



Walcząc z rozprzestrzenianiem się chorób

Jednym z najbardziej przydatnych narzędzi analizy rozprzestrzeniania się chorób jest układ równań ewolucyjnych opisujących dynamikę rozwoju trzech odrębnych podpopulacji: osobników wrażliwych na choroby (S), zakażonych (I) i tych, którzy wyzdrowieli (R). Ten model SIR ma zastosowanie w szeregu chorób: od ospy po grypę. Dla przewidywania wpływu danej choroby na populację kluczowe znaczenie ma określenie pewnych parametrów z nią związanych, takich jak średnia liczba osób, które są zakażane przez osobę chorą. Badacze szacują te parametry, stosując do zebranych danych metody statystyczne. Dane te są jednak niekompletne gdyż, na przykład, niektóre przypadki nie są zgłaszane. Uzbrojeni w niezawodne modele matematyki pomagają służbie zdrowia toczyć walkę ze skomplikowanym, szybko zmieniającym się światem współczesnych chorób. Dzisiejsze modele są bardziej wyrafinowane niż nawet kilka lat temu. Włączane są do nich informacje takie, jak okresy kontaktu, które zmieniają się wraz z wiekiem (młodzież ma kontakt ze sobą przez dłuższy czas niż dorośli - z różnych gospodarstw domowych), zamiast zakładania równych okresów kontaktu dla wszystkich. Zdolność do uwzględniania zmienności umożliwia przewidywanie skuteczności docelowej strategii szczepień, na przykład w walce z grypą. Pewne

modele używają obecnie teorii grafów oraz macierzy do reprezentowania sieci interakcji społecznych istotnych dla zrozumienia, jak daleko i jak szybko dana choroba się rozprzestrzeni.

Więcej informacji: *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology*, Fred Brauer and Carlos Castillo-Chavez.

Translation by Mieczysław Cichoń, Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu oraz Kinga Cichoń, Politechnika Poznańska, courtesy of the Polskie Towarzystwo Matematyczne.



Zdjęcie: ©iStockphoto.com/Sebastian Kaulitzki.



Program **Mathematical Moments** promuje znaczenie i rozumienie roli, jaką matematyka odgrywa w nauce, przyrodzie, technice i kulturze.

www.ams.org/mathmoments