Eötvös Loránd Tudományegyetem Természettudományi Kar

Horváth Bálint

Járványterjedés modellezése adaptív hálózatokon

MSc Szakdolgozat

Témavezető:

Nagy Noémi

Alkalmazott Analízis és Számítástudományi Tanszék



Budapest, 2018

Tartalomjegyzék

| 1. | \mathbf{SIR} | mode | ll statikus hálózaton | 1 |
|----|----------------|--------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| | 1.1. | Átlago | láson alapuló SIR modell | 2 |
| | | 1.1.1. | Egyensúlyi pontok, stabilitás | 3 |
| | | 1.1.2. | Analitikus megoldás | 5 |
| | 1.2. | Párok | szintjén felírt SIR modell | 8 |
| | | 1.2.1. | Egyensúlyi pontok, stabilitásuk | 9 |
| | | 1.2.2. | Analitikus megoldás | 11 |
| 2. | SIR | mode | ll adaptív hálózaton | 12 |
| | 2.1. | Párok | szintjén felírt rendszer | 12 |
| | | 2.1.1. | Egyensúlyi pontok és stabilitásuk | 14 |
| | | 2.1.2. | Numerikus vizsgálatok | 16 |
| | 2.2. | Becsül | $t rendszer \ldots \ldots$ | 17 |
| | | 2.2.1. | Egyensúlyi pontok és stabilitásuk | 18 |
| | | 2.2.2. | Numerikus vizsgálatok | 20 |
| | | 2.2.3. | Analitikus eredmények | 21 |
| | 2.3. | Továbl | oi kutatási irányok | 31 |
| | | 2.3.1. | Teljes rezisztens populáció | 31 |
| | | 2.3.2. | A λ -javított rendszer | 32 |
| | | 2.3.3. | Fellángolások | 36 |
| | | 2.3.4. | Szimulációk és diszkrét rendszer | 36 |

Köszönetnyilvánítás

Köszönettel tartozom témavezetőmnek Nagy Noéminek, aki tanárom is volt, és megismertette velem a differenciálegyenleteket, illetve a járványok terjedésének effajta modellezését. Felügyelte munkámat, ötleteket adott, tanácsokkal látott el, ellenőrizte munkámat, és mindig rendelkezésemre állt, ha elakadtam. Valamint köszönettel tartozom Simon Péternek, aki ha kicsivel távolabbról is, de figyelte munkámat, szintén tanárom volt. Nélkülük ez a dolgozat nem készülhetett volna el.

Köszönettel tartozom a járványterjedés modellezését vizsgáló ismert és ismeretlen kutatóknak, matematikusoknak, akik még ezt a nem túl ismert utat elkezdték kitaposni a matematikában.

Végül köszönettel tartozom szüleimnek, akik mindig támogattak tanulmányaim, illetve a dolgozat megírása során, és remélem, hogy számukra is érdekesnek bizonyul ez a dolgozat.

Bevezetés

A hálózati modellezés a matematika egy viszonylag frissebb, pár évtizedre visszatekintő területe, amely az egyszerű absztrakciója és nagy általánossága miatt egyre több területen alkalmazható. Hálózati modellezés esetén különálló egységek valamilyen struktúrába rendeződnek, általában a közöttük kialakuló kapcsolatok és összefüggések alapján, és ezen kapcsolatok mentén befolyásolják egymás állapotát. Ennek egy remek reprezentálása gráfok segítségével lehetséges, ahol a gráf pontjai jelölik az egységeket, amelyek különböző állapotokban lehetnek, és a köztük lévő kapcsolatokat jelölik a gráf élei. Itt érthetünk egyszerűen két csúcs között vezető éleket, de akár magasabb szintű összefüggések is elképzelhetők, ilyenkor hipergráfokra van szükségünk. Azonban a vizsgálni kívánt folyamatok többségében elegendő a feladat leírására egy egyszerű gráf is.

Ilyen folyamat a járványterjedés hálózaton – egy populáción – történő vizsgálata, de hasonlóan leírható egy divat, vagy vélemény terjedése is. Egy járvány terjedésének vizsgálatakor a hálózattal egy populációt kívánunk leírni, így a csúcsok jelentik az egyéneket, és az élek jelölik a folyamat szempontjából releváns kapcsolatokat. Tehát egy járvány terjedése során egy él olyan kapcsolatot jelöl két egyén között, amely mentén megfertőzhetik egymást. A gráfnak ekkor egy egyszerű gráfnak kell lennie, mivel sem a többszörös sem a hurokélek nem értelmezhetők a folyamat során. Emellett az általánosság megszorítása nélkül feltehetjük, hogy a hálózat összefüggő. Fontos megjegyezni még, hogy ezek a hálózatok lehetnek időben állandók (statikus), illetve időben változók (adaptív) is.

A járványok terjedését több módszerrel is vizsgálhatjuk. Alapvetően a hálózaton zajló folyamatot egy nagy állapotterű Markov-lánc segítségével írhatjuk le. Ezt vizsgálhatjuk numerikus szimulációk segítségével, illetve különböző módokon átalakítható a folyamat leírása egy autonóm rendszerré, amely már egy determinisztikus folyamat lesz, szemben a Markov-lánccal. Járványok terjedésének többek között autonóm rendszerekkel történő modellezéséről több remek cikk és könyv is készült. [1] [2] [3]

Egy járvány terjedése során meg kell adnunk a terjedés dinamikáját, amely az egyének lehetséges állapotait és az ezek között történő átváltások szabályait rögzíti. Ebben a dolgozatban az SIR dinamikájú járványok terjedésével foglalkozunk.Három lehetséges állapotot engedünk meg, úgy mint S (egészségesek), I (fertőzők) és R (rezisztensek). Egy egyén kezdetben általában egészséges állapotban van, míg egy fertőző szomszédja meg nem fertőzi, majd ezután a szomszédaitól függetlenül meggyógyulhat, avagy rezisztensé válhat. Ekkor többé már nem fertőző, se nem fertőzhető. Könnyen eszünkbe juthatnak ilyen dinamikájú betegségek, úgy mint a bárányhimlő, vagy akár a legtöbb vírusos fertőzés. Egyéb állapotok is léteznek, például a lappangásos viselkedésre bevezethető még egy lappangó állapot is, azonban ezt és egyéb dinamikákat nem tárgyalunk ebben a munkában.

A dolgozatban SIR dinamikájú járvány terjedésével foglalkozom statikus, illetve adaptív hálózat esetén. Erről a területről kevesebb ismert eredmény van, szemben az SIS dinamikájú terjedéssel, amellyel egy korábbi dolgozatomban foglalkoztam. [4].

A dolgozat felépítése

Két nagyobb részre tagolható a dolgozat. Az első részben statikus hálózaton vizsgáljuk az SIR dinamikájú terjedést. Ehhez felírunk egy egyszerű, az úgynevezett átlagoláson alapuló modellt, illetve ezt kiterjesztve kapjuk a párok szintjén felírt modellt. Ennek a két modellnek alapvető kvalitatív tulajdonságait vizsgáljuk, majd analitikus összefüggéseket adunk meg a változók között, végül pedig numerikus futtatások segítségével is teszünk pár megállapítást. Ezeket a vizsgálatokat Matlab programkörnyezetben végeztem.

A dolgozat második részében bevezetünk egy modellt adaptív hálózatok esetére a korábban látott modellek alapján. Ennek a közelítő rendszernek hasonló kvalitatív tulajdonságait vizsgáljuk, mint a statikus hálózatú modelleknek, azonban analitikus megoldást nem tudunk majd mondani erre a modellre. Viszont bevezetünk egy úgynevezett becsült modellt, amelyet az előbbiekben felírt adaptív modellből vezetünk le. Ennek a kvalitatív tulajdonságai hasonlóak lesznek a korábbi modelléhez, és erre analitikus eredményeket is el tudunk érni. Végül pedig az adaptív hálózaton felírt modellekre is elvégzünk pár rövidebb vizsgálatot numerikus számítások segítségével. Teszünk néhány kitekintést egyéb kérdések felé is, amelyek később kutatások témái lehetnek.

A dolgozat során a numerikus számításokhoz felhasznált összes Matlab program saját készítésű.

1. fejezet

SIR modell statikus hálózaton

A dolgozat első felében egyszerűbb és ismertebb, statikus hálózaton – azaz időben változatlan gráfon – zajló terjedési modelleket mutatunk be. A terjedés dinamikája a dolgozat során végig, így ebben a fejezetben is a bevezetett SIR dinamikát követi.

SIR dinamika esetén a hálózat csúcsai három állapotban lehetnek: egészséges (S), fertőző (I), rezisztens (R). Az állapotváltozás egyirányú, először egy csúcs egészséges állapotban lehet, majd fertőzéssel a fertőző állapotba kerülhet, végül fertőző állapotból rezisztens állapotba kerül, amikor meggyógyul. Ehhez a két állapotváltozáshoz egy-egy rátát definiálunk, amelyek a változások intenzitását paraméterezik. Jelölje $\gamma > 0$ a gyógyulás rátáját, ami azt jelenti, hogy az állapotváltozást egy γ paraméterű exponenciális eloszlású valószínűségi változó írja le, azaz annak a valószínűsége, hogy egy fertőzött csúcs t időn belül meggyógyul $1 - e^{-\gamma t}$. Hasonlóan jelölje $\tau > 0$ a fertőzés rátáját. Ekkor az állapotváltozást egy τk paraméterű exponenciális eloszlású valószínűségi változó írja le, ahol k a tekintett egészséges csúcs beteg szomszédainak száma. Tehát annak a valószínűsége, hogy egy egészséges csúcs megfertőződik t időn belül $1 - e^{-k\tau t}$, feltéve, hogy k darab beteg szomszédja van. Fontos megjegyezni, hogy míg egy csúcs gyógyulása a környezetétől független, addig egy egészséges csúcs megfertőzés a fertőző szomszédok számától függ.

A folyamat ezen definíciók mentén egy Markov-lánc segítségével leírható sztochasztikus modellel jól modellezhető. A sztochasztikus folyamat segítségével felírhatunk a különböző állapotok valószínűségeire egy nagy méretű differenciálegyenlet-rendszert (alapegyenletek). Ezen alapegyenlet-rendszer alacsony dimenziós közelítő modelljeinek vizsgálata adja a dolgozat tárgyát. A sztochasztikus modellel és az alapegyenletekkel itt nem foglalkozunk, a precíz levezetések megtalálhatóak több cikkben és könyvben is [5], [6], illetve a korábbi szakdolgozatomban is található egy heurisztikus levezetés [4].

1.1. Átlagoláson alapuló SIR modell

Statikus hálózaton az SIR dinamikájú járványterjedésre legegyszerűbben felírható modell az úgynevezett átlagoláson alapuló (mean-field) modell, amely a következő differenciálegyenlet-rendszerrel írható le:

$$[S](t) = -\tau[SI](t), \qquad (1.1a)$$

$$[\dot{I}](t) = \tau[SI](t) - \gamma[I](t), \qquad (1.1b)$$

$$[R](t) = \gamma[I](t), \tag{1.1c}$$

ahol [S](t) jelöli az egészséges csúcsok várható számát t időpillanatban. Hasonlóan jelöli rendre [I](t) és [R](t) a beteg és rezisztens csúcsok, illetve [SI](t) a beteg és egészséges csúcsok között vezető élek várható számát a t időpillanatban. A rövidség kedvéért a dolgozat további részében elhagyjuk t argumentumot. A függvények mindig az idő függvényei, és a deriválást eszerint értjük. Ellenkező esetben mindig fel lesz tüntetve a változó, és meg lesz említve, hogy mi szerint értjük a deriváltat.

Már a rendszer felírásából látszik az egyszerű összefüggés a fertőződés és a gyógyulás folyamata és rátáik között. Látható, hogy a betegek várható számának növekedése függ a fertőződési rátától, illetve a számuknak a fogyása a gyógyulási rátától. Másik fontos jellemzője a rendszernek, hogy a fertőződés nem a betegek vagy egészségesek számától, hanem a közöttük lévő kapcsolatok várható számától függ, tehát az SI élek átlagos számától. Pontosan emiatt ez a rendszer nem egy zárt differenciálegyenlet-rendszer.

Fontos megemlíteni a rendszer azon tulajdonságát – amely magából a modell tulajdonságaiból adódik –, hogy az egyenletek összefüggők $[\dot{S}] + [\dot{I}] + [\dot{R}] = 0$, ugyanis teljesítenek egy megmaradási szabályt. Ez a szabály a csúcsok összegére vonatkozik. Mivel a csúcsok száma állandó a rendszerben, és bármely csúcs pontosan a három állapot egyikében lehet bármely időpillanatban, ezért igaz a következő összefüggés. Ha feltesszük, hogy a csúcsok száma a kezdeti pillanatban N, tehát [S](0) + [I](0) + [R](0) = N, akkor minden t időpillanatban a különböző állapotban lévő csúcsok várható száma egyenlő a csúcsok össz-számával:

$$[S](t) + [I](t) + [R](t) = N, (1.2)$$

ahol N a hálózat csúcsainak száma. Ebből a megfigyelésből következik, hogy a későbbiekben elegendő lesz egy kétdimenziós fázistéren szemléltetni a rendszer változóinak viszonyát.

Ahhoz, hogy a rendszer megoldható legyen, ki kell fejeznünk az SI élek átlagos számát az egészséges és beteg csúcsok várható számának segítségével. Ez csupán közelítéssel lehetséges, így bevezetjük a következő heurisztikus becslést az AB típusú élek számára:

$$[AB] = [A][B]\frac{\bar{d}}{N},\tag{1.3}$$

ahol $A, B \in \{S, I, R\}$, és \bar{d} a gráf átlagfokszáma. Ez a becslés abból a heurisztikus érvelésből adódik, miszerint tekintünk egy A állapotú csúcsot, amelynek átlagosan \bar{d} szomszédja van. Ezeknek a szomszédoknak várhatóan $\frac{[B]}{N}$ része van B állapotban. Ebből már következik az előbbi becslés. [7]

Ezt az (1.3) becslést alkalmazva az (1.1) modellre, kapjuk a rendszer lezárt alakját:

$$[\dot{S}] = -\tau \frac{d}{N} [S][I], \qquad (1.4a)$$

$$[\dot{I}] = \tau \frac{d}{N} [S][I] - \gamma[I], \qquad (1.4b)$$

$$[R] = \gamma[I]. \tag{1.4c}$$

A továbbiakban az (1.1) modell lezárt alakjával foglalkozunk.

1.1.1. Egyensúlyi pontok, stabilitás

Ebben az alfejezetben a lezárt (1.4) rendszer egyensúlyi pontjait és azok stabilitását vizsgáljuk.

Az egyenletrendszerből könnyen látható (amikor a deriváltak zérusát keressük), hogy az $(s^*, 0, r^*)$ hármas egyensúlyi pontja a differenciál-egyenletrendszernek pontosan akkor, ha s^* és r^* tetszőleges nemnegatív számok, amelyekre teljesül, hogy $s^* + r^* = N$. Tehát az (1.4) rendszernek végtelen sok egyensúlyi pontja van, és az is látható, hogy csak az ilyen alakú pontok lesznek egyensúlyi pontok.

