



Marcin Janik

Instytut Przeróbki Plastycznej i Inżynierii Bezpieczeństwa

Politechnika Częstochowska

al. Armii Krajowej 19, 42-200 Częstochowa

e-mail: nemo@wip.pcz.pl

DYNAMIKA ROZWOJU EPIDEMII W ZAMKNIĘTEJ POPULACJI DLA WYBRANYCH PATOGENÓW

Streszczenie. W pracy przeprowadzono symulacje rozwoju epidemii dla kilku wybranych patogenów chorobotwórczych: odry, świnki, ospy wietrznej, ptasiej grypy oraz eboli. Badania przeprowadzono dla niewielkiej odizolowanej populacji liczącej 1000 osobników. Do analizy wykorzystano model SEIR. Obliczenia przeprowadzone zostały w arkuszu kalkulacyjnym.

Słowa kluczowe: modelowanie epidemii, SEIR, choroby zakaźne.

DYNAMICS OF DEVELOPMENT OF EPIDEMIC IN A CLOSED POPULATION FOR SOME PATHOGENS

Abstract. The paper presents simulations of the development of the epidemic for a number of selected pathogens: measles, mumps, chicken pox, avian flu and ebola. The study was conducted for small an isolated population of 1000 individuals. For the analysis, the epidemic model SEIR was used. The calculations were made in a spreadsheet.

Keywords: modeling of epidemics, SEIR, infectious diseases.

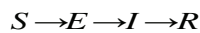
Wstęp

Modele epidemiologiczne pozwalają na przewidywanie rozwoju epidemii. Umożliwiają one określenie czasu jej trwania, szybkości jej rozwoju czy też aktualnej liczby osobników zarażonych, ozdrowiałych itp. Najczęściej stosowane w epidemiologii modele to SIR, SEIR, SEIRS, MSIR, SIS [1,2]. W zależności od zastosowanego modelu, mogą one uwzględniać m.in. takie

czynniki jak: zaraźliwość patogenu, czas inkubacji choroby, czas trwania choroby, szczepienia, czasową odporność nabytą od matki, odporność nabytą po przebyciu choroby.

Model SEIR

Bardzo popularnym modelem w epidemiologii jest model SEIR [3,4,5], który dzieli rozważaną populację na cztery grupy, oznaczane kolejno dużymi literami: S – osobniki zdrowe, E – osobniki zarażone u których następuje proces inkubacji choroby, I – osobniki zarażone z pełni rozwiniętą chorobą, które mogą zarażać osobniki zdrowe, oraz R – osobniki ozdrowiałe lub zmarłe w wyniku choroby. Przepływ osobników w tym modelu jest następujący:



Zmiany ilości osobników w poszczególnych grupach opisane są za pomocą układu równań różniczkowych [5]:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{IS}{N}$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta \frac{IS}{N} - aE$$

$$\frac{dI}{dt} = aE - \nu I$$

$$\frac{dR}{dt} = \nu I$$

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

$$\beta = R_0 \nu$$

Model SEIR w tej postaci nie uwzględnia naturalnych narodzin i zgonów. Przyjęto również, że osobniki w populacji swobodnie się ze sobą kontaktują. Użyte w równaniach parametry opisano w tabeli 1.

Tab. 1. Opis parametrów modelu SEIR

Parametr	Opis
S	Osobniki zdrowe (podatne na zarażenie)
E	Osobniki zainfekowane w okresie inkubacji choroby (niezarażające)
I	Osobniki zainfekowane przenoszące chorobę (zarażające)
R	Osobniki ozdrowiałe lub martwe
N	Całkowita populacja
β	Szybkość rozprzestrzeniania się infekcji
R_0	Liczba nowych infekcji pochodzących od jednego zainfekowanego
1/a	Czas inkubacji choroby
1/v	Czas trwania infekcji

Bardzo istotnym parametrem jest bazowy współczynnik reprodukcji R_0 , który określa ilu nowych osobników zostanie zarażonych przez jednego chorego. Jeśli współczynnik $R_0 > 1$ to epidemia się rozwija, natomiast w przypadku, gdy $R_0 < 1$ to epidemia wygasa. Równie ważne są parametry „a” oraz „v”, które oznaczają odpowiednio, szybkość rozwoju choroby oraz szybkość zdrowienia. Wygodniej jednak posługiwać się odwrotnościami tych wartości opisującymi odpowiednio, czas inkubacji choroby oraz czas jej trwania.

