

EÖTVÖS LORÁND TUDOMÁNYEGYETEM
TERMÉSZETTUDOMÁNYI KAR

Neubrandt Nándor

JÁRVÁNYTERJEDÉSI MODELLEK VIZSGÁLATA

SZAKDOLGOZAT

Matematika BSc, Elemző Matematikus szakirány

TÉMAVEZETŐ:

Dr. Csomós Petra

ALKALMAZOTT ANALÍZIS ÉS SZÁMÍTÁSMATEMATIKAI TANSZÉK



BUDAPEST, 2020

Tartalomjegyzék

1. Bevezetés	4
1.1. Az Ebola-vírus	5
1.2. A SARS-Cov-2 vírus	6
1.3. A túlsúlyosság más szemmel	6
1.4. Mobiltelefonos-vírusok terjedése	7
2. Matematikai összefoglaló	9
2.1. Differenciálegyenletek	9
2.2. Mátrixok néhány tulajdonsága	12
3. Modellek	15
3.1. SIS-modell	16
3.1.1. Az SIS-modell leírása differenciálegyenletek segítségével	17
3.1.2. Egyensúlyi helyzet és stabilitás a modellben	18
3.1.3. Jacobi-mátrix	18
3.1.4. Sajátérték számítás	19
3.2. SIR-modell	20
3.2.1. A SIR-modell leírása differenciálegyenletek segítségével	20
3.2.2. Egyensúlyi helyzet és stabilitás a modellben	21
3.2.3. Jacobi-mátrix	22
3.2.4. Sajátérték számítás	23
3.3. SEIR-modell	25
3.3.1. A SEIR-modell leírása differenciálegyenletek segítségével	25
3.3.2. Egyensúlyi helyzet és stabilitás a modellben	26

3.3.3.	Jacobi-mátrix	27
3.3.4.	Sajátérték számítás	28
4.	Vírusok elemzése a modellek segítségével	33
4.1.	Túlsúlyosság modell	33
4.2.	Mobiltelefonos-vírus modell	35
4.3.	Ebola modell	36

Köszönetnyilvánítás

Ezúton szeretném megköszönni Dr. Csomós Petra tanárnőnek, hogy elvállalta a dolgozat témavezetését és folyamatos tanácsaival segítette a dolgozat elkészülését. Valamint ezúton szeretném megköszönni a munkáját minden tanáromnak aki foglalkozott velem a tanulmányaim során.

Továbbá szeretném kifejezni hálám és köszönetem hozzátartozóimnak, a családomnak a megértésért, türelemért és támogatásért, amit felém intéztek az eddigi tanulmányaim során.

1. fejezet

Bevezetés

„Minden, amit nem értesz, veszélyes, amíg meg nem érted.”

Larry Niven

Amióta létezik emberi civilizáció, mindig is fenyegették különböző járványok az embereket [12]. Az emberiség történelmében több nagyobb változást is járványoknak köszönhetünk: mint például a fedett csatorna hálózatok kialakítása a városainkban, vagy a HIV fertőzés okozta AIDS betegség miatt a magasabb fokú védekezés a testi kapcsolatoknál.

Az emberiség történelmében, a nagy világjárványoktól eltekintve is, egészen a közelmúltig, a legtöbb halált a fertőző betegségek okozták. Még a világháborúk pusztításai sem érték el a betegségek emberáldozatainak számát. Emberek milliói veszítették életüket, messze nem a SARS-Cov-2 vírus eddig a legtöbb áldozatot követelő vírus ebben a felfogásban.

Például ki ne emlékezne a történelemórán oly sötétként ábrázolt középkorra, ahol a patkányok, a szemét és a pestis a mindennapok része volt? A feketehalálként is ismert betegség milliók halálát okozta. Talán kevésbé közzismert, hogy ebben az időszakban alakult ki az a ma is használatos módszer, amit karanténnak hívunk. A szó eredetileg negyvenet jelent, ugyanis negyven napra zárták be azokat a családokat, amelynek tagja vagy tagjai megbetegedtek. A pestis mellett az egyik legpusztítóbb vírusként tartják számon a fekete himlőt, hiszen közel 300 millió áldozattal járt a történelem során. Ráadásul aki meggyógyult a betegségből, az is egy életen át viselte

bőrén a jeleit. A betegség magas lázzal, fejfájással, majd végül kiütésekkel járt, aminek nyomai sosem múltak el. 1979-ben a WHO jelentésben közölte, hogy sikerült véglegesen megfékeznie a betegséget. A járvány itthon is szedte áldozatait, sajnos sokszor azok sem kerültek el hatásait, akik túléltek a betegséget. Kölcsey Ferenc például ennek a betegségnek a hatására veszítette el fél szemét.

De nem csak embereken terjedhet a járvány: például a H1N1-et vagy madárinfluenzát sokan a XXI. század első igazi világjárványának tartják. 2009-ben és '10-ben ez okozta a legtöbb megbetegedést. Azért volt különösen veszélyes, mert míg más vírusok általában két genetikai elem kombinációját tartalmazzák, a madárinfluenza négyet, amiből kettő sertésinfluenza, egy madár- és egy humán jellegű. A vírus kiindulását nem tudják pontosan meghatározni, de valószínűleg Mexikóból származik, és feltételezhetően sertések terjesztették el az emberek között.

A járványterjedés matematikai eszközökkel való vizsgálatát már 1927-ben Kermack és McKendick megkezdte, ezek a modellek az évek során egyre komplexebbek, de egyre pontosabb képet adnak matematikailag arról, hogyan terjednek az egyes betegségek. Alábbiakban néhány betegséget ismertetek, amelyek különböző módon terjednek. Szakdolgozatomban ezen vírusok terjedéséhez matematikai modellezésével foglalkoztam.

1.1. Az Ebola-vírus

Az Ebola-vírus ritka, de nagyon nagy kockázatú vírus, amely gyakran halálhoz is vezethet [11]. A kórokozót Afrika dzsungleiben vadon élő állatfajok hordozzák (pl. denevérek, majmok, erdei antilopok, stb), az emberre ezen állatokkal való kapcsolat közben terjed át, például tetemükkel való érintkezés, vérükkel vagy váladékukkal való közvetlen kapcsolat következtében. Az emberek között is terjed a betegség hasonlóképpen, ha testváladékukkal (nyállal, vizelettel, vérrel, stb) való közvetlen érintkezés tapasztalható. Az Ebola-vírus nem terjedhet levegőn keresztül, nem hasonlít cseppfertőzőes vírusokra.

A betegség a fertőzést követően 2-21 nap lappangási idő után erős tü-

netekkel jelentkezik, amelyek lehetnek láz, izomfájdalom, gyengeség, fej- és torokfájás. A tünetek a következő időintervallumban súlyosbodnak és felléphet hányás, hasmenés, károsodhat a máj és a vesefunkciók.

A betegség ellen jelenleg nem létezik vakcina, sem célzott terápia, csak tüneti kezelés.

1.2. A SARS-Cov-2 vírus

A Covid-19 [10] egy cseppfertőzéssel terjedő vírusos, légúti és légzőszervi megbetegedés, amelyet a SARS-Cov-2 nevű koronavírus okoz. Az Egészségügyi Világszervezet 2020. március 11-én hirdette ki a betegség okozta világjárvány megjelenését. Jelenleg a betegség kezelésére hatásos gyógyszer és esetleges védőoltások tesztelési fázisuk miatt még nem teljes körben elfogadottak.

A Covid-19 megbetegedés legnagyobb számban előforduló tünetei: láz, orrfolyás, fáradtság, száraz köhögés, szaglász és ízlelés hiánya, légszomj. Lappangási ideje a 2-14 nap közé tehető. A betegség erőteljesebb megjelenése, és magasabb halálozási kockázata az idősebb korosztályra jellemző. A koronavírus súlyos szövődménye a tüdőgyulladás (Novel Coronavirus-Infected Pneumonia-NCIP): magas láz, száraz köhögés, izomfájdalom, fáradékonyság és légzési nehézségek.

A következő két „vírusra” Barabási Albert-László: A hálózatok tudománya [1] című könyvének olvasása közben találtam rá.

1.3. A túlsúlyosság más szemmel

A fertőző betegségek – influenza, SARS, AIDS – a kórokozók átadásával terjednek. De vajon lehet-e köze az ismeretségi hálózatunknak ahhoz, hogy egyes nem fertőző betegségeket milyen mértékben kaphatunk meg? A legfrissebb kutatások szerint az ismeretségi hálózatunk befolyásolhatja a boldogság, depresszió, viselkedési szokások vagy akár a dohányzásról illetve

alkoholról való leszokásunkat is.

A túlsúlyosság az egyén testtömegindexével (body mass index, BMI) határozható meg. Az index sok különböző faktorokból áll, össze amelyek magukba foglalják az öröklött tulajdonságokon kívül az étrenden és a testmozgáson keresztül számos egyéb adatot is. A mérések azt mutatják, hogy barátaink is fontos szerepet játszanak ebben a mutatóban. Egy 5209 férfiből és nőből álló ismeretségi hálózat vizsgálata [3] szerint ha a barátaink közül egyvalaki túlsúlyos, akkor 57 százalékkal nő annak az esélye, hogy a mostanitól számított két és négy év között nekünk is gyarapodik a súlyunk. A kutatás 32 évnél idősebb emberekről szól. Ez a szám a baráti kötődés mértékében változhat. Ezek szerint a túlsúly igazából hasonlóképpen „fertőz” mint a vírusok, pedig nincs az egyik emberről a másikra átvívó vírustörzs.

