

Türkiye’de COVID-19, Normalleşme Süreci ve Dalgalanmalar

Model Detayları

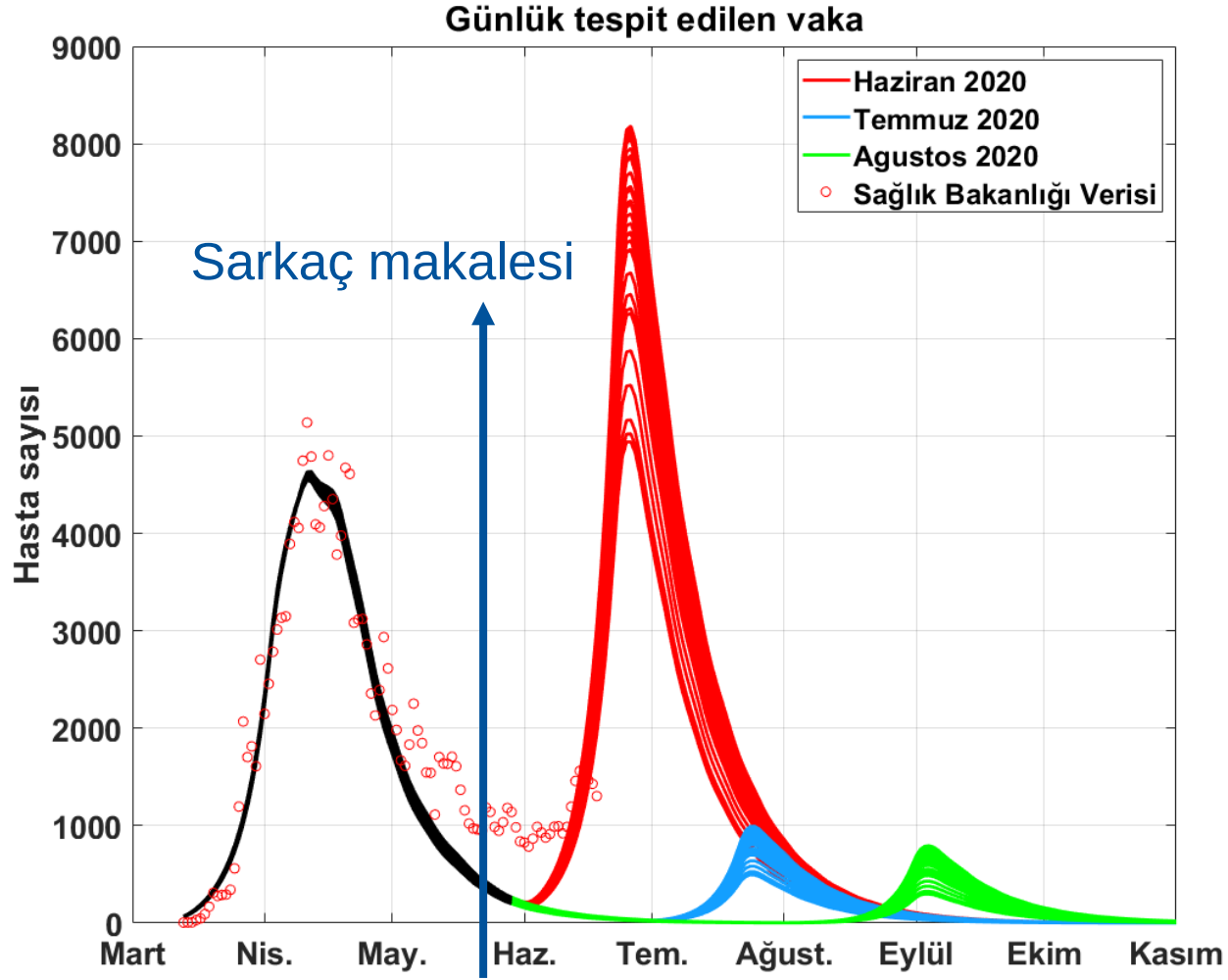
Dr.-Ing. Özgür Ertunç¹, Prof. Dr. M. Pınar Mengüç^{1,2},
Prof. Dr. Reyhan Diz Küçükkaya³

¹ Özyeğin Üniversitesi, Makina Mühendisliği Bölümü, İstanbul

² Özyeğin Üniversitesi, Enerji Çevre ve Ekonomi Merkezi, İstanbul

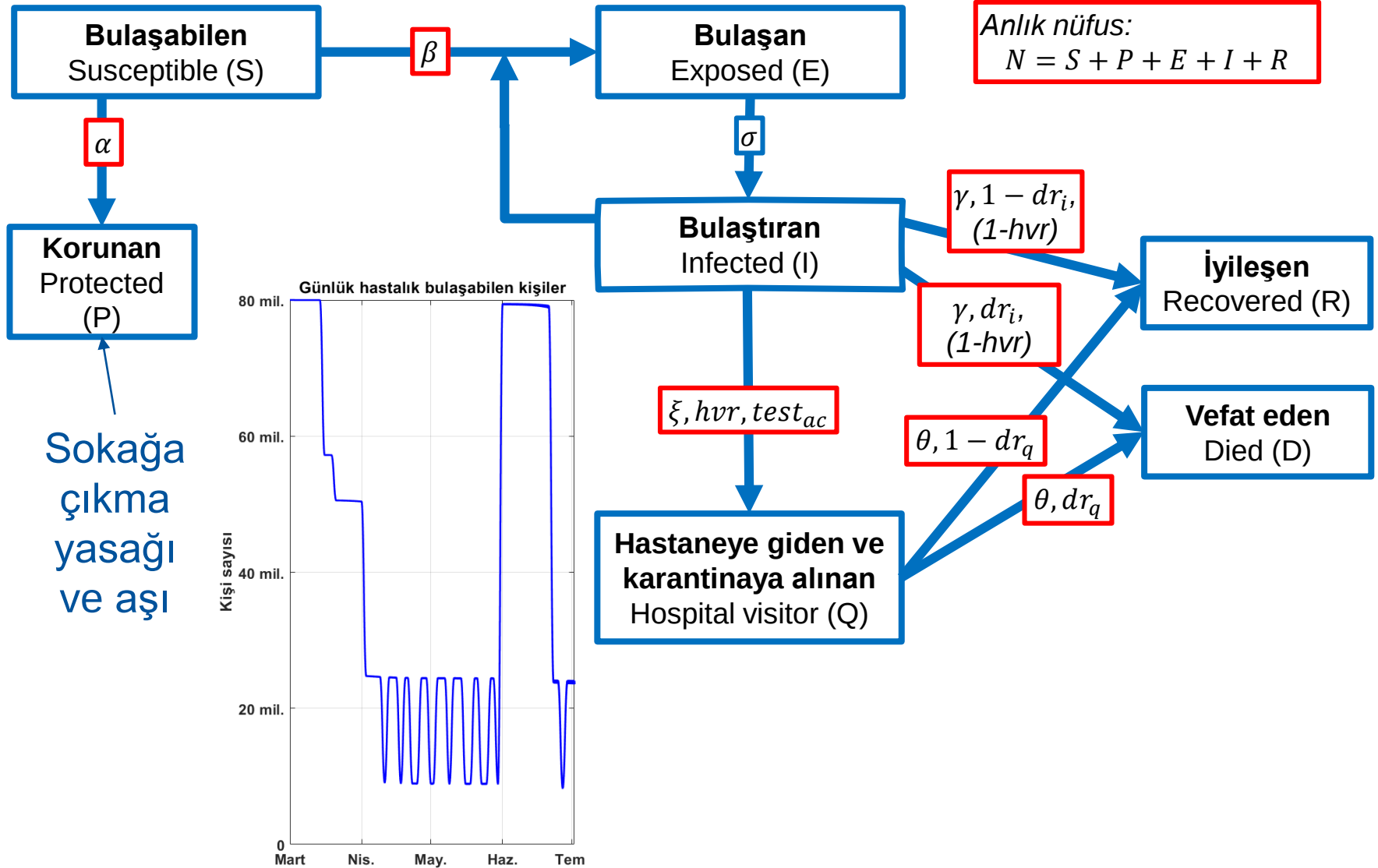
³ İstanbul Üniversitesi Fen Fakültesi,
Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü

Şimdiki durum



<https://sarkac.org/2020/05/turkiyede-covid-19-salgini-normallesme-sureci-ve-dalgalanmalar/>

