

Rozpatrzmy zagadnienie rozwoju epidemii choroby zakaźnej rozprzestrzeniającej się w pewnej izolowanej populacji składającej się z ustalonej liczby osobników N . Przyjmujemy, że całą populację podzielić można na trzy grupy:

- X – podatni na infekcję, jeszcze nie zakażeni,
- Y – zakażeni (i przenoszący infekcje),
- Z – uodpornieni po przejściu choroby.

Przyjmujemy dalej, że na skutek kontaktu zakażonego osobnika ze zdrowym zakażenie przenosi się z pewnym prawdopodobieństwem. Załóżmy, że w chwili uznanej za początkową infekcja zakaźna pojawiła się u kilku osobników z grupy X , na przykład w wyniku kontaktu tych osobników z zewnętrznym wobec naszej populacji źródłem infekcji. Przyjmijmy też, że liczbę podatnych na infekcję i zakażonych sprawdzamy w regularnych odstępach czasu wyznaczonych przez momenty kontrolne $n = 0, 1, 2, \dots$, a odstęp czasu jest porównywalny ze średnią długością przebiegu choroby u jednego osobnika. Chcielibyśmy znać odpowiedzi na trzy naturalne pytania:

1. Ilu osobników jest w każdej grupie w kolejnych kontrolnych momentach?
2. Czy przy pewnych warunkach może się zdarzyć, że nie wszyscy podatni przejdą chorobę w trakcie trwania epidemii?
3. Czy dalszy rozwój epidemii zależy od początkowej liczby zachorowań?

Przy powyższych założeniach stan s_n populacji opisuje trójka liczb nieujemnych $s_n = (x_n, y_n, z_n)$, $n = 0, 1, 2, \dots$, gdzie x_n to liczebność grupy X w n -tej chwili itd. Spróbujmy teraz wyrazić stan populacji w chwili $n + 1$, w zależności od jej stanu w chwili n , zakładając, że wcześniejsze stany nie wpływają nań bezpośrednio. W tym celu przyjmijmy najpierw, że liczba $p \in (0, 1)$, niezależna od n , określa prawdopodobieństwo tego, że dowolny osobnik z Y przekaże infekcję w wyniku spotkania któremuś osobnikowi z X w trakcie trwania jednego kontrolnego przedziału czasu. Jeśli przyjmiemy, że kolejne spotkania w tym przedziale czasu to zdarzenia niezależne, to możemy przyjąć, że

$$\frac{x_{n+1}}{x_n} = (1 - p)^{y_n}.$$

Prawa strona równania określa prawdopodobieństwo tego, że w przedziale czasu od n do $n + 1$ nie dojdzie do spotkania zdrowych z chorymi. Zauważmy, że jeśli $y_n > 0$ jest liczbą całkowitą, to jest to prawdopodobieństwo wystąpienia samych porażek w ciągu y_n prób Bernoulliego z prawdopodobieństwem sukcesu równym p . Aby usprawiedliwić takie rozumowanie trzeba przyjąć, że populacja jest „dobrze wymieszana” to znaczy, że każdy osobnik z takim

samym prawdopodobieństwem ma szansę spotkać dowolnego innego, innymi słowy, że nie ma żadnych uprzywilejowanych, oraz że liczba chorych jest zawsze istotnie mniejsza od liczby podatnych. Dla wygody wprowadźmy parametr $a > 0$, taki że $1 - p = e^{-a}$.

W dalszym ciągu dopuszczając będziemy nie tylko całkowite wartości liczebności, godząc się na związaną z tym niedokładność, tym mniejszą, im większe liczby określają liczby osobników w poszczególnych grupach. Moglibyśmy także operować liczebnościami względnymi czy gęstościami wprowadzając $\bar{x}_n = \frac{x_n}{N}$, $\bar{y}_n = \frac{y_n}{N}$ itd. Załóżmy dalej, że w ciągu trwania kontrolnego przedziału czasu γ procent chorych ulega wyleczeniu i jest to zarazem parametr charakteryzujący skuteczność działań służby zdrowia. Biorąc pod uwagę powyższe rozważania, możemy zapisać układ równań, który opisuje zmianę stanu populacji przy przejściu od n -tego momentu kontrolnego do $(n + 1)$ -ego:

$$\begin{aligned} (1) \quad & x_{n+1} = e^{-ay_n} x_n, \\ (2) \quad & y_{n+1} = (1 - e^{-ay_n})x_n + (1 - \gamma)y_n, \\ (3) \quad & z_{n+1} = z_n + \gamma y_n, \end{aligned}$$

