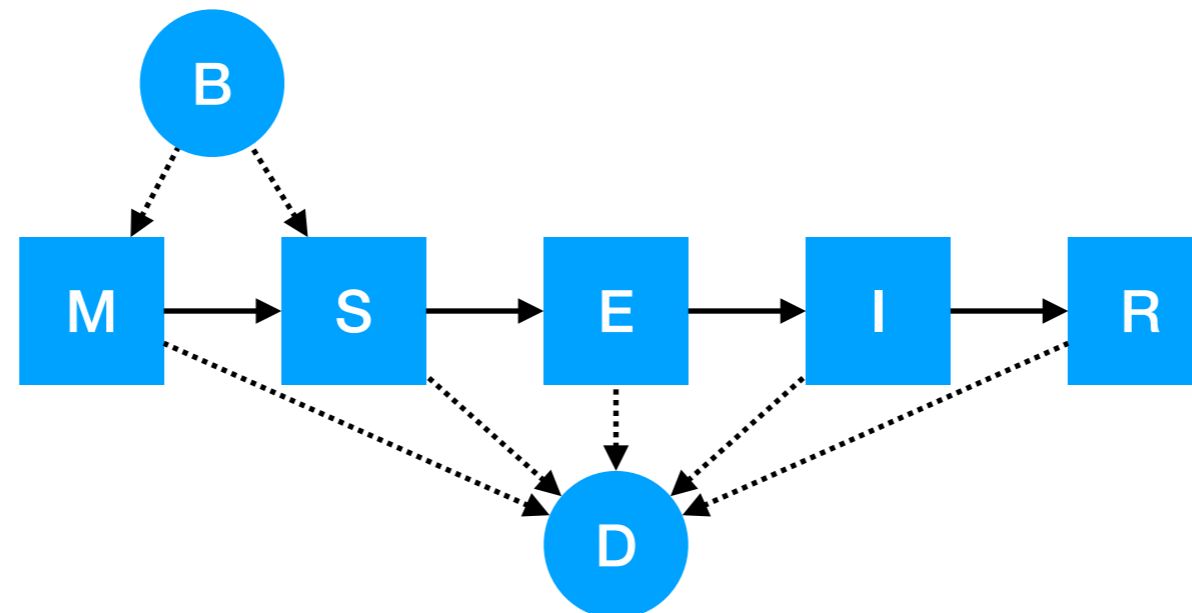


Plan wykładu

- wstęp historyczny
- modele przedziałowe
- SIR
- modele agentowe
- podsumowanie

1760 **D. Bernoulli**, modelowanie zmian śmiertelności dzięki wariolizacji
Początek XX w., W. Hamer, A. Lotka, R. Ross, H. Hudson, ... prawo działania mas

1927 **W.O. Kermack, A.G. McKendrick**: modele przedziałowe



B/D = births/deaths

M = newborn with passive immunity inherited from the mother

S = susceptible

E = infected but not yet infectious

I = infectious

R = recovered

Różne modele: MSEIR, MSEIRS, SEIR, **SIR**, SIS

Modele epidemiczne/endemiczne

W.O. Kermack, A.G. McKendrick, 1927

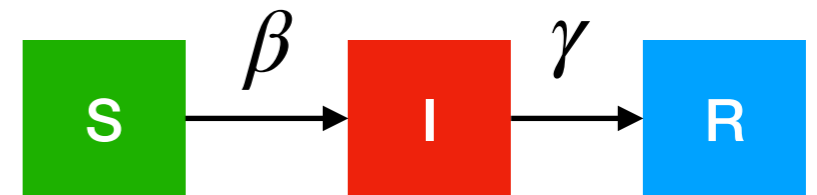
$$\frac{ds}{dt} = -\beta is$$

$$\frac{di}{dt} = +\beta is - \gamma i$$

$$\frac{dr}{dt} = \gamma i$$

$$s(t) = \frac{S(t)}{N}, \quad i(t) = \frac{I(t)}{N}, \quad r(t) = \frac{R(t)}{N};$$

$$s(t) + i(t) + r(t) = 1$$



W.O. Kermack, A.G. McKendrick, 1927

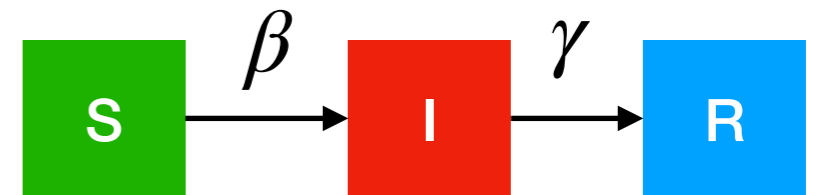
$$\frac{ds}{dt} = -\beta is$$

$$\frac{di}{dt} = +\beta is - \gamma i$$

$$\frac{dr}{dt} = \gamma i$$

$$s(t) = \frac{S(t)}{N}, \quad i(t) = \frac{I(t)}{N}, \quad r(t) = \frac{R(t)}{N};$$

$$s(t) + i(t) + r(t) = 1$$



W.O. Kermack, A.G. McKendrick, 1927

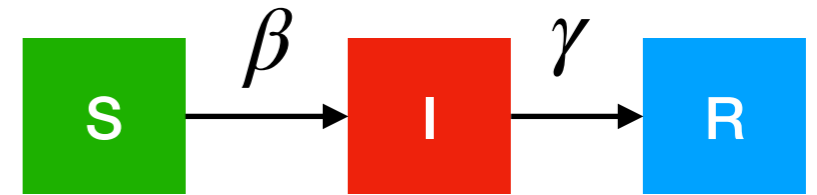
$$\frac{ds}{dt} = -\beta is$$

$$\frac{di}{dt} = +\beta is - \gamma i$$

$$\frac{dr}{dt} = \gamma i$$

$$s(t) = \frac{S(t)}{N}, \quad i(t) = \frac{I(t)}{N}, \quad r(t) = \frac{R(t)}{N};$$

$$s(t) + i(t) + r(t) = 1$$



W.O. Kermack, A.G. McKendrick, 1927

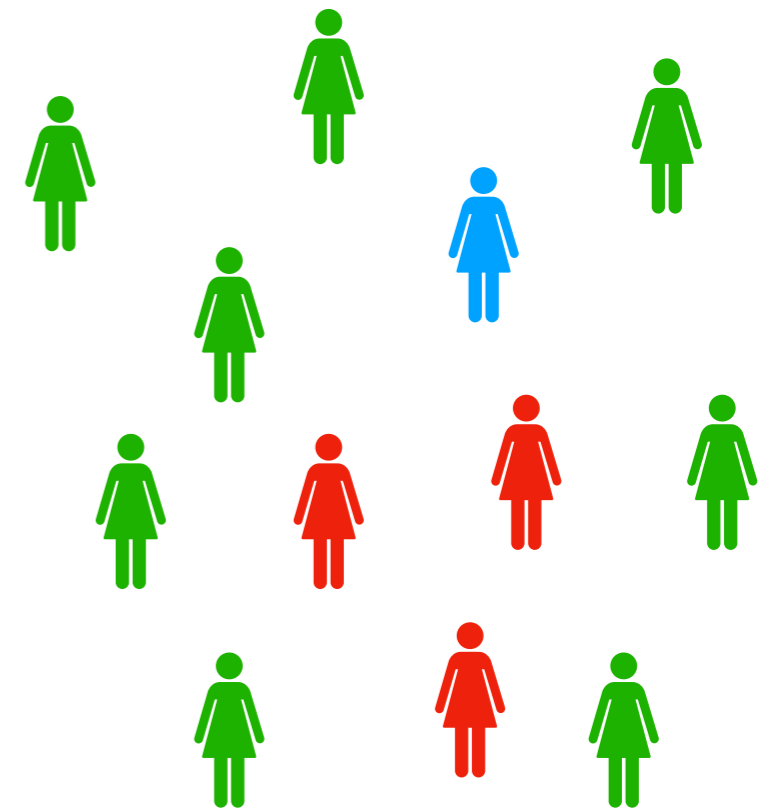
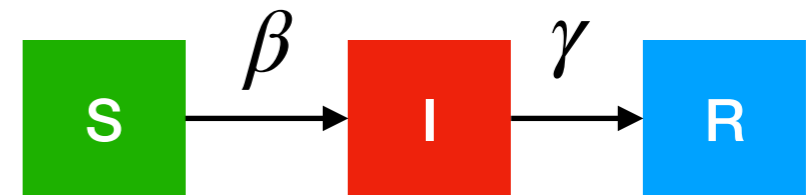
$$\frac{ds}{dt} = -\beta is$$