Susceptible Exposed Infective Removed Modelinin Şeması



Susceptible Exposed Infective Removed Denklem Sistemi

$$\frac{dS}{dt} = -\bar{\beta}(t) \frac{SI}{N} + \alpha S + \mu(N - S)$$

$$\frac{dE}{dt} = \bar{\beta}(t) \frac{SI}{N} - \sigma E - \mu E$$

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - (1 - hvr \text{ test}_{ac}) \gamma I - hvr \text{ test}_{ac} \xi I - \mu I$$

$$\frac{dQ}{dt} = hvr \text{ test}_{ac} \xi I - \theta Q$$

$$\frac{dR}{dt} = (1 - dr_q) \theta Q + (1 - dr_i)(1 - hvr) \gamma I$$

$$\frac{dD}{dt} = dr_q \theta Q + dr_i(1 - hvr) \gamma I$$

$$\frac{dP}{dt} = -\alpha S$$

N: İlk pupulasyon

Katsayı	Anlamı
α	Birim zamanda korumaya alınma katsayısı
μ	Birim zamanda Covid dışı gerçekleşen ölüm katsayısı
$\sigma = 1/\tau_{\text{latent time}}$	Birim zamanda bulaşanların bulaştıracı fazına geçiş katsayısı.
$\gamma = 1/\tau_{\text{infective}}$	Birim zamanda, bulaştıracı fazından iyileşen ya da vefat eden fazına geçme katsayısı.
$\xi = 1/\tau_{\text{presymptom}}$	Birim zamanda, bulaştıracı fazındayken semptom gösterip hastaneye gidip izole edilen katsayısı
$\theta = 1/\tau_{\text{postsymptom}}$	Birim zamanda karantinadan iyileşip ve vefat edip çıkanların katsayısı
hvr	Semptom göstermeye başlayanların hastaneye gitme oranı.
test_{ac}	Yapılan testlerin doğruluk oranı.
dr_q	Karantinada bulaşıcılığı geçmiş hastaların ölüm oranı. Vaka ölüm oranından 0.025 olarak alınmıştır.
dr_i	Karantinaya girmeden bulaşıcılığı geçmiş hastaların ölüm oranı. 0.002 olarak alınmıştır.

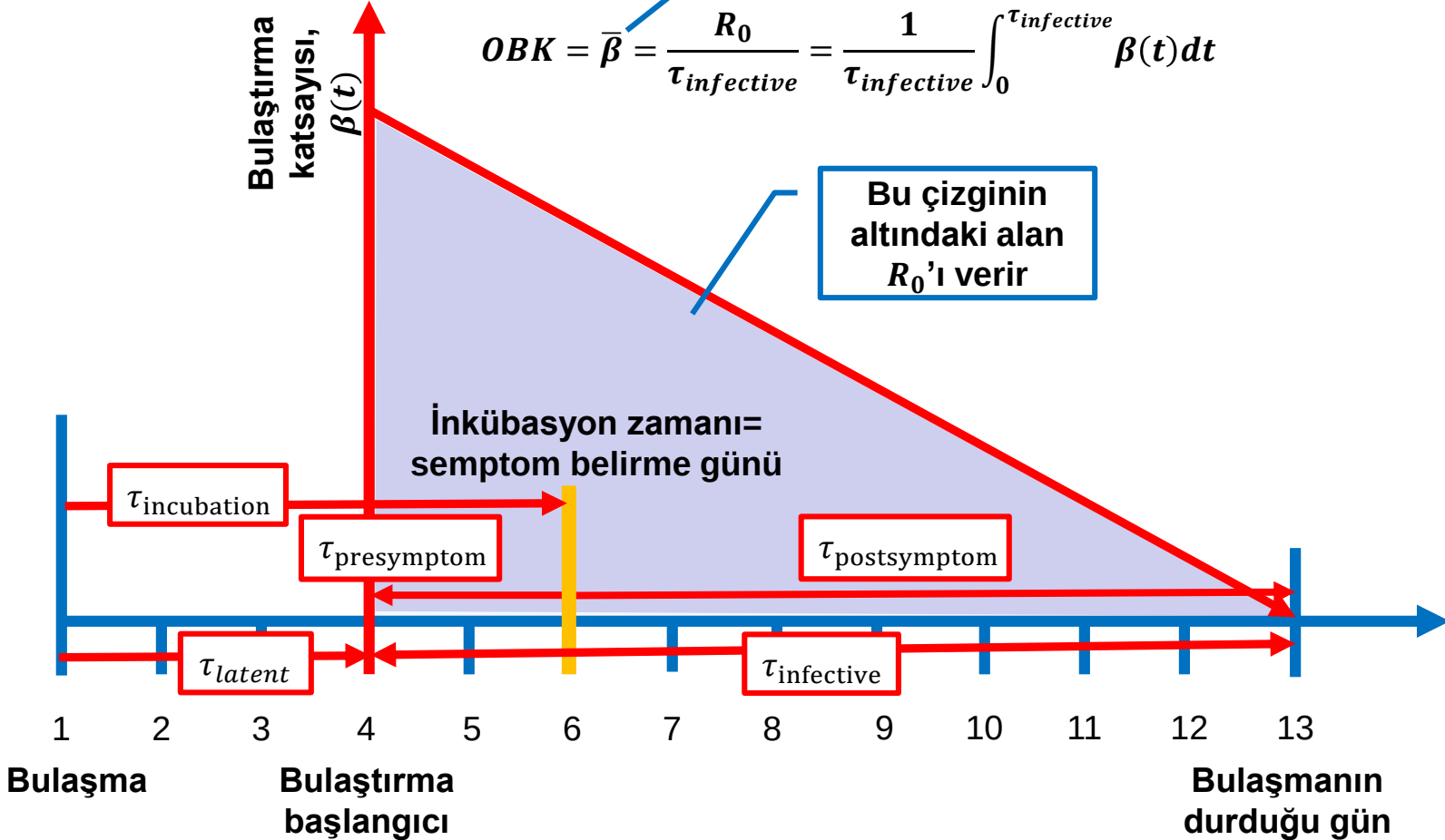
Hastalığın seyri ve zaman ölçüleri

Hastalığın tüm seyri boyunca,
birim zamanda ortalama bulaşan
insan

$$OBK = \bar{\beta} = \frac{R_0}{\tau_{infective}} = \frac{1}{\tau_{infective}} \int_0^{\tau_{infective}} \beta(t) dt$$

Bu çizginin
altındaki alan
 R_0 'ı verir

İnkübasyon zamanı=
semptom belirme günü



Teorik temel temel üreme sayısı (Basic Reproduction Number)

$$\frac{dE}{dt} = \bar{\beta}(t) \frac{SI}{N} - \sigma E - \mu E$$



$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - (1 - hvr \text{ test}_{ac})\gamma I - hvr \text{ test}_{ac}\xi I - \mu I$$