Fontos tulajdonsága az SIR dinamikájú modelleknek, hogy a betegek átlagos száma mindig tart a 0-hoz, tehát $\lim_{t\to+\infty} [I](t) = 0$ [8]. Így a csúcsokra vonatkozó (1.2) megőrzési szabály miatt az úgynevezett "final epidemic size" ($R_{\infty} := \lim_{t\to+\infty} [R](t)$) könnyen számolható $S_{\infty} := \lim_{t\to+\infty} [S](t)$ értékből, ugyanis $R_{\infty} = N - S_{\infty}$.

Most – a stabilitás vizsgálatához –, tekintsük az (1.4) rendszer jobb oldalát leíró f: $\mathbb{R}^3 \to \mathbb{R}^3$ függvényt. Majd vegyük ennek a Jacobi-mátrixát:

$$J_f([S], [I], [R]) = \begin{pmatrix} -\tau \frac{\bar{d}}{N} [I] & -\tau \frac{\bar{d}}{N} [S] & 0\\ \tau \frac{\bar{d}}{N} [I] & \tau \frac{\bar{d}}{N} [S] - \gamma & 0\\ 0 & \gamma & 0 \end{pmatrix}.$$
 (1.5)

Ebbe a mátrixba helyettesítjük be az egyensúlyi pont általános alakját:

$$J_f(s^*, 0, N - s^*) = \begin{pmatrix} 0 & -\tau \frac{\bar{d}}{N} s^* & 0\\ 0 & \tau \frac{\bar{d}}{N} s^* - \gamma & 0\\ 0 & \gamma & 0 \end{pmatrix}.$$
 (1.6)

Ennek a mátrixnak a sajátértékei: 0, 0 és $\tau \frac{\bar{d}}{N} s^* - \gamma$. Láthatóan az egyik 0 sajátérték az (1.4) rendszer összefüggőségéből adódik, így a továbbiakban el fogjuk hagyni az [*R*]-re vonatkozó egyenletet a rendszerből, mivel ettől a változótól amúgy sem függ a többi

egyenlet. Így a rendszer egyensúlyi pontja akkor stabil, ha $\tau \frac{\bar{d}}{N} s^* - \gamma < 0$. Tehát csupán azt kell ellenőrizni, hogy $\tau \frac{\bar{d}}{N} s^* < \gamma$ minden s^* megengedett értékre. Átrendezve az előző feltételt, kapjuk, hogy egy $(s^*, 0, N - s^*)$ egyensúlyi pont pontosan akkor stabil, ha $s^* < \frac{N}{d} \frac{\gamma}{\tau}$. Speciálisan adódik, hogy a (0, 0, N) pont – azaz amikor minden csúcs rezisztens – mindig stabil egyensúlyi pont.

A vizsgálataink során külön meg fogjuk vizsgálni a betegségmentes állapot, azaz az (N, 0, 0) pont stabilitását, mivel ebből következtethetünk az egész rendszer egyfajta stabilitására. Ugyanis tegyük fel, hogy a betegségmentes állapot stabil, ekkor annak egy környezetéből indítva a folyamatot – kevés számú beteg esetén – a pálya nem mehet nagyon messze az (N, 0, 0) ponttól, azaz nem terjedhet el nagyon a betegség. Ellenkező esetben, a betegségmentes állapot instabilitása esetén, nem mondhatunk ilyet, illetve tapasztalatok azt mutatják, hogy ilyenkor valóban nagyobb mértékben elterjed a betegség.

Így az előzőek alapján a betegségmentes állapotra a következő stabilitási feltétel adható:

$$\tau \bar{d} < \gamma. \tag{1.7}$$

Ez a feltétel azért fontos, mert könnyen látható, hogy ha a $\tau \bar{d} < \gamma$ feltétel teljesül, akkor minden egyensúlyi állapot stabil lesz, ha pedig $\tau \bar{d} > \gamma$, akkor az egyensúlyi pontok egy része instabil lesz. Azaz $\tau \bar{d} = \gamma$ esetén bifurkáció jön létre. A rendszer kétféle viselkedését az 1.1. ábrákon szemléltetjük.



(a) $\tau \bar{d} < \gamma$ eset, stabil betegségmentes állapot (b) $\tau \bar{d} > \gamma$ eset, instabil betegségmentes állapot ($N = 100, \ \bar{d} = 6, \ \tau = \frac{1}{10}, \ \gamma = 1$) ($N = 100, \ \bar{d} = 6, \ \tau = \frac{1}{3}, \ \gamma = 1$)

1.1. ábra. A beteg csúcsok száma az egészséges csúcsok függvényében az (1.4) átlagoláson alapuló modell esetén, stabil és instabil betegségmentes állapotú paraméterek mellett. Azaz a bifurkáció "két oldala".

Az 1.1. ábrákon a $\tau \bar{d} = \gamma$ bifurkáció "két oldala" látható. Az 1.1a ábra esetén $\tau \bar{d} < \gamma$ feltétel. Ekkor csak stabil egyensúlyi pontok vannak, amelyek végig a vízszintes határoló tengely mentén helyezkednek el, és a fertőzöttek száma szigorú monoton fogy. Ezzel

szemben az 1.1b ábra esetén a $\tau \bar{d} > \gamma$ feltétel teljesül, így vannak instabil egyensúlyi pontok is, illetve a betegek száma nem minden pálya esetén monoton fogyó. Könnyedén kiszámolható, hogy a pályák $\tau \bar{d}[S] = \gamma N$ egyenes mentén váltanak monotonitást. Ugyanis

$$[I] = 0,$$

$$0 = \tau \frac{\bar{d}}{N} [S][I] - \gamma [I]$$

Feltehető, hogy a betegek száma nem nulla, ekkor

$$0 = \tau \frac{\bar{d}}{N}[S] - \gamma,$$

$$\gamma = \tau \frac{\bar{d}}{N}[S],$$

$$\gamma N = \tau \bar{d}[S].$$

Ezt az egyenest jelöltük szürke szaggatott vonallal az 1.1b ábrán. Tehát ha $\tau \bar{d}[S] > \gamma N$, akkor a betegek átlagos száma monoton nő, és amint az egészségesek átlagos száma annyira kevés lesz, hogy $\tau \bar{d}[S] < \gamma N$ feltétel teljesül, akkor a betegek átlagos száma monoton csökkenni kezd, ami az 1.1b ábrán is megfigyelhető.

1.1.2. Analitikus megoldás

Az 1.2. ábrán az átlagoláson alapuló modellnek a fázisképe látható. Az x-tengelyen a rezisztensek, míg az y-tengelyen az egészségesek várható számát jelöltük. Az (1.4) egyenletrendszer alapján látható, hogy a trajektóriák mindig y-negatív és x-pozitív irányba haladnak, ugyanis $[\dot{S}] < 0$ és $[\dot{R}] > 0$ mindig. A korábbiak alapján az x + y = N egyenes az egyensúlyi pontok egyenese, így minden trajektória ezen egyenes valamelyik pontjához tart. Ez azért igaz, mert [S] és [R] monotonitása és korlátossága miatt léteznek a határértékeik a végtelenben. Valamint $I_{\infty} = 0$ és a megőrzési szabály miatt $S_{\infty} + R_{\infty} = N$, tehát egyensúlyi ponthoz tart minden trajektória.

Stabilitásukról azt mondhatjuk, hogy az egyenes egy pont mentén két részre osztható, alul stabil, felül pedig instabil egyensúlyi pontokból áll az egyenes (ezt bíbor színnel jelöltük, piros ponttal pedig ahol az egyensúlyi pontok stabilitást váltanak). A korábbiakhoz hasonlóan ezen az ábrán is jelöltük azt az [S] értéket (egy szaggatott egyenessel), ahol a betegek száma monotonitást vált, ez viszont pontosan egybeesik a piros ponttal, ahol az egyensúlyi pontok stabilitása megváltozik.

Az 1.2. ábrát az (1.4) egyenletrendszer numerikus megoldása alapján készítettük, azonban ezeket a trajektóriákat pontosan is meghatározhatjuk.

A ábra alapján az egészséges csúcsok számára vagyunk kíváncsiak a rezisztens csúcsok függvényében. Ez egy függvény lesz, mivel a rezisztens csúcsok száma az idő függvényében szigorú monoton nő, így egy egyértelmű hozzárendelés áll fenn közöttük. Legyen ezek alapján $x(r) := [S]([R]^{-1}(r))$, ahol $[R]^{-1}(r)$ a rezisztens csúcsok várható számának inverze,



1.2. ábra. Az egészséges csúcsok száma a rezisztens csúcsok függvényében az átlagoláson alapuló modell esetén. ($N = 100, \, \bar{d} = 6, \, \tau = \frac{1}{4}, \, \gamma = 1$)

tehát egy adott várható rezisztens számhoz pontosan egy időpontot rendel. Tekintsük x függvény deriváltját:

$$\begin{split} \dot{x}(r) &= [\dot{S}]([R]^{-1}(r)) \frac{1}{[\dot{R}]([R]^{-1}(r))} \\ &= \frac{-\tau \frac{\bar{d}}{N} [S]([R]^{-1}(r)) [I]([R]^{-1}(r))}{\gamma [I]([R]^{-1}(r))} \\ &= -\frac{\tau}{\gamma} \frac{\bar{d}}{N} [S]([R]^{-1}(r)) \\ &= -\frac{\tau}{\gamma} \frac{\bar{d}}{N} x(r). \end{split}$$

Tehát a következő differenciálegyenletet megoldva megkapjuk a trajektóriát:

$$\dot{x}(r) = -\frac{\tau}{\gamma} \frac{\bar{d}}{N} x(r), \qquad (1.8)$$

amelynek könnyen megkapható a megoldása, és azt transzformálva az idő függvényére kapjuk a következő összefüggést:

$$[S](t) = S_0 e^{-\frac{\tau}{\gamma} \frac{d}{N}[R](t)}.$$
(1.9)

A számítások során feltettük, hogy a rezisztens csúcsok száma kezdetben [R](0) = 0. Ellenkező esetben ezeket a kezdeti rezisztens csúcsokat eltávolíthatjuk a rendszerből, mivel nem vesznek részt a járvány terjedésében. Így az általánosság megszorítása nélkül feltehető, hogy a folyamat kezdetekor nincsen rezisztens csúcs a rendszerben.

Az analitikus levezetéssel kapcsolatban az volt az egyik célunk, hogy kiszámoljuk, egy adott pontból indítva, milyen egyensúlyi ponthoz tart a pálya. A továbbiakban jó lehetőséget ad ennek a pontnak a kiszámítására az (1.9) formula. Ugyanis ha feltesszük, hogy az $(S_0, I_0, 0)$ pontból indított pálya (ahol $S_0 + I_0 = N$) egy $(S_{\infty}, 0, N - S_{\infty})$ alakú egyensúlyi ponthoz tart, akkor annak pontos értékét megállapíthatjuk úgy, hogy behelyettesítjük ezt az egyensúlyi pontot az (1.9) formulába. Másképp fogalmazva az (1.9) egyenlet mindkét oldalának vesszük a határértékét $+\infty$ -ben. Így kapjuk a következő alakot:

$$S_{\infty} = S_0 e^{-\frac{\tau}{\gamma} \frac{d}{N} (N - S_{\infty})}.$$
(1.10)

Ez az egyenlet viszont numerikusan könnyedén megoldható és a megoldás mindig létezik és egyértelmű [9], amiből könnyen adódik R_{∞} értéke, azaz a "final epidemic size" is.

Összefoglalva a következő tétel mondható ki az (1.4) rendszerről.

1. Tétel. Az (1.4) átlagoláson alapuló rendszernek végtelen sok egyensúlyi pontja van, melyek (s^{*}, 0, r^{*}) alakúak, ahol s^{*} és r^{*} nemnegatív valós értékek, melyekre teljesül s^{*}+r^{*} = N. Egy egyensúlyi pont stabil, ha teljesül az s^{*} < $\frac{N}{d}\frac{\gamma}{\tau}$ feltétel. A betegségmentes állapot stabil, ha $\tau \bar{d} < \gamma$. Ellenkező esetben instabil egyensúlyi pontok is megjelennek.

Valamint egy $(S_0, I_0, 0)$ pontból indított pálya (ahol $S_0 + I_0 = N$) esetén [S] és [R]-re igaz a következő egyenlőség:

$$[S](t) = S_0 e^{-\frac{\tau}{\gamma} \frac{d}{N}[R](t)}$$

illetve, hogy a pálya az $(S_{\infty}, 0, R_{\infty})$ egyensúlyi ponthoz tart, amelynek értéke a következő rendszer megoldásával kapható meg:

$$S_{\infty} = S_0 e^{-\frac{\tau}{\gamma} \frac{d}{N} (N - S_{\infty})},$$
$$R_{\infty} = N - S_{\infty}.$$

Teljes hálózatok

Szemben az előzőleg tárgyalt lezárt modellel, ha a hálózatot egy teljes gráfnak tekintjük, akkor csupán $[SI] \approx [S][I]$ becslést alkalmazzuk az egészséges-beteg élek várható számára. Ekkor azonban a modell nem függ a hálózat méretétől:

$$[S] = -\tau[S][I], \qquad (1.11a)$$

$$[\dot{I}] = \tau[S][I] - \gamma[I], \qquad (1.11b)$$

$$\dot{R}] = \gamma[I], \tag{1.11c}$$

Az előbb leírt becsült (1.11) modellre ismert a következő tétel (Hethcote [10, 11]):

2. Tétel. Legyen ([S]*(t), [I]*(t)) egy megoldása az átlagoláson alapuló egyenletrendszernek (1.11) (S₀, I₀) kezdeti értékekkel. Ha $\tau \frac{S_0}{\gamma} \leq 1$, akkor [I] monoton csökken 0-ba, amint $t \to +\infty$. Ha $\tau \frac{S_0}{\gamma} > 1$, akkor [I] először monoton nő [I]_{max} := S₀ + I₀ - $\frac{\gamma}{\tau} \log(S_0) - \frac{\gamma}{\tau} + \frac{\gamma}{\tau} \log(\frac{\gamma}{\tau})$ értékig, majd monton csökken 0-ba amint $t \to +\infty$.

[S] szigorú monoton csökkenő függvény, határértéke $[S]_{\infty} := \lim_{t \to +\infty} [S](t)$, amely egyértelmű gyöke a következő egyenletnek:

$$[S]_{\infty} - \frac{\gamma}{\tau} \log([S]_{\infty}) = S_0 + I_0 - \frac{\gamma}{\tau} \log(S_0).$$
(1.12)

A kutatás egyik célja megvizsgálni, hogy milyen modell írható föl adaptív hálózat esetén, majd az előbbihez hasonló tételek kidolgozása a felírt modellre, ha lehetséges.

1.2. Párok szintjén felírt SIR modell

A következő részben az 1.1 fejezetben ismertetett, átlagoláson alapuló modellre kiszámolt eredményekhez hasonló eredményeket ismertetünk egy szofisztikáltabb modellre.

