O modelowaniu przebiegu epidemii

Bogdan Przeradzki

Instytut Matematyki Politechniki Łódzkiej

March 4, 2024

Funkcje i ich pochodne

Co to jest funkcja: $t \mapsto x(t) \in \mathbb{R}$? t interpretujemy jako czas.
Co to jest pochodna funkcji x? To prędkość (chwilowa) zmiany wielkości x w danej chwili;
$x'(t) > 0$ oznacza, że wielkość rośnie, < 0 – maleje.
Co to jest równanie różniczkowe? To zależność między pochodną funkcji x opisującej wielkość a samą wielkością x w tej samej chwili (ew. też czasem):

$$x'(t) = f(t, x(t)).$$

Ta zależność jest tu postulowana przez daną funkcję f. Funkcja x jest niewiadomą.

Funkcje i ich pochodne

Co to jest funkcja: $t \mapsto x(t) \in \mathbb{R}$? t interpretujemy jako czas.
Co to jest pochodna funkcji x? To prędkość (chwilowa) zmiany wielkości x w danej chwili;
$x'(t) > 0$ oznacza, że wielkość rośnie, < 0 – maleje.
Co to jest równanie różniczkowe? To zależność między pochodną funkcji x opisującej wielkość a samą wielkością x w tej samej chwili (ew. też czasem):

$$x'(t) = f(t, x(t)).$$

Ta zależność jest tu postulowana przez daną funkcję f. Funkcja x jest niewiadomą.

Funkcje i ich pochodne

Co to jest funkcja: $t \mapsto x(t) \in \mathbb{R}$? t interpretujemy jako czas.
Co to jest pochodna funkcji x? To prędkość (chwilowa) zmiany wielkości x w danej chwili;
$x'(t) > 0$ oznacza, że wielkość rośnie, < 0 – maleje.
Co to jest równanie różniczkowe? To zależność między pochodną funkcji x opisującej wielkość a samą wielkością x w tej samej chwili (ew. też czasem):

$$x'(t) = f(t, x(t)).$$

Ta zależność jest tu postulowana przez daną funkcję f. Funkcja x jest niewiadomą.

Funkcje i ich pochodne

Co to jest funkcja: $t \mapsto x(t) \in \mathbb{R}$? t interpretujemy jako czas.
Co to jest pochodna funkcji x? To prędkość (chwilowa) zmiany wielkości x w danej chwili;
$x'(t) > 0$ oznacza, że wielkość rośnie, < 0 – maleje.
Co to jest równanie różniczkowe? To zależność między pochodną funkcji x opisującej wielkość a samą wielkością x w tej samej chwili (ew. też czasem):

$$x'(t) = f(t, x(t)).$$

Ta zależność jest tu postulowana przez daną funkcję f. Funkcja x jest niewiadomą.

Funkcje i ich pochodne

Co to jest funkcja: $t \mapsto x(t) \in \mathbb{R}$? t interpretujemy jako czas.
Co to jest pochodna funkcji x? To prędkość (chwilowa) zmiany wielkości x w danej chwili;
$x'(t) > 0$ oznacza, że wielkość rośnie, < 0 – maleje.
Co to jest równanie różniczkowe? To zależność między pochodną funkcji x opisującej wielkość a samą wielkością x w tej samej chwili (ew. też czasem):

$$x'(t) = f(t, x(t)).$$

Ta zależność jest tu postulowana przez daną funkcję f. Funkcja x jest niewiadomą.

Funkcje i ich pochodne

Co to jest funkcja: $t \mapsto x(t) \in \mathbb{R}$? t interpretujemy jako czas.
Co to jest pochodna funkcji x? To prędkość (chwilowa) zmiany wielkości x w danej chwili;
$x'(t) > 0$ oznacza, że wielkość rośnie, < 0 – maleje.
Co to jest równanie różniczkowe? To zależność między pochodną funkcji x opisującej wielkość a samą wielkością x w tej samej chwili (ew. też czasem):

$$x'(t) = f(t, x(t)).$$

Ta zależność jest tu postulowana przez daną funkcję f. Funkcja x jest niewiadomą.

