

Univerzita Hradec Králové
Fakulta informatiky a managementu
Katedra informačních technologií

**Analýza epidemiologických situací pomocí nástrojů
systémové dynamiky**
Bakalářská práce

Autor: Martin Donát

Studijní obor: Informační management

Vedoucí práce: prof. Ing. Vladimír Bureš, Ph.D., MBA

Hradec Králové

2024

Prohlášení:

Prohlašuji, že jsem tuto bakalářskou práci vypracoval samostatně s použitím uvedené literatury, která je citována v seznamu citací této práce.

V Hradci Králové dne

Martin Donát

Poděkování:

Tímto bych rád poděkoval panu profesoru Ing. Vladimíru Burešovi, Ph.D., MBA, za vřelý přístup a dobré rady při vytváření této práce. Dále bych rád poděkoval svým blízkým za velkou podporu po celou dobu mého studia.

Anotace

Tato bakalářská práce je zaměřena na kompartmentové modely pro modelování epidemiologických situací. V práci je popsána teorie systémové dynamiky, nástroje pro systémové modelování a jsou vysvětleny jednotlivé typy modelů s praktickými příklady. V praktické části této práce je vytvořeno několik vlastních modelů, do kterých jsou implementována data z reálných epidemiologických situací. Práce obsahuje validaci modelu a what-if analýzu. Problematika modelování epidemiologických situací je diskutována a zhodnocena s ohledem na nedostatky i přínosy pro praktické využití.

Klíčová slova:

Systémová dynamika, SIR model, kompartmentové modely, matematické modely, epidemiologie

Annotation

Analysis of epidemiological situations using system dynamics

This bachelor thesis focuses on compartmental models for modelling epidemiological situations. The thesis describes the theory of system dynamics, tools for system modelling and explains the different types of models with practical examples. In the practical part of this thesis, several custom models are developed and data from real epidemiological situations are implemented. The thesis includes model validation and what-if analysis. The issues of modelling epidemiological situations is discussed and evaluated with respect to the shortcomings and benefits for practical use.

Key words:

System dynamics, SIR model, compartmental models, mathematical models, epidemiology

Obsah

Úvod.....	1
1 Cíle práce	3
2 Metodika	4
3 Teoretická část	6
3.1 Systémové myšlení	6
3.1.1 Teorie systémů	6
3.1.2 Systém.....	7
3.2 Modelování a simulace systémů	7
3.2.1 Kompartmentové modely	8
3.2.2 Modelování chování systému.....	8
3.3 Modelování epidemiologických situací	9
3.3.1 Charakteristika epidemií	9
3.3.2 Modelování epidemií	10
3.3.3 Nástroje pro epidemiologické modelování	11
3.3.4 Kermack-McKendrick teorie	14
3.3.5 SIR model	15
3.3.6 Jiné kompartmentové modely	18
3.3.7 Diagram kauzálních smyček a Diagram stavů a toků	19
4 Praktická část	21
4.1 Modelování epidemie SARS-CoV-2.....	21
4.1.1 SIR model pro SARS-CoV-2 v České republice	21
4.1.2 SIRD model pro SARS-CoV-2 v České republice.....	24
4.1.3 SIRD s kompartmentem hospitalizovaných pro SARS-CoV-2 v České republice	27
4.2 Validace modelu pro SARS-CoV-2	30
4.2.1 Základní validita.....	30
4.2.2 Retrodikce	32
4.2.3 Analýza citlivosti	34
4.3 What-if analýza	36
4.3.1 Scénář 1 - Ovlivnění parametru β ochrannými opatřeními	36
4.3.2 Scénář 2 - Ovlivnění pravděpodobnosti hospitalizace prevencí a léčbou	38
4.3.3 Scénář 3 - Kombinace Scénářů 1 a 2.....	40
4.3.4 Scénář 4 – Vliv kapacity zdravotní péče na dodržování ochranných opatření ..	42
5 Závěr a doporučení.....	47
Zdroje	50

Seznam obrázků

Obrázek 1 - Zpětnovazební smyčky (Understanding Feedback Loops, www.goldsim.com)	6
Obrázek 2 - Schéma systému, převzato a upraveno (Klement, 2022)	7
Obrázek 3 - Endemický, epidemický, pandemický výskyt onemocnění (Steward, 2019)	10
Obrázek 4 - CLD diagram SIR modelu (vlastní zpracování)	21
Obrázek 5 – SFD diagram pro model SIR pro SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)	22
Obrázek 6 - Simulace – Model SIR pro SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)	23
Obrázek 7 - SFD diagram pro model SIRD pro SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)	25
Obrázek 8 - Simulace - Model SIRD pro SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)	26
Obrázek 9 - SFD diagram pro model SIRD s hospitalizací (vlastní zpracování)	28
Obrázek 10 - Simulace – Model SIRD s hospitalizací (vlastní zpracování)	29
Obrázek 11 - Simulace - Základní validita modelu SIR pro změnu reprodukčního čísla (vlastní zpracování)	31
Obrázek 12 - Retrodikce - Porovnání reálných dat se simulovanými daty (vlastní zpracování)	33
Obrázek 13 - Analýza citlivosti - vliv proměnných parametrů Beta a Pravděpodobnosti hospitalizace (vlastní zpracování)	35
Obrázek 14 - Scénář 1: Ovlivnění parametru Beta pomocí ochranných opatření (vlastní zpracování)	36
Obrázek 15 - Scénář 1: Simulace – Počet nakažených za čas (vlastní zpracování)	37
Obrázek 16 - Scénář 1: Simulace – Počet hospitalizovaných za čas (vlastní zpracování)	37
Obrázek 17 - Scénář 1: Simulace – Počet zemřelých za čas (vlastní zpracování)	38
Obrázek 18 - Scénář 2: Ovlivnění Pravděpodobnosti hospitalizace prevencí a léčbou (vlastní zpracování)	39
Obrázek 19 - Scénář 2: Simulace – Počet hospitalizovaných za čas (vlastní zpracování)	39
Obrázek 20 - Scénář 2: Simulace – Počet zemřelých za čas (vlastní zpracování)	40
Obrázek 21 - Scénář 3: Simulace – Počet nakažených za čas (vlastní zpracování)	41
Obrázek 22 - Scénář 3: Simulace – Počet hospitalizovaných za čas (vlastní zpracování)	41
Obrázek 23 - Scénář 3: Simulace – Počet nakažených za čas (vlastní zpracování)	41
Obrázek 24 - CLD pro Scénář 4 – Vliv kapacity zdravotní péče na dodržování ochranných opatření (vlastní zpracování)	42
Obrázek 25 - - Scénář 4: Vyjádření parametrů Míra osobní ochrany a Míra omezení kontaktů logistickou funkcí (vlastní zpracování)	43
Obrázek 26 - Scénář 4: Simulace – Počet nakažených za čas (vlastní zpracování)	44
Obrázek 27 - Scénář 4: Simulace – Počet hospitalizovaných za čas (vlastní zpracování)	44
Obrázek 28 - Scénář 4: Simulace – Počet zemřelých za čas (vlastní zpracování)	45

Seznam tabulek

Tabulka 1 - Parametry a výchozích hodnot pro SIR model	23
Tabulka 2 - Parametry a výchozích hodnot pro SIRD model	26
Tabulka 3 - Parametry a výchozích hodnot pro SIRD model s hospitalizací.....	29

