

## 3. Gün

### 1. Uygulama: SIR modeli

Şimdiye kadar bir bölmeli modeli nasıl kodlayacağımızı öğrendik. SIR modelinin ne olduğunu ve bunun ana yapı taşlarının ne olduğunu da öğrendik. Bu alıştırma önceki kodumuzu geliştirerek tamamen dinamik bir SIR modeli oluşturacağız.

#### 1. SIR modeli oluşturma

**Vaka çalışması:** yaşadığınız şehirde X2021 adlı yeni bir virüs tespit edildi ve mevcut durumda salgına yol açıyor. Bu salgının potansiyel boyutu hakkında genel fikir sahibi olmak için DSÖ size modelleme projeksiyonları yapma görevi verdi. Devam eden epidemiyolojik araştırma, modeli geliştirmenize rehberlik edecek şu gerçekleri ortaya koydu:

- 1) Virüs solunum yollarından mikro damlacıklar yoluyla insandan insana bulaşmaktadır.
- 2) Enfeksiyon gerçekleşikten sonra enfekte kişiler ortalama 6 gün boyunca enfekte kalmaktadır
- 3) Komşu şehirde daha önce yaşanan X2021 salgınından CFR'nin ~%15 olduğunu biliyoruz
- 4) Belirli bir popülasyon grubunda duyarlılığı arttırdığı bilinen bir faktör tespit edilmemiştir
- 5) Daha önceki salgından günlük enfeksiyon oranının 0,5 (CI95% 0,3 - 0,6) olduğu tahmin edilmektedir

Görev: Aşağıdaki kodu (önceki oturumumuzdan) kullanarak yukarıdaki vakayı yansıtan bir SIR modeli oluşturun ve aşağıdaki soruları yanıtlamaya çalışın:

- 1) X2021 salgınının ne zaman pik yapmasını (hangi günlerde) bekleriz?
- 2) Salgın sonunda kaç kişinin enfekte olmasını bekleriz?
- 3) Enfeksiyon oranıyla ilgili belirsizliği göz önünde tutarak salgının nihai boyutu (enfekte kişi sayısı) ve beklene pik (gün) için bir aralık sağlayabilir misiniz?

Not:

Aşağıdaki kodu R Studio oturumuza kopyalayın. ??ile işaretleniş boşlukları doldurmaya çalışın.

```
# PAKETLERİ YÜKLEYİN:  
library(deSolve)  
library(reshape2)  
library(ggplot2)  
library(here)  
  
rm(list = ls())  
setwd(here())
```

## Bulaşıcı hastalık dinamiklerinin R'de modellenmesi üzerine kısa kurs

```
# Popülasyon boyutu:
N <- 1000

# MODEL GİRDİLERİ:

# Başlangıç koşulları
initial_state_values <- c(
  S = N-1,
  I = 1,
  R = 0,
  M = 0)

# Günlük parametre değerleri

gamma <- ?? # İyileşme oranı

beta <- ?? # enfeksiyon oranı

mu <- ?? # Mortalite oranı [rakip tehlikeleri hatırlayın! gamma*CFR/(1-CFR) ]

parameters <- c(beta, gamma, mu)

# MODEL FONKSİYONU:
times <- seq(from = 0, to = 150, by = 1) # 0 ila 365 gün arasında günlük aralıklarla

sir_model <- function(time, state, parameters) {

  with(as.list(c(state, parameters)), {

    # N toplam popülasyon boyutunun (her bir bölmedeki kişi sayısı toplamı) hesaplanması

    N <- S+I+R

    # FOI'nın hesaplanması

    lambda <- ?? # Enfeksiyon kuvvetini nasıl tanımlayabiliriz?

    # Diferansiyel denklemler
    dS <- ?? # S için diferansiyel denklem yazabilir misiniz?
    dI <- lambda * S - I*(gamma+mu)
    dR <- gamma * I
    dM <- I*mu

    return(list(c(dS, dI, dR, dM)))
  })
}
```

## Bulaşıcı hastalık dinamiklerinin R'de modellenmesi üzerine kısa kurs

```
# MODEL ÇIKTISI (diferansiyel denklemlerin çözülmesi):

# Ode entegrasyon algoritmasını kullanarak diferansiyel denklemleri çözmek
output <- as.data.frame(ode(y = initial_state_values,
                           times = times,
                           func = sir_model,
                           parms = parameters))

# çıktı verileri setini uzun formata dönüştürün
output_long <- melt(as.data.frame(output), id = "time")

# S, I ve R bölmelerindeki insan sayısının zamana bağlı grafiğini çizin
ggplot(data = output_long, # grafik çiz
        aes(x = time, y = value, colour = variable, group = variable)) + # eksenlere
        geom_line(size=2) + # veri
        xlab("Time (days)") + # x eksenini
        ylab("Number") + # y eksenini
        labs(colour = "Compartment", # açıklama b
             title = "SIR model")

# Kişilerin oranının grafiğini oluşturun

output2_long <- output_long
output2_long$value <- output_long$value/N

# S, I ve R bölmelerindeki insanların oranının zamana bağlı grafiğini oluşturun
ggplot(data = output2_long, # grafiği ç
        aes(x = time, y = value, colour = variable, group = variable)) + # eksenlere
        geom_line(size=2) + # veri
        xlab("Time (days)") + # x eksenini
        ylab("Number") + # y eksenini
        labs(colour = "Compartment", # açıklama b
             title = "SIR model")
```

## 2. SIR varsayımlarının analizi

Dersimizde ele aldığımız temel varsayımları ve kavramları düşünün ve şunu cevaplamaya çalışın:

- 1) Homojen enfeksiyon riski varsayımı neden bir basitleştirme değildir ve bunu etkileyen faktörler nelerdir? Potansiyel heterojenlik kaynakları nelerdir?
- 2) Popülasyon genelinde  $p$  homojenlik varsayımımızı etkileyebilecek faktörler nelerdir?