Az (1.1) statikus hálózatokra vonatkozó rendszert lehetséges úgy is bővíteni, hogy az SI élek átlagára felírt becslés helyett az élekre is felírunk differenciálegyenleteket. [8] Ekkor a párok szintjén felírt rendszer a következő alakú:

$$[\dot{S}] = -\tau[SI],\tag{1.13a}$$

$$[I] = \tau[SI] - \gamma[I], \qquad (1.13b)$$

$$[\dot{R}] = \gamma[I], \tag{1.13c}$$

$$[\dot{SI}] = -\gamma[SI] + \tau([SSI] - [ISI] - [SI]),$$
 (1.13d)

$$[SS] = -2\tau[SSI]. \tag{1.13e}$$

(A többi változóra nem írunk fel egyenleteket, mivel azoktól ez a rendszer nem függ, és változásuk számunkra nem annyira érdekes.) Ebben a rendszerben megjelennek az úgynevezett hármasok, például [SSI], amely az egészséges-egészséges-beteg csúcsok által alkotott hármasok várható számát jelöli. Látható, hogy ekkor a hármasoktól való függés miatt ez a modell nem lesz zárt.

A párok szintjén felírt modellre szintén teljesül a csúcsok számára vonatkozó megmaradási szabály (1.2), illetve egy másik, az élek számára vonatkozó megmaradási szabály:

$$[SS] + [II] + [RR] + 2[SI] + 2[SR] + 2[RI] = \bar{d}N.$$
(1.14)

Ebben a rendszerben a hármasokra alkalmazunk becsléseket [7], hogy egy lezárt rendszert kapjunk:

$$[ASI] \approx \frac{\bar{d} - 1}{\bar{d}} \frac{[AS][SI]}{[S]},\tag{1.15}$$

ahol d a gráf átlagfokszáma és A tetszőleges állapotú csúcs. Ez a becslés is hasonlóan indokolható heurisztikusan, mint az SI élekre alkalmazott becslés, tehát a hármasok várható számát becsülhetjük az átlagfokszám, a csúcsok és az élek átlagos számának segítségével.

Alkalmazva a hármasok szintjén az előbb bevezetett becsléseket, az (1.13) rendszer egy zárt rendszerré írható át, a következő módon:

$$\dot{[S]} = -\tau [SI], \tag{1.16a}$$

$$[\dot{I}] = \tau[SI] - \gamma[I], \tag{1.16b}$$

$$[\dot{R}] = \gamma[I], \tag{1.16c}$$

$$[\dot{S}I] = -\gamma[SI] + \tau \frac{\bar{d} - 1}{\bar{d}} \frac{([SS] - [SI])[SI]}{[S]} - \tau[SI], \qquad (1.16d)$$

$$[\dot{SS}] = -2\tau \frac{\bar{d} - 1}{\bar{d}} \frac{[SS][SI]}{[S]}.$$
(1.16e)

Az így kapott rendszer az SIR dinamikájú élek szintjén felírt (lezárt) rendszer, amely szemben az átlagoláson alapuló modellel, több nemlinearitást is tartalmaz. Először megvizsgáljuk ennek a rendszernek az egyensúlyi pontjait és azok stabilitását, majd megpróbálkozunk az 1.1.2 fejezetben szereplő módhoz hasonlóan megoldani az egyenletrendszert.

1.2.1. Egyensúlyi pontok, stabilitásuk

Ebben az alfejezetben az (1.16) párok szintjén felírt statikus modell egyensúlyi pontjait és azok stabilitását vizsgáljuk.

Hasonlóan az átlagoláson alapuló modellhez, most is könnyedén látható, hogy az $\underline{x}^* = (s^*, 0, r^*, 0, ss^*)$ egy egyensúlyi pont, ahol s^* , r^* nemnegatív csúcsszámok, amelyek teljesítik $s^* + r^* = N$ megmaradási szabályt, illetve ss^* tetszőleges élszám, amelyre teljesül az élekre vonatkozó (1.14) megmaradási szabály, valamint az, hogy ss^* nem nagyobb mint a kezdeti [SS] élek száma, ugyanis a folyamat során az egészséges csúcsok között vezető élek száma monoton fogy.

Fontos megjegyeznünk, hogy SIR dinamikájú modell esetén a betegek várható száma mindig 0-hoz tart, azaz $\lim_{t\to+\infty} [I](t) = 0$, ennek következménye, hogy a beteg-egészséges élek átlagos száma is szintén 0-hoz tart, azaz $\lim_{t\to+\infty} [SI](t) = 0$. [8]

A stabilitás megállapításához először ki kell számolnunk a rendszer jobb oldalát leíró $f : \mathbb{R}^5 \to \mathbb{R}^5$ függvény J_f Jacobi-mátrixát. Azonban az [R]-re vonatkozó egyenlet kihagyható, mivel ez a függvény kifejezhető [S] és [I] értékéből a megmaradási szabály alapján. Így [R] kihagyása után legyen a jobb oldalt leíró függvény $\tilde{f} : \mathbb{R}^4 \to \mathbb{R}^4$, hasonlóan $\underline{\tilde{x}} = (x_1, x_2, x_4, x_5) \in \mathbb{R}^4$, ahol kihagytuk az [R]-re vonatkozó koordinátát. Ezek alapján elégséges \tilde{f} Jacobi-mátrixát tekintenünk az $\underline{\tilde{x}}$ helyen, amely a következő alakú:

$$J_{\tilde{f}}(\underline{\tilde{x}}) = \begin{pmatrix} 0 & 0 & -\tau & 0\\ 0 & -\gamma & \tau & 0\\ -\tau q \frac{(x_5 - x_4)x_4}{x_1^2} & 0 & -\gamma - \tau + \tau q \frac{x_5 - 2x_4}{x_1} & \tau q \frac{x_4}{x_1}\\ 2\tau q \frac{x_5 x_4}{x_1^2} & 0 & -2\tau q \frac{x_5}{x_1} & -2\tau q \frac{x_4}{x_1} \end{pmatrix},$$
(1.17)

abol $q := \frac{\bar{d}-1}{\bar{d}}$.

Behelyettesítve az $\underline{\tilde{x}}^* = (s^*, 0, 0, ss^*)$ egyensúlyi pontot, kapjuk a következő alakú mátrixot:

$$J_{\tilde{f}}(\underline{\tilde{x}}^{*}) = \begin{pmatrix} 0 & 0 & -\tau & 0\\ 0 & -\gamma & \tau & 0\\ 0 & 0 & -\gamma - \tau + \tau q \frac{ss^{*}}{s^{*}} & 0\\ 0 & 0 & -2\tau q \frac{ss^{*}}{s^{*}} & 0 \end{pmatrix}.$$
 (1.18)

Ennek a mátrixnak a sajátértékei: $0,0,-\gamma$ és $-\gamma - \tau + \tau q \frac{ss^*}{s^*}$. Így az egyensúlyi pont stabilitásának a feltétele, hogy az utolsó sajátérték negatív legyen. (Megjegyezzük, hogy az (1.18) mátrix minimálpolinomja harmadfokú.) Átalakítva:

$$q\frac{ss^*}{s^*} < \frac{\gamma}{\tau} + 1.$$
 (1.19)

Az ss^* és s^* viszonyáról általános esetben nem tudunk semmit, viszont a betegségmentes egyensúlyi állapotban ismerjük a pontos értéküket. Ugyanis ekkor [S] = N és $[SS] = \bar{d}N$. Erről könnyen látható, hogy egyensúlyi pont. Ekkor az (1.19) stabilitási feltétel a következő alakúra egyszerűsödik [8]:

$$\tau(\bar{d}-2) < \gamma. \tag{1.20}$$

Ezek alapján ha a betegségmentes állapotra nem teljesül az (1.20) stabilitási feltétel, tehát a betegségmentes állapot instabil, akkor tetszőlegesen kevés, de pozitív számú beteggel nagy mértékben elterjedhet a betegség.

Összefoglalásként a következő tétel mondható ki.

3. Tétel. Az (1.16) párok szintjén felírt rendszernek végtelen sok egyensúlyi pontja van, melyek (s^{*}, 0, r^{*}, 0, ss^{*}) alakúak, ahol s^{*}, r^{*}, ss^{*} nemnegatív valós értékek, melyekre teljesül s^{*} + r^{*} = N és ss^{*} \leq s^{*}(s^{*} - 1). Egy egyensúlyi pont stabil, ha teljesül a $q\frac{ss^*}{s^*} < \frac{\gamma}{\tau} + 1$ feltétel, ahol $q := \frac{\bar{d}-1}{\bar{d}}$.

A betegségmentes állapot stabil, ha $\tau(\bar{d}-2) < \gamma$.

A továbbiakban az [SS] és [SI] függvényeket kifejezzük [S] segítségével az előző fejezetben alkalmazott módszer segítségével.

1.2.2. Analitikus megoldás

Az élek szintjén felírt modell esetén is megpróbálkozhatunk a korábban – az átlagoláson alapuló modell esetén – látott módszerrel megoldani a rendszert, azaz bizonyos változókat kifejezni egy szigorú monoton változó függvényében. A következőkben megpróbáljuk [SS]és [SI] változók értékét nem az idő, hanem az egészséges csúcsok várható számának [S]függvényében kifejezni.

Hosszabb számolásokkal kapjuk a következő formulákat [SS] és [SI] függvények értékeire (alkalmazva a feltevést, hogy [R](0) = 0), ahol K_{SS} és K_{SI} alkalmas konstansok, amelyek a kezdeti értékek alapján választandók. A [8] könyvben részletesen olvashatók ezek a számolások, melyek végén a miénkhez hasonló alakú formulákat kaptak a szerzői. Fontos tulajdonság, hogy SS és SI élek számának várható értéke csupán az egészséges csúcsok várható számától függ.

$$[SS](t) = K_{SS}[S](t)^{2q}$$
(1.21a)

$$[SI](t) = \left(\frac{\gamma}{\tau} + 1\right) \bar{d}[S](t) - K_{SS}[S](t)^{2q} + K_{SI}[S](t)^{q}$$
(1.21b)

$$K_{SS} = \frac{d}{NS_0^{2(q-1)}}$$
(1.21c)

$$K_{SI} = -\bar{d}\frac{\dot{\gamma}}{\tau}S_0^{1-q} \tag{1.21d}$$

Felhasználva az [SI] értékére vonatkozó (1.21b) formulát, és hogy $\lim_{t\to\infty} [SI] = 0$, meghatározhatjuk, hogy adott paraméterek és kezdeti értékek mellett melyik egyensúlyi ponthoz tart egy trajektória. (Itt is láthatóan [S], [I], [R], [SI] és [SS] függvényeknek létezik határértéke, [S], [R], [SS] monotinitása és korlátossága miatt, illetve hogy [I] és [SI] tart a 0-hoz. Így a pálya határértéke egyensúlyi pont lesz.) [9]

Határátmenet után az (1.21b) formulából a következő egyenletet kapjuk S_{∞} értékére:

$$0 = \bar{d} \left(\frac{\gamma}{\tau} + 1\right) S_{\infty} - K_{SS} S_{\infty}^{2q} + K_{SI} S_{\infty}^{q}$$
(1.22)

Ez a feladat numerikusan könnyedén megoldható, és a megoldás mindig létezik és egyértelmű [9]. Így megkapjuk S_{∞} értékét, amelyből a "final epidemic size" a $R_{\infty} = N - S_{\infty}$ formulával számítható.

2. fejezet

SIR modell adaptív hálózaton

Az eddigiekben olyan hálózatokat tekintettük, amelyek időben állandó szerkezetűek. Azonban rengeteg gyakorlati példa adható, és könnyedén el is képzelhető, hogy egy járvány terjedése során az emberi kapcsolatok (fertőzési viszonyok) hálózata nem állandó időben. Nyilvánvaló, hogy ha egy időben változó hálózaton akarjuk egy betegség terjedését modellezni, az eddigieknél részletesebben kidolgozott modellek kellenek, amelyek a folyamat során figyelembe veszik a hálózat változását.

Időben változó hálózatokat több fontos tulajdonság mentén is csoportosíthatunk. A dolgozat témája, és modellezés szempontjából is érdekesebb eset, ha a hálózat szerkezete a járvány terjedésére reagálva változik, viszont a csúcsszáma állandó marad. Az ilyen típusú hálózatot adaptív hálózatnak nevezzük. Ezek alapján olyan típusú adaptív hálózattal foglalkozunk a dolgozatban, amely a betegség elterjedését befolyásolja, megpróbálja a terjedést csökkenteni. Ezt úgy érjük el, hogy az egészséges és a beteg csúcsok között éleket szakítunk meg, és – ettől függetlenül – alacsony intenzitással hozunk létre egészségesek közötti éleket, hogy a hálózat ne essen szét. Ennél a módszernél az élek száma változik. A dolgozat második felében ezt a modellt tárgyaljuk részletesen. [12, 13, 14]

A továbbiakban az adaptív rendszerek esetén a gráf átlagfokszáma szintén az idő függvénye, ezt jelölje $\bar{d}(t)$, amelynek kezdeti értékét jelölje \bar{d}_0 . Hasonlóan legyen $d_S(t)$ az egészséges csúcsok átlagfokszáma t időpontban, amelynek kezdeti értékét jelölje $d_S(0)$.

2.1. Párok szintjén felírt rendszer

Az adaptivitást a következőképpen értjük: bevezetünk két új paramétert, melyek a gráf struktúrájában létrejövő változásokat befolyásolják: $\omega > 0$ jelöli a beteg és egészséges egyének közötti kapcsolatok megszakításának intenzitását, és $\alpha > 0$ jelöli az egészséges egyének közötti kapcsolatok felvételének intenzitását. Itt is exponenciális eloszlású valószínűségi változókkal lehet leírni az állapotváltozások valószínűségeit. Így tehát az adaptív hálózat változása az élek szintjén jelenik meg. Ezt viszont az (1.1) rendszerben nem tudjuk mo-

dellezni. Így a korábban bemutatott élek szintjén felírt (1.13) modellt szükséges alapul venni, illetve az (1.16) lezárt alakot.

Az (1.13) rendszerbe már bevezethetjük az adaptív hálózat működéséhez szükséges paramétereket, így a következő alakú lesz a rendszer:

$$[S] = -\tau[SI], \tag{2.1a}$$

$$[\dot{I}] = \tau[SI] - \gamma[I], \qquad (2.1b)$$

$$[\dot{R}] = \gamma[I], \tag{2.1c}$$

$$\begin{bmatrix} \dot{SI} \end{bmatrix} = -\gamma \begin{bmatrix} SI \end{bmatrix} + \tau (\begin{bmatrix} SSI \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} ISI \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} SI \end{bmatrix}) - \omega \begin{bmatrix} SI \end{bmatrix},$$
(2.1d)

$$[SS] = -2\tau[SSI] + \alpha([S]([S] - 1) - [SS]).$$
(2.1e)

Ezt úgy kapjuk, hogy az egészséges és beteg egyének közötti kapcsolatok megszüntetésére, vagyis az SI élek átlagos számának csökkentésére beépítünk a rendszerbe egy ω rátával ható tagot, illetve az egészségesek közötti kapcsolatok bővítésére egy α rátával ható másik tagot, hiszen [S]([S] - 1) - [SI] jelöli a még nem összekötött egészséges egyének közötti lehetséges SS élek számát. Utóbbinál az egészséges-egészséges élekkel csupán addig bővítjük a hálózatot, amíg az a hálózat felépítéséből adódóan lehetséges (tehát legfeljebb addig, amíg az egészséges csúcsok egy teljes részgráfot nem feszítenek ki).

