

# VAP-SIRS z podziałem na dwie grupy wiekowe

Michał Stanowski, Stanisław Gołębiewski

3 czerwca 2024

Pomysł polegał na podzieleniu każdej klasy z oryginalnego modelu VAP-SIRS na dwie grupy wiekowe - młodszych ( $M$ ) i starszych ( $S$ ). Podział polegał także na podziale parametrów - np. współczynnik zdrowienia będzie z oczywistych względów mniejszy u osób starszych niż u młodszych. Wszelkie wybory co do wartości współczynników w tym raporcie mają poparcie literaturowe, chyba że zaznaczono inaczej. Każdy rozdział zawiera informację o jego autorze.

## 1 Równania wraz z krótkim wyjaśnieniem

Michał Stanowski, Stanisław Gołębiewski

Ogólny schemat modelu został przedstawiony na Rys. 1.

### 1.1 Narażeni - *susceptible*, $S$

W oryginalnym modelu grupa narażonych,  $S$  była podzielona na dwie podgrupy -  $S$  oraz  $S_v$ . Podgrupa  $S$  dzieliła się dalej na  $S_N$  oraz  $S_D$ . W tym przypadku  $S_N$  dzieli się na  $S_{NS}$  i na  $S_{NM}$ , a  $S_D$  na  $S_{DS}$  i  $S_{DM}$ . Równania im odpowiadające wyglądają następująco:

$$\frac{d}{dt}S_{NS} = -(\beta_s \cdot I + \beta_s \cdot I_v) \cdot S_{NS} + \kappa_s \cdot R_{NS} - \nu_s \cdot \alpha_s \cdot S_{NS}$$

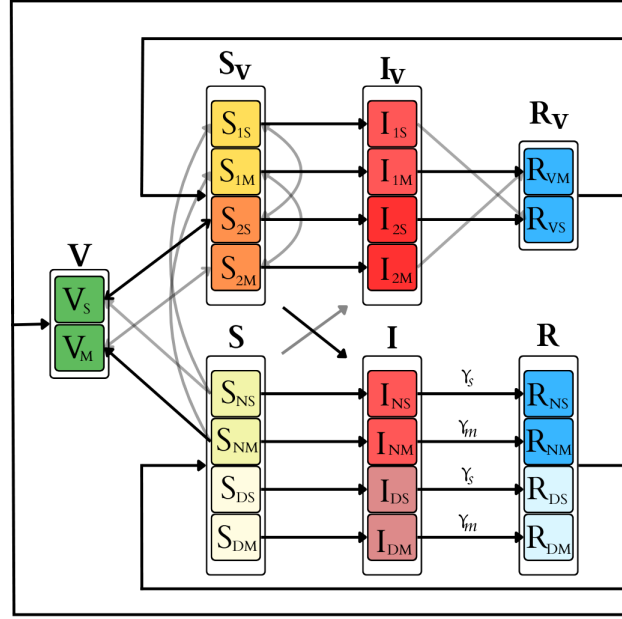
$$\frac{d}{dt}S_{NM} = -(\beta_m \cdot I + \beta_m \cdot I_v) \cdot S_{NM} + \kappa_s \cdot R_{NM} - \nu_m \cdot \alpha_m \cdot S_{NM}$$

$$\frac{d}{dt}S_{DS} = -(\beta_s \cdot I + \beta_s \cdot I_v) \cdot S_{DS} + \kappa_s \cdot R_{DS}$$

$$\frac{d}{dt}S_{DM} = -(\beta_m \cdot I + \beta_m \cdot I_v) \cdot S_{DM} + \kappa_m \cdot R_{DM}$$

A zatem w grupie  $S_N$  na liczebność podgrup wpływają procesy zarażania się, w których ważne są współczynniki  $\beta_m$  i  $\beta_s$ . Do grupy osób narażonych wpływają również osoby, które straciły naturalną odporność ze współczynnikami  $\kappa_s$  lub  $\kappa_m$ . Wreszcie wpływ z grupy  $S_N$  może następować ze względu na szczepienia, co uwzględniają członki ze współczynnikami  $\nu_s$  i  $\alpha_s$  lub  $\nu_m$  i  $\alpha_m$ . Członków tych nie ma w przypadku osób z grup  $S_D$ , bo te osoby się nie szczepią.

Podgrupa  $S_v$  dzieliła się na  $S_1$  i  $S_2$ . W tym przypadku znów  $S_1$  dzieli się na  $S_{1S}$  i  $S_{1M}$ , a  $S_2$  na  $S_{2S}$  i  $S_{2M}$ :



Rysunek 1: Schemat modelu VAP-SIRS z podziałem na dwie grupy wiekowe. Dla czytelności schematu niektóre strzałki zostały wykreślone jako abardziej przezroczyste. Przykład podziału współczynników na dwie grupy został zaznaczony na przykładzie współczynników  $\gamma_m$  oraz  $\gamma_s$ .

$$\frac{d}{dt}S_{1S} = \nu_{rs} \cdot (1 - \alpha_s) \cdot S_{2S} + \nu_s \cdot (1 - \alpha_s) \cdot S_{NS} - \omega_s \cdot S_{1S} - (\beta_s \cdot I + \beta_{vs} \cdot I_v) \cdot S_{1S}$$

$$\frac{d}{dt}S_{1M} = \nu_{rm} \cdot (1 - \alpha_m) \cdot S_{2M} + \nu_m \cdot (1 - \alpha_m) \cdot S_{NM} - \omega_m \cdot S_{1M} - (\beta_m \cdot I + \beta_{vm} \cdot I_v) \cdot S_{1M}$$

$$\frac{d}{dt}S_{2S} = -\nu_{rs} \cdot S_{2S} + \omega_s \cdot V_s + \omega_s \cdot S_{1S} - (\beta_s \cdot I + \beta_{vs} \cdot I_v) \cdot S_{2S} + \kappa_s \cdot R_{VS}$$

$$\frac{d}{dt}S_{2M} = -\nu_{rm} \cdot S_{2M} + \omega_m \cdot V_m + \omega_m \cdot S_{1M} - (\beta_m \cdot I + \beta_{vm} \cdot I_v) \cdot S_{2M} + \kappa_m \cdot R_{VM}$$

W przypadku podgrupy  $S_1$ , człony zwiększające jej liczebność uwzględniają nieudane zaszczepienia osób z grupy  $S_2$  oraz  $S_N$ , natomiast te zmniejszające uwzględniają tracenie odporności po szczepieniu ze współczynnikami  $\omega_s$  lub  $\omega_m$  oraz zarażanie się od chorych, podobnie jak w grupach wyżej. Jeśli zaś chodzi o osoby z podgrupy  $S_2$ , to tutaj za napływ odpowiadają osoby tracące odporność z grup zaszczepionych,  $S_1$  (z odpowiednimi współczynnikami  $\omega_s$  i  $\omega_m$ ) oraz z grupy ozdrowieńców (z odpowiednimi współczynnikami  $\kappa_m$  oraz  $\kappa_s$ ). Człony z minusem to te, które uwzględniają szczepienia oraz zarażenie.

