

Modele epidemiologiczne

Anna Zesławska

20 maj 2013

Wstęp

Przyjrzymy się dwóm podstawowym modelom epidemiologicznym:

- ▶ Model SIS – bez nabywania odporności
- ▶ Model Kermacka-McKendricka SIR – z jej uwzględnieniem

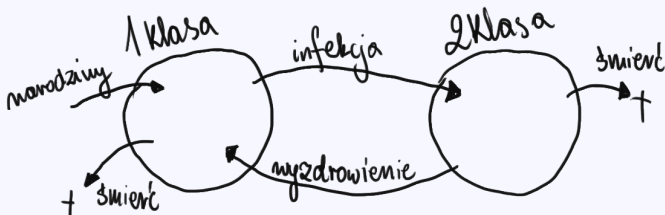
Celem jest przewidzenie końcowego efektu wybuchu epidemii, może ona: wygasnąć lub ustalić się na stałym poziomie, co nazywamy **pandemią**.

Model SIS (*susceptible* - podatny, *infected* - zainfekowany)

Jest to najprostszy model epidemiologiczny, występują w nim 2 klasy osobników:

1. klasa osobniki zdrowe podatne na zainfekowanie;
2. klasa osobniki zainfekowane.

Każdy osobnik z 1 klasy przez infekcję staje się osobnikiem z klasy 2. Po przebyciu infekcji osobnik z klasy 2 wraca do klasy 1 lub umiera. Osobniki rodzą się zdrowe.



Założenia:

- liczebność populacji jest stała i wynosi N (rodzi się tyle samo osobników co umiera);
- $S(t), I(t)$ - **proporcje** osobników zdrowych i zainfekowanych;
- $NS(t)$ - liczba osobników zdrowych, $NI(t)$ - liczba osobników zainfekowanych;
- osobniki nowonarodzone są zdrowe;
- infekcja rozprzestrzenia się przez kontakt. Zakładamy, że liczba kontaktów jest proporcjonalna do $NI(t)S(t)$.
 λ - średnia liczba kontaktów powodująca infekcję, więc liczba zachorowań $= \lambda NI(t)S(t)$;
- μ - współczynnik rozrodczości i śmiertelności (z zał. równe);
- γ - współczynnik wyzdrowień (stały).

Założenia:

- liczebność populacji jest stała i wynosi N (rodzi się tyle samo osobników co umiera);
- $S(t), I(t)$ - **proporcje** osobników zdrowych i zainfekowanych;
- $NS(t)$ - liczba osobników zdrowych, $NI(t)$ - liczba osobników zainfekowanych;
- osobniki nowonarodzone są zdrowe;
- infekcja rozprzestrzenia się przez kontakt. Zakładamy, że liczba kontaktów jest proporcjonalna do $NI(t)S(t)$.
 λ - średnia liczba kontaktów powodująca infekcję, więc liczba zachorowań $= \lambda NI(t)S(t)$;
- μ - współczynnik rozrodczości i śmiertelności (z zał. równe);
- γ - współczynnik wyzdrowień (stały).

Założenia:

- liczebność populacji jest stała i wynosi N (rodzi się tyle samo osobników co umiera);
- $S(t), I(t)$ - **proporcje** osobników zdrowych i zainfekowanych;
- $NS(t)$ - liczba osobników zdrowych, $NI(t)$ - liczba osobników zainfekowanych;
- osobniki nowonarodzone są zdrowe;
- infekcja rozprzestrzenia się przez kontakt. Zakładamy, że liczba kontaktów jest proporcjonalna do $NI(t)S(t)$.
 λ - średnia liczba kontaktów powodująca infekcję, więc liczba zachorowań = $\lambda NI(t)S(t)$;
- μ - współczynnik rozrodczości i śmiertelności (z zał. równe);
- γ - współczynnik wyzdrowień (stały).

Założenia:

- liczebność populacji jest stała i wynosi N (rodzi się tyle samo osobników co umiera);
- $S(t), I(t)$ - **proporcje** osobników zdrowych i zainfekowanych;
- $NS(t)$ - liczba osobników zdrowych, $NI(t)$ - liczba osobników zainfekowanych;
- osobniki nowonarodzone są zdrowe;
- infekcja rozprzestrzenia się przez kontakt. Zakładamy, że liczba kontaktów jest proporcjonalna do $NI(t)S(t)$.
 λ - średnia liczba kontaktów powodująca infekcję, więc liczba zachorowań = $\lambda NI(t)S(t)$;
- μ - współczynnik rozrodczości i śmiertelności (z zał. równe);
- γ - współczynnik wyzdrowień (stały).