Alkalmazva a hármasok lezárása bevezetett (1.15) becslést – a \bar{d} átlagfokszám helyett a d_S egészséges csúcsok átlagfokszámával –, az adaptív modell a következő alakú lesz

$$[\dot{S}] = -\tau[SI], \tag{2.2a}$$

$$[\dot{I}] = \tau[SI] - \gamma[I], \qquad (2.2b)$$

$$[\dot{R}] = \gamma[I], \tag{2.2c}$$

$$[\dot{SI}] = -\gamma[SI] + \tau \frac{d_S - 1}{d_S} \frac{([SS] - [SI])[SI]}{[S]} - \tau[SI] - \omega[SI], \qquad (2.2d)$$

$$[SS] = -2\tau \frac{d_S - 1}{d_S} \frac{[SS][SI]}{[S]} + \alpha([S]([S] - 1) - [SS]).$$
(2.2e)

Fontos megemlíteni, hogy adaptív hálózat esetén a hármasok becslésére szolgáló (1.15) kifejezésben az egészséges csúcsok átlagfokszámát jelölő d_S is az idő függvénye. A (2.2) rendszer is autonóm rendszer, ugyanis $d_S := \frac{[SS] + [SI] + [SR]}{[S]}$, így csak a rendszer változóin keresztül függ az időtől. Emiatt érdemes [SR] értékét is vizsgálnunk, így a következő egyenletet, már az alkalmazott lezárásokkal, még hozzávesszük a (2.2) rendszerhez:

$$[SR] = \gamma[SI] - \tau \frac{d_S - 1}{d_S} \frac{[SI][SR]}{[S]}.$$
 (2.2f)

A továbbiakban a (2.2) modellt vizsgáltam a 2. tételhez hasonló eredmények elérése céljából, (különös tekintettel a "final epidemic size", azaz R_{∞} meghatározására).

2.1.1. Egyensúlyi pontok és stabilitásuk

A következőkben a (2.2) rendszer egyensúlyi pontjait és stabilitását fogom meghatározni.

Egyensúlyi pontok

Írjuk fel a rendszer jobb oldalán szereplő formulát egy többváltozós függvényként. Fontos megjegyeznünk, hogy adaptív modell esetén az átlagfokszám és a q arány is az idő függvényk, így ennek egyensúlyi pontbeli értékét is szükséges lehet meghatároznunk. Mivel $q := \frac{d_S - 1}{d_S}$ és $d_S = \frac{[SS] + [SI] + [SR]}{[S]}$, így meg kell határoznunk [SR] egyensúlyi ponti értékét is.

A (2.2) lezárt rendszer jobb oldalát meghatározó $f:\mathbb{R}^6\to\mathbb{R}^6$ függvény a következő alakú:

$$f(\underline{x}) = \begin{pmatrix} -\tau x_4 \\ \tau x_4 - \gamma x_2 \\ \gamma x_2 \\ -(\gamma + \tau + \gamma) x_4 + \tau q \frac{(x_5 - x_4)x_4}{x_1} \\ -2\tau q \frac{x_5 x_4}{x_1} + \alpha (x_1(x_1 - 1) - x_5) \\ \gamma x_4 - \tau q \frac{x_4 x_6}{x_1} \end{pmatrix},$$
(2.3)

ahol $q := \frac{d_S-1}{d_S} = \frac{x_4+x_5+x_6-x_1}{x_4+x_5+x_6}$. Az egyensúlyi pontok az $f(\underline{x}) = \vec{0}$ egyenlet megoldásai. Könnyű számolással adódik, hogy végtelen sok megoldása van ennek az egyenletnek,

Könnyű számolással adódik, hogy végtelen sok megoldása van ennek az egyenletnek, amelyek a következő alakúak:

$$\underline{x}^* = (s^*, 0, r^*, 0, s^*(s^* - 1), z^*), \tag{2.4}$$

ahol s^* , r^* és z^* nemnegatív valós számok. Azonban itt meg kell jegyeznünk, hogy a betegségterjedési modellre több megmaradási szabály is érvényes, így \underline{x}^* csupán akkor egyensúlyi pontja az adaptív hálózaton felírt SIR dinamikájú modellnek, amennyiben fennáll a koordinátáira, hogy $s^* \leq N$, $r^* \leq N$, $s^* + r^* = N$ és $z^* \leq s^* r^*$.

Ezek alapján a d_S átlagfokszám és ígyqarány értéke egy egyensúlyi pontban a következő:

$$d_S^* = s^* - 1 + \frac{z^*}{s^*}, \tag{2.5}$$

$$q^* = \frac{s^*(s^* - 2) + z^*}{s^*(s^* - 1) + z^*}.$$
(2.6)

Egyensúlyi pontok stabilitása

Az egyensúlyi pontok stabilitását most is a Jacobi-mátrix segítségével határozzuk meg. Azonban az adaptív modell esetén, szemben a statikus modellel, több nemlinearitás szerepel az egyenletekben. Ugyanis adaptív hálózatnál az átlagfokszám, így az egészséges S csúcsok átlagfokszáma is, az idő függvénye. Emiatt a deriválásnál lényegesen több tagot kapunk, és figyelembe kell vennünk az átlagfokszámot, így a q kifejezést is.

Tekintsük a rendszer jobb oldalát meghatározó $f : \mathbb{R}^6 \to \mathbb{R}^6$ leképezést. Viszont az [R] függvényre vonatkozó egyenletet elhagyhatjuk, ugyanis ez kifejezhető az első két változó segítségével. Így legyen a jobb oldalt meghatározó függvény az [R] elhagyása után $\tilde{f}: \mathbb{R}^5 \to \mathbb{R}^5$. Hasonlóan legyen $\tilde{x} \in \mathbb{R}^5$ az a pont, amelyből elhagyjuk az [R]-re vonatkozó koordinátát, $\underline{\tilde{x}}^* \in \mathbb{R}^5$ pedig az egyensúlyi pont.

Elegendő tehát az \tilde{f} függvény Jacobi-mátrixát tekinteni az \tilde{x}^* egyensúlyi pontban. Ez a következő alakú lesz:

$$J_{\tilde{f}}(\underline{\tilde{x}}^{*}) = \begin{pmatrix} 0 & 0 & -\tau & 0 & 0 \\ 0 & -\gamma & \tau & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -(\gamma + \tau + \omega) + \tau q^{*}(s^{*} - 1) & 0 & 0 \\ \alpha(2s^{*} - 1) & 0 & -2\tau q^{*}(s^{*} - 1) & -\alpha & 0 \\ 0 & 0 & \gamma - \tau q^{*} \frac{z^{*}}{s^{*}} & 0 & 0 \end{pmatrix}, \qquad (2.7)$$

ahol q^* értékét korábban meghatároztuk a (2.6) formulában.

Fontos megjegyzés, hogy a Jacobi-mátrix számításakor a q miatt végzett szorzatderiváltaknak az a tagja, mikor q-t deriváltuk, mindig kiesik az egyensúlyi pontok behelyettesítésekor, ugyanis a tag tartalmazza az x_4 szorzótényezőt, amely az egyensúlyi pontban 0. Így csak q "deriválatlan" része marad a mátrixban.

A (2.7) mátrix sajátértékei a 0, 0, $-\gamma$, $-\alpha$ és $-(\gamma + \tau + \omega) + \tau q^*(s^* - 1)$, és a minimálpolinomja negyedfokú. A nulla kivételével a harmadik és negyedik sajátértékek szigorúan negatívak, hiszen γ és α paraméterek szigorúan pozitívak. Illetve az ötödik sajátérték pontosan akkor negatív, ha teljesül a következő feltétel:

$$q^*(s^* - 1) < \rho, \tag{2.8}$$

ahol bevezettünk egy új változót a paraméterekre:

$$\rho := \frac{\gamma + \omega}{\tau} + 1. \tag{2.9}$$

Ezek alapján az (N, 0, 0, N(N-1), 0) betegségmentes állapot pontosan akkor stabil, ha teljesül az

$$N - 2 < \rho \tag{2.10}$$

egyenlőtlenség. Ha ez a feltétel nem teljesül, akkor instabil egyensúlyi pontok is megjelennek a rendszerben.

Összefoglalásként a következő tétel mondható ki.

4. Tétel. A (2.2) párok szintjén felírt adaptív rendszernek végtelen sok egyensúlyi pontja $van, \ melyek \ (s^*, 0, r^*, 0, s^*(s^*-1), z^*) \ alakúak, \ ahol \ s^*, r^*, z^* \ nemnegatív \ valós \ \acute{ertékek},$ melyekre teljesül s* + r* = N és z* \leq s*r*. Egy egyensúlyi pont stabil, ha teljesül a $q^*(s^*-1) < \rho \text{ feltétel, ahol } q^* = \frac{s^*(s^*-2)+z^*}{s^*(s^*-1)+z^*} \text{ és } \rho = \frac{\gamma+\omega}{\tau} + 1.$

A betegségmentes állapot stabil, ha $N-2 < \rho$.

2.1.2. Numerikus vizsgálatok

Mivel a (2.2) modellre analitikus megoldást nem ismerünk, illetve nem sikerült rá alkalmazni a korábbi modelleknél látott visszavezetési módszert, így numerikus számításokkal folytatjuk a modell vizsgálatát. Kezdetben összehasonlítottuk a statikus párjával, tehát az (1.16) modellel azonos paraméterek mellett.

Megjegyezzük, hogy a következő futtatások során (és a továbbiakban végig) statikus modell esetén az átlagfokszámot \bar{d} , és adaptív modell esetén a kezdeti átlagfokszámot \bar{d}_0 , illetve az egészséges csúcsok kezdeti átlagfokszámát $d_S(0)$ mindig azonosnak választjuk.



2.1. ábra. Bal oldalon a statikus, jobb oldalon az adaptív modell futtatása látható. A paraméterek a következők: N = 100, $\bar{d} = \bar{d}_0 = d_S(0) = 6$, $\tau = 1$, $\gamma = 3$, $\alpha = 0.01$, $\omega = 3$

A (2.2) adaptív hálózatra felírt modell másfajta viselkedést mutatott az (1.16) statikus megfelelőjével szemben. Jól látható a 2.1. ábrán, hogy míg statikus hálózat esetén egyetlen hullámban zajlik le a betegség, addig adaptív esetben megjelenik egy ütemesség a terjedésben, és ezáltal egyfajta lépcsőzetes alakot mutat az egészséges csúcsok várható száma. Tehát lényegesen összetettebb mozgást látunk adaptív hálózat esetén. A későbbiekben ezt a lépcsőzetes viselkedést, illetve a beteg csúcsok újbóli növekedését "fellángolásnak" fogjuk hívni.

Második lépésként próbáljunk meg a korábbi modelleknél látott fáziskép mostani megfelelőjét felrajzolni. Hasonlóan az (1.16) párok szintjén felírt statikus modellhez, itt sem lehetséges síkban ábrázolni a fázisképet, így ennek csupán egy projekcióját ábrázoljuk.

A 2.2b. ábrán jól láthatóvá válnak a fellángolások, ahogy úgymond "visszapattannak" a pályák az instabil egyensúlyi pontokról. Itt fontos megjegyezni, hogy az ábrán úgy tűnik, a pályák bemennek [I] = 0 egyenesbe, azonban ez nem lehetséges, ugyanis az



(a) Stabil betegségmentes állapot (N = 100, (b) Instabil betegségmentes állapot (N = 100, $\bar{d} = \bar{d}_0 = d_S(0) = 6$, $\tau = \frac{1}{10}$, $\gamma = 1$, $\alpha = \frac{1}{100}$, $\bar{d} = \bar{d}_0 = d_S(0) = 6$, $\tau = \frac{1}{10}$, $\gamma = 1$, $\alpha = \frac{1}{100}$, $\omega = 10$) $\omega = 1$)

2.2. ábra. A beteg csúcsok száma az egészséges csúcsok függvényében a (2.2) párok szintjén felírt adaptív modell esetén, stabil és instabil betegségmentes állapotú paraméterek mellett.

egyenesen minden pont egyensúlyi pont, így onnan már nem jöhetnének ki a pályák. Az látható, hogy a pályák nagyon közel mennek az egyensúlyi pontokhoz, viszont a fellángolás hatására azután ismét eltávolodnak. Ezzel szemben a 2.2a. ábrán stabil esetben a statikus hálózaton látott modellekéhez hasonló fázisképet láthatunk.

Megjegyezzük, hogy a 2.2b. ábrán azért látunk egymást keresztező pályákat, mivel ez nem a teljes fáziskép, csupán annak egy projekciója az ([S], [I]) síkra.

2.2. Becsült rendszer

A párok szintjén felírt, (2.2) modell több nemlinearitást is tartalmaz, amelyek miatt nem tudjuk kifejezni a korábban látott módokon az élek várható értékét az egészséges csúcsok várható értékének függvényében, vagy ezekhez hasonló formában. Így a továbbiakban alkalmazni fogunk erre a modellre néhány jó közelítést, amelyekkel csökkenthetjük a nemlinearitásokat a rendszerben, és nagyobb eséllyel próbálkozhatunk analitikus összefüggés keresésével.

Az egyik legegyszerűbb és legkézenfekvőbb feltevés a rendszer méretére vonatkozik. Ugyanis gyakorlati példák alapján is jól látható, hogy ezres, tízezres vagy akár százezres rendszereket, populációkat is vizsgálhatunk, amikor egy járvány terjedését akarjuk modellezni (ekkor tipikusan N > 10000, $\bar{d}_0 > 50$ és $d_S(0) > 50$). Ilyen nagy hálózatok mellett több kifejezés is jól közelíthető egy egyszerűbb alakkal. Nagy méretű hálózat esetén a következő becslések jól alkalmazhatóak:

$$\frac{d_S - 1}{d_S} \approx 1, \tag{2.11a}$$

$$[S]([S] - 1) \approx [S]^2.$$
 (2.11b)

Ugyanis nagy méretű hálózat esetén az átlagfokszám is nagy, így nem véthetünk túl nagy hibát, ha az általuk alkotott arányt $\frac{d_S-1}{d_S}$, amely az idő t függvénye, a konstans 1 függvénnyel helyettesítjük. Ehhez hasonlóan nagy hálózat esetén az egészséges csúcsok előbbi szorzatát [S]([S] - 1) is közelíthetjük a számuk négyzetével.

Ezeket a közelítéseket felhasználva kapjuk a következő, úgynevezett redukált rendszert:

$$[\dot{S}] = -\tau[SI], \tag{2.12a}$$

$$[I] = \tau[SI] - \gamma[I], \qquad (2.12b)$$

$$[\dot{SI}] = -\gamma[SI] + \tau \frac{[SI]([SS] - [SI])}{[S]} - \tau[SI] - \omega[SI], \qquad (2.12c)$$

$$[\dot{SS}] = -2\tau \frac{[SS][SI]}{[S]} + \alpha([S]^2 - [SS]).$$
(2.12d)

A redukált rendszer kevesebb nemlinearitást tartalmaz, így nagyobb eséllyel próbálkozhatunk olyan módszerekkel, amelyeket a statikus rendszerek esetén is alkalmaztunk. Ezek előtt azonban szükséges meggyőződnünk róla, hogy valóban nem ejtünk túl nagy hibát az eredeti rendszerhez képest a (2.11) közelítések alkalmazásával.

