메르스(MERS-CoV) 전염병에 대한 수리 모델링과 수치 기법 연구

**(Abstract) 2015년 5월부터 대한민국에 메르스(Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus, MERS-CoV)가 확산되기 시작했다. 국내로 유입된 메르스는 순식간에 확산되어 약 2개월 만에 감염자 186명, 사망자 36명에 도달했다. 이에 본 연구에서는 명시적 오일러 방법을 이용하여 전염병 수리 모델인 SIR 모델과 국내에서의 실제 메르스 확산 데이터를 수치적으로 분석하였다. 시기별 감염률() 및 회복률() 값을 바탕으로 기초 복제율 () 변화를 분석하고 질병 확산에 대한 수리 모델을 만들었다. 이를 바탕으로 국내에서 유사한 전염병이 다시 발병할 경우에 시기별 감염, 회복, 사망인구 등에 관한 데이터를 예측하고, 적절한 시기에 대응을 취할 수 있도록 하는 것이 본 연구의 궁극적인 목표이다.**

# **1. 서론**

전염병 모델링은 전염병의 원인을 찾고, 병에 영향을 주는 요인 사이의 관계를 파악해 예방 대책을 세우는 것을 목적으로 한다. 전염병 확산을 파악하고 예측하기 위해 직접 실험하는 것이 불가능하므로 유행 현상을 수학적으로 분석해 수식으로 정리하는 수학 모형과 시뮬레이션은 상당히 중요하다. 한정된 비용으로 최대의 효과를 내려면 병실 수 확대, 환자 격리 등 어떤 방법을 어떤 시기에 집중적으로 써야 할지 결정하는데 중요한 역할을 한다. 시간 별 실제 감염자 수 데이터에 잘 맞는 모형을 만들면 효과적인 대책을 세우는데 도움이 될 뿐만 아니라 초기대응을 잘 했다면 어떻게 되었을지, 실제 실행한 정책이 얼마나 효과적이었는지 등도 알아 볼 수 있다.

전염병 모델에는 SIR, SEIR, SIS 등 다양한 모델이 있다. 그 중에서도 SIR 모형은 한 집단을 전염병에 걸릴 가능성이 있는 집단 (S: Susceptible), 병에 이미 감염된 집단 (I: Infected), 병이 다 낫거나 사망한 집단 (R: Removed/Recovered)으로 나눠서 시간에 따라 세 집단에 속하는 사람 수가 변하는 것을 보여준다. SIR 모형은 의사 겸 전염병학자인 앤더스 맥켄드릭과 수학자 윌리엄 커맥에 의해 1927년 가장 체계적인 수식으로 처음 정리되었고 이들이 미분 방정식을 활용하여 체계화한 SIR 모델은 아직까지도 널리 사용되고 있다.

SIR 모델로 전염병 모델링을 한 다양한 선행연구가 존재한다. 예를 들어, 예를 들어, AIDS(후천성 면역 결핍 증후군) [1, 2], 홍콩 독감 [3], 백일해 [4], 신종 인플루엔자 [5], AI 조류독감 [6], 웨스트 나일 바이러스 [7] 등의 질병의 통계자료를 분석하여 수리 모델링 한 연구가 존재한다. 이러한 선행 연구는 전염병의 특성과 전파 경로 등을 종합적으로 분석한 결과 제작한 수리학적 모델이다.

우리는 위와 같이 다양한 전염병 모델링 선행 연구에서 활용되었던 SIR 모델을 이용하여 메르스 (MERS-CoV, Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus) 전염병을 명시적 오일러 방법을 통해 실제 데이터와 맞추었고, 실제 데이터와 맞는 최적의 감염률 ()과 회복률 ()을 찾는 알고리즘을 개발했다. 이를 통해 기초 재생산 비율 () 값을 추정하여 결과를 분석하였다.

