



Matematičko modeliranje širenja epidemije

Mathematical modeling of the spread of the epidemic

Miljenko Marušić¹✉

¹Prirodoslovno-matematički fakultet-Matematički odsjek, Zagreb

Ključne riječi

MATEMATIČKI MODEL; EPIDEMIOLOGIJA; PANDEMIJA

Keywords

MATHEMATICAL MODELS; EPIDEMIOLOGY; PANDEMIC

U trenutku pojave epidemije jedno od osnovnih pitanja je procjena udjela populacije koja će biti obuhvaćena zarazom. Jedini pristup koji može dati odgovor na ovakvo pitanje je upotreba matematičkih modela.

Osnovni epidemiološki model razvili su još 1927. godine Kermack i McKendrick¹. U ovom modelu je promatrana populacija podijeljena u tri skupine: zdrave jedinke osjetljive na bolest, zaražene jedinke i ozdravljene jedinke imune na bolest. Uobičajene oznake za ove tri skupine su S (od engl. susceptible), I (od engl. infectious/infected) i R (od engl. recovered). Odavde dolazi i daleko poznatiji naziv ovog modela: SIR-model. Princip podjele populacije na skupine i promatranje dinamike između skupina je često korišten u epidemiološkim modelima. Ovako dobiveni modeli spadaju u skupinu tzv. kompartmentalnih modela jer se u ovom pristupu skupine nazivaju kompartmani.

Rasprava

Prepostavljena dinamika širenja zaraze je da se zdrava jedinka eventualno zarazi prilikom susreta sa zaraženom jedinkom. Nakon toga, protekom određenog vremena, jedinka ozdravi te stječe trajni imunitet. Do veličine pojedine skupine u ovisnosti o vremenu dolazi se promatranjem brzine prijelaza iz jedne skupine u drugu. Shematski prikaz kompartmentalnog sustava prikazan je na slici 1. Dijagram prikazuje kompartmente S, I i R te tokove između kompartmenta S i I (F_{SI} je brzina toka) i između kompartmenta I i R (F_{IR} je brzina toka).

Za modeliranje brzine zaražavanja koristi se nekoliko prepostavki koje pojednostavljaju izvod modela. Prva prepostavka je da se veličina populacije ne mijenja tijekom vremena:

$$S(t) + I(t) + R(t) = N,$$

u svakom vremenskom trenutku t . S N je označen ukupan broj jedinki u populaciji.

SAŽETAK. Prikazan je izvod standardnog SIR modela. Ovo je osnovni epidemiološki model i njegovom modifikacijom izgrađen je veliki dio epidemioloških modela.

SUMMARY. We explain derivation of the standard SIR model. This is basic epidemiological model. Many epidemiological models are derived as a modification of this standard model.

Druga je pretpostavka da su svi susreti između dviju jedinki u populaciji jednakovjerojatni. Neka je ρ broj susreta u jedinici vremena za jednu jedinku (isti za sve jedinke u populaciji). U tih ρ susreta u jedinici vremena samo su neki susreti sa zaraženim jedinkama. Kako je u populaciji od N jedinki njih $I(t)$ zaraženo, od ukupno ρ susreta, njih

$$\rho \cdot \frac{I(t)}{N}$$

bit će sa zaraženom jedinkom (u jedinici vremena).

Do zaraze dolazi prilikom susreta zdrave jedinke osjetljive na bolest i zaražene jedinke. U trenutku t zdravih jedinki ima $S(t)$ pa je ukupan broj susreta zdravih i zaraženih jedinki u jedinici vremena jednak

$$\rho \cdot \frac{I(t)}{N} \cdot S(t)$$

Samo dio ovih susreta završi s prijenosom zaraze. Ako s p označimo udio susreta zdravih i zaraženih jedinki koji završe s prijenosom zaraze, ukupan broj prijenosa zaraze u jedinici vremena je

$$\rho \cdot \frac{I(t)}{N} \cdot S(t) \cdot p = \frac{\rho \cdot p}{N} \cdot I(t) \cdot S(t)$$

Veličine ρ i p su u pravili nepoznate, pa omjer $\rho \cdot p / N$ možemo označiti s r pa je sada

$$\text{broj zaraženih u jedinici vremena} = r \cdot I(t) \cdot S(t)$$

Kod modeliranja brzine ozdravljenja koristi se pretpostavka da su jedinke zarazne točno d jedinica vre-

✉ Adresa za dopisivanje:

Miljenko Marušić, <https://orcid.org/0000-0002-7129-4670>

Prirodoslovno-matematički fakultet-Matematički odsjek, Bijenička cesta 30, Zagreb;
e-pošta: miljenko.marusic@math.hr



SLIKA 1. PRIKAZ KOMPARTMENTALNOG SUSTAVA ZA SIR MODEL
FIGURE 1. COMPARTMENTAL DIAGRAM FOR SIR MODEL

mena. Kako je broj zaraženih u trenutku t jednak $I(t)$ u jednoj jedinici vremena će prosječno ozdraviti $I(t)/d$ jedinki, tj.

$$\text{broj ozdravljenih u jedinici vremena} =$$

$$= \frac{1}{d} \cdot I(t) = a \cdot I(t)$$

Ovdje smo s konstantom a označili izraz $1/d$.

