

# Teoria układów Liego w rozwiązaniach kompartmentowych modeli epidemiologicznych - opis popularnonaukowy

Celem modeli epidemiologicznych jest przewidzenie rozprzestrzeniania się epidemii występującej w danej społeczności. Modele te mają swoje korzenie jeszcze w pracach Bernoulliego z XVIII wieku, w których uzasadniał on potrzebę szczepień przeciwko ospie. Na początku XX wieku epidemiologia przeżyła gwałtowny rozwój związany z powstaniem i rozwojem modeli kompartmentowych. Modele kompartmentowe w epidemiologii są modelami deterministycznymi, w których populacja podzielona jest na grupy, z których każda znajduje się w określonym stanie względem choroby. Na przykład, w modelach typu SIR,  $S$  reprezentuje osoby podatne na zarażenie,  $I$  oznacza zakażonych, a  $R$  reprezentuje osoby, które po przejściu choroby uzyskały na nią odporność. Istnieje wiele typów modeli kompartmentowych m.in. modele typu SIS, w których po przejściu infekcji osoba nie uzyskuje odporności, modele typu SIRS, w których odporność trwa tylko określony czas, czy modele typu MSIR, w których wszystkie niemowlęta rodzą się z odpornością. W każdym przypadku, dynamika rozwoju epidemii opisana jest przez układ równań różniczkowych zwyczajnych względem czasu.

Układem Liego nazywamy układ równań różniczkowych zwyczajnych, dla których istnieje tzw. zasada superpozycji, tzn. odwzorowanie reprezentujące rozwiązanie ogólne układu równań różniczkowych zwyczajnych w zależności od rodziny rozwiązań szczególnych oraz warunków początkowych. Okazuje się, że z pewnymi układami Liego związane są algebry Vessiot-Guldberga hamiltonowskich pól wektorowych względem odpowiedniej struktury symplektycznej lub Poissona. Doprowadziło to do rozwoju ważnej klasy układów Liego nazywanej układami Liego-Hamiltona.

Celem naszego projektu jest sformułowanie kompartmentowych modeli epidemiologicznych w języku układów Liego i Liego-Hamiltona. Ważną zaletą takiego sformułowania jest możliwość uzależnienia parametrów epidemii (w szczególności współczynnika wyzdrowień i transmisji) od czasu. W następnym kroku zamierzamy wprowadzić do naszego modelu zmienne stochastyczne, które pozwolą nam przeanalizować problem fluktuacji. Poprzednie doświadczenia z pandemią pokazują, że fluktuacje są kluczowym elementem w zrozumieniu mechanizmu rozprzestrzeniania się chorób zakaźnych. Trzecim celem naszego projektu jest znalezienie zarówno ścisłych jak i przybliżonych rozwiązań stworzonego przez nas modelu a następnie, poprzez wybór odpowiednich warunków początkowych, porównanie go z dostępnymi danymi empirycznymi.