

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem



Populációs modellek szimulációja

Önálló laboratórium

2023/2024. II. félév

Draskóczy Dóra Boglárka

CTWF8V

Konzulens: Horváth Illés Antal

Tartalomjegyzék

1. Járványmodellek	2
1.1. SIR modell	2
1.2. SIS modell	3
1.3. SI modell	3
2. Differenciálegyenletek elmélete – Fix pontok	3
2.1. 1-dimenziós eset	3
2.2. Magasabb dimenziókban	4
3. SIRD modell	4
3.1. Két variánsos SIRD modell	5
3.2. SIRD modell egy vírus variánssal és egy oltással	5
3.2.1. I. eset	6
3.2.2. II. eset	6
3.2.3. III. eset	7
4. Az egyes modellek futtatásának eredménye	7
4.1. Táblázatok és ábrák	7

1. Járványmodellek

Az egyes fertőző betegségek terjedését matematikai modellekkel vizsgálhatjuk, szemléltethetjük [3]. 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 a SIR modell [1, 2], amely azokra a járványokra érvényes, amikor a fertőzésen átesettek nem képesek újra elkapni a betegséget. De akadnak további modellek is, mint a 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 az információterjedést is jól reprezentálja. Az egyes modellek leírására autonóm differenciálegyenleteket használunk, ezek jellemzője, hogy időfüggetlenek, azaz időben mindig állandó, ahogy kinéznek.

1.1. SIR modell

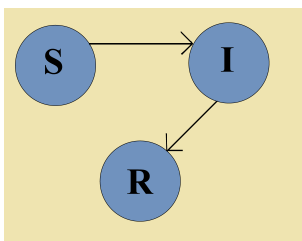
Az egyik alapvető járványmodell, a SIR modell három csoportot különböztet meg:

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

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

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

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



1. ábra. SIR modell állapotainak szemléltetése

Ahol:

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

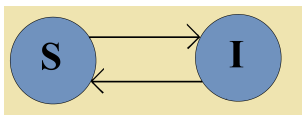
Ezen felül pedig érdemes még vizsgálni, és a későbbiekben szemléltetésre kerül az is, hogy az emberek közötti interakció mennyire befolyásolja a terjedés mértékét.

1.2. SIS modell

A SIS modellt olyan eseteket reprezentál, amelyek során nem alakul ki védettség egy betegséggel szemben, tehát visszakerülhetnek az egyedek fertőzött állapotba. Az egyenletrendszerünk e szerint úgy módosul, hogy a gyógyultak állapota kiesik, hiszen aki éppen nem fertőzött, az fogékony lesz a betegségre.

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

Annak a határa, hogy mindenki egészséges marad és nem kezdődik el a járvány, általában: $\beta = \frac{\gamma}{v_S(0)}$ -nál



2. ábra. SIS modell állapotainak szemléltetése

van.

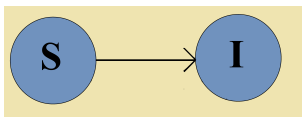
Amennyiben $\frac{\beta}{\gamma} < 1$, a járvány már az elején lecseng. Míg, ha $\frac{\beta}{\gamma} > 1$, felfut a járvány.

1.3. SI modell

Az SI modell az egyik legegyszerűbb járványterjedési modell. A SIS modellhez hasonlóan csak két állapotunk van, hiszen valaki vagy fogékony a betegségre, azaz elkaphatja, vagy már elkapta. Viszont ebben az esetben nem képes kigyógyulni belőle, tehát a modellt tekintve, nem kerül vissza az előző állapotba.

Ennek fényében az egyenleteink is tovább egyszerűsödnek:

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



3. ábra. SI modell állapotainak szemléltetése

2. Differenciálegyenletek elmélete – Fix pontok

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. 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 fix pontok 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 fixpont is pl. SIS modell esetén, ahol a populáció pozitív része fertőzött. Ez utóbbit endemikus állapotnak hívjuk, és olyan egyensúlynak felel meg, amikor a fertőzés stabilan jelen van a populációban.

