

## NYILATKOZAT

Név: Szabó Blanka

ELTE Természettudományi Kar, szak: Matematika BSC

NEPTUN azonosító: IRKMBL

Szakdolgozat címe:

Járványterjedési modellek

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

Budapest, 2022. 05. 30.

*Szabó Blanka*

*a hallgató aláírása*

EÖTVÖS LORÁND TUDOMÁNYEGYETEM  
TERMÉSZETTUDOMÁNYI KAR

---

Szabó Blanka

**JÁRVÁNYTERJEDÉSI MODELLEK**

BSc Szakdolgozat

Témavezető:

Neogrády-Kiss Márton

Alkalmazott analízis és számításmatematikai tanszék



Budapest, 2022

# Tartalomjegyzék

<b>1. Matematikai alapfogalmak</b>	<b>7</b>
1.1. Markov-láncok . . . . .	7
1.1.1. Diszkrét Markov-láncok . . . . .	8
1.1.2. Folytonos Markov-láncok: . . . . .	10
1.2. Differenciálegyenletek . . . . .	13
<b>2. Járványterjedés hálózatokon</b>	<b>15</b>
<b>3. SIS-modell</b>	<b>20</b>
3.1. Az SIS-modell átlagolt egyenletei . . . . .	20
3.2. Lezárások . . . . .	22
3.3. Az SIS-modell differenciálegyenlet rendszerének elemzése . . . . .	23
3.4. Az SIS-modell párokra felírt differenciálegyenlet rendszerének elemzése	25
<b>4. SIV-modell</b>	<b>32</b>
<b>Irodalomjegyzék</b>	<b>39</b>

# Köszönetnyilvánítás

Szeretném megköszönni témavezetőmnek, Neogrády-Kiss Mártonnak a konzultációkat és a dolgozat átnézését.

# Bevezetés

A múlt számos példája mutatja a járványterjedés kontrollálásának fontosságát: a középkorban dúló pestis, a fekete himlő, az 1918-19-es spanyolnátha, a 2009-es influenzapandémia. Ezek a betegségek mindegyike pandémiát idézett elő, az emberek jelentős része megfertőződött. Az adott járvány megfékezése, az esetszámok csökkentésének érdekében fontos a járvány várható alakulásának közelítése, amelyet járványterjedési modellek segítségével kaphatunk meg. Ezekkel a modellekkel foglalkozó tudományterület fejlődésére ösztönzőleg hatott a közelmúltban megjelenő koronavírus járvány, amely hatalmas változást hozott az emberiség mindennapjaiba.

Egy járványterjedési modell a vizsgált személyeket különböző csoportokba sorolva, az adott paraméterektől függően közelíti a személyek állapotváltozásait és ezek alapján kapunk egy becslést a járvány lefolyását meghatározó fertőzöttek, valamint a többi csoportban lévő személyek számára. Ha a közelítés pontosságát akarjuk növelni, akkor egyre bonyolultabb modellt kapunk. A legoptimálisabb modellek, amelyek szinte teljesen pontosan közelítik a járvány terjedésének folyamatát és jól kezelhetőek, nehezen meghatározhatóak.

Az olyan betegségek terjedésének elemzésére, amelyekkel szemben nem szerezhető védettség, még nem áll rendelkezésre védőoltás például a hepatitis C és a HIV-vírus, az *SIS*-modell használható. Ebben a modellben a vizsgált személyeket két csoportba soroljuk: nem fertőzöttek (*S*), fertőzöttek (*I*), valamint az állapotváltozásokat a megfertőződési, a meggyógyulási ráták és a kapcsolatok határozzák meg. Az olyan betegségek terjedésének elemzésére, amelyekkel szemben végleges védettség szerezhető például a bárányhimlő, az *SIR*-modell használható, az olyan betegségek terjedésének elemzésére, amelyekkel szemben védőoltás elérhető például az influenzavírus és a koronavírus, az *SIV*-modell használható.

A szakdolgozatban az *SIS*- és az *SIV*-modelleket vizsgáljuk meg, valamint áttekintjük az ehhez szükséges eszköztárat.

Az 1. fejezetben a többi fejezethez szükséges, rövid elméleti bevezető található definíciókkal és tételekkel: diszkrét és folytonos Markov-láncok, kezdeti érték feladat megoldásának egyértelműsége, Poincare-Bendixson tétel. [3],[4],[5],[6]

A 2. fejezetben a járványterjedés hálózatokon való felírása található. Egy példa esetén megadjuk a Markov-láncot és a Kolmogorov egyenleteket, majd általánosan

is felírjuk a differenciálegyenlet rendszert. [1]

A 3. fejezetben az *SIS*-modell elemzése található. Megadjuk az *SIS*-modell, valamint az *SIS*-modell párokra felírt differenciálegyenlet rendszerét és ezek lezárásait. A rendszerek elemzése során megadjuk az egyensúlyi pontokat és ezek stabilitásait, valamint a periodikus pálya létezésének kérdését is megvizsgáljuk. A végén megadjuk a modell globális viselkedését. [1]

A 4. fejezetben az *SIS*-modellhez hasonlóan elemezzük az *SIV* modellt, ami egy bonyolultabb viselkedést fog mutatni. Megadjuk a modellt leíró differenciálegyenlet rendszer egyensúlyi pontjait, megvizsgáljuk ezek stabilitásait és a periodikus pálya létezését. [2]

# 1. fejezet

## Matematikai alapfogalmak

A fejezetben a járványterjedési modellek vizsgálatának előkészítéséhez kapcsolódó definíciók és tételek szerepelnek.

### 1.1. Markov-láncok

A Markov-lánc nevét Andrej Markov matematikusról kapta, aki eredményeivel a 20. század elején jelentős mértékben hozzájárult a matematika fejlődéséhez. A Markov-lánc publikált munkái közül először az 1906-ban írt cikkében jelenik meg, melyben belátta, hogy a Nagyszámok gyenge törvényének bizonyításában a függetlenség elhagyható bizonyos feltételek mellett. Az elmélet továbbfejlesztése vezetett el többek között a Kolmogorov-egyenletekhez, melyekre a 2. fejezetben visszatérünk.

A Markov-lánc egy olyan sztochasztikus folyamatnak tekinthető, amelyben a folyamat során adott valószínűségekkel történik állapotváltozás és a folyamat minden lépésének az állapotát csak az előző lépésben szereplő állapot befolyásolja, vagyis az összes, korábbi állapottól független.

A Markov-lánc alkalmazásként előfordul például a Brown-mozgás és a Poisson-folyamat vizsgálata során, valamint alkalmazzák közvetlenül a biológiában, a kémiában, a fizikában, a közgazdaságtanban, a zenében, a sportban.

A Markov-lánc mindennapi életünk során előforduló alkalmazásai közül kiemelkedő fontosságú, az utóbbi időben hatalmas jelentőséggel bíró terület: a járványterjedés modellezése.

Először a diszkrét Markov-láncok, majd a folytonos Markov-láncok fontos tulajdonságait tekintjük át.

### 1.1.1. Diszkrét Markov-láncok

A diszkrét Markov-lánc alatt egy olyan  $(X_i, i \geq 0)$  sztochasztikus folyamatot értünk, amelynek legfeljebb megszámlálhatóan végtelen sok állapota van és  $X_n$  jelöli az  $n$ . lépésben a folyamat állapotát, valamint minden lépésre teljesül, hogy annak a valószínűsége, hogy a  $j$ . állapotból a  $k$ . állapotba kerül a folyamat ( $j$  és  $k$  megegyezhet) nem függ a korábbi lépésektől, vagyis a folyamat minden lépésének az állapotát csak az előző lépésben szereplő állapot befolyásolja, tehát az összes, korábbi állapottól független.

Alapvető kérdés az  $X_n$  eloszlásának, valamint az aszimptotikus viselkedés meghatározása.

A továbbiakban feltesszük, hogy a Markov-lánc állapotainak száma véges (jelöljük ezeket  $1, 2, 3, \dots, s$ -sel) és az átmeneti valószínűségek stacionáriusak, vagyis annak a valószínűsége, hogy a  $j$ . állapotból a  $k$ . állapotba kerül a folyamat, előre meghatározott és minden lépésben ugyanaz. Tehát a folyamat adott  $P(X_n = k | X_{n-1} = j)$  valószínűséggel kerül a  $j$ . állapotból a  $k$ . állapotba minden lépés során, ezt a valószínűséget jelöljük  $p_{jk}$ -val:

$$p_{jk} = P(X_n = k | X_{n-1} = j) = P(X_{n-1} = k | X_{n-2} = j) = \dots = P(X_1 = k | X_0 = j)$$

**1.1. Definíció.** (Diszkrét Markov-lánc) Azt mondjuk, hogy az  $(X_i, i \geq 0)$  sztochasztikus folyamat egy Markov-lánc, ha teljesül rá a Markov-tulajdonság:

$$\begin{aligned} P(X_n = k_n | X_{n-1} = k_{n-1}) &= \\ = P(X_n = k_n | X_{n-1} = k_{n-1}, X_{n-2} = k_{n-2}, \dots, X_2 = k_2, X_1 = k_1, X_0 = k_0) & \\ \text{az összes } n \text{ lépés és } k_0, k_1, \dots, k_n \text{ állapot esetén.} & \end{aligned}$$

A Markov-lánc megadható az átmeneti mátrix segítségével, amely egy  $s$  állapotú Markov-lánc esetén egy  $s \cdot s$ -es mátrix, ahol a  $j$ . sor  $k$ . eleme  $p_{jk} = P(X_i = k | X_{i-1} = j)$ , vagyis annak a valószínűsége, hogy a folyamat a  $j$ . állapotból a következő lépésben a  $k$ . állapotba kerül.

$$P = \begin{pmatrix} p_{11} & p_{12} & \cdots & p_{1s} \\ p_{21} & p_{22} & \cdots & p_{2s} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ p_{s1} & p_{s2} & \cdots & p_{ss} \end{pmatrix}$$

Annak a valószínűségét, hogy a  $j$ . állapotból  $i$  lépés múlva a  $k$ . állapotban van a folyamat, jelölje  $p_{jk}^{(i)}$ .



**1.2. Tétel.** (Chapman-Kolmogorov egyenlet) Annak a valószínűsége, hogy az  $(X_i, i \geq 0)$  sztochasztikus folyamat a  $j$ . állapotból a  $k$ . állapotba kerül  $m+n$  lépést követően kiszámolható a következőképpen:

$$p_{jk}^{(m+n)} = P(X_{m+n} = k \mid X_0 = j) = \sum_{l=1}^s p_{jl}^{(m)} \cdot p_{lk}^{(n)}$$

*Bizonyítás.* A  $P$  átmeneti mátrix megadja, hogy a  $j$ . állapotból a  $k$ . állapotba milyen valószínűséggel kerül a folyamat 1 lépésben. Ezzel a  $P$  mátrixszal az is megadható, hogy mennyi annak a valószínűsége, hogy a  $j$ . állapotból a  $k$ . állapotba kerül a folyamat  $m+n$  lépés során, ami a  $P^{m+n}$  mátrix  $j$ . sorának  $k$ . eleme.

$$\begin{aligned} p_{jk}^{(m+n)} &= P(X_{m+n} = k \mid X_0 = j) = \sum_{l=1}^s P(X_{m+n} = k, X_m = l \mid X_0 = j) = \\ &= \sum_{l=1}^s \frac{P(X_{m+n} = k, X_m = l, X_0 = j)}{P(X_0 = j)} = \\ &= \sum_{l=1}^s \frac{P(X_m = l, X_0 = j)}{P(X_0 = j)} \cdot \frac{P(X_{m+n} = k, X_m = l, X_0 = j)}{P(X_m = l, X_0 = j)} = \\ &= \sum_{l=1}^s P(X_m = l \mid X_0 = j) \cdot P(X_{m+n} = k \mid X_m = l, X_0 = j) = \\ &= \sum_{l=1}^s P(X_m = l \mid X_0 = j) \cdot P(X_{m+n} = k \mid X_m = l) = \sum_{l=1}^s p_{jl}^{(m)} \cdot p_{lk}^{(n)} \end{aligned}$$

Ahol felhasználtuk a teljes valószínűség tételét, a feltételes valószínűség definícióját és a Markov-tulajdonságot. □

Jelöljük  $Q$ -val az  $X_0$  eloszlását, azaz

$$Q = (P(X_0 = 1), P(X_0 = 2), \dots, P(X_0 = s))$$

A  $Q \cdot P$  sorvektor  $i$ . eleme megadja annak a valószínűségét, hogy a megadott feltételekkel a folyamat az első lépésben az  $i$ . állapotban van:

$$\begin{aligned} (QP)[i] &= P(X_0 = 1) \cdot P(X_1 = i \mid X_0 = 1) + P(X_0 = 2) \cdot P(X_1 = i \mid X_0 = 2) + \dots \\ &\quad \dots + P(X_0 = s) \cdot P(X_1 = i \mid X_0 = s) \end{aligned}$$

A teljes valószínűség tétele miatt ez megegyezik  $P(X_1 = i)$ -vel (mivel az  $1, 2, \dots, s$  állapotok teljes eseményrendszert alkotnak).