## 1.2 Zarażeni - infected, I

Poniższe równania różnią się od siebie wyłącznie współczynnikami  $\beta_s$ ,  $\beta_m$  - transmisji wirusa oraz  $\gamma_s$  i  $\gamma_m$  - współczynnikami zdrowienia. Ta sekcja jest też przyczyną dlaczego nie możemy rozpatrywać populacji osób starszych i młodszych na jednym modelu VAP-SIRS ze zmienionymi współczynnikami. Widać tutaj, że niezależnie od tego, czy należymy do grupy starszych, czy

młodszych, oddziałują na nas wszyscy zarażeni, tak jak jest to w rzeczywistości.

$$\frac{d}{dt}I_{NS} = (\beta_s \cdot I + \beta_s \cdot I_v) \cdot S_{NS} - \gamma_s \cdot I_{NS}$$

$$\frac{d}{dt}I_{NM} = (\beta_m \cdot I + \beta_m \cdot I_v) \cdot S_{NM} - \gamma_m \cdot I_{NM}$$

$$\frac{d}{dt}I_{DS} = (\beta_s \cdot I + \beta_s \cdot I_v) \cdot S_{DS} - \gamma_s \cdot I_{DS}$$

$$\frac{d}{dt}I_{DM} = (\beta_m \cdot I + \beta_m \cdot I_v) \cdot S_{DM} - \gamma_m \cdot I_{DM}$$

$$\frac{d}{dt}I_{1S} = (\beta_s \cdot I + \beta_s \cdot I_v) \cdot S_{1S} - \gamma_s \cdot I_{1S}$$

$$\frac{d}{dt}I_{2S} = (\beta_m \cdot I + \beta_m \cdot I_v) \cdot S_{2S} - \gamma_m \cdot I_{2S}$$

$$\frac{d}{dt}I_{1M} = (\beta_s \cdot I + \beta_s \cdot I_v) \cdot S_{1M} - \gamma_s \cdot I_{1M}$$

$$\frac{d}{dt}I_{D2M} = (\beta_m \cdot I + \beta_m \cdot I_v) \cdot S_{2M} - \gamma_m \cdot I_{2M}$$

### 1.3 Ozdrowiali - *recovered*, $R$

W przypadku ozdrowiałych w oryginalnym modelu mieliśmy dwie grupy -  $R$  dzieląca się na podgrupy  $R_N, R_D$  oraz grupę  $R_V$ . W tym przypadku znów każdą z tych grup dzielimy na dwie grupy wiekowe. W przypadku grupy  $R_N$  napływ jest spowodowany zdrowieniem osób chorych ze współczynnikami  $\gamma_m$  i  $\gamma_s$ , natomiast odpływ jest spowodowany utratą odporności ze współczynnikami  $\kappa_m$  i  $\kappa_s$  oraz szczepieniem osób ze współczynnikami  $\nu_m$  i  $\nu_s$ . W przypadku grupy  $R_D$  nie mamy odchodzenia związanego ze szczepieniem. Jeśli zaś chodzi o grupę  $R_V$ , to struktura zmian w tej grupie jest identyczna jak w grupie  $R_N$ , tylko inne są współczynniki dla osób szczepiących się -  $\nu_{rs}$  lub  $\nu_{rm}$ .

$$\frac{d}{dt}R_{NS} = \gamma_s \cdot I_{NS} - \kappa_s \cdot R_{NS} - \nu_s \cdot R_{NS}$$

$$\frac{d}{dt}R_{NM} = \gamma_m \cdot I_{NM} - \kappa_m \cdot R_{NM} - \nu_m \cdot R_{NM}$$

$$\frac{d}{dt}R_{DS} = \gamma_s \cdot I_{DS} - \kappa_s \cdot R_{DS}$$

$$\frac{d}{dt}R_{DM} = \gamma_m \cdot I_{DM} - \kappa_m \cdot R_{DM}$$

$$\frac{d}{dt}R_{VM} = \gamma_m \cdot I_{VM} - \kappa_m \cdot R_{VM} - \nu_{rm} \cdot R_{VM}$$

$$\frac{d}{dt}R_{VS} = \gamma_s \cdot I_{VS} - \kappa_s \cdot R_{VS} - \nu_{rs} \cdot R_{VS}$$

### 1.4 Zaszczepieni - *vaccinated*, $V$

W przypadku osób zaszczepionych, mamy do czynienia po prostu z dwoma grupami wiekowymi. Napływ do grupy jest związany ze szczepieniem osób z grupy  $S_N$  ze współczynnikami  $\nu_s/\nu_m$  i  $\alpha_s/\alpha_m$ , z grupy  $S_2$  ze współczynnikami  $\nu_{rs}/\nu_{rm}$  i  $\alpha_s/\alpha_m$  oraz z grupy  $R_V$  ze współczynnikami

$\nu_{rs}/\nu_{rm}$ . Odływ zaś wynika z zanika odporności po szczepieniu ze współczynnikiem  $\omega_s$  lub  $\omega_m$ .

