

# Model SIR

19 czerwca 2022

# Założenia modelu bez uwzględnienia dynamiki zyciowej

Model SIR został pierwszy raz wprowadzony przez Kermacka i McKendicka w pracy z roku 1927. Zakłada on, że choroba rozprzestrzenia się w populacji, zgodnie z mechanizmem opisującym reakcję chemiczną. Każda z obserwowanych jednostek w danej chwili może znajdować się tylko w jednej z rozłącznych grup opisujących stan. W przypadku modelu SIR mamy do czynienia z podziałem na trzy grupy.

- 1 Klasa osób, które są zdrowe, ale mogą zostać zarażone po kontakcie z osobą chorą. Liczebność tej grupy najczęściej w literaturze oznacza się jako  $S$  (susceptibles).
- 2 Grupa osób, które zaraziły się i mogą zarażać osoby zdrowe. Liczebność tej klasy oznaczamy przez  $I$  (infectious/ infected individuals).
- 3 Ostatnią z podstawowych klas jest grupa jednostek, które zmarły lub wyzdrowiały i nabrały odporności, czyli nie mogą zostać zarażone ponownie. Oznaczana jest ona najczęściej jako  $R$  (removed/ recovered individuals).

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

Ze względu na restrykcje modelu, choroby których przebieg rozpatrujemy, to najczęściej typowe choroby wieku dziecięcego, takie jak: ospa wietrzna, różyczka, czy świnka. Dodatkowo model SIR wpasowuje się w ogólny model epidemii lub model wybuchu epidemii.

# Konstrukcja modelu

Liczba jednostek, które zostały zakażone w czasie, w epidemiologii nazywana jest *incidence* i jest równa pochodnej funkcji  $S(t)$  po czasie.

$$-incidence = S'(t)$$

Aby inaczej opisać *incidence*, założmy na początku, że w całym społeczeństwie mamy jedną zakażoną osobę. W takim przypadku:  $cN$  - liczba kontaktów z innymi przez osobę zarażoną (wielkość ta jest proporcjonalna do liczebności całej populacji)

$\frac{S}{N}$  - prawdopodobieństwo kontaktu z osobą podatną na zarażenie

W dalszej części rozważań  $pc$  będą oznaczała jako  $\beta$ , tak więc:

$$-incidence = S' = -pcSI = -\beta SI$$

Ostatecznie zmiana liczebności klasy I w czasie wygląda następująco:

$$I' = \beta IS - \alpha I$$

Natomiast zmiana liczebności klasy R w czasie jest równa

$$R' = \alpha I$$

Podsumowując powyższe otrzymaliśmy, że:

$$S' = -\beta IS$$

$$I' = \beta IS - \alpha I$$

$$R' = \alpha I$$

przy czym  $N = S(0) + I(0) + R(0)$

$$\frac{I'}{S'} = \frac{\beta SI - \alpha I}{-\beta SI} = -1 + \frac{\alpha}{\beta S}$$

stąd

$$I' = \left(-1 + \frac{\alpha}{\beta S}\right) S' \quad (1)$$

$$I = -S + \frac{\alpha}{\beta} S + C \quad (2)$$

gdzie  $C$  to pewna stała.

Wyznaczając  $C$  otrzymujemy:

$$C = I + S - \frac{\alpha}{\beta} \ln S \quad (3)$$

$$\frac{\beta}{\alpha} = \frac{\ln \frac{S_0}{S_\infty}}{S_0 + I_0 - S_\infty}$$

Wartość maksymalna  $I$  jest otrzymana, gdy  $S = \frac{\alpha}{\beta}$ , więc

$$I_{max} = -\frac{\alpha}{\beta} + \frac{\alpha}{\beta} \ln \frac{\alpha}{\beta} + S_0 + I_0 - \frac{\alpha}{\beta} \ln S_0$$

# Estymacja parametru $\alpha$

Założmy, że nie mamy żadnych jednostek dodawanych do klasy  $I$  w czasie oraz, że w chwili początkowej  $t=0$ , w grupie osób zarażonych znajdowały się  $I_0$  jednostki. W takiej sytuacji równanie różniczkowe opisujące dynamikę w tej klasie wygląda następująco:

$$I'(t) = -\alpha I \quad I(0) = I_0$$

Rozwiązując je dostajemy:

$$I(t) = I_0 e^{-\alpha t}$$

stąd dla  $t \geq 0$  mamy

$$\frac{I(t)}{I_0} = e^{-\alpha t}$$



# Estymacja parametru $\alpha$

Możemy zatem wyznaczyć liczbę jednostek, które opuściły grupę osób zarażonych

$$F(t) = 1 - e^{-\alpha t} \quad \text{dla } t \geq 0$$

gdzie  $F(t)$  traktowana jest jako dystrybuanta rozkładu czasu bycia zainfekowanym, natomiast

$$f(t) = \begin{cases} \alpha e^{-\alpha t} & \text{dla } t \geq 0 \\ 0 & \text{dla } t < 0 \end{cases}$$

to funkcja gęstości tego rozkładu.