메르스의 정의 및 특징은 다음과 같다. 메르스란 중동호흡기 증후군(MERS-CoV)의 약자로 서아시아에서 발생한 코로나 바이러스에 의한 질병이다. 최초감염자는 2012년 6월 13일 사우디아라비아에서 발생했고 치사율은 약 40%로 상당히 높은 특징을 갖고 있다. 주요 증상은 발열, 기침, 숨이 차는 것으로 설사 등의 소화기 증상을 동반하는 경우도 있다. 현재 백신과 마땅한 치료법이 없어, 환자의 증상을 완화시키는 정도의 치료밖에 이루어지지 않고 있다. 메르스 코로나 바이러스의 감염원은 낙타라고 추측되는데 아직 확정된 것은 아니다. 이 바이러스는 동물에서 사람으로 직접 옮겨진다고 한다. 이제까지의 환자를 관찰했을 때, 낙타와 강한 접촉을 가졌던 사람들이 주로 감염되었기 때문이다 [8].

우리나라에서 확산된 메르스는 중동을 포함한 다른 지역의 케이스들과는 구별되는 독특한 점이 있다.먼저, 한국형 메르스라는 뜻의 ‘코르스’라는 신조어가 생겼을 정도로 우리나라에서 유행한 메르스는 유난히 빠르게 전파되었다. 또한, 다수를 감염시킨 ‘슈퍼전파자’가 여러 명 생겼고 메르스 환자와 다른 병실을 썼거나 마주친 적이 없는 경우에도 감염된 사례가 많았다. 이 때문에 한국의 메르스 확산 경향에 대하여 많은 질병학자들이 관심을 가지고 연구를 수행했다 [9, 10].

메르스 관련 연구 기술은 현재 진행중이다. 미국 Georgia University의 Gerardo Chowell 교수팀은 SEIR확률 모형으로 사우디 아라비아에서 메르스가 퍼진 현상을 수리통계학적인 관점에서 분석하여 2013년 4월부터 같은 해 10월까지 전체 감염자를 낙타에게서 전염된 환자 집단과 사람에게서 전염된 환자 집단으로 나눠서 연구했다 **[11].** 그 결과, 병원 내에서의 전염에 특히 주의해야 한다고 강조했으며 실제로 우리나라의 감염자 대부분은 병원에서 감염된 사실로 보아, 그 분석이 정확했음을 알 수 있다.

우리나라에서도 질병관리본부와 함께 2009년 유행한 신종인플루엔자 확산 모형을 개발했던 건국대 수학과 정은옥 교수는 수도권 시민의 통근, 통학 데이터를 토대로 메르스 확산 모형을 개발 중이라고 한다[12].

2장에서는 전염병의 수리학적 모델링의 기본 토대가 되는 대표방정식과 이론을 다루고, 3장에서는 모델을 구성하는데 필요한 계산법과 수학적 접근 방식을 설명한다. 마지막으로 4장에서는 대한민국에서의 메르스 현황을 반영하여 SIR 모델을 만들 때 실질적으로 고려해야 하는 변수들에 대한 고찰이 이루어진다.

# **2. 대표 방정식**

**2.1 가정**

본 연구에서 세운 가정은 다음과 같다.  
1.    질병의 잠복기는 고려하지 않는다.   
2.    새로 태어나는 인구는 고려하지 않는다.  
3.    본 연구에서 다루는 전염병 이외의 원인으로 사망하는 인구는 고려하지 않는다.  
4.    Fig. 1.에 제시된 출생률 *μ*의 영향을 고려하지 않는다.

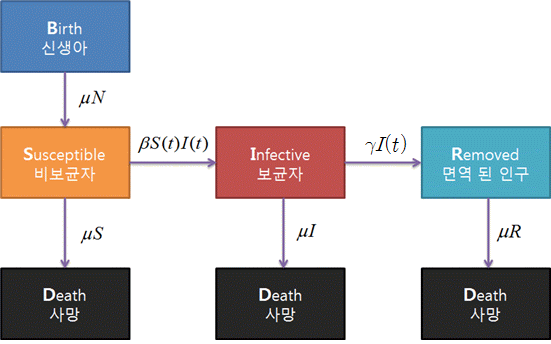


Fig. 1. SIR model 에서 전체 인구는 *S* (Susceptible), *I*(Infective), *R*(Removed)로 구성되며, 출생 비율과 사망 비율이 같기 때문에 전체 인구는 일정하게 유지된다.

**2.2 SIR 모델**

전염병 확산 모델에는 SEIR, SIS, SIR 등 여러 가지가 있는데, 그 중 가장 기본적이고 보편적으로 쓰이는 모델이 SIR모델이다.  
 우리가 사용하는 SIR 모델은 다음과 같이 기술된다 [13].