Seznam zkratek

- **ABM** – agentové modelování (z aj. „Agent-based modelling“)
- **CDC** – středisko pro kontrolu a prevenci nemocí (z aj. „Centers for Disease Control and Prevention“)
- **CLD** – diagram kauzálních smyček (z aj. „Causal Loop Diagram“)
- **R₀** – reprodukční číslo
- **R_t** – efektivní reprodukční číslo
- **SEIR** – S - potenciálně nemocní (z aj. „Susceptibles“), E – exponování (z aj. „Exposed“), I – infikování (z aj. „Infectious“), R – uzdravení (z aj. „Recovered“)
- **SFD** – diagram stavů a toků (z aj. „Stock and Flow Diagram“)
- **SI** – S - potenciálně nemocní (z aj. „Susceptibles“), I – infekční (z aj. „Infectious“)
- **SIR** – S - potenciálně nemocní (z aj. „Susceptibles“), I – infikování (z aj. „Infectious“, R – imunní), již vyléčení nebo zemřelí (z aj. „Removed class“)
- **SIRD** – S - potenciálně nemocní (z aj. „Susceptibles“), I – infikování (z aj. „Infectious“, R – uzdravení (z aj. „Recovered“), D – zesnulí (z aj. „Deceased“ nebo „Death“)
- **SIRV** – S - potenciálně nemocní (z aj. „Susceptibles“), I – infikování (z aj. „Infectious“, R – odstranění (z aj. „Removed“, V – očkování (z aj. „Vaccinated“)

Úvod

Systémová dynamika je vědní obor umožňující pochopit a řešit různorodé situace a problémy na základě systémového myšlení. Systémové myšlení vychází z představy, že celek má větší hodnotu než jeho jednotlivé části. Jinak řečeno suma vlastností jednotlivých částí je menší než suma vlastností celku. Systémové myšlení je v opozici s analytickým myšlením, jež vychází z mechanistického přístupu. V mechanistickém přístupu se uplatňují principy redukcionismu a mechanismu. Dle redukcionismu lze jakkoliv složitý objekt rozložit na základní nedělitelné prvky (Bureš, 2011). Principy mechanismu staví především na kauzalitě, jakékoli chování tedy lze vysvětlit pomocí příčiny a následku.

Původně byla systémová dynamika založena pro průmyslové systémy, dnes představuje spíše metodologický přístup a je hojně využívána na akademické půdě, v managementu nebo v politice (Bureš, 2018). Dalšími příklady využití systémové dynamiky v praxi je např. využití v sociální ekonomice, makroekonomických systémech, technologických systémech, přírodních systémech (biologie), pro obchodní operace, strategie a politiku aj. Konkrétními příklady, kdy je v praxi systémová dynamika využívána, jsou např.: životní prostředí, lidské chování, veřejná politika, bezpečnostní strategie apod.

Pomocí nástrojů systémové dynamiky je možné popisovat, navrhovat nebo simulovat chování reálných systémů, které ve světě kolem nás nacházíme. Systém je nástroj pro uspořádání prvků, jež spolu souvisejí, tzn. mají mezi sebou vazby. Na konkrétní systémy lze nahlížet z pohledu času a prostoru a charakterizovat je na základě vědeckého oboru, kterému budou sloužit, např. biologické systémy, mechanické systémy, společenské nebo fyzikální, či jejich kombinace aj. Jednotlivé prvky nacházející se v systému mají charakteristické vlastnosti (Klement, 2022). Při aplikaci teorie systémů na danou sestavu prvků dochází k selekci dle oblastí zájmu a účelu.

L. von Bertalanffy (1969) definoval systém jako komplex vzájemně na sebe působících elementů. R.L. Ackoff (1981) dále definuje systém jako nejméně dva elementy, mezi kterými musí existovat vazby. Podle G.J. Klir (1991) je systém uspořádání určitých komponent, vzájemně propojených v celek (Backlund, 2000), jinak řečeno v systému nemohou existovat nezávislé podsystémy. Pomocí těchto definic lze na různých objektech reálného světa identifikovat systém.

Modelováním systémů lze představit a pochopit vztahy v jednotlivých částech složitých (komplexních) systémů. Model je však vždy jen zjednodušením reality, což

poskytuje jiný, užitečný pohled na danou problematiku, což může vést ke snazšímu rozhodnutí o řešení, ale zároveň to pozorovatele vzdaluje od reality.

Nejčastěji jsou modely sestavovány pomocí matematického popisu, který zahrnuje soustavu diferenciálních rovnic, které vyjadřují podmínky určující chování daného systému. Existují různé postupy, nejvíce je využíváno kompartmentové analýzy. Kompartmentové modely jsou založeny na předpokladu, že se v popisovaném komplexním systému nacházejí různé oblasti nazývané kompartmenty (jednotlivé oblasti).

Díky softwarovým nástrojům lze snadno generovat diferenciální rovnice, na základě kterých jsou modely graficky vyjadřovány. Samotná simulace modelů je umožněna pomocí numerického řešení těchto diferenciálních rovnic. Pro modelování komplexních systémů lze využít velké množství softwarových nástrojů.

Modelování situací pomocí kompartmentové analýzy lze využívat např. pro studium šíření infekčních onemocnění, např. epidemiologické studie. Modely a simulace chování epidemiologických situací slouží k pochopení šíření epidemií, informování, určení preventivních opatření, monitorování onemocnění apod.

Nejčastěji se využívá epidemiologický model zvaný SIR (S - potenciálně nemocní, z aj. „Susceptibles“, I – infikovaní, z aj. „Infectious“, R – imunní, již vyléčení nebo zemřelí, z aj. „Removed class“). Modely SIR lze aplikovat na celé populace. Jedinci jsou rozděleni do tří skupin (jak napovídá název modelu). Pro lepší přiblížení reálnému chování epidemie je třeba zahrnout mnoho parametrů, např. vakcinaci, léčbu, dynamické chování jedinců v populaci jako např. náhodné setkávání nebo výjimky jako např. asymptomatické jedince apod.

1 Cíle práce

Předmětem této práce je především hloubkové porozumění principům systémové dynamiky, se specifickým důrazem na její uplatnění v epidemiologii. Hlavním cílem je představit a podrobně popsat základní kameny teorie systémů, jakož i způsoby, jakými je možné modelovat a simulovat různé systémy, a to zejména v kontextu epidemiologických situací. Pro dosažení hlavního cíle byly stanoveny dílčí cíle.

Jedním z dílčích cílů práce je charakterizace kompartmentových modelů, které se v epidemiologii hojně využívají. V práci je vysvětlena Kermack-McKendrickova teorie a její význam pro modelování epidemií, s hlavním zaměřením na SIR model a další související kompartmentové modely.

Dalším dílčím cílem je praktické zkoumání nástrojů systémové dynamiky určených pro modelování epidemií. V praktické části jsou modelovány základní epidemiologické modely jako jsou: SIR a SIRD. Praktická užitečnost těchto teoretických konceptů je demonstrována pomocí simulací vytvořených modelů v programu Stella Professional. Následně jsou výsledky simulací analyzovány.

Dalším ze stanovených dílčích cílů je rozšířit a zdokonalit stávající modely SIR tak, aby lépe zohledňovaly různé aspekty epidemiologických situací, např. pravděpodobnost hospitalizace a úmrtí. Vytvořené modely jsou následně podrobeny validaci a what-if analýze.

Jako poslední dílčí cíl bylo stanoveno identifikovat omezení použitých modelů v závěru práce a popsat potenciální směry pro budoucí výzkum v oblasti modelování epidemií pomocí nástrojů systémové dynamiky.

2 Metodika

Základy této práce jsou vystavěny na vyhledaných literárních zdrojích pro epidemiologické modelování se zaměřením na pandemii SARS-Cov2. Pro vyhledávání relevantních zdrojů byly využity databáze jako např. Science Direct, Springer, PubMed, Nature aj. Pro teoretický základ byla využita řada vědeckých zdrojů, které poskytnou hlubší porozumění zkoumaného problému. Vědecká práce Bassingthwaighte a spol. (2012) a kniha „Modelování biologických systémů“ od J. Holčíka a spol (2001), poskytuje cenný vhled do matematiky šíření infekčních nemocí i informace o kompartmentovém modelování v analýze biologických systémů. Další pohled na modelování infekčních epidemií nabízí Greenhalgh a spol. (2021). Podrobný přehled o základech, vývoji a aplikacích teorie systémů poskytují literární zdroje: Bertalanffy (1969), Backlund (2000) a mimo jiné i kniha „Teorie systémů“ od M. Klementa (2022). Pro pochopení systémového myšlení bylo čerpáno z knihy „Modelování a simulace komplexních systémů“ od R. Pelánka (2011). Dalším podpůrným zdrojem je i kniha "Systémové myšlení pro manažery" (Bureš, 2011).