Ezek alapján tetszőleges  $n$  esetén a  $Q \cdot P^n$  sorvektor megadja, hogy az  $n$ . lépésben melyik állapotban milyen valószínűséggel van a folyamat.

### 1.1.2. Folytonos Markov-láncok:

A diszkrét Markov-láncokkal ellentétben most a lépések között nem feltétlenül egységnyi idő telik el, hanem a folyamat egy exponenciális eloszlású változó szerinti időt tölthet el az adott állapotban.

Tehát egy folytonos  $s$  állapotú Markov-láncre tekinthetünk úgy, mint egy diszkrét  $s$  állapotú Markov-láncre és  $s$  darab adott paraméterű exponenciális eloszlású valószínűségi változóra. Az állapotváltozásokat a diszkrét Markov-lánc (csak azt tekintjük állapotváltozásnak, ha a folyamat az adott állapotból egy másik különböző állapotba kerül), az adott állapotban töltött időt az adott paraméterű exponenciális eloszlású valószínűségi változó határozza meg (az exponenciális eloszlás azért fontos, hogy teljesüljön a Markov-tulajdonság).

**1.3. Definíció.** (Folytonos Markov-lánc) Azt mondjuk, hogy az  $(X(t), t \geq 0)$  sztochasztikus folyamat egy folytonos Markov-lánc, ha teljesül rá a következő két tulajdonság tetszőleges  $j, k$  állapot esetén:

- ha  $X(t) = j$ , akkor a következő állapotváltozásig  $\lambda_j$  paraméterű exponenciális eloszlású idő telik el
- ha  $X(t) = j$ , akkor a következő állapot  $p_{jk}$  valószínűséggel  $k$  lesz, ahol  $p_{jj} = 0$  és a  $p_{jk}$  elemekből alkotott  $P$  mátrix egy stacionárius átmeneti valószínűségekkel rendelkező diszkrét Markov-láncot határoz meg.

A definíció alapján teljesül a Markov-tulajdonság:

$$\begin{aligned} P(X(t_i) = k_i | X(t_{i-1}) = k_{i-1}) &= \\ &= P(X(t_i) = k_i | X(t_{i-1}) = k_{i-1}, X(t_{i-2}) = k_{i-2}, \dots, X(t_2) = k_2, X(t_1) = k_1) \end{aligned}$$

az összes  $0 \leq t_1 < t_2 < \dots < t_{i-1} < t_i$  és  $k_1, k_2, \dots, k_i$  állapot esetén.

Minden  $t, q$  valós szám és  $j, k$  állapot esetén definiáljuk  $p_{jk}$ -t a következőképpen:

$$p_{jk}(t) = P(X(t) = k | X(0) = j) = P(X(t+q) = k | X(q) = j)$$

A diszkrét esethez hasonlóan definiálhatjuk az átmeneti mátrixot:

$$P(t) = \begin{pmatrix} p_{11}(t) & p_{12}(t) & \cdots & p_{1s}(t) \\ p_{21}(t) & p_{22}(t) & \cdots & p_{2s}(t) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ p_{s1}(t) & p_{s2}(t) & \cdots & p_{ss}(t) \end{pmatrix}$$

Nyilvánvaló, hogy  $P(0) = I$  és  $X(t) = QP(t)$ , ahol  $Q$  az  $X(0)$  eloszlása.

Teljesül a Chapman-Kolmogorov tétel és hasonlóan bizonyítható, mint diszkrét esetben:

**1.4. Tétel.** (Chapman-Kolmogorov egyenlet) Annak a valószínűsége, hogy az  $X(t)$  folytonos idejű Markov-lánc a  $j$ . állapotból a  $k$ . állapotba kerül  $t+q$  időt követően:

$$p_{jk}(t+q) = P(X(t+q) = k \mid X(0) = j) = \sum_{l=1}^s p_{jl}(t) \cdot p_{lk}(q)$$

Láthattuk, hogy diszkrét Markov-lánccok esetében az  $X_n$  eloszlásának meghatározásához a  $P$  mátrixot kellett hatványozni. A folytonos esetben analóg módon az  $X(t)$  eloszlását egy lineáris differenciálegyenlettel határozhatjuk meg. Ennek felírásában játszik szerepet az úgynevezett generátormátrix:

$$G = \begin{pmatrix} g_{11} & g_{12} & \cdots & g_{1n} \\ g_{21} & g_{22} & \cdots & g_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ g_{n1} & g_{n2} & \cdots & g_{nn} \end{pmatrix}$$

ahol

$$g_{jk} = \begin{cases} \lambda_j p_{jk} & \text{ha } j \neq k \\ -\lambda_j & \text{ha } j = k \end{cases}$$

Nyilvánvaló, hogy  $G$  minden sorának összege 0.

**1.5. Tétel.** (Kolmogorov előre egyenlet)

$$P'(t) = P(t)G$$

*Bizonyítás.* Legyen  $X(0) = j$  és  $\delta$  kicsi. Jelölje  $T_i$  az  $(i-1)$ . és az  $i$ . állapotváltozás között eltelt időt, ami exponenciális eloszlású, így felírható a következő:

$$P(T_1 < \delta) = 1 - e^{-\lambda_j \delta} = 1 - \sum_{n=0}^{\infty} \frac{(-\lambda_j)^n}{n!} = 1 - (1 - \lambda_j \delta + o(\delta)) = \lambda_j \delta + o(\delta)$$

Ezek alapján  $p_{jk}(\delta)$  értéke kifejezhető  $g_{jk}$ -val:

Ha  $j = k$ :

$$p_{jj}(\delta) = P(T_1 > \delta) = 1 - P(T_1 < \delta) = 1 - (\lambda_j \delta + o(\delta)) = 1 + g_{jj} \delta + o(\delta)$$

Ha  $j \neq k$ :

Jelölje  $A_0$  azt az eseményt, hogy a folyamat nem vált állapotot a  $[0, \delta]$  időintervallumon,  $A_1$  azt az eseményt, hogy a folyamat pontosan egyszer vált állapotot a  $[0, \delta]$

időintervallumon,  $A_{2+}$  pedig azt, hogy legalább kétszer vált a folyamat állapotot a  $[0, \delta]$  időintervallumon. (Az  $A_0$ , az  $A_1$  és az  $A_{2+}$  teljes eseményrendszert alkot.) Használjuk fel a teljes valószínűség tételét és a feltételes valószínűség definícióját a  $p_{jk}(\delta)$  átírására:

$$\begin{aligned} p_{jk}(\delta) &= P(X(\delta) = k \mid X(0) = j) = \frac{P(X(\delta) = k \wedge X(0) = j)}{P(X(0) = j)} = \\ &= \frac{P(X(\delta) = k \wedge X(0) = j \wedge A_0)}{P(X(0) = j)} + \frac{P(X(\delta) = k \wedge X(0) = j \wedge A_1)}{P(X(0) = j)} + \\ &\quad + \frac{P(X(\delta) = k \wedge X(0) = j \wedge A_{2+})}{P(X(0) = j)} = \\ &= \frac{P(X(\delta) = k \wedge X(0) = j \wedge A_1)}{P(X(0) = j)} + \frac{P(X(\delta) = k \wedge X(0) = j \wedge A_{2+})}{P(X(0) = j)} \end{aligned}$$

Az összeg első tagja a következő alakban írható:

$$\begin{aligned} \frac{P(X(\delta) = k \wedge X(0) = j \wedge A_1)}{P(X(0) = j)} &= \frac{P(X(\delta) = k \wedge X(0) = j \wedge A_1)}{P(X(0) = j \wedge A_1)} \cdot \frac{P(X(0) = j \wedge A_1)}{P(X(0) = j)} = \\ &= P(X(\delta) = k \mid X(0) = j \wedge A_1) \cdot P(A_1 \mid X(0) = j) = p_{jk} \cdot P(T_1 < \delta \wedge T_1 + T_2 > \delta) = \\ &= p_{jk} \cdot (\lambda_j \delta + o(\delta)) = g_{jk} \delta + o(\delta) \end{aligned}$$

Az összeg második tagjára a következő becslést adhatjuk:

$$\begin{aligned} \frac{P(X(\delta) = k \wedge X(0) = j \wedge A_{2+})}{P(X(0) = j)} &= \frac{P(X(\delta) = k \wedge X(0) = j \wedge A_{2+})}{P(X(0) = j \wedge A_{2+})} \cdot \frac{P(X(0) = j \wedge A_{2+})}{P(X(0) = j)} = \\ &= P(X(\delta) = k \mid X(0) = j \wedge A_{2+}) \cdot P(A_{2+} \mid X(0) = j) \leq 1 \cdot P(T_1 + T_2 < \delta) = o(\delta) \end{aligned}$$

Tehát azt kapjuk, hogy:

$$p_{jk} = g_{jk} \delta + o(\delta)$$

Ezeket felhasználva és a Chapman-Kolmogorov egyenlet (1.4) miatt felírható:

$$\begin{aligned} p_{jk}(t+\delta) &= \sum_{l=1}^s p_{jl}(t) p_{lk}(\delta) = p_{jk}(t) p_{kk}(\delta) + \sum_{l \neq k} p_{jl}(t) p_{lk}(\delta) = \\ &= p_{jk}(t) (1 + g_{kk} \delta + o(\delta)) + \sum_{l \neq k} p_{jl}(t) (g_{lk} \delta + o(\delta)) = \\ &= p_{jk}(t) + p_{jk}(t) g_{kk} \delta + p_{jk}(t) o(\delta) + \delta \sum_{l \neq k} p_{jl}(t) g_{lk} + \sum_{l \neq k} p_{jl}(t) o(\delta) = \\ &= p_{jk}(t) + p_{jk}(t) o(\delta) + \delta \sum_{l=1}^s p_{jl}(t) g_{lk} + \sum_{l \neq k} p_{jl}(t) o(\delta) \end{aligned}$$

A kapott egyenletet átrendezve:

$$\frac{p_{jk}(t+\delta) - p_{jk}(t)}{\delta} = \sum_{l=1}^s p_{jl}(t) g_{lk} + \frac{o(\delta)}{\delta} \left( p_{jk}(t) + \sum_{l \neq k} p_{jl}(t) \right)$$

Határértéket véve  $\frac{o(\delta)}{\delta}$  0-hoz tart és megkapjuk, hogy a  $p'_{jk}(t)$  megegyezik a  $P(t)G$   $j$ . sorának  $k$ . elemével. Tehát beláttuk, hogy  $P'(t) = P(t)G$ .

□

Hasonlóan bizonyítható, mint az előre Kolmogorov egyenletek:

**1.6. Tétel.** (*Kolmogorov hátra egyenlet*)

$$P'(t) = GP(t)$$

## 1.2. Differenciálegyenletek

A szakdolgozatban autonóm differenciálegyenlet rendszerekkel foglalkozunk, amelyek a következőképpen írhatóak fel:

$$\dot{x}(t) = f(x(t))$$

ahol  $f: \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$  folytonos függvény és az  $x: I \rightarrow \mathbb{R}^n$  megoldás pedig differenciálható.

A járványterjedés vizsgálata során az ismert kezdeti helyzetet követő változásokat akarjuk megkapni, így kezdeti érték feladatokat kell megoldanunk.

**1.7. Tétel.** *Ha  $f$  folytonosan differenciálható, akkor az*

$$\dot{x}(t) = f(x(t)) \tag{1.1}$$

$$x(0) = p \tag{1.2}$$

*kezdeti érték feladat megoldása egyértelmű.*

A differenciálegyenlet rendszer viselkedésének megértéséhez az egyensúlyi pontokat lokálisan lineáris egyenletekkel közelítjük. Az egyensúlyi pontok stabilitásának meghatározásához a következő tételt használjuk:

**1.8. Tétel.** *Legyen  $p$  az  $\dot{x} = f(x)$  differenciálegyenlet egy egyensúlyi pontja.*

*1. Ha az  $f'(p)$  minden sajátértékének valós része negatív, akkor a  $p$  aszimptotikusan stabil egyensúlyi pont.*

*2. Ha az  $f'(p)$  valamelyik sajátértékének valós része pozitív, akkor a  $p$  instabil egyensúlyi pont.*

A járványterjedési modelleket kétdimenziós rendszerekre vezetjük vissza, ezek viselkedésének meghatározásában segít a Poincare-Bendixson tétel, amely a pályák aszimptotikus viselkedését írja le.

