

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	2
1.3. SI modell	3
2. Differenciálegyenletek elmélete – Fix pontok	3
2.1. 1 D	3
2.2. Magasabb dimenziókban	3
3. SIRD modell	4
3.1. Két variánsos SIRD modell	4
3.2. SIRD modell egy vírus variánssal és egy oltással	5
3.2.1. I. eset	5
3.2.2. II. eset	6
3.2.3. III. eset	6
4. Az egyes modellek futtatásának eredménye	6
4.1. Táblázatok és ábrák	6
4.2. Hivatkozások	10

1. Járványmodellek

Az egyes fertőző betegségek terjedését matematikai modellekkel vizsgálhatjuk, szemléltethetjük. 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, 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 védelem egy 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 differenciál egyenleteket használunk, ezek jellemzője, hogy időfüggetlenek, azaz időben mindig állandó, ahogy kinéznek. A 2. ábra diagramjain megfigyelhetjük miben is különböznek az egyes modellek lezajlásukat illetően.

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 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.

1.2. SIS modell

A SIS modellt olyan eseteket reprezentál, amelyek során nem alakul ki védelem egy betegséggel szemben, tehát visszakkerülhetnek 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 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:

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

2. Differenciálegyenletek elmélete – Fix pontok

Egy járványra akkor mondjuk, hogy endemikus állapotban van, amikor eljut egy olyan fázisba, hogy nagyjából véget ér, de még vannak fertőzöttek, tehát például az SIS modell esetén újra lehet fertőződni. Az egyenletrendszereket tekintve pedig az endemikus állapot egy stabil fix pont esetén áll fenn.

2.1. 1 D

Ez az egyenletek legegyszerűbb verziója. 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

2.2. 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 $v_1^*, v_2^*, \dots, v_N^*$ fix pontot alkotnak, ha

$$F_1(v_1^*, v_2^*, \dots, v_N^*) = 0$$

$$\vdots$$

$$F_N(v_1^*, v_2^*, \dots, v_N^*) = 0.$$

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 mind negatívak.
- v_N^* instabil fix pont, ha a sajátértékei közül legalább egy értéke pozitív.

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

Az, hogy fix pontban van az egyenletrendszer, annyit tesz, hogy az adott esetben mincs már fertőzött vagy olyan oltott, akinek még időre lenne szüksége.

3. SIRD modell

A SIR modellt kiegészítjük egy további állapottal, amely azokat a személyeket tartalmazza, akik a betegségéből nem gyógyultak fel, azaz sajnálatos módon belehaltak abba. Azonban ezzel kapcsolatban is 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 fertőz, de viszonylag halálos kimenetelű.
- b.) Nagy mértékben fertőz, de kevésbé halálos.

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

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

Az 1. táblázatban látható azon esetek összehasonlítása, amikor csak a halálosabb variáns van jelen (1. eset), illetve amikor mindkét variáns jelen van (2. eset).

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

1. táblázat. 2 variáns összehasonlítása

1. eset: csak a halálosabb variáns van jelen
2. eset: 2 variáns van jelen

	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

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 ?? és a 4. ábra diagramjai.

3.2.1. I. eset

Egy olyan esetet vizsgálunk, amely során bizonyos idő elteltéig szükséges az oltás megkapása után addig, amíg a védettség kialakul, ám azzal a feltevéssel 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 2. 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.

3.2.3. III. eset

Végül pedig nézzünk meg egy olyan esetet (az adatok összevetését a 3. 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:

