

Populációs modellek szimulációja

1 Járványmodellek

Az egyik alapvető járványmodell, a 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.

(Míg akadnak további modellek, mint a SIS, amelyben nem szereznek az egyedek védekezést 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 az információterjedést is jól reprezentálja.)

A járvány terjedése előtt az összes egyed az S állapotban van, és a járvány néhány fertőző egyed megjelenésével kezdődik. A járványt a következő differenciálegyenletek modellezzik:

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

Ahol:

- β : egy sebesség jellegű mennyiség, ami a betegség fertőzőképességét mutatja.
- γ : a gyógyulási ráta (Minél nagyobb érték, annál gyorsabban gyógyulnak).

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

2 Közösségi modellek

A társadalmat kisebb egységekre tudjuk bontani, például az országot megyékre, és azon belül az adott terület egyedszámának ismeretében továbbá az egyedek közötti kapcsolat erősségéből adódóan további következtetéseket vonhatunk le.

- L db közösségre osztjuk a populációt
- Az egyes egyedszámok: $W_1, W_2, W_3, \dots, W_L$
- 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
 $A_{i,j}$ azt mondja meg, hogy az $i.$ és $j.$ közösségek között mennyire erős, vagy gyakori a kapcsolat.

Ebben az esetben az egyenleteink módosulnak.

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

Ahol:

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

3 SIS modell

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

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.

4 Differenciálegyenletek elmélete – Fix pontok

4.1 1 D

Ez a legegyszerűbb verzója. Olyan rendszert ír le, amelynek jövőbeli változása a pillanatnyi állapottól függ.

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

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

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

4.2 Magasabb dimenziókban

n db $v_N(t)$ 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 $v_1^*, v_2^*, \dots, v_N^*$ mind fix pontok, 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 mátrixot (H) építünk, annak sajátértékeit vizsgálva is meg lehet állapítani a fix pontok jellemzőit:

- v_N^* stabil fix pont, ha a sajátértékek negatívak.
- v_N^* instabil fix pont, ha a sajátértékek pozitívak. ???

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

5