$$\frac{di}{dt} = +\beta is - \gamma i$$

$$\frac{dr}{dt} = \gamma i$$

$$s(t) = \frac{S(t)}{N}, \quad i(t) = \frac{I(t)}{N}, \quad r(t) = \frac{R(t)}{N};$$

$$s(t) + i(t) + r(t) = 1$$



W.O. Kermack, A.G. McKendrick, 1927

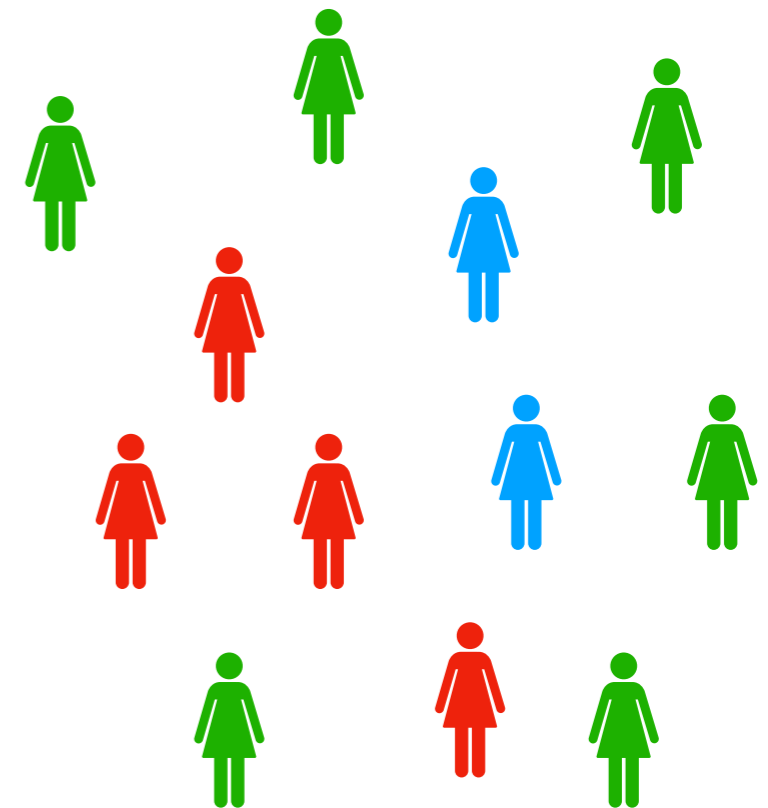
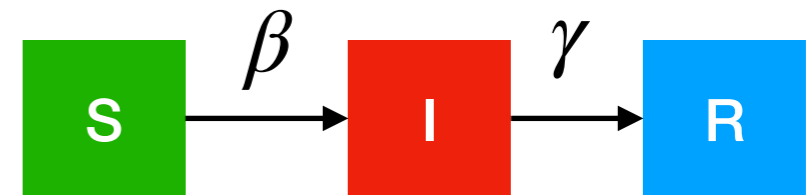
$$\frac{ds}{dt} = -\beta is$$

$$\frac{di}{dt} = +\beta is - \gamma i$$

$$\frac{dr}{dt} = \gamma i$$

$$s(t) = \frac{S(t)}{N}, \quad i(t) = \frac{I(t)}{N}, \quad r(t) = \frac{R(t)}{N};$$

$$s(t) + i(t) + r(t) = 1$$



$$\frac{ds}{dt} = -\beta is \Rightarrow \text{współczynnik zarażania (contact rate) } \beta$$

$$\frac{dI}{dt} = +\beta Is - \gamma I \Rightarrow \text{czas trwania infekcji: } \tau = \frac{1}{\gamma}$$

Pacjent zero: $I = 1; \quad s = 1$

$$\Delta I = (\beta - \gamma)\tau = \frac{\beta}{\gamma} - 1 = R_0 - 1$$

R_0 = liczba wtórnych infekcji wywołanych przez pacjenta zero

$R_0 s$ = liczba wtórnych na późniejszym epidemii

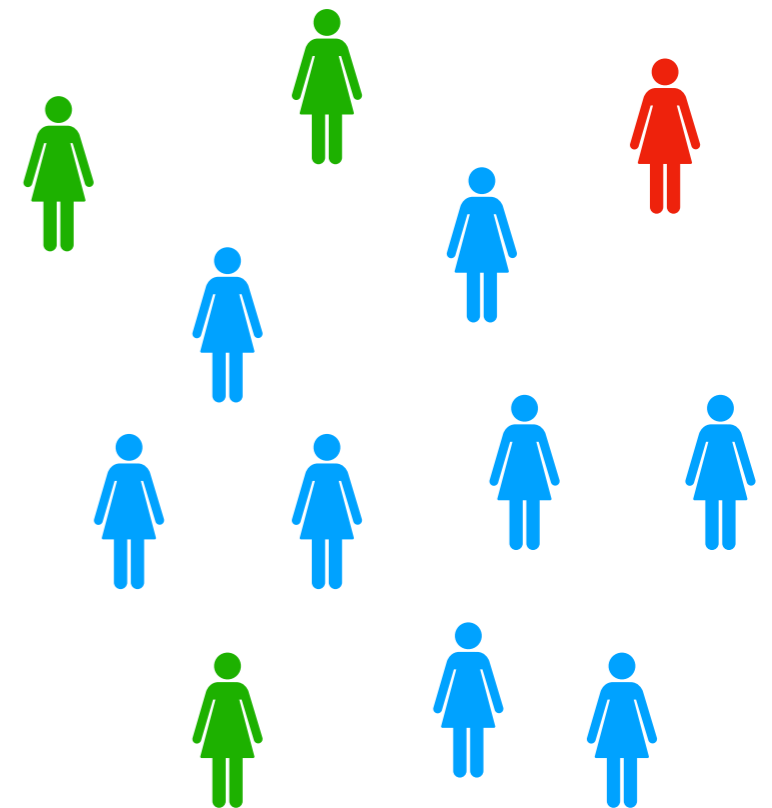
J.A.P. Heesterbeek, R_0 , *PhD thesis*, University of Leiden, 1992

Epidemia wybucha wraz z pacjentem zero, gdy $R_0 > 1$

a zaczyna ustawać, gdy liczba wtórnych infekcji $R_0 s < 1$

wartość progowa: $s = \frac{1}{R_0}$

Odporność stadna (zbiorowiskowa)

