

# Epidemia

Agnieszka Mach, Robert Wojtaszek

*September 2020*

## Spis treści

<b>1</b>	<b>Wstęp</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>Model SIR</b>	<b>1</b>
<b>3</b>	<b>ODEs - Ordinary Differential Equations</b>	<b>2</b>
<b>4</b>	<b>Analiza kodu</b>	<b>2</b>
<b>5</b>	<b>Bibliografia</b>	<b>4</b>

## 1 Wstęp

Na wstępie skupimy się nad najważniejszymi zagadnieniami dotyczącymi całego procesu epidemii. Warto podkreślić, że przedstawimy nasze rozważania od strony matematycznej, informatycznej, ale także od strony życia codziennego.

W języku potocznym termin epidemia używany jest jako synonim masowych zachorowań wywołanych chorobami zakaźnymi. Często definiuje się ją jako wystąpienie na danym obszarze zakażeń lub zachorowań na chorobę zakaźną w liczbie wyraźnie większej niż we wcześniejszym okresie albo wystąpienie zakażeń lub chorób zakaźnych dotychczas niewystępujących. Przypadki globalnych epidemii nazywa się pandemią.

## 2 Model SIR

Model SIR zawiera urposzczone założenia. W tym przypadku rozważamy izolowaną populację, a w niej 3 grupy osób:

S - osoby podatne na zarażenie (ang. Susceptible) I - osoby zarażone (ang. infected) R - osoby wyleczone/zmarłe (ang. Recovered/removed)

R należy wyjaśnić, dlaczego osoby wyleczone i zmarłe znajdują się pod tym samym oznaczeniem. Zakładamy, że choroba jest wyleczalna i nie prowadzi ona do śmierci, równie dobrze może być to choroba śmiertelna lub nieuleczalna i

wtedy  $R$  oznacza osoby martwe z podowy choroby. .

Kolejnym bardzo ważnym założeniem jest stała ilość osób, co można rozumieć, że w tej izolowanej grupie przyrost naturalny jest stały. Co daje nam równanie

$$S + I + R = N$$

Liczba osób jest stała w czasie, zmienia się tylko „grupa” danych osób, oznacza to, że z upływem czasu ilość osób  $S$  zmniejsza się, rośnie natomiast ilość osób  $I$ .

Zmiana liczebności osób w poszczególnych grupach opisana jest przez równania

$$\frac{dS}{dt} = -rSI, \quad \frac{dI}{dt} = rSI - aI, \quad \frac{dR}{dt} = aI$$

1. Liczba osobników w grupie podatnych  $S$  maleje (pochodna jest ujemna), ponieważ mogą zachorować. Tempo ubytku osobników  $S$  zależy od liczby osób chorych  $I$ , ponieważ im więcej jest nosicieli choroby, tym więcej ludzi może być zainfekowanych. 2. Liczba osób chorych  $I$  zmienia się z dwóch powodów.

Pierwszy powód:  $I$  wzrasta (wyraz po prawej stronie równania jest dodatni) ponieważ nowe osoby są infekowane. Drugi powód:  $I$  maleje (wyraz po prawej stronie jest ujemny) ponieważ chorzy zdrowieją. Osób ozdrowiałych  $R$  (lub martwych) przybywa (pochodna jest dodatnia).

Jeśli dodamy wszystkie równania, to uproszą się one i otrzymamy zero. Wynika to z naszego założenia o wyizolowanej liczbie osób, więc suma zmian wszystkich grup musi być stała, więc wynosi ona zero.

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} &= \frac{d(S + I + R)}{dt} = 0 \quad \Rightarrow \quad S + I + R = \text{const.} \quad \Rightarrow \\ S(t) + I(t) + R(t) &= \text{const.} = S(0) + I(0) + R(0) = N \end{aligned}$$

### 3 ODEs - Ordinary Differential Equations

Wiele procesów, w szczególności te zależne od czasu, można opisać zwykłymi równaniami różniczkowymi, czyli ODE, wykorzystuje się je między innymi w mechanice kwantowej, reakcjach chemicznych, modelowaniu, układach biologicznych.