gdzie $n = 0, 1, 2, \dots$. Układ ten trzeba uzupełnić danymi początkowymi x_0, y_0, z_0 , które przyjmujemy za dane. Zwróćmy uwagę, że po dodaniu stronami równań w układzie (1)–(3) dostajemy

$$\begin{aligned} x_{n+1} + y_{n+1} + z_{n+1} &= x_n + y_n + z_n = \dots \\ &\dots = x_0 + y_0 + z_0 = N, \end{aligned}$$

zgodnie z naszym wyjściowym założeniem. Zauważmy również, że jeśli startujemy z nieujemnych danych początkowych, to kolejno wyliczone wartości (x_n, y_n, z_n) (zgodnie ze zdrowym rozsądkiem) pozostają nieujemne. Układ równań rekurencyjnych (1)–(3) wraz z wcześniej przedstawionym opisem tworzy model matematyczny rozwoju epidemii. Pochodzi on od Kermacka i McKendricka (por. [1]) i został wprowadzony na początku lat trzydziestych ubiegłego wieku.

Z matematycznego punktu widzenia układ (1)–(3) to dyskretny układ dynamiczny. Dyskretny, bo „czas” przyjmuje tu tylko „dyskretne wartości” $n = 0, 1, 2, \dots$. Występują także ciągłe układy dynamiczne, na ogół związane z równaniami różniczkowymi. Zdecydowana większość modeli matematycznych występujących w naukach przyrodniczych i ekonomii to właśnie, z matematycznego punktu widzenia, układy dynamiczne. Tak jak w naszym przypadku, określają one prawa, według których modelowany układ przechodzi od jednego stanu do drugiego.

Od tamtego czasu powstało bardzo wiele innych modeli matematycznych uwzględniających większą liczbę czynników odgrywających rolę przy rozwoju epidemii np. uwzględniających fakt, że odporność osobników zależy od ich wieku, a możliwość ich kontaktu zależy od ich rozmieszczenia na powierzchni Ziemi. Uwzględnienie tych czynników prowadzi do znacznego rozbudowania struktury matematycznej

modelu. Powróćmy jednak do naszego modelu. Zauważmy, że kolejne wartości s_n , czyli stany naszej populacji, otrzymujemy iterując przekształcenie, zadane po współrzędnych przez prawe strony układu (1)–(3), startując z dowolnego punktu $s_0 = (x_0, y_0, z_0)$ o nieujemnych współrzędnych z przestrzeni \mathbb{R}^3 . Otrzymujemy wtedy trzy ciągi $\{x_n\}_{n \geq 0}$, $\{y_n\}_{n \geq 0}$, $\{z_n\}_{n \geq 0}$, określające współrzędne ciągu punktów w \mathbb{R}^3 , tzw. trajektorię startującą z punktu s_0 , która stanowi rozwiązanie naszego problemu i udziela odpowiedzi na pytanie, jak zmieniają się w czasie liczebności grup osób podatnych na infekcję, zakażonych i uodpornionych. Chcielibyśmy teraz odpowiedzieć na dalsze pytania. Czy ciągi $\{x_n\}_{n \geq 0}$, $\{y_n\}_{n \geq 0}$, $\{z_n\}_{n \geq 0}$ są monotoniczne? Czy mają granice, a jeśli tak, to jakie? Na te pytania nie da się odpowiedzieć obliczając tylko kolejne wartości x_n, y_n, z_n na komputerze. Przyjmijmy dla uproszczenia dalszych rozważań, że zawsze pewien procent chorych zostaje wyleczonych ($\gamma \neq 0$) w ciągu kontrolnego przedziału czasu oraz że w chwili początkowej żaden osobnik nie jest uodporniony na daną infekcję ($z_0 = 0$).

Lemat. Jeśli $\gamma \neq 0$ oraz $z_0 = 0$, to

$$x_n = x_0 e^{-(a/\gamma)z_n} \quad \text{dla } n \geq 1.$$

Dowód. Wystarczy wyliczyć y_n z (3) i wstawić je do (1) pamiętając, że $z_0 = 0$.

Ciąg $\{x_n\}_{n \geq 0}$ jest z dołu ograniczony przez 0 i malejący, ma zatem granicę i korzystając z lematu z łatwością dowodzimy

Twierdzenie. Jeśli $\gamma \neq 0$, $z_0 = 0$, to istnieją liczby rzeczywiste $x_\infty, y_\infty, z_\infty$, takie że

$$\begin{aligned} \lim_{n \rightarrow +\infty} x_n &= x_\infty, \\ \lim_{n \rightarrow +\infty} y_n &= y_\infty, \\ \lim_{n \rightarrow +\infty} z_n &= z_\infty, \end{aligned}$$

oraz $x_\infty > 0$, $y_\infty = 0$, $z_\infty = N - x_\infty$.

