

Mixture of two infectious disease to increase reproductive number



01
Research Motivation

02 목적 및 방법

03 SIR Model

04

Code

05 Result

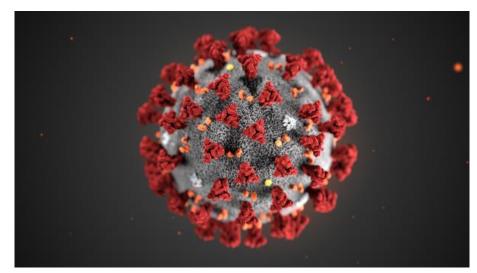
1) Research Motivation

치사율이 100%인 바이러스가 잘 퍼질 수 있을까?

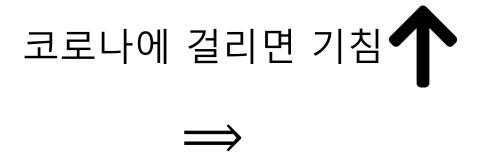
그럴 수 없다

그렇다면 어떻게 퍼지게 할 수 있을까?

1) Research Motivation



출처 : 포토파크닷컴



타액에 의한 감염병 전파



전염성이 강한 바이러스를 먼저 퍼트리고1

앞선 바이러스와의 상호작용으로 전염성이 높아지는 바이러스를 퍼뜨리는 전략을 실험해보자₂ 더 나아가 두 바이러스가 최고의 효율을 보이는 시간 T를 최적화하여 찾자,

2) 목적 및 방법

바이러스 a 전염성↑↑↑ 치사율 0%

바이러스 b 전염성↓ 치사율 100%

1. a,b 간의 상호작용 관찰

- 1) a와 b의 관계도 정의
- 2) 적절한 a와 b의 parameter 설정 $(\beta_a, \gamma_a, \beta_b, \gamma_b)$...etc)
- 3) scipy.integrate.solve_ivp를 활용하여 결과 도출 (a,b 동시 투입 가정)