3. SIRD modell

A SIR modellt kiegészítjük egy további állapottal, amely azokat a személyeket tartalmazza, akik a betegségből nem gyógyultak fel, azaz sajnálatos módon belehaltak abba. Azonban ezzel kapcsolatban számos eset kínálkozik, amit érdemes lehet megvizsgálni. Ilyen például, amikor nem csak egy variánsa terjed a vírusnak, de érdemes olyan eseteket is vizsgálni, amikor a vírus mellett oltás is jelen van, ami hasonlóan védettséget adhat, mint egy vírusvariáns.

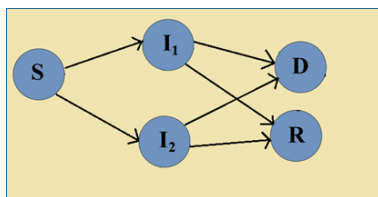
3.1. Két variánsos SIRD modell

Egy olyan esetet vizsgálunk, amikor a vírusnak több variánsa is terjed (jelen esetben mondjuk 2 variáns). Ezek jellemzői:

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

Azonban nem függetlenek egymástól a variánsok, mivel ha valaki az egyiket átesik, az védettséget nyújt a másik ellen is és fordítva.

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



4. ábra. SI_1I_2RD modell állapotainak szemléltetése

A 2. táblázatban látható azon esetek összehasonlítása, amikor csak a halálosabb variáns van jelen (1. eset), illetve amikor mindkét variáns jelen van (2. eset). Az 1. táblázatban pedig az egyes paraméterek, amiket az egyenletrendszerben használunk.

Változók	a variáns	b variáns
β (fertőzőség)	1,5	10
γ (gyógyulási ráta)	1	1
μ (halálozás mértéke)	0,01	0,0001

1. táblázat. Az egyes változók értékei a SIRD modellben

3.2. SIRD modell egy vírus variánssal és egy oltással

Ebben a fejezetben különböző eseteket tekintünk át, figyelembe véve olyan tényezőket, mint az oltási hajlandóság, vagy a rendelkezésre álló oltási kapacitás. Ezeket jól szemléltetik a 9. és a 10. ábra diagramjai.

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

2. táblázat. Adatok összevetése 2 vírusvariáns jelenlétekor

3.2.1. I. eset

Egy olyan esetet vizsgálunk, amely során bizonyos idő eltelte szükséges az oltás megkapása 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 bevezetünk:

ε : Az oltottság mértéke annak kapacitásától, illetve az arra való hajlandóságtól függően.

δ : A védettség kialakulásának gyorsasága.

Ezek alapján az egyenleteink a következőkre módosulnak:

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

Az pedig, hogy az oltás jelenlétének, akár annak kapacitása, akár az arra való hajlandóság határozza meg, milyen jelentősége van, a 3. táblázatba foglalt adatok szemléltetik.

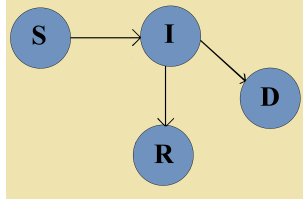
3.2.2. II. eset

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 fertőzöttekből egyből a felgyógyultak közé kerülnek át. A paramétereket illetően csupán az oltás sebességére van szükségünk, azaz a δ -ra.

Az egyenleteink pedig az előzőhöz egészen hasonlóak:

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

Ez az eset akkor is fennállhat, ha az előző esetbeli ε kellően nagy értékű.