A tétel kimondásához definiálnunk kell a határhalmaz fogalmát:

**1.9. Definíció.** Rögzítsünk le egy tetszőleges  $p \in \mathbb{R}^n$  pontot és jelölje az 1.1-1.2 kezdeti érték feladathoz tartozó megoldást  $\phi(t)$ .

Az  $\omega$  határhalmaz a következőképpen definiálható:

$$\omega(p) = \{u \in \mathbb{R}^n : \text{létezik } \infty\text{-hez tartó } t_k \text{ valós sorozat, hogy } \lim \phi(t_k) = u\}$$

Az  $\alpha$  határhalmaz a következőképpen definiálható:

$$\alpha(p) = \{u \in \mathbb{R}^n : \text{létezik } -\infty\text{-hez tartó } t_k \text{ valós sorozat, hogy } \lim \phi(t_k) = u\}$$

**1.10. Tétel.** (Poincaré-Bendixson tétel) Legyen  $f$  folytonosan differenciálható és tegyük fel, hogy az  $\dot{x} = f(x)$  differenciálegyenlet rendszer egyensúlyi pontjai izoláltak és  $\{\phi(t), t \geq 0\}$  korlátos. Ekkor a következő esetek közül pontosan egy teljesül:

- $\omega(p)$  egy egyensúlyi pont
- $\omega(p)$  egy periodikus pálya
- $\omega(p)$  egyensúlyi pontokból és azokat összekötő heteroklinikus és homoklinikus pályákból áll.

## 2. fejezet

# Járványterjedés hálózatokon

A hálózatok használata az utóbbi időben széles körben elterjedt, a matematikán túl számos természettudományi területen jelentős szerepet tölt be, például jelátviteli és fehérje interakciós hálózatok.

Ebben a fejezetben megnézzük hogyan modellezhető a járványterjedés egy hálózaton.

A vizsgált személyek állapotai alapján meghatározhatunk egy Markov-láncot, mellyel a járványterjedés folyamatát modellezhetjük. A járványterjedés modellezése során a betegségtől függően a vizsgált személyeket különböző csoportokba sorolhatjuk, például fertőzött, meggyógyult, vakcinával oltott. A személyek közötti kapcsolatok és a vizsgált betegség paramétereinek függvényében a járvány lefolyását akarjuk közelíteni.

Például az *SIR*-modell esetében három különböző csoport van: fogékonyak (*S*), fertőzöttek (*I*), meggyógyultak (*R*). Egy adott személy két változáson mehet keresztül: az *S*-ből az *I*-be vagy az *I*-ből az *R*-be kerülhet, az előbbinek szükséges feltétele, hogy a személy kapcsolatban álljon egy fertőzött személlyel. A változás valószínűségét a betegség paraméterei határozzák meg: megfertőződési és meggyógyulási ráták.

A következőkben az *SIS*-modell jelöléseit fogjuk használni, az általános két állapotú rendszer teljesen hasonlóan kapható meg, elsősorban az átmeneti rátákat kell a betegségnek megfelelően megválasztani.

Tekintsünk egy  $n$  csúcsú, irányítatlan teljes gráfot, ahol a csúcsok jelölik a vizsgált személyeket és ezek két állapotban lehetnek: fertőzöttek (*I*) vagy nem fertőzöttek (*S*). Ezen az állapotteren értelmezünk egy folytonos Markov-láncot, ahol a generátormátrixot a kontaktonkénti megfertőződési  $\tau$ , valamint a meggyógyulási  $\gamma$  ráták segítségével definiáljuk. Feltesszük, hogy egy állapotból csak olyan állapotba kerülhetünk, ahol pontosan egy csúcs állapota különböző.

Az állapotokat kétféleképpen fogjuk jelölni. Egyrészt  $(S)_i$  egy állapotot jelöl, ahol  $i = 1, 2, \dots, 2^n$ . Másrészt  $(S)^k$  azt a halmazt jelöli, ami azokat az állapotokat tartalmazza, ahol pontosan  $k$  fertőzött van. A halmaz elemeit  $(S)_i^k$ -vel jelöljük, ezek száma  $\binom{n}{k}$ .

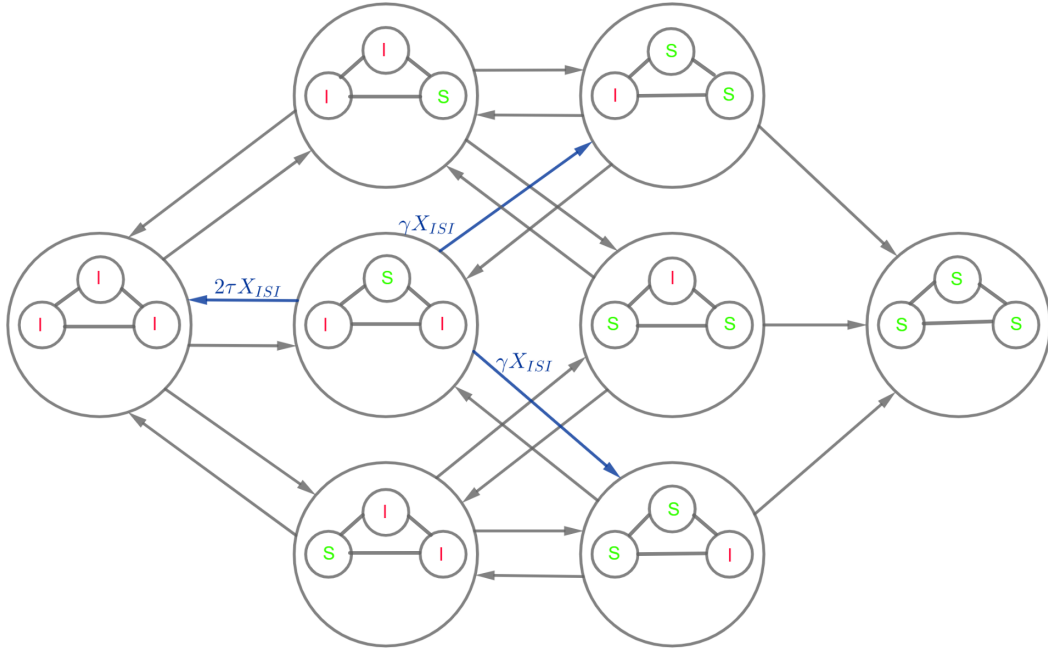
Mivel minden állapotból csak olyan másik állapotba kerülhet a Markov-lánc, amely pontosan 1 csúcsban különbözik az eredeti állapottól, így az  $(S)_i^k$  állapotból egy  $(S)^{k-1}$  vagy  $(S)^{k+1}$  állapotba kerül a folyamat vagy marad az  $(S)_i^k$  állapotban.

A generátormátrix elemei:

$$g_{(S)_i(S)_j} = \begin{cases} 0 & \text{ha az } (S)_i \text{ és az } (S)_j \text{ állapot legalább két csúcsban különbözik} \\ m\tau & \text{ha } (S)_i \in (S)^k \text{ és } (S)_j \in (S)^{k+1} \text{ és } m \text{ jelöli a megváltozott csúcs} \\ & \text{fertőzött szomszédainak számát} \\ \gamma & \text{ha } (S)_i \in (S)^k \text{ és } (S)_j \in (S)^{k-1} \\ -\sum_{j \neq i} g_{(S)_i(S)_j} & \text{ha } (S)_i \text{ és } (S)_j \text{ megegyezik} \end{cases}$$

Legyen  $n = 3$ . Ekkor minden lépésben az  $\{SSS, SSI, SIS, ISS, SII, ISI, IIS, III\}$  halmaz egyik eleme megfelel a 3 személy fertőzöttségi állapotának.

A járványterjedéshez kapcsolódó Markov-láncot az alábbi ábra szemlélteti:



Ezek alapján felírhatóak a Kolmogorov egyenletek:

$$\begin{aligned} \dot{X}_{SSS} &= \gamma (X_{SSI} + X_{SIS} + X_{ISS}) \\ \dot{X}_{SSI} &= \gamma (X_{SII} + X_{ISI}) - (2\tau + \gamma) X_{SSI} \\ \dot{X}_{SIS} &= \gamma (X_{SII} + X_{IIS}) - (2\tau + \gamma) X_{SIS} \\ \dot{X}_{ISS} &= \gamma (X_{ISI} + X_{IIS}) - (2\tau + \gamma) X_{ISS} \\ \dot{X}_{SII} &= \gamma X_{III} + \tau (X_{SSI} + X_{SIS}) - 2(\tau + \gamma) X_{SII} \\ \dot{X}_{ISI} &= \gamma X_{III} + \tau (X_{SSI} + X_{ISS}) - 2(\tau + \gamma) X_{ISI} \\ \dot{X}_{IIS} &= \gamma X_{III} + \tau (X_{SIS} + X_{ISS}) - 2(\tau + \gamma) X_{IIS} \\ \dot{X}_{III} &= -3\gamma X_{III} + 2\tau (X_{SII} + X_{ISI} + X_{IIS}) \end{aligned}$$

Az egyenletekből megkapjuk az  $\dot{X} = M \cdot X$  egyenletet, ahol  $M$  a generátormátrix



transzponáltja:

$$M = \begin{pmatrix} 0 & \gamma & \gamma & \gamma & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -2\tau - \gamma & 0 & 0 & \gamma & \gamma & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -2\tau - \gamma & 0 & \gamma & 0 & \gamma & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -2\tau - \gamma & 0 & \gamma & \gamma & 0 \\ 0 & \tau & \tau & 0 & -2\gamma - 2\tau & 0 & 0 & \gamma \\ 0 & \tau & 0 & \tau & 0 & -2\gamma - 2\tau & 0 & \gamma \\ 0 & 0 & \tau & \tau & 0 & 0 & -2\gamma - 2\tau & \gamma \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 2\tau & 2\tau & 2\tau & -3\gamma \end{pmatrix}$$

Az  $M$  mátrixot megadhatjuk diagonális formában:

$$M = \begin{pmatrix} B^0 & C^0 & 0 & 0 \\ A^1 & B^1 & C^1 & 0 \\ 0 & A^2 & B^2 & C^2 \\ 0 & 0 & A^3 & B^3 \end{pmatrix}$$

ahol

$$\begin{aligned} A^1 &= \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}, A^2 = \begin{pmatrix} \tau & \tau & 0 \\ \tau & 0 & \tau \\ 0 & \tau & \tau \end{pmatrix}, A^3 = \begin{pmatrix} 2\tau & 2\tau & 2\tau \end{pmatrix} \\ B^0 &= (0), B^1 = \begin{pmatrix} -2\tau - \gamma & 0 & 0 \\ 0 & -2\tau - \gamma & 0 \\ 0 & 0 & -2\tau - \gamma \end{pmatrix} \\ B^2 &= \begin{pmatrix} -2\tau - 2\gamma & 0 & 0 \\ 0 & -2\tau - 2\gamma & 0 \\ 0 & 0 & -2\tau - 2\gamma \end{pmatrix}, B^3 = (-3\gamma) \\ C^0 &= (\gamma \ \gamma \ \gamma), C^1 = \begin{pmatrix} \gamma & \gamma & 0 \\ \gamma & 0 & \gamma \\ 0 & \gamma & \gamma \end{pmatrix}, C^2 = \begin{pmatrix} \gamma \\ \gamma \\ \gamma \end{pmatrix} \end{aligned}$$

$X^k(t)$  jelölje azt a sorvektort, amely az  $X_i^k(t)$  valószínűségeket tartalmazza vagyis, hogy a folyamat az  $(S)_i^k$  állapotban van a  $t$ . időpillanatban. A következőkben a  $t$  kiírását elhagyjuk.

$$X = (X^0, X^1, \dots, X^n)$$

Az  $\dot{X} = MX$  egyenlet a következő alakban is írható:

$$\dot{X}^k = A^k X^{k-1} + B^k X^k + C^k X^{k+1}$$

ahol  $k = 0, 1, 2, 3$

Legyen  $N_{SI} \left( (S)_i^k \right)$  az  $(S)_i^k$  állapotban az  $S$  és az  $I$  elemei közötti élek száma.