Ponadto średni czas spędzony w klasie osób zarażonych, możemy wyrazić jako wartość oczekiwaną zmiennej losowej  $X$ , która oznacza czas na wyjście z klasy zakaźnej.

$$EX = \int_{-\infty}^{+\infty} tf(t)dt = \int_{-\infty}^{+\infty} t\alpha e^{-\alpha t} 1_{[0, \infty)}(t)dt = \frac{1}{\alpha}$$

Dostajemy zależność, że

$$\alpha = \frac{1}{\text{średni czas spędzony w klasie osób zarażonych}}$$

Znając zależność

$$\frac{\beta}{\alpha} = \frac{\ln \frac{S_0}{S_\infty}}{S_0 + I_0 - S_\infty}$$

oraz mając odpowiednie dane epidemiologiczne, możemy wyznaczyć wszystkie wartości wielkości występujących po prawej stronie równania. Dodatkowo możemy wyliczyć wartość parametru  $\alpha$  korzystając z wcześniej wyznaczonego wzoru. Wiedząc to, możemy wyznaczyć parametr  $\beta$ .

# Model SIR z uwzględnieniem zmian demograficznych

$$S' = \mu N - \beta IS - \mu S$$

$$I' = \beta IS - \alpha I - \mu I$$

$$R' = \alpha I - \mu R$$

Dodatkowo uwzględniamy równanie opisujące zmiany liczebności wielkości populacji

$$N'(t) = \mu N - \mu N(t) \quad \text{gdzie } N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$$

Liczebność populacji nie jest stała, jednak jest ona asymptotycznie stała, ponieważ  $N(t) \rightarrow \frac{\Lambda}{\mu}$  dla  $t \rightarrow \infty$ .

# Analiza danych historycznych

Tabela poniżej przedstawia liczbę zmarłych w kolejnych miesiącach w wiosce Eyam w 1666.

Data (1666)	Susceptibles	Infectives	Removed
czerwiec 19	254	7	0
lipiec 3	235	15	11
lipiec 19	201	22	38
sierpień 3	154	29	78
sierpień 19	121	20	120
wrzesień 3	108	8	145
wrzesień 19	97	8	156
październik 4	brak danych	brak danych	brak danych
październik 20	83	0	178

Na podstawie wiedzy biologicznej wiemy, że:

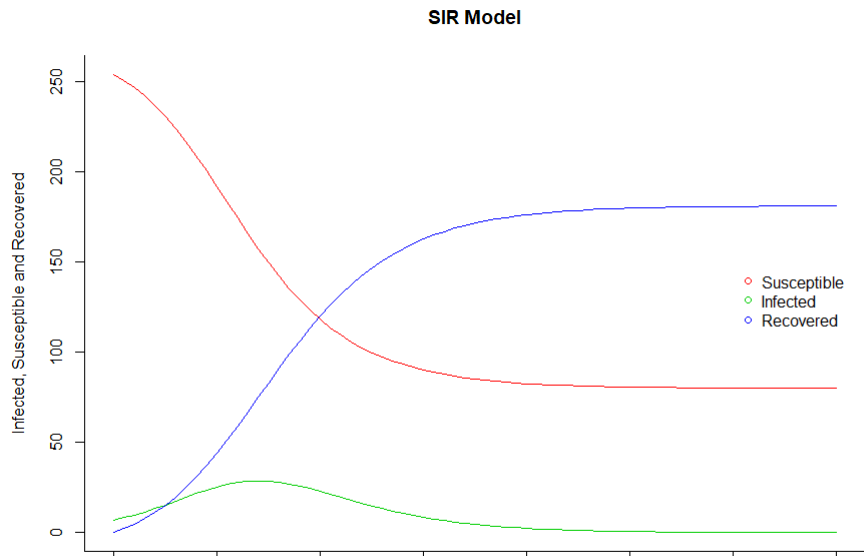
$$\alpha = \frac{1}{0.3548} \approx 2.82$$

a z danych przedstawionych w tabeli

$$S_0 = 254 \quad I_0 = 7 \quad S_\infty = 83$$

Zgodnie z przytoczonym wcześniej wzorem, wiemy, że

$$\beta = \frac{\ln \frac{S_0}{S_\infty}}{S_0 + I_0 - S_\infty} \alpha = \frac{\ln\left(\frac{254}{83}\right)}{254 + 7 - 83} * 2.82 \approx 0.018$$



Wykres S-I