$$\frac{d}{dt}V_S = \nu_s \cdot \alpha_s \cdot S_{NS} + \nu_{rs} \cdot \alpha_s \cdot S_{2S} + \nu_{rs} \cdot R_{VS} + \nu_s \cdot R_{NS} - \omega_s \cdot V_S$$

$$\frac{d}{dt}V_M = \nu_m \cdot \alpha_m \cdot S_{NM} + \nu_{rm} \cdot \alpha_m \cdot S_{2M} + \nu_{rm} \cdot R_{VM} + \nu_m \cdot R_{NM} - \omega_m \cdot V_M$$

## 2 Wartości współczynników

Stanisław Gołębiewski, Michał Stanowski

Wszystkie wartości współczynników opisanych powyższych równaniach zostały zaczerpnięte z danych literaturowych. Jeśli chodzi o współczynniki transmisji wirusa wśród osób zaszczepionych, ustalono  $\beta_{vm} = 0.35$  oraz na  $\beta_{vs} = 0.45$  [1]. Te same współczynniki wśród osób niezaszczepionych ustalono na  $\beta_s = 0.06$  oraz  $\beta_m = 0.02$  [2]. Współczynniki zanikania odporności wśród ozdowieńców ustalono na  $\kappa_s = 1/140$  oraz  $\kappa_m = 1/210$ , przy czym jako zanik odporności przyjęto spadek poziomu przeciwciał IgG w surowicy krwi [3]. Jeśli chodzi o współczynniki tempa pierwszych i powtórnych szczepień, to wyniosły one  $\nu_m = 0.81$ ,  $\nu_s = 0.95$ ,  $\nu_{rm} = 0.66$ ,  $\nu_{rs} = 0.83$  [4]. Efektywność szczepień ustalono na  $\alpha_m = 0.75$  oraz  $\alpha_s = 0.85$  [5]. Współczynniki związane z zanikaniem odporności po szczepieniu ustalono na  $\omega_s = 1/280$  oraz  $\omega_m = 1/210$  [6]. Jeśli zaś chodzi o współczynniki związane z szybkością zdrowienia, to ustalono je na  $\gamma_s = 0.067$  oraz  $\gamma_m = 0.071$  [7]. Jeśli nie zaznaczono inaczej, to wielkość populacji wynosiła 100 tys. osób, natomiast warunki początkowe zakładały równą liczbę osób w każdej grupie osób narażonych i zarażonych. Parametr *noise\_level* wnosił 0.0005.

## 3 Symulacje oparte na domyślnych wartościach współczynników

Michał Stanowski

W wyniku symulacji opartych na domyślnych wartościach współczynników otrzymano figury, na których przedstawiono zmiany liczebności poszczególnych grup osób starszych (Rys. 2) oraz młodszych (Rys. 3). Widać tutaj bardzo szybką stabilizację modelu wraz z niewielkimi odchyleniami spowodowanymi szumem. Pomiedzy tymi dwoma grupami występują bardzo drobne różnice - np. liczba zaszczepionych młodych osób jest nieco mniejsza niż liczba starszych osób. Większa jest za to liczba osób młodych, które nie chcą się zaszczepić, od liczby osób starszych. Intrygującym jest fakt większej liczby zarażonych osób młodszych, niż starszych, które straciły odporność po szczepieniu.

### 4

Scenariusze

#### 4.1 Pojemność szpitalna

Michał Stanowski

W przypadku tej symulacji zmieniono warunki początkowe, tak aby początkowa liczba chorych nie znajdowała się nad progiem  $0.1 \cdot N$ . Z tego powodu każda grupa zarażonych miała początkową liczebność równą 500, tak że początkowa liczba zarażonych była równa 4000. Grupa osób podatnych została zwiększona do osobników równo podzielonych pomiędzy 8 podgrupami. Przy domyślnych parametrach grupa chorych rośnie ponad próg pojemności szpitalnej (Rys. 4). W związku z tym, zdecydowano się iteracyjnie zmniejszać o 0.99 parametry  $\beta_{vs}$  oraz  $\beta_{vm}$ , aż wartość ta nie spadnie poniżej progu. Pożądany efekt uzyskano w 19 iteracji dla wartości  $\beta_{vs} = 0.3755$  oraz  $\beta_{vm} = 0.2921$ . Liczebność osobników zarażonych wyniosła dla tych parametrów 9942 (Rys. 4). Widzimy zatem, że niewielka zmiana tychże parametrów, co w rzeczywistości przekłada się na zwiększenie obostrzeń dla osób zaszczepionych, może w znaczący sposób zmienić kryzys pandemiczny.

## 4.2 Sezonowość zakażeń

**Stanisław Gołębiewski**

Następnym zastosowanym scenariuszem jest sezonowość zakażeń. Zmiany w liczbach nowych zakażeń zostały osiągnięte poprzez okresowe zmiany parametrów  $\beta$  dla wszystkich grup szczepień i wieku. Zastosowano 4 sezony odpowiadające porom roku. Podstawowym założeniem była wyższa transmisja w okresie wakacyjnym, gdy podróże i nowe kontakty międzyludzkie są częstsze. Letnie upały, mogły również przyczynić się do przykładania mniejszej wagi do restrykcji np. noszenia masek. Aby to odwzorować, zwiększyliśmy subiektywnie parametry:  $\beta_s = 0.45$ ,  $\beta_m = 0.75$ ,  $\beta_{vs} = 0.7$ ,  $\beta_{vm} = 0.9$ . Uznano, że młodsza grupa wiekowa mogłaby charakteryzować się największym czynnikiem transmisji z powodu częstszego uczęszczania na imprezy masowe czy grupowe wyjazdy. Najspokojniejszym sezonem była jesień, gdy niesprzyjająca pogoda i brak świąt/ferii obniża częstość wyjazdów i spotkań:  $\beta_s = 0.03$ ,  $\beta_m = 0.02$ ,  $\beta_{vs} = 0.3$ ,  $\beta_{vm} = 0.3$ . Wiosna i zima miały parametry równe wyjściowym. Zgodnie z przewidywaniami, zauważono wzrost zakażeń w sezonie letnim (Rys. 5).

Uwaga: Funkcja obsługująca sezonowość zakażeń wykazała sporadyczne niezdeteterminowanie. Najprawdopodobniej wynika to z nagłych zmian parametrów co negatywnie wpływa na funkcję odeint. W przypadku odstępstw od pokazanego przykładu (obserwowano brak wzrostu lub wzrost zbyt stromy - jednodniowy "kolec"), należy powtórzyć wykonanie programu.