Az  $A^k$  mátrix  $i$ . sorának  $j$ . eleme megadja a folyamat  $(S)_j^{k-1}$  állapotból az  $(S)_i^k$  állapotba kerülésének átmeneti rátáját és egyenlő  $m\tau$ -val, ahol  $m$  jelöli a megváltozott csúcs fertőzött szomszédainak számát. Tekintsük az  $A^k$  mátrix  $j$ . oszlopának elemeinek összegét. Ez az  $(S)_j^{k-1}$  állapot összes  $S$ -beli csúcsa esetén összegzi az  $I$ -be menő élek összegét:

$$\sum_{i=1}^{\binom{n}{k}} A_{i,j}^k = \tau N_{SI} \left( (S)_j^{k-1} \right)$$

A  $C^k$  mátrix  $i$ . sorának  $j$ . eleme megadja a folyamat  $(S)_j^{k+1}$  állapotból az  $(S)_i^k$  állapotba kerülésének átmeneti rátáját. Tekintsük a  $C^k$  mátrix  $j$ . oszlopának elemeinek összegét. Ez az  $(S)_j^{k+1}$  állapot összes  $I$ -beli csúcsa esetén összegzi azokat az eseteket, amikor az adott csúcs meggyógyul:

$$\sum_{i=1}^{\binom{n}{k}} C_{i,j}^k = \gamma(k+1)$$

A  $B^k$  mátrix  $i$ . sorának  $j$ . eleme megadja a folyamat  $(S)_j^k$  állapotból az  $(S)_i^k$  állapotba kerülésének átmeneti rátáját. Ha  $(S)_j^k$  és  $(S)_i^k$  nem egyezik meg, akkor az átmeneti ráta 0, hiszen 1 lépés alatt legfeljebb 1 csúcs kerülhet át az  $S$ -ből az  $I$ -be vagy fordítva. A  $B^k$  mátrix összes eleme 0 a főátló kivételével és az  $M$ , vagyis minden  $A^{k+1}$ ,  $B^k$  és  $C^{k-1}$  mátrix  $j$ . oszlopainak összege 0, ezek alapján:

$$B_{i,i}^k = - \sum_{j=1}^{\binom{n}{k+1}} A_{j,i}^{k+1} - \sum_{j=1}^{\binom{n}{k-1}} C_{j,i}^{k-1}$$

Legyen  $e_k$  az  $\binom{n}{k}$  darab 1-esből álló sorvektor, ekkor az előzőek szerint:

$$(e_k A^k)_i = \sum_{j=1}^{\binom{n}{k}} A_{j,i}^k = \tau N_{SI} \left( (S)_j^{k-1} \right) \quad (2.1)$$

$$(e_k C^k)_i = \sum_{j=1}^{\binom{n}{k}} C_{j,i}^k = \gamma(k+1) \quad (2.2)$$

$$B_{i,i}^k = - \sum_{j=1}^{\binom{n}{k+1}} A_{j,i}^{k+1} - \sum_{j=1}^{\binom{n}{k-1}} C_{j,i}^{k-1} = - (e_{k+1} A^{k+1})_i - (e_{k-1} C^{k-1})_i$$

$$e_{k+1} A^{k+1} + e_k B^k + e_{k-1} C^{k-1} = 0 \quad (2.3)$$

ahol  $k = 0, 1, 2, 3, \dots, n$

Az előzőek alapján  $n$  vizsgált személy esetén:

$$\dot{X}^k = A^k X^{k-1} + B^k X^k + C^k X^{k+1} \quad (2.4)$$

ahol  $k = 0, 1, 2, 3, \dots, n$

Így nagyon sok egyenletet kapunk, ami exponenciális a vizsgált személyek számában, amit nehezen vagy egyáltalán nem tudunk megoldani véges időben. Ezért egy egyszerűbb, kevesebb egyenletet tartalmazó egyenletrendszer kialakítására törekszünk, amely kellő pontossággal tudja közelíteni a járványterjedés folyamatát.

## 3. fejezet

# SIS-modell

Az *SIS*-modellben a vizsgált személyeket két csoportba soroljuk: nem fertőzöttek ( $S$ ), fertőzöttek ( $I$ ). Egy adott személy két változáson mehet keresztül: az  $S$ -ből az  $I$ -be vagy az  $I$ -ből az  $S$ -be kerülhet, az előbbinek szükséges feltétele, hogy a személy kapcsolatban álljon egy fertőzött személlyel. A változás valószínűségét a betegség paramétereire határozzák meg: megfertőződési és meggyógyulási ráták.

Ez a modell olyan betegségek terjedésének vizsgálatára használható, amivel szemben nem szerezhető védettség, még nem áll rendelkezésre védőoltás például hepatitis C, HIV-vírus. A modell segítségével a betegség paramétereinek függvényében közelebbi választ adhatunk a járvány lefolyását érintő kérdésekre például hogy hova tart a fertőzöttek száma vagy körülbelül mennyi lesz a fertőzöttek száma egy adott időben.

Ebben a fejezetben az előbb említett kérdések háttérben álló differenciálegyenlet rendszer és egyensúlyi állapotok vizsgálatára kerül sor.

### 3.1. Az SIS-modell átlagolt egyenletei

Az előző fejezetben tárgyalt differenciálegyenlet rendszer minden hálózati állapotnak meghatározza a valószínűségét, viszont bonyolultsága miatt nehezen megoldható. Ha figyelmen kívül hagyjuk azt a célt, hogy az összes vizsgált személy állapotát meghatározzuk és csak a fertőzöttek számának meghatározására törekszünk, egy sokkal egyszerűbb egyenletrendszert kapunk, amelyet majd lezárásokkal együtt könnyen kezelhetünk.

Legyen az  $[I](t)$  a fertőzöttek számának várható értéke a  $t$ . időpillanatban, az  $[S](t)$  a nem fertőzöttek számának várható értéke és az  $[SI]$  az  $S$  és  $I$  csúcsai között menő élek számának várható értéke. Ezeket az értékeket meghatározhatjuk az előző fejezetben bevezetett  $X^k$  értékekkel, ami az összes olyan állapotnak a valószínűségét tartalmazza, amikor a hálózatban  $k$  fertőzött van.

$$\begin{aligned}
[S] &= \sum_{k=0}^n (n-k) e_k X^k \\
[I] &= \sum_{k=0}^n k e_k X^k \\
[SI] &= \sum_{k=0}^n \sum_{i=1}^{\binom{n}{k}} N_{SI} (S_i^k) X_i^k
\end{aligned}$$

**3.1. Tétel.** Az  $[S]$  és az  $[I]$  várható értékekre teljesül az alábbi differenciálegyenlet rendszer:

$$[\dot{S}] = \gamma[I] - \tau[SI] \quad (3.1)$$

$$[\dot{I}] = \tau[SI] - \gamma[I] \quad (3.2)$$

*Bizonyítás.* Használjuk fel az előző fejezetben található 2.1 és 2.2 egyenleteket az  $[I]$  és az  $[SI]$  várható értékek átírására:

$$\begin{aligned}
[I] &= \sum_{k=0}^n k e_k X^k = \sum_{k=0}^n \frac{1}{\gamma} e_{k-1} C^{k-1} X^k \\
[SI] &= \sum_{k=0}^n \sum_{i=1}^{\binom{n}{k}} N_{SI} (S_i^k) X_i^k = \sum_{k=0}^n \sum_{i=1}^{\binom{n}{k}} \frac{(e_{k+1} A^{k+1})_i}{\tau} X_i^k = \frac{1}{\tau} \sum_{k=0}^n e_{k+1} A^{k+1} X^k
\end{aligned}$$

A következőkben deriváljuk az  $[I]$  várható értéket és alkalmazzuk a 2.3-2.4 egyenleteket és a fentebb látható  $[I]$  és  $[SI]$  várható értékekre vonatkozó átalakításokat:

$$\begin{aligned}
[\dot{I}] &= \left( \sum_{k=0}^n k e_k X^k \right)' = \sum_{k=0}^n k e_k \dot{X}^k = \sum_{k=0}^n k e_k (A^k X^{k-1} + B^k X^k + C^k X^{k+1}) = \\
&= \sum_{k=0}^n k e_k A^k X^{k-1} + \sum_{k=0}^n k e_k B^k X^k + \sum_{k=0}^n k e_k C^k X^{k+1} = \\
&= \sum_{k=0}^{n-1} (k+1) e_{k+1} A^{k+1} X^k + \sum_{k=0}^n k e_k B^k X^k + \sum_{k=1}^n (k-1) e_{k-1} C^{k-1} X^k = \\
&= \sum_{k=0}^n ((k+1) e_{k+1} A^{k+1} + k e_k B^k + (k-1) e_{k-1} C^{k-1}) X^k = \\
&= \sum_{k=0}^n (e_{k+1} A^{k+1} - e_{k-1} C^{k-1}) X^k = \sum_{k=0}^n e_{k+1} A^{k+1} X^k - \sum_{k=0}^n e_{k-1} C^{k-1} X^k = \\
&= \tau[SI] - \gamma[I]
\end{aligned}$$

Mivel  $[\dot{S}] + [\dot{I}] = n$  minden időpillanatban, ezért

$$[\dot{S}] = -[\dot{I}] = \gamma[I] - \tau[SI]$$

□

Ezt a differenciálegyenlet rendszert nem tudjuk megoldani, mivel az  $[S]$  és az  $[I]$  deriváltjában megjelenik az  $[SI]$  érték, amit ugyanúgy nem tudunk, mint az  $[S]$  és  $[I]$  értéket. Ezért hasonlóan felírható az  $[SI]$ , az  $[SS]$  és az  $[II]$  várható értékekkel kiegészített differenciálegyenlet rendszer. Ekkor ahogy látható lesz, ismét megjelennek olyan értékek, amiket nem ismerünk.

**3.2. Tétel.** *Az  $[S]$ ,  $[I]$ ,  $[SI]$ ,  $[SS]$  és  $[II]$  várható értékekre teljesül az alábbi differenciálegyenlet rendszer:*

$$[\dot{S}] = \gamma[I] - \tau[SI] \quad (3.3)$$

$$[\dot{I}] = \tau[SI] - \gamma[I] \quad (3.4)$$

$$[\dot{SS}] = 2\gamma[SI] - 2\tau[SSI] \quad (3.5)$$

$$[\dot{II}] = -2\gamma[II] + 2\tau([ISI] + [SI]) \quad (3.6)$$

$$[\dot{SI}] = \gamma([II] - [SI]) + \tau([SSI] - [ISI] - [SI]) \quad (3.7)$$

## 3.2. Lezárások

Az előző alfejezetben tárgyalt differenciálegyenlet rendszerek megoldásához lezárásokat adunk meg, feltételezve a gráf homogenitását, így megoldhatóvá téve a differenciálegyenleteket.

Ha a gráf elég nagy, akkor várhatóan a fertőzött csúcsok is nagyjából egyenletesen oszlanak el a gráfban, így egy csúcsnak körülbelül  $d\frac{[I]}{n}$  fertőzött szomszédja van. Ezek alapján közelíthetjük az  $S$  és  $I$  közötti élek számának várható értékét:

$$[SI] \approx \frac{d}{n}[S][I] \quad (3.8)$$

Az  $[SSI]$  közelítéséhez válasszunk ki egy  $v$  csúcsot az  $S$  halmazból és nézzük meg a szomszédjait,  $d(d-1)$  lehetőség van  $v$  két szomszédjának kiválasztására, amiket jelöljünk  $v_1, v_2$ -vel. Vizsgáljuk meg a  $v_1v_2$  sorozatot. Ha  $v_1$   $S$ -beli és  $v_2$   $I$ -beli, akkor egy  $SSI$  élhalmazt kapunk. Annak a valószínűsége, hogy  $v_1$  nem fertőzött körülbelül  $\frac{[SS]}{d[S]}$ , hiszen az  $S$  halmazból  $d[S]$  él megy ki és  $\frac{[SS]}{d[S]}$  valószínűséggel lesz ez egy  $SS$  él. Annak a valószínűsége, hogy  $v_2$  fertőzött körülbelül  $\frac{[SI]}{d[S]}$ , hiszen az  $S$  halmazból  $d[S]$  él megy ki és  $\frac{[SI]}{d[S]}$  valószínűséggel lesz ez egy  $SI$  él. Ezek alapján:

$$[SSI] \approx [S]d(d-1) \frac{[SS][SI]}{d^2[S]^2} = \frac{(d-1)}{d} \frac{[SS][SI]}{[S]} \quad (3.9)$$

Az  $[ISI]$  közelítését hasonlóan kapjuk meg annyi különbséggel, hogy akkor alkot a 3 csúcs egy  $ISI$  élhalmazt, ha a kiválasztott  $v$  csúcsnak mindkét szomszédja fertőzött.

$$[ISI] \approx [S]d(d-1) \frac{[SI][SI]}{d^2[S]^2} = \frac{(d-1)}{d} \frac{[SI]^2}{[S]} \quad (3.10)$$

Ezeket a közelítéseket felhasználva meg fogjuk kapni az SIS-modell két, az előző alfejezetben megadott differenciálegyenlet rendszerének lezárását.