Některé metastudie (Billah a spol.,2020) nebo (Rakshit a spol.,2022) nabízí přehled o hodnotách pro onemocnění SARS-CoV-2. Nesteruk (2021) ve své knize „COVID-19 Pandemic Dynamics: Mathematical Simulations“ nabízí přehled a definice základních parametrů využívaných pro epidemiologické modelování. V průběhu výzkumu bylo čerpáno i z aktuálních dat a zpráv, např. z Národního zdravotnického informačního systému, kde jsou aktuální informace o vývoji pandemie SARS-CoV-2 v České republice. Všechny tyto zdroje jsou nezbytné pro pochopení komplexnosti zkoumaného problému a poskytnutí metodologického a teoretického rámce této práce.

V práci je představeno několik vybraných základních epidemiologických modelů a jsou popsány nástroje pro modelování. Hlavním nástrojem pro tuto práci je program Stella Professional. Stella Professional je softwarový nástroj pro modelování systémů, které reprezentují a definují vztahy mezi částmi systému. Pomocí softwaru Stella Professional lze také vytvářet simulace. Tento softwarový nástroj zároveň využívá stejnojmenný programovací jazyk (*Stella*). Programovací jazyk *Stella* v softwaru Stella zajišťuje modelování systémů pomocí grafického uživatelského rozhraní.

V práci byly pro tvorbu kompartmentových modelů využity znalosti systémové dynamiky, v nichž jsou uplatňovány dva typy diagramů, a to diagram kauzálních smyček (z aj. „Causal Loop Diagram, ve zkr. CLD), který pomáhá identifikovat

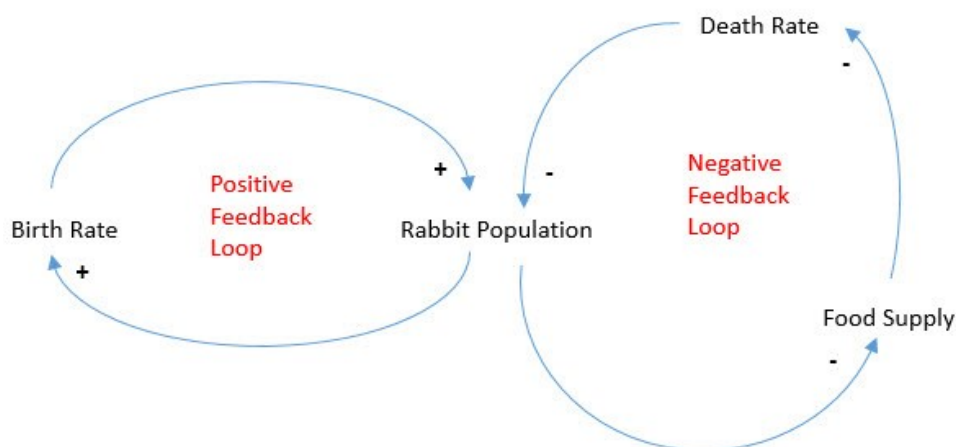
a vizualizovat kauzální vztahy mezi různými prvky systému. Ukazuje, jak se tyto prvky vzájemně ovlivňují prostřednictvím pozitivních a negativních zpětných vazeb. Druhým diagramem, který byl v této práci uplatněn, je diagram stavů a toků (z aj. „Stock and Flow Diagram“, ve zkr. SFD), jež slouží pro modelování systémů, které mají kvantitativní prvky, které se mění v čase. Tyto diagramy jsou pro účely této práce tvořeny právě v programu Stella.

V praktické části jsou teoretické poznatky uplatněny při tvorbě vlastních modelů. Základním modelem je model SIR, z nějž budou další modely vycházet. Do modelů jsou vložena empirická data získaná z výzkumů epidemie SARS-CoV-2 od období vzniku epidemie po rok 2023. Parametry jako např. velikost populace, úmrtnost apod. byly převzaty ze statistik pro Českou republiku, na kterou jsou modely orientovány. Po implementaci dat do modelů byla spuštěna jejich simulace. Poslední, nejvíce rozšířený, model je zvalidován a je na něm provedena tzv. what-if analýza. Pro vyhodnocování některých analýz byl také použit analytický nástroj Power BI (tzv. Business Intelligence, ve zkr. BI). Power BI umožňuje provádět komplexní srovnávací analýzy mezi různými typy datových sad, a to s využitím jak kvantitativních, tak vizuálních metod.

3 Teoretická část

3.1 Systémové myšlení

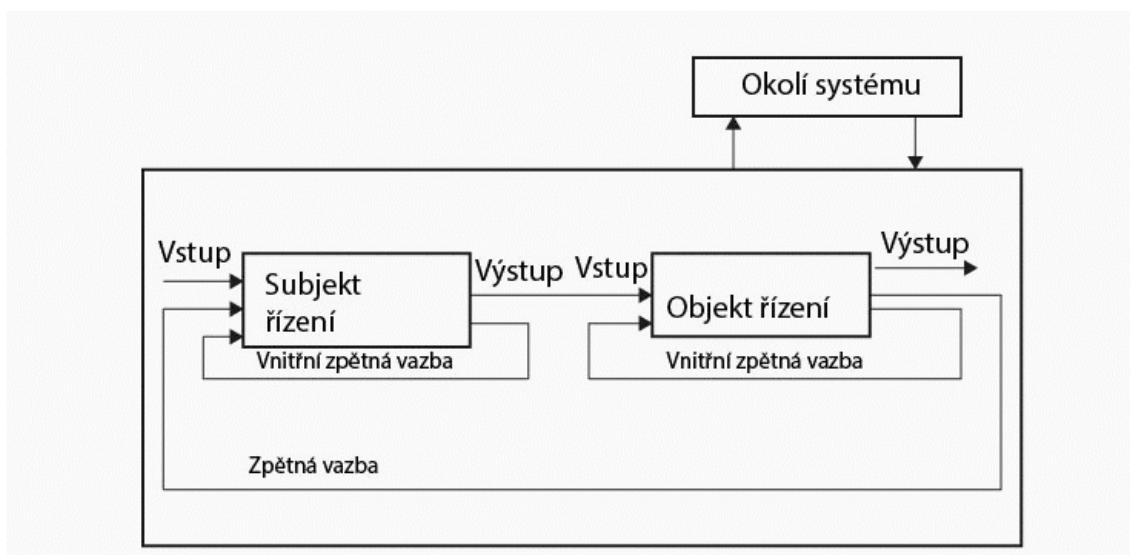
Systémové myšlení a systémový přístup se na objekty zkoumání dívá komplexně. Je kladen velký důraz na vazby mezi jednotlivými prvky, konkrétně na působení okolí a chování řízené zpětnovazebními smyčkami. Tyto zpětnovazební smyčky mají v systémovém myšlení velkou roli. Zpětnovazební smyčky jsou děleny na pozitivní a negativní. Pozitivní zpětnovazební smyčky způsobují to, že změna v jedné části zpětnovazebního cyklu vede v konečném důsledku ke zvětšení této změny (Pelánek, 2011). Ideálním příkladem je exponenciální vývoj. Naopak negativní zpětnovazební smyčka má povahu regulační. To znamená, že změna v jedné části cyklu vede k jejímu budoucímu utlumení. Díky tomu se systém udržuje v rovnováze. V reálných systémech se oba druhy smyček doplňují (viz Obrázek 1), a celková stabilita systému závisí na tom, jaký druh smyčky je dominantní.



