

Járványterjedési folyamatok paraméterbecslése többrétegű véletlen gráfokon

Önálló Projekt II. félév

Készítette: Krajnyák Bálint

Témavezető: Backhausz Ágnes

Bevezetés

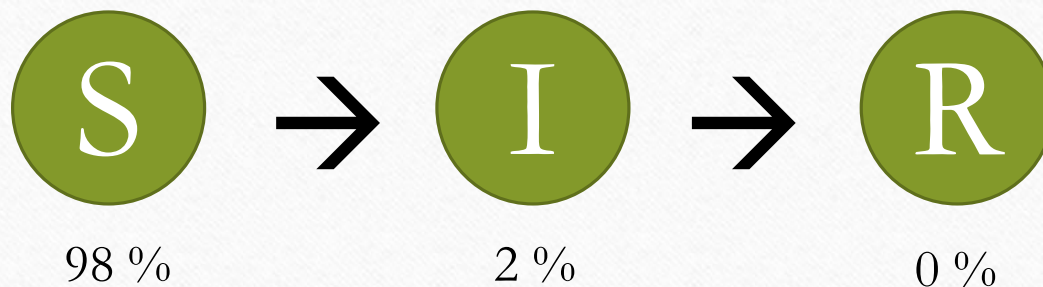
- Járványterjedési szimulációk futtatása MATLAB-ban kétrétegű véletlen gráfok segítségével
- Vizsgálat tárgya:
 - I. félévben: paraméterérzékenység
 - Egyes paraméterek megváltoztatása milyen hatással van a járvány lefutására?
 - A csoportméret és a fertőzési ráta növelése is jelentősen gyorsítja a járvány lefutását.
 - II: félévben: paraméterbecslés
 - Adott járványgörbék esetében hogyan tudjuk a járványterjedés egyes paramétereit megbecsülni?

A modell

- Kétrétegű véletlen gráf:
- gráf csúcsai \longleftrightarrow emberek
- Súlyozott élek \longleftrightarrow kapcsolatok erőssége
- 1. réteg: háztartások rétege: 1600 háztartás, különböző létszámúak, 1 súlyú élek mennek az egy háztartásban élő személyek között (erős kapcsolat)
- 2. réteg: véletlen csoportok létrehozása: a csoporton belüli élek súlya a szimulációk során változtatott paramétereink.

	jelölés	Időtartam várható értéke
Fertőzési ráta	τ	$\frac{1}{\tau}$
Gyógyulási ráta	γ	$\frac{1}{\gamma}$

Az SIR modell és a Gillespie-algoritmus



A szimulációk
kezdetén:

Gillespie algoritmus:

- kiszámítja a következő esemény idejét a fertőzési, illetve gyógyulási ráták segítségével
- meghatározza, hogy ezen esemény gyógyulás vagy fertőzés lesz
- kiválasztja, hogy melyik csúcs gyógyul meg, vagy kapja el a fertőzést

Paraméterbecslés

- Kérdés: Vajon jó becslést adnak-e a járványterjedés paramétereire a következő becslések?

- $$\hat{\gamma} = \frac{z_R}{\sum_{t_i \leq \bar{T}} I_{t_i} \cdot (t_i - t_{i-1})}$$

- $$\hat{\tau} = \frac{z_I}{\sum_{t_i \leq \bar{T}} E_{t_i}^{SI} \cdot (t_i - t_{i-1})}$$