2.2.1. Egyensúlyi pontok és stabilitásuk

A (2.2) "nem-becsült" rendszerhez hasonlóan könnyen látható, hogy a (2.12) becsült rendszernek is végtelen sok egyensúlyi pontja van, amelyek általános alakja

$$\underline{x}^* = (s^*, 0, r^*, 0, (s^*)^2).$$
(2.13)

Ezen egyensúlyi pontok stabilitását a következő módon határozhatjuk meg. Először ki kell számítani a rendszer jobb oldalát leíró $\tilde{f} : \mathbb{R}^4 \to \mathbb{R}^4$ függvény Jacobi-mátrixát (itt a korábbiakhoz hasonlóan elhagyjuk az [R]-re vonatkozó egyenletet, mivel ez kifejezhető a megmaradási szabály alapján [S] és [I] értékéből). Szintén hasonlóan legyen $\underline{\tilde{x}} \in \mathbb{R}^4$ az a pont, amelyből elhagyjuk az [R]-re vonatkozó koordinátát. A becsült rendszernél az [SR] értékére vonatkozó egyenletet is elhagyjuk, mivel a rendszer már nem függ a fokszámtól, így nincs szükségünk az [SR] függvény ismeretére sem a további számításokhoz.

A Jacobi-mátrix így hosszabb-rövidebb számolással adódik:

$$J_{\tilde{f}}(\underline{\tilde{x}}) = \begin{pmatrix} 0 & 0 & -\tau & 0 \\ 0 & -\gamma & \tau & 0 \\ -\tau \frac{(x_5 - x_4)x_4}{x_1^2} & 0 & -(\gamma + \tau + \omega) + \tau \frac{x_5 - 2x_4}{x_1} & \tau \frac{x_4}{x_1} \\ 2\tau \frac{x_5 x_4}{x_1^2} + 2\alpha x_1 & 0 & -2\tau \frac{x_5}{x_1} & -2\tau \frac{x_4}{x_1} - \alpha \end{pmatrix}.$$
 (2.14)

Most helyettesítsük be az egyensúlyi pontok általános alakját, elhagyva belőle [R] koordinátáját, tehát az $\underline{\tilde{x}}^* = (s^*, 0, 0, (s^*)^2)$ pontot:

$$J_{\tilde{f}}(\underline{\tilde{x}}^{*}) = \begin{pmatrix} 0 & 0 & -\tau & 0 \\ 0 & -\gamma & \tau & 0 \\ 0 & 0 & -(\gamma + \tau + \omega) + \tau s^{*} & 0 \\ 2\alpha s^{*} & 0 & -2\tau s^{*} & -\alpha \end{pmatrix}.$$
 (2.15)

Ennek a mátrixnak könnyen kiszámolhatók a sajátértékei, ugyanis a karakterisztikus polinomja egyetlen determináns kifejtési tagból áll:

$$k(\lambda) = (-\lambda)(-\lambda - \gamma)(-\lambda - (\gamma + \tau + \omega) + \tau s^*)(-\lambda - \alpha).$$
(2.16)

Ebből jól láthatók a sajátértékek: 0, $-\gamma$, $-\alpha$, $-(\gamma + \tau + \omega) + \tau s^*$. A nulla kivételével a második két sajátérték ennél a modellnél is szigorúan negatív, hiszen γ és α paraméterek szigorúan pozitívak. Illetve az utolsó sajátérték is negatív bizonyos feltételek esetén. Ugyanis:

$$-(\gamma + \tau + \omega) + \tau s^* < 0, \qquad (2.17)$$

$$(\gamma + \tau + \omega) > \tau s^*, \tag{2.18}$$

$$\left(\frac{\gamma+\omega}{\tau}+1\right) > s^*. \tag{2.19}$$

Ez alapján könnyedén meghatározhatjuk, hogy a betegségmentes állapot pontosan akkor stabil, ha teljesül a

$$N < \rho \tag{2.20}$$

feltétel, ahol ρ a korábban bevezetett (2.9) változó a paraméterekre és N a hálózat mérete, amely az aszimptotikus feltevések miatt nagy. Emellett látható, hogy ha $N < \rho$, akkor minden egyensúlyi pont stabil, és ha $N > \rho$, akkor instabil egyensúlyi pontok is lesznek a rendszerben. Tehát az $N = \rho$ paraméter értékek mellett bifurkáció jelenik meg.

Összefoglalásként a következő tétel mondható ki.

5. Tétel. A (2.12) párok szintjén felírt, becsült adaptív rendszernek végtelen sok egyensúlyi pontja van, melyek $(s^*, 0, r^*, 0, (s^*)^2)$ alakúak, ahol s^*, r^* nemnegatív valós értékek. Ezekre teljesül az $s^* + r^* = N$ egyenlőség.

Egy egyensúlyi pont stabil, ha teljesül a $s^* < \rho$ feltétel, ahol $q^* = \frac{s^*(s^*-2)+z^*}{s^*(s^*-1)+z^*}$. A betegségmentes állapot stabil, ha $N < \rho$.

Összehasonlítás a nem becsült rendszerrel

Amennyiben összehasonlítjuk a becsült és a nem becsült rendszerről kiszámolt tulajdonságokat, jól látható, hogy az egyensúlyi pontok (2.4) (2.13) és a betegségmentes állapot stabilitásáról szóló feltételek (2.10) (2.20) egybevágnak, ha "utólag" alkalmazzuk a korábban tárgyalt approximációkat nagy hálózat esetén.

2.2.2. Numerikus vizsgálatok

Összehasonlítás a nem becsült rendszerrel

Most a párok szintjén felírt adaptív modell és a belőle becsült rendszer eltérését fogjuk vizsgálni numerikus módszerekkel. A várakozásaink szerint a két rendszer csupán apró eltéréseket mutat, melyek mértéke szignifikánsan csökken ahogyan a rendszer méretét növeljük.



(a) A két modell futtatása az idő függvényében (b) A két modell futtatása az egészséges csúcsok függvényében

2.3. ábra. A (2.2) párok szintjén felírt adaptív modell és a (2.12) becsült adaptív modell összehasonlítása N = 200, $\bar{d}_0 = 12$, $\tau = \frac{1}{7}$, $\gamma = 1$, $\alpha = \frac{1}{100}$, $\omega = 1$ paraméterek esetén.

A 2.3a. ábrán a két modell párhuzamos futtatása látható. Jól megfigyelhető, hogy a görbék csupán apró mértékben térnek el minden időpillanatban, és nem halmozódik fel semmilyen hiba a folyamat során. A 2.3b. ábrán ugyanez a két futtatás látható, ahol az egészséges csúcsok függvényében ábrázoltuk az átlagos betegszámot. Megfigyelhető, hogy csupán alacsony [S] érték mellett van észrevehető különbség, azonban ahogy ez növekszik, a különbség eltűnik. A korábbiakhoz hasonlóan, most is felrajzolhatjuk a (2.12) modell fázisképének ([S], [I]) projekcióját.

A 2.4b. ábrán jól láthatóak a fellángolások, amelyeket a (2.2) modell esetén is tapasztaltunk, és a 2.3. ábrás összehasonlítás során is láttunk. A 2.4a. ábrán stabil betegségmentes állapot mellett láthatjuk a fáziskép projekcióját.

A fellángolásokkal a továbbiakban nem foglalkozunk, viszont a későbbiekben teszünk néhány megjegyzést ezekkel kapcsolatban, mint lehetséges új kutatási irány.



(a) Stabil betegségmentes állapot (N = 100, (b) Instabil betegségmentes állapot (N = 100, $\bar{d}_0 = 6, \tau = \frac{1}{10}, \gamma = 1, \alpha = \frac{1}{100}, \omega = 10$) $\bar{d}_0 = 6, \tau = \frac{1}{10}, \gamma = 1, \alpha = \frac{1}{100}, \omega = 1$)

2.4. ábra. A beteg csúcsok átlagos száma az egészséges csúcsok átlagos számának függvényében a (2.12) becsült adaptív modell esetén, stabil és instabil betegségmentes állapotú paraméterek mellett, tehát ha $N < \rho$, avagy $N > \rho$.

2.2.3. Analitikus eredmények

Az alábbi részben az (1.4) és az (1.16) rendszereknél látott módon megpróbálkozunk a (2.12) rendszer megoldásával, illetve a változók közötti analitikus összefüggések megtalálására teszünk kísérletet. Szemben a (2.2) rendszerrel, a (2.12) becsült rendszerben – mivel a q változót konstans 1-gyel becsültük – hasonló nemlinearitások szerepelnek csupán, mint a statikus modellek esetén, így jó eséllyel próbálkozhatunk hasonló megoldási módokkal. Ezek alapján a következő részben megpróbáljuk [SS], majd [SI] változókat [S] függvényében kifejezni. Ez értelmes elvárás, hiszen [S] függvény a (2.12) modell esetén is szigorú monoton fogyó (feltéve, hogy nem a betegségmentes egyensúlyi állapotot tekintjük), így egyértelmű megfeleltetés áll fenn az idő és az egészséges csúcsok várható száma között.

Legyen az előzőek alapján $[S]^{-1}(s)$ az a függvény, amely egy s egészséges csúcsok várható számához azt a t időpontot rendeli, amikor a (2.12) modellben s egészséges csúcs van átlagosan – azaz tekintsük az [S] függvény inverzét. Vezessük be a következő transzformációt: legyen [X] tetszőleges függvény, melynek [S] szerinti transzformáltja a következő:

$$\widehat{[X]}(s) := [X]([S]^{-1}(s)).$$
 (2.21)

A transzformáltra igaz az alábbi (visszatranszformálási) formula:

$$[X]([S](t)) = [X](t),$$
 (2.22)

így könnyen elvégezhetjük a visszatranszformálást is.

Most deriváljuk az $[\widehat{X}]$ transzformáltat s szerint:

$$\begin{split} \widehat{[X]}(s) &= ([X]([S]^{-1}(s)))' \\ &= [\dot{X}]([S]^{-1}(s)) \frac{1}{[\dot{S}]([S]^{-1}(s))} \\ &= \frac{[\dot{X}]([S]^{-1}(s))}{-\tau [SI]([S]^{-1}(s))} \\ &= \frac{\widehat{[\dot{X}]}(s)}{-\tau \widehat{[SI]}(s)}. \end{split}$$

Ezek alapján definiálható $\widehat{[SS]}$ és $\widehat{[SI]}$, viszont a könnyebb követhetőség miatt a továbbiakban legyen $x(s) := \widehat{[SS]}(s)$ és $y(s) := \widehat{[SI]}(s)$. Megjegyezzük, hogy [S] transzformáltja maga az identitás: $\widehat{[S]}(s) = s$.

[SS] függvény megoldása [S] függvényében

Először az SS típusú élek átlagos számát fejezzük ki [S] függvényében. Vegyük tehát először $\widehat{[SS]}$ függvény deriváltját. A transzformált deriváltja alapján:

$$\dot{x}(s) = \frac{\widehat{[SS]}(s)}{-\tau \widehat{[SI]}(s)}.$$

Írjuk be [SS] értékét a (2.12) modell alapján:

$$\dot{x}(s) = \frac{-2\tau \frac{\widehat{[SS]}(s)\widehat{[SI]}(s)}{s} + \alpha(s^2 - \widehat{[SS]}(s))}{-\tau \widehat{[SI]}(s)}$$
$$= 2\frac{\widehat{[SS]}(s)}{s} - \frac{\alpha}{\tau} \left(\frac{s^2}{\widehat{[SI]}(s)} - \frac{\widehat{[SS]}(s)}{\widehat{[SI]}(s)}\right)$$

Felhasználva a bevezetett x és y függvényjelöléseket, az

$$\dot{x}(s) = 2\frac{x(s)}{s} - \frac{\alpha}{\tau} \left(\frac{s^2}{y(s)} - \frac{x(s)}{y(s)}\right)$$

egyenletet kell megoldanunk, amely egy inhomogén lineáris differenciálegyenlet. Ha átrendezzük az x függvényt és a deriváltját a bal oldalra, akkor a következőt kapjuk:

$$\dot{x}(s) - \left(\frac{2}{s} + \frac{\alpha}{\tau}\frac{1}{y(s)}\right)x(s) = -\frac{\alpha}{\tau}\frac{s^2}{y(s)}.$$
(2.23)

Látható, hogy egy olyan függvényt kell keresnünk, amelynek a deriváltja $\frac{2}{s} + \frac{\alpha}{\tau} \frac{1}{y(s)}$.

Tekintsük $\frac{e^{-\frac{\alpha}{\tau}A(s)}}{s^2}$ függvényt, ahol $\dot{A}(s) := \frac{1}{y(s)}$, azaz $\dot{A} := \frac{1}{[SI]}$. Erre a függvényre igaz a következő:

$$\left(\frac{e^{-\frac{\alpha}{\tau}A(s)}}{s^2}x(s)\right)' = \frac{e^{-\frac{\alpha}{\tau}A(s)}}{s^2}\dot{x}(s) - \left(\frac{2}{s} + \frac{\alpha}{\tau}\frac{1}{y(s)}\right)\frac{e^{-\frac{\alpha}{\tau}A(s)}}{s^2}x(s).$$

Így ezzel a függvénnyel beszorozva a (2.23) egyenlet mindkét oldalát kapjuk a

$$\left(\frac{e^{-\frac{\alpha}{\tau}A(s)}}{s^2}x(s)\right)' = -\frac{\alpha}{\tau}\frac{1}{y(s)}e^{-\frac{\alpha}{\tau}A(s)} = \left(e^{-\frac{\alpha}{\tau}A(s)}\right)'$$

egyenlőséget. Ebből adódik x(s) megoldása, ha mindkét oldal primitív függvényét vesszük, majd visszaosztunk $\frac{e^{-\frac{\alpha}{T}A(s)}}{s^2}$ függvénnyel:

$$x(s) = s^2 + c_1 s^2 e^{\frac{\alpha}{\tau} A(s)}, \qquad (2.24)$$

ahol c_1 tetszőleges valós konstans.

A továbbiakban vizsgáljuk meg az előbb definiált A függvényt, amelyet $\dot{A} := \frac{1}{[SI]}$ összefüggéssel adtunk meg. Ez a függvény nem az idő, hanem s, azaz az egészséges csúcsok átlagos számának függvénye. Transzformáljuk át az idő függvényére, majd deriváljuk t szerint:

$$A([S](t))' = \dot{A}([S](t))[\dot{S}](t).$$

Itt felhasználhatjuk az A-ra és [S]-re ismert deriváltakat, valamint a (2.22) visszatranszformálási formulát:

$$A([S](t))' = \frac{1}{\widehat{[SI]}([S](t))}(-\tau[SI](t)) = \frac{-\tau[SI](t)}{[SI](t)} = -\tau.$$

Ebből már könnyen adódik, hogy $A([S](t)) = -\tau t + c_2$, ahol c_2 tetszőleges konstans.

