

Egyszerű SIR modell

Feczko Botond

2020. március 26.

1. A járványterjedési modell

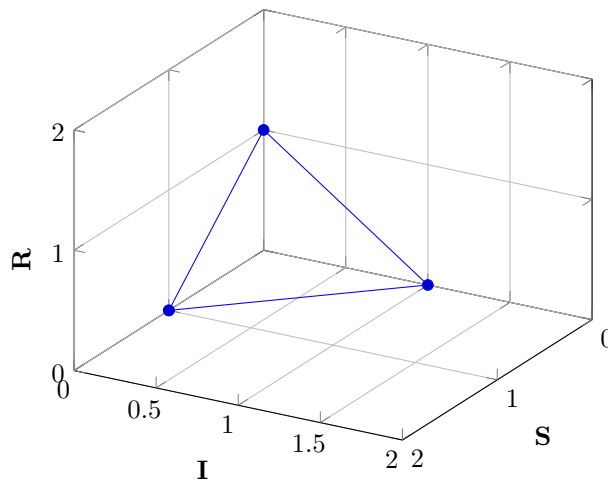
Jelölje S a megfertőzhető-, I a fertőzött- és R a gyógyult emberek halmazát, r pedig a fertőzési rátát. Ekkor a SIR modell differenciálegyenletei¹:

$$\dot{S} = -rSI \quad (1)$$

$$\dot{I} = rSI - \rho I \quad (2)$$

$$\dot{R} = I \quad (3)$$

Feltételezve, hogy a populáció mérete állandó: $S + I + R = 1 = \text{konstans}$, továbbá $S > 0$, $I > 0$ és $R > 0$. Ekkor a járvány a $\{(1, 0, 0), (0, 1, 0), (0, 0, 1)\}$ pontok által kijelölt háromszögön (1. ábra) folyik le.



1. ábra. A feltételek által kijelölt térrész

¹A modellben a felgyógyultak már immunissá váltak. A felgyógyulási ráta $\rho = 1$ az egyszerűség kedvéért.

2. A modell trajektóriái

A modell vizsgálata során a differenciálegyenletekből lehet következtetéseket levonni a járvány lefolyását illetően.

2.1. Az $R - S$ sík

Az 1. és 3. egyenletekből

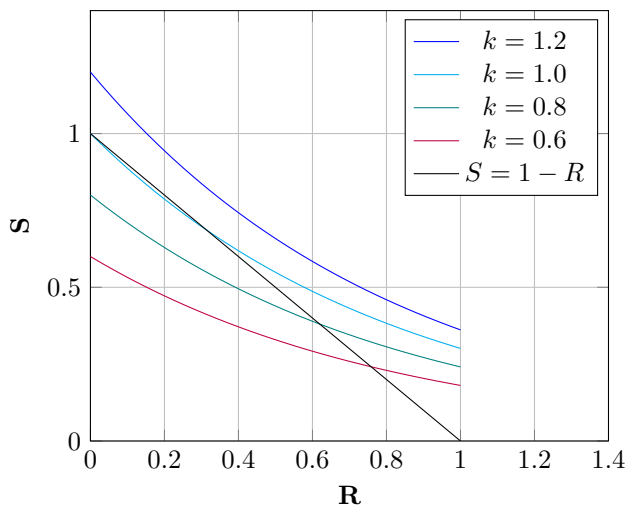
$$\frac{dS}{dR} = \frac{\frac{dS}{dt}}{\frac{dR}{dt}} = \frac{-rSI}{I} = -rS,$$

innen

$$\frac{dS}{S} = -r dR,$$

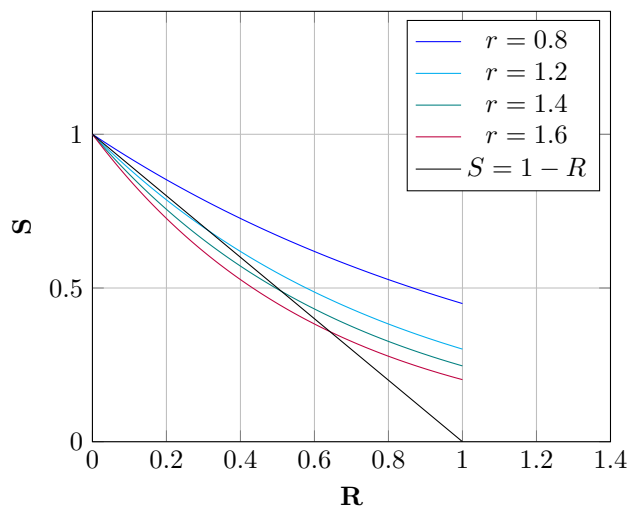
integrálva

$$\ln S = -rR + c \implies S = k \cdot e^{-rR}, \quad k \geq 0.$$



2. ábra. A járvány terjedése az $R - S$ síkon ($r = 1.2$)

A 2. ábra alapján elmondható, hogy az ilyen lefolyású vírusok nem fertőzik meg a populáció teljes egészét (az exponenciális függvény sehol nem veszi fel a 0 értéket).