Obrázek 1 - Zpětnovazební smyčky (Understanding Feedback Loops, www.goldsim.com)

3.1.1 Teorie systémů

Teorie systémů popisuje, jak pomocí systémového přístupu posuzovat objekty v systémech, složitost jejich vazeb a uspořádání do jednoho celku nebo více menších celků. Jak je znázorněno na obrázku níže (Obrázek 2), vztahy mezi prvky systému jsou založeny na zpětných vazbách a mnohých parametrech včetně působení okolí.



Obrázek 2 - Schéma systému, převzato a upraveno (Klement, 2022)

3.1.2 Systém

Každý systém má základní a odvozené vlastnosti. Mezi základní vlastnosti systému patří chování a struktura. Chování je charakterizováno závislostí mezi podněty okolí působícími na vstup a reakcemi objevujícími se na výstupu. Jedná se o projev dynamiky systému.

Struktura systému charakterizuje vnitřní vztahy a uspořádání vzájemných vazeb mezi prvky systému. Je dána množinou všech vazeb mezi prvky a různými podsystemy daného systému (Bertalanffy, 1969). Chování a struktura systému se navzájem ovlivňují a souvisí spolu. Určité struktuře systému odpovídá patřičné chování a určitému chování odpovídá daná skupina struktur, která je tímto chováním definována. Odvozených vlastností může být nekonečně mnoho, vyjadřují shodnost nebo rozdílnost s jinými systémy.

„Systém by mělo být možno ohraničit proti zbytku světa, na který se díváme jako na prostředí.“ (Pelánek, 2011)

3.2 Modelování a simulace systémů

Model je abstrakcí nebo také zjednodušením reality (Merritt, 2010). Britský statistik George E. P. Box (1976) prohlásil:

„Všechny modely jsou špatné, ale některé jsou užitečné“.

Dodal také, že jsou špatné právě z toho důvodu, že se jedná o zjednodušení fyzického světa, a proto nikdy nemohou reprezentovat skutečné chování (Barroso, 2018).

Zároveň však platí, že jsou užitečné, a to právě proto, že z nich lze extrahovat cenné informace díky přiblížení k realitě.

3.2.1 Kompartmentové modely

Části reálného systému se pomocí abstrakce mohou rozdělit do oddělených skupin. Tyto skupiny nazýváme kompartmenty. Obsah v jednotlivých kompartmentech musí být homogenní. To znamená neslučitelnost obsahu mezi kompartmenty bez změny typu částic (Holčík, 2001). V modelu, který by znázorňoval např. vypařování tekutiny v kompartmentu A, který obsahuje kapalinu, nemůže být i plyn. Ten by se měl nacházet v kompartmentu B. Mezi těmito kompartmenty může existovat vztah, pomocí kterého se mění množství plynu nebo tekutiny v jednotlivých kompartmentech.

Pro analýzu pomocí kompartimentových modelů je předpokládáno využití lineárních rovnic prvního řádu. Soustavu lineárních diferenciálních rovnic lze řešit maticovou inverzí (analytický přístup). Analytický přístup může sloužit též jako ověření numerického řešení simulačního systému. Je nutné podotknout, že nelineární systémová řešení jsou taktéž žádoucí, a to především proto, že většina simulací je určena pro systémy se zastoupením biologických jevů (Bassingthwaighe, 2012). Kompartimentová analýza byla dříve využívána především pro popis systému, nikoli pro definování chování systému a jeho kompartimentů.

V průběhu rozvoje modelování systémů došlo ke zjištění, že většina systémů je vysoce komplexní a jejich modelování trvá roky na základě získávání dat ze sledování chování systému.

3.2.2 Modelování chování systému

Pro simulaci chování systému se nejčastěji používají diferenciální rovnice, ve kterých vystupují jako stavové proměnné již dříve zmíněné kompartmenty. Diferenciální rovnice udávají, jak se mění stav v jednotlivých kompartmentech. V případě nízké složitosti systému lze rovnice řešit analyticky. Avšak ve většině systémů jsou tyto rovnice řešeny numericky (Bassingthwaighe, 2012). Tento způsob umožňuje získat jen přibližné řešení, pro účely modelů je zcela dostačující. Nenumерické řešení není prováděno ručně, využívá se specializovaný software. Řešení spočívá v tom, že se čas rozdělí na rovnoměrné úseky označené „ Δt “, ve kterých budou prováděny jednotlivé kroky.

Dynamiku systému, jenž má vstup a výstup je možné popsat pomocí následujících rovnic (1, 2):

$$Q'(t) = k_{iq} \cdot u(t) - k_{qo} \cdot Q(t); \quad (1)$$

$$Q(t_0) = Q_0, \quad (2)$$

kde $Q(t)$ je definiční stavová veličina kompartmentu, jejíž dynamika je sledována, $u(t)$ je proměnná popisující průběh vstupní veličiny, k_{iq} a k_{qo} jsou rychlostní parametry (Holčík, 2001).

3.3 Modelování epidemiologických situací

Jedna z nejvíce rozšířených oblastí modelování systému je modelování epidemií. U modelování těchto komplexních systémů lze využít princip abstrakce (Bjørnstad, 2020). To umožňuje vytvářet relativně věrohodné modely chování. Tyto modely se dají aplikovat i na jiné problémy reálného světa, jako je například šíření informací, počítačových virů, trendů, a dokonce můžeme tyto modely aplikovat i na lesní požáry. Užitečnost modelování epidemií se v poslední době rapidně zvyšuje v souvislosti s epidemií SARS-cov-2. Zde tyto modely hrají nedílnou součásti v predikci budoucího vývoje pandemie.

Epidemiologie je vědní obor, který má za úkol zjišťovat příčiny nemocí v populaci, analyzovat průběh a stanovovat postupy, které mají efektivně řešit danou epidemiologickou situaci. Dle CDC (Středisko pro kontrolu a prevenci nemocí, z aj. „Centers for Disease Control and Prevention“) se v epidemiologii na jednotlivce pohlíží kolektivně, pacientem je komunita. Epidemiologie je založena na systematickém a nezaujatém přístupu ke sběru, analýze a interpretaci dat. Základní metody se opírají o důkladné pozorování a používání platných srovnávacích skupin k tomu, aby bylo možné vyhodnotit, zda se pozorované skutečnosti liší od předpokládaného scénáře (CDC, Principles of Epidemiology in Public Health Practice, 2012).

3.3.1 Charakteristika epidemií

Epidemie je propuknutí šíření infekční nebo parazitické nemoci, která ohrožuje populaci svým komunitním šířením. Je definována jako neobvyklý nebo náhlý a nečekaný nárůst výskytu daného onemocnění v populaci. Úroveň rozšíření určité nemoci v populaci má různé formy.

Jedná se o výskyt sporadický, endemický, epidemický a pandemický. Sporadický výskyt znamená ojedinělý výskyt onemocnění, bez časového či geografického ohraničení. Toto onemocnění často bývá tzv. zavlečené a nejsou zde prokázané

společné charakteristiky. Endemický výskyt je takový výskyt, kde pozorujeme společné charakteristiky, takové onemocnění je rozšířeno pouze na určitém území (Dicker, 2012). Bývá časově neomezené, ale v předvídatelné míře. Epidemický výskyt je endemický výskyt, kde počet lidí, kteří jsou nakaženi, překročil očekávanou úroveň, a to z hlediska počtu nakažených, a i rychlosti šíření. Onemocnění se stále vyskytuje pouze na určitém území. Pandemický výskyt je epidemie (epidemický výskyt), která se začala šířit mezi jednotlivými státy nebo kontinenty (Ryding, 2021). Znázornění rozdílnosti mezi popsány epidemiologickými situacemi poskytuje Obrázek 3 níže, kde značení pomocí světlých bodů na kontinentech symbolizuje ohniska s nemocnými.