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

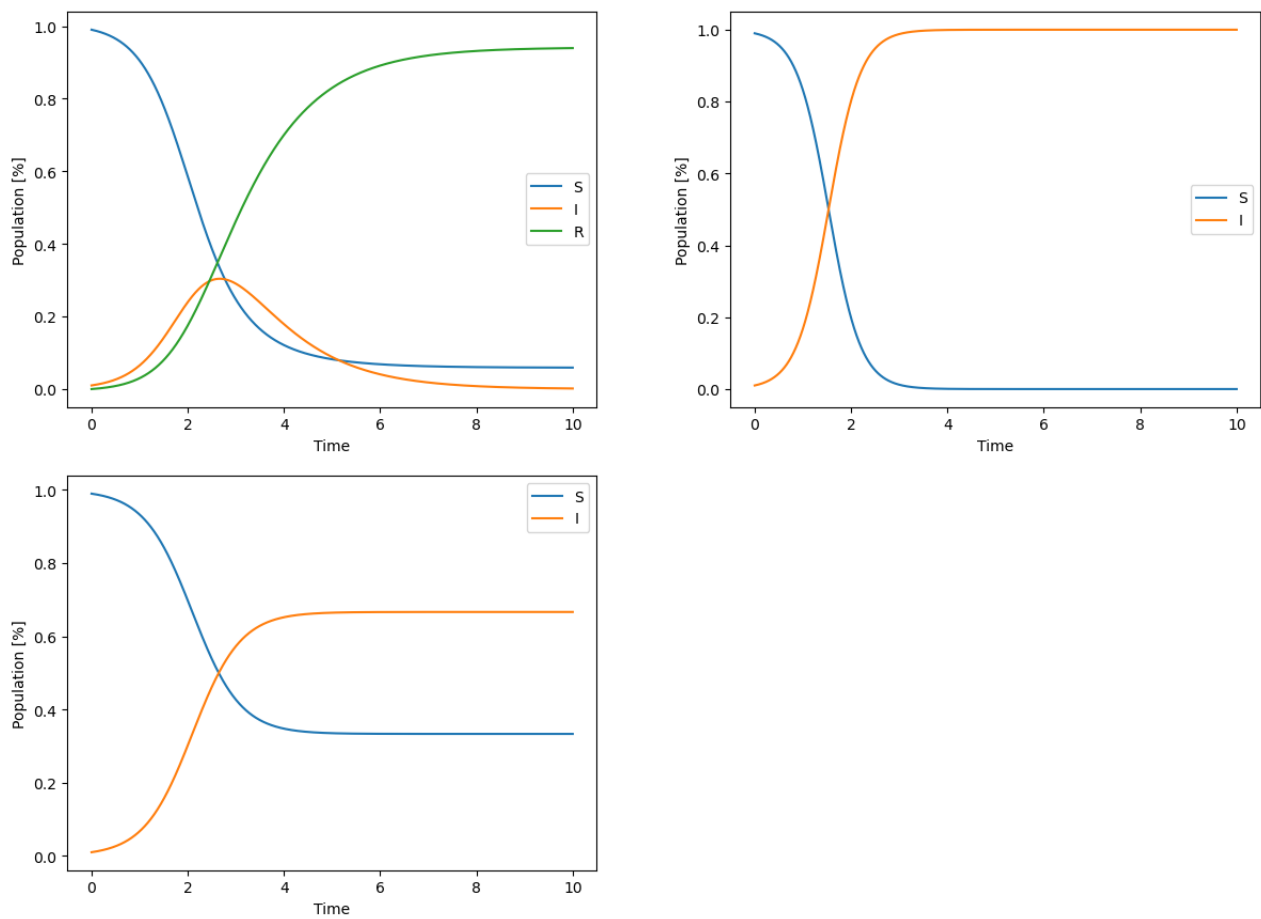
4. Az egyes modellek futtatásának eredménye