Badania

Do badań wybrano pięć różnych patogenów o zróżnicowanych parametrach epidemiologicznych, których wartości przedstawiono w tabeli 2 [5, 6]. Przedstawione dane są uśrednionymi wartościami pochodzącymi z różnych źródeł. Wysoka wartość współczynnika R_0 dla odry, świnki, ospy wietrznej i ptasiej grypy, wynika ze sposobu rozprzestrzeniania się tych patogenów. Oprócz bezpośredniego kontaktu, do zarażenia dochodzi tutaj również poprzez drogę powietrzną i kropelkową. Natomiast w przypadku eboli potrzebny jest bezpośredni kontakt z zarażonym osobnikiem lub zainfekowanym materiałem.

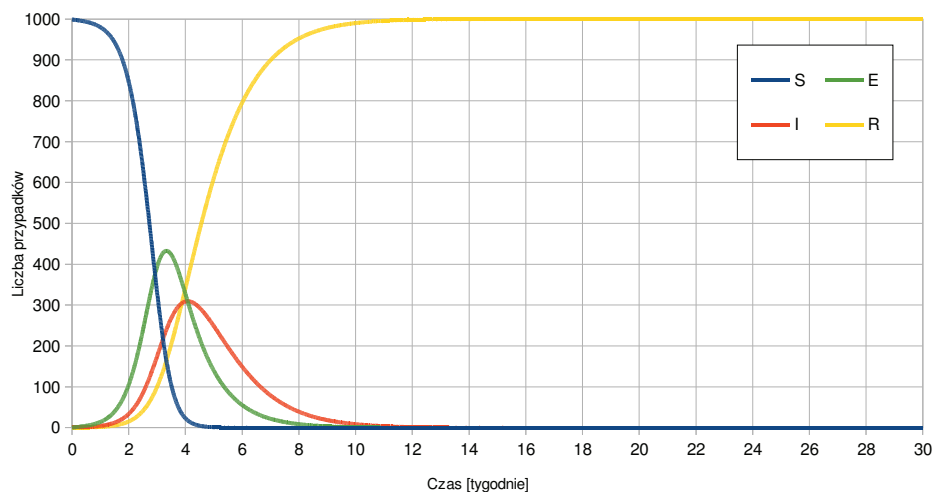
Badana populacja liczyła 1000 osobników, z czego na początku jedna osoba była zarażona. Do symulacji rozwoju epidemii wykorzystano arkusz kal-

kulacyjny, zastosowany w obliczeniach krok czasowy „dt” był równy 1 godzinie, obliczenia przeprowadzono dla okresu czasu równego 80 tygodniom.

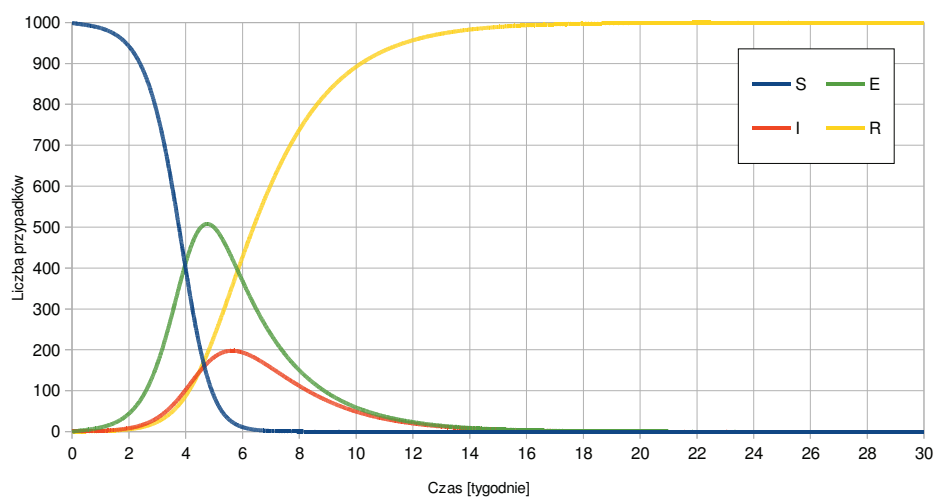
Tab. 2. Przyjęte do obliczeń wartości parametrów modelu SEIR dla wybranych patogenów [2, 3]