### 3.3. Az SIS-modell differenciálegyenlet rendszerének elemzése

A 3.8 közelítést alkalmazva megkapjuk a 3.1-3.2 differenciálegyenlet rendszer lezárását:

$$\dot{S} = \gamma I - \tau \frac{d}{n} S I \quad (3.11)$$

$$\dot{I} = \tau \frac{d}{n} S I - \gamma I \quad (3.12)$$

feltéve, hogy  $S \approx [S]$  és  $I \approx [I]$ .

Mivel  $S + I = n$ , így a két egyenletből az egyiket elhagyhatjuk:

$$\dot{I} = \tau \frac{d}{n} (n - I) I - \gamma I$$

A rendszer egyensúlyi pontjai az  $\dot{I} = 0$  egyenletet kielégítő  $I$  értékek. Ezek meghatározásához az egyenletet rendezzük át:

$$\dot{I} = \tau \frac{d}{n} (n - I) I - \gamma I = \tau \frac{d}{n} I \left( n - I - \frac{n\gamma}{\tau d} \right) = \tau \frac{d}{n} I \left( n \left( 1 - \frac{\gamma}{\tau d} \right) - I \right) = 0$$

Ebből az egyensúlyi pontok a következők lesznek:

$$I_f = 0$$

ami a fertőzésmentes egyensúlyi állapotot jelöli, valamint

$$I_e = n \left( 1 - \frac{\gamma}{\tau d} \right)$$

ami az endemikus egyensúlyi állapotot jelöli.

A differenciálegyenlet egy egydimenziós autonóm rendszer, így könnyen meghatározható a globális viselkedés a fáziskép alapján.

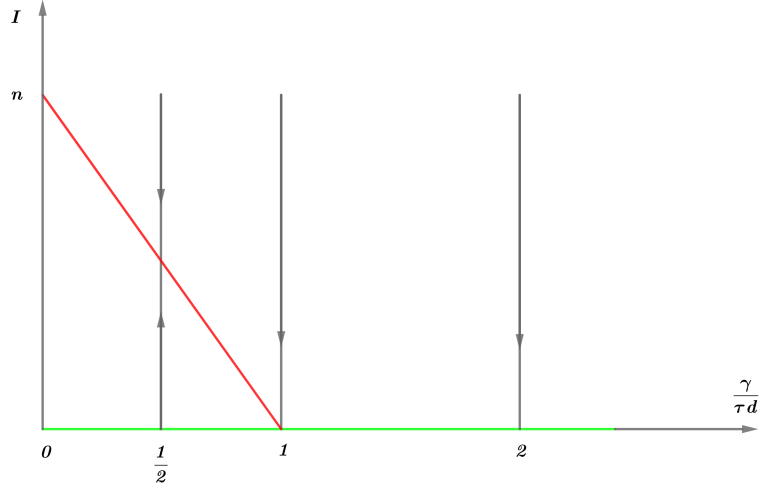
A 3.1. ábra a  $\frac{\gamma}{\tau d}$  függvényében megkapott fáziskép.

Például legyen  $\frac{\gamma}{\tau d} = \frac{1}{2}$ , ekkor a két egyensúlyi pont  $I_f = 0$  és  $I_e = \frac{n}{2}$ .

Ha  $0 < I < \frac{n}{2}$ , akkor  $\left( n \left( 1 - \frac{\gamma}{\tau d} \right) - I \right) > 0$ , így  $\dot{I} > 0$ .

Ha  $\frac{n}{2} < I$ , akkor  $\left( n \left( 1 - \frac{\gamma}{\tau d} \right) - I \right) < 0$ , így  $\dot{I} < 0$ .

Ezek alapján kapjuk, hogy a megoldások az  $\frac{n}{2}$ -höz tartanak, ami aszimptotikus stabilitást jelent, a nullától pedig távolodnak, ami instabil egyensúlyi pont.



3.1. ábra. A fázisképen pirossal vannak jelölve az endemikus egyensúlyi pontok, zölddel a fertőzésmentes egyensúlyi pontok

Legyen  $\frac{\gamma}{\tau d} = 1$ , ekkor az egyetlen egyensúlyi pont az  $I_f = 0$ .

Ha  $0 < I$ , akkor  $(n(1 - \frac{\gamma}{\tau d}) - I) < 0$ , így  $\dot{I} < 0$ .

Ezek alapján kapjuk, hogy a megoldások a nullához tartanak, ami aszimptotikus stabilitást jelent.

Legyen  $\frac{\gamma}{\tau d} = 2$ , ekkor az egyetlen egyensúlyi pont az  $I_f = 0$ .

Ha  $0 < I$ , akkor  $(n(1 - \frac{\gamma}{\tau d}) - I) < 0$ , így  $\dot{I} < 0$ .

Ezek alapján kapjuk, hogy a megoldások a nullához tartanak, ami aszimptotikus stabilitást jelent.

Tehát a következő tételt kaptuk meg a rendszerről:

**3.3. Tétel.** *A 3.11-3.12 differenciálegyenlet rendszernek két egyensúlyi pontja van: a fertőzésmentes  $S_f = n$ ,  $I_f = 0$  és az endemikus  $S_e = n\frac{\gamma}{\tau d}$ ,  $I_e = n(1 - \frac{\gamma}{\tau d})$ .*

*Ha  $\gamma > \tau d$ , akkor minden megoldás az aszimptotikusan stabil fertőzésmentes egyensúlyi ponthoz konvergál.*

*Ha  $\gamma < \tau d$ , akkor minden megoldás az aszimptotikusan stabil endemikus egyensúlyi ponthoz konvergál.*



### 3.4. Az SIS-modell párokra felírt differenciálegyenlet rendszerének elemzése

A 3.9 és 3.10 közelítéseket alkalmazva megkapjuk a 3.3-3.6 differenciálegyenletek lezárását:

$$\begin{aligned}\dot{S} &= \gamma I - \tau SI \\ \dot{I} &= \tau SI - \gamma I \\ \dot{SS} &= 2\gamma SI - 2\tau \frac{(d-1) SS \cdot SI}{d S} \\ \dot{II} &= -2\gamma II + 2\tau \left( \frac{(d-1) SI^2}{d S} + SI \right) \\ \dot{SI} &= \gamma (II - SI) + \tau \left( \frac{(d-1) SS \cdot SI}{d S} - \frac{(d-1) SI^2}{d S} - SI \right)\end{aligned}$$

Két egyenlet elhagyható az  $S + I = n$  és az  $SS + 2SI + II = dn$  összefüggések miatt, továbbá még egy a következő állítás segítségével:

**3.4. Állítás.** *A következő két egyenlet minden  $t \geq 0$  esetén teljesül:*

$$SS(t) + SI(t) = dS(t)$$

$$SI(t) + II(t) = dI(t)$$

*Bizonyítás.* Legyen

$$A(t) = SS(t) + SI(t) - dS(t)$$

$$B(t) = SI(t) + II(t) - dI(t)$$

Deriváljuk le az egyenleteket:

$$\begin{aligned}\dot{A} &= \dot{SS} + \dot{SI} - d\dot{S} = 2\gamma SI - 2\tau \frac{(d-1) SS \cdot SI}{d S} + \gamma (II - SI) + \\ &+ \tau \left( \frac{(d-1) SS \cdot SI}{d S} - \frac{(d-1) SI^2}{d S} - SI \right) - d(\gamma I - \tau SI) = \\ &= \gamma (SI + II - dI) - \tau \left( \frac{(d-1) SS \cdot SI}{d S} + \frac{(d-1) SI^2}{d S} - (d-1) SI \right) = \\ &= \gamma (SI + II - dI) - \tau \frac{(d-1) SI}{d S} (SS + SI - dS)\end{aligned}$$

Azt kapjuk, hogy:

$$\dot{A} = \gamma B - \tau CA$$

ahol

$$C = \frac{(d-1) SI}{d S}$$

Másrészt

$$\begin{aligned}
\dot{B} = \dot{SI} + \dot{II} - d\dot{I} &= \gamma(II - SI) + \tau \left( \frac{(d-1)SS \cdot SI}{dS} - \frac{(d-1)SI^2}{dS} - SI \right) - \\
&\quad - 2\gamma II + 2\tau \left( \frac{(d-1)SI^2}{dS} + SI \right) - d(\tau SI - \gamma I) = \\
&= -\gamma(SI + II - dI) + \tau \left( \frac{(d-1)SS \cdot SI}{dS} + \frac{(d-1)SI^2}{dS} - (d-1)SI \right) = \\
&= -\gamma(SI + II - dI) + \tau \frac{(d-1)SI}{dS} (SS + SI - dS) =
\end{aligned}$$

Azt kapjuk, hogy:

$$\dot{B} = -\gamma B + \tau CA$$

A mindkét koordinátájában konstans 0 megoldása a kapott differenciálegyenlet rendszernek:

$$\dot{A} = \gamma B - \tau CA$$

$$\dot{B} = -\gamma B + \tau CA$$

A Picard-Lindelöf tétel [3] feltételeit kielégíti a differenciálegyenlet, mivel  $C$  folytonosan deriválható, így az egész jobb oldal is az minden  $t$  és  $A, B$  érték esetén, ezért a rendszer  $(A, B)$  megoldása egyértelmű, tehát minden  $t \geq 0$  esetén teljesül:

$$A(t) = SS(t) + SI(t) - dS(t) = 0$$

$$B(t) = SI(t) + II(t) - dI(t) = 0$$

□

Az  $SI = IS$  és az  $II$  értéke kiszámolható az  $S$  és az  $SS$  értékének segítségével:

$$SI = dS - SS$$

$$II = dn - 2dS - 3SS$$

ahol az állítás egyenletein túl felhasználtuk az  $I = n - S$  összefüggést is.

Ezek alapján

$$\begin{aligned}
\dot{S} &= \gamma(n - S) - \tau(dS - SS) = \gamma n - (\gamma + \tau d)S + \tau SS \\
\dot{SS} &= 2\gamma SI - 2\tau \frac{(d-1)SS \cdot SI}{dS} = 2\gamma(dS - SS) - 2\tau \frac{d-1}{d} \frac{SS(dS - SS)}{S} = \\
&= 2(dS - SS) \left( \gamma - \tau \frac{d-1}{d} \frac{SS}{S} \right)
\end{aligned}$$

A kapott differenciálegyenlet rendszer:

$$\dot{S} = \gamma n - (\gamma + \tau d)S + \tau SS \quad (3.13)$$

$$\dot{SS} = 2(dS - SS) \left( \gamma - \tau \frac{d-1}{d} \frac{SS}{S} \right) \quad (3.14)$$

Az egyensúlyi pontok az  $\dot{S} = 0$  és az  $\dot{SS} = 0$  megoldásai.

Az  $\dot{SS}$  pontosan akkor 0, ha  $(dS - SS)$  és  $(\gamma - \tau \frac{d-1}{d} \frac{SS}{S})$  közül legalább az egyik 0.

Ha  $(dS - SS) = 0$ , akkor az  $SI = 0$ , így az  $S = n$  és az  $SS = dn$ .

Ha  $(\gamma - \tau \frac{d-1}{d} \frac{SS}{S}) = 0$ , akkor  $SS = \frac{\gamma d S}{\tau(d-1)}$ , ezt beírva az első egyenletbe:

$$0 = \gamma n - (\gamma + \tau d) S + \tau \left( \frac{\gamma d S}{\tau(d-1)} \right) = \gamma n + \left( \frac{\gamma - \tau d(d-1)}{(d-1)} \right) S$$

Ebből az egyensúlyi pontok a következők lesznek:

$$S_f = n$$

$$SS_f = dn$$

ami a fertőzésmentes egyensúlyi pontot jelöli, valamint

$$S_e = \frac{\gamma n (d-1)}{\tau d (d-1) - \gamma}$$

$$SS_e = \frac{\gamma^2 n d}{\tau^2 d (d-1) - \gamma \tau}$$

ami az endemikus egyensúlyi pontot jelöli.

Az endemikus egyensúlyi pontnak a  $\tau(d-1) < \gamma$  esetben lenne negatív koordinátája, ami biológiai szempontból nem értelmes, tehát ekkor nem létezik endemikus egyensúlyi pont.