(1)

(2)

(3)

(4)

SIR모델에서는 인구를 감염될 수 있는 사람들의 집단(*S*), 이미 감염된 사람들의 집단(*I*), 마지막 감염되었다가 회복되었거나 죽은 사람들의 집단(*R*) 이렇게 세 집단으로 나눈다. 전체 인구에서 출생 비율을 *μ*라고 한다. 이 때 출생 비율과 사망 비율이 같다고 추정하기 때문에 전체 인구 *N*은 변화가 없다. 따라서 총인구 수(*N*)는 *S* 집단의 인구 수,*I* 집단 인구 수, *R* 집단 인구 수를 모두 더한 것과 같다. 또한 *S* 집단에서 *I* 집단으로 이동하는 인구 비율을 *β*, *I* 집단에서 *R* 집단으로 이동하는 비율 *γ*라고 할 때 *S, I, R* 집단의 변화율은 위 Fig. 1과 같다 [14].

**2.3 기초 재생산 비율(Basic Reproductive Ratio)**

기초 재생산 비율 는 한 감염자가 감염시킬 수 있는 평균 인구 수이며 [7], 식 (5)와 같이 나타낸다.

(5)

즉, 감염률을 회복률로 나눈 값에 총 인구 수를 곱한 것을 말한다. 이면 질병은 확산이 증가하는 추세를 보이고, 이면 확산이 감소하는 추세를 보인다. 값이 클수록 회복률보다 감염률이 더 크다는 뜻이므로 질병의 확산이 활발하게 일어난다는 것을 의미한다.

# **3. 수치 해법(Numerical Solution)**

**3.1 유한 차분법**

수치해석에서는 미분식을 차분화된 식으로 해석하는 유한 수학의 원리를 이용한다. 차분식에서는 유한의 개념을 사용한다.

즉, 컴퓨터는 주어진 자료만을 처리하는 계산기이기 때문에 무한이 수를 계산할 수는 없고, 무수히 많은 수를 계산함으로써 근사치를 구하게 된다. 차분식은 미분식의 근사치를 구하는 것이며 그 오차는 테일러 급수로서 평가된다.

**3.2 테일러 방법**

많은 수치해법들은 테일러 정리에 바탕을 두고 유도되었다. 초기값 문제들에 대한 해의 근사도 이 방법을 이용한다. 이 경우에, 어떤 테일러 다항식에서 전개해야 하는 함수는 문제에 대한 해, 이다. 테일러 방법의 가장 기초적인 형태는 오일러 방법이다.

오일러 방법의 주제는 어떤 주어진 양의 정수 *N*+1개의 격자점(mesh points)을 {}에서 구하는 것 인데, 여기서 각 *i* = 0, 1, ···, *N*에 대해서

= *a + ih* (7)

이 점들 사이의 공통거리 *h* = (*b*-*a*)/*N*는 단계 크기 (step size)라 부른다. 그리고 *t*의 다른 값들에 의한[*a,b*]의 다른 점에서의 근사는 보간을 사용해서 구할 수 있다.

문제에 대한 해, 가 [*a,b*]에서 두 개의 연속적인 도함수를 가져서, 각 *i* = 0, 1, 2, 에 대해서, 테일러 정리가 수식 (8)

(8)

임을 함축한다고 생각하는데, 여기서 는 구간 ()에 있는 어떤 수이다. 라고 하면,   
 (9)

그리고, 가 미분 방정식 를 만족하기 때문에   
 (10)

오일러 방법은 위 방정식에 있는 오차 항을 지움으로써 각 *i* = 1, 2, 에 대해서 에 대한 근삿값을 구한다. 이것이 미분 방정식을 근사하는 어떤 차분 방정식을 생산한다. 지역오차라는 말은 만약 앞선 단계 결과들이 모두 정확하다고 가정할 때 주어진 단계에서의 오차를 가리킨다. 이 방법의 누적된 오차를 전역 오차라 부른다.