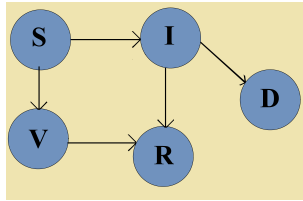
5. ábra. SIRD modell állapotainak szemléltetése

3.2.3. III. eset

Végül pedig nézzünk meg egy olyan esetet (az adatok összevetését a 4. táblázatban szemléltetjük), amikor oltás után szükséges, hogy bizonyos idő elteljen a védettség kialakulásáig, azonban ez idő alatt is megfertőződhetnek a már beoltottak. Itt is lesz egy oltott állapotunk, továbbá a 2 paraméterrel is szükség lesz, amik már az első esetben is felmerültek.

Az egyenleteink pedig a következők:

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



6. ábra. SIRDV modell állapotainak szemléltetése

4. Az egyes modellek futtatásának eredménye

Végül pedig vessük össze az egyes modellek eredményeit, tekintsük át az adatokat grafikonok segítségével, ezek sokkal szemléletesebb képet adnak nekünk a kinyert adatok alapján.

4.1. Táblázatok és ábrák

A 3 táblázatban az figyelhető meg, 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 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	3,35	1,20	2,14

3. táblázat. SIRD modell, I. eset: Számszerű adatok összevetése

A 3 táblázatban egy olyan esetet vizsgálunk, amikor az oltás beadása után bizonyos idő szükséges a védetség kialakulásához, de ez idő alatt az egyedek nem fertőződhetnek meg. Mindeközben a III. esetben a védetség kialakulása közben is elkapható a vírus, ennek adatait a 4 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.

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

4. táblázat. SIRD modell, III. eset: Számszerű adatok összevetése

Az 5 táblázat mutatja a fentebbi 2 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.

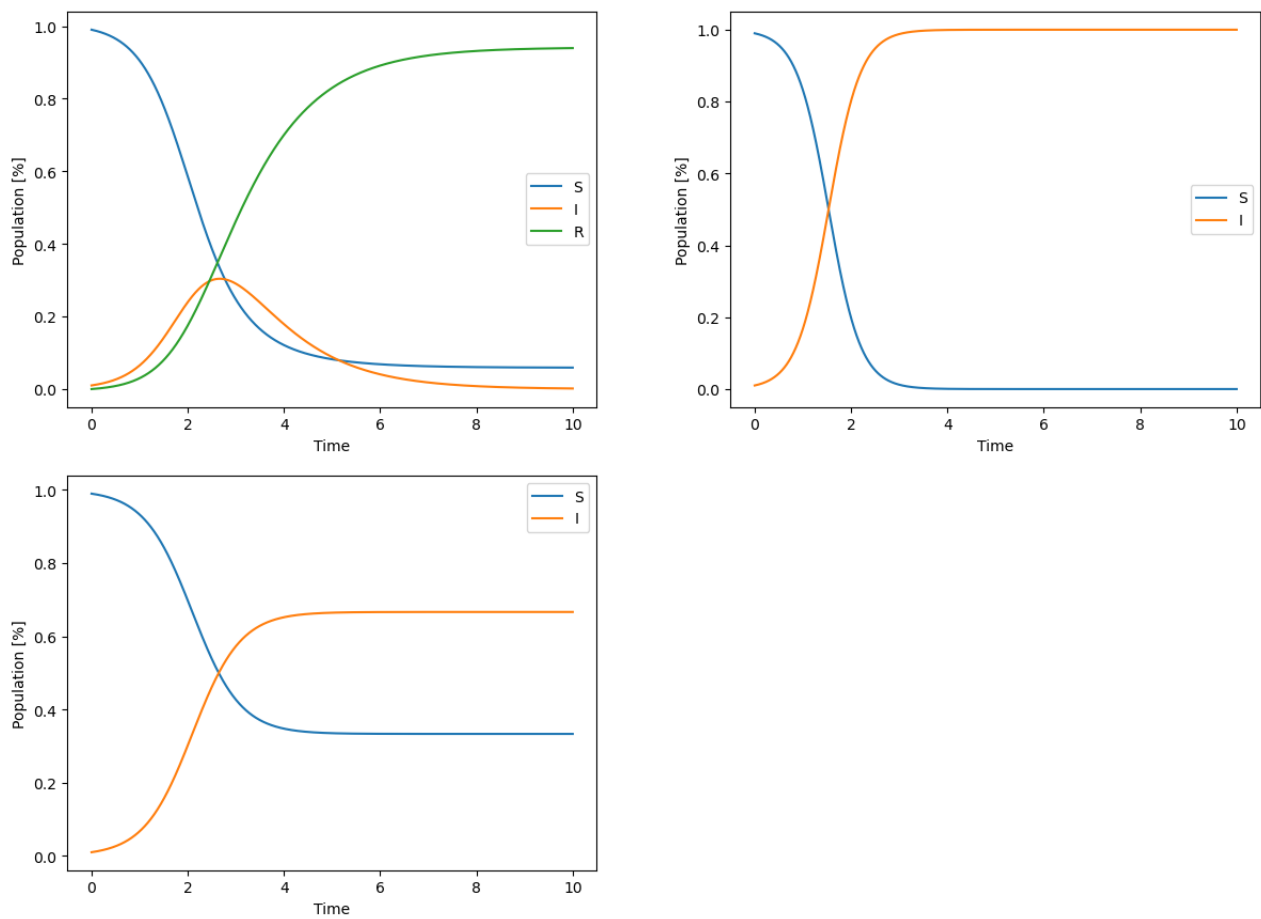
Változók	Jelentés	Érték
β	fertőzőség	3
γ	gyógyulási ráta	1
μ	halálozás mértéke	0,01
δ	az oltás sebessége	1
ε	oltási hajlandóság/kapacitás	1