Funkcje i ich pochodne

Co to jest funkcja: $t \mapsto x(t) \in \mathbb{R}$? t interpretujemy jako czas.
Co to jest pochodna funkcji x? To prędkość (chwilowa) zmiany wielkości x w danej chwili;
$x'(t) > 0$ oznacza, że wielkość rośnie, < 0 – maleje.
Co to jest równanie różniczkowe? To zależność między pochodną funkcji x opisującej wielkość a samą wielkością x w tej samej chwili (ew. też czasem):

$$x'(t) = f(t, x(t)).$$

Ta zależność jest tu postulowana przez daną funkcję f. Funkcja x jest niewiadomą.

Rozpad promieniotwórczy

$N'(t) = -kN(t)$
– $N(t)$ liczba atomów pierwiastka w chwili t, $k > 0$ parametr.
Rozwiązanie $N(t) = N(0)\mathrm{e}^{-kt}$,
liczba $e \approx 2,718$ liczba Eulera.
Własność: $\frac{N(t+\delta)}{N(t)} = \frac{1}{2}$,
$\delta = \frac{\ln 2}{k}$ – dla tej stałej równość spełniona dla dowolnych $N(0)$ i t – czas połowicznego rozpadu.
Problem ze skokami funkcji N.

Rozpad promieniotwórczy

$N'(t) = -kN(t)$
– $N(t)$ liczba atomów pierwiastka w chwili t, $k > 0$ parametr.
Rozwiązanie $N(t) = N(0)\mathrm{e}^{-kt}$,
liczba $e \approx 2,718$ liczba Eulera.
Własność: $\frac{N(t+\delta)}{N(t)} = \frac{1}{2}$,
$\delta = \frac{\ln 2}{k}$ – dla tej stałej równość spełniona dla dowolnych $N(0)$ i t – czas połowicznego rozpadu.
Problem ze skokami funkcji N.

Rozpad promieniotwórczy

$N'(t) = -kN(t)$
– $N(t)$ liczba atomów pierwiastka w chwili t, $k > 0$ parametr.
Rozwiązanie $N(t) = N(0)\mathrm{e}^{-kt}$,
liczba $e \approx 2,718$ liczba Eulera.
Własność: $\frac{N(t+\delta)}{N(t)} = \frac{1}{2}$,
$\delta = \frac{\ln 2}{k}$ – dla tej stałej równość spełniona dla dowolnych $N(0)$ i t – czas połowicznego rozpadu.
Problem ze skokami funkcji N.

Rozpad promieniotwórczy

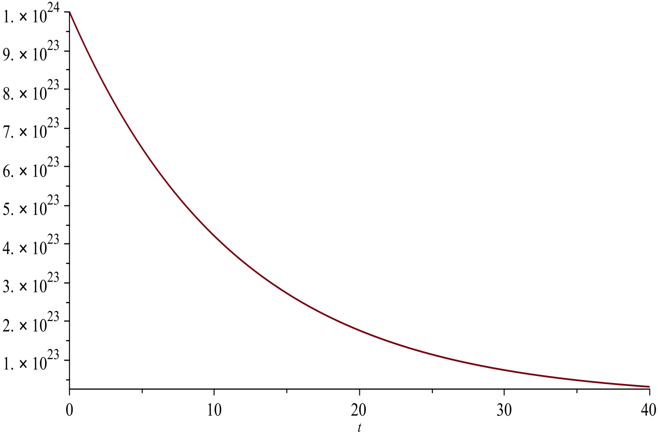
$N'(t) = -kN(t)$
– $N(t)$ liczba atomów pierwiastka w chwili t, $k > 0$ parametr.
Rozwiązanie $N(t) = N(0)\mathrm{e}^{-kt}$,
liczba $e \approx 2,718$ liczba Eulera.
Własność: $\frac{N(t+\delta)}{N(t)} = \frac{1}{2}$,
$\delta = \frac{\ln 2}{k}$ – dla tej stałej równość spełniona dla dowolnych $N(0)$ i t – czas połowicznego rozpadu.
Problem ze skokami funkcji N.