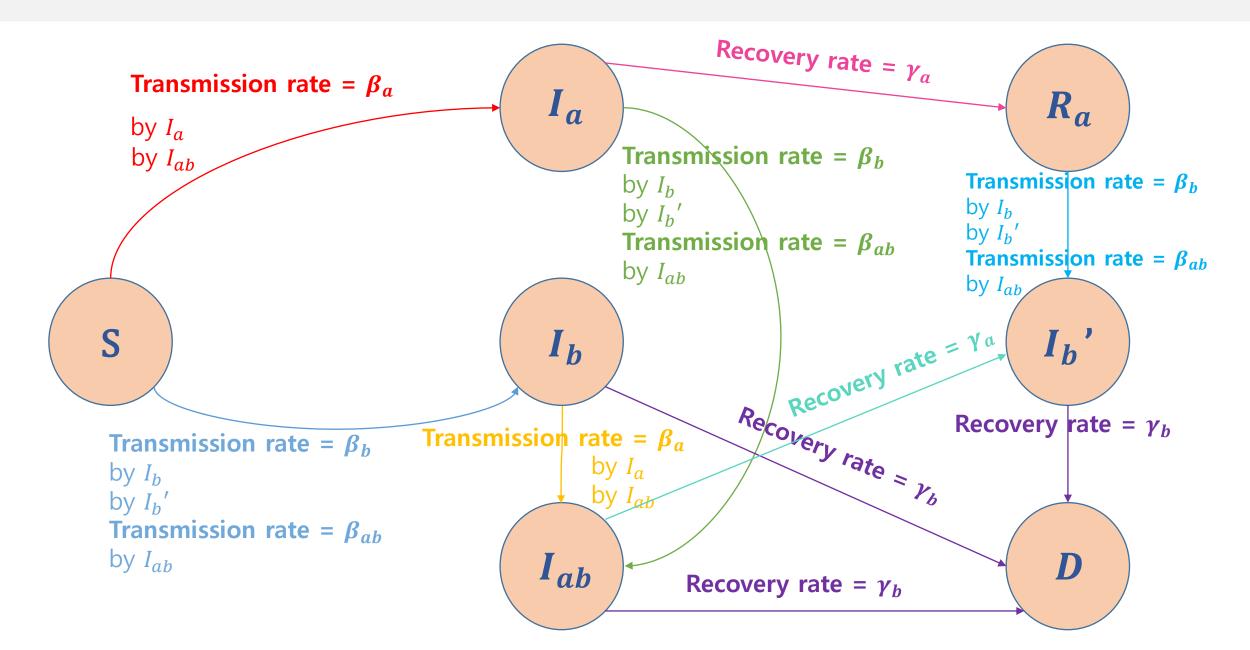
2. a,b 의 투입시간 최적화

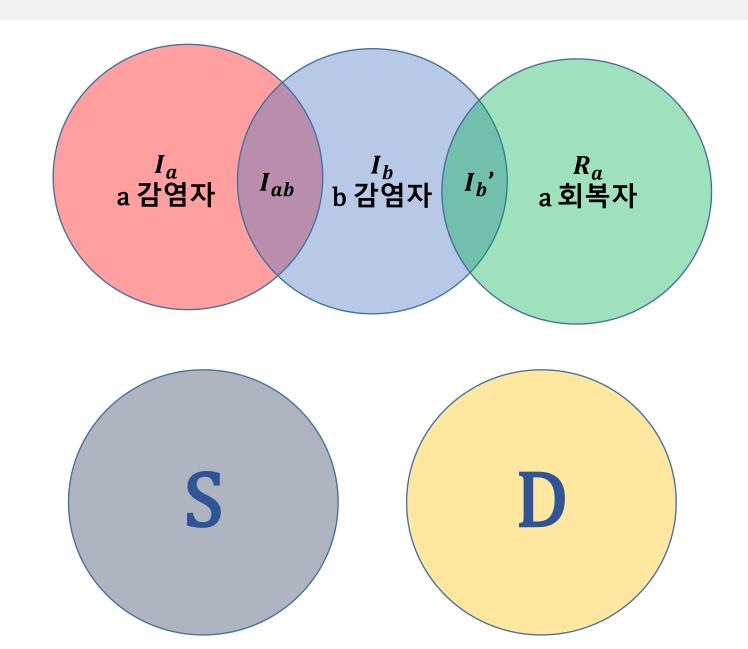
- 1) 1.의 1),2)와 동일한 절차 시행
- 2) b 투입 시간을 변화시키며 Death 집단의 수가 제일 커지는 시간 관찰



www.shutterstock.com · 1094978822

3) SIR model - Graph





$$R_a$$
 (감염재생산지수) = 12 R_b (감염재생산지수) = 0.6 R_{ab} (감염재생산지수) = 2.5 γ_a (회복률) = 1/14 γ_b (사망률) = 1/8 $\beta_a = R_a * \gamma_a$ $\beta_b = R_b * \gamma_b$ ($: \gamma_{ab} = \gamma_b$)

- ◆ a 감염병은 covid 19 오미크론 변이를 차용했다. 오미크론 코로나의 R_a (감염재생산지수) = 12 이고, 격리기간이 14일이기 때문에 γ_a = 1/14 로 설정했다.
- ◆ b 감염병은 타액을 통해 전염된다. a 감염병에 감염되면 일반적으로 기침을 하게 되므로 a, b 감염병에 둘다 감염된다면 b 감염병이 전파율이 증가한다. 그러므로 a, b 감염병에 감염된 사람의 b감염병의 R값을 Rab(감염재생산지수) = 2.5 로 설정하였다.

• S to
$$I_a = S \times \beta_a \times \frac{(I_a + I_{ab})}{N}$$

S를 a 감염병에 감염시키는 집단: I_a , I_{ab}

 I_a 의 a 감염병 전파율 : β_a

 I_{ab} 의 a 감염병 전파율 : β_a

(b 감염병의 감염이 a의 전파율에 영향을 미치지 않음)

• S to
$$I_b = S \times \frac{(\beta_b \times (I_b + I_b') + \beta_{ab} \times I_{ab})}{N}$$

S를 b 감염병에 감염시키는 집단: I_b , $I_{b'}$. I_{ab}

 I_b 의 b 감염병 전파율 : β_b

 I_b '의 b 감염병 전파율 : β_b

 I_{ab} 의 b 감염병 전파율 : β_{ab} (β_{ab} $\geqslant \beta_b$)

(a 감염병의 감염이 b의 전파율을 증가시킴)

•
$$I_a$$
 to $R_a = \gamma_a \times I_a$

a 감염병의 회복률 :=1/14

•
$$I_a$$
 to $I_{ab} = I_a \times (\beta_{ab} \times I_{ab} + \beta_b \times (I_b + I_b')) \times \frac{1}{N}$

 I_a 를 b 감염병에 감염시키는 집단: I_b , I_b' . I_{ab}

 I_h 의 b 감염병 전파율 : β_h

 I_b '의 b 감염병 전파율 : β_b

 I_{ab} 의 b 감염병 전파율 : β_{ab} ($\beta_{ab} > \beta_b$)

(a 감염병의 감염이 b의 전파율을 증가시킴)

•
$$I_b$$
 to $I_{ab} = I_b \times \beta_a \times (I_{ab} + I_a) \times \frac{1}{N}$