## 4.3 Nowy wariant

**Michał Stanowski**

Jako trzeci scenariusz zdecydowano się wybrać nowy wariant wirusa. Zdecydowano się modelować ten scenariusz w taki sposób, że wraz z pojawieniem się nowego wariantu wirusa zmniejszono skuteczność szczepień oraz przyspieszono spadek odporności po szczepieniu. Zmodyfikowano także współczynniki  $\beta$ , gdyż pokazują one nie tylko liczbę kontaktów międzyludzkich, ale także zakaźność wirusa. Zmieniając współczynniki  $\beta$ , sugerowano się publikacją, w której podano, że zakaźność wariantu Omicron była nawet 10 razy większa niż oryginalnego wirusa [8]. Według pewnej publikacji, skuteczność szczepionek Pfizer na wariant Omicron była 40 razy mniejsza [9]. Niestety nie znaleziono źródła, które podsumowywałoby szybkość zanikania odporności na wariant Omicron po przyjęciu starej szczepionki, dlatego zdecydowano się ten eksperymentalnie skrócić o 1/3 (Rys. 6), połowę (Rys. 7) i 5/3 (Rys. 8). Analizując te wykresy widać, że czas ten nie ma tak wyraźnego przełożenia na pik zarażonych. Osiągnięto zatem nawrót wzrostu zachorowań po pojawieniu się nowego wariantu. Widzimy też, że liczba osób zarażonych nie spada

do 0 - w scenariuszu tym nie ma bowiem nowej szczepionki, która bazowała na mRNA wariantu Omicron.

Wykonano również wykresy wszystkich podgrup dla osób starszych (Rys. 9) i młodszych (Rys. 10). Na tych wykresach znacznie lepiej widać, że zaraz po pojawieniu się nowego wirusa wzrasta liczba narażonych osób, którzy stracili odporność po szczepieniu i spada liczba osób zaszczepionych. Po chwili następuje gwałtowny spadek narażonych osób bez odporności po szczepieniu i towarzyszący mu wzrost zarażonych osób bez szczepienia. Zaraz po tym obserwujemy wzrosty liczebności osób ozdowiających, którzy nie chcą się zaszczepić oraz osób ozdowiających, po szczepieniu.

## 5 Predykcje

**Stanisław Gołębiewski**

W programie zastosowano funkcję minimalizacji z biblioteki `scipy.optimize` do przewidzenia parametrów i przebiegu ilości zarażonych w dwóch ostatnich scenariuszach - sezonowości i nowego wariantu. Dla każdej z predykcji, zdefiniowano dwa zestawy wstępnych parametrów początkowych - lepszy (bliższy rzeczywistości) i gorszy (dalszy rzeczywistości). Użyte zostały także zestawy danych wygenerowane w trakcie rzeczywistych symulacji. W funkcji `minimize` użyto metody `L-BFGS-B` (Limited-memory Broyden-Fletcher-Goldfarb-Shanno with Box constraints). Metoda ta została wybrana ze względu na jej efektywność w optymalizacji problemów z dużą liczbą parametrów oraz ograniczeniami, co pozwala na szybsze dopasowanie modelu do danych. Dodatkowo, wykorzystanie gradientów umożliwia dokładniejsze i szybsze znalezienie optymalnych parametrów modelu SIR.

### 5.1 Predykcja sezonowości zakażeń

W celu przewidzenia sezonowości zakażeń potrzebne było założenie większej ilości zakażeń w lecie. Bez takiego założenia, model nie był w stanie dopasować się do tak znaczących zmian. Poniżej przedstawiono dwie przykładowe predykcje dla różnych zestawów parametrów  $\beta$ .

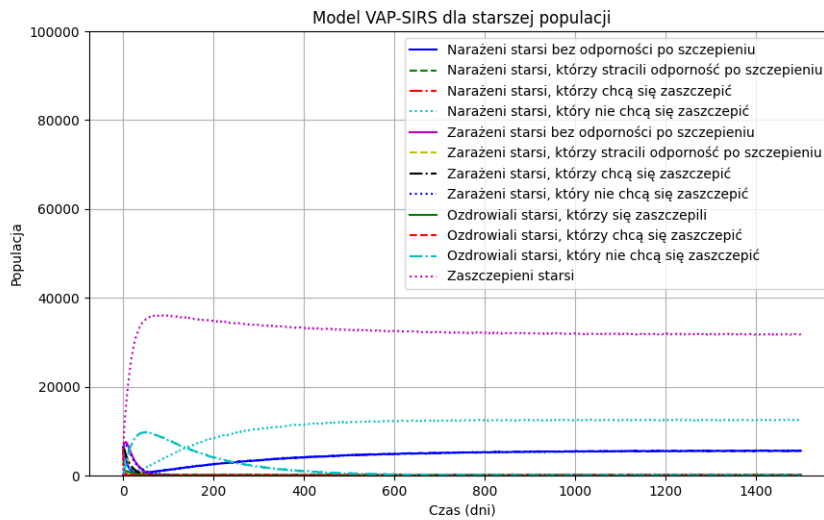
### 5.2 Predykcja nowego wariantu

W przypadku przewidywania zmian w ilości zakażeń na introdukcję nowego wariantu, model nie wymagał większych założeń. Na Rys. 11 i Rys. 12 przedstawiono predykcje dla różnych zestawów parametrów  $\alpha, \beta, \gamma, \kappa, \omega$ .