Ezután a (2.24) egyenletet már visszatranszformálhatjuk az egészséges csúcsok átlagos számából az idő függvényébe a (2.22) formula szerint:

$$x([S](t)) = [SS](t) = [S]^{2}(t) + c_{1}[S]^{2}(t)e^{-\alpha t + \frac{\alpha}{\tau}c_{2}}$$

= $[S]^{2}(t) + (c_{1}e^{\frac{\alpha}{\tau}c_{2}})[S]^{2}(t)e^{-\alpha t}$
= $[S]^{2}(t)(1 + (c_{1}e^{\frac{\alpha}{\tau}c_{2}})e^{-\alpha t}).$

Könnyen látható, hogy mivel c_1 és c_2 is tetszőleges, így ezek "összeolvaszthatók" egy tetszőleges konstanssá, amely legyen $C := c_1 e^{\frac{\alpha}{\tau}c_2}$:

$$[SS](t) = [S]^{2}(t) \left(1 + Ce^{-\alpha t}\right).$$
(2.25)

Ezek alapján egy szabad konstansunk van, amelyet meghatározhatunk a kezdeti értékek alapján. A szokásos kezdeti feltételt felhasználva (egyenletesen "elszórt" kezdeti egészségeseket feltételezve) adódik, hogy $[SS](0) = \frac{\bar{d}_0}{N}S_0^2$, így

$$C = \frac{\bar{d}_0}{N} - 1,$$
 (2.26)

ahol \bar{d}_0 a gráf kezdeti átlagfokszáma.

Összefoglalva kimondható a következő állítás:

6. Allítás. A (2.12) modell esetén az [SS] függvény értéke kifejezhető az [S] függvény segítségével a következő képlet alapján:

$$[SS](t) = [S]^{2}(t) \left(1 + \left(\frac{\bar{d}_{0}}{N} - 1\right) e^{-\alpha t} \right).$$
(2.27)

[SI] függvény megoldása [S] függvényében

Most az SI típusú élek átlagos számát fogjuk kifejezni [S] függvényében. Vegyük az $\widehat{[SS]}$ függvény deriváltját a transzformált deriváltja alapján:

$$\begin{split} \dot{y}(s) &= \frac{\widehat{[SS]}(s)}{-\tau \widehat{[SI]}(s)} \\ &= \frac{-\gamma \widehat{[SI]}(s) + \tau \frac{\widehat{[SI]}(s)(\widehat{[SS]}(s) - \widehat{[SI]}(s))}{\widehat{[S]}(s)} - \tau \widehat{[SI]}(s) - \omega \widehat{[SI]}(s)}{-\tau \widehat{[SI]}(s)} \\ &= \frac{\gamma + \omega}{\tau} + 1 - \frac{\widehat{[SS]}(s) - \widehat{[SI]}(s)}{\widehat{[S]}(s)}. \end{split}$$

Itt most alkalmazzuk x és y jelöléseket, valamint felhasználjuk a (2.9) korábban bevezetett paraméter jelölést, ugyanis itt is megjelenik ez az érték:

$$\dot{y}(s) = \rho - \frac{x(s)}{s} + \frac{y(s)}{s},$$
$$\dot{y}(s) - \frac{1}{s}y(s) = \rho - \frac{x(s)}{s}.$$

Ismét egy inhomogén lineáris differenciálegyenletet kapunk. Ezután használjuk fel a $\left(2.24\right)$ megoldást:

$$\dot{y}(s) - \frac{1}{s}y(s) = \rho - s\left(1 + c_1 e^{\frac{\alpha}{\tau}A(s)}\right),$$

$$\frac{1}{s}\dot{y}(s) - \frac{1}{s^2}y(s) = \frac{\rho}{s} - 1 - c_1 e^{\frac{\alpha}{\tau}A(s)},$$

$$\left(\frac{y(s)}{s}\right)' = (\rho\log(s) - s)' - c_1 e^{\frac{\alpha}{\tau}A(s)},$$

$$\frac{y(s)}{s} = \rho\log(s) - s - c_1 \int_{S_0}^{s} e^{\frac{\alpha}{\tau}A(w)} dw + c_3$$

Így adódik y megoldása

$$y(s) = \rho s \log(s) - s^2 - c_1 s \int_{S_0}^s e^{\frac{\alpha}{\tau} A(w)} dw + c_3 s, \qquad (2.28)$$

ahol c_3 tetszőleges valós szám.

Vizsgáljuk meg $\int e^{\frac{\alpha}{\tau}A}$ kifejezést. Vegyük a w = [S](u) helyettesítést, illetve használjuk fel, hogy $\dot{A} = \frac{1}{|SI|}$. Ezek szerint

$$\int_{S_0}^{s} e^{\frac{\alpha}{\tau}A(w)} dw = \int_0^t e^{\frac{\alpha}{\tau}A([S](u))} [\dot{S}](u) du$$
$$= \int_0^t e^{-\alpha u + \frac{\alpha}{\tau}c_2} [\dot{S}](u) du$$
$$= e^{\frac{\alpha}{\tau}c_2} \int_0^t e^{-\alpha u} [\dot{S}](u) du$$
(2.29)

átalakítás végezhető el, hiszen $[S](0) = S_0$ és [S](t) = s.

A (2.29) átalakítás segítségével már át tudjuk transzformálni a (2.28) egyenletet az idő függvényére:

$$[SI](t) = \rho[S](t) \log([S](t)) - [S]^{2}(t) - - C[S](t) \int_{0}^{t} e^{-\alpha u} [\dot{S}](u) du + c_{3}[S](t),$$
(2.30)

ahol összevonva c_1 és c_2 -t, ismét megjelenik $C := c_1 e^{\frac{\alpha}{\tau}c_2}$ konstans. Behelyettesítve t = 0-t és felhasználva a szokásos kezdeti értékeket ($[SI](0) = \frac{\bar{d}_0}{N}S_0I_0$), meghatározhatjuk c_3 konstanst:

$$\frac{\bar{d}_0}{N} S_0 I_0 = \rho S_0 \log(S_0) - S_0^2 + c_3 S_0,$$

$$\frac{\bar{d}_0}{N} I_0 = \rho \log(S_0) - S_0 + c_3,$$

$$c_3 := \frac{\bar{d}_0}{N} (N - S_0) - \rho \log(S_0) + S_0,$$
(2.31)

feltéve, hogy $R_0 = 0$ és $C = \frac{\bar{d}_0}{N} - 1$.

Integráltényező kifejtése

Az [SI] megoldásában szereplő integráltényező miatt (sajnos) a megoldásunk függ $[S] = -\tau[SI]$ függvénygörbéjétől, és nem csupán [S](t)-től. Ha ezt a kifejezést ki tudnánk küszöbölni, akkor egy összefüggést kapnánk, amelyet már felhasználhatunk S_∞ kiszámítására.

Az $\int_0^t e^{-\alpha u}[S](u) du$ integráltényező a következőképp alakítható át parciális integrálással:

$$\int_{0}^{t} e^{-\alpha u} [\dot{S}](u) du = \left[e^{-\alpha u} [S](u) \right]_{u=0}^{t} + \alpha \int_{0}^{t} e^{-\alpha u} [S](u) du = e^{-\alpha t} [S](t) - S_{0} + \alpha \int_{0}^{t} e^{-\alpha u} [S](u) du.$$

Ha ezt beillesztjük a (2.30) korábbi formulába, akkor a következőt kapjuk:

$$[SI](t) = \rho[S](t) \log([S](t)) - [S]^{2}(t) - - C[S](t) \left[e^{-\alpha t} [S](t) - S_{0} + \alpha \int_{0}^{t} e^{-\alpha u} [S](u) du \right] + c_{3}[S](t) = \rho[S](t) \log([S](t)) - [S]^{2}(t) - Ce^{-\alpha t} [S]^{2}(t) + + C[S](t)S_{0} - C[S](t)\alpha \int_{0}^{t} e^{-\alpha u} [S](u) du + c_{3}[S](t) = \rho[S](t) \log([S](t)) - [S]^{2}(t) - Ce^{-\alpha t} [S]^{2}(t) + + C[S](t)S_{0} - C[S](t)B(t) + c_{3}[S](t), = [S](t)(\rho \log([S](t)) - [S](t) - Ce^{-\alpha t} [S](t) + CS_{0} - CB(t) + c_{3}) = [S](t) \left[\rho \log([S](t)) - [S](t)(1 + Ce^{-\alpha t}) + c_{2} - CB(t)\right],$$
(2.32)

ahol $B(t) := \alpha \int_0^t e^{-\alpha u} [S](u) du$ integrálformula és ahol $c_2 := CS_0 + c_3$. c_2 konstans kifejtve a következő:

$$c_{2} = CS_{0} + c_{3}$$

$$= \left(\frac{\bar{d}_{0}}{N} - 1\right)S_{0} + \frac{\bar{d}_{0}}{N}(N - S_{0}) - \rho\log(S_{0}) + S_{0}$$

$$= \frac{\bar{d}_{0}}{N}S_{0} - S_{0} + \bar{d}_{0} - \frac{\bar{d}_{0}}{N}S_{0} - \rho\log(S_{0}) + S_{0}$$

$$= \bar{d}_{0} - \rho\log(S_{0}).$$

Összefoglalva a (2.27) és a (2.32) formulákat, a következő tétel mondható ki.

7. Tétel. A (2.12) rendszerre teljesülnek a következő formulák:

$$[SS](t) = [S]^{2}(t) \left(1 + c_{1}e^{-\alpha t}\right), \qquad (2.33a)$$

$$[SI](t) = [S](t) \left[\rho \log([S](t)) - [S](t)(1 + c_1 e^{-\alpha t}) + c_2 - c_1 B(t) \right], \qquad (2.33b)$$

ahol

$$B(t) := \alpha \int_0^t e^{-\alpha u} [S](u) du, \qquad (2.33c)$$

$$c_1 := \frac{d_0}{N} - 1, \tag{2.33d}$$

$$c_2 := \bar{d}_0 - \rho \log(S_0),$$
 (2.33e)

$$\rho := \left(\frac{\gamma + \omega}{\tau} + 1\right) \tag{2.33f}$$

és \overline{d}_0 a hálózat átlagfokszáma t = 0 időpontban. (Megjegyezzük, hogy a továbbiakban az egységesség miatt a C jelölés helyett c_1 jelölésre tértünk át, ahogy a tételben is látható.)

A korábbi modellek esetén az [SI] élek átlagos számának kifejezése után egy határátmenet segítségével kaptunk egy implicit formulát S_{∞} értékére, amelyből ezt numerikusan könnyen meghatározhattuk. Itt azonban most ezt nem tehetjük meg a (2.33c) integráltag miatt, ugyanis határátmenet után egy olyan kifejezést kapunk, ahol S_{∞} értéke függ [S]teljes pályájától, amelyet nem ismerünk. Ezért szükséges, hogy megpróbáljuk kiküszöbölni, vagy legalább becsülni, ennek az integráltagnak az értékét. A következőkben ezzel próbálkozunk.

B(t) függvény becslése

Tekintsük $B(t) = \alpha \int_0^t e^{-\alpha u} [S](u) du$ kifejezést. Ez az integrál minden pozitív t értékre létezik és véges, ugyanis [S](u) korlátos függvény. [S] függvénynek rendre triviális alsó illetve felső korlátja a 0 és az S_0 érték, mivel a rendszer definíciójából adódóan ennél kevesebb, illetve több egészséges csúcs nem lehetséges. Sőt azt az esetet ki is zárjuk, mikor $[S](t) = S_0, \forall t > 0$ (tehát egyensúlyi pontból indulnánk). Ugyanis ebben az esetben a rendszer viselkedése triviális, hiszen ez csak úgy lehet, hogy nincsenek beteg csúcsok, azaz [I](0) = 0. Tehát csak azok az esetek érdekelnek minket, mikor a betegek kezdeti száma pozitív. Ezek mellett azt is tudjuk, hogy [S] monoton fogyó, és S_{∞} értéke pontosan [S](t) függvény infimuma, így adódik, hogy $\forall t > 0$: $[S](t) > [S]_{\infty}$, hiszen véges idő alatt nem juthatunk egyensúlyi pontba. Összefoglalva, minden t > 0 időpillanatban $S_0 >$ $[S](t) > [S]_{\infty}$ teljesül.

Ezen két korlát felhasználásával meghatározhatunk B(t) értékére is korlátokat:

$$\alpha \int_0^t e^{-\alpha u} [S]_\infty du < B(t) < \alpha \int_0^t e^{-\alpha u} S_0 du, \quad \forall t > 0.$$

$$(2.34)$$

Mivel ez minden pozitív t-re igaz, így ha határátmenetet veszünk is igaz marad, mivel az alsó és felső integráloknak is létezik határértéke a végtelenben, azonban határátmenet esetén a szigorú egyenlőtlenség nem teljesülne feltétlenül. Viszont a (2.34) becslések esetén könnyen látható, hogy a szigorú egyenlőtlenség is teljesül, ugyanis tekintve [S](t) szigorú monoton fogyását és az integrál szemléletes jelentését, egyenlőség nem állhat fenn. Így, ha elvégezzük az improprius integrálásokat, akkor a következő korlátokat kapjuk:

$$S_{\infty} < \lim_{t \to \infty} B(t) < S_0.$$
(2.35)

A továbbiakban a következő jelölést fogjuk használni: $B_{\infty} := \lim_{t \to \infty} B(t)$.

$[S]_{\infty}$ becslése

A célunk, hogy valamilyen korlátokat adjunk S_{∞} értékre]0, S_0 [intervallumban. Tekintsük a (2.33b) formulát, és vegyük a határértékét $t \to +\infty$ szerint. A korábbiak alapján tudjuk, hogy ekkor a bal oldalnak 0 a határértéke, a jobb oldalra pedig S_{∞} és B_{∞} értékek kerülnek illetve $e^{-\alpha t}$ is tart 0-hoz, mert α pozitív, tehát:

$$0 = S_{\infty} \left(\rho \log(S_{\infty}) - S_{\infty} + c_2 - c_1 B_{\infty} \right).$$
(2.36)

Tegyük fel, hogy $S_{\infty} > 0$, ekkor a (2.36) formulát egyszerűsíthetjük. Így kapjuk az átrendezett, egyszerűbb alakot:

$$S_{\infty} - \rho \log(S_{\infty}) = c_2 - c_1 B_{\infty}.$$
 (2.37)

Ebben a kifejezésben alkalmazhatjuk B_{∞} -re a (2.35) korlátokat. Figyelembe véve, hogy $c_1 < 0$, kapjuk az alábbi egyenlőtlenségeket:

$$S_{\infty} - \rho \log(S_{\infty}) < c_2 - c_1 S_0, \tag{2.38}$$

$$S_{\infty} - \rho \log(S_{\infty}) > c_2 - c_1 S_{\infty}. \tag{2.39}$$

Fontos észrevétel, hogy mindkét egyenlőtlenség csupán ρ -n keresztül függ a (γ, τ, ω) paraméterektől és az α paramétertől egyáltalán nem függ. Ez látható a konstansok definíciója ((2.33d), (2.33e)) alapján. Tehát c_1 a paraméterektől független, c_2 pedig szintén csak ρ -n keresztül a paraméterektől.

Ha az S_{∞} értéket x > 0 ismeretlennek tekintjük, akkor a bal oldalon a következő alakú függvény áll: $Q(x) := x - \rho \log(x)$, amely egy konvex függvény, egyetlen szélsőértéke, mégpedig a minimuma $x = \rho$ -ban van. A jobb oldalakon pedig egy $C := c_2 - c_1 S_0$ konstans (2.38), illetve egy monoton növő $e(x) := c_2 - c_1 x$ egyenes (2.39) áll (mivel $-c_1 > 0$). Így a feladatunk megkeresni az olyan x-eket, ahol Q függvény a C konstans (piros) alatt és az e egyenes (kék) felett található. Ezt szemlélteti vázlatosan a 2.5. ábra. Könnyen látható, hogy mindkét egyenesnek 2-2, 1-1 vagy 0-0 metszéspontja lehet a Q függvényel.