Założenia:

- liczebność populacji jest stała i wynosi N (rodzi się tyle samo osobników co umiera);
- $S(t), I(t)$ - **proporcje** osobników zdrowych i zainfekowanych;
- $NS(t)$ - liczba osobników zdrowych, $NI(t)$ - liczba osobników zainfekowanych;
- osobniki nowonarodzone są zdrowe;
- infekcja rozprzestrzenia się przez kontakt. Zakładamy, że liczba kontaktów jest proporcjonalna do $NI(t)S(t)$.
 λ - średnia liczba kontaktów powodująca infekcję, więc liczba zachorowań = $\lambda NI(t)S(t)$;
- μ - współczynnik rozrodzności i śmiertelności (z zał. równe);
- γ - współczynnik wyzdrowień (stały).

Założenia:

- liczebność populacji jest stała i wynosi N (rodzi się tyle samo osobników co umiera);
- $S(t), I(t)$ - **proporcje** osobników zdrowych i zainfekowanych;
- $NS(t)$ - liczba osobników zdrowych, $NI(t)$ - liczba osobników zainfekowanych;
- osobniki nowonarodzone są zdrowe;
- infekcja rozprzestrzenia się przez kontakt. Zakładamy, że liczba kontaktów jest proporcjonalna do $NI(t)S(t)$.
 λ - średnia liczba kontaktów powodująca infekcję, więc liczba zachorowań $= \lambda NI(t)S(t)$;
- μ - współczynnik rozrodczości i śmiertelności (z zał. równe);
- γ - współczynnik wyzdrowień (stały).

$$\begin{cases} \frac{d}{dt}(NS(t)) = \mu N - \lambda NS(t)I(t) + \gamma NI(t) - \mu NS(t) \\ \frac{d}{dt}(NI(t)) = \lambda NS(t)I(t) - \gamma NI(t) - \mu NI(t), \end{cases}$$

- $\mu N = \text{const}$ - liczba osobników narodzonych w chwili t ;
- $\lambda NS(t)I(t)$ - liczba zachorowań w skutek kontaktu w chwili t ;
- $\gamma NI(t)$ - liczba wyzdrowień w chwili t ;
- $\mu NS(t), \mu NI(t)$ - liczba osobników zdrowych oraz chorych umierających w chwili t .

Warunki początkowe: $I(0) > 0, \quad I + S = 1$

Po podzieleniu przez N mamy:

$$\begin{cases} \dot{S} = \mu - \lambda SI + \gamma I - \mu S \\ \dot{I} = \lambda SI - \gamma I - \mu I. \end{cases}$$

Jako, że S i I są proporcjami całej populacji to powinno zachodzić $S + I = 1$ w dowolnej chwili t . Układ spełnia tą tożsamość.

Możemy zatem zredukować układ do jednego równania:

$$\dot{I} = -\lambda I^2 + (\lambda - (\gamma + \mu))I$$

Zachowanie tego równania zależy od współczynników, niech $\delta = \frac{\lambda}{\gamma + \mu}$ (stosunek liczby osobników wchodzących do klasy 2 do liczby opuszczających ją).

Dla $\delta < 1$ rozwiązanie równania maleje i zbiega do 0. Dla $\delta > 1$, jeśli I_0 ($I_0 = I(0)$) jest duże to maleje, natomiast dla małego rośnie i stabilizuje się.

Rozwiązanie równania:

$$I(t) = \frac{I_0 e^{(\gamma+\mu)(\delta-1)t}}{1 + I_0 \frac{\delta}{\delta-1} (e^{(\gamma+\mu)(\delta-1)t} - 1)},$$

$$\text{dla } \delta = 1 \quad I(t) = \frac{I_0}{1 + \lambda I_0 t},$$

przy czasie dążącym do nieskończoności:

dla $\delta \leq 1$

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$$

epidemia wygasa

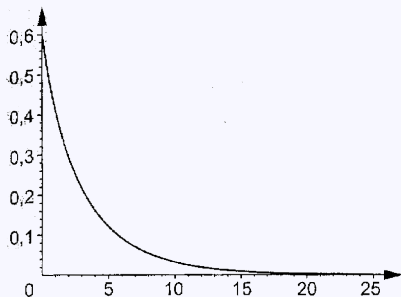
dla $\delta > 1$

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 1 - \frac{1}{\delta}$$

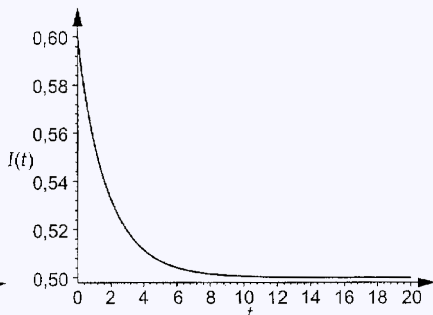
epidemia ustala się na pewnym poziomie

Do pandemii dochodzi gdy $\delta > 1$ czyli $\lambda > \gamma + \mu$, a zatem gdy frakcja osobników napływających do klasy zainfekowanych jest większa niż frakcja opuszczających ją.

Rozwiązania równania $I(t)$



dla $\delta \leq 1$



dla $\delta > 1$

Model Kermacka-McKendricka

W tym modelu występuje trzecia klasa osobników - osobniki odporne na infekcje. Takie modele oznacza się symbolem SIR (*susceptible-infected-resistant*).