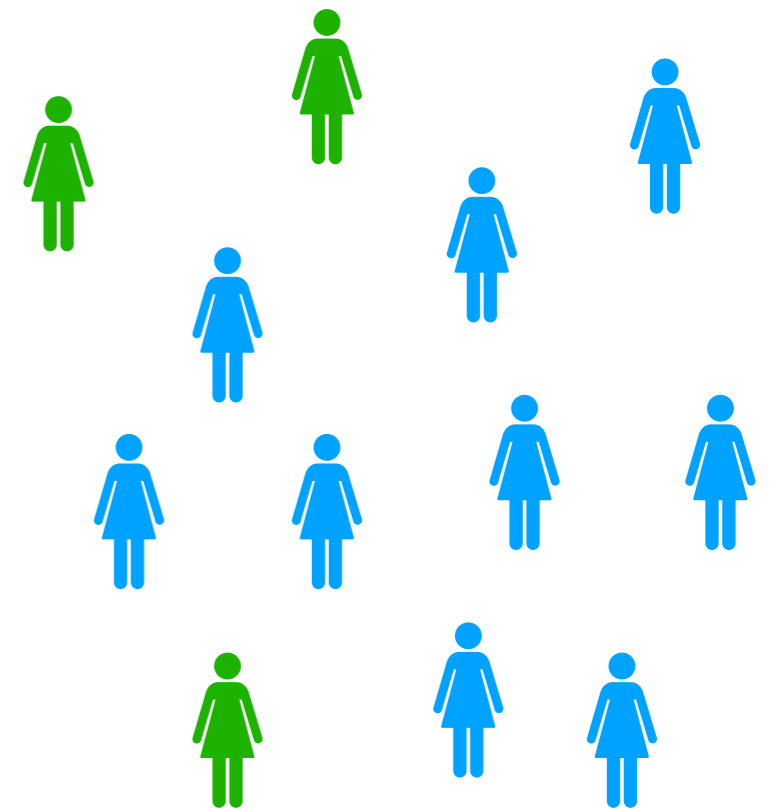


Epidemia wybucha wraz z pacjentem zero, gdy $R_0 > 1$

a zaczyna ustawać, gdy liczba wtórnych infekcji $R_0 s < 1$

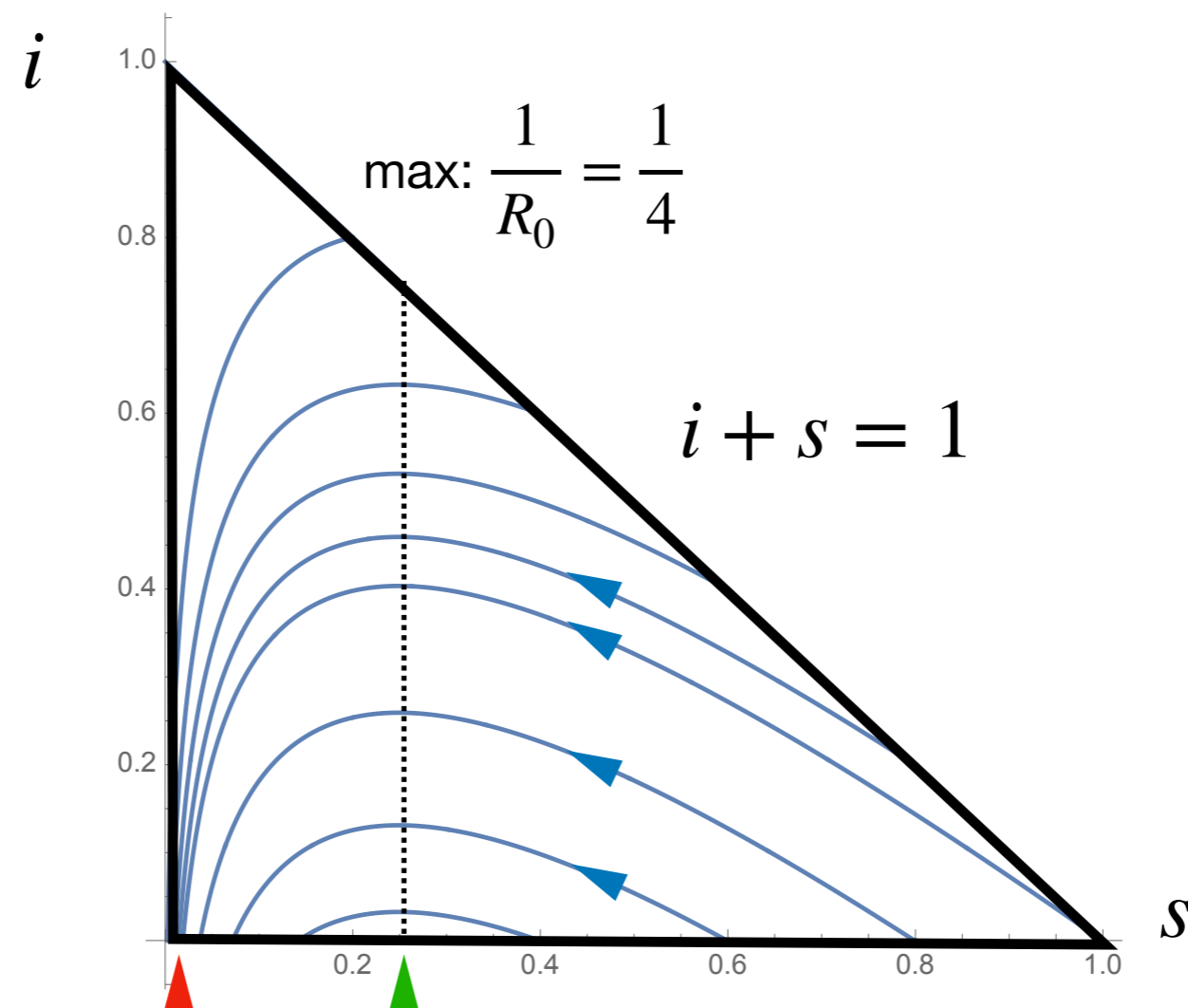
wartość progowa: $s = \frac{1}{R_0}$

Odporność stadna (zbiorowiskowa)



$$\frac{di}{ds} = -1 + \frac{1}{R_0 s} \quad \Rightarrow \quad i + s - \frac{1}{R_0} \ln(s) = \text{const}$$

Przykład dla $R_0 = 4$



Dla epidemii rozpoczynającej się od zero

$$s - \frac{1}{R_0} \ln(s) = 1$$

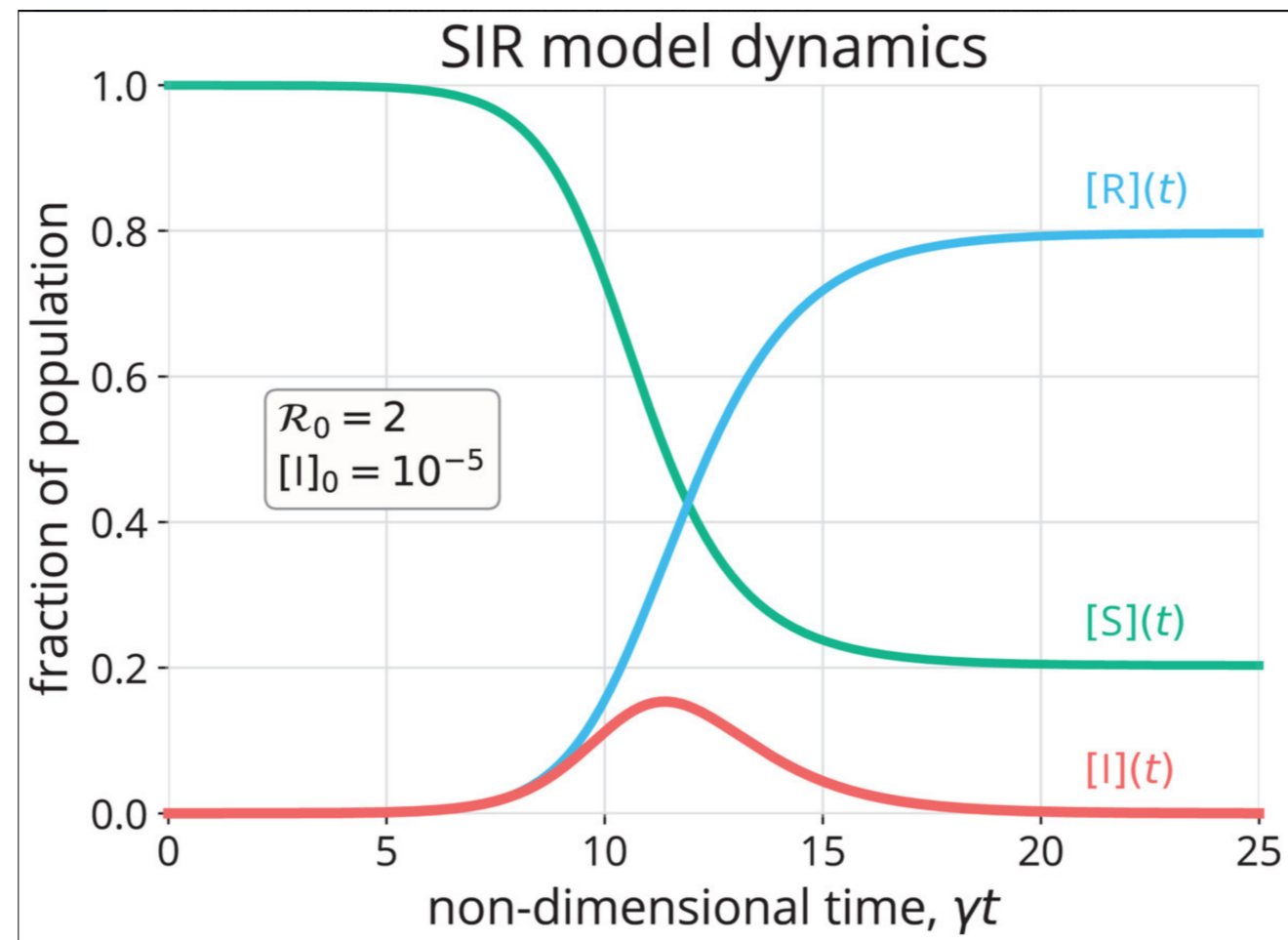
$$s \approx 42 \% ; r \approx 58 \% \quad \text{dla } R_0 = 1.5$$