오일러 방법은 오차 항이 단계 크기 에 비례하는 것이 테일러 다항식으로부터 유도되기 때문에 각 단계에서 지역 오차도 에 비례해서 그것을 O()이라고 표기한다. 그러나 전체오차, 전역 오차는 이 지역 오차들을 합산하여서 오차는 *O(h)*이라 일반적으로 훨씬 더 급속하게 커진다. *N = 2*인 테일러 방법을 이용해서 오일러 방법을 유도하였기 때문에, 차분 방법의 정확성을 개선하기 위한 방법들을 찾기 위한 첫 번째 시도는 이 유도 기법을 *n*의 더 큰 값들로 확장하는 것이다. 다음 초기값 문제에 대한

이며, 에 대해서

해 가 *n*+1계 도함수까지 연속이라고 하자. 만약 해를 근방에서 그것의 *n*차 테일러 다항식의 항으로 확장하면 ()에 있는 어떤 에 대해서 수식 (11)을 갖는다.  
 (11)

해 를 연이어 미분하면 다음 수식(12), (13)을 주고

(12)

(13)

및 일반적으로

(14)

이 결과들을 테일러 전개에 대입하면

(15)

이 방정식에 상응하는 차분 방정식 방법은 가 연루되는 나머지 항을 제거함으로써 구한다. 에 대한 공식은 쉽게 표현되지만, 사용하기는 어려운데, 그것이 *t*에 관한 *f*의 도함수들을 요구하기 때문이다. *f*가 *t*와 *y* 둘 다의 어떤 다변수 함수로 기술되기 때문에 연쇄 법칙은 로 표시했던 *t*에 관한 *f*의 전도함수가 다음에 의해 구해진다는 것을 함축한다.

(16)

또는 이기 때문에,

(17)

고차 도함수들을 다른 유사한 방법으로 구할 수도 있지만 대부분 점증적으로 복잡해진다. 예를 들어 는 이 방정식의 우변에 있는 모든 항들의 *t*와 *y*에 관한 편도함수들이 연루된다. 테일러 방법들에 대한 오차 추정은 오일러 방법과 유사하다. 만약 미분 가능성이 충족된다면 어떤 *n*계 테일러 방법은 지역 오차 )와 전역 오차 을 가질 것이다.

**3.3 오일러 방법**

오차를 줄이기 위해 3계 도함수까지 계산해야 하는 테일러급수법을 보완한 것이다.

1계 도함수만을 고려하므로, 계산량이 적으나 정확도를 기대하긴 어렵다. 다른 방법에 비하여 수치해의 오차의 정도 (精度)가 낮고 수치해가 발산 (진동)할 확률이 높다 [15].

오일러 방법은 다음과 같은 초기값 문제의 근사값을 찾는다 [16, 17].  
 (18)

방정식을 푸는 수치방법은 이산집합의 마디 점

(19)

에서 근사해 를 계산하는 것이다. 단순성을 위하여 등 간격 마디를 사용한다.

(20)

점들 사이의 거리는 수식(21)으로 나타내며

(21)

이를 단계크기(step size)라 한다. 테일러 정리를 사용하여 함수 를 에서 테일러 일차 다항식까지 전개한 다음 에 를 대입하면 다음과 같다.

(22)

여기서 이다. 오일러 방법은 위 식 (22)에서 오차 항 을 고려하지 않고, 각각의 에 대해 에 대한 근사 해를 구하는 방법이다.

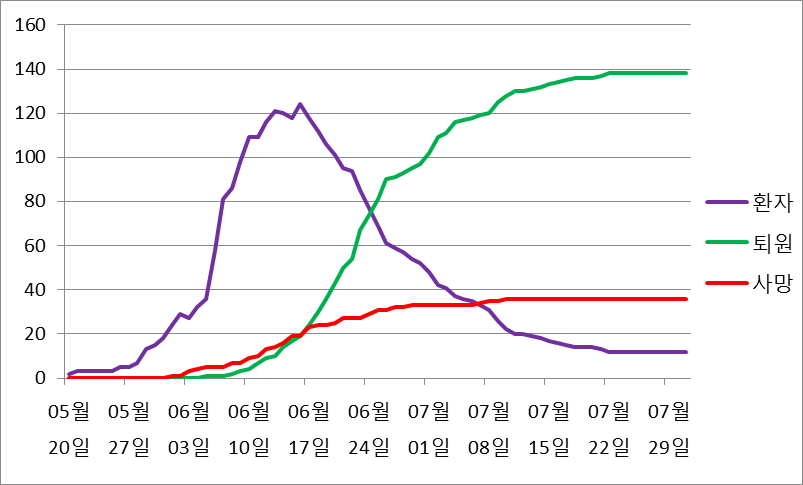
(23)

