

Model ZSEIAR

RNDr. Lenka Příbylová, Ph.D. a RNDr. Veronika Hajnová, Ph.D.
pribylova@math.muni.cz

Přírodovědecká fakulta Masarykovy univerzity

7. 12. 2020

Nejjednodušší model, který můžeme vytvořit je založený na popisu interakcí náchylných S a infekčních I osob v komunitě.

Nejjednodušší model, který můžeme vytvořit je založený na popisu interakcí náchylných S a infekčních I osob v komunitě.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta S \frac{I}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \beta S \frac{I}{N} - \gamma I\end{aligned}$$

Nejjednodušší model, který můžeme vytvořit je založený na popisu interakcí náchylných S a infekčních I osob v komunitě.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta S \frac{I}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \beta S \frac{I}{N} - \gamma I\end{aligned}$$

Vydělením N pak dostaneme model, kde proměnné $x = S/N$ a $y = I/N$ popisují podíl náchylných a nemocných v komunitě.

$$\begin{aligned}\frac{dx}{dt} &= -\beta xy \\ \frac{dy}{dt} &= \beta xy - \gamma y = y(\beta x - \gamma)\end{aligned}$$

Kdy v komunitě propukne epidemie?

Kdy v komunitě propukne epidemie?

$$\frac{dy}{dt} = y(\beta x - \gamma) > 0$$

Kdy v komunitě propukne epidemie?

$$\frac{dy}{dt} = y(\beta x - \gamma) > 0$$

$$\beta x > \gamma \quad \implies \quad \frac{\beta}{\gamma} > \frac{1}{x}$$

Kdy v komunitě propukne epidemie?

$$\frac{dy}{dt} = y(\beta x - \gamma) > 0$$

$$\beta x > \gamma \quad \implies \quad \frac{\beta}{\gamma} > \frac{1}{x}$$

V srpnu bylo x skoro 1. Proto se číslo $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$ nazývá základní reprodukční číslo a pokud je nad 1, epidemie se rozjede. Čím je R_0 větší, tím hůř pro nás.

Kdy v komunitě propukne epidemie?

$$\frac{dy}{dt} = y(\beta x - \gamma) > 0$$

$$\beta x > \gamma \quad \implies \quad \frac{\beta}{\gamma} > \frac{1}{x}$$

V srpnu bylo x skoro 1. Proto se číslo $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$ nazývá základní reprodukční číslo a pokud je nad 1, epidemie se rozjede. Čím je R_0 větší, tím hůř pro nás.

Protože $\frac{1}{\gamma}$ je střední doba v infekční kohortě, interpretuje se také jako počet osob, které jedinec průměrně nakazí a dá se odhadovat z časových řad.

Zajímavé je, že i takto jednoduchý model dokáže ukázat hodně.

$$\frac{dx}{dt} = -\beta xy$$

$$\frac{dy}{dt} = \beta xy - \gamma y = y(\beta x - \gamma)$$

Zajímavé je, že i takto jednoduchý model dokáže ukázat hodně.

$$\frac{dx}{dt} = -\beta xy$$

$$\frac{dy}{dt} = \beta xy - \gamma y = y(\beta x - \gamma)$$

Když podělíme tyto rovnice, dostaneme:

$$\frac{dy}{dx} = -1 + \frac{1}{R_0 x}$$

Zajímavé je, že i takto jednoduchý model dokáže ukázat hodně.

$$\frac{dx}{dt} = -\beta xy$$

$$\frac{dy}{dt} = \beta xy - \gamma y = y(\beta x - \gamma)$$

Když podělíme tyto rovnice, dostaneme:

$$\frac{dy}{dx} = -1 + \frac{1}{R_0 x}$$

To je diferenciální rovnice, kterou se učí řešit naši studenti v základním kurzu.