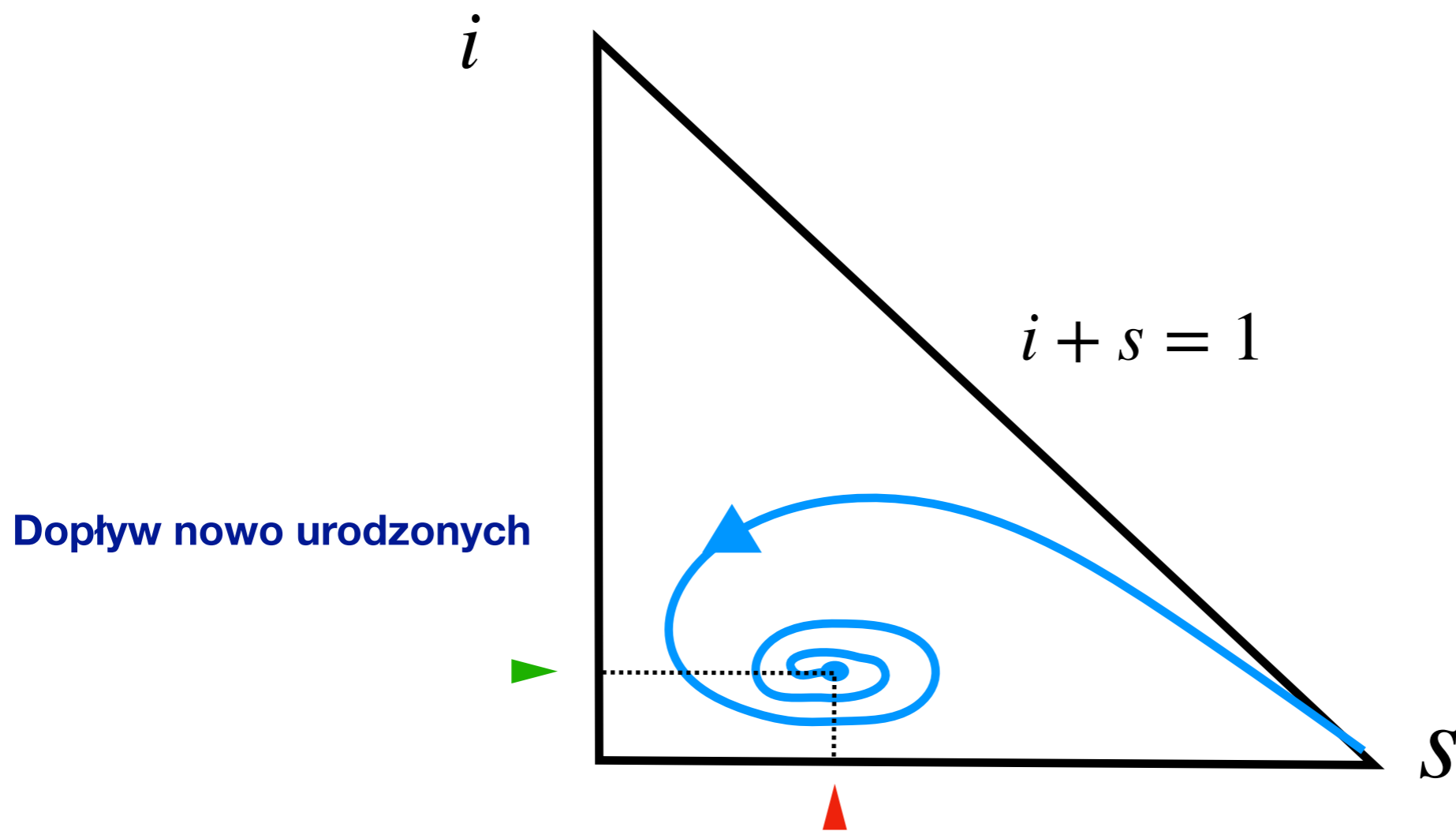
$$s \approx 20 \% ; r \approx 80 \% \quad \text{dla } R_0 = 2.0$$

$$s \approx 11 \% ; r = 89 \% \quad \text{dla } R_0 = 2.5$$

$$s \approx 6 \% ; r = 94 \% \quad \text{dla } R_0 = 3.0$$

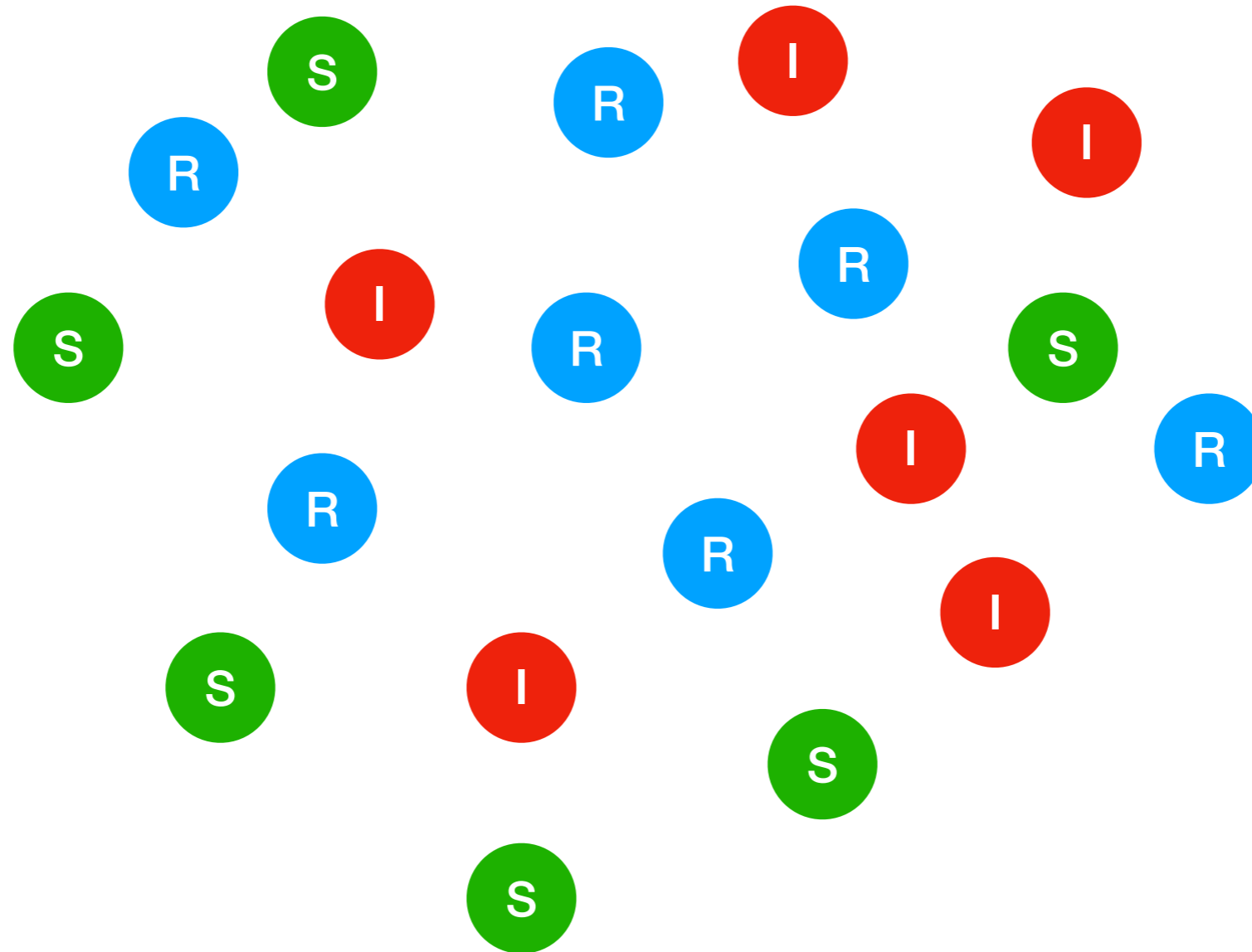
Od pacjenta zero do odporności zbiorowiskowej