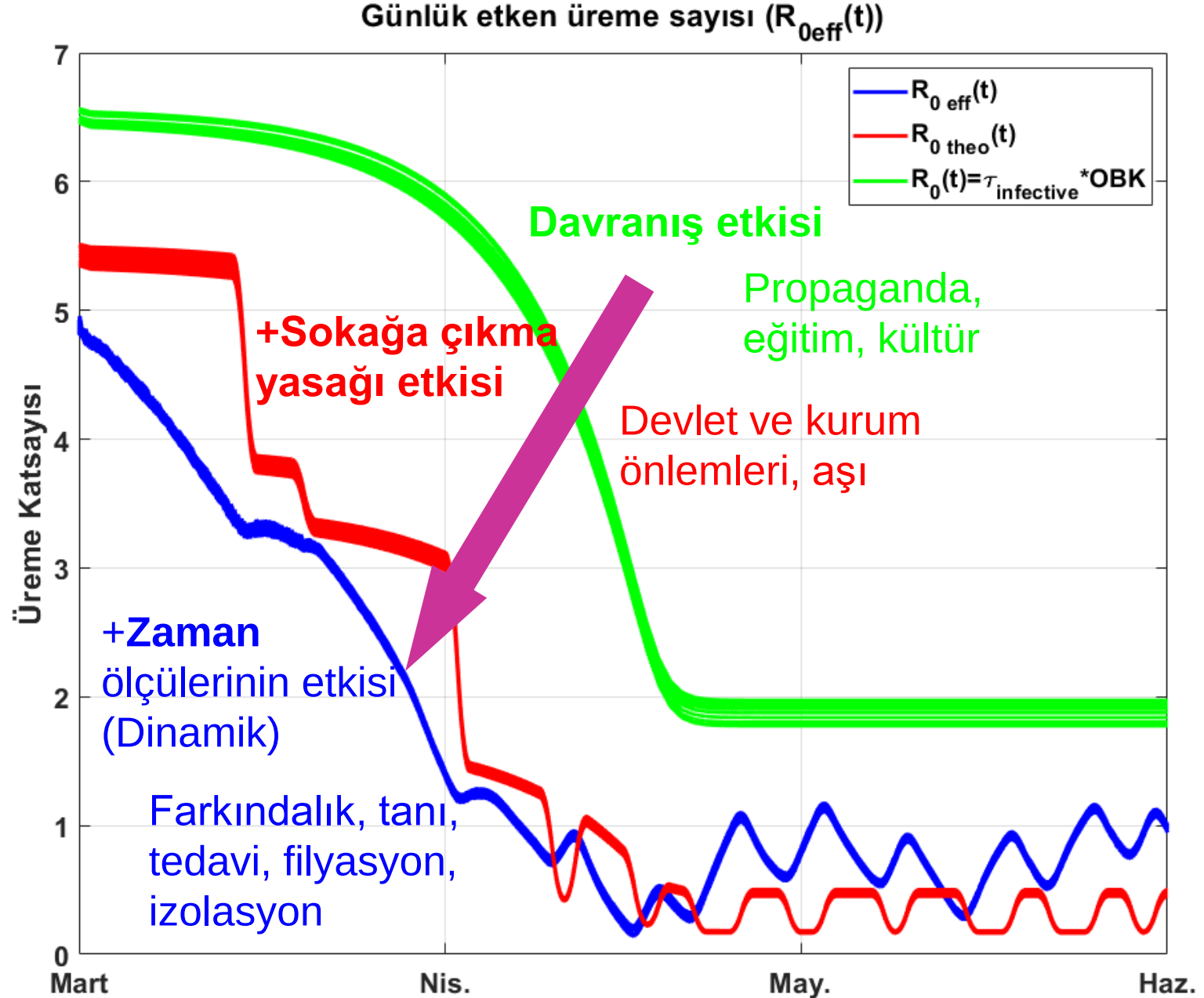
$$\begin{aligned} \frac{d(E + I)}{dt} &= \bar{\beta}(t) \frac{SI}{N} - (1 - hvr \text{ test}_{ac})\gamma I - hvr \text{ test}_{ac}\xi I \\ &= I \left[\bar{\beta}(t) \frac{S}{N} - \underbrace{(1 - hvr \text{ test}_{ac})\gamma - hvr \text{ test}_{ac}\xi}_{\delta} \right] \\ &= I\delta \left[\frac{\bar{\beta}(t) S}{\delta N} - 1 \right] \end{aligned}$$

R_{0theo} ya da BRN

BRN 1'den büyük olunca infected sayısı artar. Yani

- S düşürülür $\Rightarrow$ Sokağa çıkma yasağı ve aşı
- β düşürülür $\Rightarrow$ Kişisel hijyen ve kurumsal düzenleme
- δ artırılır $\Rightarrow$ Karantina, filyasyon

Üreme sayısı, bulaşma katsayısı



Bilinmeyenler

$$\frac{dS}{dt} = -\boxed{\bar{\beta}(t)} \frac{SI}{N} + \alpha S + \mu(N - S)$$

$$\frac{dE}{dt} = \bar{\beta}(t) \frac{SI}{N} - \sigma E - \mu E$$

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - (1 - \boxed{hvr} test_{ac}) \gamma I - hvr test_{ac} \xi I - \mu I$$

$$\frac{dQ}{dt} = hvr test_{ac} \xi I - \theta Q$$

$$\frac{dR}{dt} = (1 - dr_q) \theta Q + (1 - dr_i)(1 - hvr) \gamma I$$

$$\frac{dD}{dt} = dr_q \theta Q + dr_i(1 - hvr) \gamma I$$

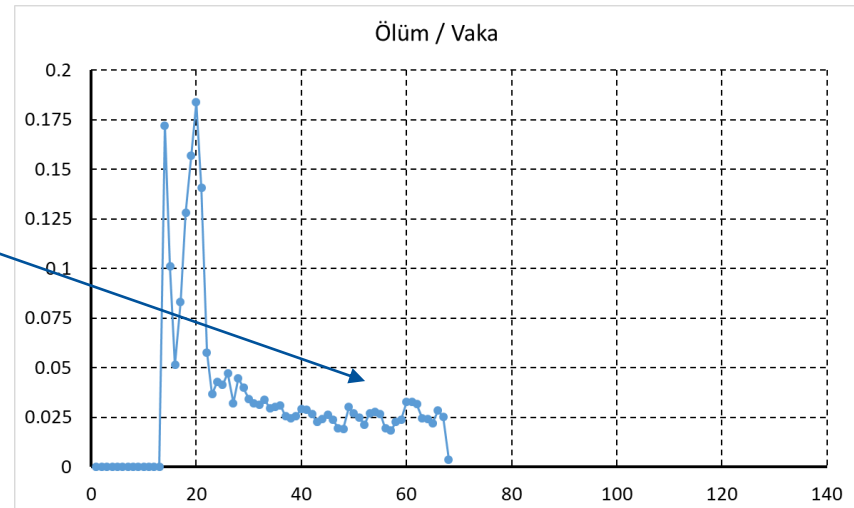
$$\frac{dP}{dt} = -\alpha S$$

$$\bar{\beta}(t) = \frac{\bar{\beta}_{end} - \bar{\beta}_{start}}{(1 + e^{t-initday})^{1/v}} + \bar{\beta}_{start}$$

$$E(0) = I(0) = \frac{Infected(0)}{2}$$

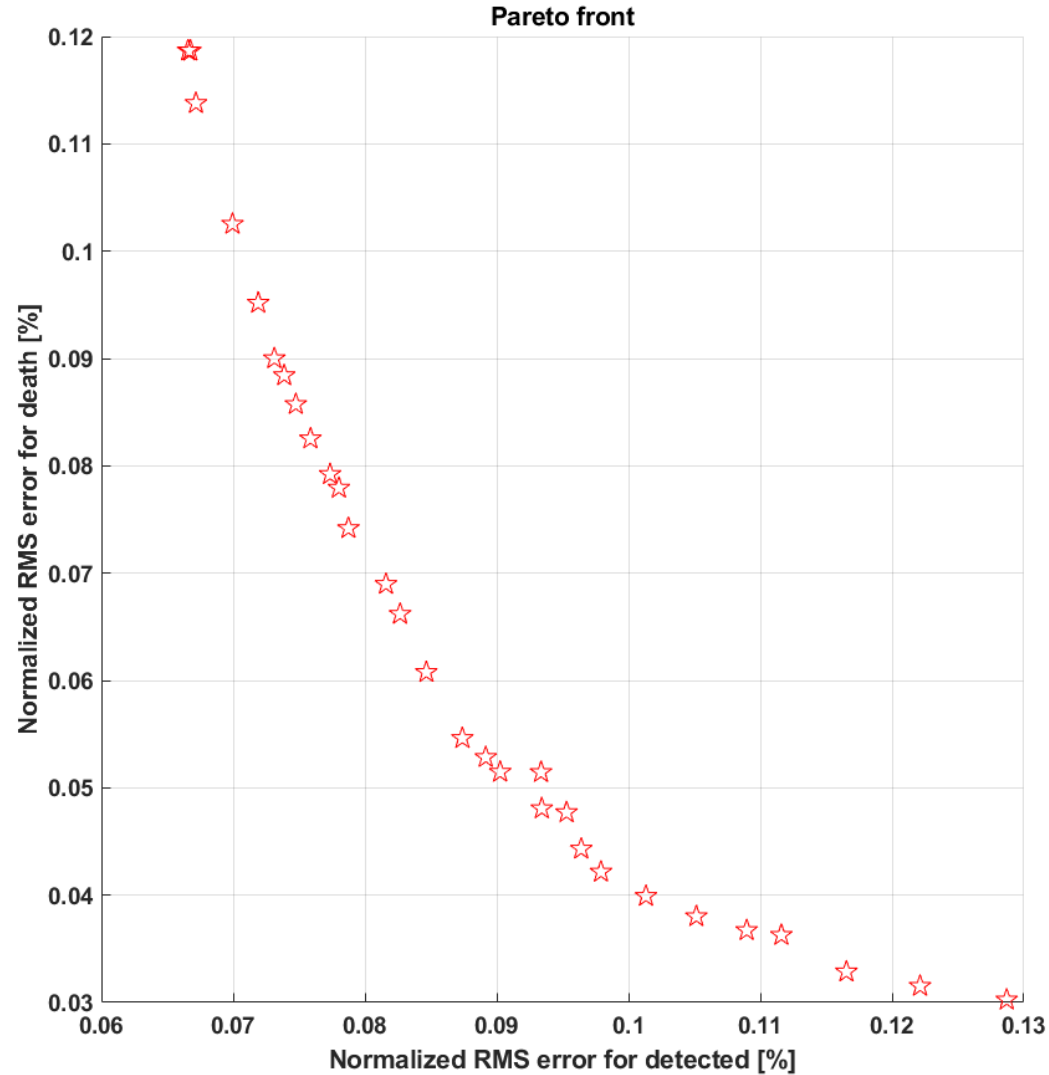
$$Bilinmeyenler = \begin{bmatrix} Infected(0) \\ hvr \\ \bar{\beta}_{start} \\ \bar{\beta}_{end} \\ v \end{bmatrix}$$

Bilinmeyenler genetik algoritmalar kullanılarak bulunuyor.