Zajímavé je, že i takto jednoduchý model dokáže ukázat hodně.

$$\begin{aligned}\frac{dx}{dt} &= -\beta xy \\ \frac{dy}{dt} &= \beta xy - \gamma y = y(\beta x - \gamma)\end{aligned}$$

Když podělíme tyto rovnice, dostaneme:

$$\frac{dy}{dx} = -1 + \frac{1}{R_0 x}$$

To je diferenciální rovnice, kterou se učí řešit naši studenti v základním kurzu.

Závislost nakažených na náchylných během epidemie musí splňovat:

$$y(x) = -x + \frac{1}{R_0} \ln x + 1$$

Maximem této funkce je vrchol epidemie

$$y_{max} = -\frac{1}{R_0} + \frac{1}{R_0} \ln \frac{1}{R_0} + 1 = 1 - \frac{1}{R_0}(1 + \ln R_0)$$

$$\vee X_{max} = \frac{1}{R_0}.$$

Maximem této funkce je vrchol epidemie

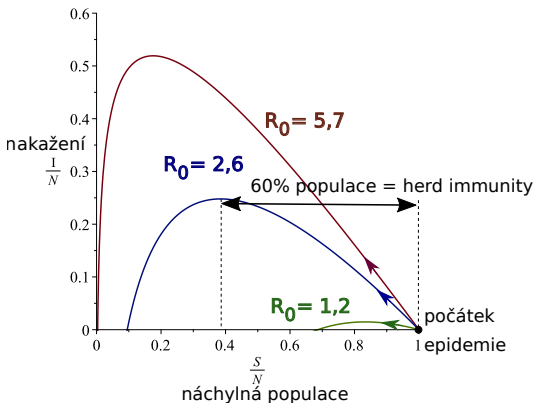
$$y_{max} = -\frac{1}{R_0} + \frac{1}{R_0} \ln \frac{1}{R_0} + 1 = 1 - \frac{1}{R_0}(1 + \ln R_0)$$

$$\vee x_{max} = \frac{1}{R_0}.$$

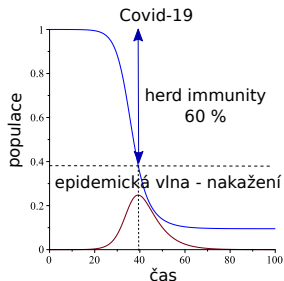
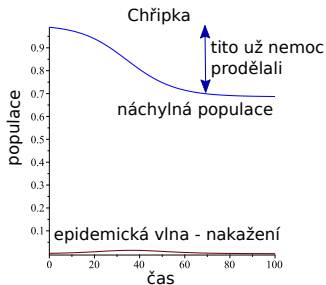
Takže pokud procento těch, kteří nemoc prodělali, klesne pod $1 - \frac{1}{R_0}$, dojde k tzv. kolektivní imunitě. V x_{max} jsme teprve na vrcholu epidemie a začíná se sama brzdit. Nakažených bude ještě hodně.

Porovnáme-li tyto výsledky pro 3 různé hodnoty

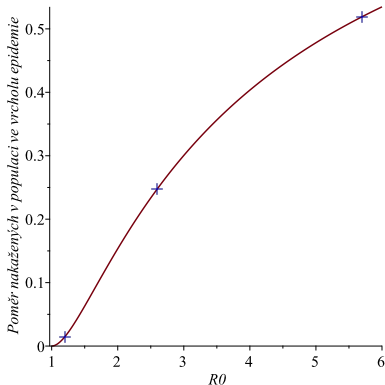
- $R_0 = 1,2$ odpovídající chřipce
- $R_0 = 2,6$ odpovídající spodnímu odhadu pro SARS-CoV-2
- $R_0 = 5,7$ odpovídající hornímu odhadu pro SARS-CoV-2



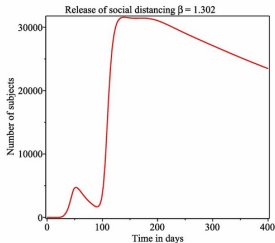
Rozdíl mezi chřipkou a COVID-19 je takovýto:



Ve vrcholu epidemie bylo 150 tisíc SARS-CoV-2 +, tj. asi 100 tisíc infekčních lidí.