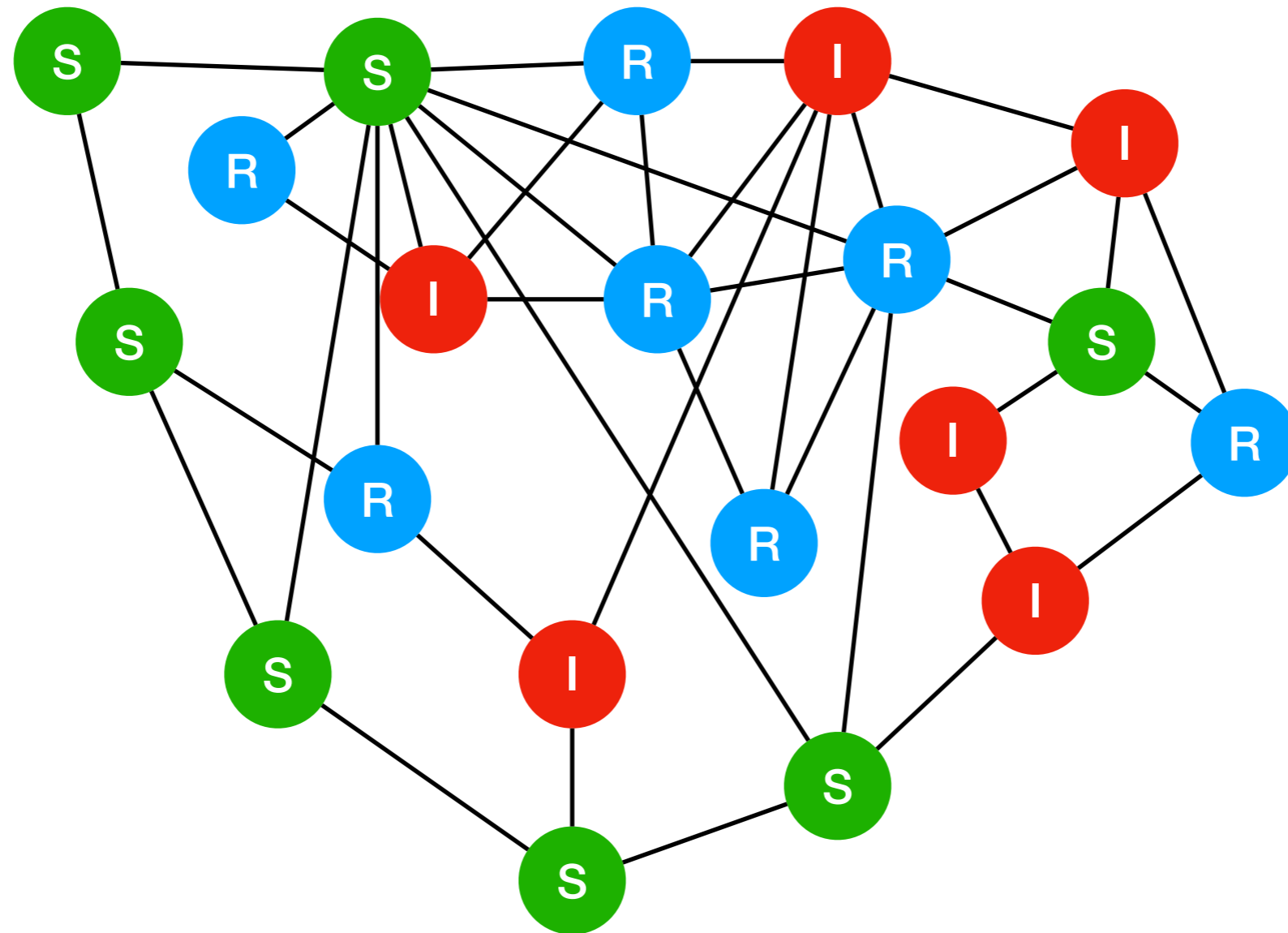


Modelowanie agentowe (agent based modeling)

Układ składa się z agentów podatnych, zainfekowanych, ozdrowiałych



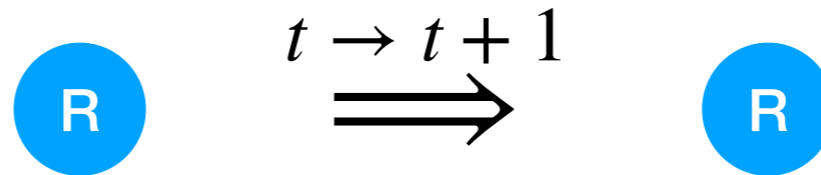
Sieć kontaktów społecznych



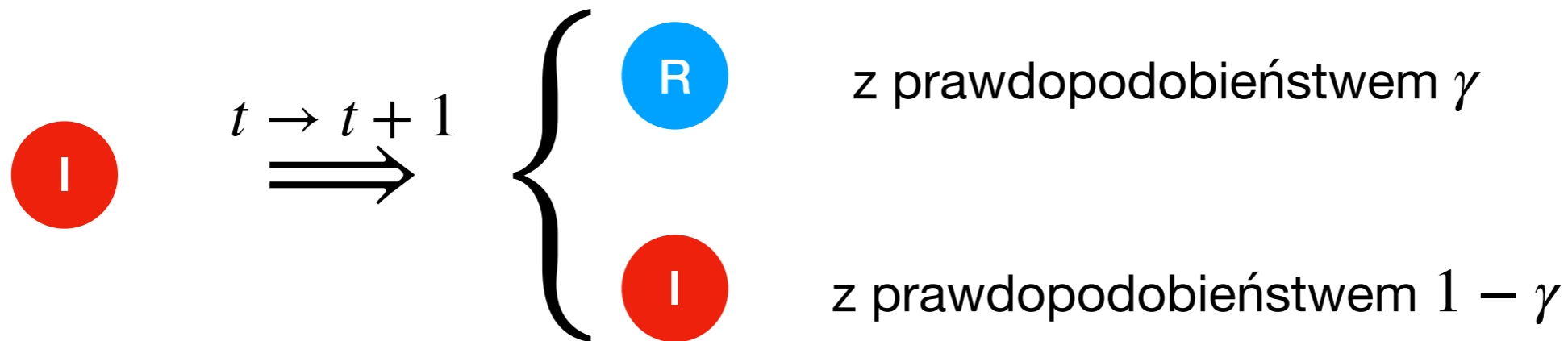
Metoda Monte-Carlo

Łańcuch Markowa generuje stany w kolejnych krokach czasowym (np. dzień po dniu)

Dla węzła typu R



Dla węzła typu I



Prawdopodobieństwo pozostania zainfekowanym i średni czas trwania infekcji

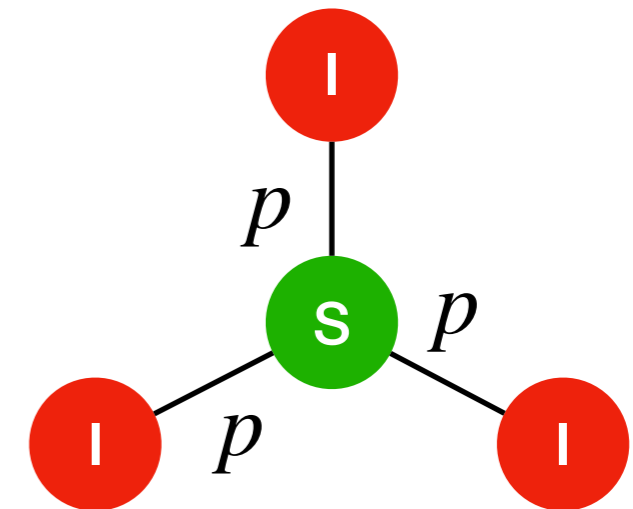
$$P(t) = \gamma(1 - \gamma)^{t-1}, \dots \quad t = 1, 2, \dots$$

$$\tau = \langle t \rangle = \frac{1}{\gamma}$$

p prawdopodobieństwo przeniesienia infekcji w ciągu jednego dnia od zainfekowanego sąsiedniego węzła