Rozpad promieniotwórczy

$N'(t) = -kN(t)$
– $N(t)$ liczba atomów pierwiastka w chwili t, $k > 0$ parametr.
Rozwiązanie $N(t) = N(0)\mathrm{e}^{-kt}$,
liczba $e \approx 2,718$ liczba Eulera.
Własność: $\frac{N(t+\delta)}{N(t)} = \frac{1}{2}$,
$\delta = \frac{\ln 2}{k}$ – dla tej stałej równość spełniona dla dowolnych $N(0)$ i t – czas połowicznego rozpadu.
Problem ze skokami funkcji N.

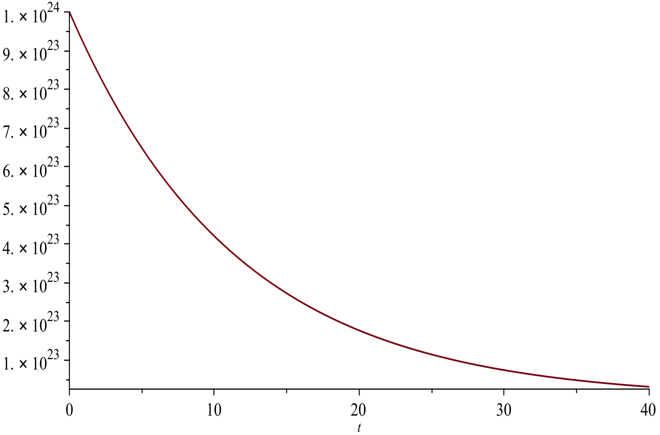
Rozpad promieniotwórczy

$N'(t) = -kN(t)$
– $N(t)$ liczba atomów pierwiastka w chwili t, $k > 0$ parametr.
Rozwiązanie $N(t) = N(0)\mathrm{e}^{-kt}$,
liczba $e \approx 2,718$ liczba Eulera.
Własność: $\frac{N(t+\delta)}{N(t)} = \frac{1}{2}$,
$\delta = \frac{\ln 2}{k}$ – dla tej stałej równość spełniona dla dowolnych $N(0)$ i t – czas połowicznego rozpadu.
Problem ze skokami funkcji N.



$N(0)$ – liczba atomów jodu 131 w "garstce", czas $\delta = 8$ dni.

Uwagi o modelowaniu w fizyce, ekologii, chemii itp.



$N(0)$ – liczba atomów jodu 131 w "garstce", czas $\delta = 8$ dni.
Uwagi o modelowaniu w fizyce, ekologii, chemii itp.

Najprostszy model epidemii SIR

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot I \\ I' = \beta S \cdot I - \alpha I \\ R' = \alpha I. \end{cases}$$

S liczba podatnych, I liczba zakażonych, R liczba ozdrowiałych, $\alpha > 0$, $\beta > 0$ – parametry.
Nie ma urodzeń ani zgonów $\rightarrow$ $S(t) + I(t) + R(t) = N$ stała.
Im więcej zakażonych i podatnych tym szybciej rośnie liczba zakażonych (i maleje S) – proporcjonalność, wsp. β.
Szybkość wzrostu R proporcjonalna do I – wsp. α.

Najprostszy model epidemii SIR

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot I \\ I' = \beta S \cdot I - \alpha I \\ R' = \alpha I. \end{cases}$$

S liczba podatnych, I liczba zakażonych, R liczba ozdrowiałych, $\alpha > 0$, $\beta > 0$ – parametry.

Nie ma urodzeń ani zgonów $\rightarrow$ $S(t) + I(t) + R(t) = N$ stała.

Im więcej zakażonych i podatnych tym szybciej rośnie liczba zakażonych (i maleje S) – proporcjonalność, wsp. β.

Szybkość wzrostu R proporcjonalna do I – wsp. α.

Najprostszy model epidemii SIR

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot I \\ I' = \beta S \cdot I - \alpha I \\ R' = \alpha I. \end{cases}$$

S liczba podatnych, I liczba zakażonych, R liczba ozdrowiałych, $\alpha > 0$, $\beta > 0$ – parametry.
Nie ma urodzeń ani zgonów $\rightarrow S(t) + I(t) + R(t) = N$ stała.
Im więcej zakażonych i podatnych tym szybciej rośnie liczba zakażonych (i maleje S) – proporcjonalność, wsp. β.
Szybkość wzrostu R proporcjonalna do I – wsp. α.