# **4. 메르스 적용**

**4.1 한국에서의 메르스 발생 현황**

본 자료는 보건복지부 및 메르스 공식 홈페이지에 기반하여 작성한 내용이다 [18, 19]. 메르스의 첫 환자는 2015년 5월 4일 카타르를 거쳐 인천공항으로 귀국했다. 일주일 후인 5월 11일부터 38도 이상의 고열, 기침 등의 첫 증상이 발현되어 병원을 찾았고 그가 사는 안산의 한 병원에서 평택 성모병원을 거쳐 삼성의료원으로 보내졌다.

20일 그는 메르스로 확진을 받았고 여러 병원을 거쳐가는 동안 그의 부인과 같은 병실에 입원한 환자, 그리고 진료에 참여한 의료진 등의 많은 감염자를 낳았다. 7월 4일 이후 추가 메르스 환자가 발견되지 않았으며 7월 28일까지 양성 반응을 보이는 환자는 1명으로, 최종적으로 7월 28일 메르스 상황 사실상 종결 선언했다. 그러나 메르스 마지막 환자로 지난 10월 1일 음성판정을 받고 서울대병원을 퇴원한 80번째 환자가 10월 11일 발열증상 등으로 삼성서울병원을 경유하여 서울대병원에 입원하였고, 바이러스 유전자 검사에서 양성으로 나왔다고 밝혔다. 10월 26일 세계보건기구(WHO)는 한국에서 80번째 확진자의 감염력이 현저히 낮기 때문에 메르스의 감염‧전파가 더 이상 일어나지 않을 것이라고 판단했다. 반면, 해외 유입을 통한 새로운 메르스 유행은 언제나 가능하므로 보건복지부는 방역, 감시 및 주의 조치를 계속해 나갈 것을 밝혔다.

****

**Fig. 3**. 5월 20일부터 7월 29일까지의 누적 감염자, 퇴원자, 사망자 수를 그래프로 나타내었다.

**4.2 값 조정**

SIR 모델에서 구한 해를 실제 데이터와 맞추기 위해 값을 임의로 조정했다. Fig. 4 와 같이 여러 값을 대입하여 적용한 끝에 실제 데이터에 최대한 가깝도록 , 로 설정하였다. 아래 코드는 총 인구를 대한민국 전체 인구 50220000명, *h* = 0.01, 최초 감염자 2명, 회복 및 사망자 0명, 감염가능인구는 전체인구에서 2명을 제외한 값으로 해서 *,* 를 상수로 설정하고 오일러 방법으로 SIR 모델의 해를 계산한 MATLAB 코드와 그래프이다. 별다른 언급이 없을 경우 모든 초기조건은 이와 같이 한다.

|  |
| --- |
| clear all;clc;close all;  MERS\_I = load('mersi.m');  MERS\_R = load('mersr.m');  n=72\*100; T=72;  t=linspace(0,T,n+1); h=t(2)-t(1);  I(1)=2; S(1)=200-I(1); R(1)=0.0;  b=0.0015; k=0.04;  for j=1:n  S(j+1)=S(j)+(-b\*S(j)\*I(j))\*h;  I(j+1)=I(j)+(b\*S(j)\*I(j)-k\*I(j))\*h;  R(j+1)=R(j)+k\*I(j)\*h;  end |
| |  |  | | --- | --- | | **(a)**  , |  | | **(b)**  , |  | | **(c)**  , |  |   **Fig. 4.** 파란색, 붉은색 선이 각각 SIR 모델로 계산한 *I, R* 값이고, 녹색, 검은색 점 그래프가 실제 *I, R* 데이터이다. (a), (b), (c) 중에서 (a)가 실제 데이터와의 차이가 가장 작다. |

값을 상수로서 개별적으로 조정하게 되면 전체집합의 크기를 대한민국 총인구로 설정했을 때 *I* 데이터와 *R* 데이터를 동시에 맞추기 어렵다. 따라서 지수함수를 사용하여 값을 시간에 따라 변하는 함수로 정하면 실제 데이터에 더 근사하도록 만들 수 있다. 아래 그래프는 를 시간에 따라 감소하는 지수함수로 나타낸 것이다.