1.4. Mobiltelefonos-vírusok terjedése

Felgyorsult világunkban nagy hangsúlyt kap a digitalizáció. A számítógépeken jelenlévő vírusok igazából programok, amelyek képesek átmásolni magukat az egyik gépről a másikra. A terjedés szabályszerűségei nagy hasonlóságot mutatnak az emberi vírusok fertőzéséhez. [1] A digitális vírusoknak sok egyedi tulajdonságuk van, ezeket a mögöttük álló technológia határozza meg. Mivel a mobiltelefonok a tudomány fejlődésével kézi számítógépekké váltak, az okostelefonokat megfertőző vírusok is egyre nagyobb elterjedésnek örvendenek.

A mobil vírusok továbbadása két fő kommunikációs csatornán lehetséges.

Az első lehetőség a Bluetooth (BT)-vírusok. Az ilyen vírussal megfertőződött telefon kb. 10-30 méteres környezetében minden telefont meg tud fertőzni. Mivel ehhez a kapcsolathoz elengedhetetlen a fizikai közelség, ez a típus nagyon nagy mértékben hasonlít az influenzához vagy egyéb cseppfertőzéses járványhoz.

A második lehetőség az MMS által terjesztett vírus, amely az adott

fertőzött telefonban tárolt minden hívószámot képes megfertőzni. Ezért ennek a vírusnak a terjedése a földrajzi elhelyezkedéstől független. Következésképpen az MMS-vírusok terjedése hasonló a számítógépes vírusok terjedésének szabályszerűtlenségeihez.

A következő fejezetben a modellekhez használt matematikai tudást gyűjtöttem össze. A 3. fejezet a bemutatott vírusok terjedésére felírt modellek felépítését és stabilitását vizsgálja. A 4. fejezetben az itt felsorolt vírusokra írt, saját fejlesztésű MATLAB kódokat vetem össze a felépített modellekkel. A szakdolgozat végén található függelék tartalmazza az általam megírt kódokat.

2. fejezet

Matematikai összefoglaló

Az alábbiakban összefoglalom a modellekhez felhasznált matematikai definíciókat és tételeket. Az összefoglalóhoz a következők szolgáltak segítségemre: [7], [9], [8], [2], [6].

2.1. Differenciálegyenletek

1. Definíció. Differenciálegyenlet: Legyen $F: \mathbb{R}^{n+2} \rightarrow \mathbb{R}$ folytonos függvény és $X: \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ folytonosan differenciálható függvény. Ekkor az $F(t, X(t), \dots, X^{(n)}(t)) = 0$ feladatot az $X(t)$ ismeretlen függvényre vonatkozó n -edrendű közönséges differenciálegyenletnek nevezzük.

1. Tétel. Átviteli elv: Minden n -ed rendű lineáris differenciálegyenlet átírható n darab elsőrendű egyenletből álló differenciálegyenlet rendszerré a következő képpen:

Az explicit n -edrendű differenciálegyenlet az

$$\begin{cases} x_1 = X \\ x_2 = \dot{X} \\ \vdots \\ x_n = X^{(n-1)} \end{cases}$$

új függvény bevezetésével az alábbi rendszerré alakítható:

$$\begin{cases} \dot{x}_1(t) = X_2(t) \\ \dot{x}_2(t) = X_3(t) \\ \vdots \\ \dot{x}_n(t) = f(t, X(t), X_2(t), \dots, X_{(n-1)}(t)) \end{cases}$$

2. Definíció. Kezdeti feltétel: Az $\dot{x}(t) = f(t, x(t))$ differenciálegyenletnek az $x(t_0) = x_0 \in \mathbb{R}^n$ plusz feltételét kezdeti feltételnek nevezzük.

3. Definíció. Lipschitz-folytonos: Az $f: \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ függvényt a $\theta \subset \mathbb{R}^n$ halmazon a második változójában Lipschitz-folytonosnak nevezzük, ha létezik olyan $L > 0$ állandó, amelyre

$$|f(t, p_1) - f(t, p_2)| \leq L|p_1 - p_2|$$

teljesül minden $(t, p_1), (t, p_2) \in \theta$ pontra.

4. Definíció. Pálya: Legyen p egy dinamikai rendszer $\{\phi(t, p) : t \in \mathbb{R}\} \subset \mathbb{R}^n$ görbét a $p \in \mathbb{R}^n$ pont pályájának nevezzük.

2. Tétel. Cauchy-Peano: Legyen adott az $U \subset \mathbb{R}^2$ nyílt halmaz és az $f: U \rightarrow \mathbb{R}$ függvény. Feltesszük, hogy az f függvény folytonos U -n.

Ekkor bármilyen $(t_0, x_0) \in U$ esetén a

$$\begin{cases} \dot{x}(t) = f(x(t)) \\ x(t_0) = x_0 \end{cases}$$

kezdetiérték problémának létezik megoldása a $(t_0 - \epsilon, t_0 + \epsilon)$ intervallumon valamely $\epsilon > 0$ esetén.

3. Tétel. Picard-Lindelöf: Legyen $f: \mathbb{R}^{n+1} \rightarrow \mathbb{R}$ a második változójában Lipschitz-folytonos. Ekkor a differenciálegyenlet megoldása lokálisan egyértelmű

$$\begin{cases} \dot{x}(t) = f(t, x(t)) \\ x(t_0) = x_0 \end{cases}$$

5. Definíció. Autonóm közönséges differenciálegyenlet rendszer: Tekintsük a következő egyenletet $\dot{x}(t) = f(x(t))$, ahol $x: \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}^n$ és $f: \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$. Ezt nevezzük autonóm közönséges differenciálegyenletnek.

Megjegyzem, hogy ha $\tau \in \mathbb{R}$ tetszőleges, akkor $y(t) = x(t + \tau)$ is megoldás lesz. Illetve legyen $\phi(t, p)$ az $\dot{x}(t) = f(x(t))$, ahol $x(t_0) = p$ egyenletrendszer megoldása. Ekkor igaz, hogy $\phi(t + s, p) = \phi(t, \phi(s, p))$ minden $t, s \in \mathbb{R}$ és $p \in \mathbb{R}^n$ esetén.

Az ilyen tulajdonságú $\phi: \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ függvényeket dinamikai rendszernek nevezzük.

6. Definíció. Egyensúlyi pont: Legyen $f: \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ differenciálható függvény. Ekkor az $\dot{x}(t) = f(x(t))$ közönséges differenciálegyenlet egyensúlyi pontjának nevezzük azon $x^* \in \mathbb{R}^n$ pontot, amire $f(x^*) \equiv 0 \in \mathbb{R}^n$ teljesül, azaz időben állandó megoldás ($x(t) = x^*$ minden t -re).

4. Tétel. Aszimptotikus stabilitás: Tegyük fel, hogy $f: \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ kétszer folytonosan differenciálható függvény és $x^* \in \mathbb{R}^n$ a 2. Tétel. egyensúlyi helyzete.

Ekkor ha az $\dot{f}(x^*) \in \mathbb{R}^{n \times n}$ mátrix λ_i sajátértékeire $\operatorname{Re} \lambda_i < 0$ minden $i = 1, \dots, n$ teljesül, akkor az x^* egyensúlyi helyzet aszimptotikusan stabil.

5. Tétel. Instabilitás: Tegyük fel, hogy $f: \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ kétszer folytonosan differenciálható függvény és $x^* \in \mathbb{R}^n$ a 2. Tétel. egyensúlyi helyzete.

Ekkor ha az $\dot{f}(x^*) \in \mathbb{R}^{n \times n}$ mátrix λ_i sajátértékei között létezik olyan, amelyre $\operatorname{Re} \lambda_i > 0$ teljesül, akkor az x^* egyensúlyi helyzet instabil.

6. Tétel. Alaprendszer alakja: Ha az egyenletrendszer előáll a következő alakban $\dot{x}(t) = Ax(t)$, ahol $A \subset \mathbb{R}^n$ konstans mátrix, akkor az alaprendszere $\Psi(t) = e^{At}$ alakú, azaz minden megoldás előáll $x(t) = e^{At}c$ alakban, ahol $c \in \mathbb{R}^n$ és $x(0) = c$.

A következő definíció a 3. fejezetben lévő levezetésekben lesz kiemelt fontosságú.