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

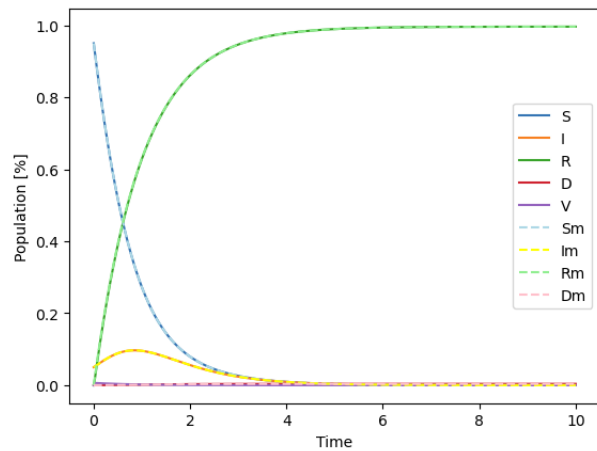
4.1. Táblázatok és ábrák

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

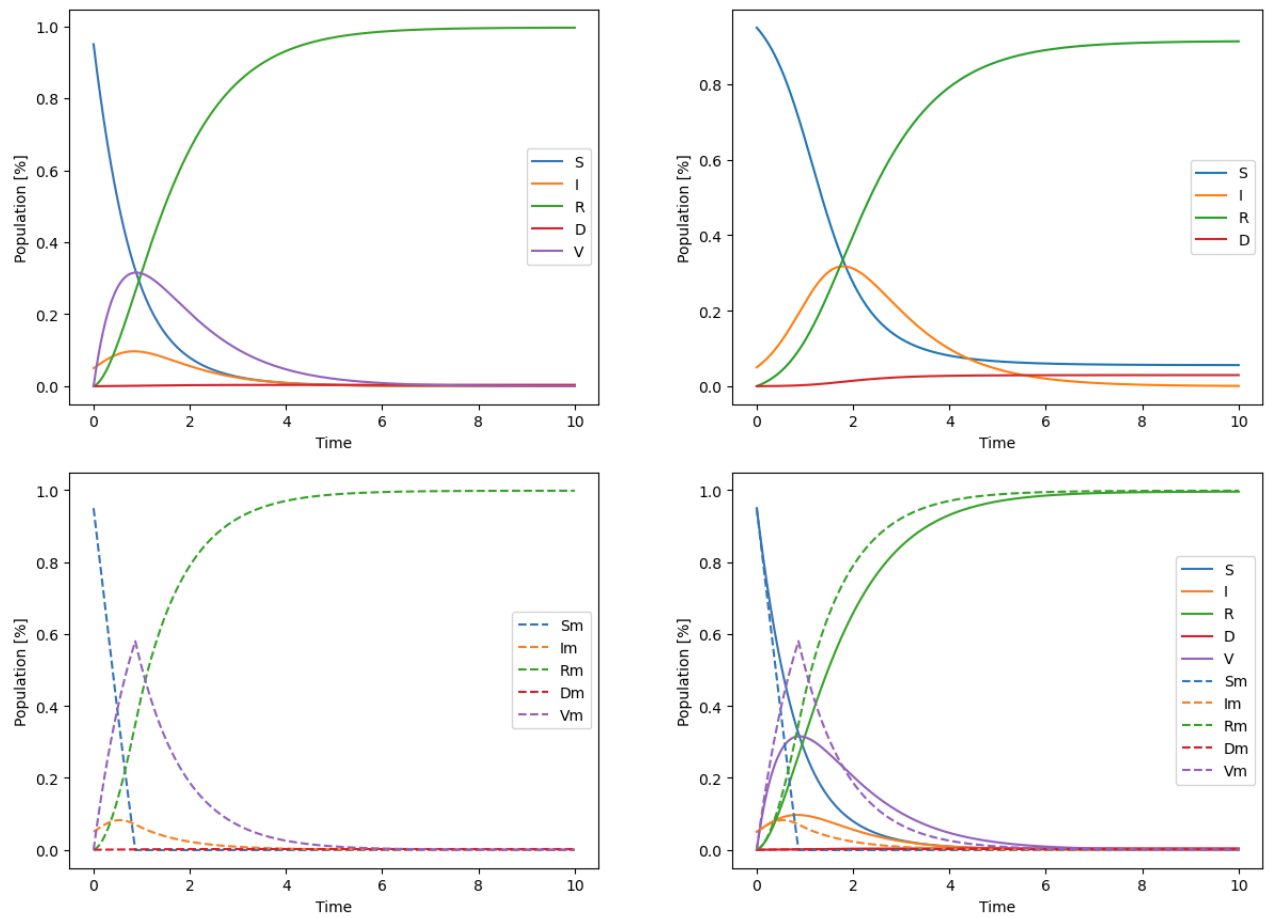
2. táblázat. SIRD modell, I. eset: Számszerű adatok összevetése