W naszym przypadku „epidemi” również wykorzystujemy ten model, dlatego,

iż zawiera on tylko jedną zmienną zależną czyli czas.

## 4 Analiza kodu

W poprzednich punktach opisaliśmy po, krótko sposób w jaki można badać proces epidemii, w tej części skupimy się na analizie.

musimy wprowadzić kilka ważnych rzeczy: - zmienną czasu  $dt$  - współczynnik zakaźności, który oznaczamy przez  $\beta$ , - natomiast współczynnik  $\gamma$  oznaczać będzie czas rekonwalescencji.

```

N = 500
I_initial, R_initial = 1, 0 # One person is infected from the start
S_initial = N - I_initial - R_initial

beta, gamma = 0.5, 0.2

t = np.linspace(0, 50, 50)

def SIR_equations(y, t, N, beta, gamma):
    S, I, R = y
    Sprime = (- beta * S * I) / N
    Iprime = (beta * S * I / N) - gamma * I
    Rprime = gamma * I
    return Sprime, Iprime, Rprime

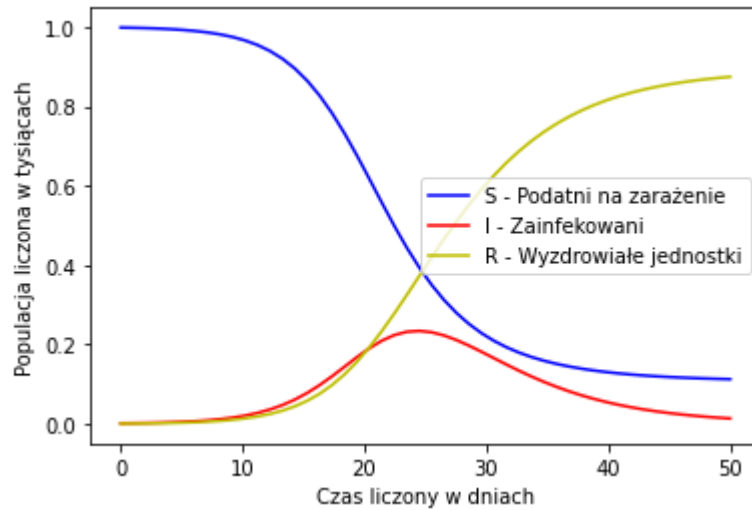
ivp = S_initial, I_initial, R_initial

solution = odeint(SIR_equations, ivp, t, args=(N, beta, gamma))
S, I, R = solution.T

fig = plt.figure()
ax = fig.add_subplot(111)
ax.plot(t, S / N, 'b', label='S - Podatni na zarażenie')
ax.plot(t, I / N, 'r', label='I - Zainfekowani')
ax.plot(t, R / N, 'y', label='R - Wyzdrowiałe jednostki')
ax.set_xlabel('Czas liczony w dniach')
ax.set_ylabel('Populacja liczona w tysiącach')
legend = ax.legend()
plt.show()

```

N - jest to wartość początkowa, gdzie ustalamy populację ludzi w izolowanej przestrzeni następnie podajemy wartości współczynników gama oraz beta  
t = np.linspace(0, 50, 50) oznacza długość trwania epidemii - potrzebne jest nam to do przedstawienia wykresu, zależnego od czasu.



Komentarz:

na przedstawionym wyżej wykresie można prześledzić rozwój zakaźnej choroby, która tak naprawdę jest zależna od współczynników zakaźności oraz rekonwalescencji.

## 5 Bibliografia

- Materiały dydaktyczne udostępnione przez prowadzącego
- <http://visual.icse.us.edu.pl>
- [https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental\\_models\\_in\\_epidemiology#The\\_SIR\\_model](https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_models_in_epidemiology#The_SIR_model)