7. Definíció. *Jacobi-mátrix:* A *Jacobi-mátrix* egy vektor értékű függvény elsőrendű parciális deriváltjait tartalmazó mátrix. Legyen $f: \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ függvény:

$$f(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) = \begin{pmatrix} f_1(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) \\ f_2(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) \\ f_3(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) \\ \vdots \\ f_n(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) \end{pmatrix},$$

Ezek alapján készítünk egy mátrixot, amely tartalmazza a függvény parciális deriváltjait:

$$\dot{f}(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) = \begin{pmatrix} \partial_{x_1} f_1 & \partial_{x_2} f_1 & \partial_{x_3} f_1 & \dots & \partial_{x_n} f_1 \\ \partial_{x_1} f_2 & \partial_{x_2} f_2 & \partial_{x_3} f_2 & \dots & \partial_{x_n} f_2 \\ \partial_{x_1} f_3 & \partial_{x_2} f_3 & \partial_{x_3} f_3 & \dots & \partial_{x_n} f_3 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \partial_{x_1} f_n & \partial_{x_2} f_n & \partial_{x_3} f_n & \dots & \partial_{x_n} f_n \end{pmatrix},$$

ezt hívjuk az f függvény *Jacobi-mátrixának* vagy *deriváltmátrixának*.

2.2. Mátrixok néhány tulajdonsága

A 3. fejezet levezetéseihez lineáris algebrai alapokat ebben a részben vezetem be. A vizsgálatokhoz Kiss Emil: Bevezetés az algebrába [5] című könyvében lévő definíciók és tételek szükségesek.

8. Definíció. *Sajátérték, sajátaltér, sajátvektor:* Egy $\lambda \in \mathbb{C}$ skalárt az $A \in \mathbb{C}^{n \times n}$ mátrix sajátértékének nevezzük, ha létezik olyan $v \in \mathbb{C}^n$ nem nulla vektor, amelyre $Av = \lambda v$ teljesül. Az ilyen v vektorokat az A mátrix λ sajátértékéhez tartozó sajátvektorának nevezzük. Ezen vektorok és null-

vektorok által alkotott alteret pedig a λ sajátvektorhoz tartozó sajátalterének hívjuk.

7. Tétel. Minden sajátvektorhoz csak egy sajátérték tartozik.

9. Definíció. Karakterisztikus polinom: Legyen az A mátrix:

$$A = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & \dots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \dots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1} & a_{n2} & \dots & a_{nn} \end{pmatrix}$$

valamely $a_{i,j} \in \mathbb{C}$ számokra, ahol $i, j = 1, 2, \dots, n \in \mathbb{N}$. Ekkor az A mátrix karakterisztikus polinomja:

$$k_A(\lambda) = \det(A - \lambda I) = \begin{vmatrix} a_{11} - \lambda & a_{12} & \dots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} - \lambda & \dots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1} & a_{n2} & \dots & a_{nn} - \lambda \end{vmatrix}$$

polinom ahol $|\cdot|$ a mátrix determinánsát jelöli.

1. Állítás. Sajátérték meghatározása: Az A mátrix sajátértékeit úgy határozhatjuk meg, hogy a mátrix karakterisztikus polinomját nullával tesszük egyenlővé, mivel sajátértékek a mátrix karakterisztikus polinomjának zérushelyei.

8. Tétel. Sajátérték és determináns kapcsolata: Egy $\lambda \in \mathbb{C}$ skálár akkor és csak akkor sajátértéke az A mátrixnak, ha az $A - \lambda I$ mátrix determinánsa nulla, ahol I az egységmátrixot jelöli.

9. Tétel. Kifejtési tétel: Legyen $A = ((a_{ij})) \in \mathbb{C}^{n \times n}$ egy $n \times n$ -es mátrix. Ekkor az A mátrix determinánsát a következőképpen kaphatjuk meg:

$$\det(A) = \sum_{n=1}^n (-1)^{i+j} a_{ij} \det(A_{ij}),$$

ahol a $\det(A_{ij})$ az a_{ij} elemhez tartozó aldetermináns, amely a következőképpen kapható meg:

- a mátrixból elhagyjuk az i -edik sort és a j -edik oszlopot,
- a kapott $(n-1) \times (n-1)$ -es mátrix determinánsát megszorozzuk $(-1)^{i+j}$ -
nal

3. fejezet

Modellek

Kermack és McKendrick már 1927-ben tanulmányozta a fertőző betegségek időbeli lefolyását. [4] Ez a tanulmány szolgált alapjául a későbbi járványterjedési és fertőzésleírási matematikai modelleknek. Ebben a fejezetben az ehhez kapcsolódó alapvető modelleket mutatjuk be. Ehhez a populáció egyedeit különböző osztályokba soroljuk:

- a fertőzhetőket S osztállyal jelöljük (angolul: susceptibles);
- azon fertőzöttek E osztálya, akik lapangási idő alatt fertőznek, de még nem jelennek meg rajtuk a tünetek (angolul: exposed);
- a fertőzőket I osztállyal jelöljük (angolul: infectives);
- az valamilyen módon nem fertőzőket és nem fertőzhetőket R osztállyal jelöljük (angolul: removed);

Az egyes osztályok egyedszámát egy adott $t \geq 0$ időpillanatban ezekkel a függvényekkel fogjuk jelölni (pl. $S = S(t)$, $E = E(t)$...). Ezek összege $S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$ a teljes populáció méretét adja meg a $t \geq 0$ időpillanatban. Az SIR-modell nem tartalmazza az E osztályt. Az R osztály magába foglal minden olyan egyedet, akik karanténba kerültek, immunizáltak, illetve a modellekben ide soroljuk azokat az egyedeket, akik elhunytak. Az I csoportban lehetnek olyan egyedek is, akik nem mutatnak tünetet, de hordozzák a vírust, így terjesztik is. Ebben az esetben nagyon magas a fertőzés veszélye, mivel esetleg nem is tudják magukról, hogy fertőzők, így nem szeparálják el magukat a populációtól, és ezzel növelik a

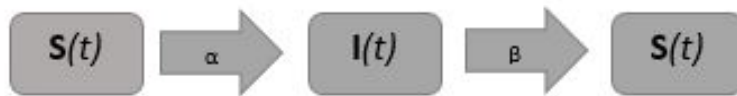
fertőzés gyorsaságát. Összetettebb modellekben tovább is lehet bontani ezeket az osztályokat, ezzel még precízebb modellt kaphatunk. Ilyenek például a nemi betegségek, ahol külön kell venni a férfiak és a nők csoportját. Általában is új osztályt lehet generálni, ha egy osztályon belül (pl. társadalmi réteg, korosztály, stb) fertőzés/fertőződés szempontjából máshogy reagál vagy élesen elkülönül az egész populációtól.

A klasszikus Kermack–McKendrick-modell [4] és további változataik figyelmen kívül hagynak egy sor lehetséges tulajdonságot, mint a kor, földrajzi helyzet, egyéb betegségek, különböző fertőzési szintek, fizikai állapot. Ezek az esetek azonban kivezetnek a közönséges differenciálegyenletek köréből, és az ilyen problémákkal a parciális differenciálegyenletek foglalkoznak.

Ebben a fejezetben három McKendricktől és Kermacktól származó modellt mutatunk be.

Ehhez a részhez az alábbi szakirodalmakat használtam fel: Kermack, W.O, McKendick, A.G. [4] illetve Csomós Petra: Folytonos modellezés jegyzet [2]

3.1. SIS-modell



3.1. ábra. SIS-modell

Ebben a modellben két csoportra bontjuk a populáció egyedeit, a képen az előbb ismertetettek szerint $S(t)$ -vel jelöljük a megfertőzhetőket, $I(t)$ -vel a fertőzötteket. A két osztály közötti egyedek áramlását mutatja be a 3.1 ábra, ezek alapján $S(t)$ -ből $I(t)$ -be kerülnek át azok az egyedek akik egész-

ségesek voltak de megfertőződtek. $I(t)$ -ből pedig azok akik felgyógyultak a betegségből, visszakerülnek $S(t)$ -be. Az egyes csoportba átkerült egyede-
ket arányosági tényezővel jelöljük, ahol α a megbetegedési ráta, β pedig a
gyógyulás rátája..

3.1.1. Az SIS-modell leírása differenciálegyenletek segítségével

Ez az egyszerű modell felírható két egyenlet segítségével, ez a kiindulólé-
helyzetünk. Mivel az adott t időpillanatban az I csoportot az határozza
meg milyen arányban kerülnek vissza belőle az S csoportba, illetve az S
csoportban milyen arányban betegednek meg az emberek. Ugyan ezzel a
meggondolással felírható S csoport is a t időpillanatban, ez alapján a két
egyenlet a következő:

$$\begin{cases} \dot{S}(t) = -\alpha S(t)I(t) + \beta I(t) \\ \dot{I}(t) = \alpha S(t)I(t) - \beta I(t). \end{cases} \quad (3.1)$$

Az egyenletrendszerre igazak az alábbiak:

1. $\alpha, \beta > 0$ és előre megadott paraméterek,
2. $\dot{x}(t) = f(x(t))$, ahol $f: \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}^2$,
3. $x(t) = \begin{pmatrix} S(t) \\ I(t) \end{pmatrix}$, $x: \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}^2$.