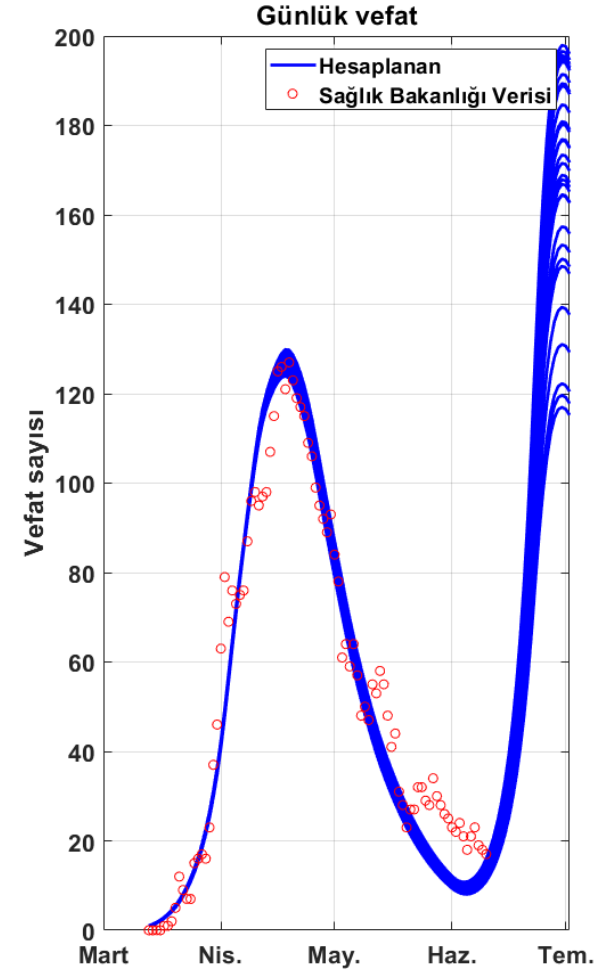
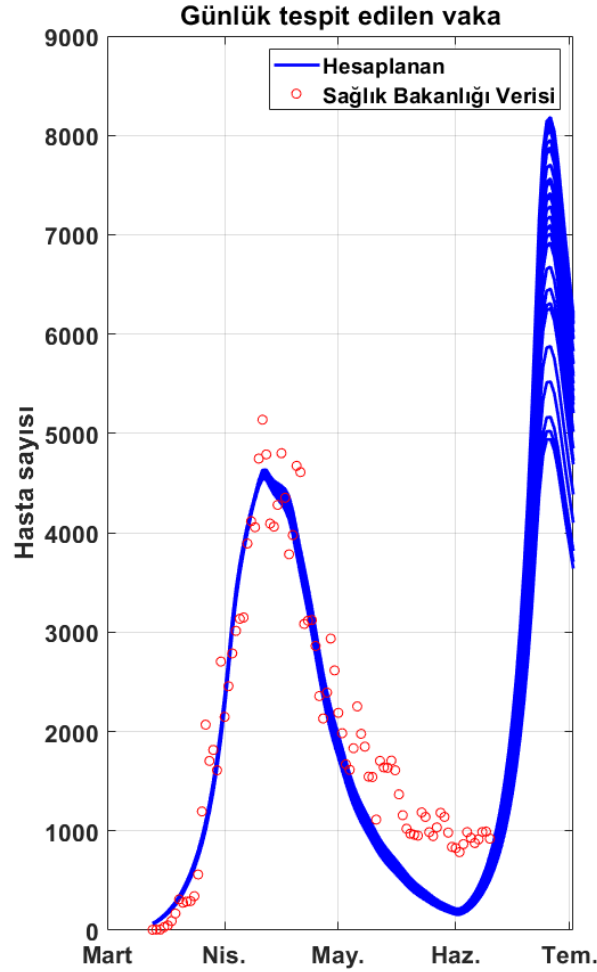
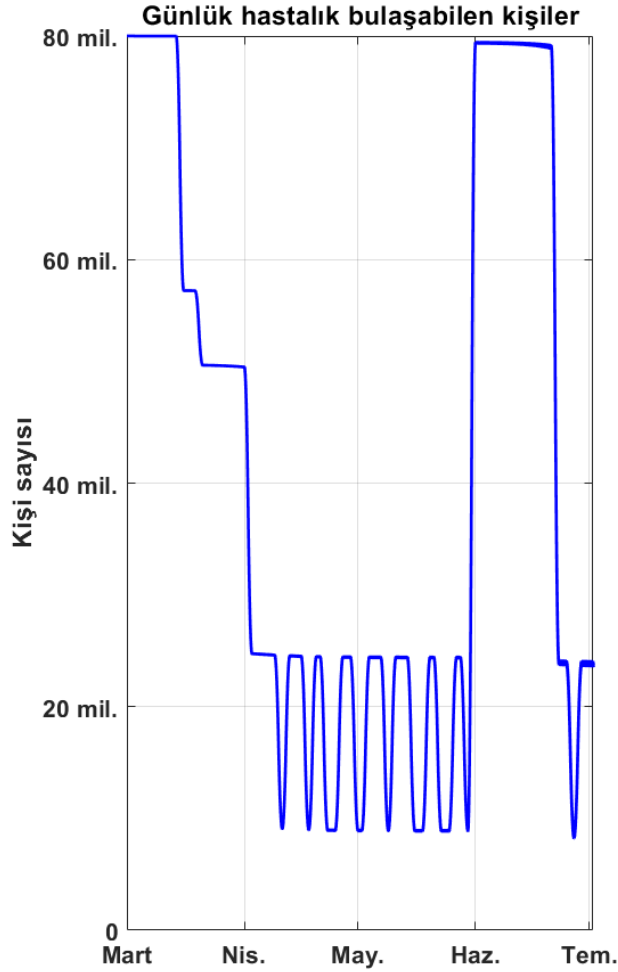