3. ábra. A járvány terjedése az $R - S$ síkon ($k = 1$)

A 3. ábrán látható, hogy ha $r \leq 1$, akkor a járvány nem terjed el túlságosan (értsd: kisebb R értéknél metszi a görbe az $S = 1 - R$ egyenest), míg az $r > 1$ esetekben igen. A mi szempontunkból az $S(0) = S_0 = 1 - \varepsilon$ esetek a lényegesek, ekkor $I = \varepsilon$, mivel ilyenkor a kevés fertőzött fertőzheti a fertőzhetőket.

2.2. Az $S - I$ sík

Az 1. és 2. egyenletekből

$$\frac{dI}{dS} = \frac{rSI - I}{-rSI} = -1 + \frac{1}{rS},$$

integrálva kapjuk, hogy

$$dI = -dS + \frac{1}{rS} dS,$$

innen

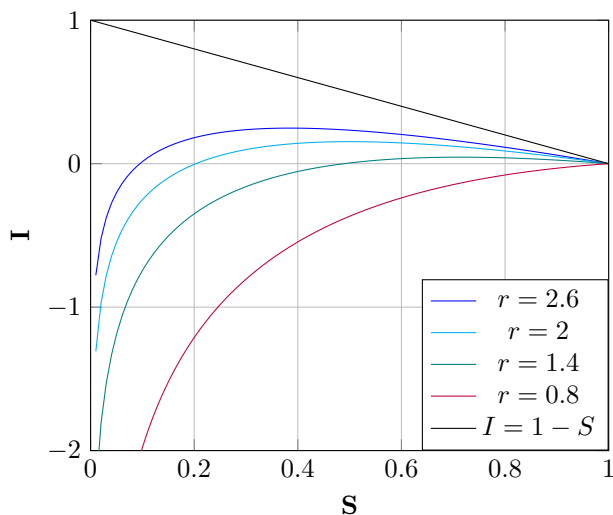
$$I = -S + \frac{1}{r} \ln S + K.$$

A kezdeti feltételekből

$$\begin{aligned} S(0) &= S_0 & I(0) &= I_0 \\ K &= \underbrace{S_0 + I_0}_{=1-\varepsilon+\varepsilon=1} - \frac{1}{r} \ln S_0. \end{aligned}$$

Megvizsgálva a 0-ban és ∞ -ben vett határértékeket:

$$\begin{aligned} S \rightarrow 0 &\implies I \rightarrow -\infty, \\ S \rightarrow \infty &\implies I \rightarrow -\infty. \end{aligned}$$



4. ábra. A járvány terjedése az $S - I$ síkon ($S_0 = 1$)

A 4. ábrán is jól látható, hogy - a logaritmus függvény tulajdonságai miatt - a vírus nem képes megfertőzni a teljes populációt.

2.3. Az $R - I$ sík

A 2. és 3. egyenletekből

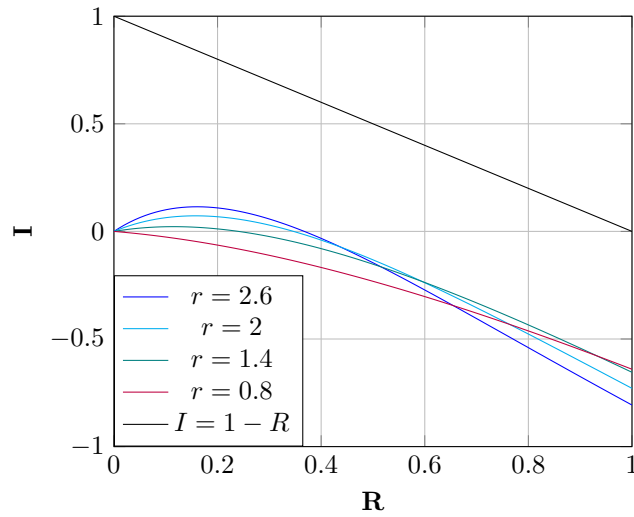
$$\frac{dI}{dR} = \frac{rSI - I}{I} = rS - 1,$$

integrálva kapjuk, hogy

$$\begin{aligned} dI &= rS dR - dR \\ I &= rSR - R = R(rS - 1). \end{aligned}$$

Behelyettesítve az $S = ke^{-rR}$ egyenletet S helyére,

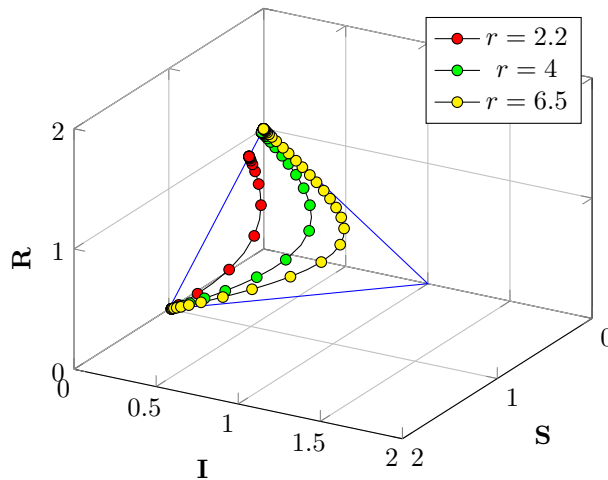
$$R(rke^{-rR} - 1).$$



5. ábra. A járvány terjedése az $R - I$ síkon ($k = 1$)

3. Összegzés

Az előzőekben láthattuk a járvány terjedésének különböző síkokra vett vetítését. Az `ode45` *MATLAB* függvény segítségével megkaphatjuk az $S(t)$, $I(t)$ és $R(t)$ görbék numerikus megoldásait, majd ábrázolhatjuk ezen pontokat 3 dimenzióban² (6. ábra).