Nazwa patogenu	R_0	$1/a$ [dni]	$1/v$ [dni]
Odra	11	7,5	7,5
Świnka	10,5	15	7
Ospa wietrzna	9,5	10	10,5
Ptasia grypa (H7N7)	5,75	2	12
Ebola (Uganda 2000)	1,34	3,35	3,5

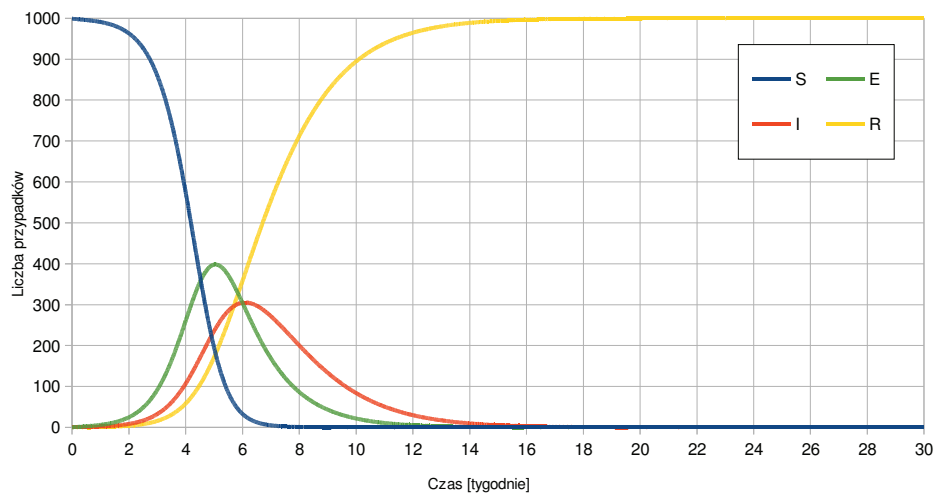
Na rysunkach 1–5 przedstawiono wykresy zmienności parametrów S,E,I,R w funkcji czasu dla poszczególnych epidemii. Oś czasu na wykresach ograniczono do 30 tygodni, ponieważ do tego czasu wszystkie epidemie wygasły.