z_R : összes gyógyulási esemény száma a $[0, \bar{T}]$ időintervallumon

$$\bar{T} = \frac{5}{6} \cdot T$$

I_{t_i} : fertőzöttek száma a t_i időpontban

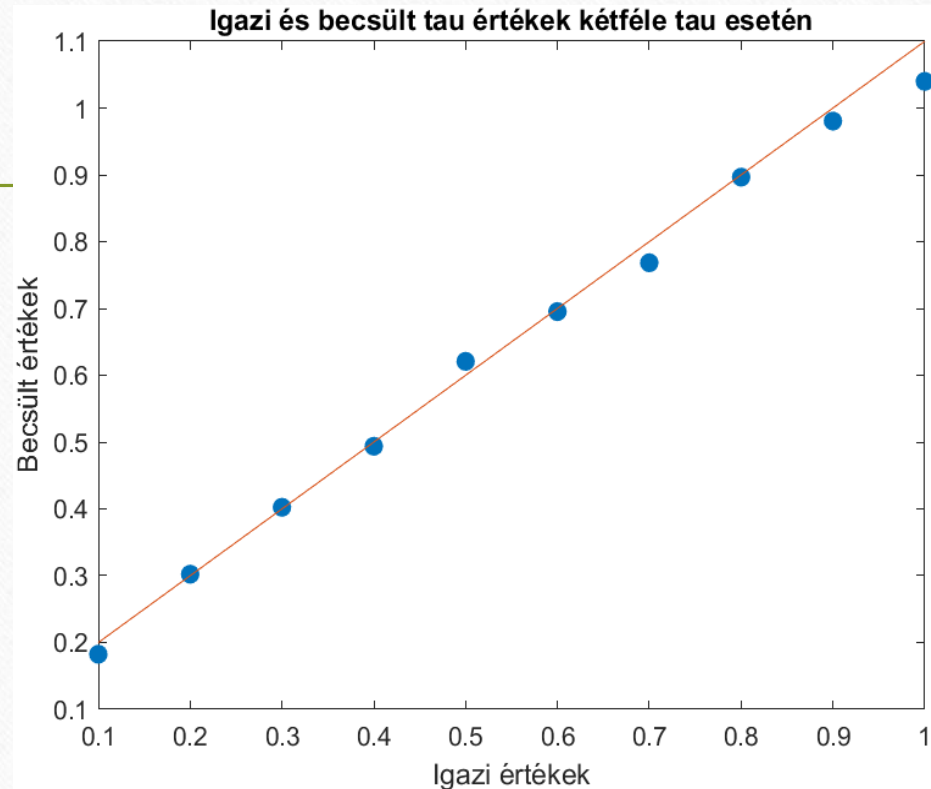
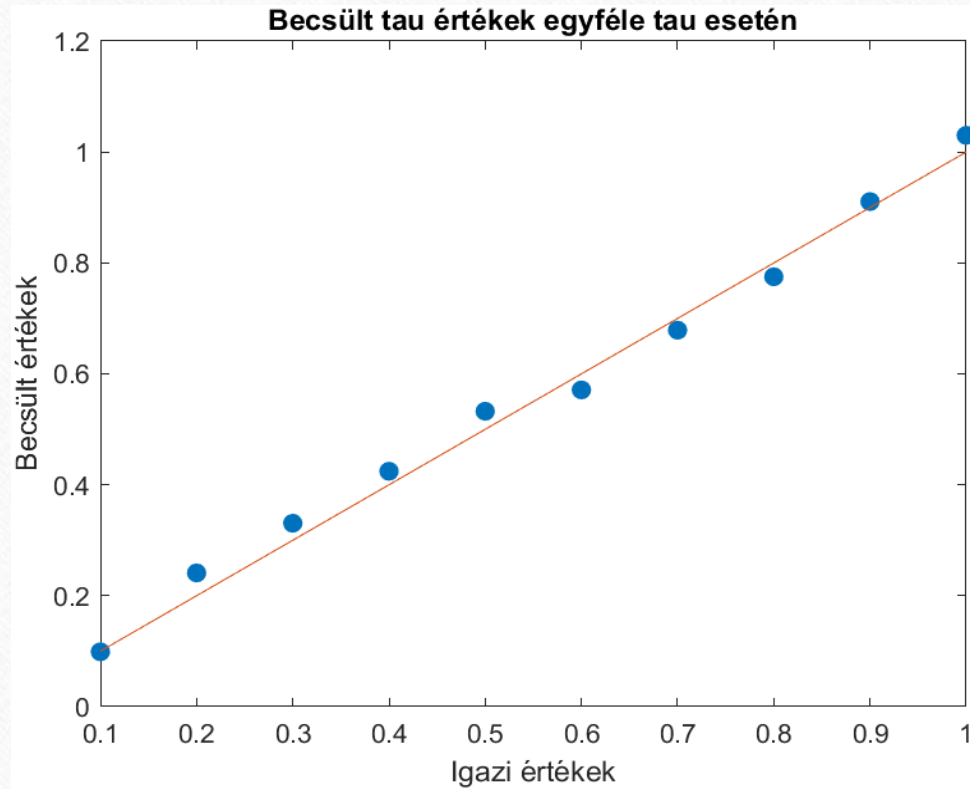
z_I : összes fertőződési esemény száma a $[0, \bar{T}]$ időintervallumon

$E_{t_i}^{SI}$: az SI élek számának a várható értéke a t_i időpontban

A fertőzési ráta becslése

- A projekt során vizsgált gráf szerkezete eltér a cikkben vizsgált gráf szerkezetétől
 - Cikkben: ismert volt a háztartáson belüli és a háztartások közötti fertőzési ráta aránya.
 - A projekt során:
 - Háztartásokon belül egységesen 1
 - Csoportokon belül egységes, viszont ismeretlen paraméter
- A cikk becslését korrigálni kell:
 - Mivel a háztartáson belüli fertőzési rátát ismerjük, ezért a csoporton belüli értéket akarjuk becsülni.

