



전염병의 확산을 저지하기

질병의 확산을 분석하는 가장 유용한 도구 중에 세 범주로 구분한 인구들 사이의 역학을 다루는 진화적 연립방정식이 있습니다. 이 세 범주란 감염가능자들(S, susceptible), 감염자들(I, infected), 회복된 자들(R, recovered)입니다. 이 SIR 모형은 천연두에서 독감에 이르기까지 다양한 질병에 적용할 수 있습니다. 어떤 특정 질병의 영향력을 예측하려면, 전형적인 감염자는 평균 몇 명을 감염시키는가와 같은 몇가지 변수들을 아는 것이 중요합니다. 학자들은 이러한 변수들을 예측하기 위해 수집된 데이터(예를 들어 보고되지 않은 사례 등으로 이 데이터는 완벽하지 못합니다)에 통계적 방법을 적용합니다. 신뢰할 수 있는 모형으로 무장한 수학자들은 보건 당국이 복잡하고 빠르게 변하는 오늘날의 전염병들에 맞서 싸우는 데 힘이 되고 있습니다.

오늘날의 모형들은 불과 몇 년 전의 모형들보다 훨씬 정교합니다. 예를 들어 접촉 기간이 모든 사람에게 동일하다고 가정하는 대신 (서로 다른 가구의 성인들 사이보다 나이가 어린 사람들끼리의 접촉 시간이 더 깁니다) 연령에 따라 다르다는 등의 정보를 담습니다. 변이성을 다룰 수 있는 능력은, 예를 들어 독감에 대처하

는 예방 접종 전략의 효율성 예측을 가능케 합니다. 현재 어떤 모형들은 사회적 상호작용의 연결망을 나타내는 그래프이론과 행렬을 이용하는데, 이는 특정 질병이 얼마나 빠르고 멀리 퍼질지 이해하는 데에 중요합니다.



Image©iStockphoto.com/Sebastian Kaulitzki.

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

Translation courtesy of volunteer members of the Korean Mathematical Society.



Mathematical Moments 프로그램은 과학, 자연, 기술, 그리고 인간의 문화에서 수학이 하는 역할에 대한 올바른 평가와 이해를 촉진합니다.

www.ams.org/mathmoments