 I_b 를 a 감염병에 감염시키는 집단: I_a , I_{ab}

 I_a 의 a 감염병 전파율 : β_a

 I_{ab} 의 a 감염병 전파율 : β_a

b 감염병의 감염이 a의 전파율에 영향을 미치지 않음

•
$$I_{ab}$$
 to $I_{b}' = \gamma_a \times I_{ab}$

a 감염병의 회복률 := 1/14

집단 I_{ab} 에서 a 감염병이 회복되면 집단 I_{b} 로 이동

•
$$R_a$$
 to $I_{b'} = R_a \times (\beta_{ab} \times I_{ab} + \beta_b \times (I_b + I_{b'})) \times \frac{1}{N}$

Ra를 b 감염병에 감염시키는 집단: I_b , I_b' . I_{ab}

 I_b 의 b 감염병 전파율 : β_b

 I_b '의 b 감염병 전파율 : β_b

 I_{ab} 의 b 감염병 전파율 : β_{ab} ($\beta_{ab} > \beta_b$)

(a 감염병의 감염이 b의 전파율을 증가시킴)

•
$$I_b$$
 to D = $\gamma_b \times I_b$

b 감염병의 하루 사망률 : = 1/8

•
$$I_b'$$
 to D = $\gamma_b \times I_b'$

b 감염병의 하루 사망률 : = 1/8

•
$$I_{ab}$$
 to D = $\gamma_b \times I_{ab}$

b 감염병의 하루 사망률 : = 1/8

•
$$\frac{ds}{dt} = (-1) \times (S \text{ to } I_a + S \text{ to } I_b)$$

•
$$\frac{dI_a}{dt}$$
 = (S to I_a) - (I_a to R_a) - (I_a to I_{ab})

•
$$\frac{dI_b}{dt}$$
 = (S to I_b) - (I_b to D) - (I_b to I_{ab})

•
$$\frac{dI_{b'}}{dt} = (R_a \text{ to } I_{b'}) + (I_{ab} \text{ to } I_{b'}) - (I_{b'} \text{ to D})$$

•
$$\frac{dI_{ab}}{dt}$$
 = $(I_a \text{ to } I_{ab})$ - $(I_{ab} \text{ to D})$ + $(I_b \text{ to } I_{ab})$ - $(I_{ab} \text{ to } I_{b'})$

•
$$\frac{dR_a}{dt}$$
 = (I_a to R_a) – (R_a to I_b')

•
$$\frac{dD}{dt}$$
 = (I_b to D) + (I_{ab} to D) + ($I_{b'}$ to D)

4) Code for simultaneous case

 $total_population = 10,000$

```
Ra=12
Rb = 0.9
Rab = 2.5
gamma a = 1/14
gamma b = 1/8
beta_a = Ra*gamma_a
beta b = Rb*gamma_b
beta ab = Rab*gamma b
```

a는 Covid-19 오미크론 변이의 R_0 , γ 을 차용

b는 미지의 감염병으로 R<1, 평균 사망기간 8일

a,b에 동시에 걸렸을 경우 $R_h = 2.5(R_{ab} = 2.5 로 구현)$

```
= 1000.0
```

넉넉히 1000일의 시간을 두고 관찰

```
t eval = np.arange(t span[0], t span[1] + 1)
sol = sp.integrate.solve_ivp(sirs, t_span, y1, t_eval=t_eval, args=(beta_a, beta_b, beta_ab, gamma_a, gamma_b))
```

Model의 정의에 따른 sirs함수를 만든 후 solve_ivp 함수를 실행

4) Code for Optimization

```
T = 1000.0
k = np.arange(0.0,T,1.0)

maximum = (0,0) 최대 사망자 수와 그 투입시간을 저장하는 tuple
for i in range(1,len(k)):
    t_span = (0.0,k[i])
    t_eval = np.arange(t_span[0], t_span[1] + 1)
    sol = sp.integrate.solve_ivp(sir, t_span, y0, t_eval=t_eval, args = (beta_a,gamma_a))

y1 = np.array([total_population - sol.y[1,-1]-sol.y[2,-1]-1, sol.y[1,-1], 1.0, 0.0, 0.0, sol.y[2,-1], 0.0])
    t_span = (k[i],T)
    t_eval = np.arange(t_span[0], t_span[1] + 1)
    sol2 = sp.integrate.solve_ivp(sirs, t_span, y1, t_eval=t_eval, args=(beta_a, beta_b, beta_ab, gamma_a, gamma_b))

if(maximum[0]<sol2.y[6][-1]):
    maximum = (sol2.y[6][-1],k[i])
```

