

Járványterjedés modellezése differenciálegyenletekkel

Andó-Kinorányi Dóra, UC9WXR

A beszámolót Nagy Noémi Hálózati folyamatok modellezése differenciálegyenletekkel című doktori értekezése alapján készítettem.

Hálózat és jelölések

A célunk, hogy járványterjedési modelleket vizsgáljunk. A betegségterjedés folyamatának modellezéséhez a hálózati struktúra, illetve a folyamat dinamikájának meghatározása szükséges.

A hálózati modelleket gráfokon vizsgálják, esetünkben a gráf csúcsai az embereket reprezentálják, és két csúc között akkor fut él, ha a csúcsoknak megfelelő személyek kapcsolatban vannak egymással. Adott továbbá a hálózatban végbemenő dinamika, amely leírja, hogy hányféle állapotban lehetnek az egyedek, illetve az állapotok közötti átmenetekre vonatkozó szabályokat.

A hálózatot egy N csúcsú gráfként tudjuk megadni, melyet felírhatunk egy G adjacencia mátrix segítségével. Feltesszük, hogy a gráf egyszerű. Megadható élsúlyozott gráf is, ahol a $p - q$ él súlya azt mutatja, hogy milyen erősséggel hat a p -edik csúc állapota a q -edik csúc állapotváltására. A hálózati dinamika modellezéséhez ismert az $\{m_1, \dots, m_M\}$ állapothalmaz, ennek elemei a csúcsok M darab lehetséges állapotát jelöli. Feleltessük meg az állapotteret az $S = \{\underline{a} = (a_1, \dots, a_N) \mid a_n \in \{m_1, \dots, m_M\}, n = 1, \dots, N\}$ halmazzal. Eszerint az állapotter M^N elemű, vagyis ennyi különböző állapotban lehet a folyamat. Egy $\underline{a} = (a_1, \dots, a_N) \rightarrow \underline{b} = (b_1, \dots, b_N)$ állapotváltás pontosan akkor következhet be, ha létezik egyetlen $n \in \{1, \dots, N\}$, melyre $a_n \neq b_n$ és $a_i = b_i$ minden $i \in \{1, \dots, N\} \setminus \{n\}$ esetén.

Egy csúc állapotváltását egy exponenciális eloszlású valószínűségi változó írja le, ahol annak a valószínűsége, hogy δt idő alatt $m_i \rightarrow m_j$ állapotváltás bekövetkezik $1 - e^{-f_{ij}\delta t}$, ahol $f_{ij} \in \mathbb{R}$ jelöli az állapotváltás rátáját. Ennek megfelelően a folyamat egy Markov-láncnak tekinthető, melynek S az állapothalmaza. Jelölje $X(t)$, hogy milyen állapotban van a sztochasztikus folyamat a t időpontban, $t \in [0, \infty)$. A folyamat jellemzésére felírhatóak az alapegyenletek, melyek egy állandó együtthatós, lineáris differenciálegyenlet-rendszert alkotnak.

Az $x_{\underline{a}}(t) = P(X(t) = \underline{a}) \forall \underline{a} \in S$ változók a fenti differenciálegyenlet-rendszer változói, és azt írják le, hogy milyen valószínűséggel van a Markov-lánc a t időpontban az \underline{a} állapotban.

SIS modell

Az egyik legegyszerűbb járványterjedési modell. Ennek során feltesszük, hogy a csúcsok két különböző állapotban lehetnek, tehát N csúc esetén az állapotter 2^N elemű. Jelöljük ezeket S -sel (egészséges állapot), illetve I -vel (beteg állapot). Az állapotok között az $S \rightarrow I$ és az $I \rightarrow S$ átmenet lehetséges. A hálózatot leíró gráf N csúcsú, és $G \in \{0, 1\}^{N \times N}$ mátrix segítségével adjuk meg, hogy mely csúcsok között vezet él. A gyógyulási rátát $\gamma > 0$, a fertőzési rátát $\tau > 0$ jelöli.

Alacsony dimenziós modellek

A csúcszám növelésével az alapegyenletek száma exponenciálisan nő N függvényében, így nagy N esetén nem tudjuk felírni, illetve numerikusan megoldani őket. Helyettük kisebb méretű közelítő

egyenleteket használunk, amik megbecsülik a folyamat néhány fontos jellemzőjét, például az átlagos betegszámot. Az egyik ilyen modell az átlagolással kapott egyenlet (mean-field):