Najprostszy model epidemii SIR

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot I \\ I' = \beta S \cdot I - \alpha I \\ R' = \alpha I. \end{cases}$$

S liczba podatnych, I liczba zakażonych, R liczba ozdrowiałych, $\alpha > 0$, $\beta > 0$ – parametry.
Nie ma urodzeń ani zgonów $\rightarrow$ $S(t) + I(t) + R(t) = N$ stała.
Im więcej zakażonych i podatnych tym szybciej rośnie liczba zakażonych (i maleje S) – proporcjonalność, wsp. β.
Szybkość wzrostu R proporcjonalna do I – wsp. α.

Najprostszy model epidemii SIR

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot I \\ I' = \beta S \cdot I - \alpha I \\ R' = \alpha I. \end{cases}$$

S liczba podatnych, I liczba zakażonych, R liczba ozdrowiałych, $\alpha > 0$, $\beta > 0$ – parametry.
Nie ma urodzeń ani zgonów $\rightarrow$ $S(t) + I(t) + R(t) = N$ stała.
Im więcej zakażonych i podatnych tym szybciej rośnie liczba zakażonych (i maleje S) – proporcjonalność, wsp. β.
Szybkość wzrostu R proporcjonalna do I – wsp. α.

Model SIR

Interpretacja α: średni czas trwania infekcji $= 1/\alpha$.
Interpretacja β: pr-wo zakażenia jednej osoby z grupy S przez daną osobę z grupy I.
Traktujemy grupy jakby były jednorodnie rozmieszczone w przestrzeni (w szczególności każdy S z każdym I może się zetknąć z tym samym pr-wem.
Wnioski: wystarczą dwa pierwsze równania, skoro $R(t) = N - (S(t) + I(t))$:

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot I \\ I' = \beta S \cdot I - \alpha I. \end{cases}$$

Model SIR

Interpretacja α: średni czas trwania infekcji $= 1/\alpha$.
Interpretacja β: pr-wo zakażenia jednej osoby z grupy S przez daną osobę z grupy I.
Traktujemy grupy jakby były jednorodnie rozmieszczone w przestrzeni (w szczególności każdy S z każdym I może się zetknąć z tym samym pr-wem.
Wnioski: wystarczą dwa pierwsze równania, skoro $R(t) = N - (S(t) + I(t))$:

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot I \\ I' = \beta S \cdot I - \alpha I. \end{cases}$$

Model SIR

Interpretacja α: średni czas trwania infekcji $= 1/\alpha$.
Interpretacja β: pr-wo zakażenia jednej osoby z grupy S przez daną osobę z grupy I.
Traktujemy grupy jakby były jednorodnie rozmieszczone w przestrzeni (w szczególności każdy S z każdym I może się zetknąć z tym samym pr-wem.
Wnioski: wystarczą dwa pierwsze równania, skoro $R(t) = N - (S(t) + I(t))$:

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot I \\ I' = \beta S \cdot I - \alpha I. \end{cases}$$

Model SIR

Interpretacja α: średni czas trwania infekcji $= 1/\alpha$.
Interpretacja β: pr-wo zakażenia jednej osoby z grupy S przez daną osobę z grupy I.
Traktujemy grupy jakby były jednorodnie rozmieszczone w przestrzeni (w szczególności każdy S z każdym I może się zetknąć z tym samym pr-wem.
Wnioski: wystarczą dwa pierwsze równania, skoro $R(t) = N - (S(t) + I(t))$:

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot I \\ I' = \beta S \cdot I - \alpha I. \end{cases}$$

Model SIR

Interpretacja α: średni czas trwania infekcji $= 1/\alpha$.
Interpretacja β: pr-wo zakażenia jednej osoby z grupy S przez daną osobę z grupy I.
Traktujemy grupy jakby były jednorodnie rozmieszczone w przestrzeni (w szczególności każdy S z każdym I może się zetknąć z tym samym pr-wem.
Wnioski: wystarczą dwa pierwsze równania, skoro $R(t) = N - (S(t) + I(t))$:

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot I \\ I' = \beta S \cdot I - \alpha I. \end{cases}$$

Model SIR

Trochę matematyki opuszczamy:

$$\ln \frac{S(0)}{S(\infty)} = \frac{\beta}{\alpha}(N - S(\infty))$$

– równanie końcowe;
$S(\infty)$ liczba osób, które nie przeszły infekcji.
$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S(0)}{\alpha}$ – podstawowa liczba reprodukcyjna, gdy $S(0) \approx N$;
gdy $\mathcal{R}_0 > 1$, I na początku rośnie – epidemia, gdy < 1 od razu maleje.