5. táblázat. SIRD modell paraméterei

A 7. ábra grafikonjain a három alap modell lefolyását láthatjuk, míg areffig:compare. ábra grafikonján figyelhetjük meg azon esetek összehasonlítását, amikor az oltás egyből védetséget ad, és amikor az oltás nem egyből, de nagyon gyorsan ad védetséget (δ nagy).

A 9. ábra diagramjain azt figyelhetjük meg, hogy hogyan alakul a járvány lefutása attól függően, hogy az oltás, amit alkalmaznak kötelező-e vagy csupán önkéntes, illetve az utolsó diagram összehasonlítja ezt a 2 lefolyást.

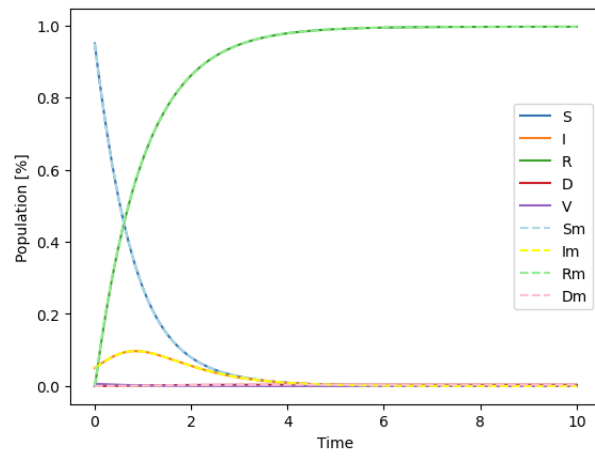
A 10. ábra ugyanezt szemlélteti, csak a III. esetre vonatkozóan.