Összeadva a két egyenletet:

$$\dot{S}(t) + \dot{I}(t) = (-\alpha S(t)I(t) + \beta I(t)) + (\alpha S(t)I(t) - \beta I(t))$$

$$\dot{S}(t) + \dot{I}(t) = (S(t) + I(t))' = 0$$

Ebből következik, hogy a modellben lévő egyedek száma állandó minden
időpillanatban:

$$S(t) + I(t) = N \text{ (ahol } N \text{ állandó minden } t \geq 0 \text{ esetén)}$$

3.1.2. Egyensúlyi helyzet és stabilitás a modellben

10. Tétel. *A betegségmentes állapot instabil ($I^* = 0$) egyensúlyi helyzet. Jelölje az egyensúlyi helyzetet x^* .*

Egyensúlyi helyzet jellemzése:

1. $f(x^*) = 0 \in \mathbb{R}^2$
2. $x^* = (S^*, I^*) \in \mathbb{R}^2$

Visszahelyettesítünk az alapegyenletbe (3.1):

$$f(S^*, I^*) = \begin{pmatrix} -\alpha S^* I^* + \beta I^* \\ \alpha S^* I^* - \beta I^* \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}.$$

Ami tehát az alábbi algebrai egyenletrendszerre vezet:

$$\begin{cases} -\alpha S^* I^* + \beta I^* = 0 \rightarrow S^* \in \mathbb{R} \\ \alpha S^* I^* - \beta I^* = 0 \rightarrow I^* = 0 \end{cases} \quad (3.2)$$

Ezek alapján az egyensúlyi helyzet a következő:

$$x^* = (S^*, 0)$$

Ahol $S^* \geq 0$ tetszőleges érték. Ez tehát a betegségmentes egyensúlyi helyzet, mivel $I^* = 0$.

3.1.3. Jacobi-mátrix

A Jacobi-mátrix a 7. Definíció. alapján a sajátértékek meghatározásához szükséges, amely segítségével lehet eldönteni az egyensúlyi helyzetről a stabilitását. 5. Tétel., 4. Tétel.

$$f(S(t), I(t)) = \begin{pmatrix} -\alpha S(t)I(t) + \beta I(t) \\ \alpha S(t)I(t) - \beta I(t) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} f_1(S(t), I(t)) \\ f_2(S(t), I(t)) \end{pmatrix}$$

Ebből a Jacobi-matrix:

$$\dot{f}(S(t), I(t)) = \begin{pmatrix} \partial_S f_1 & \partial_I f_1 \\ \partial_S f_2 & \partial_I f_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\alpha I(t) & \beta \\ \alpha I(t) & -\beta \end{pmatrix}$$

A Jacobi mátrix és az egyensúlyi helyzet behelyettesítése:

$$\dot{f}(x^*) = \dot{f}(S^*, 0) = \begin{pmatrix} 0 & \beta \\ 0 & -\beta \end{pmatrix} =: A_1$$

3.1.4. Sajátérték számítás

Tudjuk a 8. Definíció alapján a λ sajátértékek az alábbi módon állnak elő:

$$\det(A_1 - \lambda I) = 0.$$

Kiszámítjuk a determinánst:

$$\begin{vmatrix} -\lambda & \beta \\ 0 & -\beta - \lambda \end{vmatrix} = ((-\lambda)(-\beta - \lambda) - (\beta)(0)).$$

Tehát a megoldandó egyenlet a következő:

$$-\lambda(\beta - \lambda) = 0.$$

Ezek alapján a sajátértékek a következők:

$$\lambda_1 = 0 \rightarrow \operatorname{Re} \lambda_1 = 0$$

$$\lambda_2 = \beta \rightarrow \operatorname{Re} \lambda_2 = \beta > 0.$$

Tehát az 5. Tétel (Instabilitási tétel) szerint, az $x^* = (S^*, 0)$ egyensúlyi pont instabil, mert létezik olyan sajátértéke, amelynek van nullánál nagyobb valós része.

3.2. SIR-modell



3.2. ábra. SIR-modell

Ebben a modellben három csoportra bontjuk a populációt, a képen az előbb ismertetettek szerint $R(t)$ -vel jelöljük a már nem fertőzhetőket. A csoportok közötti átjárás menetét mutatja be a 3.2 ábra, hogy melyik csoportból hogyan lehet átkerülni egy másik csoportba, ezeket az arányossági tényezőket α, β jelöltem.

3.2.1. A SIR-modell leírása differenciálegyenletek segítségével

A modell felírható három egyenlet segítségével, ez a probléma kiinduló helyzete. Például az I csoportot egy adott t időpillanatban az határozza meg belőle hányan távoznak az R csoportban, ami az I csoport egyedszámától függ, illetve hányan kerülnek át S csoportból I csoportba, amely attól függ mennyien tudnak fertőzni (tehát mekkora az I csoport egyedszáma), illetve hány potenciális fertőző van (S egyedszáma). Hasonlóan

meggondolható a másik két egyenlet is.

$$\begin{cases} \dot{S}(t) = -\alpha S(t)I(t) \\ \dot{I}(t) = \alpha S(t)I(t) - \beta I(t) \\ \dot{R}(t) = \beta I(t) \end{cases} \quad (3.3)$$

Az egyenletrendszerre igazak az alábbi állítások:

1. $\alpha, \beta > 0$ és előre megadott paraméterek,
2. $\dot{x}(t) = f(x(t))$, ahol $f: \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}^3$,
3. $x(t) = \begin{pmatrix} S(t) \\ I(t) \\ R(t) \end{pmatrix}$, $x: \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}^3$.

Összeadva a három egyenletet:

$$\dot{S}(t) + \dot{I}(t) + \dot{R}(t) = (-\alpha S(t)I(t)) + (\alpha S(t)I(t) - \beta I(t)) + (\beta I(t))$$

$$\dot{S}(t) + \dot{I}(t) + \dot{R}(t) = (S(t) + I(t) + R(t))' = 0$$

Ebből következik, hogy a populáció állandó minden időpillanatban:

$$S(t) + I(t) + R(t) = N \text{ (ahol } N \text{ állandó, minden } t \geq 0)$$

3.2.2. Egyensúlyi helyzet és stabilitás a modellben

A betegségmentes x^* egyensúlyi helyzet (10) instabil, vizsgáljuk meg az általános esetet.

Egyensúlyi helyzet jellemzése:

- 1, $f(x^*) = 0 \in \mathbb{R}^3$
- 2, $x^* = (S^*, I^*, R^*) \in \mathbb{R}^3$

Visszahelyettesítünk az alapegyenletbe:

$$f(S(t), I(t), R(t)) = \begin{pmatrix} -\alpha S(t)I(t) \\ \alpha S(t)I(t) - \beta I(t) \\ \beta I(t) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

$$\begin{cases} -\alpha S(t)I(t) = 0 \rightarrow S^* \in \mathbb{R} \\ \alpha S(t)I(t) - \beta I(t) = 0 \rightarrow S^* \in \mathbb{R} \\ \beta I(t) = 0 \rightarrow I^* = 0 \end{cases} \quad (3.4)$$

Ebból az egyensúlyi helyzet:

$x^* = (S^*, 0, R^*)$; ahol $S^*, R^* \geq 0$ tetszőleges értékek.

Ami azonos a következővel, mivel ha az $I^* = 0$, akkor az egyenlet a következő $S^* + R^* = N$, amiből már könnyen látni:

$x^* = (S^*, 0, N - S^*)$; ahol $S^*, \geq 0$

3.2.3. Jacobi-mátrix

A Jacobi-mátrix a 7. Definíció. alapján a sajátértékek meghatározásához szükséges, amely segítségével lehet eldönteni az egyensúlyi helyzetről a stabilitását. 5. Tétel., 4. Tétel.

$$f(S(t), I(t), R(t)) = \begin{pmatrix} -\alpha S(t)I(t) \\ \alpha S(t)I(t) - \beta I(t) \\ \beta I(t) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} f_1(S(t), I(t), R(t)) \\ f_2(S(t), I(t), R(t)) \\ f_3(S(t), I(t), R(t)) \end{pmatrix}.$$

Ebből a Jacobi-matrix:

$$\dot{f}((S(t), I(t), R(t))) = \begin{pmatrix} \partial_S f_1 & \partial_I f_1 & \partial_R f_1 \\ \partial_S f_2 & \partial_I f_2 & \partial_R f_2 \\ \partial_S f_3 & \partial_I f_3 & \partial_R f_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\alpha I(t) & -\alpha S(t) & 0 \\ \alpha I(t) & \alpha S(t) - \beta & 0 \\ 0 & \beta & 0 \end{pmatrix}.$$

Az egyensúlyi helyzet behelyettesítése a Jacobi-mátrixba:

$$\dot{f}(x^*) = \dot{f}(S^*, 0, N - S^*) = \begin{pmatrix} 0 & -\alpha S^* & 0 \\ 0 & \alpha S^* & 0 \\ 0 & \beta & 0 \end{pmatrix} =: A_2$$

3.2.4. Sajátérték számítás

Tudjuk 8. Definíció alapján hogy a λ sajátértékek az alábbi módon állnak elő:

$$\det(A_2 - \lambda I) = 0.$$

Kiszámítjuk a determinánst az első sor szerint:

$$\begin{vmatrix} -\lambda & -\alpha S^* & 0 \\ 0 & \alpha S^* - \lambda & 0 \\ 0 & \beta & -\lambda \end{vmatrix} = (-\lambda) \begin{vmatrix} \alpha S^* - \lambda & 0 \\ \beta & -\lambda \end{vmatrix} - (-\alpha S^*) \begin{vmatrix} 0 & 0 \\ 0 & -\lambda \end{vmatrix}$$