Obrázek 3 - Endemický, epidemický, pandemický výskyt onemocnění (Steward, 2019)

3.3.2 Modelování epidemií

Na počátku modelování je nutné nalézt a definovat populaci citlivých (vnímavých) jedinců, kteří jsou nemocí ohroženi nejvíce. Vnímoví jedinci tvoří převážnou část infekční skupiny, a podílejí se na přenášení nemoci dále do populace (Epidemic Disease Occurrence: Level of disease, CDC, 2018). Toto je velmi individuální vzhledem k tomu, že existuje několik forem šíření nemocí, i vzhledem k vysoké heterogenitě infekčních patogenů. Proto je nutné definovat skupiny lidí, kteří jsou v největším ohrožení, stanovit inkubační dobu, průběh onemocnění a získání imunity (Bjørnstad, 2020). Epidemiologické modely mají většinou predikční účel. Snaží se předpovědět šíření nákazy, počet celkových nakažených, délku trvání epidemie aj. Tyto modely slouží především k informování o rozhodování, jaké zvolit postupy pro prevenci šíření, kontrolu a monitorování šíření nemoci i k volbě terapeutického přístupu.

Ke studiu šíření infekčních chorob jsou běžně využívány mnohé metody, např. matematické modelování, agentové modelování (z aj. „Agent-based modelling“, ve zkr. ABM), modelování myšlení (teorie her) a modelování pomocí časových řad.

3.3.3 Nástroje pro epidemiologické modelování

Matematické modelování

Matematické modelování využívá stavové proměnné k reprezentaci klíčových charakteristik systému, jako jsou např. velikosti populací, zisk firmy, nebo úroveň inflace. Tyto proměnné jsou pak využity v rovnicích, které definují, jak se stav systému mění v čase. Můžeme rozlišovat mezi modely, které se mění diskrétně (krok po kroku) nebo spojitě (plynule). Analýza chování modelů může být provedena buď matematicky, kde jsou hledána obecná řešení rovnic, nebo simulací, kde je numericky spočítáno chování modelu z počátečních podmínek (Pelánek, 2011). Příkladem může být populační růst, kde jednoduchá pravidla vedou k složitým vzorcům chování, jako je exponenciální růst nebo oscilace. V reálnějších modelech se často zavádí další faktory, jako je kapacita prostředí, která může růst omezit. Složitější modely mohou vyžadovat numerické metody řešení, protože jejich analytické řešení může být příliš náročné.

Modelování pomocí časových řad

Studium vývoje infekčních onemocnění pomocí regresní analýzy časových řad je klíčové pro porozumění jejich šíření a pro návrh a tvorbu efektivních opatření. Tento přístup využívá historické záznamy k vytvoření prediktivních modelů, které umožňují odhadnout budoucí šíření nemocí podle vzorců na základě minulých trendů. Existuje několik typů těchto modelů, včetně těch, které zahrnují autoregresní časové řady a klouzavé průměry, aby poskytly přesnější předpovědi ohledně rozsahu a vrcholu nákazy (Yadav, 2021). Výběr nejvhodnějšího modelu je zásadní pro správné předpovědi vývoje situace

Agentové modelování

Agentové modelování (dále jen ABM) je přístup k simulaci, kde jednotliví agenti (reprezentující jednotlivce, skupiny nebo dokonce objekty) interagují v určitém prostředí podle předdefinovaných pravidel. Tento modelovací přístup je založen na myšlence, že jednotlivé interakce mohou mít vliv na celkový systémový výsledek.

Výzkumy poukazují na to, že modelování založené na ABM je velmi užitečné pro pochopení komplexních systémů v oblasti veřejného zdraví, které se obtížně

zkoumají pomocí tradičních epidemiologických metod. Tyto metody se potýkají s omezeními ve světle složitých sociálních dynamik a vzájemně propojených chování, které vedou k odlišným vzorcům ve zdravotních výsledcích (Silverman, 2021). Přijetí ABM ve veřejném zdraví bylo dosud omezené z důvodu sporů o jejich přínosy, nedostatku specifických dovedností v oboru a nesprávného porovnávání s tradičními metodami. ABM jsou vhodnější pro prozkoumávání širšího spektra otázek, jako je vliv sociálních faktorů na dodržování léčebných režimů a strategií na zlepšení zdravotní péče.

Hlavními rysy ABM jsou (Silverman, 2021):

- ***Autonomie***
Každý agent má své vlastní vlastnosti a jedná nezávisle na ostatních agentech.
- ***Interakce***
Agenti mohou interagovat mezi sebou, a také s prostředím.
- ***Pravidla***
Chování agentů je řízeno souborem pravidel.
- ***Adaptivita***
Agenti se mohou učit a měnit své chování v průběhu času na základě zkušeností nebo vnějších podnětů.

V oblasti epidemiologie se ABM používá k modelování šíření infekčních nemocí (Silverman, 2021). V tomto kontextu může každý agent představovat jednotlivce, a model může sledovat, jak se nemoc šíří v populaci v závislosti na interakci mezi jednotlivci, jejich chování a charakteristiky prostředí. Například model může zahrnovat agenta, který je nakažený virem a interaguje s jinými agenty, což vede k šíření nemoci. Tyto modely mohou obsahovat i prvky umělé inteligence.

Teorie her

Teorie her je matematická metoda, která se používá k analýze situací, kde rozhodování jednoho tzv. hráče ovlivňuje výsledky a možná rozhodnutí jiných hráčů. Je to způsob, jak modelovat interakce mezi racionálně jednajícími jednotlivci nebo skupinami. Tato teorie může být použita k modelování různých aspektů epidemií, zejména v situacích, kde rozhodování jednotlivců ovlivňuje šíření nemoci.

Huang a spol. (2022) poskytli review, ve kterém pojednávají o propojení rozhodovacích modelů s epidemickými modely za účelem pochopení dynamiky epidemií ovlivněných lidským rozhodováním. Toto review také zdůrazňuje rostoucí

význam herně-teoretických modelů při predikci lidských reakcí během epidemií, a to hlavně v posledním desetiletí, a motivuje herně-teoretický přístup k modelování lidských rozhodnutí v epidemiologických situacích. Nabízí kategorizaci literatury založenou na typech her, intervencích a osobách s rozhodovacími pravomocemi a navrhuje jemný dynamický herní rámec pro zachycení rozhodování v epidemiích. Huang a spol. (2022) také identifikovali závažné mezery ve výzkumu a potenciální budoucí studie, přičemž zdůraznili potřebu zvážit iracionální lidské chování a dopad centralizované autority a šíření informací na šíření nemocí.

Zde je několik způsobů, které Huang a spol. (2022) zmiňují, jak se dá teorie her použít pro modelování epidemií:

Očkování: Když je k dispozici vakcína, jednotlivci se mohou rozhodnout, zda se nechat očkovat nebo ne. Jejich rozhodnutí může záviset na nákladech a výhodách očkování, ale také na tom, kolik jiných lidí se rozhodne nechat se očkovat. Pokud se většina lidí rozhodne pro očkování, jednotlivci mohou cítit, že nemají potřebu se nechat očkovat, protože jsou chráněni kolektivní imunitou. Toto je příklad tzv. "free-rider" problému (viz dále).

Sociální distancování: V situaci epidemie mohou lidé upravit své chování na základě toho, co dělají ostatní. Pokud většina lidí dodržuje sociální distancování, jednotlivec může cítit menší potřebu dělat totéž, protože je chráněn chováním ostatních. Na druhou stranu, pokud mnoho lidí ignoruje doporučení pro sociální distancování, jednotlivec se může cítit více motivován k dodržování těchto pravidel.

Testování a karanténa: Rozhodnutí jednotlivců podstoupit testování a dodržovat karanténní opatření může být ovlivněno strategiemi ostatních. Pokud věříme, že ostatní dodržují karanténní opatření, můžeme se cítit bezpečnější, a méně motivovaní k testování.

Informační kampaně: Teorie her může být také použita k analýze toho, jak informační kampaně ovlivňují rozhodování jednotlivců v kontextu epidemie. Pokud lidé věří, že ostatní jsou dobře informováni a jednají odpovědně, můžou být méně opatrní vlastním chováním.