RMS error için Pareto front

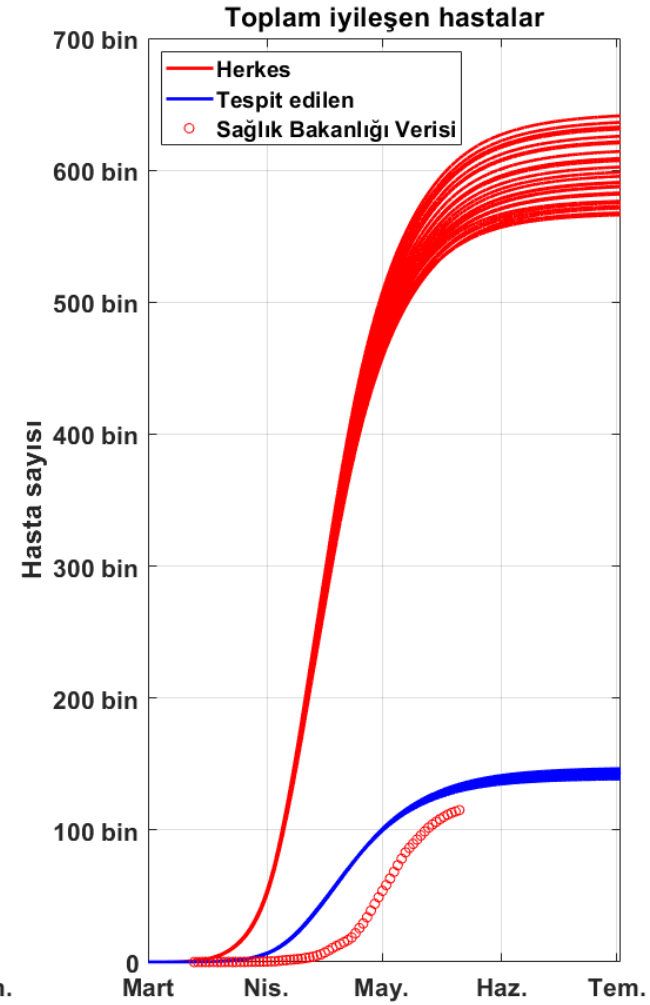
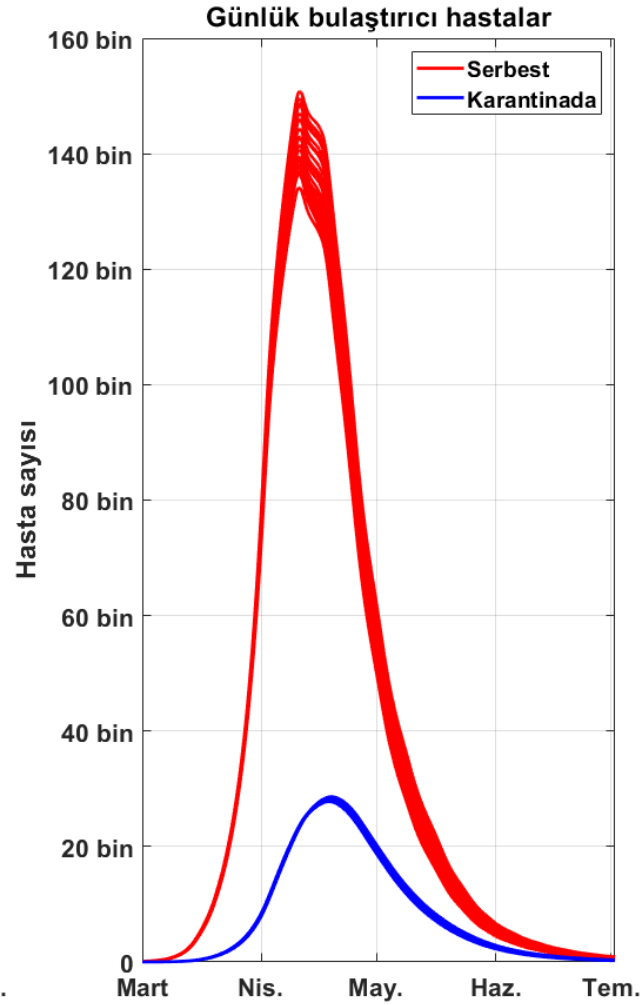
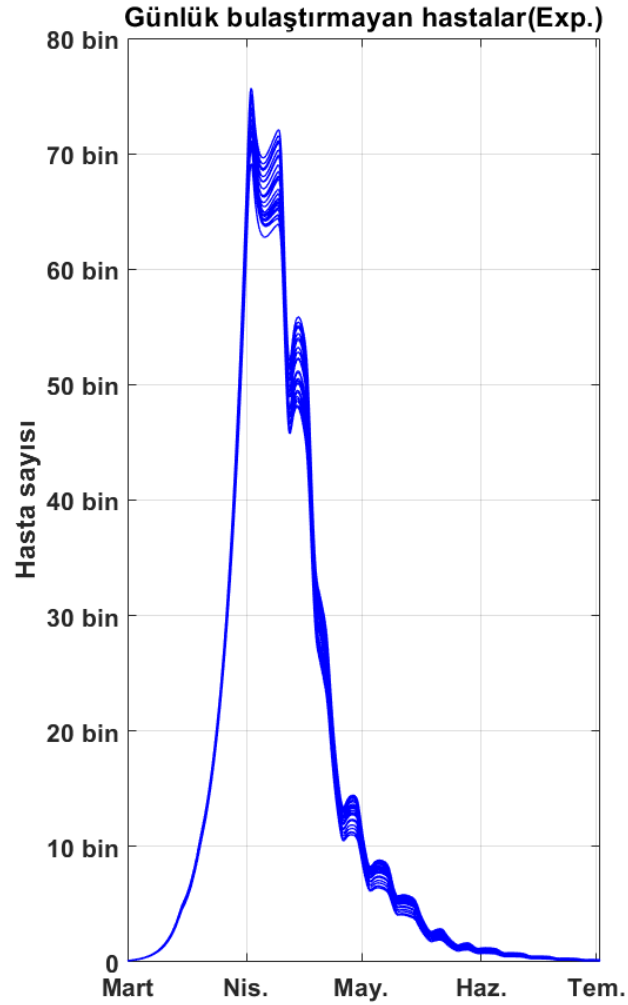
100 kişilik popülasyonu olan 100 generations, 30 bireyi pareto-front'da tutarak yapıldı