Ebből már könnyen látható:

$$(-\lambda)((\alpha S^* - \lambda)(-\lambda) - (\beta)(0)) - 0.$$

Tehát az egyenlet így alakul:

$$(-\lambda^2)(\alpha S^* - \lambda) = 0 \rightarrow \lambda^2(\alpha S^* - \lambda) = 0.$$

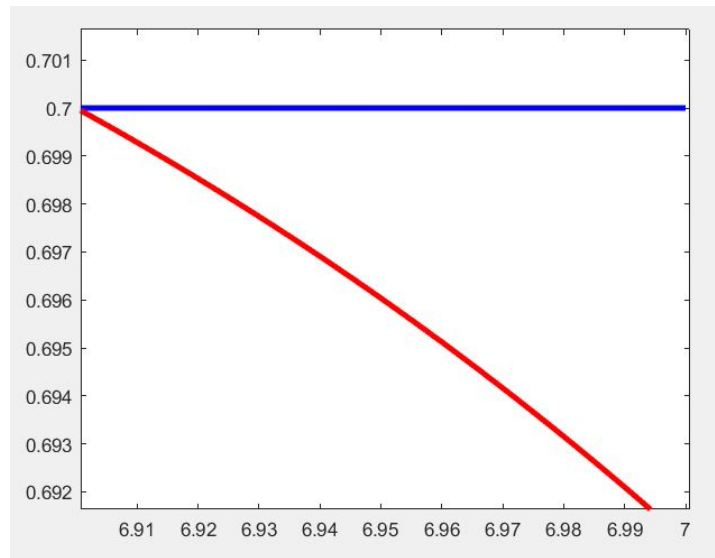
Ezek alapján a sajátértékek:

$$\lambda_1 = 0 \rightarrow \operatorname{Re} \lambda_1 = 0$$

$$\lambda_2 = 0 \rightarrow \operatorname{Re} \lambda_2 = 0$$

$$\lambda_3 = \alpha S^*; \alpha > 0$$

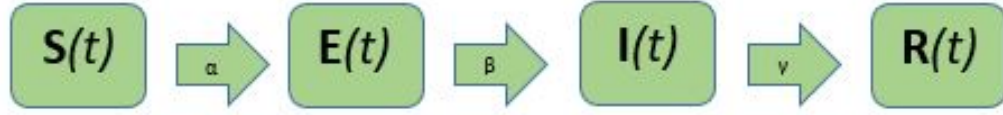
Ahol $S^* \geq 0$, mivel csak ekkor beszélhetünk populációról, ezért az egyensúlyi pont az SIR-modellben az 5. Tétel (Instabilitási tétel) miatt instabil.



3.3. ábra. SIR-modell egyensúlyi helyzetének vizsgálata

Ennek szemléltetésére írtam a MATLAB-ban egy kódot, amely azt mutatja meg a 3.3 ábrán, mi történik, ha egy nagyon kicsi eltéréssel indítjuk el a folyamatot. az egyensúlyi helyzethez képest. A kék vonal szemlélteti az egyensúlyi helyzetet, amely jól láthatóan időben állandó. (A képen $S^* = 0,7$ és $\epsilon = 0,01$) A piros vonal szemlélteti ha az egyensúlyi helyzet-től eltérően indított megoldást. Jól látszik hogy a piros vonal eltart a kék vonaltól az idő múlásával, ami azt szemlélteti, hogy az egyensúlyi helyzet tényleg instabil.

3.3. SEIR-modell



3.4. ábra. SEIR-modell

Ebben a modellben négy csoportra bontjuk a populációt, és ezek a csoportok adják a modellünk alapjait, a 3.4 ábra azt próbálja megmagyarázni melyik csoportból melyikbe hogyan lehet átkerülni. Az eddig megszokott csoportok mellé az $E(t)$ csoportot vettük fel, amely azon fertőzöttek osztálya, akik nem fertőznek. Itt az α, β paraméterek mellé fel kell vennünk egy harmadik γ paramétert a folyamatok számának növekedése miatt.

3.3.1. A SEIR-modell leírása differenciálegyenletek segítségével

SEIR-modell négy differenciálegyenlet segítségével írható fel:

$$\begin{cases} \dot{S}(t) = -\alpha S(t)I(t) \\ \dot{E}(t) = \alpha S(t)I(t) - \beta E(t) \\ \dot{I}(t) = \beta E(t) - \gamma I(t) \\ \dot{R}(t) = \gamma I(t) \end{cases} \quad (3.5)$$

Az egyenletrendszerre igazak az alábbi állítások:

1. $\alpha, \beta, \gamma > 0$ és előre megadott paraméterek,
2. $\dot{x}(t) = f(x(t))$, ahol $f: \mathbb{R}^4 \rightarrow \mathbb{R}^4$,

$$3. \ x(t) = \begin{pmatrix} S(t) \\ E(t) \\ I(t) \\ R(t) \end{pmatrix}, \ x: \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}^4.$$

Ha összeadjuk az egyenleteket, a következőt kapjuk:

$$\begin{aligned} \dot{S}(t) + \dot{E}(t) + \dot{I}(t) + \dot{R}(t) &= \\ (-\alpha S(t)I(t)) + (\alpha S(t)I(t) - \beta E(t)) + (\beta E(t) - \gamma I(t)) + (\gamma I(t)) &= \\ \dot{S}(t) + \dot{E}(t) + \dot{I}(t) + \dot{R}(t) &= (S(t) + E(t) + I(t) + R(t))' = 0 \end{aligned}$$

Ebből jól látszik, hogy a populáció állandó minden időpillanatban:

$$S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N \text{ (ahol } N \text{ állandó, minden } t \geq 0)$$

3.3.2. Egyensúlyi helyzet és stabilitás a modellben

A betegségmentes egyensúlyi helyzet instabil, vizsgáljuk meg az általános esetet.

Egyensúlyi helyzet jellemzése:

$$1, \ f(x^*) = 0 \in \mathbb{R}^4$$

$$2, \ x^* = (S^*, E^*, I^*, R^*) \in \mathbb{R}^4$$

Visszahelyettesítjük ezt az alakot az alapegyenletbe:

$$f(S(t), E(t), I(t), R(t)) = \begin{pmatrix} -\alpha S(t)I(t) \\ \alpha S(t)I(t) - \beta E(t) \\ \beta E(t) - \gamma I(t) \\ \gamma I(t) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

$$\begin{cases} -\alpha S(t)I(t) = 0 \rightarrow S^* \in \mathbb{R} \\ \alpha S(t)I(t) - \beta E(t) = 0 \rightarrow S^* \in \mathbb{R} \\ \beta E(t) - \gamma I(t) = 0 \rightarrow E^* = 0 \\ \gamma I(t) = 0 \rightarrow I^* = 0 \end{cases} \quad (3.6)$$

Ebból az egyensúlyi helyzet:

$$x^* = (S^*, E^*, I^*, R^*)$$

Ami azonos a következővel, mivel ha az $I^* = 0$ illetve $E^* = 0$, akkor az egyenlet a következő $S^* + R^* = N$, amiből már könnyen látni:

$$x^* = (S^*, 0, 0, R^*); S^*, R^* \geq 0$$

Ami azonos:

$$x^* = (S^*, 0, 0, N - S^*) ; \text{ ahol } S^* \geq 0$$

3.3.3. Jacobi-mátrix

A Jacobi-mátrix a 7. Definíció. alapján a sajátértékek meghatározásához szükséges, amely segítségével lehet eldönteni az egyensúlyi helyzetről a stabilitását. 5. Tétel., 4. Tétel.

$$f(S(t), E(t), I(t), R(t)) = \begin{pmatrix} -\alpha S(t)I(t) \\ \alpha S(t)I(t) - \beta E(t) \\ \beta E(t) - \gamma I(t) \\ \gamma I(t) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} f_1(S(t), E(t), I(t), R(t)) \\ f_2(S(t), E(t), I(t), R(t)) \\ f_3(S(t), E(t), I(t), R(t)) \\ f_4(S(t), E(t), I(t), R(t)) \end{pmatrix}$$

Ebből a Jacobi-matrix:

$$\dot{f}(S(t), E(t), I(t), R(t)) = \begin{pmatrix} \partial_S f_1 & \partial_E f_1 & \partial_I f_1 & \partial_R f_1 \\ \partial_S f_2 & \partial_E f_2 & \partial_I f_2 & \partial_R f_2 \\ \partial_S f_3 & \partial_E f_3 & \partial_I f_3 & \partial_R f_3 \\ \partial_S f_4 & \partial_E f_4 & \partial_I f_4 & \partial_R f_4 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\alpha I(t) & 0 & -\alpha S(t) & 0 \\ \alpha I(t) & -\beta & \alpha S(t) & 0 \\ 0 & \beta & -\gamma & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & 0 \end{pmatrix}$$

