között, de ez nem kiugró. Sőt, megkeresve az egyik lefolyásbeli érték maximumát, majd azzal eltolva a másik görbék, szembe-tűnő, mennyire egybeesik a két eset ténylegesen. Fontos megjegyezni matematikai szempontból, hogy valamennyi különbség van azért a két lefolyás között, számunkra azonban ennél most fontosabb, hogy választ adhatunk a feltett kérdésre. Lényegi különbséget nem okoz, hiába indulna kevésbé szociális közösségből a járvány.

Változó	Jelentés	Érték
L	közösségek száma	3
w	közösségek aránya	0.5:0.5
A	közösségek közti kapcsolat erőssége	6, 1
β	fertőzőség	3
γ	gyógyulási ráta	1
$v_{I_1}[0]$	kezdetben fertőzött egyedek száma az egyes közösségekben, aktívakból indítva	0.0000001, 0
$v_{I_2}[0]$	kezdetben fertőzött egyedek száma az egyes közösségekben, kevésbé aktívakból indítva	0, 0.0000001

4.3. táblázat



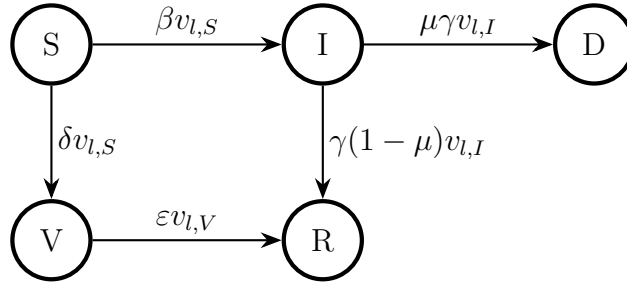
4.3. ábra. Különböző aktivitású közösségekből indítva a járványok lefolyása nagyjából hasonlóan zajlik

4.4. Kiket érdemes elkezdni oltani?

Az is egy fontos kérdés, hogy mivel védjük jobban az gyengébb immunrendszerű lakosságot, - ez jelentheti például az idősebb generációt vagy azokat, akik valamilyen egyéb betegséggel rendelkeznek - akikről feltételezzük, hogy kevésbé aktívak szociálisan. Azzal, ha őket kezdjük el beoltani minél hamarabb, vagy azzal, ha a szociálisan aktívabb, de nagyobb immunitással bíró közösségeket kezdjük el oltani? A kérdés megválaszolása nem feltétlen egyértelmű, a koronavírus járvány alatt is sok vitát generáltak az ilyen és ehhez hasonló kérdések a társadalom szereplői között. Tekintsünk át egy ilyen esetet is! Maradjunk 2 közösségnél a modell szempontjából, ámde ebben az esetben közelítve a valósághoz, először még nem vezetünk be oltást. Amíg a fertőzöttek száma nem éri el az 1%-ot, addig egy sima SIRD modellt

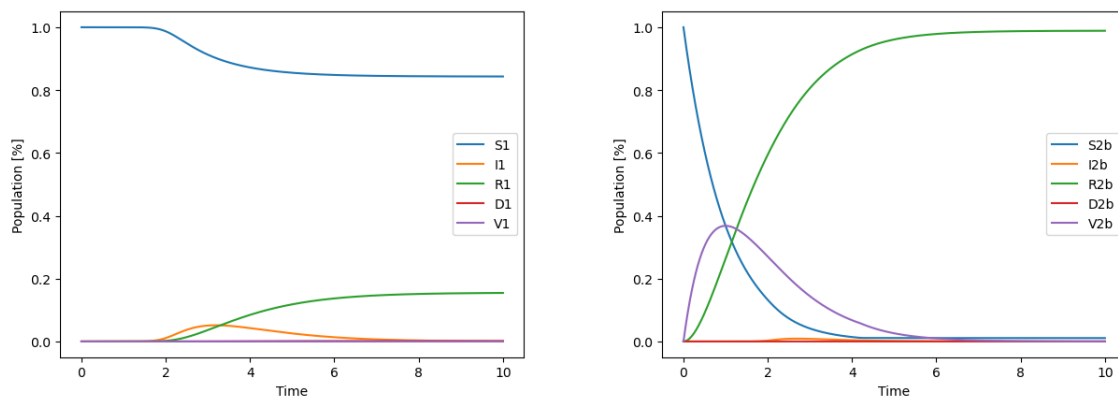
futtatunk a lakosságra, azt követően pedig bevezetjük az oltást. Ez közösségekre vonatkoztatva ez a következőt jelenti az egyenleteinket illetően, pirossal kiemelve az SIRD és SIRDV eset közti eltérést:

$$\begin{aligned}
v'_{S,I}(t) &= -\beta v_{I,S}(t) \sum_{k=1}^L A_{kl} v_{k,I}(t) W_k - \delta v_{I,S} \\
v'_{I,I}(t) &= \beta v_{I,S}(t) \sum_{k=1}^L A_{kl} v_{k,I}(t) W_k - \gamma v_{I,I}(t) \\
v'_{R,I}(t) &= (1 - \mu)\gamma v_{I,I}(t) + \varepsilon v_{I,V} \\
v'_{D,I}(t) &= \mu \gamma v_{I,I} \\
v'_{V,I}(t) &= \delta v_{I,S} - \varepsilon v_{I,V}
\end{aligned}$$



4.4. ábra. *SIRD* modell állapotainak szemléltetése, amikor vakcinát is alkalmaznak közösségek esetén