|  |
| --- |
| **Fig. 5**. 지수함수를 사용하여 , 로 설정하였다. |

**4.3 값을** **5%씩 조정**

값을 지수함수로 설정하고 4.2절에서와 같이 함수 앞에 곱해지는 상수를 시행착오를 통해 직접 입력하여 조작하는 것은 시간이 많이 소요되고 정확도도 떨어진다. 그러므로 아래 코드에서는 앞 장에서의 방법으로 실제 데이터에 최대한 가깝도록 으로 설정하고 값을 5% 간격으로 각각 조정하여 오차가 최소인 값을 찾는 알고리즘을 사용했다. 이 코드에서는 오차의 정의로 평균 제곱근 오차 (RMSE, Root Mean Square Error)를 사용했으며, 이는 다음 식으로 나타낸다.

(25)

여기서 는 *i*번째 실제 데이터 값이고 는 *i*번째 수치적인 계산을 통해 얻은 값이다. RMSE는 의 평균의 제곱근이다. 아래 코드는 5월 20일부터 7월 29일까지의 데이터를 사용하여 값을 지수함수로 설정하고 5%씩 조정한 코드이다.

|  |
| --- |
| clear; clf; clc; close all;  n=49\*100; T=49; t=linspace(0,T,n+1);  h=t(2)-t(1); a=50220000; I(1)=2;  S(1)=a-I(1); R(1)=0;  u=0.00000001180\*exp(-t/8.); v=0.0348;  for w=1:50  for p=1:3  for q=1:3  b=(0.9+0.05\*p)\*u;  k=(0.9+0.05\*q)\*v;  for i=1:n  S(i+1)=S(i)-b(i)\*S(i)\*I(i)\*h;  I(i+1)=I(i)+(b(i)\*S(i)\*I(i)-k\*I(i))\*h;  R(i+1)=R(i)+k\*I(i)\*h;  end  exi=[5월 20일부터 7월 29일까지 일일 감염자 수];  death=[5월 20일부터 7월 29일까지 일일 사망자 수];  recover=[5월 20일부터 7월 29일까지 일일 회복+사망자];  exR=death+recover;  exI=exi-exR;  error=exI-I(1:100:end);  error2=exR-R(1:100:end);  A=sqrt(mean(error.^2))+ …  sqrt(mean(error2.^2));  B(p,q)=A;  end  end  index=find(B<min(min(B))+0.00001);  M=mod(index,3);  if M<1  M=M+3;  end  K=1+(index-M)/3; B(K,M);  min(min(B)); u=(0.9+0.05\*K)\*u;  v=(0.9+0.05\*M)\*v;  end |
| **Fig. 6.** 값을 5% 간격으로 각각 조정하여 오차(Root Mean Square Error)가 최소인 값을 찾는 알고리즘을 사용했다. |

**4.4 구간별 조정**

값과 복제율 을 최대한 정밀하게 구하기 위해서 일정한 시간 간격으로 나누어 구간별값을 구하였다. 아래 코드는 각각 1일, 10일 간격으로 나누어 작성한 코드와 값 및 복제율 의 그래프이다.

|  |
| --- |
| Fig. 11. 10일 간격으로 구간을 나누어 실제 데이터와 맞춘 I, R 그래프이다.    Fig. 12. 구간별(10일 간격) 값 |