A fertőzési ráta becslése



Egyféle fertőzési ráta esetén a becslés jónak mondható, de **kétféle fertőzési ráta esetén nem.**

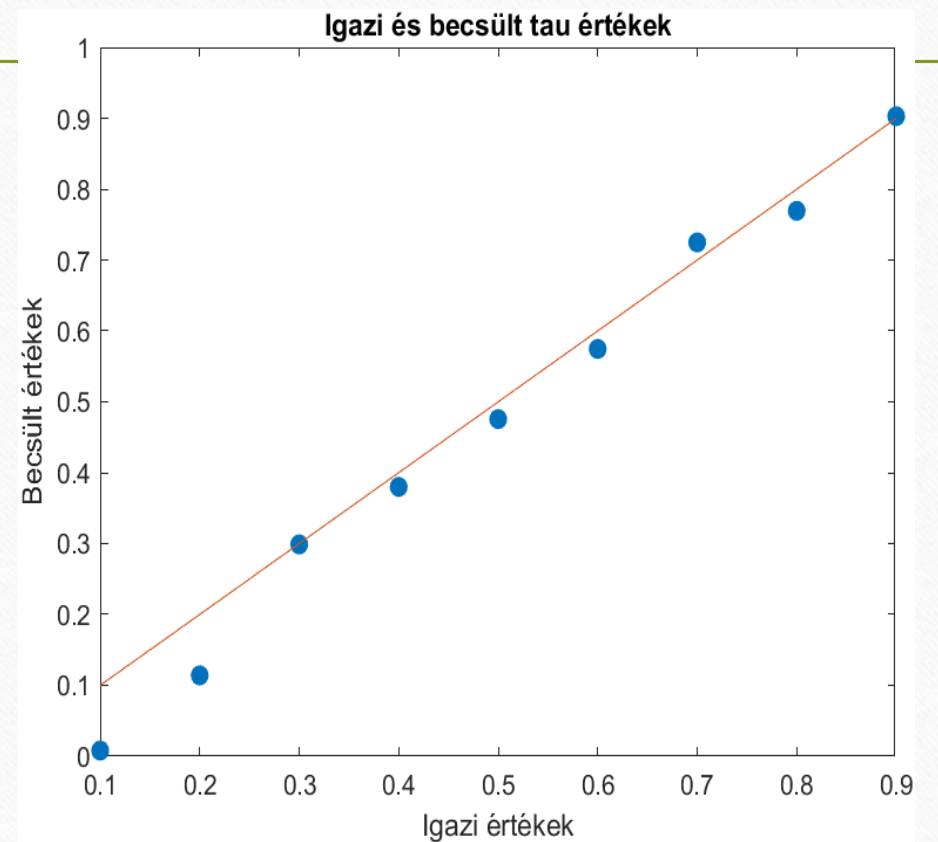
Hogyan kezeljük a kétféle fertőzési rátából eredő problémát a becslés során?

1. Kiszámoljuk a fertőzési ráta becslését az előzőekben látott képlet alapján, majd korrigáljuk a becslést
2. A Háztartások csúcsait összevonjuk, ezáltal egyfajta fertőzési ráta marad csak, ezáltal nem kell foglalkozni a kétféle fertőzési ráta problémájával