Model SIR

Trochę matematyki opuszczamy:

$$\ln \frac{S(0)}{S(\infty)} = \frac{\beta}{\alpha}\left(N - S(\infty)\right)$$

– równanie końcowe;
$S(\infty)$ liczba osób, które nie przeszły infekcji.
$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S(0)}{\alpha}$ – podstawowa liczba reprodukcyjna, gdy $S(0) \approx N$;
gdy $\mathcal{R}_0 > 1$, I na początku rośnie – epidemia, gdy < 1 od razu maleje.

Model SIR

Trochę matematyki opuszczamy:

$$\ln \frac{S(0)}{S(\infty)} = \frac{\beta}{\alpha}(N - S(\infty))$$

– równanie końcowe;
$S(\infty)$ liczba osób, które nie przeszły infekcji.
$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S(0)}{\alpha}$ – podstawowa liczba reprodukcyjna, gdy $S(0) \approx N$;
gdy $\mathcal{R}_0 > 1$, I na początku rośnie – epidemia, gdy < 1 od razu maleje.

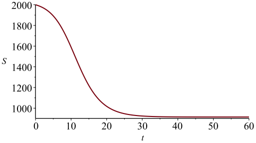
Model SIR

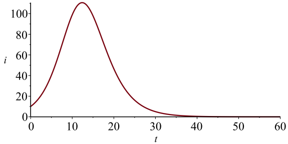
Trochę matematyki opuszczamy:

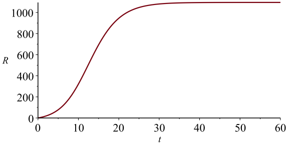
$$\ln \frac{S(0)}{S(\infty)} = \frac{\beta}{\alpha}\,(N - S(\infty))$$

– równanie końcowe;
$S(\infty)$ liczba osób, które nie przeszły infekcji.
$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S(0)}{\alpha}$ – podstawowa liczba reprodukcyjna, gdy $S(0) \approx N$;
gdy $\mathcal{R}_0 > 1$, I na początku rośnie – epidemia, gdy < 1 od razu maleje.

Na poniższych rysunkach przedstawiamy wykresy rozwiązań w modelu SIR dla $\alpha = 0.7$, $\beta = 0.0005$, $N = 2000$ i $I_0 = 10$. Korzystamy z programu MAPLE





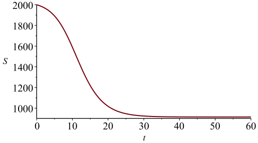


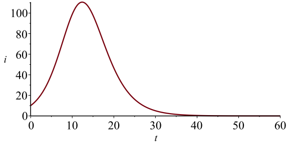
Tutaj $\mathcal{R}_0 = 5 \cdot 10^{-4} \cdot 2000/0.7 \approx 1.429$, więc mamy początkowy wzrost liczby zarażonych, ale epidemia jest niegroźna ($\mathcal{R}_0$ niewiele większe od 1). Z równania końcowego

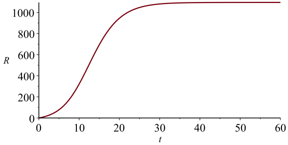
$$\ln \frac{1990}{S_\infty} = \frac{0.0005}{0.7}(2000 - S_\infty)$$

możemy numerycznie wyznaczyć $S_\infty = 920.235$.

Na poniższych rysunkach przedstawiamy wykresy rozwiązań w modelu SIR dla $\alpha = 0.7$, $\beta = 0.0005$, $N = 2000$ i $I_0 = 10$. Korzystamy z programu MAPLE







Tutaj $\mathcal{R}_0 = 5 \cdot 10^{-4} \cdot 2000/0.7 \approx 1.429$, więc mamy początkowy wzrost liczby zarażonych, ale epidemia jest niegroźna ($\mathcal{R}_0$ niewiele większe od 1). Z równania końcowego

$$\ln \frac{1990}{S_\infty} = \frac{0.0005}{0.7}(2000 - S_\infty)$$

możemy numerycznie wyznaczyć $S_\infty = 920.235$.