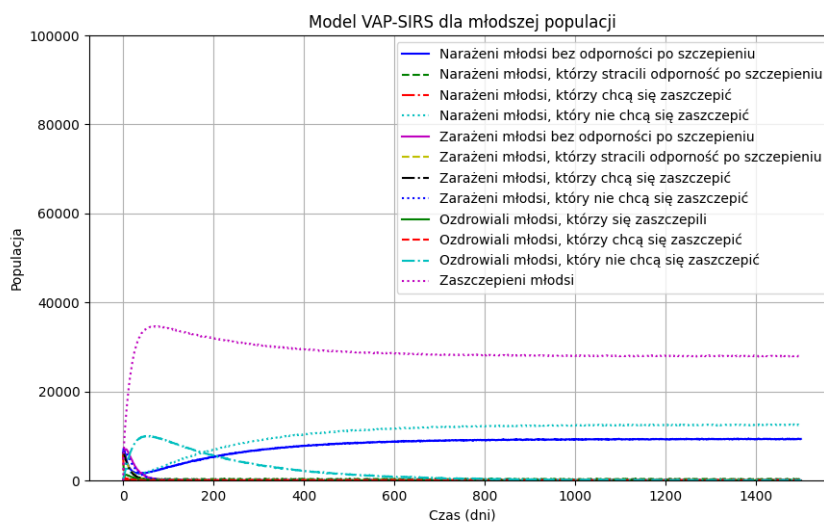
## Bibliografia

- [1] Ko Y, Lee J, Seo Y, Jung E. Risk of COVID-19 transmission in heterogeneous age groups and effective vaccination strategy in Korea: a mathematical modeling study. *Epidemiol Health*. 2021;43:e2021059. doi: 10.4178/epih.e2021059. Epub 2021 Sep 8. PMID: 34525503; PMCID: PMC8769805.
- [2] Goldstein E, Lipsitch M, Cevik M. On the effect of age on the transmission of SARS-CoV-2 in households, schools and the community. *medRxiv* [Preprint]. 2020 Jul 28:2020.07.19.20157362. doi: 10.1101/2020.07.19.20157362. Update in: *J Infect Dis*. 2021 Feb 13;223(3):362-369. PMID: 32743609; PMCID: PMC7386533.

- [3] Alfego D, Sullivan A, Poirier B, Williams J, Adcock D, Letovsky S. A population-based analysis of the longevity of SARS-CoV-2 antibody seropositivity in the United States. *EClinicalMedicine*. 2021 Jun;36:100902. doi: 10.1016/j.eclinm.2021.100902. Epub 2021 May 24. PMID: 34056568; PMCID: PMC8143650.
- [4] US coronavirus vaccine tracker (2024) USAFacts. Available at: <https://usafacts.org/visualizations/covid-vaccine-tracker-states/> (Accessed: 31 May 2024).
- [5] Cerqueira-Silva T, Oliveira VA, Boaventura VS, Pescarini JM, Júnior JB, Machado TM, Flores-Ortiz R, Penna GO, Ichihara MY, de Barros JV, Barreto ML, Werneck GL, Barral-Netto M. Influence of age on the effectiveness and duration of protection of Vaxzevria and CoronaVac vaccines: A population-based study. *Lancet Reg Health Am*. 2022 Feb;6:100154. doi: 10.1016/j.lana.2021.100154. Epub 2021 Dec 22. PMID: 34957437; PMCID: PMC8692070.
- [6] Starrfelt, J., Danielsen, A.S., Buanes, E.A. et al. Age and product dependent vaccine effectiveness against SARS-CoV-2 infection and hospitalisation among adults in Norway: a national cohort study, July–November 2021. *BMC Med* 20, 278 (2022). <https://doi.org/10.1186/s12916-022-02480-4>
- [7] Voinsky I, Baristaite G, Gurwitz D. Effects of age and sex on recovery from COVID-19: Analysis of 5769 Israeli patients. *J Infect*. 2020 Aug;81(2):e102-e103. doi: 10.1016/j.jinf.2020.05.026. Epub 2020 May 16. PMID: 32425274; PMCID: PMC7229949.
- [8] Chen J, Wang R, Gilby NB, Wei GW. Omicron (B.1.1.529): Infectivity, vaccine breakthrough, and antibody resistance. *ArXiv [Preprint]*. 2021 Dec 1:arXiv:2112.01318v1. Update in: *J Chem Inf Model*. 2022 Jan 24;62(2):412-422. PMID: 34873578; PMCID: PMC8647651.
- [9] Amir O, Goldberg Y, Mandel M, Bar-On YM, Bodenheimer O, Freedman L, Ash N, Alroy-Preis S, Huppert A, Milo R. Initial protection against SARS-CoV-2 omicron lineage infection in children and adolescents by BNT162b2 in Israel: an observational study. *Lancet Infect Dis*. 2023 Jan;23(1):67-73. doi: 10.1016/S1473-3099(22)00527-8. Epub 2022 Sep 9. PMID: 36096146; PMCID: PMC9462831.