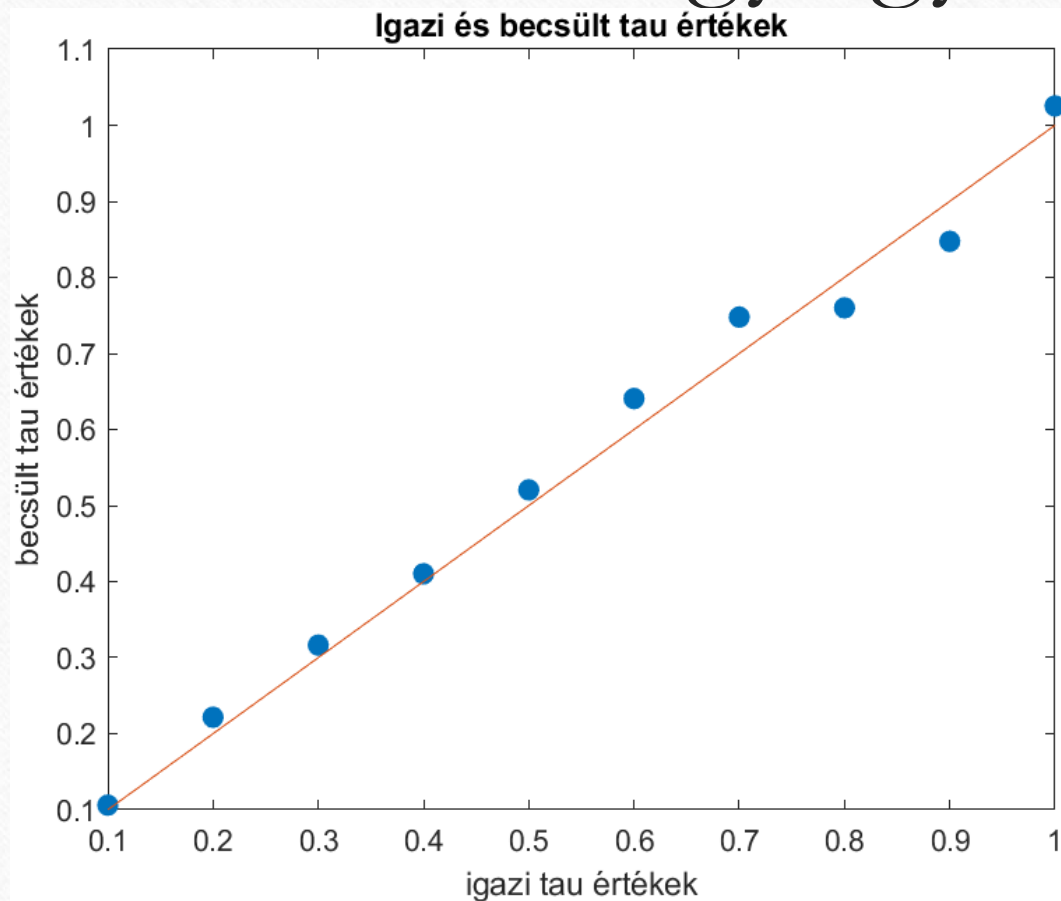
A fertőzési ráta becslésének módosítása

$$\hat{\tau}_{\text{csoporton belüli}} = \frac{\hat{\tau}_{\text{átlagos}} - (1 - \text{csoporton belüli élek aránya}) \cdot 1}{\text{csoporton belüli élek aránya}}$$

Kis értékek esetén a becslés nem jó!



Háztartások egy egységként való kezelése



- Új gráf:
 - A háztartások tagjait összevontuk egy csúcsba
- Bármely két csúcs között akkor megy él, ha az eredeti gráfban a két háztartás legalább egy-egy tagja között ment él
- Majd a fertőzési rátára, a korábban adott becsléssel meghatároztuk a fertőzési ráta becslését

A becslés már így is jó!

- Azonban lehetne javítani, ha a járványterjedés során figyelembe vennénk a háztartások méretét is!

Jövőbeli tervek

- Hogyan lehetne a kétféle fertőzési rátára adott becslésen úgy javítani, hogy az kisebb τ értékekre is működjön?
- Hogyan tudnánk becsülni a fertőzési rátát az SI élek számának az ismerete nélkül?
- Mennyire javít a fertőzési ráta becslésén a háztartások számának ismerete, amikor a háztartásokat egy egységként kezeltük?

Felhasznált források

- Backhausz Ágnes, Bognár Edit: Járványterjedés paramétereinek becslése többretegű véletlengráf-modellekben, Kézirat
- Ágnes Backhausz, István Z. Kiss, Péter L. Simon: The impact of spatial and social structure on an SIR epidemic on a weighted multilayer network
- Wasiur R. KhudaBukhsh, Boseung Choi, Eben Kenah, and Grzegorz A. Rempała: Survival dynamical systems: individual-level survival analysis from population-level epidemic models
- Kiss, I.Z, Miller, J.C., Simon, P.L., Mathematics of Epidemics on Networks; From Exact to Approximate Models, Springer, Interdisciplinary Applied Mathematics 46, (2017).

**Köszönöm a
figyelmet!**