Şimdiğörü ve Normalleşme öngörüsü I

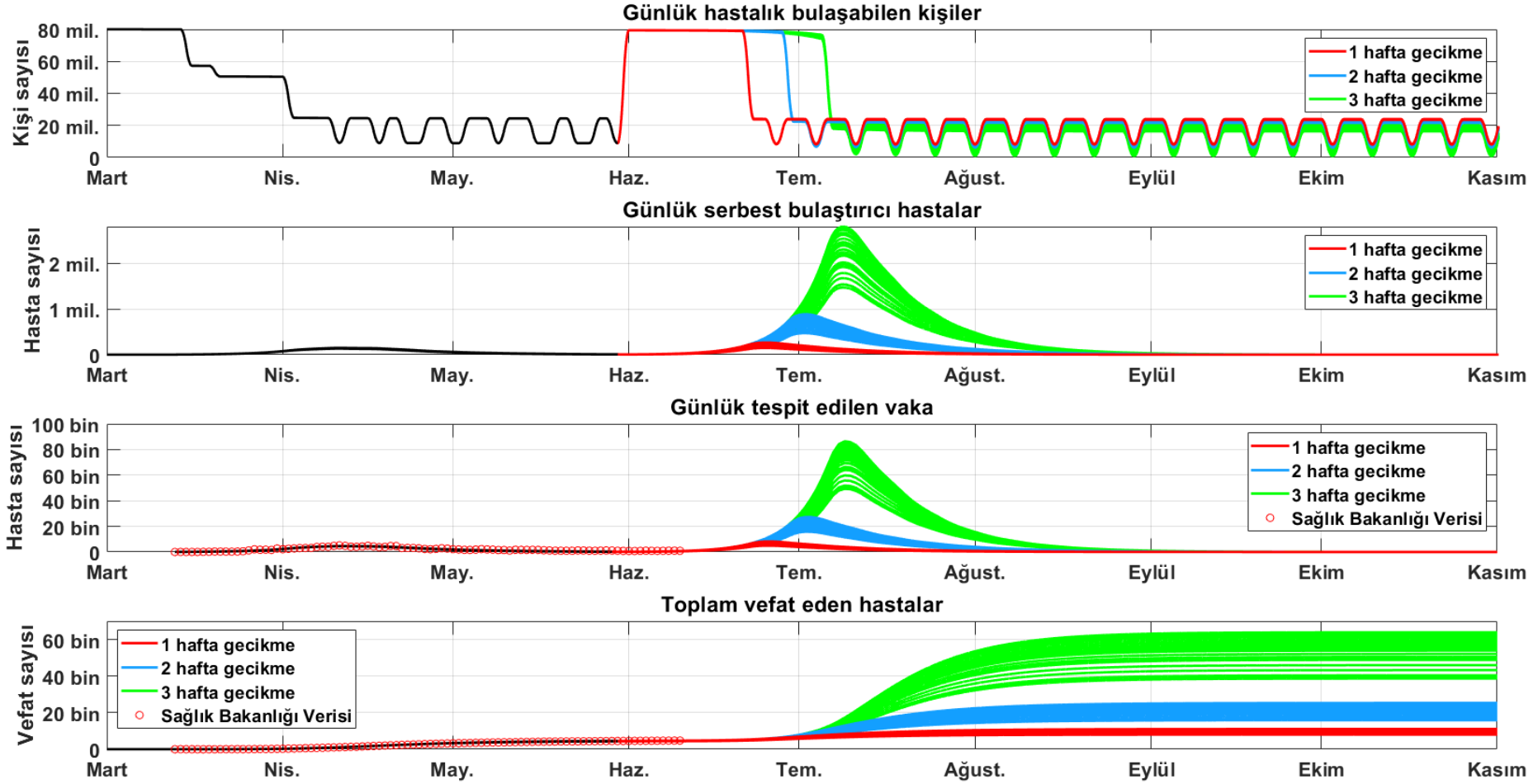


Şimdiğörü 2

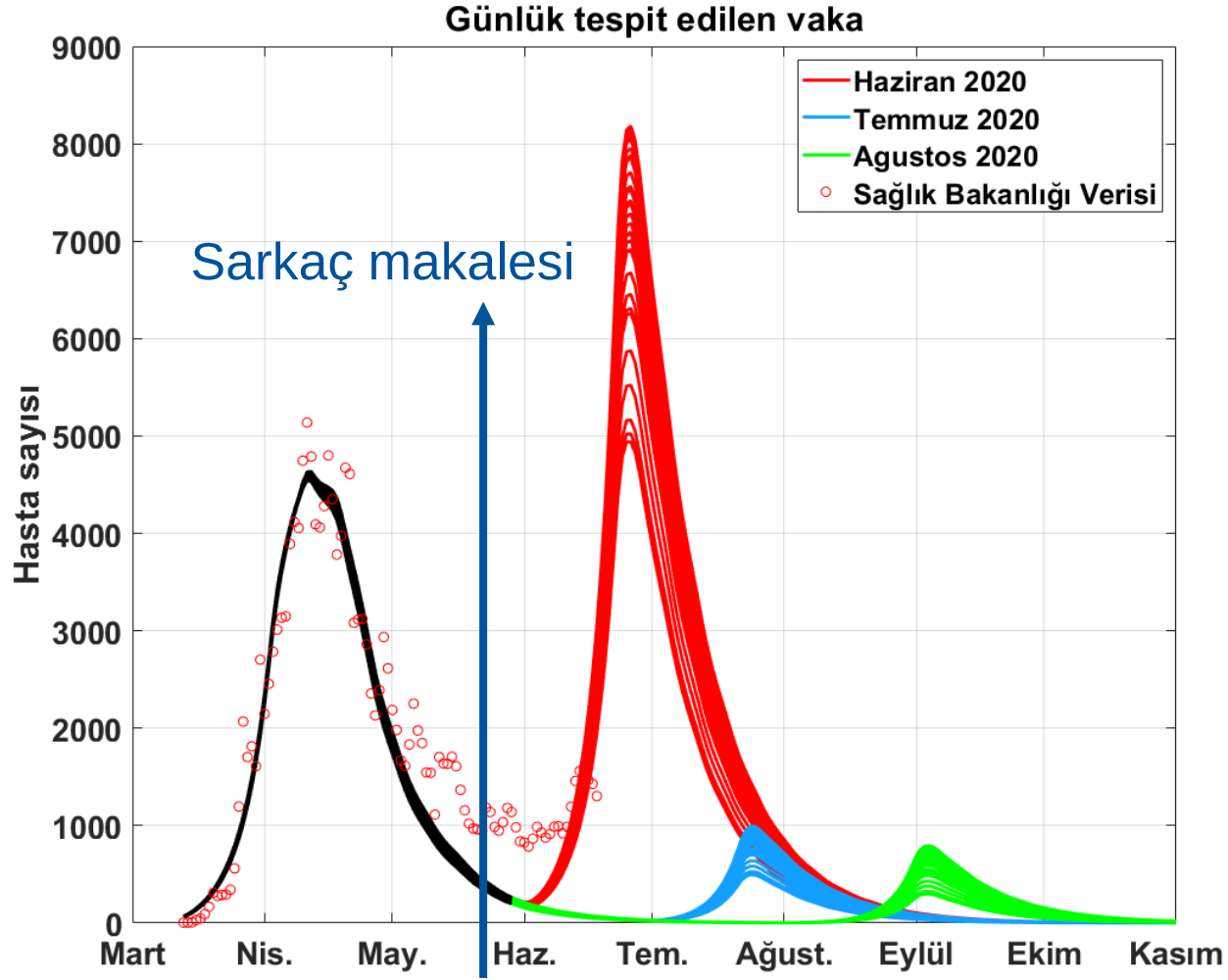


Her çizgi Pareto çözüm setindeki bir parametere setiyle elde edilen çözüme denk gelmekte.