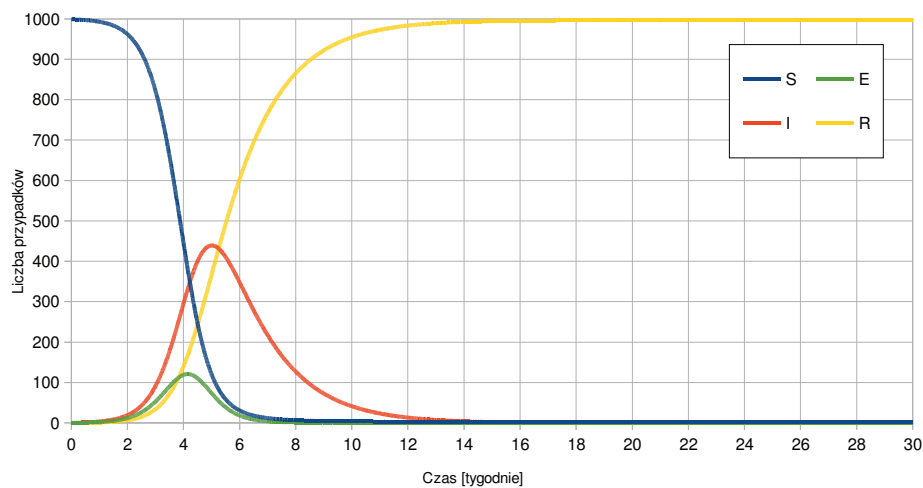
Rys. 1. Dynamika rozwoju epidemii odry



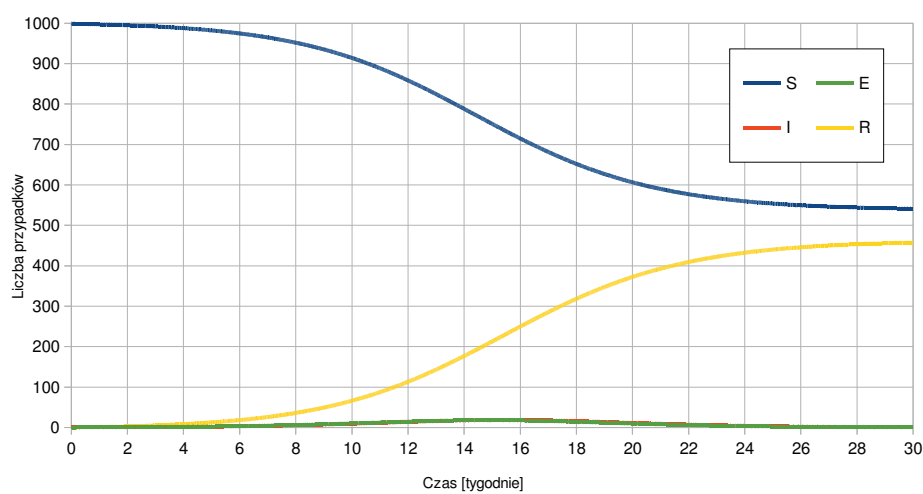
Rys. 2. Dynamika rozwoju epidemii świnki



Rys. 3. Dynamika rozwoju epidemii ospy wietrznej



Rys. 4. Dynamika rozwoju epidemii ptasiej grypy (szczep H7N7)



Rys. 5. Dynamika rozwoju epidemii wirusa eboli (Uganda 2000)

Dynamikę rozwoju epidemii opisano za pomocą sześciu parametrów:

1. całkowitego czasu trwania epidemii,
2. procentowej części populacji, która uległa zarażeniu,
3. maksymalnej liczby osobników zarażonych będących w okresie inkubacji (E_{\max}),
4. maksymalnej liczby osobników zarażonych roznoszących chorobę (I_{\max}),

5. czasu wystąpienia E_{\max} ,

6. czasu wystąpienia I_{\max} .

Wyznaczone na podstawie symulacji wartości parametrów dla poszczególnych patogenów przedstawiono w tabeli 3.

Tab. 3. Otrzymane wartości opisujące dynamikę rozwoju poszczególnych patogenów

Nazwa patogenu	Czas trwania epidemii [tygodnie]	Całkowity procent zarażonych [%]	E_{\max}	Czas wystąpienia E_{\max} [tygodnie]	I_{\max}	Czas wystąpienia I_{\max} [tygodnie]
Odra	13	100	433	3,3	309	4,1
Świnka	18	100	507	4,8	197	5,6
Ospa wietrzna	18	100	398	5,0	305	6,1
Ptasia grypa (H7N7)	17	100	120	4,1	439	5,0
Ebola (Uganda 2000)	29	46	17	14,9	18	15,4

We wszystkich, poza ebolą, przypadkach, epidemia objęła 100% osobników w populacji, natomiast dla eboli całkowity odsetek zarażonych wynosił 46% populacji. Kluczowe znaczenie ma tutaj wartość parametru R_0 , który dla eboli jest bardzo niski i w związku z tym liczba nowych przypadków choroby jest niska.