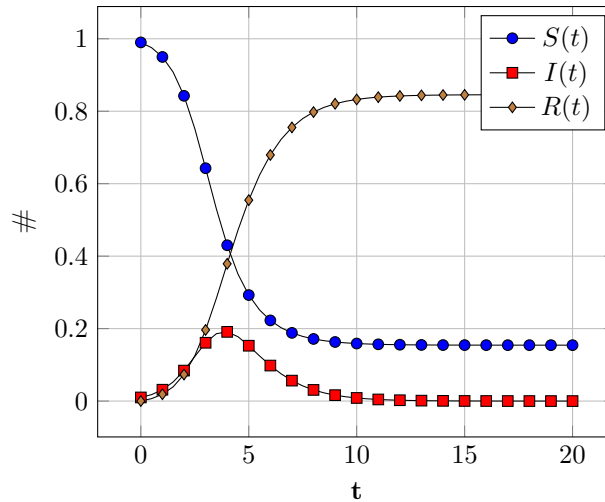


6. ábra. A járvány lefolyása ($(S(t), I(t), R(t))$) ($S_0 = 0.99$ és $I_0 = 0.01$)

²Hogy átláthatóbb legyen az ábra, nem szerepel minden adatpont helyén *marker*.

Mivel $dS < 0$ és $dR > 0$, ezért bármilyen kezdeti feltétellel indítjuk el a modellt, az mindig a háromszög $\{(1, 0, 0), (0, 0, 1)\}$ élén lévő stabil pontok felé "konvergál".

Megjeleníthető az egyes csoportok (S , I és R) nagyságának alakulása az idő függvényében (7. ábra).



7. ábra. A csoportok alakulása $r = 2.2$ esetén ($S_0 = 0.99$ és $I_0 = 0.01$)

Hogy a 3 dimenziós térből egy 2 dimenziós síkra képezzük le a megoldás pontjainak halmazát, szükségünk van az adott sík egyenletére. A megoldásokat a $\{(1, 0, 0), (0, 1, 0), (0, 0, 1)\}$ pontok által kifeszített síkon keressük (korlátozás az összpopuláció méretére). A sík egyenlete, melyen az $(S(t), I(t), R(t))$ görbe szerepel és amire a leképzést végezzük:

$$S + I + R = 1.$$

Ennek a síknak egy normálvektora

$$\mathbf{n} = (1, 1, 1).$$

Szükségünk van továbbá két, az \mathbf{n} normálvektorra merőleges - és egymástól lineárisan független - vektorra. Legyen

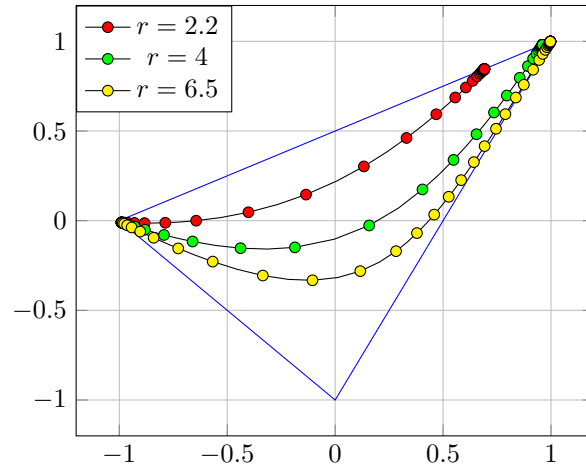
$$\mathbf{u} = (-1, 0, 1),$$

$$\mathbf{v} = (0, -1, 1).$$

(Alkalmazható a Gram-Schmidt-féle ortogonalizáció az \mathbf{u} és \mathbf{v} vektorokra, hogy azok egymásra merőlegesek legyenek.) Az SIR 3 dimenziós térben lévő $P_0(s_0, i_0, r_0)$ pontot a következő módon képezhetjük le az $S + I + R = 1$ síkra:

$$P_0^*(u, v) = (P_0 \cdot u, P_0 \cdot v).$$

Elvégezve ezt a műveletet járványterjedési görbe pontjaira és a korábban említett háromszögre:



8. ábra. Járványterjedési görbék különböző r paraméterekkel

Összefoglalásként elmondható a *SIR* járványterjedési modellről, hogy bármilyen kezdeti feltétel és r fertőzési ráta mellett a járvány nem fertőzi meg a teljes populációt. Továbbá fontos kiemelni, hogy az r paraméter növekedésével a fertőzött emberek száma is erősen nő.