Pomocí teorie her je krize Sars-Cov-2 chápána jako situace, v níž jednotlivci, kteří ignorují zdravotní pokyny, jednají (ve volném překladu) jako svobodní jezdci, z aj. „free riders“, kteří těží z dodržování ochranných opatření ostatními jedinci, aniž by se sami účastnili. Lidé si však vyvinuli mechanismy, jak od takového chování odrazovat, aby chránili veřejné statky (z aj. „public goods“). Příspěvek tyto koncepty přezkoumává a udává, jak mohou ovlivnit strategie ke zlepšení souladu se

zdravotními předpisy. Zvažuje také další faktory, jako jsou konspirační teorie, které brání spolupráci (Yong, 2021). Využívání teorie her se zasazuje o kombinaci opatření, jako je dobrovolné dodržování, pobídky a mírné sankce, na základě našich přirozených tendencí spolupracovat a udržovat veřejné statky, aby bylo možné pandemii efektivně zvládnout. Příkladem je modelování spolupráce mezi zeměmi, kdy v globálním kontextu může teorie her modelovat, jak se země rozhodují spolupracovat při boji proti epidemii, např. sdílením informací, léků nebo vakcín.

3.3.4 Kermack-McKendrick teorie

Teorie zvaná Kermack-McKendrick je standardním přístupem v epidemiologii pro modelování šíření infekčních nemocí v populaci. Teorie je založena na tom, že populace je rozdělena do skupin podle toho, jak jsou náchylní k onemocnění, zda jsou aktuálně infikováni a jestli jsou imunní vůči onemocnění (buď v důsledku předchozí infekce, očkování nebo přirozené imunity) (Anderson, 1991). Teorie předpokládá, že jedinci mohou mezi různými popsány stavy přecházet na základě určitých pravděpodobností, jež mohou být ovlivněny různými faktory, jako je např. počet kontaktů mezi jedinci, účinnost přenosu a doba onemocnění, po kterou je jedinec infekční.

Kompartmentový model Kermacka a McKendricka vychází z původní formulace systému nelineárních Volterrových integrálních rovnic. Model poskytuje obecnou charakteristiku přenosového cyklu mezi vnímavými jedinci a nemocí, která se šíří prostředím (Kermack, 1991). Z Volterrových nelineárních integrálních rovnic lze získat tradičně využívané kompartmentální modely s diferenciálními rovnicemi na základě dvou předpokladů, a to (Greenhalgh, 2021):

- a) Celková infekčnost v čase „t“ odpovídá incidenci onemocnění,
- b) Trvání infekce následuje exponenciální nebo Erlangovo rozdělení.

Trvání infekce následuje exponenciální nebo Erlangovo rozdělení. Většina onemocnění však tyto podmínky ohledně doby infekce a trvání nesplňuje, což má významný vliv na kvalitu modelovaných předpovědí. Z toho důvodu se specialisté na tvorbu kompartmentových modelů věnují již mnoho desetiletí rozšiřování tradičních modelů (Anderson, 1991). Příkladem může být zahrnutí faktorů, jako jsou: modifikace síly infekce dle dané populace, behaviorální charakteristiky, modifikace míry zotavení v souvislosti se syndromem vyhoření, rozdělení onemocnění na více stádií aj. (Greenhalgh, 2021).

Tradiční kompartmentové modely slouží v praxi např. pro hodnocení zdravotních přínosů, nákladů na veřejné zdraví, předcházení chorobám, sledování virulence,

sledování virových kmenů aj. (Mukandavire, 2009). I přes takový rozvoj teorie Kermack-McKendrick zůstává zjednodušení systému nelineárních Volterrových integrálních rovnic na kompartmentové modely diferenciálních rovnic do určité míry nerozvinuté.

Mnoho současných modelů bylo na základě sledování počtu dní, kdy infekce u jedinců dané populace probíhá, rozšířeno pro lepší zohlednění předpokladů o nakažlivosti v čase s incidencí onemocnění a také trvání infekce (výše zmíněné body a), b). Na základě takových předpokladů jsou odvozovány kompartmentové modely (Greenhalgh, 2021).

Nejznámější aplikací Kermack-McKendrick teorie je epidemiologický model SIR, který je pro epidemiologické modelování nejčastěji využíván a který bude v následujících stránkách blíže vysvětlen (Bártlová, 2020).

3.3.5 SIR model

Název modelu SIR vznikl složením tří písmen označující tři skupiny lidí (S - potenciálně nemocní, z aj. „Susceptibles“, I – infikovaní, z aj. „Infectious“, R – imunní, již vyléčení nebo zemřelí, z aj. „Removed class“) (Bártlová, 2020).

Model SIR je nejjednodušší prediktivní kompartmentový model, ze kterého vycházejí další dovozené modely. Blíže lze jednotlivé kompartmenty vysvětlit, takto:

- „S“ - jednotliví jedinci, kteří přicházejí do kontaktu s infekčním onemocněním, patří sem vnímaví (citliví jedinci), po nákaze přecházejí do kompartmentu „I“,
- „I“ - infekční jedinci, kteří jsou nakažliví a mohou infikovat jedince z kompartmentu „S“,
- „R“ – tento kompartment zahrnuje imunní i zemřelé jedince, tzn. jedince po nákaze, kteří jsou uzdraveni, nebo nemoci podlehli (Nesteruk, General SIR Model and Its Exact Solution 2021), většinou lze počet úmrtí k celkové populaci zanedbat a nazývat kompartment jako „Recovery“, tedy pouze jako „uzdravení“. Pozn. tato skupina může zahrnovat i jedince, kteří jsou ještě nemocní, ale již nenakazí někoho jiného a uzdravují se. Obecně platí, že jedinci v této skupině nemohou nemoc dále šířit nebo být nakaženi.

Pomocí SIR modelů lze sledovat část populace se zastoupením všech tří skupin, přičemž velikost každé skupiny je odvislá od času (implikovaná závislost na „t“). Výjimkou je tzv. „uzavřená epidemie“, kdy je šíření tak rychlé, že lze ignorovat počet

nově narozených a zemřelých v dané populaci a velikosti skupin v SIR modelu jsou pevně dané (Nesteruk, General SIR Model and Its Exact Solution 2021).

Základní parametry pro modelování epidemií lze odhadnout velmi krátce poté, co se nově infekční onemocnění objeví. Lze tak získat cenné pohledy na možný vývoj onemocnění jako např. předpokládat jeho trajektorii. Modelování epidemií zároveň pomáhá v rozhodování, jak dostat epidemii pod kontrolu.

Tento model má několik předpokladů, které musí platit. Prvním předpokladem je, že se nemoc šíří kontaktem mezi skupinou vnímavých a skupinou infekčních jedinců. Druhý předpoklad je ten, že nemoc nemá latentní období. To znamená, že v modelu je záměrně ignorována inkubační doba nemoci. Předpokládá se také, že populace „N“ má konstantní velikost (Holčík, 2001). Je zanedbáno rození nových jedinců a úbytek jedinců, a to z důvodu přirozené smrti, úmrtí na jinou nemoc nebo migrace jedinců.

Na základě výše zmíněného platí, že:

SIR model lze pomocí systému diferenciálních rovnic (3, 4, 5) popsat takto (Bjørnstad, 2020):

$$\frac{dS}{dt} = -\beta S(t)I(t) \quad (3)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \quad (4)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I(t) \quad (5)$$

Rovnice (3) popisuje změnu v kompartmentu „S“, která je výsledkem součinu parametru „ β “, hodnoty „S“ v daném čase „t“ a hodnoty „I“ v tom samém čase „t“. Tento součin, „ $S(t)$ “ a „ $I(t)$ “, představuje interakci mezi dosud nenakaženými jedinci a již nakaženými. Parametr „ β “ symbolizuje rychlost, jakou se jedinci přesouvají z kompartmentu „S“ do kompartmentu „I“. (Nesteruk, General SIR Model and Its Exact Solution 2021). V kontextu epidemie je parametr „ β “ vyjádřen jako průměrný počet kontaktů na jednu osobu vynásobený pravděpodobností přenosu onemocnění. V této rovnici je parametr „ β “ vždy záporný, což odráží skutečnost, že celkový počet vnímavých jedinců „S“ postupem času klesá. Důvodem je, že dosud nenakažení jedinci se stávají nakaženými.