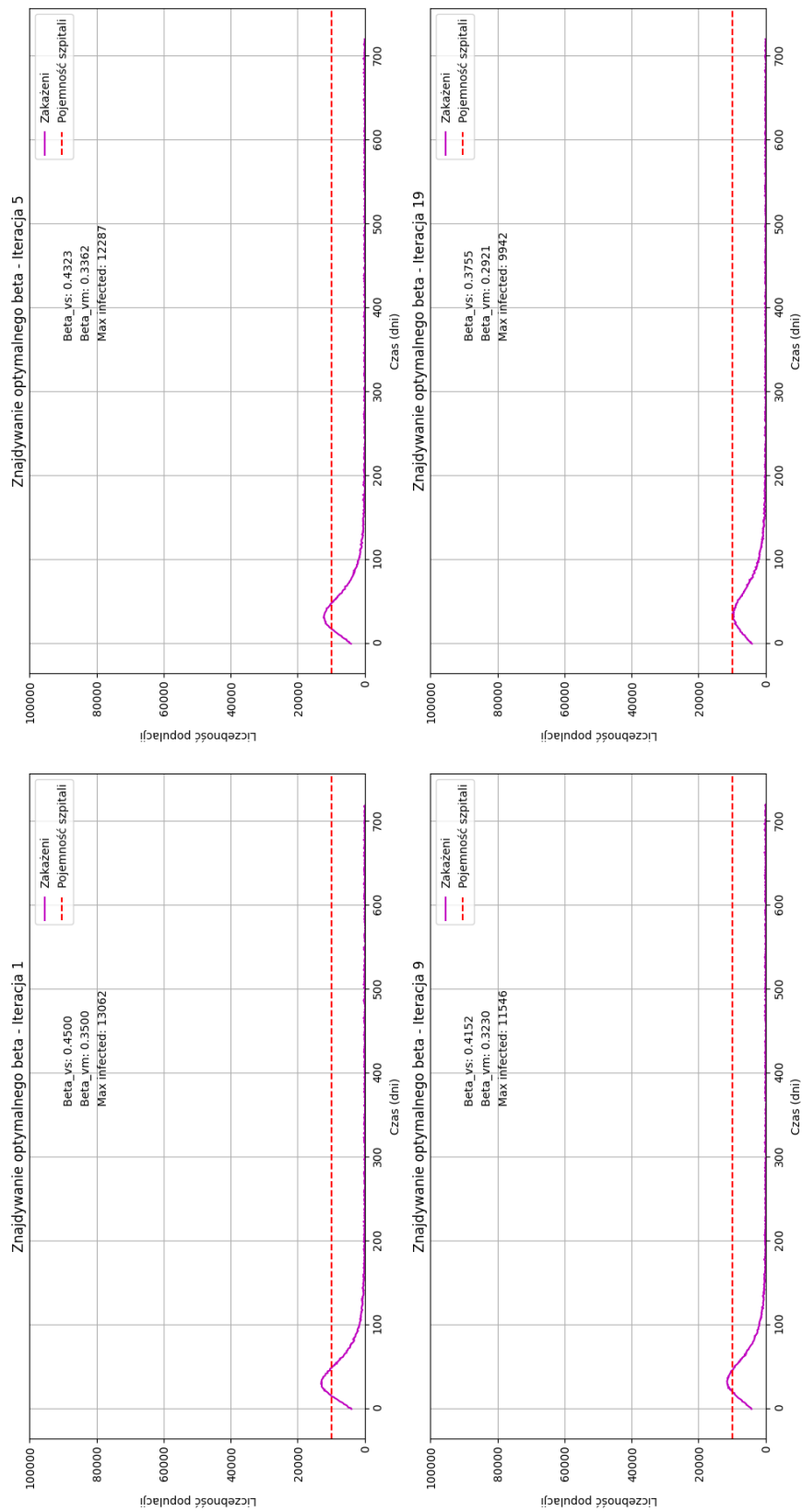


Rysunek 2: Model VAP-SIRS z podziałem na dwie grupy wiekowe. Wizualizacja grup osób starszych.

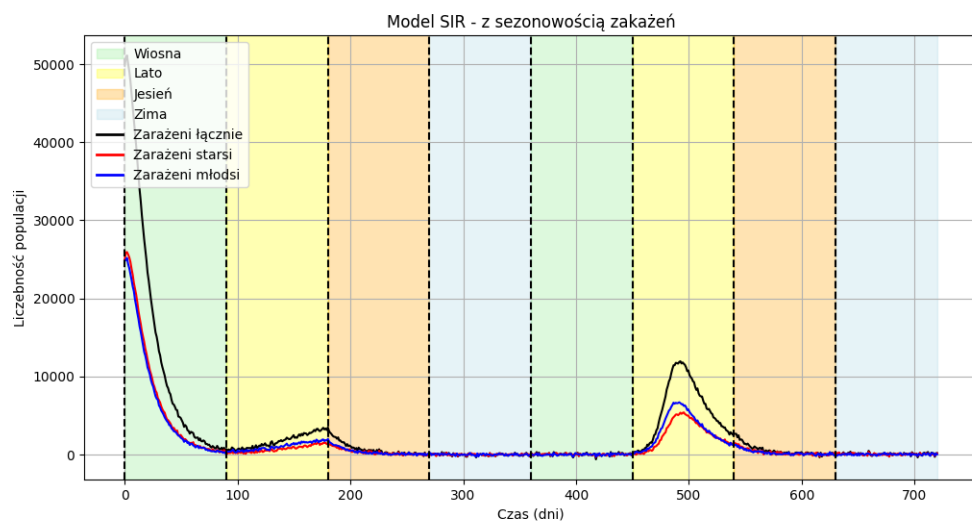


Rysunek 3: Model VAP-SIRS z podziałem na dwie grupy wiekowe. Wizualizacja grup osób młodszych.

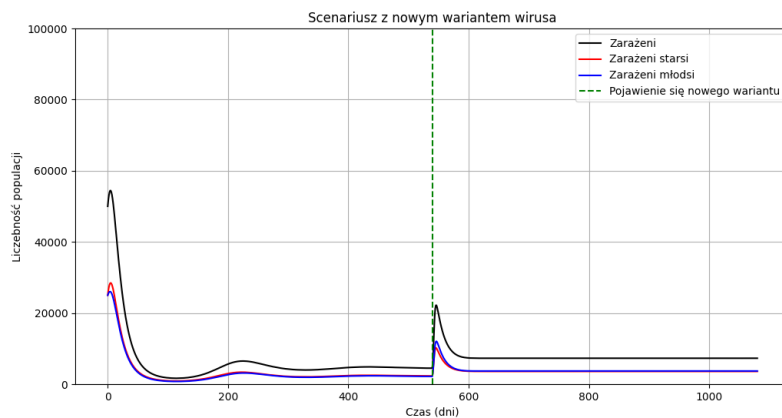




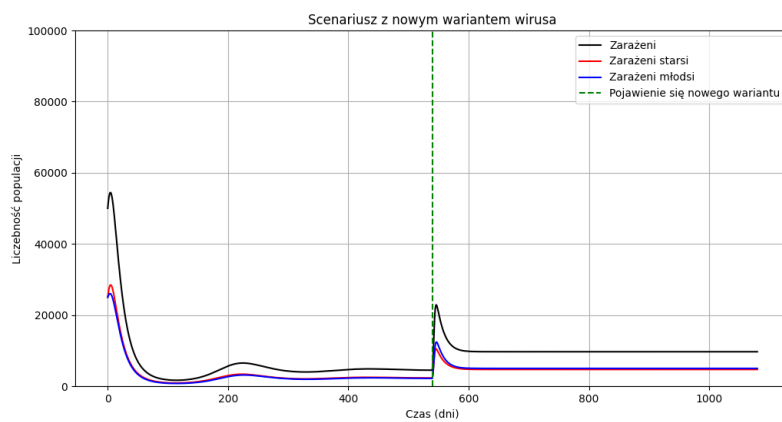
Rysunek 4: Symulacja modelu VAP-SIRS z podziałem na grupy wiekowe dla domyślnych wartości parametrów przy ustalonej pojemności szpitalnej równej 0.1· wielkość \_populacji. Zaznaczono kilka iteracji - w tym pierwszą (lewy górny róg) oraz ostatnią (prawy dolny róg).