A Jacobi-mátrix és az egyensúlyi helyzet vizsgálata:

$$\dot{f}(x^*) = \dot{f}(S^*, 0, 0, N - S^*) = \begin{pmatrix} 0 & 0 & -\alpha S^* & 0 \\ 0 & -\beta & \alpha S^* & 0 \\ 0 & \beta & -\gamma & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & 0 \end{pmatrix} =: A_3$$

3.3.4. Sajátérték számítás

Tudjuk 8. Definíció alapján, hogy a λ sajátértékek az alábbi módon állnak elő:

$$\det(A_3 - \lambda I) = 0$$

Kiszámítjuk a determinánst:

$$\begin{vmatrix} -\lambda & 0 & -\alpha S^* & 0 \\ 0 & -\beta - \lambda & \alpha S^* & 0 \\ 0 & \beta & -\gamma - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & -\lambda \end{vmatrix} = (-\lambda) \begin{vmatrix} -\beta - \lambda & \alpha S^* & 0 \\ \beta & -\gamma - \lambda & 0 \\ 0 & \gamma & -\lambda \end{vmatrix} + (-\alpha S^*) \begin{vmatrix} 0 & -\beta - \lambda & 0 \\ 0 & \beta & 0 \\ 0 & 0 & -\lambda \end{vmatrix}.$$

Jól látható, hogy a második tagban szerepel egy csupa nulla oszlop, tehát ez a tag egyenlő nullával, ezért azt elhagyjuk. Csak az első taggal számolunk tovább:

$$(-\lambda) \begin{vmatrix} -\beta - \lambda & \alpha S^* & 0 \\ \beta & -\gamma - \lambda & 0 \\ 0 & \gamma & -\lambda \end{vmatrix} = (-\lambda)(-\gamma) \begin{vmatrix} -\beta - \lambda & 0 \\ \beta & 0 \end{vmatrix} + (-\lambda)^2 \begin{vmatrix} -\beta - \lambda & \alpha S^* \\ \beta & -\gamma - \lambda \end{vmatrix}.$$

Ezen a ponton pedig az első tagban jelenik meg egy nulla oszlop, tehát ez a része egyenlő nullával, így ezt a tagot is elhagyhatjuk. Ezért csak a második taggal számolunk tovább:

$$(-\lambda)(-\gamma) \begin{vmatrix} -\beta - \lambda & 0 \\ \beta & 0 \end{vmatrix} + (-\lambda)^2 \begin{vmatrix} -\beta - \lambda & \alpha S^* \\ \beta & -\gamma - \lambda \end{vmatrix} = (-\lambda)^2 \begin{vmatrix} -\beta - \lambda & \alpha S^* \\ \beta & -\gamma - \lambda \end{vmatrix}.$$

Amelyből már könnyen látható az alábbi kifejezés:

$$(-\lambda)^2 \begin{vmatrix} -\beta - \lambda & \alpha S^* \\ \beta & -\gamma - \lambda \end{vmatrix} = (-\lambda)^2 ((-\beta - \lambda)(-\gamma - \lambda) - (\alpha S^*)(\beta)),$$

amely a belső felbontások után azonos a következővel:

$$(-\lambda)^2 (\lambda^2 + (\beta + \gamma)\lambda + (\beta\gamma - \alpha S^* \beta)).$$

Tehát a negyedfokú kifejezést fel tudjuk bontani két másodfokú szorzatára algebrai átalakítással:

$$(-\lambda)^2 (\lambda^2 + (\beta + \gamma)\lambda + (\beta\gamma - \alpha S^* \beta)) = 0.$$

Ebből jól látszik, hogy a nulla kétszeres sajátérték:

$$\lambda_1 = 0 \rightarrow \operatorname{Re} \lambda_1 = 0,$$

$$\lambda_2 = 0 \rightarrow \operatorname{Re} \lambda_2 = 0.$$

A másik két sajátértéket a másodfokú egyenlet megoldásából kaphatjuk meg:

$$\lambda^2 + (\beta + \gamma)\lambda + (\beta\gamma - \alpha S^* \beta) = 0,$$

melynek megoldásai:

$$\lambda_{3,4} = \frac{-(\beta + \gamma) \pm \sqrt{(\beta + \gamma)^2 - 4(\beta\gamma - \alpha\beta S^*)}}{2}. \quad (3.7)$$

Megvizsgáljuk a diszkriminánst:

$$\begin{aligned} & (\beta + \gamma)^2 - 4(\beta\gamma - \alpha\beta S^*) \\ & \Downarrow \\ & \beta^2 + 2\beta\gamma + \gamma^2 - 4\beta\gamma + 4\alpha\beta S^* \\ & \Downarrow \\ & \beta^2 - 2\beta\gamma + \gamma^2 + 4\alpha\beta S^* \\ & \Downarrow \\ & (\beta - \gamma)^2 + 4\alpha\beta S^* \end{aligned}$$

Ez alapján tudjuk, hogy a diszkrimináns nemnegatív és $\lambda_3, \lambda_4 \in \mathbb{R}$, mivel $\alpha, \beta, \gamma > 0$ és $S^* \geq 0$, ezért a $(\beta - \gamma)^2 \geq 0$ és az $4\alpha\beta S^* \geq 0$ és összegükre is ez igaz.

A másodfokú megoldóképletbe (3.7) visszahelyettesítjük az eredményt, ahol D -vel jelölöm a diszkriminánst:

$$\begin{aligned} \lambda_3 &= \frac{-(\beta + \gamma) - \sqrt{D}}{2}, \\ \lambda_4 &= \frac{-(\beta + \gamma) + \sqrt{D}}{2}. \end{aligned}$$

Mivel $\beta, \gamma > 0$ és $D \geq 0$ ezért $\lambda_3 < 0$ és:

$$\lambda_3 = \frac{-(\beta + \gamma) - \sqrt{D}}{2} \rightarrow \operatorname{Re} \lambda_3 < 0.$$

Ugyanezzel a megfontolással λ_4 előjelére két lehetőség állhat elő:

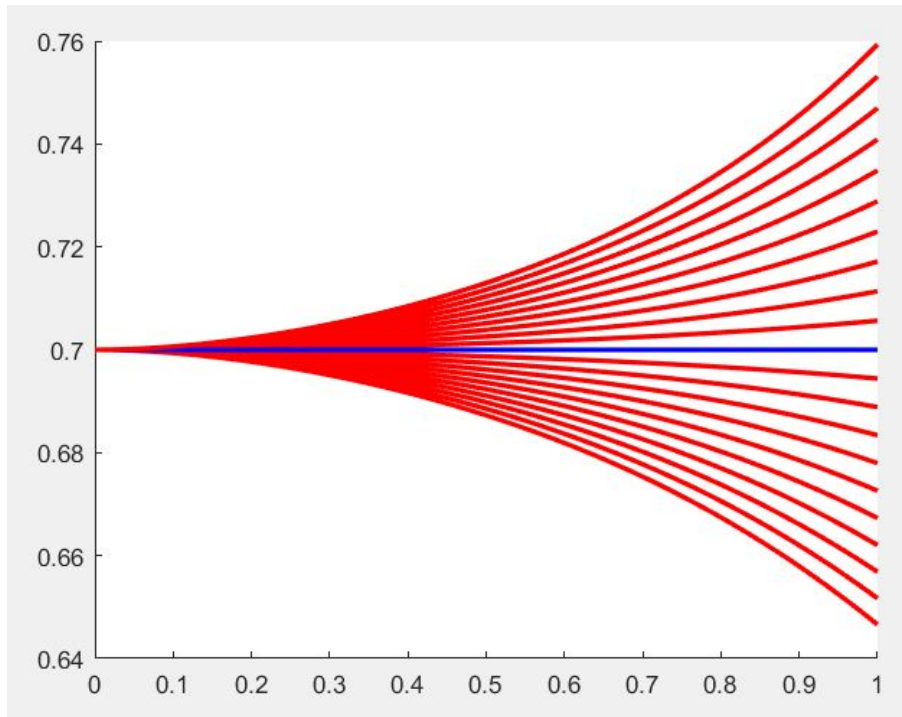
$$1. \quad \beta + \gamma < \sqrt{D} \rightarrow \operatorname{Re} \lambda_4 > 0$$

Ebben az esetben az SEIR-modell egyensúlyi helyzete instabil lesz. 5. Tétel (Instabilitási tétel)

$$2. \beta + \gamma \geq \sqrt{D} \rightarrow \operatorname{Re} \lambda_4 \leq 0$$

Ebben az esetben pedig a SEIR-modell egyensúlyi helyzet stabil lesz. 4. Tétel (Aszimptotikus stabilitás tétel)

Ennek az eldöntésére írtam egy MATLAB kódot, amely segít eldönteni, hogy az egyensúlyi helyzet stabil vagy instabil, és amely a következő eredményt adta:



3.5. ábra. Az egyensúlyi helyzet szemléltetése MATLAB kód segítségével

A 3.5. ábrán kékkel jelöltem az egyensúlyi helyzetet, a piros vonalak pedig azt szemléltetik, ha kicsi ϵ távolsággal arrébb indítjuk el a rendszert az egyensúlyi ponthoz képest, mi történik az idő múlásával. Jelen kódban húsz kis ϵ távolságot választottam meg egy for ciklus segítségével. ($S^* = 0,7$, ϵ pedig ettől pozitív és negatív irányban is egy ezred lépésközzel való távolságban indul $-0,01$ és $0,01$ között) Jól látható, hogy az összes piros

vonal az idő múlásával távolodik az egyensúlyi helyzetet jelző kék vonaltól, ezért biztosra vehetjük, hogy ezekre a paraméterekre egy instabil egyensúlyi helyzet.