Az egyensúlyi pontok stabilitásának meghatározásához adjuk meg az  $f'(S, SS)$  mátrixot:

$$f'(S, SS) = \begin{pmatrix} -\gamma - \tau d & \tau \\ 2d(\gamma - \tau \frac{d-1}{d} \frac{SS}{S}) + 2(dS - SS) \tau \frac{d-1}{d} \frac{SS}{S^2} & -2(\gamma - \tau \frac{d-1}{d} \frac{SS}{S}) + 2(dS - SS) \tau \frac{d-1}{d} \frac{-1}{S} \end{pmatrix}$$

**3.5. Állítás.** *Ha  $\gamma > \tau(d-1)$ , akkor a fertőzésmentes egyensúlyi pont aszimptotikusan stabil és endemikus egyensúlyi pont nincs.*

*Ha  $\gamma < \tau(d-1)$ , akkor az endemikus egyensúlyi pont aszimptotikusan stabil és a fertőzésmentes egyensúlyi pont instabil.*

*Bizonyítás.* Helyettesítsük be a fertőzésmentes egyensúlyi pontot az  $f'(S, SS)$  mátrixba:

$$f'(S_f, SS_f) = \begin{pmatrix} -\gamma - \tau d & \tau \\ 2d(\gamma - \tau(d-1)) & -2(\gamma - \tau(d-1)) \end{pmatrix}$$

A sajátértékek a következő egyenlet gyökei:

$$x^2 - (\tau(d-2) - 3\gamma)x + 2\gamma(\gamma - \tau(d-1)) = 0$$

Ha  $\tau(d-1) < \gamma$ , akkor a Viéte-formulák miatt a két sajátérték összege negatív ( $(\tau(d-2) - 3\gamma) < 0$ ) és a szorzatuk ( $2\gamma(\gamma - \tau(d-1)) > 0$ ) pozitív, így mindkét sajátérték valós része csak negatív lehet. Az 1.8 tétel alapján a fertőzésmentes egyensúlyi pont aszimptotikusan stabil ebben az esetben.

Ha  $\tau(d-1) > \gamma$ , akkor a Viéte-formulák miatt a két sajátérték szorzata ( $2\gamma(\gamma - \tau(d-1)) < 0$ ) negatív, így mindkét sajátérték valós része nem lehet negatív. Az 1.8 tétel alapján a fertőzésmentes egyensúlyi pont instabil ebben az esetben.

Helyettesítsük be az endemikus egyensúlyi pontot az  $f'(S, SS)$  mátrixba:

$$f'(S_e, SS_e) = \begin{pmatrix} -\gamma - \tau d & \tau \\ \frac{-2\gamma d}{\tau(d-1)}(\gamma - \tau(d-1)) & 2(\gamma - \tau(d-1)) \end{pmatrix}$$

A sajátértékek a következő egyenlet gyökei:

$$x^2 + (\tau(3d-2) - \gamma)x + \frac{2}{d-1}(-\gamma(d-1) - \tau d(d-1))(\gamma - \tau(d-1)) = 0$$

Ha  $\tau(d-1) > \gamma$ , akkor a Viéte-formulák miatt a két sajátérték összege negatív ( $-(\tau(3d-2) - \gamma) < 0$ ) és a szorzatuk ( $\frac{2}{d-1}(\tau d(d-1) + \gamma(d-1))(\tau(d-1) - \gamma) > 0$ ) pozitív, így mindkét sajátérték valós része csak negatív lehet. Az 1.8 tétel alapján az endemikus egyensúlyi pont aszimptotikusan stabil ebben az esetben. □

A differenciálegyenlet rendszer megoldásai az  $SS = 0$ , az  $S = n$  és az  $SS = dS$  egyenesek által meghatározott háromszöget nem hagyják el. Mivel  $SS \geq 0$ ,  $S \leq n$  és  $SS \leq dS$ .

Határozzuk meg a nullklínákat a  $\gamma < \tau(d-1)$  esetben:

Az  $S$ -hez tartozó nullklína:

$$N_S = \frac{\gamma n + \tau SS}{\gamma + \tau d}$$

Mivel  $\gamma > \tau(d-1)$ , így  $SS = \frac{\gamma d S}{\tau(d-1)}$  nem teljesülhet, mert  $SS > dS$  lenne.

Ez alapján  $(\gamma - \tau \frac{d-1}{d} \frac{SS}{S}) \neq 0$ , vagyis  $\dot{SS} = 0$  csak akkor lehet, ha  $(dS - SS) = 0$ .

Tehát a nullklína:

$$N_{SS} = dS$$

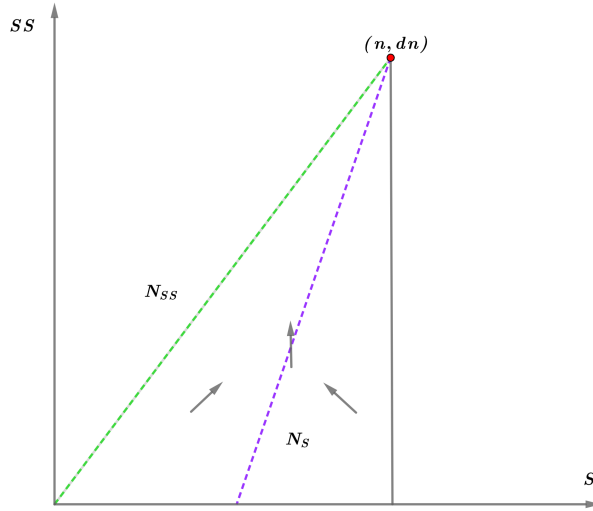
Ez a 2 nullklína a háromszöget 2 részre bontja, ezekben vizsgáljuk meg az iránymezőket:

Ha  $S < \frac{\gamma n + \tau SS}{\gamma + \tau d}$ , akkor  $\dot{S} = \gamma n - (\gamma + \tau d)S + \tau SS > 0$ .

Ha  $S > \frac{\gamma n + \tau SS}{\gamma + \tau d}$ , akkor  $\dot{S} = \gamma n - (\gamma + \tau d)S + \tau SS < 0$ .

Ha  $SS < dS$ , akkor  $\dot{S}S = 2(dS - SS)(\gamma - \tau \frac{d-1}{d} \frac{SS}{S}) > 0$ .

A 3.2 ábrán látható az iránymező ebben az esetben:



3.2. ábra. Az egyensúlyi pont piros, az  $S$ -hez tartozó nullklína lila és az  $SS$ -hez tartozó nullklína zöld színnel van jelölve

Most határozzuk meg a nullklínákat a  $\gamma < \tau(d-1)$  esetben:

Az  $S$ -hez tartozó nullklína:

$$N_S = \frac{\gamma n + \tau SS}{\gamma + \tau d}$$

Ha  $SS = \frac{\gamma d S}{\tau(d-1)}$ , akkor  $SS < dS$ , így  $(dS - SS) \neq 0$ , vagyis  $\dot{S}S = 0$  csak akkor teljesülhet, ha  $(\gamma - \tau \frac{d-1}{d} \frac{SS}{S}) = 0$ .

Tehát a nullklína:

$$N_{SS_1} = \frac{\gamma d S}{\tau(d-1)}$$

Ha  $SS \neq \frac{\gamma d S}{\tau(d-1)}$ , akkor  $(\gamma - \tau \frac{d-1}{d} \frac{SS}{S}) \neq 0$ , vagyis  $\dot{S}S = 0$  csak akkor teljesülhet, ha  $(dS - SS) = 0$ .

Tehát a nullklína:

$$N_{SS_2} = dS$$

Ez a 3 nullklína a háromszöget 4 részre osztja, ezekben vizsgáljuk meg az iránymezőket:

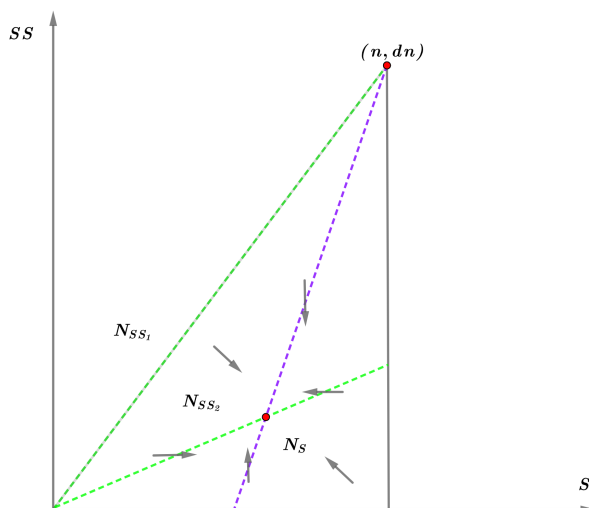
Ha  $S < \frac{\gamma n + \tau SS}{\gamma + \tau d}$ , akkor  $\dot{S} = \gamma n - (\gamma + \tau d)S + \tau SS > 0$ .

Ha  $S > \frac{\gamma n + \tau SS}{\gamma + \tau d}$ , akkor  $\dot{S} = \gamma n - (\gamma + \tau d)S + \tau SS < 0$ .

Ha  $SS < dS$  és  $SS > \frac{\gamma dS}{\tau(d-1)}$ , akkor  $\dot{SS} = 2(dS - SS) \left( \gamma - \tau \frac{d-1}{d} \frac{SS}{S} \right) < 0$ .

Ha  $SS < dS$  és  $SS < \frac{\gamma dS}{\tau(d-1)}$ , akkor  $\dot{SS} = 2(dS - SS) \left( \gamma - \tau \frac{d-1}{d} \frac{SS}{S} \right) > 0$ .

A 3.3 ábrán látható az iránymező ebben az esetben:



3.3. ábra. Az egyensúlyi pont piros, az  $S$ -hez tartozó nullklína lila és az  $SS$ -hez tartozó nullklínák zöld színnel vannak jelölve

### 3.6. Állítás. Nem létezhet periodikus pálya.

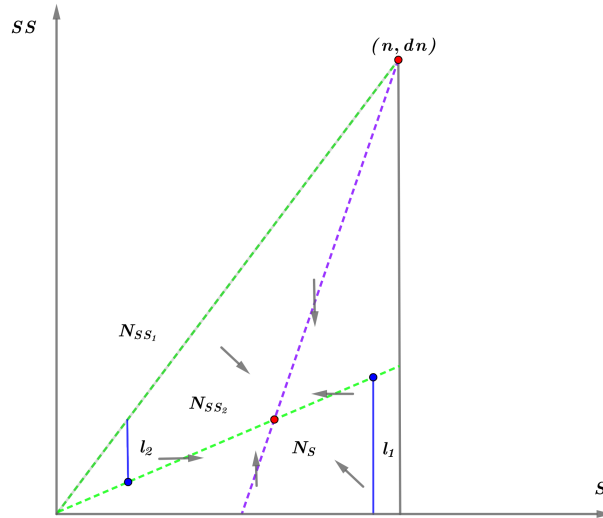
*Bizonyítás.* Ha  $\gamma < \tau(d-1)$ , akkor nem létezhet periodikus pálya, hiszen a háromszög egész belsejében felfelé mutat az irányvektor.

A következőkben a  $\gamma > \tau(d-1)$  esetet vizsgáljuk.

Tegyük fel, hogy van periodikus pálya, vizsgáljuk az  $SS$  tengely mentén felvett legmagasabb pontját és a legalacsonyabb pontját (több is lehet, válasszunk egyet). Ebben a két pontban  $\dot{SS} = 0$ , így mindkét pont rajta van az  $N_{SS_1}$  nullklínán.

Ha az egyensúlyi ponttól jobbra helyezkedik el a maximum, akkor vegyük fel a pontból lefelé húzott, az  $SS$  tengellyel párhuzamos félegyenes háromszögbe eső  $l_1$  szakaszt. Ezt a szakaszt a periodikus pályának legalább egy másik ponton el kell metszenie, viszont a szakasz egészén balra mutat az irányvektor, így nem fordulhat elő, hogy valamelyik ponton jobbra halad a periodikus pálya.

Ha az egyensúlyi ponttól balra helyezkedik el a maximum, akkor a minimum is balra helyezkedik el, vegyük fel a minimumból felfelé húzott, az  $SS$  tengellyel párhuzamos félegyenes háromszögbe eső  $l_2$  szakaszt. Ezt a szakaszt a periodikus pályának legalább egy másik ponton el kell metszenie, viszont a szakasz egészén



3.4. ábra. Az egyensúlyi pont piros, az  $S$ -hez tartozó nullklína lila és az  $SS$ -hez tartozó nullklínák zölddel, a segédszakaszok kék színnel vannak jelölve

jobbra mutat az irányvektor, így nem fordulhat elő, hogy valamelyik ponton balra halad a periodikus pálya.