Áttekinthetőbben a 4.4. ábrán szemléltethetjük az egyes állapotátmeneteket. Az egyes paraméterek értékei az előző esetnél is használt paraméterek értékeivel egyeznek meg, melyek a 4.3. táblázatban megtalálhatók, az ott még nem használt paraméterek értéke pedig a 4.4. táblázatban. A kezdeti feltételt ugyanúgy meghagyjuk 10^{-6} -nak. Ekkor azt láthatjuk (a 4.5. ábrán), hogy ha a szociálisan aktív, erősebb immunitással bíró csoportot oltjuk, többen halnak meg a gyengébb immunrendszerűek között, mint abban az esetben, ha eleve őket kezdenénk el oltani. Ez alapján azt a következtetést vonhatjuk le, hogy érdemes a gyengébb immunitású csoportot oltani. Persze ekkor feltételeztük, hogy az oltás nem okozhat halált, csupán védettséget.



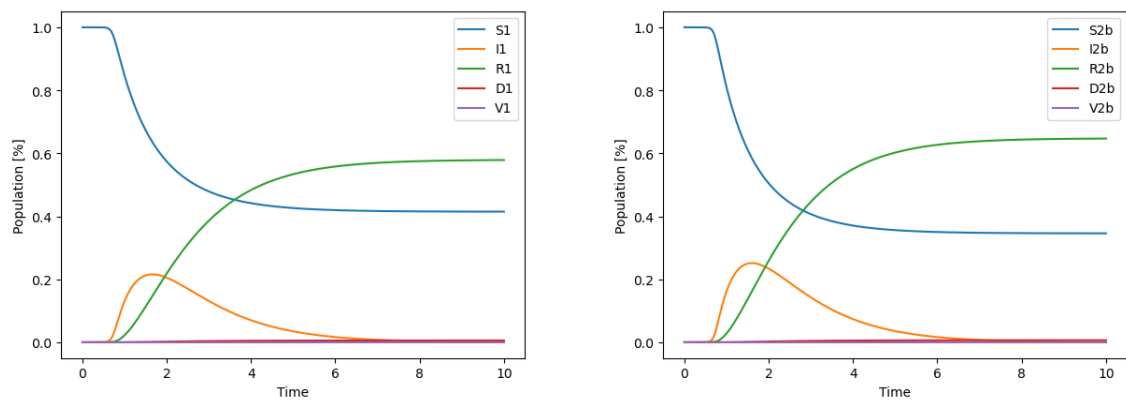
0.156 % – halálozás mértéke – 0.019 %

4.5. ábra. Mindkét diagram a gyengébb immunitású közösségi lefolyását mutatja a járválynak, a baloldali eset az, amikor a nagyobb immunitású, aktívabb csoportot oltjuk, a jobboldali pedig amikor a kevésbé aktívabb, gyengébb immunitású egységet

Változó	Jelentés	Érték
δ	oltási kapacitás	1
ε	védettség kialakulásának sebessége	1
μ	halálozási ráta, erős immunitású csoportban	0.001
μ	halálozási ráta, gyenge immunitású csoportban	0.01

4.4. táblázat. SIRDV modell további paraméterei közösségekre

Míg abban az esetben, ha a járvány sokkal fertőzőbb, legalább több, mint kétszer annyira, mint korábban, akkor elveszti a jelentőségét, az gyengébb immunitásúak oltása, sőt, egy kicsivel többen halnak meg, ha őket oltjuk csak (4.6. ábra). Bár a halálozás - az többi elemhez képest - relatíve alacsony, és a grafikonon nem látszik szembetűnően a különbség, a járvány lefolyásában azért mégis megmutatkozik. Az előző esetben megjelent az oltás a második esetben, itt viszont a fogékonyak-felépültek átmenetéből látjuk csak az oltás hatását a gyengébb immunitásúak oltásakor.



0.584 % – halálozás mértéke – 0.653 %

4.6. ábra. Mindkét diagram a gyengébb immunitású közösségi lefolyását mutatja a járválynak, a baloldali eset az, amikor a nagyobb immunitású, aktívabb csoportot oltjuk, a jobboldali pedig amikor a kevésbé aktívabb, gyengébb immunitású egységet

Irodalomjegyzék

- [1] Draskóczy Dóra Boglárka: SIR-model. <https://github.com/ddb-dora/sir-model>. Git-hub repository.
- [2] Compartmental models in epidemiology. https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_models_in_epidemiology.
- [3] Stoyan Gisbert – Takó Galina: *Numerikus módszerek II*. 2012, ELTE.
- [4] D. V. Griffiths – I. M. Smith: *Numerical methods for engineers: a programming approach*. 1991, Blackwell Scientific Publications.
- [5] J.A.P. Heesterbeek: A brief history of r_0 and a recipe for its calculation. *Acta Biotheoretica*, 50. évf. (2002), 189–204. p.
- [6] Dániel Keliger: Universality of sis epidemics starting from small initial conditions. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 644. évf. (2024). ISSN 0378-4371. URL <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0378437124003522>.
- [7] A. S. Mata – S. M. P. Dourado: Mathematical modeling applied to epidemics: an overview. *Sao Paulo Journal of Mathematical Sciences*, 15. évf. (2021), 1025–1044. p.
- [8] H. H. Weiss.: *The SIR model and the Foundations of Public Health. Materials Matematics*. 2013, Publicació electrònica de divulgació del departament de Matemàtiques de la Universitat Autònoma de Barcelona. <https://mat.uab.cat/matmat/ebook2013/V2013n03-ebook.pdf>.