i일부터 무증상자 중 한 명에게 b 감염시키어 전파₁ 가장 D집단의 수가 커지는 i와 그 때의 D집단의 수를 maximum에 저장。

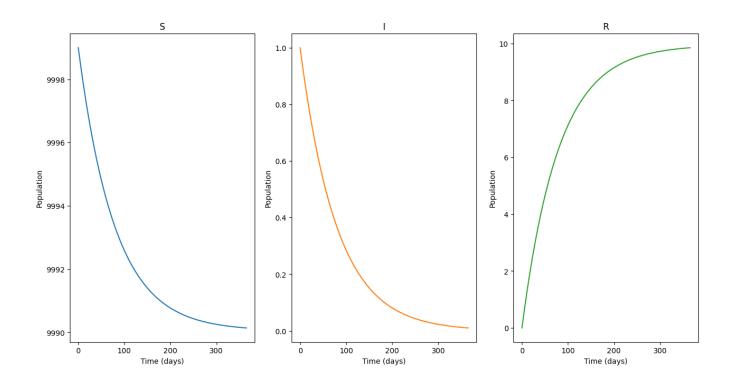
```
t_span = (0.0,maximum[1])
t_eval = np.arange(t_span[0], t_span[1] + 1)
sol = sp.integrate.solve_ivp(sir, t_span, y0, t_eval=t_eval, args = (beta_a,gamma_a))

y1 = np.array([total_population - sol.y[1,-1]-1-sol.y[2,-1], sol.y[1,-1], 1.0, 0.0, 0.0, sol.y[2,-1], 0.0])

t_span = (maximum[1],T)
t_eval = np.arange(t_span[0], t_span[1] + 1)
sol2 = sp.integrate.solve_ivp(sirs, t_span, y1, t_eval=t_eval, args=(beta_a, beta_b, beta_ab, gamma_a, gamma_b))
```

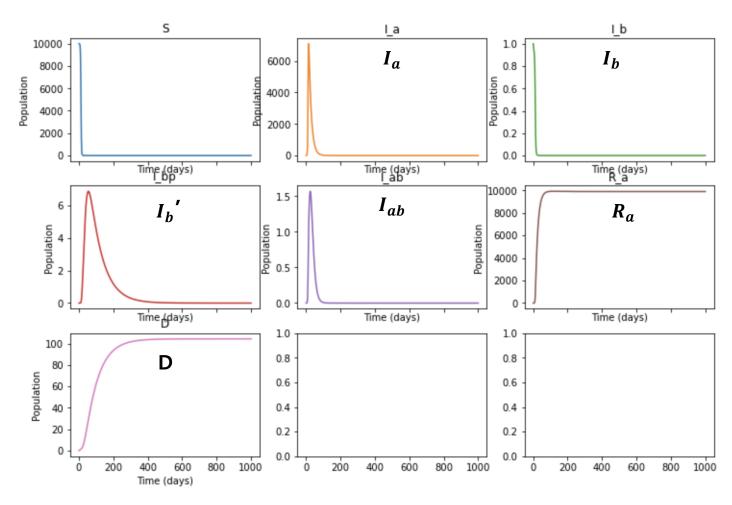
maximum에 따른 graph를 그림

5) Result - b 감염병만 퍼뜨린 경우



b 감염병만을 퍼뜨린 경우사망자 수 : D_b = 10명

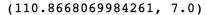
5) Result - a , b 감염병을 동시에 퍼뜨린 경우

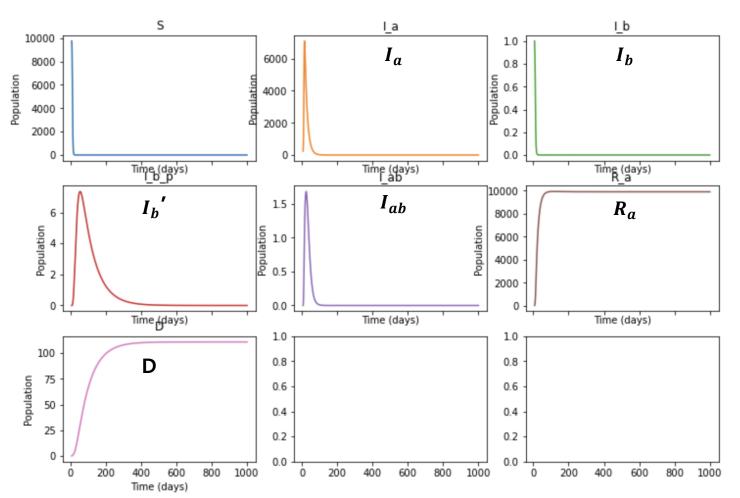


■ a, b 감염병을 동시에 퍼뜨린 경우 사망자 수 : $D_{ab} = 104$ 명

104.48090746149228

5) Result - a 감염병을 퍼뜨린 후 b감염병을 퍼뜨린 경우





■ a 감염병을 퍼뜨린 후에 b감염병을 퍼뜨린 경우
(Optimal time = 7일)
사망자 수 : $D_{abt} = 110$ 명

$$\therefore D_{abt} > D_{ab} > D_b$$