A következő állítás látható be.

8. Allítás. C-nek és Q-nak pontosan két metszéspontja van, és az egyik kisebb, a másik nagyobb, mint S_0 .



2.5. ábra. A két egyenlőtlenség: (2.38) és (2.39) vázlatosan

Bizonyítás. Ehhez elég látni, hogy $Q(S_0) < C$. Valóban

$$Q(S_0) < C,$$

$$S_0 - \rho \log(S_0) < c_2 - c_1 S_0,$$

$$S_0 - \rho \log(S_0) < \bar{d}_0 - \rho \log(S_0) - c_1 S_0,$$

$$S_0 < \bar{d}_0 - c_1 S_0,$$

$$S_0 < \bar{d}_0 + \left(1 - \frac{\bar{d}_0}{N}\right) S_0,$$

$$S_0 < \bar{d}_0 + S_0 - \frac{\bar{d}_0}{N} S_0,$$

$$0 < \bar{d}_0 - \frac{\bar{d}_0}{N} S_0,$$

$$\frac{S_0}{N} \bar{d}_0 < \bar{d}_0,$$

$$S_0 < N,$$

ami mindig teljesül (mivel feltettük, hogy nem az $I_0 = 0$ esetet nézzük). Ebből pedig következik, hogy van olyan intervallum is ahol Q(x) < C. Így kapjuk az előbbi állítást.

Legyen C-nek és Q-nak két metszéspontja $A_1^C < S_0 < A_2^C$. Így a (2.38) egyenlőtlenség alapján olyan x-et keresünk, amely $]A_1^C, A_2^C[$ intervallumban van, szűkebben $]A_1^C, S_0[$. (Megjegyezzük, hogy Q a végtelenbe tart a nullában, így $A_1^C > 0$ biztosan pozitív).

Hasonlóan belátható a következő állítás.

9. Allítás. *e*-nek és *Q*-nak pontosan két metszéspontja van, és az egyik kisebb, a másik nagyobb, mint S_0 .

Bizonyítás. Ugyanis $e(S_0) = C$ egybeesnek, így $Q(S_0) < e(S_0)$, amelyre az előzőhöz hasonló következtetéseket vonhatunk le. \Box

Legyenek Q és e metszéspontjai: $A_1^e < S_0 < A_2^e$. Most viszont a (2.39) alapján olyan *x*-et keresünk amely vagy $x < A_1^e$ vagy $x > A_2^e$, amelyből látható, hogy ha utóbbi intervallumból vennénk S_{∞} -t, akkor nagyobb lenne S_0 -nál, ezért ezt az esetet kizárjuk. A következő állításra még szükségünk van:

10. Állítás. Belátható, hogy $A_1^C < A_1^e$, tehát $]A_1^C, A_1^e]$ egy intervallumot határoz meg.

Bizonyítás. Valóban, vegyük a $Q(A_1^e)$ értéket. Ha ez kisebb mint C, akkor $A_1^e \in [A_1^C, A_2^C[$.

$$Q(A_1^e) < C,$$

$$A_1^e - \rho \log(A_1^e) < c_2 - c_1 S_0,$$

de mivel A_1^e metszéspont, ezért $Q(A_1^e)$ rajta van e egyenesen, tehát

$$e(A_1^e) < c_2 - c_1 S_0,$$

$$c_2 - c_1 A_1^e < c_2 - c_1 S_0,$$

$$-c_1 A_1^e < -c_1 S_0,$$

$$A_1^e < S_0,$$

amely mindig igaz, hiszen $-c_1 > 0$, és az előbb beláttuk, hogy A_1^e metszéspont S_0 -nál kisebb. \Box

Összegezve tehát az x értéket (amely maga S_{∞}) az $]A_1^C, A_1^e[$ intervallumban kell keresnünk, így az alábbi tétel mondható ki:

11. Tétel. Ha tekintjük a (2.12) modellt, akkor [S] végtelenben vett határértéke, tehát S_{∞} (amelyről ha feltesszük, hogy pozitív) az alábbi nyílt intervallumba esik: $S_{\infty} \in]A_1^C, A_1^e[$, ahol

- A_1^C a kisebb gyöke az $x \rho \log(x) = c_2 c_1 S_0$ egyenletnek, és
- A_1^e a kisebb gyöke az $x \rho \log(x) = c_2 c_1 x$ egyenletnek.

ahol c_1 , c_2 és ρ a 2.33 tételben szereplő konstansok.

A továbbiakban numerikusan kerestem az A_1^C és A_1^e metszéspontok értékeit különböző ρ paraméterekre. A keresés során a 2.6. ábrát kaptam eredményül. Az ábra alapján adott ρ érték mellett S_{∞} értéke a piros és kék görbe között lehet. Ez szélsőségesebb paraméterekre egészen szűk intervallum.

Tehát S_{∞} értéke vagy 0, vagy egy numerikusan jól kiszámolható intervallumba esik. Ez azt jelenti, hogy például ha ρ nagy, tehát $\gamma + \omega$ nagy és τ kicsi, akkor jól meghatározható S_{∞} értéke, ahogy az az ábrán is látható, feltéve hogy $S_{\infty} \neq 0$.



2.6. ábra. A_1^C és az A_1^e metszéspontok helyei ρ függvényében

2.3. További kutatási irányok

A továbbiakban megemlítjük néhány lehetséges folytatását ennek a kutatási területnek. Az egyik esetben közlünk még pár gyorsabb eredményt, amely motivációt adhat az irány vizsgálatához.

2.3.1. Teljes rezisztens populáció

A (2.12) modell esetén nem találtunk explicit megoldási módot az S_{∞} értékének kiszámítására, csupán a 11. tételben összefoglalt eredményeket tudjuk róla elmondani, miszerint S_{∞} vagy egy meghatározható, paraméterektől függő intervallumban található, vagy az értéke 0. Azt viszont nem tudjuk eldönteni, hogy S_{∞} értéke lehet-e és ha igen, akkor mikor lehet 0. Ebben az esetben a folyamat végén, a teljes populáció rezisztens lesz.

Sejtésünk szerint kizárólag abban az esetben lehet az értéke 0, ha magát a folyamatot is csak fertőzöttekkel indítjuk, azaz $S_0 = 0$ kezdeti feltétellel. Így a sejtés az, hogy S_{∞} mindig a 11. tételben meghatározott intervallumban van, amelyről láttuk, hogy az alsó határa mindig pozitív. Ugyanis a tétel alapján az is következik, hogy az intervallumon kívül más pozitív értéket nem vehet fel S_{∞} , így ha van olyan paraméter, amelyre az értéke 0 és olyan másik paraméter, amelyre az értéke az intervallumban van, akkor kell lennie egy olyan paraméternek, amelynél S_{∞} értéke 0-ból "beleugrik" a tételben szereplő intervallumba.

Ennek vizsgálatához egy lehetséges irány, hogy $\rho \mapsto S_{\infty}$ függvény folytonosságát kéne vizsgálni. Ugyanis ekkor az előbb említett ugrás pontosan azt jelentené, hogy nem folytonos ez a függvény. Azonban ha folytonos és találunk egy paramétert, amelyre S_{∞} értéke az intervallumban van, akkor biztosan tudnánk, hogy S_{∞} minden ρ paraméter esetén a tételben szereplő intervallumban van.

Ennek a kérdésnek a vizsgálata szép lezárása lenne az előző fejezetnek, azonban ennek

a vizsgálata már nem fért bele a dolgozat kereteibe.

2.3.2. A λ -javított rendszer

A (2.12) becsült rendszernek habár meg tudtuk állapítani az egyensúlyi pontjainak stabilitását, és alkalmas korlátokat is kaptunk S_{∞} és így a "final epidemic size" ($R_{\infty} = N - S_{\infty}$) értékére is, feltéve hogy $S_{\infty} \neq 0$, mégis több szempontból "nehézkes" a modell. Elsőként feltűnhet, hogy szemben a statikus modellekkel, a (2.12) rendszer esetén a betegségmentes egyensúlyi állapot stabilitásának feltétele nem az átlagfokszámtól, hanem a rendszer méretétől függ. Emiatt így a lényegesen nagyobb ρ paraméter szükséges a stabilitás eléréséhez. Másik zavaró tényező az analitikus megoldásban megjelentő integráltag, amely miatt nem tudjuk a "final epidemic size" pontos értékét megadni.

Mindkét zavaró tényező a modell egyetlen jellemzőjéből adódik. Ez a jellemző az egészségesek részgráfjának mértéktelen bővítése, azaz hogy addig veszünk fel éleket az egészséges csúcsok között, amíg azok teljes részgráfot nem alkotnak. Habár az egészségesek közötti új élek felvételének gyorsaságát az α paraméterrel állíthatjuk, láttuk, hogy a stabilitási feltétel és a "final epidemic size" becslése során is eltűnik ez a paraméter. Tehát bármilyen kicsi pozitív számra állíthatjuk a sűrítő α paramétert, a rendszer továbbra is nehezen becsülhető marad, és csak nagy paraméterek mellett lehet stabil. Ezt a "rossz" viselkedést érdemes lehet valamilyen változtatással korrigálni, hogy könnyebb stabilitási feltételt kapjunk, és jobban becsülhető, akár pontosan számolható legyen a "final epidemi size" értéke.

Egy lehetséges javítási ötlet, hogy az egészségesek részgráfját ne sűrítsük a teljes részgráf eléréséig, csupán valamilyen arányig. Legyen ez az arány egy adott $0 < \lambda \leq 1$ paraméter. Ezt a paramétert bevezetve a (2.12) rendszerbe, csupán a (2.12d) egyenletet kell módosítanunk a következő módon:

$$[\dot{SS}] = -2\tau \frac{[SS][SI]}{[S]} + \alpha(\lambda[S]^2 - [SS])$$
(2.40)

Itt például ha $\lambda = \frac{d_0}{N}$ választással élünk, akkor az azt jelenti, hogy az egészségesek részgráfját csupán akkor bővítjük, ha nem éri el a kezdeti fokszám szerinti sűrűséget. És ugyanígy, ha magasabb ezen részgráf sűrűsége, akkor éleket fogunk elvenni az egészségesek részgráfjából. (Ez a viselkedés talán közelebb állhat a valóságbeli viselkedéshez egy karantén esetén.)

A 2.7 ábrákon a λ -javított modell futtatásait láthatjuk, különböző kezdeti átlagfokszámokkal. A 2.7a ábrán látható ahogy az egészséges csúcsok átlagfokszáma nem növekszik folyamatosan, hanem "visszahúz" egy értékhez. Ez az érték azonban nem λN , ugyanis az csupán az egészségesek által feszített gráf sűrűségét szabályozza. Itt az átlagfokszámban benne vannak az SI és SR élek is, így kiszámolható, hogy

$$\lim_{t \to +\infty} d_S(t) = \frac{SS_{\infty} + SI_{\infty} + SR_{\infty}}{S_{\infty}} = \lambda S_{\infty} + \frac{SR_{\infty}}{S_{\infty}}$$



 (a) Az egészséges csúcsok átlagfokszáma az idő (b) Az egészséges csúcsok részgráfjának sűrűséfüggvényében, különböző kezdeti átlagfokszám- ge az idő függvényében, különböző kezdeti átból indítva
 lagfokszámból indítva

2.7. ábra. A λ -javított modell N = 100, $\bar{d}_0 = d_S(0) = 2, \ldots, 12$, $\tau = \frac{3}{10}$, $\gamma = 1$, $\alpha = \frac{1}{100}$, $\omega = 1$, $\lambda = \frac{6}{100}$ paraméter-család esetén

lesz az egészséges csúcsok átlagfokszámának határértéke. A 2.7b ábrán viszont az egészségesek által feszített részgráf sűrűségét láthatjuk, ami pontosan azt a viselkedést mutatja amit vártunk. Kékkel a különböző futtatások láthatók, amelyek a fekete szaggatott vonallal jelölt λ értékhez tartanak.

Ezek után tekintsük végig a korábban kiszámolt eredményeket, hogyan változnak a λ paraméter hatására.

Egyensúlyi pontok, stabilitásuk

Könnyen látható, hogy a (2.13) egyensúlyi pontok a következő alakúra módosulnak:

$$\underline{x}^* = (s^*, 0, r^*, 0, \lambda(s^*)^2).$$
(2.41)

A (2.14) Jacobi-mátrix általános alakja csupán egyetlen elemében változik, viszont mivel az egyensúlyi pontok alakja változik, ezért az egyensúlyi pontokban vett helyettesítési értéke, és így a sajátértékei is változnak a Jacobi-mátrixnak. Tehát

$$J_{\tilde{f}}(\underline{\tilde{x}}^{*}) = \begin{pmatrix} 0 & 0 & -\tau & 0 \\ 0 & -\gamma & \tau & 0 \\ 0 & 0 & -(\gamma + \tau + \omega) + \tau \lambda s^{*} & 0 \\ 2\alpha\lambda s^{*} & 0 & -2\tau\lambda s^{*} & -\alpha \end{pmatrix}$$
(2.42)

alakú lesz a javított rendszer Jacobi-mátrixa az egyensúlyi pontban. Ezek alapján az utolsó sajátérték változik: $-(\gamma + \tau + \omega) + \tau \lambda s^*$. A stabilitási feltétel a következő alakú

lesz:

$$\rho > \lambda s^*, \tag{2.43}$$

és ezáltal a betegségmentes állapot stabilitási feltétele:

$$\rho > \lambda N, \tag{2.44}$$

ahol ha alkalmazzuk
a $\lambda=\frac{\bar{d_0}}{N}$ választást, végül a $\rho>\bar{d_0}$ feltételt kapjuk, amely feltétel hasonló a statikus hálózatú modellekéhez.

Analitikus eredmények

Az [SS] élek analitikus megoldása [S] függvényében sem változik nagy mértékben a λ paraméter bevezetésével, mivel a levezetés során egy egyszerű konstans szorzóként végigvihető. Tehát viszonylag könnyen látható, hogy a (2.24) képlet a következőre módosul

$$x(s) = \lambda s^2 + c_1 s^2 e^{\frac{\alpha}{\tau} A(s)},$$
(2.45)

és így a (2.25) formula

$$[SS](t) = [S]^{2}(t) \left(\lambda + Ce^{-\alpha t}\right)$$
(2.46)

alakú lesz, ahol $C = \frac{\bar{d}_0}{N} - \lambda.$

Itt észrevesszük, hogy ha $\lambda=\frac{\bar{d}_0}{N}$ választást alkalmazzuk, akkorC=0lesz, és így az exponenciális tag kiesik a képletből.