$$[\dot{I}](t) = \tau[SI](t) - \gamma[I](t),$$

melyben $[I](t)$ jelöli, hogy a t időpontban átlagosan hány fertőzött van, illetve $[SI](t)$ jelöli az SI élek számának várható értékét a t időpontban. Mivel $[SI]$ és $[I]$ változó is ismeretlen, ezért az egyenlet nem megoldható. Az egyenlet megoldhatóságához az $[SI]$ értékét becsljük az $[I]$ változó segítségével. A becsléshez kombinatorikai eszközöket használunk, mely a következő összefüggést eredményezi: $[SI] \sim \frac{n}{N-1}[I](N - [I])$. Tehát a következő közelítő differenciálegyenletet kapjuk:

$$[\dot{I}](t) = \tau \frac{n}{N-1}[I](N - [I]) - \gamma[I](t)$$

Az $[SI]$ értékre alkalmazott közelítés azonban nem lesz pontos tetszőleges gráf esetén, mivel a beteg csúcsokat a becslés során egyenletesen elszórtan feltételezzük a gráfban, pedig azok nagyobb valószínűséggel fognak egymáshoz kapcsolódni, mint az egészséges csúcsokhoz.

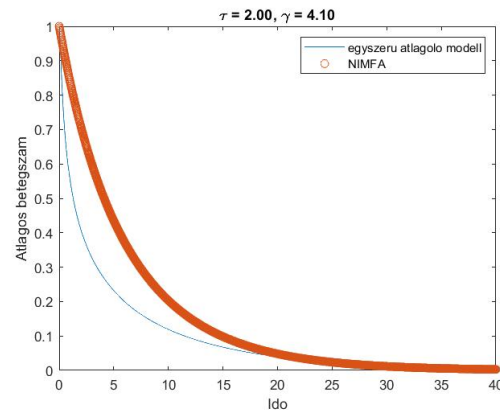
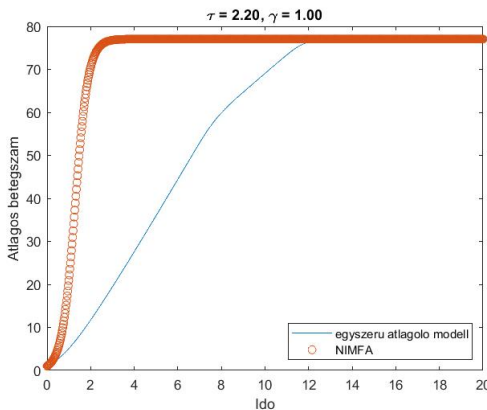
Egy másik alacsony dimenziós közelítő modell a NIMFA (N -intertwined mean-field approximation). Jelölje $x_i(t)$ annak a valószínűségét, hogy az i -edik csúcs a t időpontban beteg, illetve legyen W a hálózat adjacenciamátrixa. A NIMFA modell az alábbi:

$$\dot{x}_i = \tau \sum_{j=1}^N w_{ij}(1 - x_i)x_j - \gamma x_i, \quad i = 1, \dots, N$$

A betegek átlagos száma ekkor $I(t) = x_1(t) + \dots + x_N(t)$. N csúcsú gráf esetén N darab differenciálegyenlet megoldása szükséges hozzá.

Tekintsünk egy másik lehetséges becslést a NIMFA modellből kiindulva. Ennek során feltesszük, hogy minden csúcs ugyanolyan állapotvalószínűséggel rendelkezik átlagosan, ezt a valószínűséget jelöljük $y(t)$ -nal, - vagyis $y(t) \approx x_i(t)$, $i = 1, \dots, N$ esetén. Jelölje n az átlagos fokszámot, ekkor n becslés a W mátrix sorösszegeire. A NIMFA modell egyenletében alkalmazva a felírt becsléseket kapjuk a $\dot{y} = \tau n(1 - y)y - \gamma y$ differenciálegyenletet. Ekkor az átlagos betegszám: $\bar{I}(t) = N \cdot y(t)$. Erre a közelítésre a továbbiakban egyszerű átlagoló modellként fogunk hivatkozni.

A továbbiakban azt vizsgáltuk, hogy a NIMFA modell, illetve az egyszerű átlagoló modell ugyanazt az egyensúlyi állapotot adja-e, illetve, hogy mennyire egyeznek meg a tranzienst viselkedések különböző paraméterválasztások mellett.



A modelleket az $N = 100$ csúcsú körgráfon vizsgáltuk. A bal oldali ábrán látható, hogy $\tau = 2.2$ és $\gamma = 1$ mellett az összes egyed kb. 76.93%-a fertőződik meg, és mindkét modell ebbe az egyensúlyi állapotba áll be végül, viszont a NIMFA modell a tranzienst szakaszban hamarabb beáll az egyensúlyi állapotba. A jobb oldali ábra szerint $\tau = 2$, $\gamma = 4.1$ esetén a járvány idővel eltűnik.