|  |
| --- |
| Fig. 13. 구간별(10일 간격) 값 |

|  |
| --- |
| clear; clf; format long  population = 50220000;  MERS\_I = load('mers\_infective.m'); MERS\_R = load('mers\_recovered.m');  date=datenum('15-jul-2015')-datenum('20-may-2015');  %% day1~day2  date1=datenum('21-may-2015')-datenum('20-may-2015'); sc=100; Nt=sc\*date1; t=linspace(0,date1,Nt+1); dt=t(2)-t(1); s1=zeros(1,Nt); i1=zeros(1,Nt); r1=zeros(1,Nt); s1(1)=population-2; i1(1)=2; r1(1)=0;  b = 0.0000001250; bf1 = 0.065; k1 = 0.0;  for j = 1:Nt  s1(j+1)=s1(j) - b\*bf1\*s1(j)\*i1(j)\*dt;  i1(j+1)=i1(j)+(b\*bf1\*s1(j)\*i1(j)-(k1)\*i1(j))\*dt;  r1(j+1) = r1(j) + k1\*i1(j)\*dt;  end  figure(1); clf; hold on  plot(t, i1, 'b-', t, r1, 'g-');  plot(0:date1, MERS\_I(1:2),'ro-', 0:date1, MERS\_R(1:2),'mo-');  legend('Infected','Recovered',2 );    %% day2~day3  clear Nt t dt b; format long;  date2=datenum('22-may-2015')-datenum('21-may-2015'); Nt=sc\*date2;  t=linspace(0,date2,Nt+1); dt= t(2)-t(1); s2=zeros(1,Nt); i2=zeros(1,Nt); r2=zeros(1,Nt); s2(1)=population-i1(end); i2(1)=i1(end); r2(1)=r1(end);  b=0.0000001250; bf2=0.0; k2=0.0;  for j = 1:Nt  s2(j+1)=s2(j) - b\*bf2\*s2(j)\*i2(j)\*dt;  i2(j+1)=i2(j)+(b\*bf2\*s2(j)\*i2(j)-(k2)\*i2(j))\*dt;  r2(j+1) = r2(j) + k2\*i2(j)\*dt;  end  figure(2); clf; hold on  plot(t, i2, 'b-', t, r2, 'g-');  plot(0:date2,MERS\_I(2:3),'ro-',0:date2, MERS\_R(2:3),'mo-'); legend('Infected','Recovered',2);    중략  %% day56~day57  clear Nt t dt b; format long;  date56=datenum('15-july-2015')-datenum('14-july-2015'); Nt = sc\*date56; t=linspace(0,date56,Nt+1); dt=t(2)-t(1);  s56 = zeros(1,Nt); i56 = zeros(1,Nt); r56 = zeros(1,Nt);  s56(1) = population-i55(end); i56(1) = i55(end); r56(1) = r55(end);    b = 0.0000001250; bf56 = 0.0; k56 = 0.08;  for j = 1:Nt  s56(j+1) = s56(j) - b\*bf56\*s56(j)\*i56(j)\*dt;  i56(j+1) = i56(j) + (b\*bf56\*s56(j)\*i56(j) - (k56)\*i56(j))\*dt;  r56(j+1) = r56(j) + k56\*i56(j)\*dt;  end  figure(56); clf;  hold on  plot(t, i56, 'b-', t, r56, 'g-');  plot(0:date56, MERS\_I(56:57),'ro-', 0:date56, MERS\_R(56:57),'mo-');  legend('Infected','Recovered',2); |
| **Fig. 14.** 1일 간격 구간별 데이터    **Fig. 15.** 1일 간격 구간별 데이터값    **Fig. 16.** 1일 간격 구간별 데이터값 |

**4.5 구간별 메르스 기초 재생산 비율**

Fig. 14. 은 1일 간격으로, Table 1.은 10일 간격으로 기초 재생산 비율을 구한 것으로, 값의 시간에 따른 변화를 확인할 수 있다.



**Fig. 17.** 10일 간격 구간별 값

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **day 1~10** | **day 10~19** | **day 19~28** | **day 28~37** |
| ∞ | 12.59434615 | 2.376741329 | 0.2496733 |
|  |  |  |  |
| **day 37~46** | **day 46~55** | **day 55~64** | **day 64~73** |
| 0.141991071 | 0.071742857 | 0.00012555 | 0.0 |