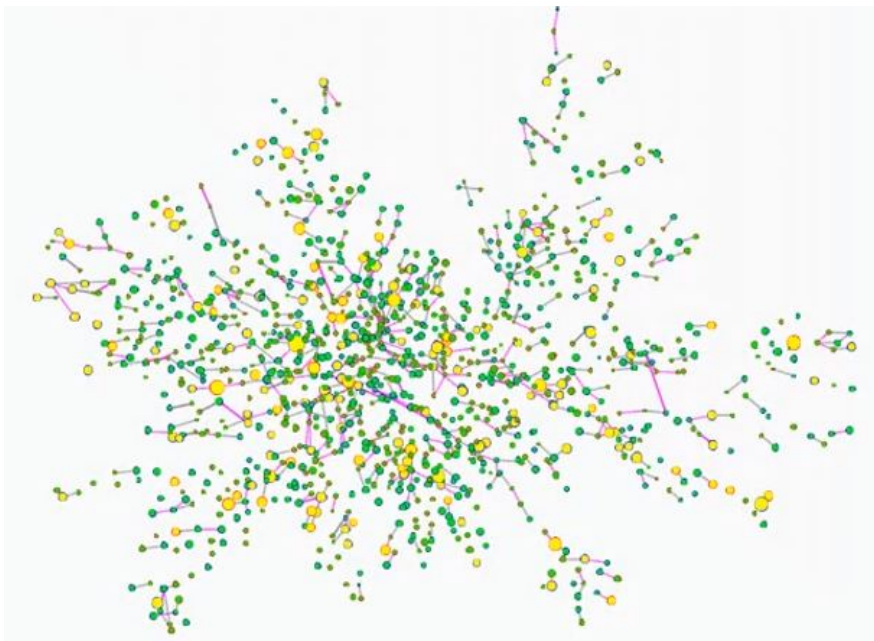
4. fejezet

Vírusok elemzése a modellek segítségével

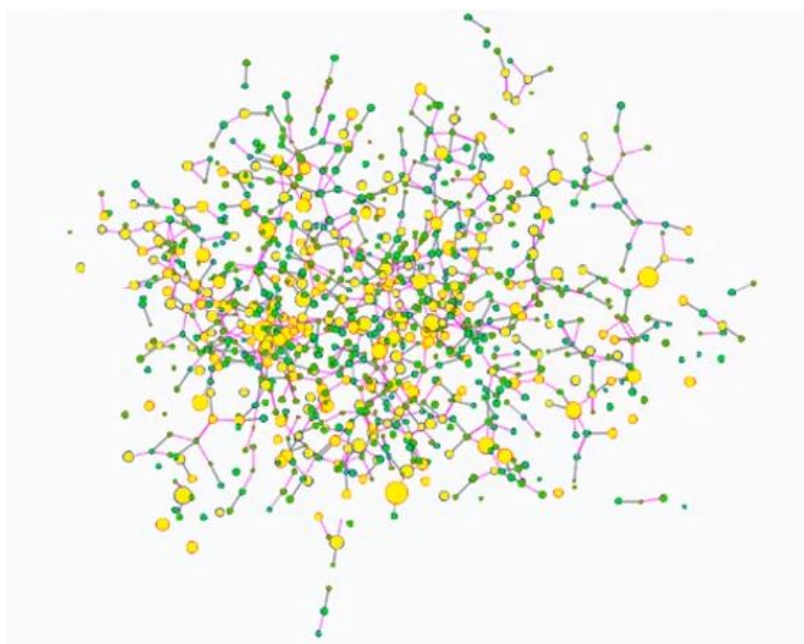
Ebben a fejezetben a bevezetésben felvezetett (1.1),(1.2),(1.3),(1.4) vírusokat vizsgálom, a hozzájuk kapcsolódó modellek és a MATLAB program-csomag segítségével. Minden modellhez tartozik egy már említett vírus.

4.1. Túlsúlyosság modell

A túlsúlyosságot SIS-modellnek (3.1) tekintettem, mivel ez az a betegség, amit bármikor „elkaphatunk” és nem tapasztalható olyan, hogy valakinek védettsége van ezzel szemben. A kutatásban [3] szerepel egy animációs videó, amely azt szemlélteti, hogy változik az ismeretségi háló, illetve a gráfcsúcsként fetüntetett emberek BMI (1.3) indexe. Ezt a gráfon a csúcsok méretével és színváltoztatásával szemlélteti az animáció. Ezen gráfnak a bemutatására szolgálnak a 4.1, 4.2 ábrák. Jól látszik, az idő múlásával hogyan növekszik egyes baráti társaságokban a testtömeg index.



4.1. ábra. A kutatásban lévő kiinduló ismeretségi háló [3]



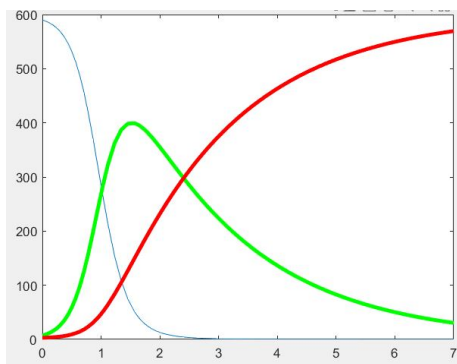
4.2. ábra. A gráf alakulása az idő múlásával [3]

Sajnos ezt a modellt nem tudtam elemezni a MATLAB segítségével, mert nagyon speciális bemeneti adatokat igényel, amelyet nehéz megszerezni,

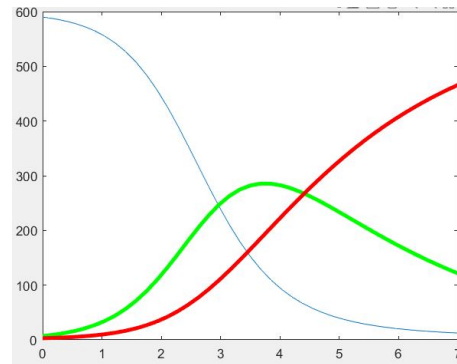
mint például egy adott kapcsolati háló. De véleményem szerint a betegségnek lenne egy felfutó szakasza, ami után beállna egy stagnálás, amikor már azok az emberek, akik potenciálisan elkapták a betegséget, tartják az állapotukat.

4.2. Mobiltelefonos-vírus modell

A Mobiltelefonos vírust SIR-modellnek (3.2) tekintettem, mivel a vírusnak nincs lappangási ideje. A betegséget elemeztem MATLAB segítségével is, ahol általam megadott fiktív paramétereket adtam meg. A kód egy 600 fős gimnázium tanulóit vizsgálja, ahol 7 tanulónak a telefonja fertőző és 2 embernek már a telefonja vagy átesett egy szervízen, ahol telepítettek rá vírusírtót vagy ki lett vonva a forgalomból. A modellt különböző α, β paraméterekkel teszteltem ezeket a kódban a -val és b -vel jelöltem. A paraméterek változásával szimuláltam, hogyan viselkedik a vírus az iskolában lévő telefonokon, hiszen az α határozza meg, hány telefonra kerül rá a vírus, β pedig azt határozza meg hány telefon kerül forgalomból kivonásra, vagy szervízbe.



4.3. ábra. Ezen az ábrán a paraméterek: $\alpha = 5, \beta = 0.5$



4.4. ábra. Itt pedig a következők: $\alpha = 2, \beta = 0.4$

A 4.3. és 4.4. ábrák az iskolában lévő telefonok vírusedelkapását szemléltetik. A sötét vonal az „egészséges” telefonok darabszámát (S), a zöld vonal a fertőző telefonok darabszámát (I), a piros vonal pedig a kivonásra

kerülő, vagy szervízbe küldött telefonok darabszámát (R) jelöli az első hét napon.

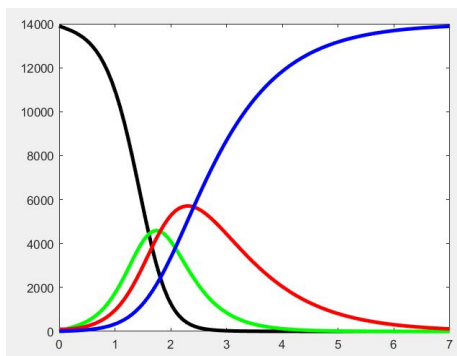
Jól látszik, hogy az első futatásnál 4.3. ábra a második napon tetőzik a fertőzött telefonok darabszáma és jelentősen magasabban mint a 4.4. ábrán ahol csak a negyedik és az ötödik nap tetőzik a vírus.