Model SIR

Maksymalna liczba zakażonych I_{max} wtedy, gdy $I' = 0$ czyli

$$I_{max} = N - \frac{\alpha}{\beta}\left(1 + \ln \mathcal{R}_0\right).$$

Ogromna zgodność modelu z przebiegiem epidemii grypy w pewnej szkole z internatem w północnej Anglii w 1978 r.
Maia Martcheva - An Introduction to Mathematical Epidemiology - str. 17.
Dla epidemiologów medycznych $\mathcal{R}_0$ to średnia liczba zakażonych przez 1 chorego podczas trwania u niego infekcji.

Model SIR

Maksymalna liczba zakażonych I_{max} wtedy, gdy $I' = 0$ czyli

$$I_{max} = N - \frac{\alpha}{\beta}\left(1 + \ln \mathcal{R}_0\right).$$

Ogromna zgodność modelu z przebiegiem epidemii grypy w pewnej szkole z internatem w północnej Anglii w 1978 r.
Maia Martcheva - An Introduction to Mathematical Epidemiology - str. 17.
Dla epidemiologów medycznych $\mathcal{R}_0$ to średnia liczba zakażonych przez 1 chorego podczas trwania u niego infekcji.

Model SIR

Maksymalna liczba zakażonych I_{max} wtedy, gdy $I' = 0$ czyli

$$I_{max} = N - \frac{\alpha}{\beta}\left(1 + \ln \mathcal{R}_0\right).$$

Ogromna zgodność modelu z przebiegiem epidemii grypy w pewnej szkole z internatem w północnej Anglii w 1978 r.

Maia Martcheva - An Introduction to Mathematical Epidemiology - str. 17.

Dla epidemiologów medycznych $\mathcal{R}_0$ to średnia liczba zakażonych przez 1 chorego podczas trwania u niego infekcji.

Model SIR

Maksymalna liczba zakażonych I_{max} wtedy, gdy $I' = 0$ czyli

$$I_{max} = N - \frac{\alpha}{\beta}\left(1 + \ln \mathcal{R}_0\right).$$

Ogromna zgodność modelu z przebiegiem epidemii grypy w pewnej szkole z internatem w północnej Anglii w 1978 r.
Maia Martcheva - An Introduction to Mathematical Epidemiology - str. 17.

Dla epidemiologów medycznych $\mathcal{R}_0$ to średnia liczba zakażonych przez 1 chorego podczas trwania u niego infekcji.

Model SIR

Maksymalna liczba zakażonych I_{max} wtedy, gdy $I' = 0$ czyli

$$I_{max} = N - \frac{\alpha}{\beta}\left(1 + \ln \mathcal{R}_0\right).$$

Ogromna zgodność modelu z przebiegiem epidemii grypy w pewnej szkole z internatem w północnej Anglii w 1978 r.
Maia Martcheva - An Introduction to Mathematical Epidemiology - str. 17.
Dla epidemiologów medycznych $\mathcal{R}_0$ to średnia liczba zakażonych przez 1 chorego podczas trwania u niego infekcji.

Modyfikacje

Uwzględnienie śmiertelności w chorobie:

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot I \\ I' = \beta S \cdot I - \alpha I - fI \quad f > 0 \\ R' = \alpha I. \end{cases}$$

Model grypy: L grupa latentna (osoby już zarażone a jeszcze nie zakażające), A grupa bezobjawowa:

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot (I + \delta A) \\ L' = \beta S \cdot (I + \delta A) - \kappa L \\ I' = p\kappa L - \alpha I \\ A' = (1-p)\kappa L - \eta A \\ R' = \alpha I + \eta A. \end{cases}$$

p odsetek osób pełnoobjawowych, κ^{-1} średni czas bycia w grupie latentnej, η^{-1} średni czas choroby bezobjawowej, $\delta \in (0,1)$.