Najbardziej dynamicznie rozwija się epidemia odry, w krótkim czasie (3–4 tygodnie) osiągnięto wysoką liczbę zarażonych (E) i zarażających (I). Epidemia odry również najszybciej wygasa (13 tygodni). Bardzo podobnie wygląda rozwój epidemii ospy wietrznej, która również cechuje się wysoką liczbą chorych, a szczyt zachorowań w stosunku do odry jest opóźniony o około 2 tygodnie. Czas trwania epidemii jest w tym przypadku dłuższy i wynosi 18 tygodni. Najwolniej rozwija się epidemia eboli, gdzie maksimum zachorowań przypada w 15 tygodniu, a całkowity czas trwania epidemii jest najdłuższy i wynosi 29 tygodni. Dla świnki, ospy wietrznej oraz ptasiej grypy otrzymano zbliżone czasy trwania epidemii, wynoszące odpowiednio 18, 18 oraz 17 tygodni.

Dla odry, ospy wietrznej oraz eboli, stosunek liczby zarażonych (E) do zarażających (I) był podobny i procentowo wynosił odpowiednio 40, 30 oraz 6%. Związane jest to z podobnymi okresami inkubacji i czasu trwania choroby dla każdego z tych patogenów. Natomiast w przypadku świnki, ilość zarażonych (E)

była większa od liczby zarażających (I) o 160%, co związane jest z dwukrotnie dłuższym od czasu trwania choroby, okresem inkubacji. Z kolei dla ptasiej grypy liczba zarażających (I) była większa o 266% od liczby zarażonych (E), co spowodowane jest kilkukrotnie dłuższym od inkubacji, czasem trwania infekcji.

Wnioski

W pracy przeprowadzono analizę dynamiki rozwoju epidemii dla odry, świnki, ospy wietrznej, ptasiej grypy oraz eboli. Największą dynamikę rozwoju epidemii stwierdzono dla odry, najmniejszą dla eboli, na co główny wpływ miała wartość parametru R_0 . Dla wysokich wartości R_0 , szybko wzrasta liczba zarażonych (E) i zarażających (I). W przypadku epidemii odry pojawiła się również największą ilość osobników chorych, a dla epidemii wirusa eboli najmniejsza. Z kolei parametry „ $1/a$ ” i „ $1/v$ ” wpływają na proporcje zarażonych (E) do zarażających (I) oraz na rozciągnięcie epidemii w czasie (dla patogenów o podobnych wartościach R_0).

Literatura

- [1] Herbert W. Hethcote. *A thousand and one epidemic models*. Frontiers in Mathematical Biology, Volume 100, 1994, pp 504–515.
- [2] Abdelkarim Ed-Darraz, Mohamed Khaladi. *On the final size of epidemics in random environment*. Mathematical Biosciences, Volume 266, 2015, p. 10–14, DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.mbs.2015.05.004>
- [3] J.R. Artalejo, A. Economou, M.J. Lopez-Herrero. *The stochastic SEIR model before extinction: Computational approaches*. Applied Mathematics and Computation, Volume 265, 2015, p. 1026–1043, DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.amc.2015.05.141>
- [4] S. Tipsri, W. Chinviriyasit. *The effect of time delay on the dynamics of an SEIR model with nonlinear incidence*. Chaos, Solitons & Fractals, Volume 75, June 2015, p. 153–172, DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.chaos.2015.02.017>
- [5] Sen-Zhong Huang. *A new SEIR epidemic model with applications to the theory of eradication and control of diseases, and to the calculation of R_0* . Mathematical Biosciences 215, 2008, pp 84–100 DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.mbs.2008.06.005>
- [6] Timo Smieszek, Lena Fiebig, Roland W. Scholz. *Models of epidemics: when contact repetition and clustering should be included*. Theoretical biology and medical modelling, 2009, DOI: <http://dx.doi.org/10.1186/1742-4682-6-11>