Normalleşme öngörüsü II

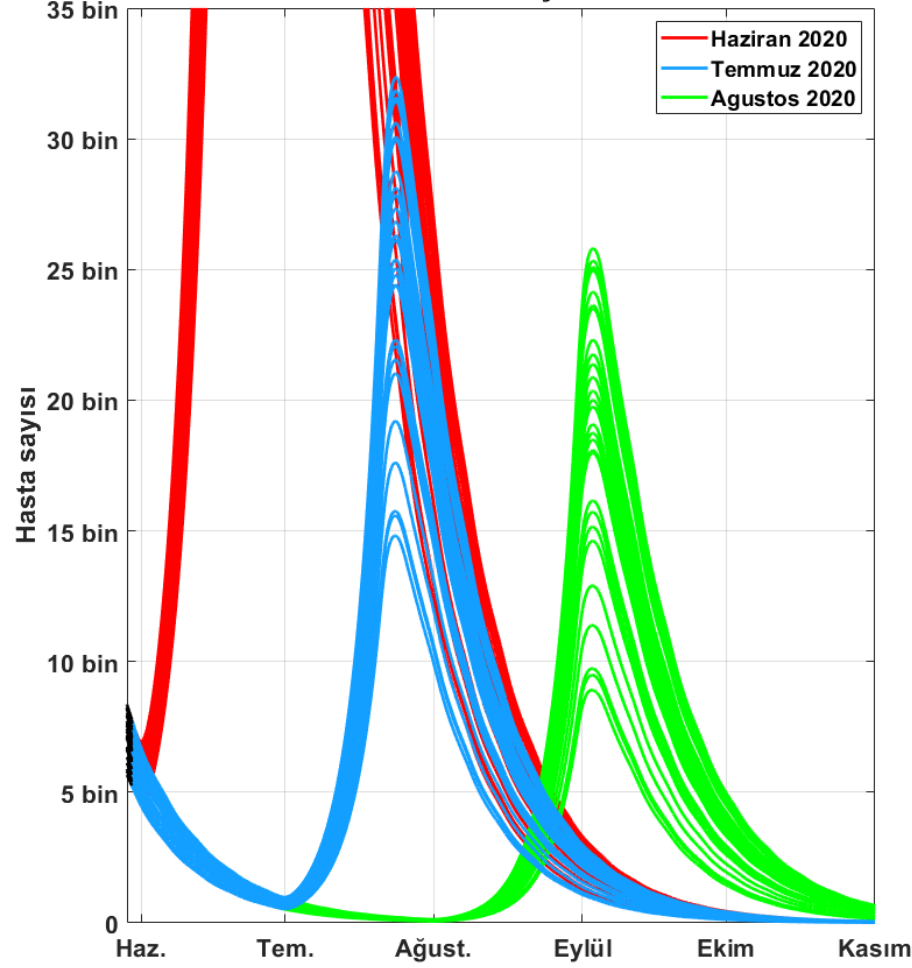


Daha ge normalleşseydik? I

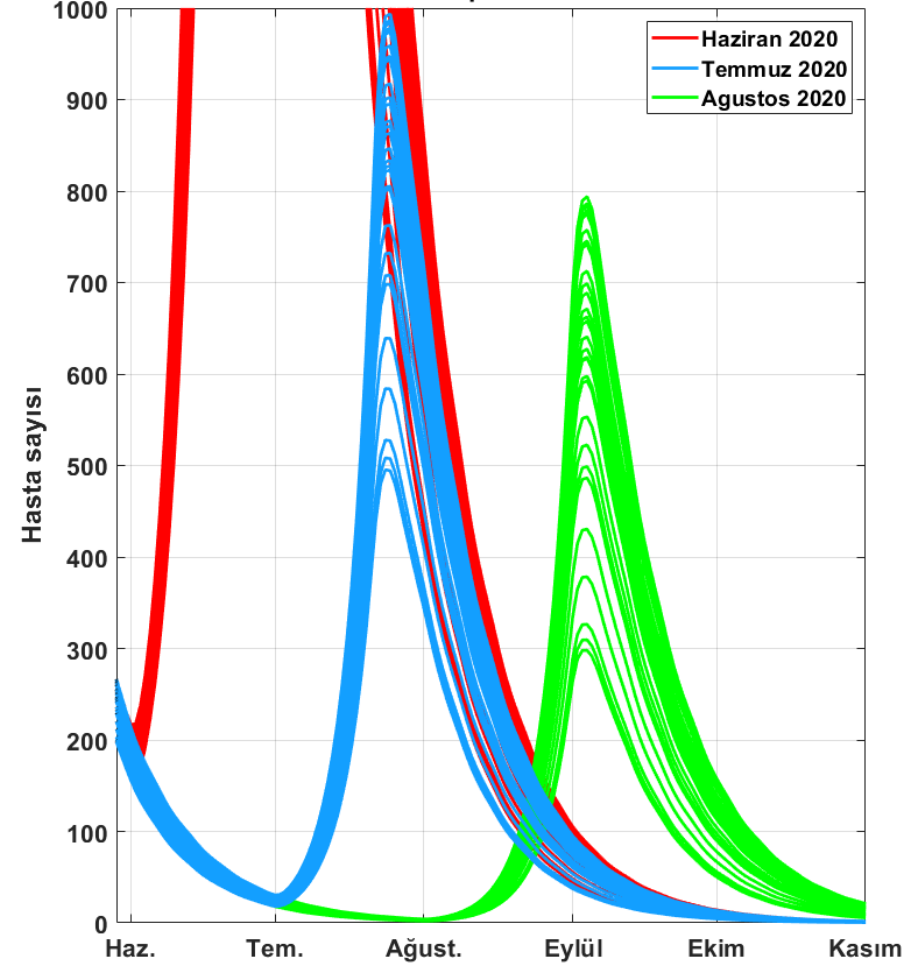


Daha geç normalleşseydik? III

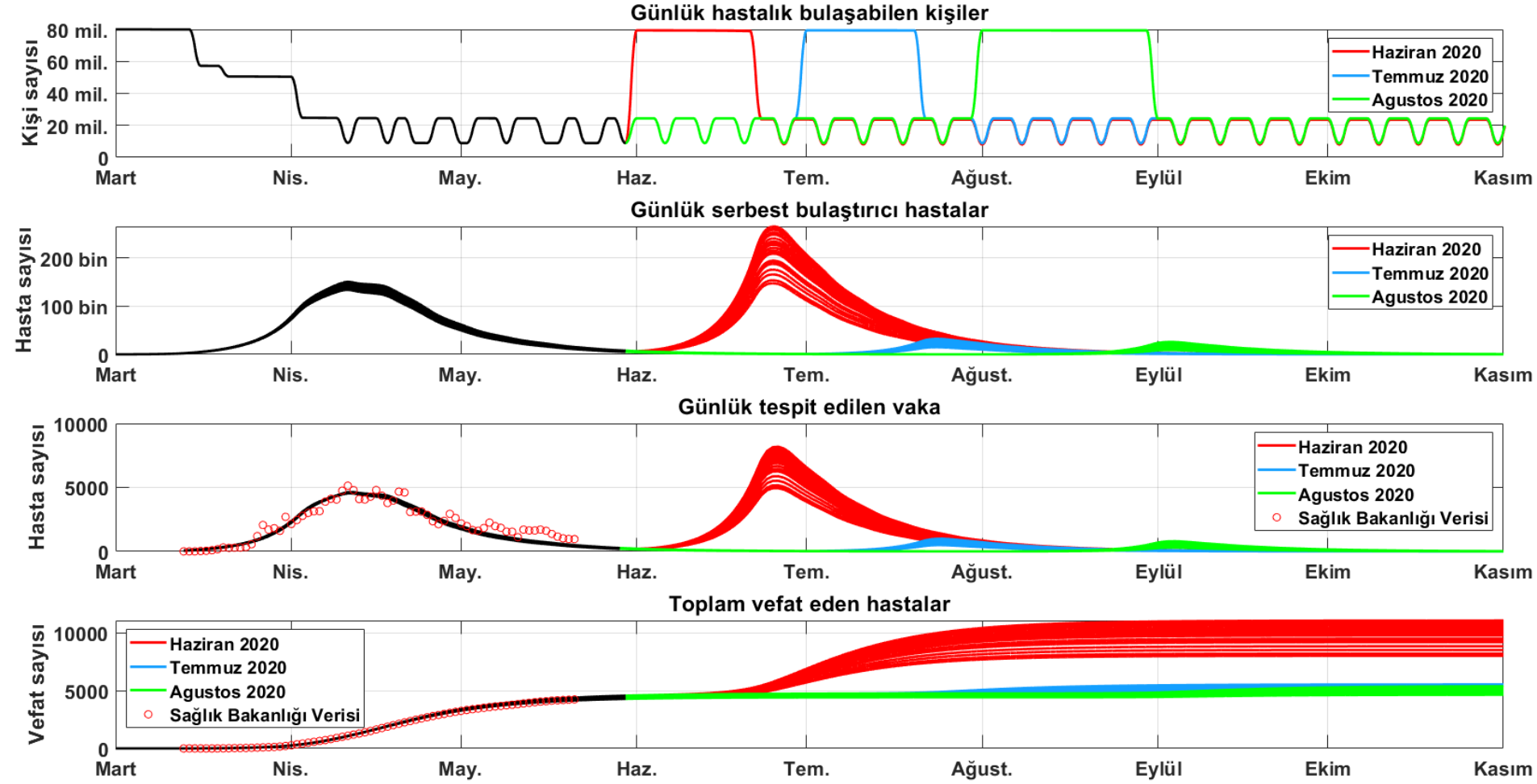
Günlük serbest bulaştırıcı hastalar



Günlük tespit edilen vaka



Daha geç normalleşseydik? II

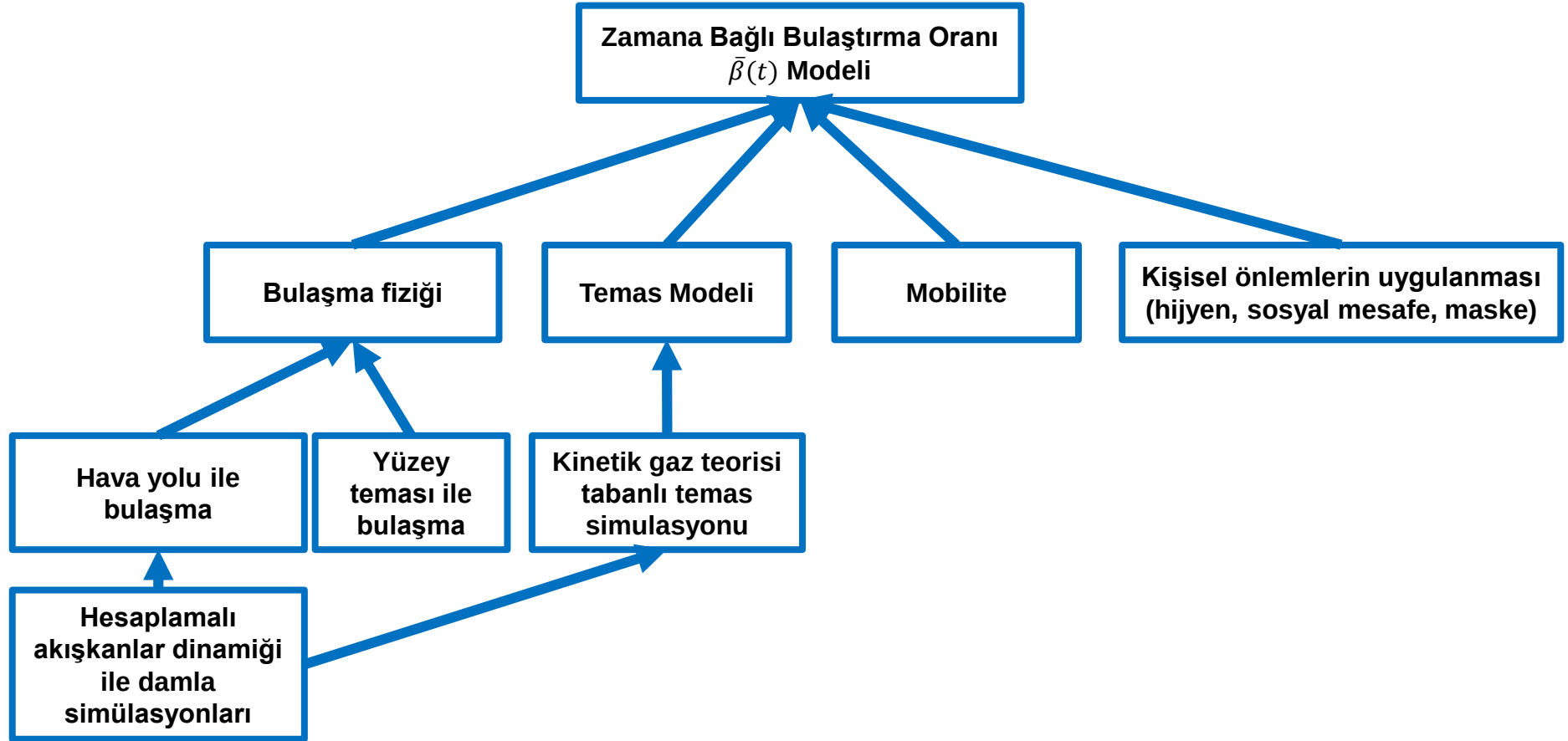


Eksiklikler ve Plan

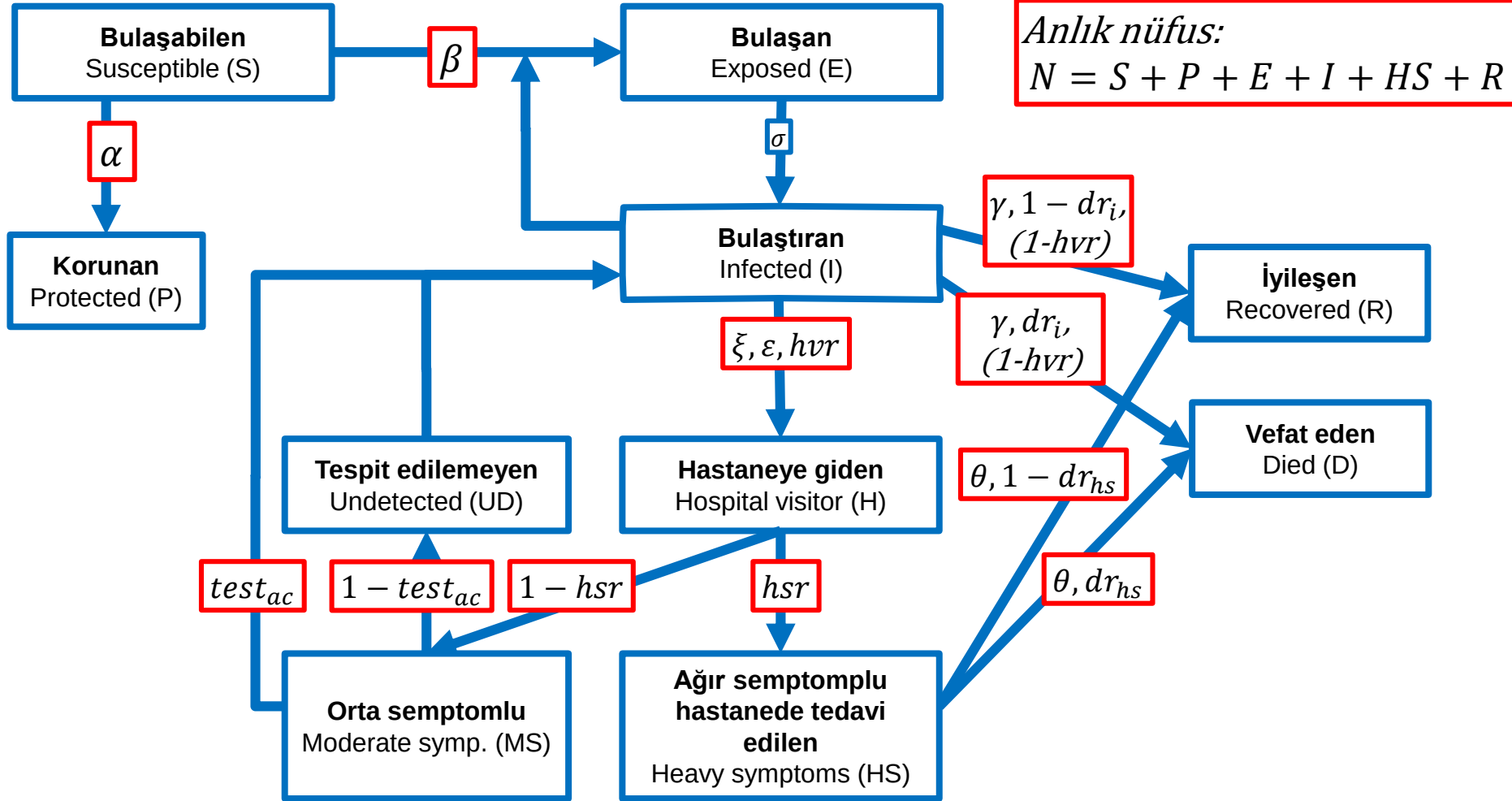
- @ Türkiye nüfusunun hastalığın yaşabağı nasıl geliştiğı bilgisi eksik
- @ Filyasyon çalışmalarının veri destekli modellenmesi
- @ Filyasyon çalışmalarından çıkan istatistiklerin kullanılması
- @ Kapalı ortamlarda kontaminasyon ve bulaşma fiziğı
- @ Kontakt modellemesi (örneğin agent based modeller)
- @ Veri destekli hijyen v.b. davranış modellemesinin yapılması

- @ Tübitak 1001 projesi kabulü sonrası Sağlık Bakanlığı'na very paylaşımı için başvuruda bulunduk. Öncelikli olarak Sağlık Bilgi Sistemleri Genel Müdürlüğü'nden izin almanız gerektiğı belirtildi. Başvurumuzu dilekçe ile elden vereceğiz.

Bulaşma fiziği



Bir Sonraki Model



Kaynaklar

- [1] World Health Organization. (2009). Pandemic influenza preparedness and response, https://www.who.int/influenza/resources/documents/pandemic_guidance_04_2009/en/
- [2] Dong, E., Du, H., & Gardner, L. (2020). An interactive web-based dashboard to track COVID-19 in real time. *The Lancet Infectious Diseases*, 20(5), 533–534. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(20\)30120-1](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30120-1)
- [3] Kissler, S. M., Tedijanto, C., Goldstein, E., Grad, Y. H., & Lipsitch, M. (2020). Projecting the transmission dynamics of SARS-CoV-2 through the postpandemic period. *Science*, 5793(February 2019), eabb5793. <https://doi.org/10.1126/science.abb5793>
- [4] Peng, L., Yang, W., Zhang, D., Changjing, Z., & Hong, L. (2020). Epidemic analysis of COVID-19 in China by dynamical modeling. *MedRxiv*, February. <https://doi.org/https://doi.org/10.1101/2020.02.16.20023465>
- [5] Prem, K., Liu, Y., Russell, T. W., Kucharski, A. J., Eggo, R. M., Davies, N., Flasche, S., Clifford, S., Pearson, C. A. B., Munday, J. D., Abbott, S., Gibbs, H., Rosello, A., Quilty, B. J., Jombart, T., Sun, F., Diamond, C., Gimma, A., van Zandvoort, K., ... Klepac, P. (2020). The effect of control strategies to reduce social mixing on outcomes of the COVID-19 epidemic in Wuhan, China: a modelling study. *The Lancet Public Health*, 2667(20), 1–10. [https://doi.org/10.1016/S2468-2667\(20\)30073-6](https://doi.org/10.1016/S2468-2667(20)30073-6)