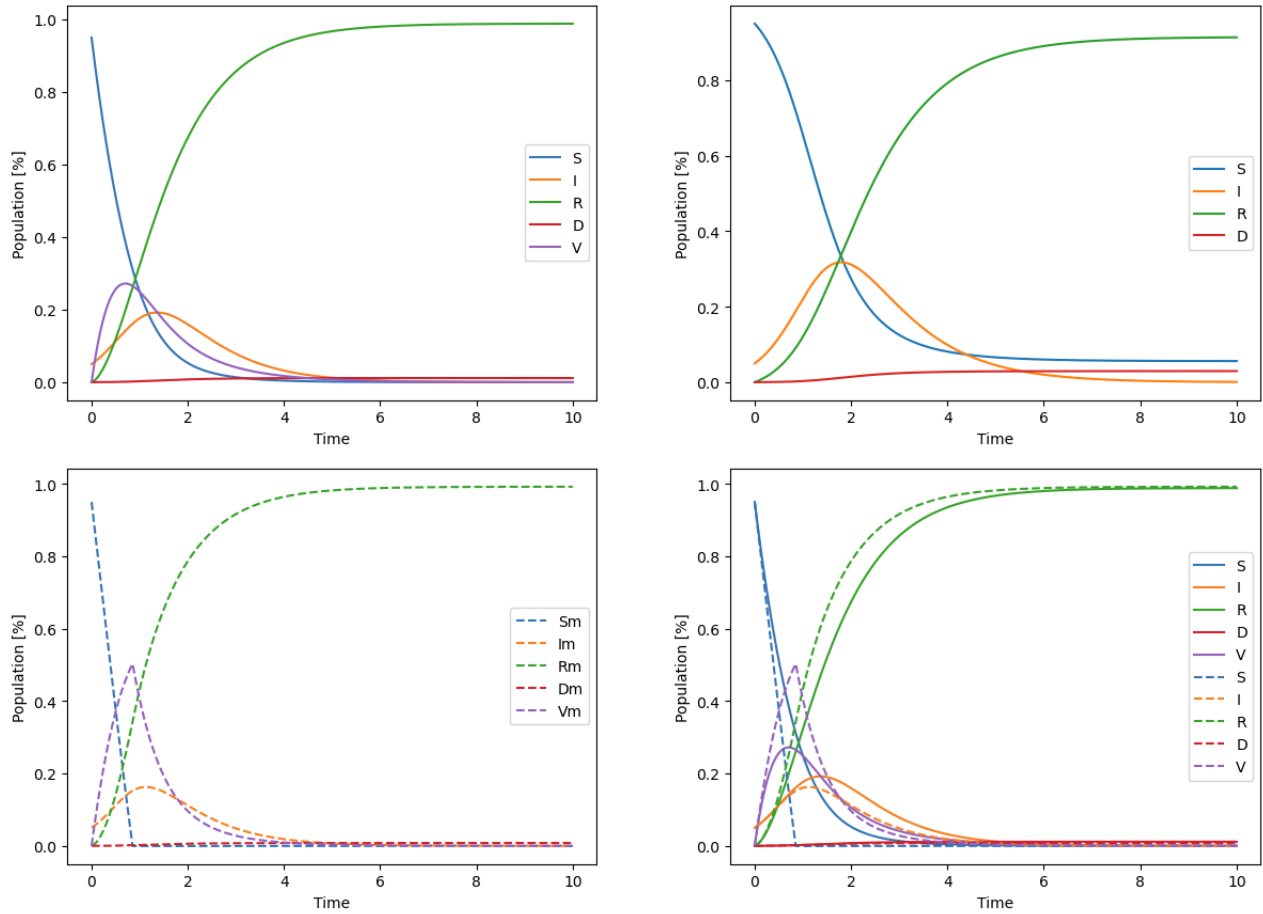
1. ábra. SIR, SI és SIS modellek szemléltetése, ahol $\beta = 3$ és $\gamma = 1$



2. ábra. Azon esetek összehasonlítása, amikor az oltás egyből védettséget ad (SIRD II. eset) és amikor nem, azonban az oltási hajlandóság mértéke (ε) nagy.



3. 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.



4. 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.

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

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

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

4. táblázat. SIRD modell paraméterei

4.2. Hivatkozások

https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_models_in_epidemiology