Znajući broj zaraženih u jedinici vremena i broj ozdravljenih u jedinici vremena možemo odrediti promjenu broja zdravih, zaraženih i ozdravljenih u jedinici vremena:

$$\text{promjena broja zdravih u jedinici vremena} =$$

$$= -\text{broj zaraženih u jedinici vremena} =$$

$$= -r \cdot I(t) \cdot S(t)$$

$$\text{promjena broja zaraženih u jedinici vremena} =$$

$$= \text{broj zaraženih u jedinici vremena} -$$

$$- \text{broj ozdravljenih u jedinici vremena} =$$

$$= r \cdot I(t) \cdot S(t) - a \cdot I(t)$$

$$\text{promjena broja imunih u jedinici vremena} =$$

$$= \text{broj ozdravljenih u jedinici vremena} =$$

$$= a \cdot I(t)$$

Promjena ukupnog broja u jedinici vremena je zapravo brzina ili u matematičkoj terminologiji derivacija. Derivaciju funkcija $S(t)$, $I(t)$ i $R(t)$ označit ćemo redom s $dS(t)/dt$, $dI(t)/dt$ i $dR(t)/dt$. Sada za promjenu veličina pojedinih skupina u jedinici vremena dobivamo:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -r \cdot I(t) \cdot S(t)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = r \cdot I(t) \cdot S(t) - a \cdot I(t)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = a \cdot I(t)$$

Na ovaj način smo definirali model pomoću sustava diferencijalnih jednadžbi. Rješenje ovog sustava (funkcije $S(t)$, $I(t)$ i $R(t)$) u ovom slučaju ne možemo ekspli-

citno izraziti pomoću jednostavnih (elementarnih) funkcija. Međutim, ukoliko su nam poznate konstante r i a te broj zdravih, zaraženih i imunih jedinki u nekom trenutku vrijednosti $S(t)$, $I(t)$ i $R(t)$ možemo odrediti primjenom odgovarajućih numeričkih metoda.

Konstante r i a se nazivaju parametri modela i najčešće su nam unaprijed nepoznate. Ukoliko znamo prosječno trajanje bolesti, parametar a se može odrediti iz tog podatka. Određivanje parametra r je složenije. Iz izvoda modela smo vidjeli da r ovisi o učestalosti kontakata pojedine jedinke i vjerojatnosti prijenosa zaraze prilikom susreta zaražene i zdrave jedinke. Obje veličine je gotovo nemoguće odrediti u realnoj situaciji. Stoga se parametri modela najčešće određuju iz podataka i to tako da se parametri odaberu iz uvjeta da teorijska krivulja što bolje opisuje eksperimentalne podatke (ova se metoda naziva regresija).

Iz modela možemo odrediti još jednu veličinu, a to je osnovna brzina reprodukcije:

$$R_0 = S_0 \frac{r}{a} = \frac{S_0}{N} \cdot d \cdot \rho \cdot p$$

Iz izvoda modela možemo vidjeti da se radi o broju jedinki koje jedna zaražena jedinka zarazi tijekom trajanja bolesti. Sa S_0 smo označili broj zdravih osoba na početku epidemije. Ukoliko je $R_0 > 1$ zaraza se širi a ukoliko je $R_0 < 1$ zaraza jenjava.

Realističniji modeli dobivaju se detaljnijom podjelom populacije na više kompartimenta. Npr., za Covid-19 je trajanje imuniteta ograničeno (treba uvesti prijelaz iz skupine imunih u skupinu zdravih/osjetljivih na bolest); latentnu fazu bez simptoma treba opisati posebnim kompartメントom i osobe mogu širiti zarazu samo u toj fazi dok se nakon pojave simptoma nalaze u izolaciji i ne šire zarazu ili je šire u daleko manjoj mjeri; može se uvesti i kompartment asimptomatskih prenositelja (šire zarazu tijekom cijelog trajanja bolesti).

Zaključak

- Prikazan je princip izgradnje modela širenja zaraze
- Korištenje matematičkih modela je efikasan način provjere teorijskih pretpostavki
- Točnost predviđanja širenja epidemije pomoću matematičkih modela ovisi o adekvatnosti modela, preciznosti podataka i obuhvaćenim fazama širenja epidemije.

LITERATURA

1. Kermack WO, McKendrick AG. A Contribution to the Mathematical Theory of epidemics. Proc. Roy. Soc. Lond. A. 1927; 115:700–721.