Zakładamy, że liczebność populacji jest dalej stała. Dla uproszczenia nie uwzględniamy rozrodczości i śmiertelności.



$$\begin{cases} \frac{d}{dt}(NS(t)) = -\lambda NS(t)I(t) \\ \frac{d}{dt}(NI(t)) = \lambda NS(t)I(t) - \gamma NI(t) \\ \frac{d}{dt}(NR(t)) = \gamma NI(t), \end{cases}$$

- $NR(t)$ - osobniki wyleczone i odporne;
- $\lambda NS(t)I(t)$ - liczba zachorowań w skutek kontaktu w chwili t ;
- $\gamma NI(t)$ - liczba zdrowiejących i uodparniających się osobników w chwili t .

Warunki początkowe:

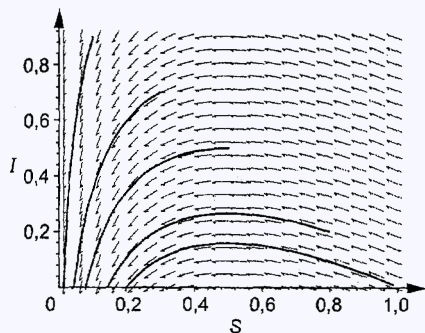
$$R+S+I = 1, \quad S(0) = S_0 > 0, \quad I(0) = I_0 > 0, \quad 0 \leq S_0 + I_0 \leq 1$$

Układ zredukowany:

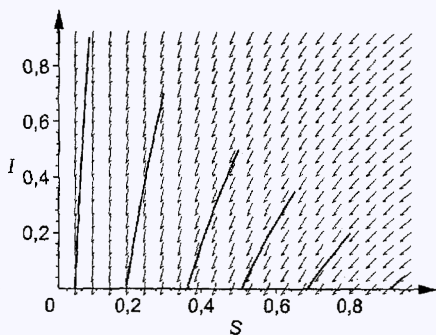
$$\begin{cases} \dot{S} = -\lambda SI \\ \dot{I} = \lambda SI - \gamma I, \end{cases}$$

Zachowanie rozwiązania zależy od stosunku frakcji osobników zasilających klasę zainfekowanych do frakcji osobników opuszczających tę klasę. Niech $\delta = \frac{\lambda}{\gamma}$.

Portret fazowy układu

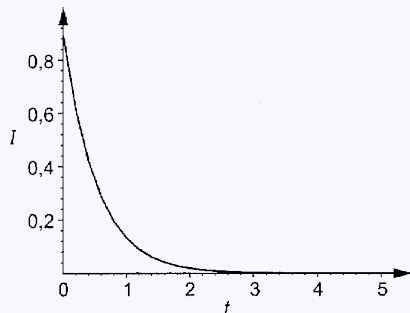
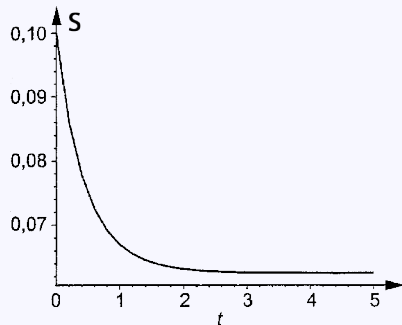


dla $\delta > 1$

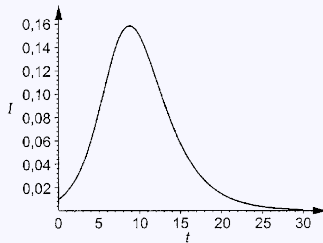
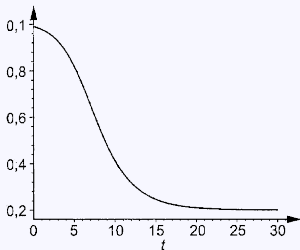
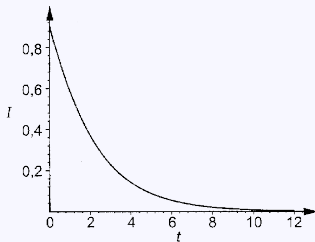
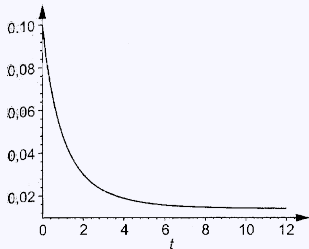


dla $\delta < 1$

Wykresy rozwiązań dla $\delta < 1$:



Wykresy rozwiązań dla $\delta > 1$:



W przypadku gdy $\delta > 1$ i przy większych S_0 funkcja $I(t)$ rośnie do $1 - R_0 - \frac{1}{\delta} - \ln(\delta S_0)$, a potem maleje i $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$.

Widzimy więc, że w modelu Karmacka-McKendricka epidemia zawsze wygasa. Wiąże się to z jego uproszczeniem - budując ten model nie uwzględniliśmy procesów które zachodzą w populacji gdy nie ma infekcji.

Dziękuję za uwagę