Modyfikacje

Uwzględnienie śmiertelności w chorobie:

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot I \\ I' = \beta S \cdot I - \alpha I - fI \quad f > 0 \\ R' = \alpha I. \end{cases}$$

Model grypy: L grupa latentna (osoby już zarażone a jeszcze nie zakażające), A grupa bezobjawowa:

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot (I + \delta A) \\ L' = \beta S \cdot (I + \delta A) - \kappa L \\ I' = p\kappa L - \alpha I \\ A' = (1-p)\kappa L - \eta A \\ R' = \alpha I + \eta A. \end{cases}$$

p odsetek osób pełnoobjawowych, κ^{-1} średni czas bycia w grupie latentnej, η^{-1} średni czas choroby bezobjawowej, $\delta \in (0,1)$.

Modyfikacje

Uwzględnienie śmiertelności w chorobie:

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot I \\ I' = \beta S \cdot I - \alpha I - fI \quad f > 0 \\ R' = \alpha I. \end{cases}$$

Model grypy: L grupa latentna (osoby już zarażone a jeszcze nie zakażające), A grupa bezobjawowa:

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot (I + \delta A) \\ L' = \beta S \cdot (I + \delta A) - \kappa L \\ I' = p\kappa L - \alpha I \\ A' = (1-p)\kappa L - \eta A \\ R' = \alpha I + \eta A. \end{cases}$$

p odsetek osób pełnoobjawowych, κ^{-1} średni czas bycia w grupie latentnej, η^{-1} średni czas choroby bezobjawowej, $\delta \in (0,1)$.

Modyfikacje

Uwzględnienie śmiertelności w chorobie:

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot I \\ I' = \beta S \cdot I - \alpha I - fI \quad f > 0 \\ R' = \alpha I. \end{cases}$$

Model grypy: L grupa latentna (osoby już zarażone a jeszcze nie zakażające), A grupa bezobjawowa:

$$\begin{cases} S' = -\beta S \cdot (I + \delta A) \\ L' = \beta S \cdot (I + \delta A) - \kappa L \\ I' = p\kappa L - \alpha I \\ A' = (1-p)\kappa L - \eta A \\ R' = \alpha I + \eta A. \end{cases}$$

p odsetek osób pełnoobjawowych, κ^{-1} średni czas bycia w grupie latentnej, η^{-1} średni czas choroby bezobjawowej, $\delta \in (0, 1)$.

Modyfikacje – szczepienia

Dla modelu SIR:

$$\begin{cases} S_U' = -\beta S_U \cdot (I_U + \delta I_V) \\ I_U' = \beta S_U \cdot (I_U + \delta I_V) - \alpha_U I_U \\ R_U' = \alpha_U I_U \\ S_V' = -\sigma\beta S_V \cdot (I_U + \delta I_V) \\ I_V' = \sigma\beta S_V \cdot (I_U + \delta I_V) - \alpha_V I_V \\ R_V' = \alpha_V I_V. \end{cases}$$

Szczepienia wykonywane są przed pojawieniem się epidemii i dotyczą odsetka $\gamma \in (0,1)$ populacji. $S_U + I_U + R_U = N_U$, $S_V + I_V + R_V = N_V$ – stałe w czasie,

$$\gamma = \frac{N_V}{N_U + N_V}$$

$\sigma \in (0,1)$ współczynnik poprawy odporności po szczepieniu, $\delta \in (0,1)$ wsp. zmniejszający zaraźliwość przez osobę zaszczepioną.

Modyfikacje – szczepienia

Dla modelu SIR:

$$\begin{cases} S_U' = -\beta S_U \cdot (I_U + \delta I_V) \\ I_U' = \beta S_U \cdot (I_U + \delta I_V) - \alpha_U I_U \\ R_U' = \alpha_U I_U \\ S_V' = -\sigma\beta S_V \cdot (I_U + \delta I_V) \\ I_V' = \sigma\beta S_V \cdot (I_U + \delta I_V) - \alpha_V I_V \\ R_V' = \alpha_V I_V . \end{cases}$$

Szczepienia wykonywane są przed pojawieniem się epidemii i dotyczą odsetka $\gamma \in (0,1)$ populacji. $S_U + I_U + R_U = N_U$, $S_V + I_V + R_V = N_V$ – stałe w czasie,

$$\gamma = \frac{N_V}{N_U + N_V}$$

$\sigma \in (0,1)$ współczynnik poprawy odporności po szczepieniu, $\delta \in (0,1)$ wsp. zmniejszający zaraźliwość przez osobę zaszczepioną.