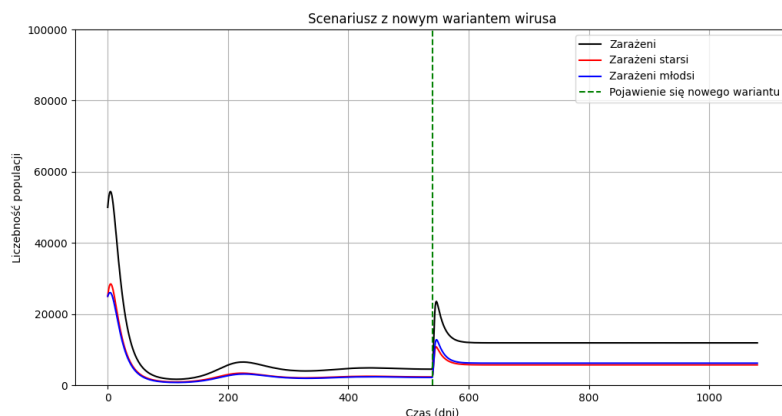
Rysunek 5: Sezonowe zmiany ilości zakażeń



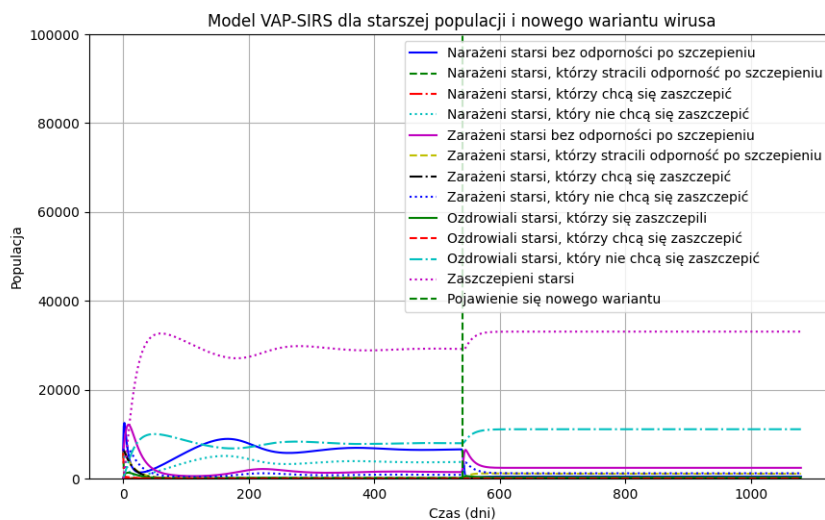
Rysunek 6: Model VAP-SIRS ze scenariuszem, w którym pojawia się nowy wariant wirusa. Wielkości parametrów wzorowane na danych literaturowych dotyczących wariantu Omicron oprócz parametru  $\omega$ , który zwiększono o  $1/3$  w porównaniu do parametrów domyślnych. Widoczny jest znaczący pik zachorowań po pojawieniu się nowego wariantu.



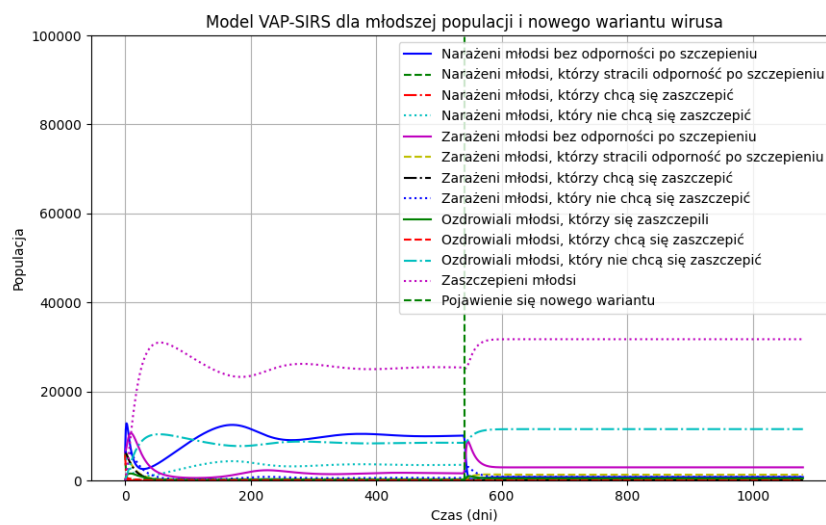
Rysunek 7: Model VAP-SIRS ze scenariuszem, w którym pojawia się nowy wariant wirusa. Wielkości parametrów wzorowane na danych literaturowych dotyczących wariantu Omicron oprócz parametru  $\omega$ , który zwiększono dwa razy w porównaniu do parametrów domyślnych. Widoczny jest znaczący pik zachorowań po pojawieniu się nowego wariantu.



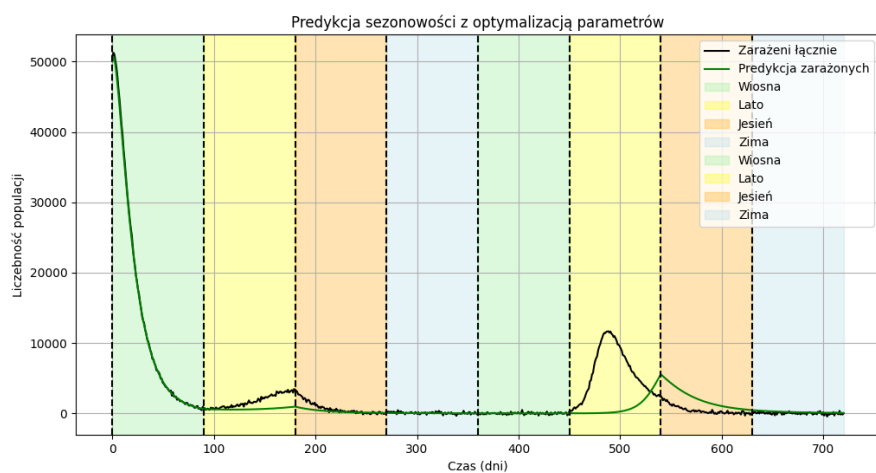
Rysunek 8: Model VAP-SIRS ze scenariuszem, w którym pojawia się nowy wariant wirusa. Wielkości parametrów wzorowane na danych literaturowych dotyczących wariantu Omicron oprócz parametru  $\omega$ , który zwiększono o  $5/3$  w porównaniu do parametrów domyślnych. Widoczny jest znaczący pik zachorowań po pojawieniu się nowego wariantu.