$p_i = 1 - (1 - p)^i$ prawdopodobieństwo przeniesienia infekcji w ciągu jednego dnia od i zainfekowanych sąsiednich węzłów

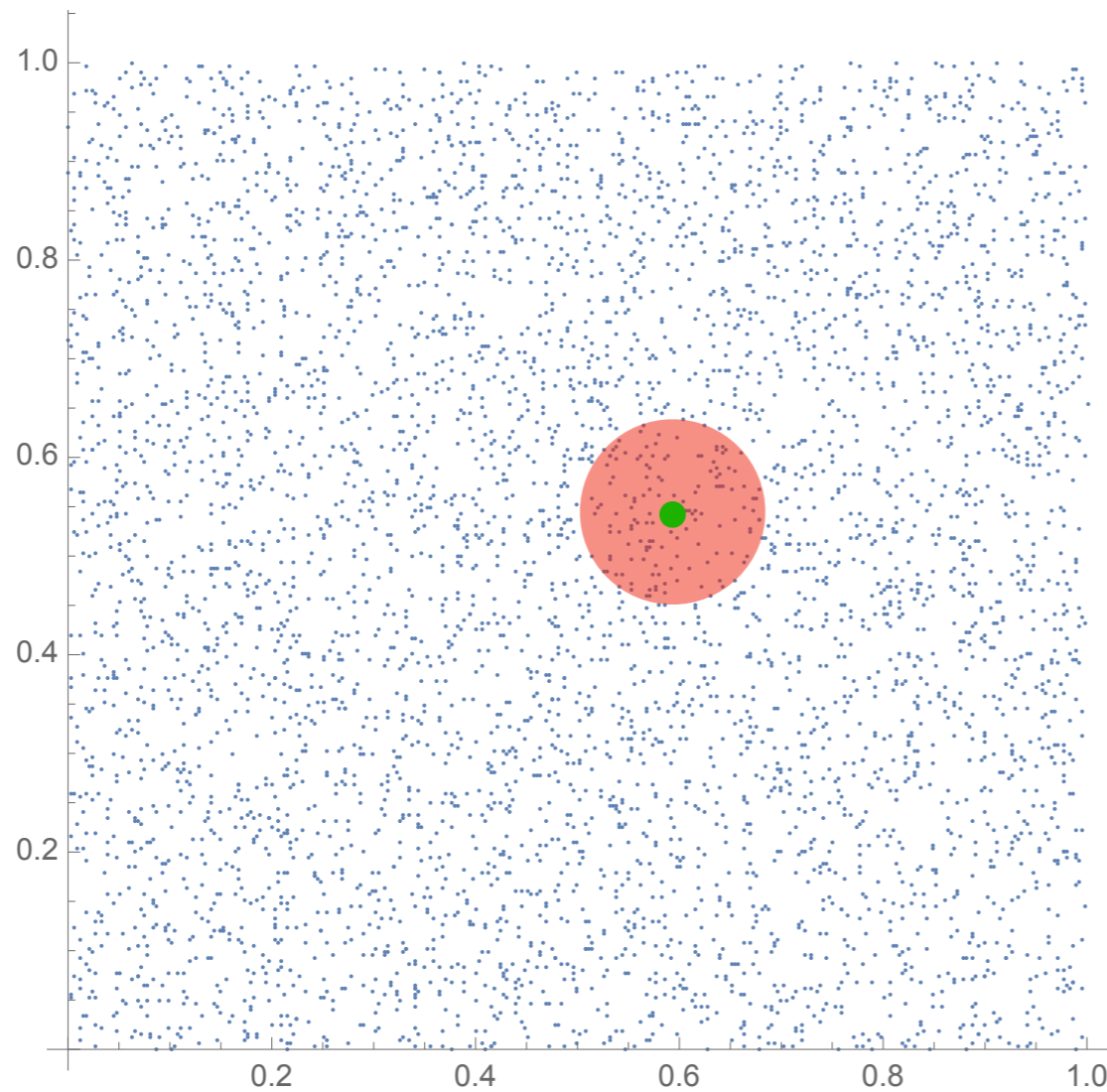
np. $p_2 = 2p - p^2$



Z tych parametrów można wyliczyć R_0 :

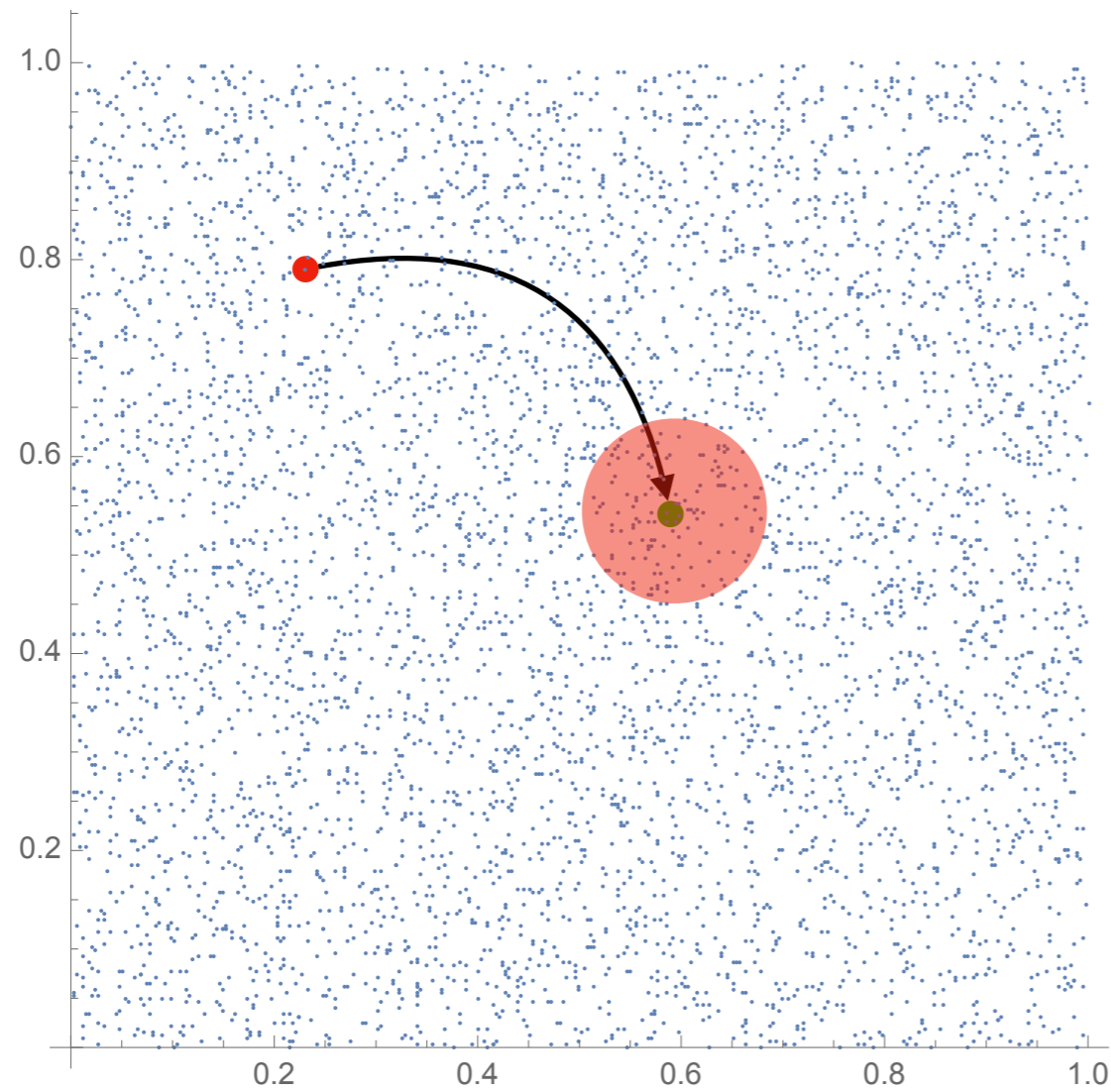
$$R_0 = \langle k \rangle \frac{p}{\gamma + p(1 - \gamma)}, \quad \text{gdzie } \langle k \rangle = \text{średnia liczba kontaktów społecznych}$$