□

Ezekből már könnyen meghatározható a globális viselkedés, amiről a következő tétel szól:

**3.7. Tétel.** *A 3.13-3.14 differenciálegyenlet rendszernek két egyensúlyi pontja van: a fertőzésmentes  $S_f = n$ ,  $SS_f = dn$  és az endemikus  $S_e = \frac{\gamma n(d-1)}{\tau d(d-1) - \gamma}$ ,  $SS_e = \frac{\gamma^2 nd}{\tau^2 d(d-1) - \gamma \tau}$ . Ha  $\gamma > \tau(d-1)$ , akkor minden pálya a fertőzésmentes egyensúlyi ponthoz konvergál. Ha  $\gamma < \tau(d-1)$ , akkor minden pálya az endemikus egyensúlyi ponthoz konvergál.*

*Bizonyítás.* A 3.6 állítás miatt nincs periodikus pálya és a megoldások a korlátos háromszögben futnak, így a Poincaré-Bendixson tétel (1.10) miatt a megoldások csak egyensúlyi ponthoz konvergálhatnak. A 3.5 állítás alapján a  $\tau(d-1) < \gamma$  esetben a fertőzésmentes egyensúlyi pont, a  $\tau(d-1) > \gamma$  esetben az endemikus egyensúlyi pont aszimptotikusan stabil, így minden megoldás az adott esetben aszimptotikusan stabil egyensúlyi ponthoz konvergál.

□

## 4. fejezet

### SIV-modell

Az *SIV*-modellben a vizsgált személyeket három csoportba soroljuk: fogékonyak ( $S$ ), fertőzöttek ( $I$ ), oltottak ( $V$ ). A betegség és a vakcina paraméterei, valamint a személyek közötti kapcsolatok függvényében meghatározható, hogy egy adott személy az adott csoportból hova milyen valószínűséggel kerülhet át.

Ez a modell olyan betegség terjedésének vizsgálatára használható, amely ellen már rendelkezésre áll vakcina, például koronavírus, influenza vírus. A modell segítségével a betegség és a vakcina paramétereinek függvényében közelítő választ kaphatunk olyan kérdésekre például, hogy hova tart a fertőzöttek száma vagy milyen mértékű átoltottság vezethet a betegség kihalásához.

Ebben a fejezetben az *SIV* modell elemzése során az előbb említett kérdések háttérben álló egyensúlyi állapotok vizsgálatát követően megadunk egy példát a kapott eredmények bemutatására.

Legyen  $\beta$  a megfertőződési ráta,  $c$  a felépülési ráta,  $\mu$  a természetes születési-halálozási arány,  $n$  a vizsgált személyek száma,  $\phi$  az oltottak aránya,  $\theta$  az az arány, ami meghatározza, hogy az oltottak milyen mértékben veszítik el védettségüket és  $\sigma$  a vakcina hatékonysága.

Az *SIV*-modell differenciálegyenlet rendszere:

$$\begin{aligned}\dot{S} &= \mu n - \beta \frac{S \cdot I}{n} - (\mu + \phi) S + cI + \theta V \\ \dot{I} &= \beta (S + \sigma V) \frac{I}{n} - (\mu + c) I \\ \dot{V} &= \phi S - \sigma \beta \frac{V \cdot I}{n} - (\mu + \theta) V\end{aligned}$$

Mivel  $S + I + V = n$ , így a három egyenletből az egyik elhagyható:

$$\dot{I} = \beta (n - I - (1 - \sigma) V) \frac{I}{n} - (\mu + c) I \quad (4.1)$$

$$\dot{V} = \phi (n - I - V) - \sigma \beta \frac{V \cdot I}{n} - (\mu + \theta) V \quad (4.2)$$



Az egyensúlyi pontok meghatározásához fejezzük ki a  $\dot{V} = 0$  egyenletből  $V$ -t, majd ezt helyettesítsük be az  $\dot{I} = 0$  egyenletbe:

$$V = \frac{\phi(n-I)}{\phi + \mu + \theta + \sigma\beta\frac{I}{n}}$$

$$\begin{aligned} \dot{I} &= \beta \left( n - I - (1 - \sigma) \frac{\phi(n-I)}{\phi + \mu + \theta + \sigma\beta\frac{I}{n}} \right) \frac{I}{n} - (\mu + c) I = \\ &= \beta \left( \phi + \mu + \theta + \sigma\beta\frac{I}{n} \right) (n - I) \frac{I}{n} - \beta(1 - \sigma) \phi(n - I) \frac{I}{n} - \left( \phi + \mu + \theta + \sigma\beta\frac{I}{n} \right) (\mu + c) I \end{aligned}$$

A rendezés után kapott harmadfokú egyenlet gyökei az egyensúlyi pontok  $I$  értékei.

$$\begin{aligned} -\frac{\sigma\beta^2}{n^2} I^3 + \frac{\beta}{n} (\sigma\beta - (\phi + \mu + \theta) + (1 - \sigma)\phi - \sigma(\mu + c)) I^2 + \\ + ((\beta - (\mu + c))(\phi + \mu + \theta) - \beta(1 - \sigma)\phi) I = 0 \end{aligned}$$

Ebből az egyensúlyi pontok a következők lesznek:

$$I_f = 0$$

$$V_f = \frac{\phi n}{\phi + \mu + \theta}$$

ami a fertőzésmentes egyensúlyi pontot jelöli, valamint

$$\begin{aligned} I_{e_1} = \sqrt{\frac{n^2}{4\beta^2\sigma^2} ((\sigma(-\beta + c + \phi) + \theta + \mu(\sigma + 1))^2 + 4\sigma((\beta - (\mu + c))(\theta + \mu + \phi) - \beta(1 - \sigma)\phi)) +} \\ + \frac{-1}{2\beta\sigma} (n(\sigma c - \sigma\beta + \theta + \mu(\sigma + 1) + \sigma\phi)) \end{aligned}$$

$$V_{e_1} = \frac{\phi(n - I_{e_1})}{\phi + \mu + \theta + \sigma\beta\frac{I_{e_1}}{n}}$$

ami az egyik endemikus egyensúlyi pontot jelöli és

$$\begin{aligned} I_{e_2} = -\sqrt{\frac{n^2}{4\beta^2\sigma^2} ((\sigma(-\beta + c + \phi) + \theta + \mu(\sigma + 1))^2 + 4\sigma((\beta - (\mu + c))(\theta + \mu + \phi) - \beta(1 - \sigma)\phi)) +} \\ + \frac{-1}{2\beta\sigma} (n(\sigma c - \sigma\beta + \theta + \mu(\sigma + 1) + \sigma\phi)) \end{aligned}$$

$$V_{e_2} = \frac{\phi(n - I_{e_2})}{\phi + \mu + \theta + \sigma\beta\frac{I_{e_2}}{n}}$$

ami a másik endemikus egyensúlyi pontot jelöli.

Az egyensúlyi pontok stabilitásának meghatározásához adjuk meg az  $f'(I, V)$  mátrixot:

$$f'(I, V) = \begin{pmatrix} \beta - 2\beta\frac{I}{n} - \beta(1-\sigma)\frac{V}{n} - (\mu+c) & -\beta(1-\sigma)\frac{I}{n} \\ -\phi - \sigma\beta\frac{V}{n} & -\phi - \sigma\beta\frac{I}{n} - (\mu+\theta) \end{pmatrix}$$

Definiáljuk a  $\beta_0$  és  $\beta_1$  értékeket:

$$\beta_0 = (\mu+c) \frac{\phi+\theta+\mu}{\sigma\phi+\theta+\mu}$$

$$\beta_1 = \mu+c - \frac{\sigma\phi+\theta+\mu}{\sigma} + \frac{2}{\sigma} \sqrt{\sigma\phi(\mu+c)(1-\sigma)}$$

**4.1. Állítás.** *Ha  $\beta < \beta_0$ , akkor a fertőzésmentes egyensúlyi pont aszimptotikusan stabil.*

*Bizonyítás.* Helyettesítsük be a fertőzésmentes egyensúlyi pontot:

$$f'(I_f, V_f) = \begin{pmatrix} \beta - (\mu+c) - \frac{\beta(1-\sigma)\phi}{\phi+\mu+\theta} & 0 \\ -\phi - \sigma\beta\frac{\phi}{\phi+\mu+\theta} & -\phi - (\mu+\theta) \end{pmatrix}$$

Sajátértékek:  $\beta - (\mu+c) - \frac{\beta(1-\sigma)\phi}{\phi+\mu+\theta}$ ,  $-\phi - (\mu+\theta)$

Ha teljesül, hogy  $\beta < \beta_0 = (\mu+c) \frac{\phi+\mu+\theta}{\sigma\phi+\mu+\theta} = (\mu+c) \left(1 - \frac{(1-\sigma)\phi}{\sigma\phi+\mu+\theta}\right)$ , akkor mindkét sajátérték negatív, hiszen  $\frac{\beta(1-\sigma)\phi}{\phi+\mu+\theta} \geq 0$  és  $\frac{(1-\sigma)\phi}{\sigma\phi+\mu+\theta} \geq 0$ , így  $\beta < (\mu+c)$ . Az 1.8 tétel alapján a fertőzésmentes egyensúlyi pont aszimptotikusan stabil. □

Hosszú számolással belátható a következő állítás:

**4.2. Állítás.** *Ha  $(\mu+\theta+\sigma\phi)^2 < \sigma\phi(\mu+c)(1-\sigma)$  és  $\beta_1 < \beta < \beta_0$ , akkor a két endemikus egyensúlyi pont közül pontosan az egyik aszimptotikusan stabil.*

*Ha a feltételek nem teljesülnek, akkor nincs aszimptotikusan stabil endemikus egyensúlyi pont.*

A differenciálegyenlet rendszer megoldásai az  $I=0$ ,  $V=0$ ,  $I=n$  és  $V=n$  egyenesek által meghatározott négyzetet nem hagyják el. Mivel  $0 \leq I \leq n$  és  $0 \leq V \leq n$ .

Most határozzuk meg a nullklínákat.

Az  $I$ -hez tartozó mindkét nullklína egyenes:

$$I = 0$$

$$\dot{I} = \beta(n - I - (1-\sigma)V) \frac{I}{n} - (\mu+c)I$$

$$\beta \frac{I}{n} (1 - \sigma) V = \beta (n - I) \frac{I}{n} - (\mu + c) I$$

$$V = \frac{-1}{(1 - \sigma)} I + \frac{n(\beta - (\mu + c))}{\beta(1 - \sigma)}$$

A második nullklína az  $I$  tengelyt az  $n$ -től balra metszi el, mivel az egyenes  $I = n$ -hez tartozó pontjának  $V$  tengely szerinti koordinátája negatív.

A  $V$ -hez tartozó nullklína egy hiperbola:

$$\dot{V} = 0 = \phi(n - I - V) - \sigma\beta \frac{V \cdot I}{n} - (\mu + \theta) V$$

$$\left( \phi + \sigma\beta \frac{I}{n} + (\mu + \theta) \right) V = \phi(n - I)$$

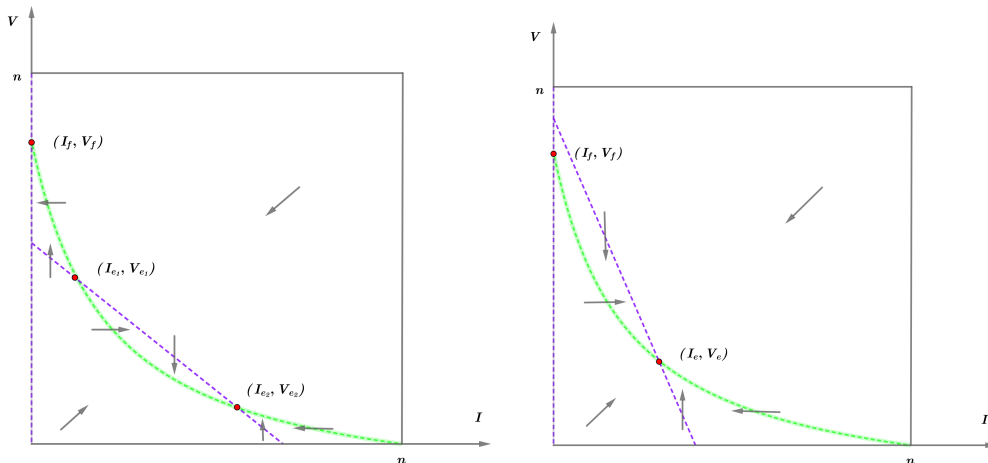
$$V = \frac{\phi(n - I)}{\phi + \sigma\beta \frac{I}{n} + (\mu + \theta)} = \frac{\phi n - \phi I}{\phi + \mu + \theta + \sigma\beta \frac{1}{n} I} = \frac{-\phi}{\sigma\beta \frac{1}{n}} \cdot \frac{\sigma\beta \frac{1}{n}}{-\phi} \cdot \frac{\phi n - \phi I}{\phi + \mu + \theta + \sigma\beta \frac{1}{n} I} =$$