A másik jól kivehető különbség a betegek aránya. Amíg a 4.3. ábrán a második napra nulla közelébe csökken a vírussal meg nem támadott telefonok aránya, addig ez a 4.4. ábrán csak a hetedik nap környékén következik be.

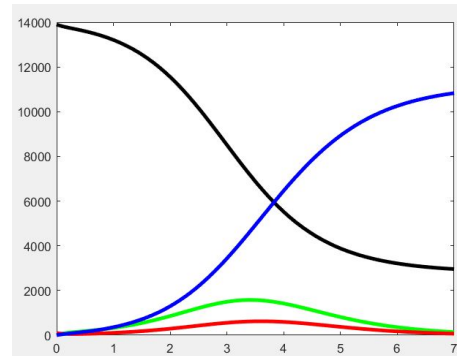
Természetesen mivel fiktív adatokra és saját paraméter választással alkottam meg az eredményt, ezért nem használható valódi előrejelzésnek, de magát a járványterjedés mechanizmusát jól mutatja.

4.3. Ebola modell

A Ebolát SEIR-modellnek (3.4) tekintettem, mivel a betegségnek van lappangási ideje. A betegséget elemeztem MATLAB segítségével, ahol fiktív számokat használtam. A kód egy 14 000 fős falu lakosságát vizsgálja, ahol 98 ember megfertőződött és 2 ember már immunis a vírusra. A modellt különböző α, β, γ paraméterekkel teszteltem, ezeket a kódban a -val, b -vel, c -vel jelöltem. Ezeknek a paramétereknek a megváltoztatásával lehet a vírus terjedését szimulálni, hiszen az α határozza meg, hogy hány egészséges (S) kerül át a tünetmentes hordozó (E) csoportba. Ezzel nagy befolyást lehet tenni az egész modellre, hisz ha ez a szám magas, akkor a vírus erősen terjed a közösségben. A γ pedig arra van nagy ráhatással, hogy a betegek (I) milyen gyorsan esnek át a betegségen és lesznek immunisak (R).



4.5. ábra. Ezen az ábrán a paraméterek: $\alpha = 10, \beta = 2, \gamma = 1$



4.6. ábra. Itt pedig a következők: $\alpha = 10, \beta = 2, \gamma = 5$

A 4.5. és 4.6. ábrák a lakosság megbetegedésének időbeli változását szemléltetik. A fekete vonal az egészséges emberek számát (S), a zöld vonal a lappangási idő alatt állókat (E), a piros vonal a tényleges tüneteket produkálókat (I) és a kék vonal az immunis emberek darabszámát (R) mutatja be a vírus megjelenésétől számított első hét napon.

Jól látszik, hogy az első futatásnál 4.5. ábra a második és a harmadik nap között nulla közelébe csökken az egészséges lakosság aránya, addig a második futatás 4.6. ábra eredménye, hogy a hetedik nap környékén is van még körülbelül 4000 egészséges ember.

A másik nagyon meghatározó különbség a betegek száma, amíg az első 4.5. ábra képen látszik, hogy a járvány tetőzésénél a betegek száma eléri a 6000 főt, addig a második 4.6. ábra képen ez a szám elenyésző, pár száz nagyságrend, és a tetőzés később is áll be.

Természetesen mivel fiktív adatokra és saját paraméter választással alkottam meg az eredményt, ezért nem használható valódi előrejelzésnek, de magát a járványterjedés mechanizmusát jól mutatja.

Összefoglalás

Szakdolgozatomban bemutattam a járványterjedési modellek matematikai szemmel való megközelítését, azt hogy ezek miként írhatóak fel differenciálegyenletek segítségével. Kitértem több jól ismert modellre, és ezek stabilitását vizsgáltam, amelyhez felhasználtam a MATLAB programcsomagot. Minden modellre próbáltam példát találni az való világból, és próbáltam egymástól igen eltérő helyről vírusokat keresni.

Irodalomjegyzék

- [1] Barabási Albert-László: A Hálózatok Tudománya, Libri Kiadó, 2016
- [2] Csomós Petra: Folytonos modellezés előadásjegyzet, ELTE, Budapest, 2019
- [3] J. H. Fowler, N. A. Christakis. The Spread of Obesity in Large Social Network Over 32 years. *New England Journal of Medicine*, 35:370-379, 2007
- [4] Kermack, W.O., McKendrick, A.G. : A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. *Proc. Roy. Soc. Lond.*, A115. 700-721, 1927
- [5] Kiss Emil: Bevezetés az algebrába, Typotex Kiadó, Budapest, 2014
- [6] Pfeil Tamás: Differenciálegyenletek előadásjegyzet, ELTE, Budapest, 2019
- [7] Simon L. Péter: Közöséges differenciálegyenletek előadásjegyzet, Budapest, 2007
- [8] Simon L. Péter, Tóth János: Differenciálegyenletek: Bevezetés az elméletbe és az alkalmazásokba, Typotex Kiadó, Budapest, 2005
- [9] Simon L. Péter: Differenciálegyenletek és dinamikai rendszerek, Typotex Kiadó, Budapest, 2012
- [10] <https://hu.wikipedia.org/wiki/COVID%E2%80%9319>
- [11] <https://semmelweis.hu/korhazhigiene/files/2014/10/tajekoztato.pdf>
- [12] <https://juratus.elte.hu/tul-a-koronaviruson-avagy-vilagjarvanyok-a-tortenelem-soran/>

Függelék

Az SIR-modell egyensúlyi helyzetéhez kapcsolódó matlab kód:

```
function y=egyensulysir(s,d)

N = 1.0;
a = 10;
b = 2;

egyensulysir = [s;0;N-s];
kezdeti = [s d N-s-d];
ido = [6.9 7];

SIR = @(t,x) [-a*x(1)*x(2);a*x(1)*x(2)-b*x(2);b*x(2)];

[t,d1] = ode45(SIR, ido, kezdeti);

egyensulymtx = ones(3,size(t,1));
egyensulymtx(1,:) = egyensulysir(1);
egyensulymtx(2,:) = egyensulysir(2);
egyensulymtx(3,:) = egyensulysir(3);

plot(t,egyensulymtx(1,:), 'b', t,d1(:,1), 'r', 'LineWidth', 3)

end
```

Az SEIR-modell egyensúlyi helyzetéhez kapcsolódó matlab kód:

```
function y=egyensulyseir(s)

N = 1.0;
a = 10;
```

```

b = 2;
c = 1.5;

for i=0.01:-0.001:-0.01

    egyensulyseir = [s;0;0;N-s];
    kezdeti = [s i 0 N-s-i];
    ido = [1.9 2];

    SEIR = @(t,x) [-a/N*x(1)*x(3);a/N*x(1)*x(3)-b*x(2);b*x(2)-c*x(3);c*x(3)];

    [t,d2] = ode45(SEIR, ido, kezdeti);

    egyensulymtx = ones(4,size(t,1));
    egyensulymtx(1,:) = egyensulyseir(1);
    egyensulymtx(2,:) = egyensulyseir(2);
    egyensulymtx(3,:) = egyensulyseir(3);
    egyensulymtx(4,:) = egyensulyseir(4);

    hold on
    plot(t,egyensulymtx(1,:), 'LineWidth',4, 'b', t,d2(:,1), 'r', 'LineWidth',4)
    hold off

end
end

```

A Mobiltelefon-vírus elemzéséhez használt matlab kód:

```
function y=SIR(a,b)
```

```
N = 600;
```

```
SIR = @(t,x) [-a/N*x(1)*x(2);a/N*x(1)*x(2)-b*x(2);b*x(2)]
```

```
[t,xa]=ode45(SIR,[0 7], [590 7 3]);
```

```
plot(t,xa(:,1))
```

```
hold on
```

```
plot(t,xa(:,2),'g','LineWidth',3)
```

```
plot(t,xa(:,3),'r','LineWidth',3)
```

```
hold off
```

```
end
```

Ebola modell elemzéséhez használt matlab kód:

```
function y=SEIR(a,b,c)
```

```
N = 14000;
```

```
SEIR = @(t,x) [-a/N*x(1)*x(3);a/N*x(1)*x(3)-b*x(2);b*x(2)-c*x(3);c*x(3)];
```

```
[t,xa]=ode45(SEIR,[0 7], [13900 0 98 2]);
```

```
plot(t,xa(:,1),'k','LineWidth',3)
```

```
hold on
```

```
plot(t,xa(:,2),'g','LineWidth',3)
```

```
plot(t,xa(:,3),'r','LineWidth',3)
```

```
plot(t,xa(:,4),'b','LineWidth',3)
```

```
hold off
```

```
end
```

NYILATKOZAT

Név: Neubrandt Nándor

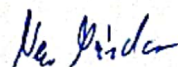
ELTE Természettudományi Kar, szak: Matematika

NEPTUN azonosító: EC016L

Szakdolgozat címe:
Járványterjedési Modellek Vizsgálata

A szakdolgozat szerzőjeként fegyelmi felelősségem tudatában kijelentem, hogy a dolgozatom önálló szellemi alkotásom, abban a hivatkozások és idézések standard szabályait következetesen alkalmaztam, mások által írt részeket a megfelelő idézés nélkül nem használtam fel.

Budapest, 2020.12.28



a hallgató aláírása