**Table 1.** 10일 간격 구간별 기초 재생산 비율



**Fig. 18.** 1일 간격 구간별 값

# **5. 결론**

본 연구에서는 전염병 모델링에 많이 쓰이고 있는 SIR 모델을 사용하여 국내에서의 메르스 확산 데이터를 수치적으로 분석했고, 실제 데이터와 최대한 일치하는 값을 구했다. 그 결과 감염률과 회복률은 각각 *I, R* 인구 수 변화 추세와 비슷하게 증가했다가 다시 감소하는 것을 확인할 수 있었다. 기초 재생산 비율은 일일 신규 감염자 수와 비슷한 추세로 증감하여 메르스 확산 20일 정도 후인 6월 8일경에 최대였고, 28일 정도 후인 6월 16일경부터 1 이하로 감소하여 메르스 확산이 주춤했다. 메르스 확산에 대응하기 위해 6월 9일부터 응급실에서의 메르스 의심환자 선별 진료소 운영 및 모든 병원 폐렴 환자 전수조사 실시, 정부에서 중앙긴급대응팀 파견 등 강력한 정책을 시행했고, 그에 이어 삼성서울병원에서 메르스 추가 확산방지 종합대책을 추진하면서 기초 복제율이 1이하로 감소하였다. 이를 통해 수치적으로 계산한 결과와 메르스 확산 방지 정책으로 인한 감염 추세가 유사하다는 것을 알 수 있었다. 이와 같은 연구를 통해 SIR 모델링을 바탕으로 유사한 전염병이 발병할 경우에 시기별 감염 추이를 예측하고 적절한 시기에 병실 수 확대, 병원 폐쇄, 환자 격리 등의 방법으로 대응할 수 있음을 확인할 수 있다.

# **참고문헌**

[1] Milner, F. A., and A. Pugliese. "Periodic solutions: a robust numerical method for an SIR model of epidemics." Journal of mathematical biology 39.6 (1999): 471-492.

[2] Busenberg, Stavros, and Carlos Castillo-Chavez. "A general solution of the problem of mixing of subpopulations and its application to risk-and age-structured epidemic models for the spread of AIDS."

[3] Ki, Moran. "2015 MERS outbreak in Korea: hospital-to-hospital transmission." *Epidemiology and health* 37 (2015).

[4] Chinviriyasit, Settapat, and Wirawan Chinviriyasit. "Numerical modelling of an SIR epidemic model with diffusion." Applied Mathematics and Computation 216.2 (2010): 395-409

[5] Mathematical modeling of the H1N1 Influenza

[6]SD를 이용한 조류인플루엔자(AI) 전염․확산 모델링- 2007년 우리나라의 AI 발생 사례를 중심으로 한 탐색적 연구

[7] An epidemiological model for West Nile virus: invasion analysis and control applications

[8] Choi, Jae Wook, et al. "Public health crisis response and establishment of a crisis communication system in South Korea: lessons learned from the MERS outbreak." *Journal of the Korean Medical Association/Taehan Uisa Hyophoe Chi* 58.7 (2015).

[9] Ki, Moran. "2015 MERS outbreak in Korea: hospital-to-hospital transmission." *Epidemiology and health* 37 (2015).

[10] Park, H. Y., et al. "Epidemiological investigation of MERS-CoV spread in a single hospital in South Korea, May to June 2015." *Euro Surveill* 20.25 (2015): 21169.

[11] Synthesizing data and models for the spread of MERS-CoV, 2013: Key role of index cases and hospital transmission

[12] Jun, Byungyool. "Middle East respiratory syndrome outbreak and infectious disease control in Korea." *J Korean Med Assoc* 58.7 (2015): 590-593.

[13] Raphael, Bertram. "A computer program which understands." *Proceedings of the October 27-29, 1964, fall joint computer conference, part I*. ACM, 1964.

[14] Meng, Xinzhu, and Lansun Chen. "The dynamics of a new SIR epidemic model concerning pulse vaccination strategy." *Applied Mathematics and Computation* 197.2 (2008): 582-597.

[15] MLA Piyawong, W., E. H. Twizell, and A. B. Gumel. "An unconditionally convergent finite-difference scheme for the SIR model." *Applied Mathematics and Computation* 146.2 (2003): 611-625.

[16] Enatsu, Yoichi, et al. "Global dynamics of difference equations for SIR epidemic models with a class of nonlinear incidence rates." *Journal of Difference Equations and Applications* 18.7 (2012): 1163-1181.

[17] Higham, Desmond J. "An algorithmic introduction to numerical simulation of stochastic differential equations." *SIAM review* 43.3 (2001): 525-546.

[18] Korea Ministry of Health and Welfare (KMOHW) and Korean Centers for Disease Control and Prevention (KCDC). MERS portal (Daily report), [www.mers.go.kr](http://www.mers.go.kr)

[19] Korea Ministry of Health and Welfare (KMOHW) and Korean Centers for Disease Control and Prevention (KCDC). Daily report for number of infected, recovered, and dead people. <http://www.mw.go.kr/>, <http://cdc.go.kr/CDC/>.