Rovnice (4) charakterizuje změnu v kompartmentu „I“ (infekční jedinci). Tato rovnice se skládá ze součinu již zmíněného parametru „ β “ a hodnot kompartmentů „S(t)“ a „I(t)“, ze kterého je odečten součin parametru „ γ “ a hodnoty „I“ v daném čase „t“ : (Nesteruk, General SIR Model and Its Exact Solution 2021). To značí, že

do kompartmentu „I“ jedinci přibývají (díky nákaze), ale zároveň i ubývají. Parametr „ γ “ v tomto součinu zastupuje rychlost, s jakou infekční jedinci přestávají být infekčními, ať už z důvodu uzdravení nebo úmrtí (infekčnost po úmrtí v tomto modelu není brána v úvahu). Hodnota tohoto parametru se určuje výrazem:

$$\frac{1}{\gamma} = \text{průměrná doba infekčnosti}$$

Rovnice (5) pak popisuje změnu v kompartmentu „R“, a skládá se ze součinu hodnoty „ $I(t)$ “ a již zmíněného parametru „ γ “. Počet jedinců v kompartmentu „R“ neustále roste s postupem času (Bjørnstad, 2020).

Jedním z nejdůležitějších parametrů je tzv. reprodukční číslo (ve zkr. R_0). Reprodukční číslo R_0 , také známé jako základní reprodukční číslo, je termín používaný k popisu šíření epidemie. Je charakterizováno jako průměrný počet nově nakažených, který je způsobený jednou nakaženou osobou za dobu infekčnosti dané osoby, viz (6). Z hlediska epidemiologie se jedná o jeden z nejvíce důležitých ukazatelů šíření nákazy. V kontextu SIR modelu je tento ukazatel dán jako podíl rychlosti šíření infekce „ β “ a průměrné doby infekčnosti „ γ “.

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (6)$$

Pokud platí, že R_0 je rovno 1, pak každý případ infekční osoby způsobí právě jeden nový případ infekce. V tomto případě nákaza stagnuje, protože počet nakažených nepřibývá ani neubývá. Pokud je R_0 menší než hodnota 1, epidemie ztrácí na síle. Pokud je naopak R_0 větší než 1, počet případů infekce se v populaci zvyšuje (Bjørnstad, 2020). R_0 je významný pro pochopení dynamiky šíření infekcí.

Pro samotný parametr „ β “ dále také platí přímá úměrnost součinu počtu kontaktů mezi vnímavými jedinci a mírou tzv. osobní ochrany (Bártlová, 2020).

$$\beta = (\text{počet kontaktů}) * (\text{míra osobní ochrany})$$

Výše uvedený vztah znázorňuje, že omezení počtu kontaktů během epidemie má společně s mírou osobní ochrany významný vliv na hodnotu parametru „ β “. Pod mírou osobní ochrany si lze představit např. nošení roušek, respirátorů či štítů, dezinfekce rukou apod. chování. Tyto dva parametry mohou být částečně řízeny vládními doporučeními a vyhláškami za účelem snížit počty nakažených. Pokud se podaří omezit kontakty mezi lidmi a zvýšit míru osobní ochrany, hodnota parametru „ β “ se sníží, což napomůže dostat epidemii lépe pod kontrolu, díky snižování počtu nově nakažených.

3.3.6 Jiné kompartmentové modely

V podkapitole 3.3.5 byl popsán klasický Kermack-McKendrickův model SIR. Kompartmentové modely jsou dále rozlišovány na modely s inkubačním obdobím a bez něj. Mezi modely, které popisují infekci bez inkubačního období, jsou např. SI, SIS, SIRD, SIRV model. Modely s inkubačním obdobím jsou např. SEIS, SEIR, SEIRS (Cartocci, 2021). Vybrané zmíněné modely budou dále blíže popsány a vysvětleny.

Modely SI a SIS (S – potenciálně nemocní, z aj. „Susceptibles“, I – infekční, z aj. „Infectious“), kde u modelu SIS písmeno „S“ představuje stejný kompartment jako písmeno počáteční, popisují infekční onemocnění, která neposkytují jedinci imunitu vůbec (model SI) nebo mohou poskytovat imunitu jen dočasně (model SIS).

Model SI prezentuje nejjednodušší modelování infekčního onemocnění, protože předpokládá, že jedinec se narodí bez imunity proti danému onemocnění, tedy jako vnímavý (S) a poté, co je infikován, stává se dlouhodobě infekčním (I) a už jím zůstává. Předpokládá se, že není léčen. Příkladem jsou onemocnění cytomegalovirem nebo herpes virem. Model SIS tedy zobrazuje, jak je vnímavý jedinec nakažen a poté se opět stává vnímavým a může být po nějaké době opět nakažen (Liu, 2023). Příkladem jsou pohlavní choroby (chlamydie, kapavka), nachlazení, chřipka aj. nemoci, které neposkytují dlouhodobou imunitu.

Model SIRD (S – potenciálně nemocní, z aj. „Susceptibles“, I – infikovaní, z aj. „Infectious“, R – uzdravení, z aj. „Recovered“, D – zesnulí, z aj. „Deceased“ nebo „Death“) je prakticky jen rozšířením modelu SIR. K modelu SIR byly přidány dva předpoklady, a to imunita a smrt (Idowa, 2021). Model SIRD je vhodnou volbou pro modelování infekčního onemocnění, u kterého nelze zanedbat podíl infikovaných jedinců, kteří na onemocnění následně zemřeli. Model poté ukazuje, zda se infikovaná osoba může uzdravit nebo zemřít (Cartocci, 2021).

Dalším typem matematického modelu vycházejícího ze základního modelu SIR je tzv. SIRV. SIRV je zkratkou pro: S – potenciálně nemocní, z aj. „Susceptibles“, I – infikovaní, z aj. „Infectious“, R – odstranění, z aj. „Removed“ (stejně jako pro základní model SIR), V – očkovaní, z aj. „Vaccinated“ (Idowa, 2021). Model SIRV umožňuje popsat šíření epidemického onemocnění s ohledem na vakcinaci. Předpokládá se 100% účinnost vakcíny. Účinnost vakcíny pro jednotlivá infekční onemocnění je různá, pro účely modelování se však využívá předpokladu, že vakcinace je dostatečně účinná, aby měla vliv na šíření infekčního onemocnění, např. omezuje rychlost přenosu onemocnění mezi jedinci. Pokud je populace proočkována

jedním typem vakcíny, pak lze v modelu simulovat účinnost vakcíny na populaci vnímavých jedinců (Marinov, 2022).

Model zvaný SEIR (S – potenciálně nemocní, z aj. „Susceptibles“, E – exponovaní, z aj. „Exposed“, I – infikovaní, z aj. „Infectious“, R – uzdravení, z aj. „Recovered“) lze aplikovat na simulaci epidemie onemocnění s dlouhou inkubační dobou. Tento faktor je vyjádřen právě písmenem „E“, které značí exponované jedince, tedy vnímavé jedince, kteří byli vystaveni infekčnímu onemocnění, tzn. jsou infikováni, ale ještě nejsou infekční (Idowa, 2021). Model SEIR byl již dříve uplatněn např. pro model šíření planých neštovic a hemoragické horečky dengue (Mwalili, 2020). Dalším podobným modelem je model SEIS, který se od modelu SEIR liší pouze tím, že jedinci na konci onemocnění nezískávají imunitu, proto tedy chybí kompartment „R“, jedinci se po zotavení vracejí do kompartmentu „S“, a hrozí jim reinfekce.