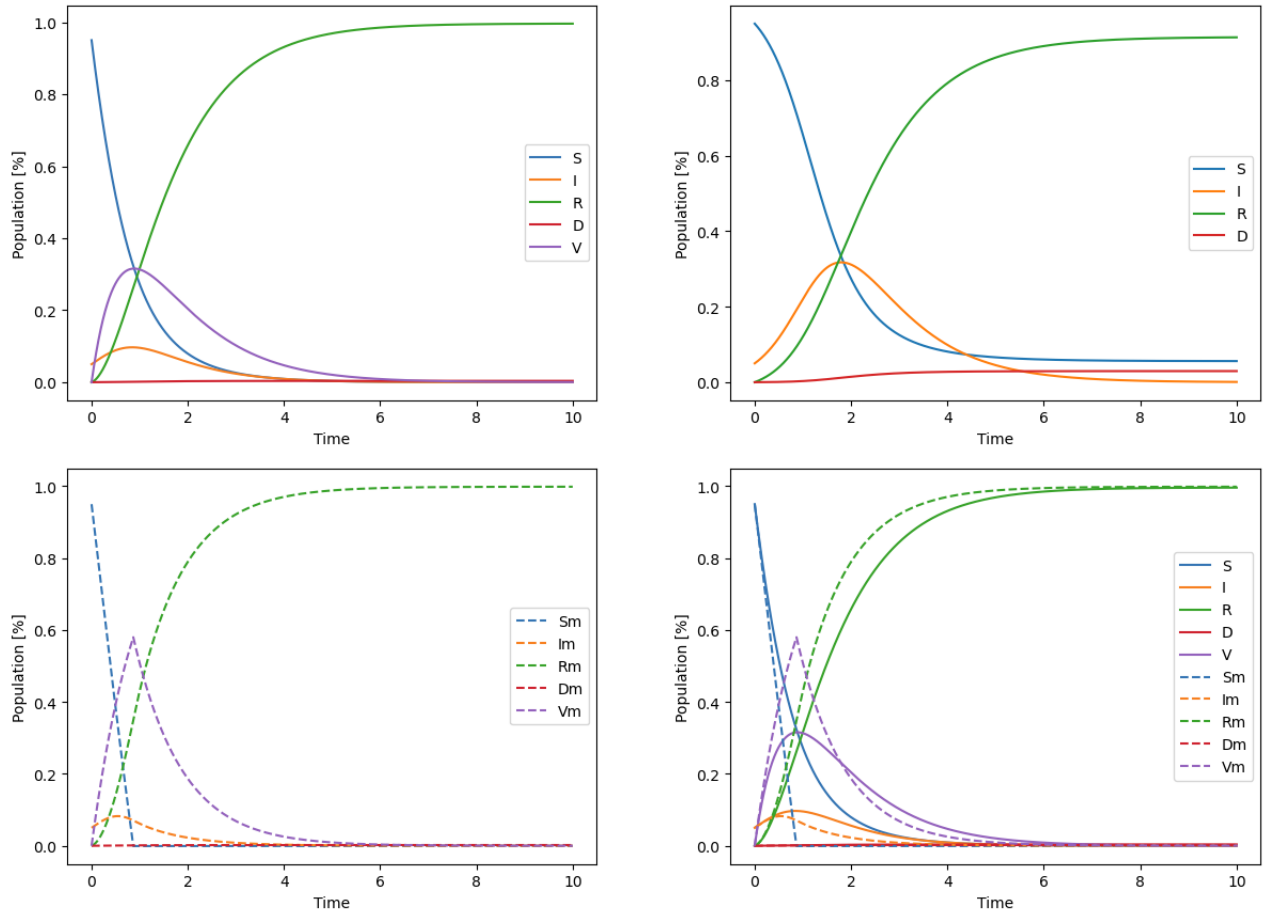
7. ábra. SIR, SI és SIS modellek szemléltetése, ahol $\beta = 3$ és $\gamma = 1$