Modyfikacje – szczepienia

Dla modelu SIR:

$$\begin{cases} S_U' = -\beta S_U \cdot (I_U + \delta I_V) \\ I_U' = \beta S_U \cdot (I_U + \delta I_V) - \alpha_U I_U \\ R_U' = \alpha_U I_U \\ S_V' = -\sigma\beta S_V \cdot (I_U + \delta I_V) \\ I_V' = \sigma\beta S_V \cdot (I_U + \delta I_V) - \alpha_V I_V \\ R_V' = \alpha_V I_V. \end{cases}$$

Szczepienia wykonywane są przed pojawieniem się epidemii i dotyczą odsetka $\gamma \in (0,1)$ populacji. $S_U + I_U + R_U = N_U$, $S_V + I_V + R_V = N_V$ – stałe w czasie,

$$\gamma = \frac{N_V}{N_U + N_V}$$

$\sigma \in (0,1)$ współczynnik poprawy odporności po szczepieniu, $\delta \in (0,1)$ wsp. zmniejszający zaraźliwość przez osobę zaszczepioną.

Modyfikacje – szczepienia

Dla modelu SIR:

$$\begin{cases} S_U' = -\beta S_U \cdot (I_U + \delta I_V) \\ I_U' = \beta S_U \cdot (I_U + \delta I_V) - \alpha_U I_U \\ R_U' = \alpha_U I_U \\ S_V' = -\sigma\beta S_V \cdot (I_U + \delta I_V) \\ I_V' = \sigma\beta S_V \cdot (I_U + \delta I_V) - \alpha_V I_V \\ R_V' = \alpha_V I_V. \end{cases}$$

Szczepienia wykonywane są przed pojawieniem się epidemii i dotyczą odsetka $\gamma \in (0, 1)$ populacji. $S_U + I_U + R_U = N_U$, $S_V + I_V + R_V = N_V$ – stałe w czasie,

$$\gamma = \frac{N_V}{N_U + N_V}$$

$\sigma \in (0, 1)$ współczynnik poprawy odporności po szczepieniu,
$\delta \in (0, 1)$ wsp. zmniejszający zaraźliwość przez osobę zaszczepioną.

Modyfikacje – szczepienia

Dla modelu SIR:

$$\begin{cases} S_U' = -\beta S_U \cdot (I_U + \delta I_V) \\ I_U' = \beta S_U \cdot (I_U + \delta I_V) - \alpha_U I_U \\ R_U' = \alpha_U I_U \\ S_V' = -\sigma\beta S_V \cdot (I_U + \delta I_V) \\ I_V' = \sigma\beta S_V \cdot (I_U + \delta I_V) - \alpha_V I_V \\ R_V' = \alpha_V I_V. \end{cases}$$

Szczepienia wykonywane są przed pojawieniem się epidemii i dotyczą odsetka $\gamma \in (0,1)$ populacji. $S_U + I_U + R_U = N_U$, $S_V + I_V + R_V = N_V$ – stałe w czasie,

$$\gamma = \frac{N_V}{N_U + N_V}$$

$\sigma \in (0,1)$ współczynnik poprawy odporności po szczepieniu,
$\delta \in (0,1)$ wsp. zmniejszający zaraźliwość przez osobę zaszczepioną.

Zadanie

W modelu SIR dokonajmy modyfikacji polegającej na tym, że po średnim czasie δ^{-1} osoby z grupy R wracają do grupy S – stają się znowu podatne, czyli tracą odporność.

- Pokazać, że $N = S + I + R$ jest nadal stałe w czasie.
- Dla układu redukowanego do (S, I) znaleźć rozwiązania stałe w czasie (powinny być dwa: wolny od choroby $S = N$, $I = 0$ i endemiczny, gdzie niezerowa grupa zakażonych jest stała w czasie.
- Wykorzystać ChatGPT lub inną AI do narysowania wykresu funkcji $t \mapsto I(t)$ dla $\alpha = 0,8$, $\beta = 0.005$, $\delta = 0.003$, $N = 2000$, $I(0) = 10$, $S(0) = 1990$ dla $t \in [0, 300]$.
- Zinterpretować wynik.