M. Penrose, Random Geometric Graphs, Oxford University Press, 2003



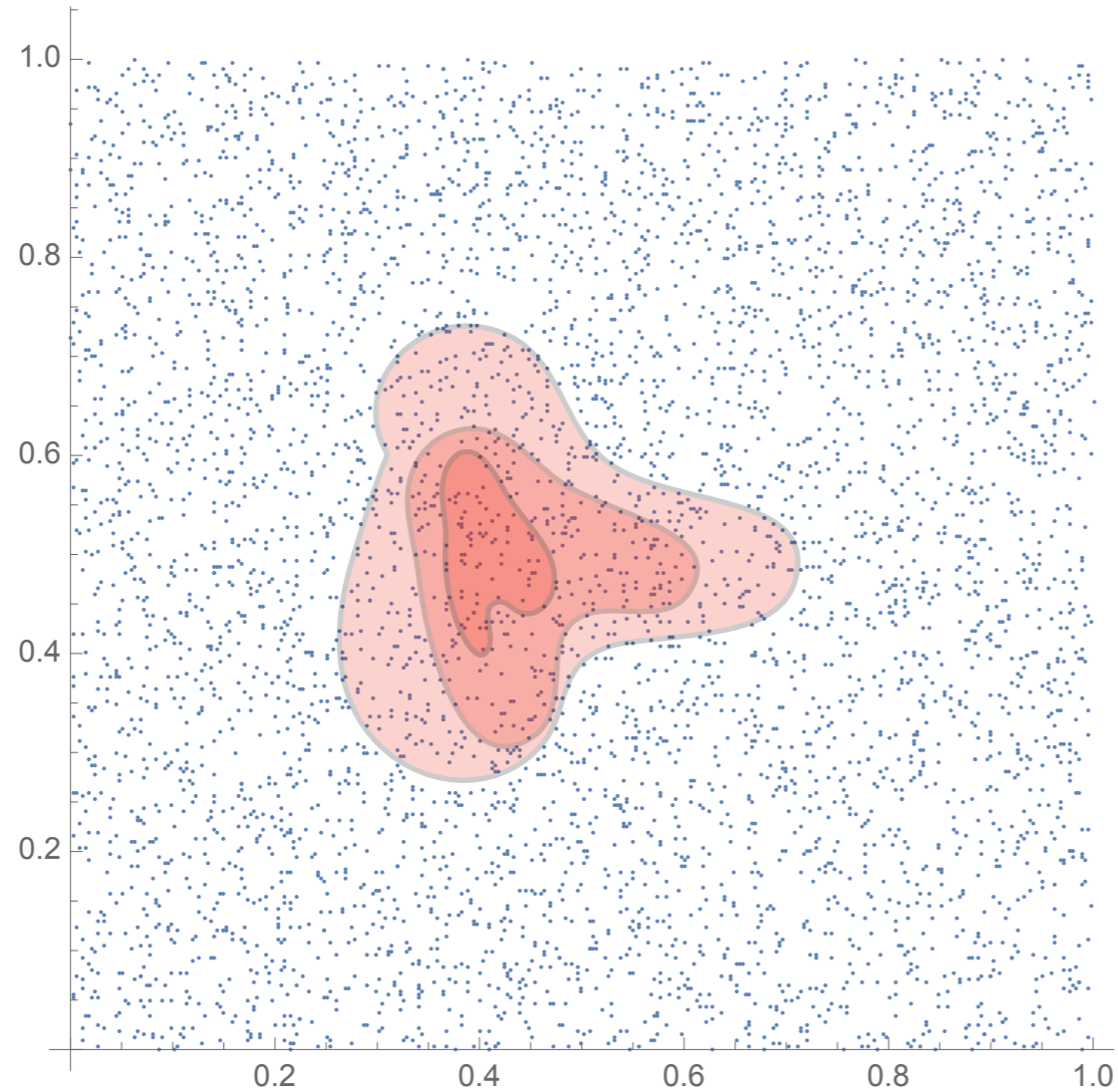
Jeżeli $d_{ij} < \epsilon$, to ij są połączone na sieci

$$\langle k \rangle = (N - 1)\pi\epsilon^2 \quad (\text{w symulacjach } N = 10^5 - 10^6, \langle k \rangle = 100)$$



Zarażanie lokalne z prawdopodobieństwem: $1 - \alpha$
i na dużą odległość z prawdopodobieństwem: α

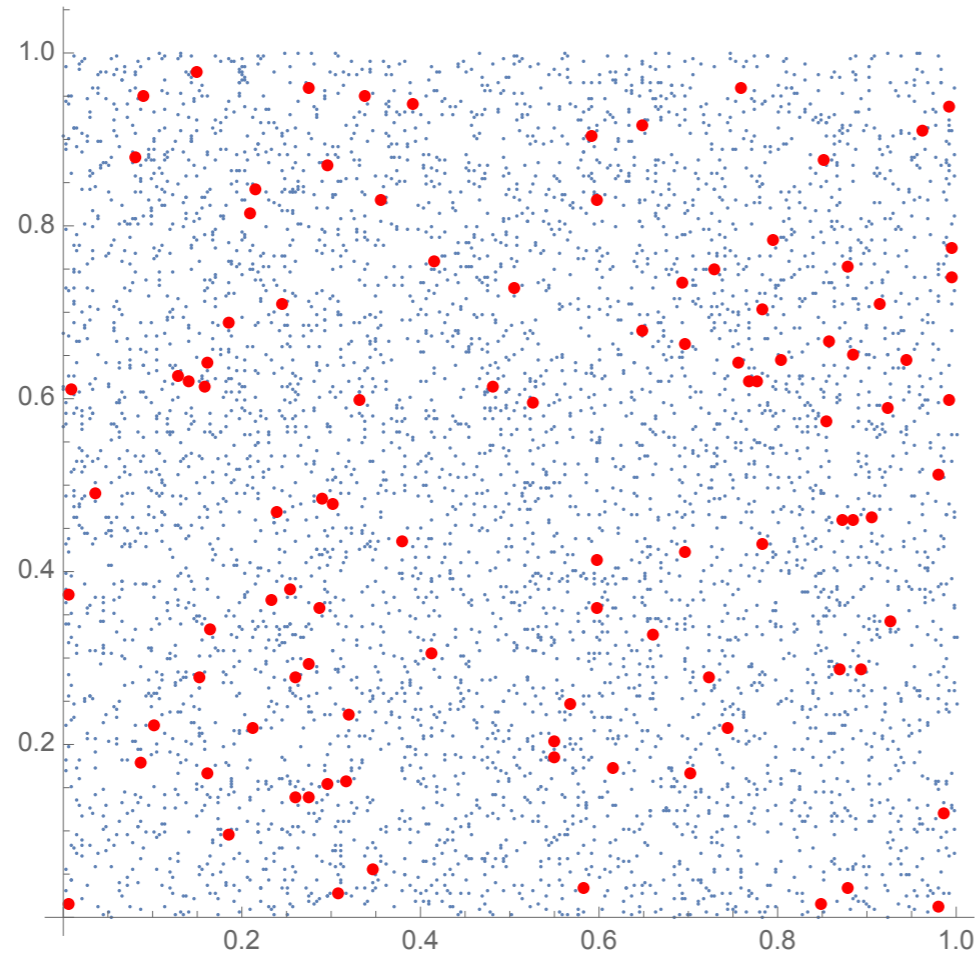
$$\alpha = 0$$



$$S(x, t), I(x, t), R(x, t)$$

Czarna śmierć w latach 1346-53 w Europie: prędkość frontu wynosiła koła 600 km/rok