Możemy teraz odpowiedzieć na drugie z postawionych na początku artykułu pytań. Skoro bowiem ciąg $\{x_n\}_{n \geq 0}$ jest malejący, to – gdy tylko wartość

graniczna x_∞ jest większa od 1 – nie wszyscy podatni na infekcję przejdą chorobę w trakcie trwania epidemii.

Spróbujmy na koniec choćby częściowo odpowiedzieć na trzecie spośród pytań postawionych na początku artykułu. Przyjmijmy mianowicie, że $y_0 = 1$, a więc jeden osobnik zachorował w chwili początkowej. Przy jakim warunku liczebność chorych osobników wzrośnie w kolejnym momencie kontrolnym? Z równania (2) mamy

$$y_1 - 1 = 1 - \gamma - 1 - (1 - e^{-a})x_0 > 0.$$

Otrzymujemy stąd *warunek progowy na rozwój epidemii*

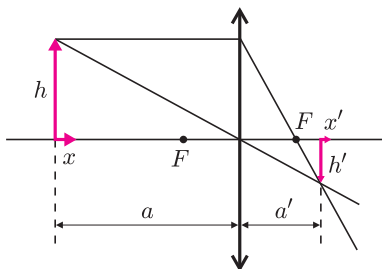
$$x_0 > \frac{\gamma}{1 - e^{-a}} = x^*.$$

Spróbujmy zinterpretować ten warunek. Po pierwsze widzimy, że rozwój epidemii jest możliwy, jeśli liczebność x_0 podatnych na infekcję jest dostatecznie duża.

Wiadomo dziś już, że rozwój epidemii wirusa HIV był związany z przemianami obyczajowymi ostatnich dekad ubiegłego wieku i związanym z nimi przekroczeniem liczebności krytycznej.

Chcąc przeciwdziałać wzrostowi epidemii powinniśmy zatem zadbać o to, aby x^* było jak największe, wtedy w małych izolowanych populacjach epidemia nie rozwinie się. Można to osiągnąć zwiększając γ , tzn. intensyfikując profilaktykę i efektywność leczenia – duże γ oznacza, że duży procent chorych ulega wyleczeniu w ciągu trwania okresu kontrolnego. Można także wpłynąć na zmniejszenie mianownika we wzorze określającym x^* , to znaczy zmniejszyć prawdopodobieństwo kontaktów pomiędzy osobnikami, na przykład stosując izolację chorych, czyli kwarantannę. Te wnioski zdają się być zgodne z naszymi oczekiwaniami. Podsumowując, widzimy, że konstrukcja modelu matematycznego i jego analiza wskazuje na istnienie *wartości progowej* i daje możliwość jej oszacowania. Co więcej, dowiadujemy się, w jaki sposób możemy wpływać na jej wielkość. Dodajmy, że bardziej złożone modele matematyczne również potwierdzają istnienie liczebności progowej w rozwoju epidemii.

[1] F.C. Hoppensteadt, C.S. Peskin, *Mathematics in Medicine and the Life Sciences*, Springer-Verlag, New York, 1992.



Rozwiązanie zadania F 581.

Powiększenie poprzeczne wynosi $\beta = h'/h = a'/a = f/(a - f)$ (rysunek).

Powiększenie podłużne równe jest $\alpha = x'/x$. Aby je obliczyć, zapiszmy równanie soczewki w postaci $1/(a - x) + 1/(a' + x') = 1/f$, stąd $a' + x' = f \cdot (a - x)/(a - f - x)$.

Ale $a' = \frac{af}{(a - f)}$, zatem $x' = \frac{f \cdot (a - x)}{a - f - x} - \frac{af}{a - f} = \frac{xf^2}{(a - f)(a - f - x)}$.

Powiększenie podłużne wynosi więc: $\alpha = \frac{x'}{x} = \frac{f^2}{(a - f)(a - f - x)} = \frac{\beta^2(a - f)}{a - f - x} = \frac{\beta^2}{1 - x/(a - f)}$.

Jeśli podłużny wymiar ciała jest niewielki, tzn. $x \ll a - f$, to $\alpha = \beta^2$.



Rozwiązanie zadania F 582.

Dla $a = 2f$ powiększenie poprzeczne wynosi $\beta = 1$, a powiększenie podłużne równe jest $\alpha = 1/(1 - r/f)$, gdzie r jest promieniem kulki. Zatem podłużny wymiar obrazu jest większy od poprzecznego; obraz kulki będzie wydłużoną elipsoidą obrotową.