Scénář zrušení roušek a selhání trasování jsme prezentovali v květnu na zvané přednášce na konferenci **NZIS open – epidemiologická data COVID-19**. Byl tehdy nazvaný **FAIL model ČR** a byl podhodnocený ...



FAIL Model "ČR"

- katastrofický scénář nárůstu případů v 2. vlně
- po prvotním včasném lockdownu opětovné navýšení počtu rizikových kontaktů
- nefunkční trasování
- bez roušek v rizikových uzavřených prostorech

Jak model více přiblížit realitě?

Jak model více přiblížit realitě?

- započítáním změny ve velikosti zasažených klastrů

Jak model více přiblížit realitě?

- započítáním změny ve velikosti zasažených klastrů
- započítáním změny chování společnosti – změna v počtu kontaktů, nošení roušek, trasování apod.

Jak model více přiblížit realitě?

- započítáním změny ve velikosti zasažených klastrů
- započítáním změny chování společnosti – změna v počtu kontaktů, nošení roušek, trasování apod.
- doplněním odhadu pravděpodobnosti detekce pozitivních osob z dat o hospitalizovaných

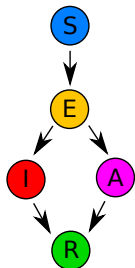
Jak model více přiblížit realitě?

- započítáním změny ve velikosti zasažených klastrů
- započítáním změny chování společnosti – změna v počtu kontaktů, nošení roušek, trasování apod.
- doplněním odhadu pravděpodobnosti detekce pozitivních osob z dat o hospitalizovaných
- odhady středních dob v kohortách – inkubační dobu, infekční dobu, dobu do vyléčení, hospitalizace atd.

Jak model více přiblížit realitě?

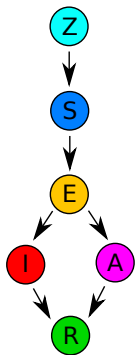
- započítáním změny ve velikosti zasažených klastrů
- započítáním změny chování společnosti – změna v počtu kontaktů, nošení roušek, trasování apod.
- doplněním odhadu pravděpodobnosti detekce pozitivních osob z dat o hospitalizovaných
- odhady středních dob v kohortách – inkubační dobu, infekční dobu, dobu do vyléčení, hospitalizace atd.
- dalšími odhady z dat, jako zpoždění v hlášení apod.

Model epidemie COVID-19, který jsme vytvořily během roku 2020, je principiálně založen na mechanistickém modelu SEIR s přidanou kohortou A - absent, tj. nedetekovaných:



- S náchylní – lidé, kteří se mohou setkat s infekčními
- E již exponovaní vironům, v inkubační době
- I detekovaní SARS-CoV-2 pozitivní
- A nedetekovaní SARS-CoV-2 pozitivní
- R jedinci odstranění (uzdravení/mrtví)

Tento model škálujeme vzhledem k zasaženým klastrům postupnou optimalizací, čímž jej fitujeme na data.



- Z skupina, která průběžně navyšuje velikost náchylné populace
- přírůstek osob do S je ovlivněn trasováním, testováním, množstvím kontaktů a také přísunem nových pozitivních ze zahraničí – proto je nutné přírůstek ε do S ze skupiny Z v čase měnit
- počty kontaktů ovlivňují kromě přírůstku ε také pravděpodobnost přenosu nemoci, tj. parametr β přímo ovlivňující rychlost a mohutnost epidemie

Model lze popsat následujícím systémem diferenciálních rovnic:

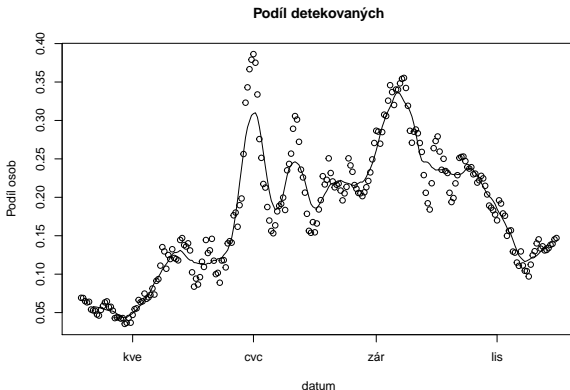
$$\begin{aligned}\dot{Z} &= -\varepsilon, \\ \dot{S} &= -\frac{\beta}{N-Z-Q-R}S(I+A) + \varepsilon, \\ \dot{E} &= \frac{\beta}{N-Z-Q-R}S(I+A) - \gamma E, \\ \dot{I} &= \gamma p E - \mu_1 I, \\ \dot{A} &= \gamma(1-p)E - \mu_2 A, \\ \dot{Q} &= \mu_1 I - \nu Q, \\ \dot{R} &= \nu Q,\end{aligned}$$

kde N je velikost populace a $\varepsilon, \beta, \gamma, \mu_1, \mu_2, \nu$ a p jsou parametry.

Výpočet $p = P(Det)$ počítáme z datové sady č. 5. klouzavě za 14 dní dle data hlášení podle Bayesova vzorce:

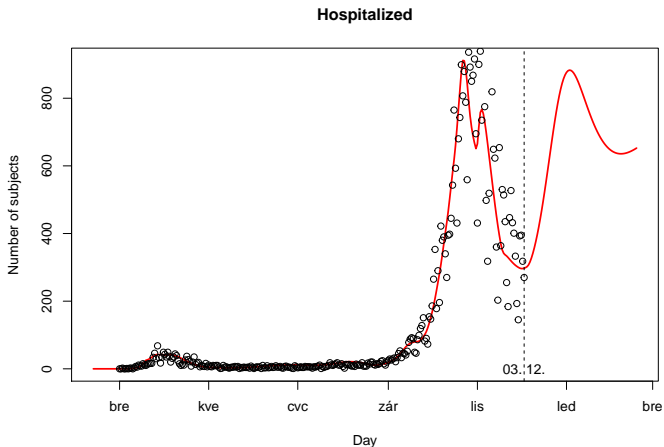
$$P(Det) = \frac{P(Det|H)P(H)}{P(H|Det)},$$

kde $P(Det|H)$ a $P(H|Det)$ dostáváme z dat, $P(H)$ neznáme (odhadujeme jako zhruba $1/90$).

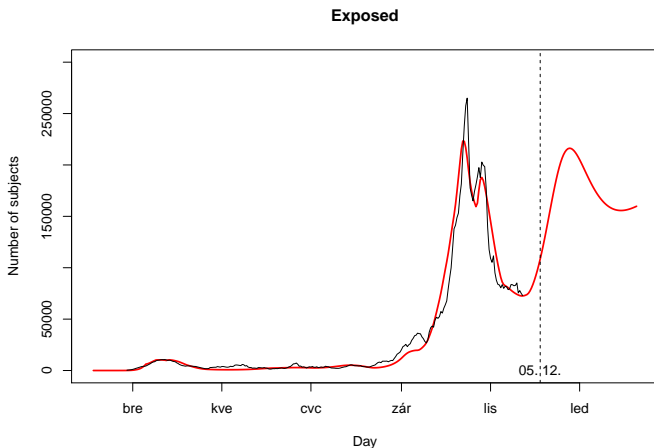


Optimalizací vzhledem k ε monitorujeme a predikujeme následující vývoj náporu na nemocnice predikcí incidence v nemocnicích pro projekt TAČR MUNI/11/02202001/2020 Online platforma pro monitoring, analýzu a management epidemických situací v reálném čase ve spolupráci s UZIS a IBA.