Hivatkozások

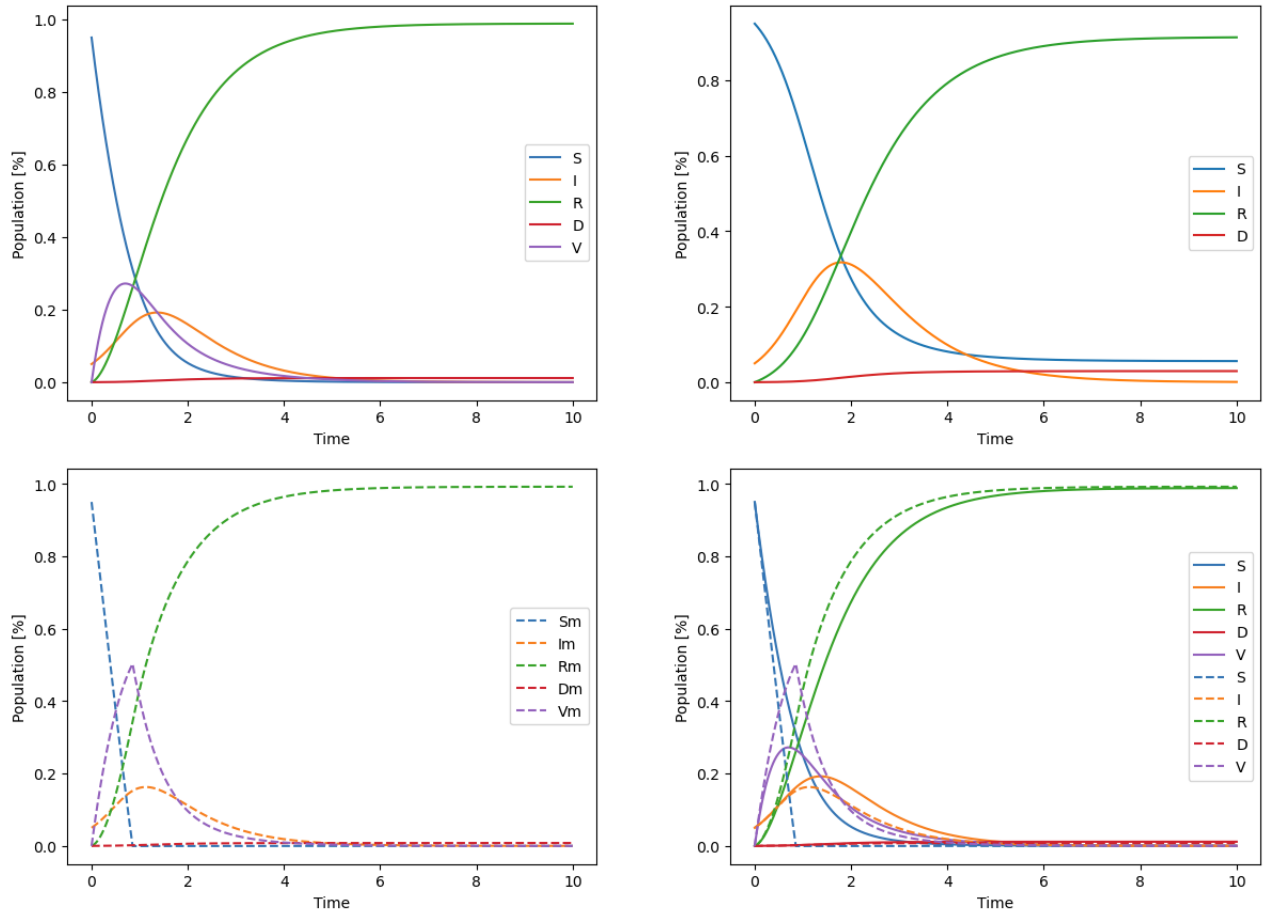
- [1] https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_models_in_epidemiology
- [2] H. H. Weiss. The SIR model and the Foundations of Public Health. Materials Matemàtics, 2013
- [3] A. S. Mata, S. M. P. Dourado. Mathematical modeling applied to epidemics: an overview. Sao Paulo J Math Sci. 2021; 15(2): 1025-1044.



8. ábra. SIRD II. eset



9. ábra. SIRD modell I. 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.



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