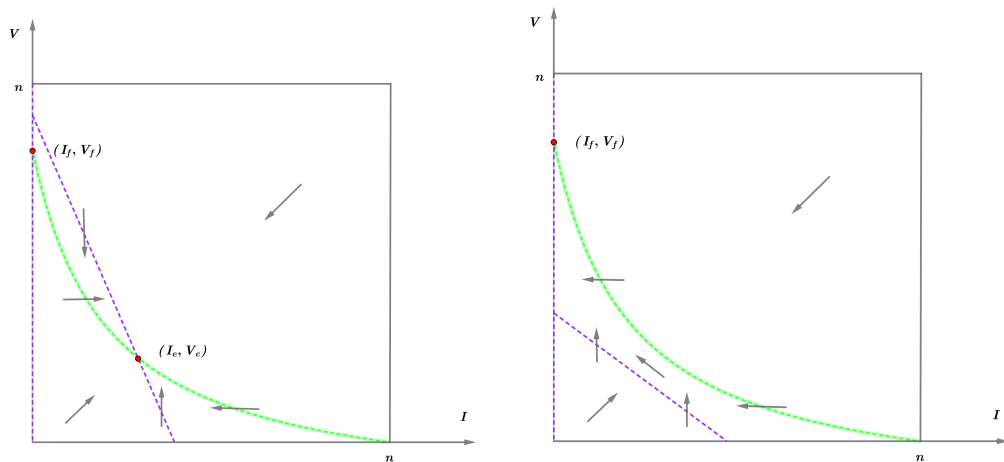
$$= \frac{-\phi}{\sigma\beta \frac{1}{n}} \cdot \frac{-\sigma\beta + \sigma\beta \frac{1}{n} I}{\phi + \mu + \theta + \sigma\beta \frac{1}{n} I} = \frac{-\phi}{\sigma\beta \frac{1}{n}} \cdot \left( 1 - \frac{\sigma\beta + \phi + \mu + \theta}{\phi + \mu + \theta + \sigma\beta \frac{1}{n} I} \right)$$

A nullklína az  $I$  tengelyt az  $n$ -ben metszi el, mivel az egyenes  $I = n$ -hez tartozó pontjának  $V$  tengely szerinti koordinátája nulla.

A nullklína a  $V$  tengelyt az  $n$ -től lefelé metszi el, mivel az egyenes  $I = 0$ -hoz tartozó pontjának  $V$  tengely szerinti koordinátája  $n$ -től kisebb.

A paraméterek értékeitől függően különböző számú egyensúlyi pontot kapunk.



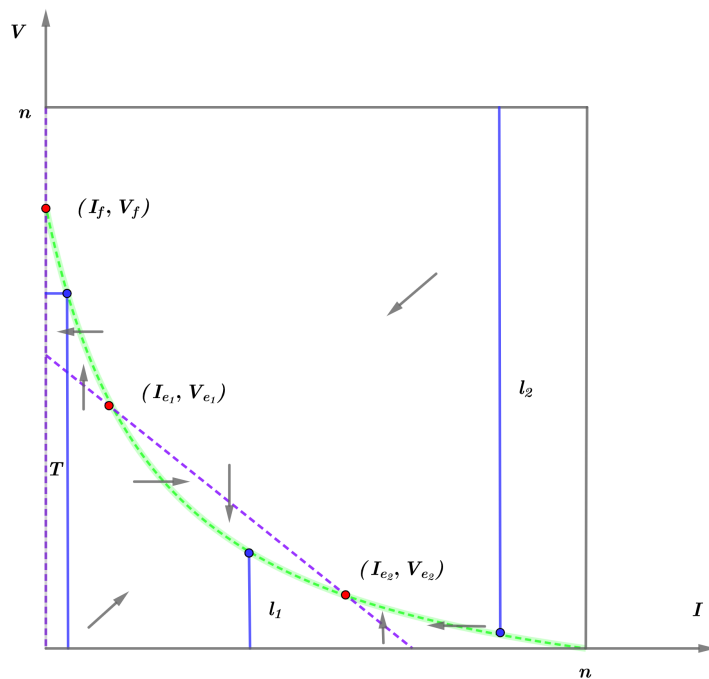


4.1. ábra. Az  $I$ -hez tartozó nullklínák lila, a  $V$ -hez tartozó nullklína zöld és az egyensúlyi pontok piros színnel vannak jelölve

**4.3. Állítás.** *Nem létezhet periodikus pálya.*

*Bizonyítás.* Ha 3 különböző egyensúlyi pont van:

Tegyük fel, hogy van periodikus pálya és vizsgáljuk a  $V$  tengely mentén felvett legmagasabb pontját és legalacsonyabb pontját. Mivel ebben a két pontban  $\dot{V} = 0$ , így rajta vannak az  $N_V$  nullklínán.



4.2. ábra. Az  $I$ -hez tartozó nullklínák lila, a  $V$ -hez tartozó nullklína zöld, az egyensúlyi pontok piros és a segédvonalak kék színnel vannak jelölve

Ha a maximum az  $(I_f, V_f)$  és az  $(I_{e_1}, V_{e_1})$  egyensúlyi pontok között van, akkor a periodikus pályának a maximumot követő része az ábrán jelölt  $T$  téglalapba esik,

nem haladhat felfelé, viszont az irányvektor felfelé mutat, tehát ellentmondásra jutottunk.

Ha a maximum az  $(I_{e_1}, V_{e_1})$  és az  $(I_{e_2}, V_{e_2})$  egyensúlyi pontok között van, akkor vegyük fel a maximumból lefelé húzott, a  $V$  tengellyel párhuzamos félegyenes négyzetbe eső  $l_1$  szakaszt. Ezt a szakaszt a periodikus pályának legalább egy másik ponton el kell metszenie, viszont a szakasz egészén jobbra mutat az irányvektor, így nem fordulhat elő, hogy valamelyik ponton balra halad a periodikus pálya.

Ha a maximum az  $(I_{e_2}, V_{e_2})$  egyensúlyi ponttól jobbra helyezkedik el, akkor vegyük fel a periodikus pálya  $V$  tengely szerinti minimumából felfelé húzott, az  $V$  tengellyel párhuzamos félegyenes négyzetbe eső  $l_2$  szakaszt. Ezt a szakaszt a periodikus pályának legalább egy másik ponton el kell metszenie, viszont a szakasz egészén balra mutat az irányvektor, így nem fordulhat elő, hogy valamelyik ponton jobbra halad a periodikus pálya.

Ha 2 különböző egyensúlyi pont van:

A 3 különböző egyensúlyi pont esetéhez hasonlóan megállapítható, hogy nem létezik periodikus pálya.

Ha 1 különböző egyensúlyi pont van:

A 3 különböző egyensúlyi pont esetéhez hasonlóan megállapítható, hogy nem létezik periodikus pálya.

□

Ezekből már könnyen meghatározható a globális viselkedés, amiről a következő tétel szól:

**4.4. Tétel.** *Ha  $\beta < \beta_0$ , akkor a 4.1-4.2 differenciálegyenlet rendszerre teljesülnek a következők:*

*-Ha  $(\mu + \theta + \sigma\phi)^2 < \sigma\phi(\mu + c)(1 - \sigma)$  és  $\beta_1 < \beta$ , akkor minden pálya vagy a fertőzésmentes egyensúlyi ponthoz vagy a két endemikus egyensúlyi pont közül az egyikhez (amelyik aszimptotikusan stabil) konvergál.*

*-Ha nem, akkor minden pálya a fertőzésmentes egyensúlyi ponthoz konvergál.*

*Bizonyítás.* A 4.3 állítás miatt nincs periodikus pálya és a megoldások a korlátos négyzetben futnak, így a Poincare-Bendixson tétel (1.10) miatt a megoldások csak egyensúlyi ponthoz konvergálhatnak. A 4.1 állítás alapján ha  $\beta < \beta_0$ , akkor a fertőzésmentes egyensúlyi pont aszimptotikusan stabil, a 4.2 állítás alapján az endemikus egyensúlyi pontok közül pontosan az egyik aszimptotikusan stabil, ha teljesül, hogy  $(\mu + \theta + \sigma\phi)^2 < \sigma\phi(\mu + c)(1 - \sigma)$  és  $\beta_1 < \beta$ . Ezeket felhasználva megkapjuk a tételt.

□

Például legyen  $\beta = 40.6$ ,  $\sigma = 0.5$ ,  $\mu = 0$ ,  $c = 27$ ,  $\phi = 4.2$  és  $\theta = 2$ .

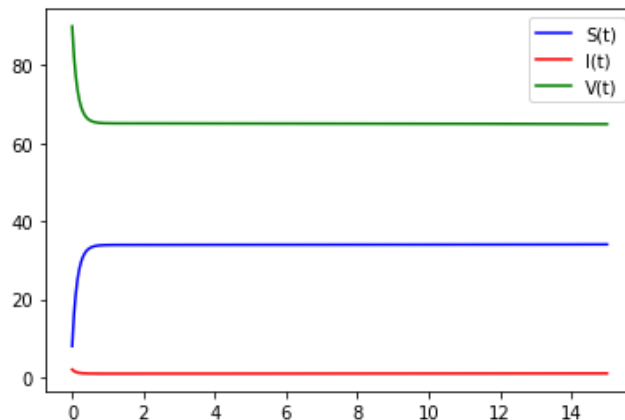
Mivel ezen paraméter értékek mellett teljesülnek a tétel feltételei, ezért minden megoldás a fertőzésmentes vagy az egyik endemikus egyensúlyi ponthoz konvergál.

Az egyensúlyi pontok meghatározására adott képletek alapján:

A fertőzésmentes egyensúlyi pont:  $S = 32.26$ ,  $I = 0$ ,  $V = 67.74$

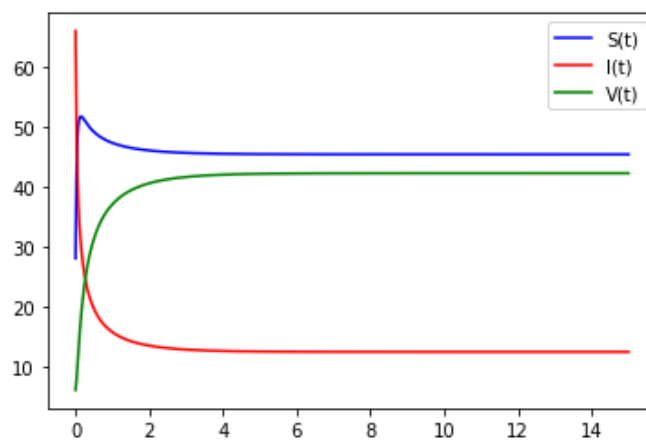
Az aszimptotikusan stabil endemikus egyensúlyi pont:  $S = 45.38$ ,  $I = 12.38$ ,  $V = 42.24$

A 4.3. ábrán látható, hogy az  $n = 100$ ,  $S = 6$ ,  $I = 2$ ,  $V = 92$  kezdeti értékek mellett a megoldás a fertőzésmentes egyensúlyi ponthoz konvergál. Különböző kezdeti értékekkel indított megoldásokat vizsgálva a fertőzésmentes egyensúlyi pont vonzóhalmaza kicsi, ezért szükséges a fertőzöttek számát úgy beállítani, hogy csak kicsit térjen el az egyensúlyi pont  $I$  koordinátájától.



4.3. ábra.  $n = 100$ ,  $S = 6$ ,  $I = 2$ ,  $V = 92$

A 4.4. ábrán látható, hogy az  $n = 100$ ,  $S = 28$ ,  $I = 66$ ,  $V = 6$  kezdeti értékek mellett a megoldás az aszimptotikusan stabil endemikus egyensúlyi ponthoz konvergál.



4.4. ábra.  $n = 100$ ,  $S = 28$ ,  $I = 66$ ,  $V = 6$

# Irodalomjegyzék

- [1] István Z. Kiss, Joel C. Miller, Péter L. Simon: Mathematics of Epidemics on Networks, Springer, 2017.
- [2] Christopher M. Kribs-Zaleta, Jorge X. Velasco-Hernández: A simple vaccination modell with multiple endemic states, Elsevier, 1999.
- [3] Simon L. Péter, Tóth János: Differenciálegyenletek, Typotex, 2020.
- [4] Simon L. Péter: Differenciálegyenletek és dinamikai rendszerek, Typotex, 2012.
- [5] <https://www.probabilitycourse.com>
- [6] Lawrence Perko: Differential Equations and Dynamical Systems, Springer, 2000.