- [6] Roda, W. C., Varughese, M. B., Han, D., & Li, M. Y. (2020). Why is it difficult to accurately predict the COVID-19 epidemic? *Infectious Disease Modelling*, 5(March), 271–281. <https://doi.org/10.1016/j.idm.2020.03.001>
- [7] European Center for Disease Prevention and Control. (2020). Coronavirus disease 2019 (COVID-19) in the EU / EEA and the UK: eighth update (Issue 8th April). <https://www.ecdc.europa.eu/En/Publications-Data/Rapid-Risk-Assessment-Coronavirus-Disease-2019-Covid-19-Pandemic-Eighth-Update>
- [8] He, X., Lau, E. H. Y., Wu, P., Deng, X., Wang, J., Hao, X., Lau, Y. C., Wong, J. Y., Guan, Y., Tan, X., Mo, X., Chen, Y., Liao, B., Chen, W., Hu, F., Zhang, Q., Zhong, M., Wu, Y., Zhao, L., ... Leung, G. M. (2020). Temporal dynamics in viral shedding and transmissibility of COVID-19. *Nature Medicine*. <https://doi.org/10.1038/s41591-020-0869-5>
- [9] Wölfel, R., Corman, V. M., Guggemos, W., Seilmaier, M., Zange, S., Müller, M. A., Niemeyer, D., Jones, T. C., Vollmar, P., Rothe, C., Hoelscher, M., Bleicker, T., Brünink, S., Schneider, J., Ehmann, R., Zwirgmaier, K., Drosten, C., & Wendtner, C. (2020). Virological assessment of hospitalized patients with COVID-2019. *Nature*. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2196-x>
- [10] Diekmann, O., Heesterbeek, J. A. P., & Metz, J. A. J. (1990). On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations. *Journal of Mathematical Biology*, 28, 365–382.
- [11] Haupt, R. L., & Haupt, S. E. (2004). *Practical genetic algorithms* (2nd Editio). John Wiley & Sons, Inc.
- [12] Holland, J. H. (1962). Outline for a logical theory of adaptive systems. *Journal of the ACM*, 9(3), 297–314.
- [13] Holland, J. H. (1973). Genetic algorithms and the optimal allocation of trials. *SIAM Journal on Computing*, 2(2), 88–105.
- [14] Holland, J. H. (1975). *Adaptation in Natural and Artificial Systems: An Introductory Analysis with Applications to Biology, Control, and Artificial Intelligence*. University of Michigan Press, Ann Arbor, MI.