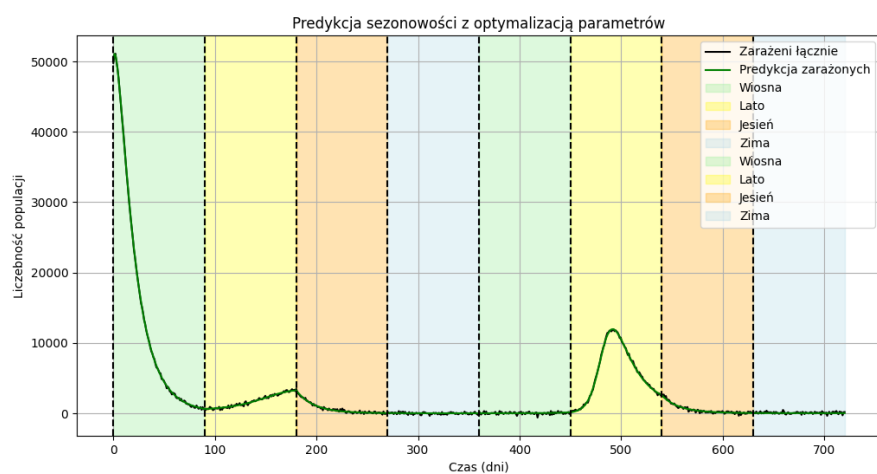
Rysunek 9: Model VAP-SIRS ze scenariuszem, w którym pojawia się nowy wariant wirusa. Wielkości parametrów wzorowane na danych literaturowych dotyczących wariantu Omicron oprócz parametru  $\omega$ , który zwiększono dwa razy w porównaniu do parametrów domyślnych. Na wykresie przedstawiono zmiany liczebności wszystkich podgrup osób starszych w populacji.



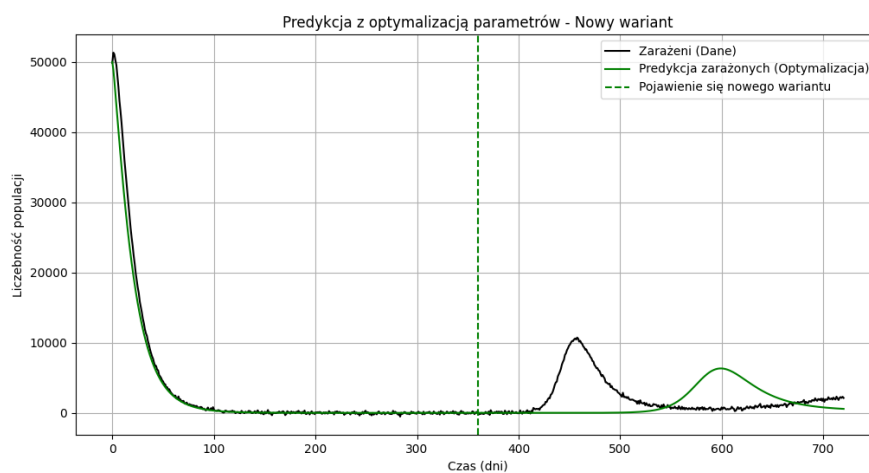
Rysunek 10: Model VAP-SIRS ze scenariuszem, w którym pojawia się nowy wariant wirusa. Wielkości parametrów wzorowane na danych literaturowych dotyczących wariantu Omicron oprócz parametru  $\omega$ , który zwiększonodwa razy w porównaniu do parametrów domyślnych. Na wykresie przedstawiono zmiany liczebności wszystkich podgrup osób młodszych w populacji.



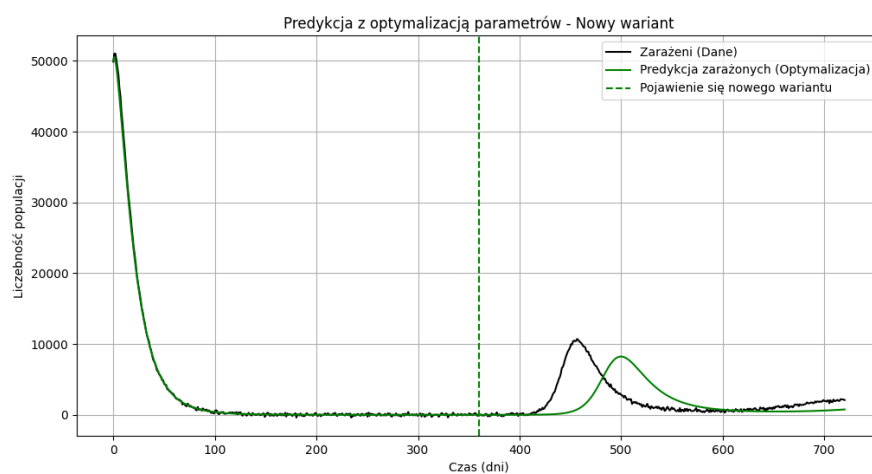
Rysunek 11: Predykcja scenariusza sezonowości zakażeń metodą L-BFGS-B z gorszymi parametrami wejściowymi



Rysunek 12: Predykcja scenariusza sezonowości zakażeń metodą L-BFGS-B z lepszymi parametrami wejściowymi



Rysunek 13: Predykcja scenariusza pojawienia się nowego wariantu metodą L-BFGS-B z gorszymi parametrami wejściowymi



Rysunek 14: Predykcja scenariusza pojawienia się nowego wariantu zakażeń metodą L-BFGS-B z lepszymi parametrami wejściowymi