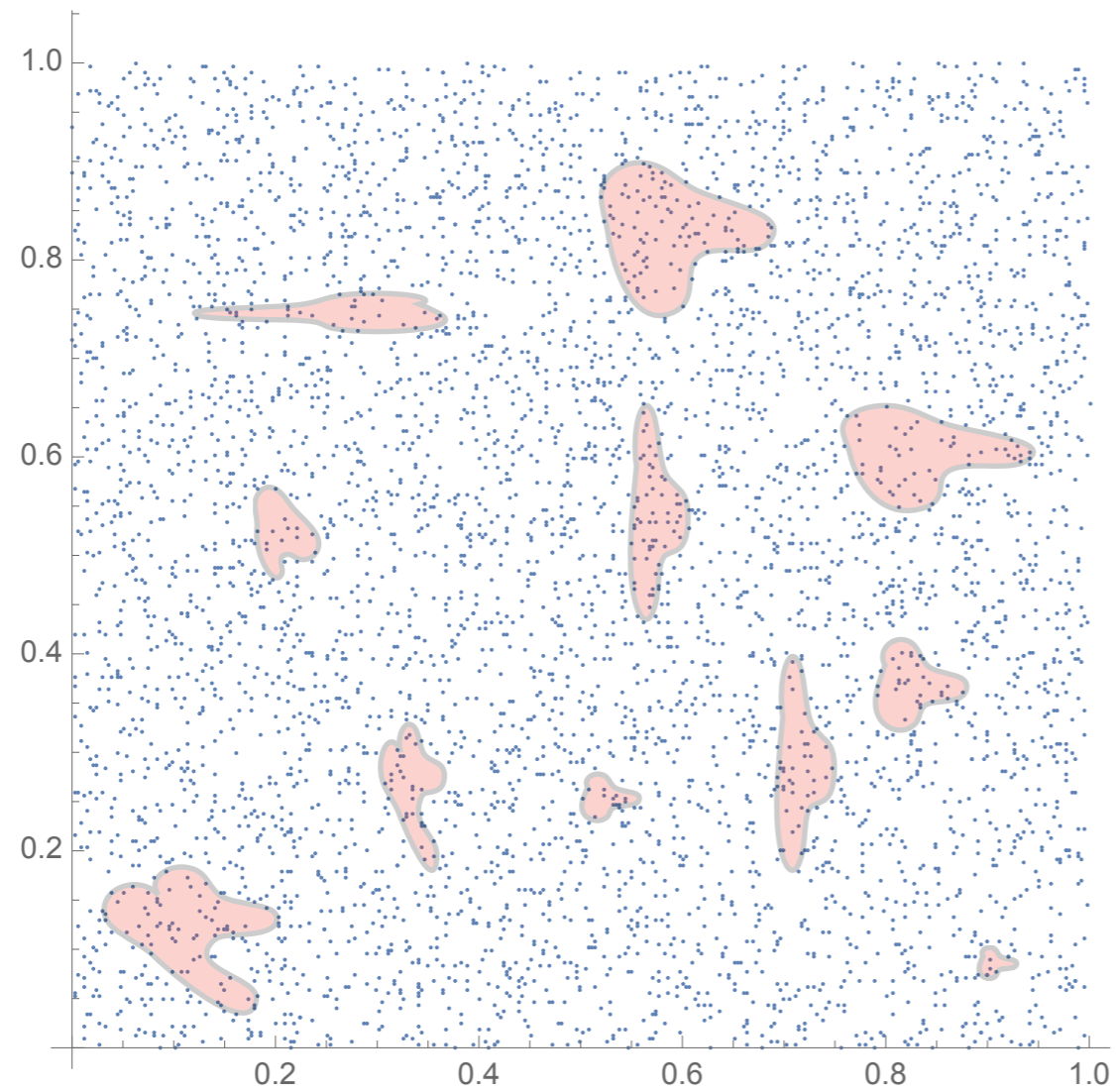
$$\alpha = 1$$



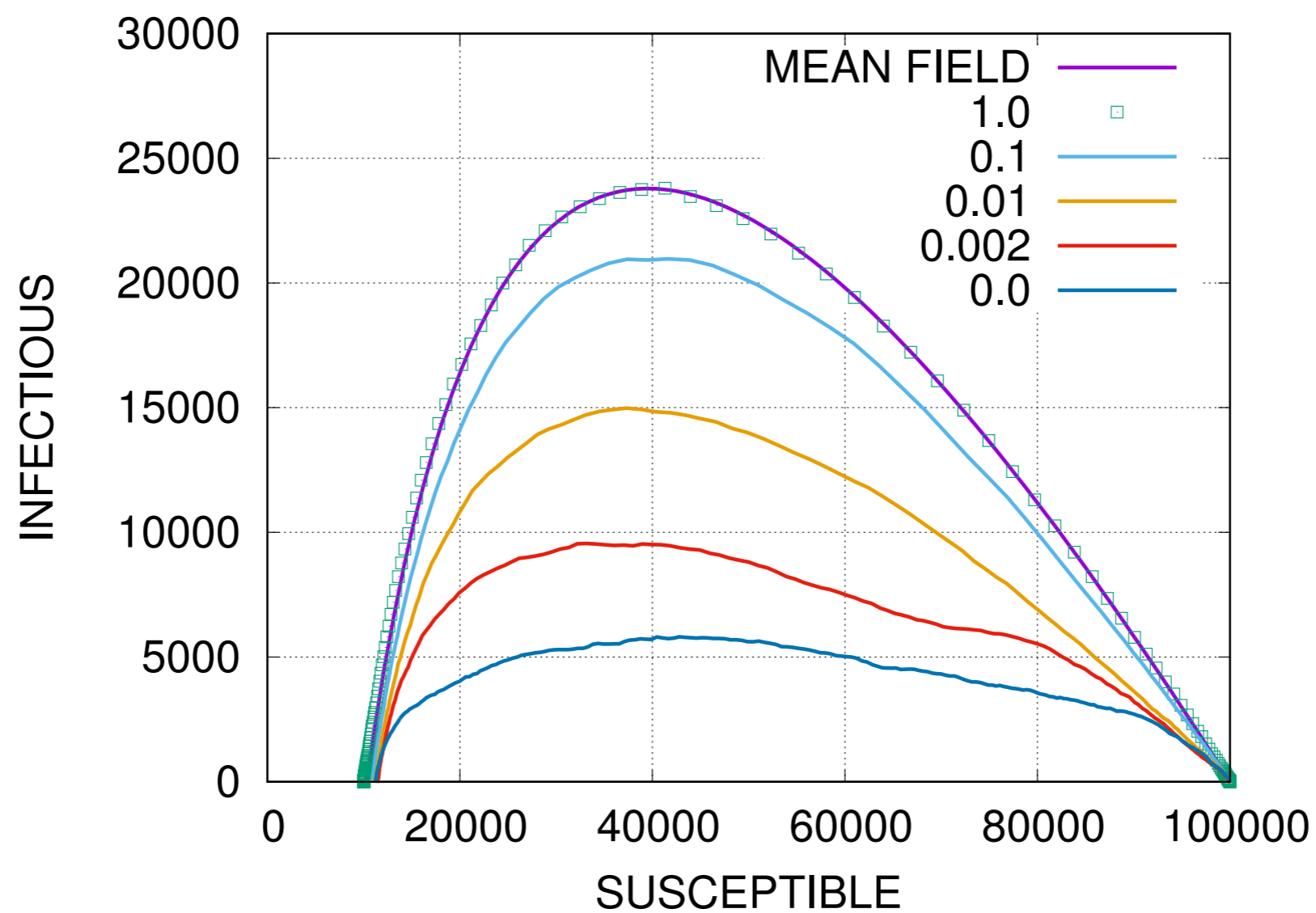
$S(t), I(t), R(t)$

Wiele ognisk a lokalnie zachowanie dyfuzyjne

$\alpha \approx 0.01$



Portret fazowy w zależności od α



- Model przedziałowe (równania różniczkowe)
- Modele agentowe (procesy stochastyczne)
- Dla dużych układów i $\alpha = 1$ modele są równoważne
- Dla $\alpha = 0$ powstaje front epidemii (jak w układach dyfuzyjnych)
- Dobierając α można mieszać wektory lokalne i nielokalne przenoszenia epidemii
- Współczesne modele uwzględniają gęstość zaludnienia, wzorce oddziaływań | społecznych, oraz wzorce przemieszczania się ludności

S1: $R'_0 = R_0 = 2.5; \alpha = 1$ typowy rozwój epidemii

S2: $R'_0 = R_0 = 2.5; \alpha = 0$ ograniczenie mobilności (kontaktów dalekiego zasięgu)

S3: $R'_0 = 1.5 < R_0; \alpha = 1$ dystans społecznych

S4: $R'_0 = 1.5 < R_0; \alpha = 0$ ograniczenie mobilności + dystans społeczny