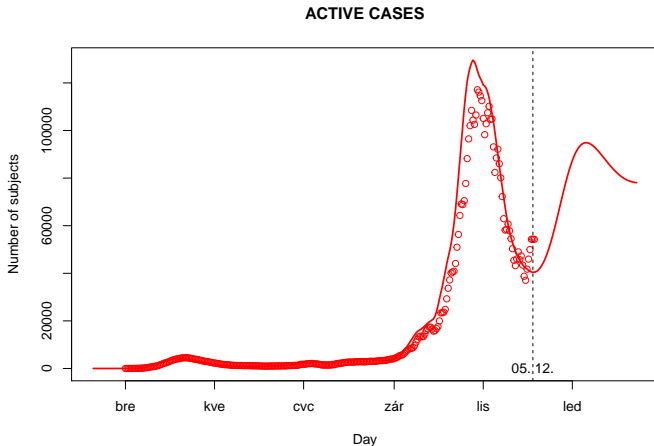
Optimalizací vzhledem k ε monitorujeme a predikujeme následující vývoj náporu na nemocnice predikcí incidence v nemocnicích pro projekt TAČR MUNI/11/02202001/2020 Online platforma pro monitoring, analýzu a management epidemických situací v reálném čase ve spolupráci s UZIS a IBA.



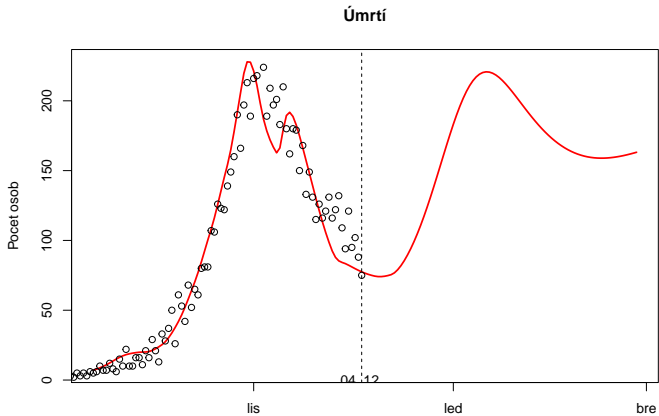
Odhad počtu osob aktuálně v inkubační době (všichni budoucí infekční – detekovaní i nedetekovaní):



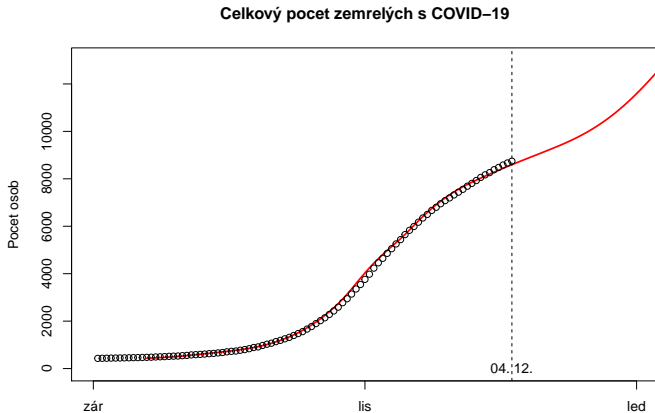
Odhad počtu aktuálně aktivních případů:



Odhad úmrtí v daném dni:



Odhad celkového počtu osob zemřelých s COVID-19:



Tak držte palce a noste roušky, protože fyzikální i empirické studie z probíhající epidemie ukazují, že snižují R_0 zhruba na polovinu,

Tak držte palce a noste roušky, protože fyzikální i empirické studie z probíhající epidemie ukazují, že snižují R_0 zhruba na polovinu,

tj. na tu chřipečku ...

**MASARYKOVA
UNIVERZITA**