Tekintsük most az [SI] élek analitikus megoldását [S] függvényében. Itt λ paraméter csak a (2.45) formula felhasználásakor kerül be a levezetésbe, és a továbbiakban is konstans szorzóként tovább vihető. Így a (2.28) egyenlőség a következőképp alakul:

$$y(s) = \rho s \log(s) - \lambda s^2 - c_1 s \int_{S_0}^s e^{\frac{\alpha}{\tau} A(w)} + c_3 s.$$
(2.47)

A (2.30) idő szerinti transzformált:

$$[SI](t) = \rho[S](t) \log([S](t)) - \lambda[S]^{2}(t) - C[S](t) \int_{0}^{t} e^{-\alpha u} [\dot{S}](u) du + c_{3}[S](t),$$
(2.48)

ahol $C = \frac{\bar{d}_0}{N} - \lambda$ és $c_3 = \frac{\bar{d}_0}{N}(N - S_0) - \rho \log(S_0) + \lambda S_0$. Itt végül ismét alkalmazva $\lambda := \frac{\bar{d}_0}{N}$ választását, C = 0 lesz, és ezért a (2.48) formulából kiesik az integrál tényező:

$$[SI](t) = \rho[S](t)\log([S](t)) - \lambda[S]^{2}(t) + c_{3}[S](t), \qquad (2.49)$$

ahol c_3 konstans is egyszerűsödik: $c_3 = \bar{d}_0 - \rho \log(S_0)$.

A továbbiakban tehát az integrál tényező becslése szükségtelenné válik, és közvetlenül alkalmazhatjuk a határátmenetes technikát S_{∞} meghatározására, amely vagy 0 vagy a következő egyenlet megoldásaként kaphatunk meg:

$$0 = \rho \log(S_{\infty}) - \lambda S_{\infty} + \bar{d}_0 - \rho \log(S_0).$$
(2.50)

Osszefoglalva a következő tétel mondható ki:

12. Tétel. A λ -javított rendszernek végtelen sok egyensúlyi pontja van, amelyek a következő alakúak: $(s^*, 0, r^*, 0, \lambda(s^*)^2)$. Egy egyensúlyi pont stabil, ha teljesül a

$$\rho > \lambda s^* \tag{2.51}$$

feltétel. Valamint teljesülnek a következő formulák:

$$[SS](t) = [S]^2(t) \left(\lambda + Ce^{-\alpha t}\right)$$
(2.52a)

$$[SI](t) = [S](t) \left[\rho \log([S](t)) - [S](t)(\lambda + Ce^{-\alpha t}) + c_2 - CB(t) \right]$$
(2.52b)

ahol

$$B(t) := \alpha \int_0^t e^{-\alpha u} [S](u) du, \qquad (2.52c)$$

$$C := \frac{d_0}{N} - \lambda, \tag{2.52d}$$

$$c_2 := \bar{d}_0 - \rho \log(S_0), \tag{2.52e}$$

$$\rho := \left(\frac{\gamma + \omega}{\tau} + 1\right) \tag{2.52f}$$

és \bar{d}_0 a hálózat átlagfokszáma t = 0 időpontban.

Speciálisan $\lambda:=\frac{\bar{d}_0}{N}$ választással élve:

13. Következmény. Ha a λ -javított rendszer esetén alkalmazzuk a $\lambda := \frac{\overline{d_0}}{N}$ választást, akkor a betegségmentes állapot stabilitásának a feltétele a következő:

$$\rho > d_0. \tag{2.53}$$

Illetve a "final epidemic size" $R_{\infty} = N - S_{\infty}$ segítségével számolható, ahol S_{∞} a következő egyenlet megoldása:

$$\rho \log(S_{\infty}) - \frac{\bar{d}_0}{N} S_{\infty} = \rho \log(S_0) - \bar{d}_0.$$
(2.54)

Így jól látható, hogy a λ -javítás segítségével lényegesen egyszerűsödött a rendszer megoldhatósága, és alacsonyabb paraméterek esetén is elérhető a stabilitás. A továbbiakban így érdemes lehet ezt a rendszert is mélyebben vizsgálni. Nem csupán speciális λ választás esetén, hanem általános paraméter mellett is lehetne tekinteni a javított rendszert, és megvizsgálni, hogyan változik a paraméter hatására a 11 tételben megalkotott becslési intervallum. Azonban ezen ötletek vizsgálata már nem fért bele ennek a dolgozatnak a kereteibe. További kutatások során érdemes lehet ezzel a rendszerrel mélyebben foglalkozni.

2.3.3. Fellángolások

Az adaptív SIR típusú modellek viselkedésében talán az egyik legérdekesebb jelenség, az úgynevezett "fellángolások", amelyek csak numerikus vizsgálatok során váltak jól láthatóvá. Analitikus vizsgálatuk pedig nehézkesnek bizonyul. Azonban itt teszünk egy kisebb kitekintést, hogy milyen irányokban lehet érdemes a továbbiakban vizsgálódni.

Mivel egy autonóm rendszerrel dolgozunk, ezért tudjuk, hogy a pályák véges időben nem érhetik el az egyensúlyi pontjukat. Azonban a sejtés az, hogy a fellángolások csupán addig történnek, amíg az egészségesek száma egy szint alá nem ér. A sejtés szerint ez a stabil egyensúlyi pontok szintje, azaz ha $[S] < \rho$, akkor [I] már monoton fogyólag tart 0-ba. Erre azonban analitikus eredményeket nem ismerünk, így numerikus vizsgálatokkal próbálkoztunk, és megpróbáltuk megmérni, hogy mennyi fellángolás történik különböző paraméterek mellett.

Adott $(\alpha, \gamma, \tau, \omega)$ paraméterek és nem-betegségmentes kezdeti értékek mellett legyen a *T* időpontig történt fellángolások száma az [I](t) függvény szélsőértékek helyeinek száma [0, T] intervallumon, amely így lehet maximum és minimum is. Jelölje ezt W(T).

Habár W(T) értékére nem ismerünk analitikus kiszámítási módot, de numerikusan könnyen, viszont időigényesen meghatározható. A 2.8. ábrán különböző τ és ω értékek, illetve rögzített paraméterek ($\alpha = 0.01$ és $\gamma = 1$) és kezdőértékek ($S_0 = 60, I_0 = 10,$ $[R]_0 = 0, [SS]_0 = 486, [SI]_0 = 54$) mellett látható a szélsőérték helyek száma T = 225idő alatt, azaz W(225) értéke.

Erdekes folytatása lehetne az eddigi kutatásnak a W(T) függvény analitikus meghatározása, különböző módszerek keresése vagy megalkotása a fellángolások számának meghatározására. Valamint az is fontos kérdés, hogy véges sok fellángolás van-e, azaz [I]-nek $[0, +\infty]$ -n véges sok szélsőértéke van-e.

2.3.4. Szimulációk és diszkrét rendszer

Fontos megjegyzés, hogy az eddigi vizsgálatokat egy folytonos rendszeren végeztük. Ekkor a hullámvölgyek esetén [I] értékének minimuma tetszőlegesen kicsi pozitív szám lehet. Azonban véges hálózaton (pl. a lakosságon) terjedő betegség esetén ez nem lehetséges.



2.8. ábra. W(225)értéke különböző τ és ω értékekre

Véges hálózaton előfordulhat, hogy egy hullámvölgy során a betegek száma 0 lesz. Ilyenkor viszont a járvány terjedése megáll, ugyanis nem lesz már több fertőző csúcs.

Ennek vizsgálatára – szemben az autonóm rendszer vizsgálatával – alkalmasabb lehet szimulációkat írni, és gépi környezetben vizsgálni a jelenséget. Mivel az autonóm rendszer megoldása a szimulációs pályák átlagát modellezi, így várhatóan a szimulációk során azt látnánk, hogy míg bizonyos trajektóriák az első hullám alkalmával kihalnak, addig más realizációi a folyamatnak fennmaradnak, és egy újabb fellángolást okoznak. A későbbiekben ezzel a területtel is érdemes lehet külön kutatás keretében foglalkozni.

Összefoglalás

A dolgozat első felében statikus hálózaton zajló terjedési modellekkel foglalkoztunk. Erre a hálózattípusra vezettünk be két modellt, az átlagoláson alapuló és a párok szintjén felírt modellt. Ezek egyensúlyi pontjairól és azok stabilitásáról ismertettünk és bizonyítottunk néhány fontos tulajdonságot, amelyeket numerikus vizsgálatok segítségével ellenőriztünk is. Valamint az első modellre levezettünk, a másodikra pedig ismertettünk analitikus formulákat, amelyek segítségével az úgynevezett "final epidemic size" értékét is meghatározhatjuk.

A dolgozat második felében adaptív hálózatokkal foglalkoztunk. Bevezettünk két új paramétert, amelyek a hálózat változásáért feleltek. Egy adaptív modellt írtunk föl a statikus párok szintjén felírt modell segítségével. Ennek szintjén vizsgáltuk az egyensúlyi pontjait és azok stabilitását, azonban a további vizsgálatok miatt be kellett vezetnünk egy becsült modellt. Az új modellre már be tudtunk látni analitikus eredményeket, amelyek segítségével becsléseket tudtunk adni adaptív hálózat esetén a "final epidemic size" értékére. Az eredetileg felírt és a becsült modellek, valamint a statikus és adaptív modellek működését is összehasonlítottuk azonos paraméterek mellett. Végül pedig alkalmaztunk egy javítást a becsült rendszerre, hogy kiküszöböljük a nehézkes integrál becslést, illetve a hálózat méretétől erősen függő stabilitási feltételt.

A dolgozat alapján összefoglalásként elmondhatjuk, hogy statikus és adaptív hálózaton lényegesen máshogyan viselkedik a terjedési folyamat. Míg statikus hálózat esetén egy viszonylag egyszerű egyszeri fellángolást majd lecsengést láttunk bizonyos paraméterek mellett, addig adaptív hálózaton ismétlődő fellángolást tapasztaltunk. Az adaptív modellnél az analitikus összefüggés, illetve a "final epidemic size" meghatározásánál kisebb akadályokba ütköztünk: az eredetileg felírt modellnél a "túl sok" nemlinearitás, a becsült modell esetén pedig az integráltag miatt. Így szemben a statikus modellekkel, itt nem tudtunk egy konkrét értéket meghatározni, csupán egy intervallumot adhattunk S_{∞} értékére. Egy λ paramétert bevezetve, kissé módosítva a rendszer viselkedését, majd alkalmazva a $\lambda = \frac{d}{N}$ speciális választást, a statikus hálózatokon felírt modellekéhez hasonló feltételt és megoldhatóságot kaptunk. Érdemes lenne mélyebben vizsgálni ezt a javított rendszert, hogy nem speciális választással, hanem általános λ paraméter mellett hogyan alakulna a rendszer további viselkedése, és a "final epidemic size" értékére alkalmazott becslés, azonban ez már kívül esik a dolgozat keretein.

Ábrák jegyzéke

| 1.1. | A beteg csúcsok száma az egészséges csúcsok függvényében az (1.4) átla- goláson alapuló modell esetén, stabil és instabil betegségmentes állapotú | |
|------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| | paraméterek mellett. Azaz a bifurkáció "két oldala". | 4 |
| 1.2. | Az egészséges csúcsok száma a rezisztens csúcsok függvényében az átlago- | |
| | láson alapuló modell esetén. $(N = 100, \bar{d} = 6, \tau = \frac{1}{4}, \gamma = 1)$ | 6 |
| 2.1. | Bal oldalon a statikus, jobb oldalon az adaptív modell futtatása látható. | |
| | A paraméterek a következők: $N = 100, \ \bar{d} = \bar{d}_0 = d_S(0) = 6, \ \tau = 1, \ \gamma = 3,$ | |
| | $\alpha = 0.01, \omega = 3 \dots \dots \dots \dots \dots \dots \dots \dots \dots $ | 16 |
| 2.2. | A beteg csúcsok száma az egészséges csúcsok függvényében a (2.2) párok | |
| | szintjén felírt adaptív modell esetén, stabil és instabil betegségmentes álla- | |
| | potú paraméterek mellett. | 17 |
| 2.3. | A (2.2) párok szintjén felírt adaptív modell és a (2.12) becsült adaptív | |
| | modell összehasonlítása $N = 200, \ \bar{d}_0 = 12, \ \tau = \frac{1}{7}, \ \gamma = 1, \ \alpha = \frac{1}{100}, \ \omega = 1$ | |
| | paraméterek esetén | 20 |
| 2.4. | A beteg csúcsok átlagos száma az egészséges csúcsok átlagos számának | |
| | függvényében a (2.12) becsült adaptív modell esetén, stabil és instabil be- | |
| | tegségmentes állapotú paraméterek mellett, tehát ha $N<\rho,$ avagy $N>\rho.$ | 21 |
| 2.5. | A két egyenlőtlenség: (2.38) és (2.39) vázlatosan $\ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots$ | 29 |
| 2.6. | A_1^C és az A_1^e metszéspontok helye i $ ho$ függvényében | 31 |
| 2.7. | A λ -javított modell $N = 100, \ \bar{d}_0 = d_S(0) = 2, \dots, 12, \ \tau = \frac{3}{10}, \ \gamma = 1,$ | |
| | $\alpha = \frac{1}{100}, \omega = 1, \lambda = \frac{6}{100}$ paraméter-család esetén | 33 |
| 2.8. | $W(225)$ értéke különböző τ és ω értékekre | 37 |
| | | |

Irodalomjegyzék

- [1] A. Barrat, M. Barthelemy, A. Vespignani, Dynamical Processes on Complex Networks, Cambridge University Press, Cambridge, (2008).
- [2] L. Danon, A.P. Ford, T. House, C.P. Jewell, M.J. Keeling, G.O. Roberts, J.V. Ross, M.C. Vernon, Networks and the Epidemiology of Infectious Disease, Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases 2011:284909 special issue "Network Perspectives on Infectious Disease Dynamics", (2011).
- [3] M. E. J. Newman, A.-L. Barabási, D.J. Watts, The structure and dynamics of networks, Princeton University Press, Princeton, NJ, (2006).
- [4] Járványterjedés modellezése statikus és adaptív gráfokon, Horváth Bálint, BSc Matematika szakdolgozat, Természettudományi Kar, Eötvös Loránd Tudományegyetem (2016).
- [5] P.L. Simon, M. Taylor & I.Z. Kiss, Exact epidemic models on graphs using graphautomorphism driven lumping, J. Math. Biol. 62 (2010), 479-508.
- [6] Hálózati folyamatok modellezése differenciálegyenletekkel, Nagy Noémi, doktori disszertáció, Eötvös Loránd Tudományegyetem (2016).
- [7] M.J. Keeling, K.T.D. Eames, Networks and epidemic models, J. Roy. Soc. Interface 2 (2005), 295-307.
- [8] Mathematics of Epidemics on Networks: From Exact to Approximate Models, István Z. Kiss, Joel C. Miller, Péter L. Simon, Springer (2017).
- [9] Solvability of implicit final size equations for SIR epidemic models, Subekshya Bidari, Xinying Chen, Daniel Peters, Dylanger Pittmanc, Péter L. Simon, Mathematical Biosciences 282 (2016) 181–190
- [10] H. W. Hethcote, Qualitative analyses of communicable disease models, Math. Biosci., 28 (1976), pp. 335-356.

- [11] H. W. Hethcote, The mathematics of infectious diseases, SIAM Rev., 42 (2000), pp. 599-653.
- [12] Epidemic Dynamics on an Adaptive Network, Thilo Gross, Carlos J. Dommar D'Lima, and Bernd Blasius, PHYSICAL REVIEW LETTERS, PRL 96, 208701 (2006)
- [13] Demirel, G. et al. Dynamics of epidemic diseases on a growing adaptive network. Sci. Rep. 7, 42352; doi: 10.1038/srep42352 (2017).
- [14] Intermittent social distancing strategy for epidemic control L. D. Valdez, 1 P. A. Macri, 1 and L. A. Braunstein1, 2