Rozšířeným modelem pro SEIR je model SEIRS. Příkladem využití SEIRS modelu jsou např. onemocnění malárií či rotaviry. Jedná se o onemocnění, kdy má jedinec krátkodobou imunitu (Mwalili, 2020). SEIRS model zahrnuje možnost přechodu vyléčeného jedince znovu do kompartmentu „S“, a tedy se stává znovu náchylným, a může onemocnět danou infekcí opakovaně.

3.3.7 Diagram kauzálních smyček a Diagram stavů a toků

V systémovém myšlení jsou diagramy (CLD a SFD, již dříve zmíněno v kapitole 2) nástroje sloužící k vizualizaci a analýze dynamiky a vzájemných vztahů mezi různými prvky systému. Jedná se o zobrazení modelované domény systému. Systém může zahrnovat různé prvky a faktory, jež mohou systém ovlivňovat nebo jím být ovlivňovány. Diagramy CLD a SFD umožňují simulovat různé scénáře a předpokládat, jak se systém může chovat v budoucnosti v závislosti na různých faktorech a rozhodnutích.

Prostřednictvím CLD diagramu lze odhalit a lépe pochopit příčiny a následky jednotlivých změn v komplexních modelech. Tento diagram se skládá ze 3 částí: proměnné, vazby, zpětnovazebné smyčky. Proměnné představují části systému, které reprezentují cokoli, co se může v čase měnit a působit na další části systému. Vazby mezi proměnnými reprezentují kauzální působení proměnných mezi sebou. Existují 2 druhy vazeb. Pozitivní a negativní. Pozitivní vazba (+) způsobuje to, že změna ve vstupní proměnné způsobí stejnou změnu ve výstupní proměnné. Oproti tomu negativní vazba (-) působí opačným efektem, než jak tomu bylo u pozitivní vazby na výstupní proměnnou. Pomocí cyklu vazeb jsou tvořeny zpětnovazebné smyčky. Zpětnovazebné smyčky jsou tvořené pomocí cyklu vazeb mezi různými prvky v systému. Umožňují lépe pochopit, jak se systém vyvíjí a reaguje na různé vstupy

a změny. Konečný CLD diagram je složen z mnoha proměnných a zpětnovazebních smyček. Tyto smyčky mohou být pozitivní nebo negativní dle toho, jak spolu proměnné interagují. Výsledkem je CLD diagram jako vizualizace systému skládajícího se z více částí. A to umožní pochopit, jak jednotlivé části systému a jejich změny ovlivňují celý systém.

SFD diagram reprezentuje soustavu diferenciálních rovnic a simuluje dynamické chování systémů. Základní součásti SFD jsou „Stocks“ (dále jen stavy), „Flows“ (dále jen toky) a parametry, které jsou klíčové pro simulaci modelu. Stavy představují v systémové dynamice stavové proměnné, proto jsou využívány jako hlavní prvky při modelování dynamického systému. To, s jakou rychlostí se mohou tzv. stavy systému měnit, udávají toky. Stavy a toky jsou v grafickém znázornění propojeny šipkami. Šipky v diagramech ukazují směr toku.

Díky zobrazení modelu pomocí diagramů lze lépe pochopit chování systémů, a sledovat následky modelovaných rozhodnutí a změn prvků nebo faktorů. Jako praktické využití se nabízí např. testování hypotéz.

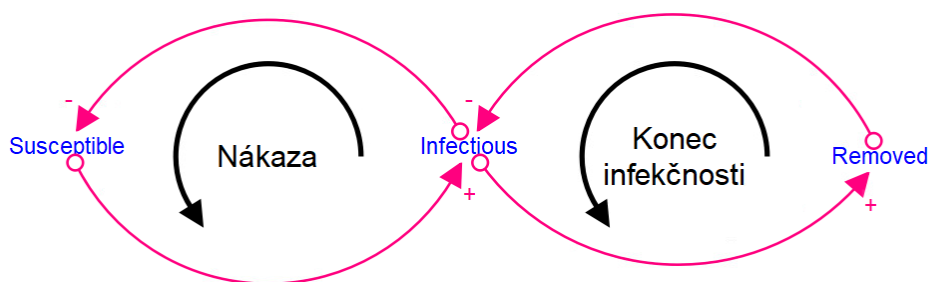
4 Praktická část

4.1 Modelování epidemie SARS-CoV-2

4.1.1 SIR model pro SARS-CoV-2 v České republice

SIR model představuje jednoduchý, ale významný nástroj pro pochopení dynamiky šíření infekčních nemocí, včetně SARS-CoV-2 (COVID-19). Jeho tří-kompartmentová struktura „Náchylní, Infikovaní a Odebraní“ (S, I, R) umožňuje modelovat základní interakce populace v průběhu epidemie. Ačkoli je tento model zjednodušeným pohledem na realitu, a nemůže zahrnout všechny nuance spojené s konkrétní nemocí či socioekonomickými faktory, poskytuje základní rámec, na kterém lze stavět a zkoumat šíření nemocí. Při aplikaci na SARS-CoV-2, může SIR poskytnout užitečné vhledy do potenciálního vývoje pandemie. Nicméně pro hlubší a přesnější analýzu může být vhodné rozšířit tento model o další komponenty a faktory, což bude předmětem této práce.

Pro modelování dynamiky systému je nejprve nutné vizualizovat jednotlivé vztahy a působení těchto vztahů mezi kompartmenty. Jak už bylo v teorii vysvětleno, v základním modelu SIR se jedinci, kteří mohou být nakaženi (S), postupně stávají nakaženými (I). Následně se po určité době tito nakažení jedinci přesouvají do kompartmentu R. Tento vztah je vizualizován pomocí následujícího CLD diagramu (Obrázek 4).



Obrázek 4 - CLD diagram SIR modelu (vlastní zpracování)

Na CLD diagramu pro model SIR lze pozorovat dvě zpětnovazební smyčky, a to „Nákaza“ a „Konec infekčnosti“. Obě zpětnovazební smyčky mají vyrovňovací efekt. Tento efekt je způsoben jednosměrným přesunem jedinců z jednoho kompartmentu do druhého.

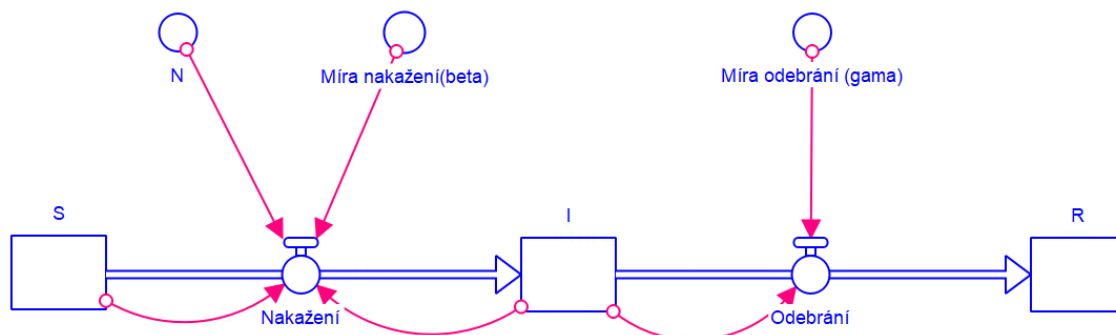
Pro pochopení jednotlivých vztahů lze sestavit SFD diagram. Pro jeho vytvoření je potřeba určit parametry modelu. Parametr β lze spočítat na základě rovnice jako:

$$\beta = R_0 * \gamma \quad (7)$$

Pro SARS-CoV-2 (též COVID-19) je v metastudii Billah a spol. (2020) reprodukční číslo R_0 uváděno jako hodnota 2,87. Dle údajů ve studii Rakshit a spol. (2022) je doba infekčnosti udávána v rozmezí 5 až 7 dní.

Na základě tohoto údaje lze vypočítat parametr γ . Pro výpočet byla využita nižší hodnota rozmezí infekčnosti, tj. 5 dní. Z toho vyplývá, že pokud platí, že $1/\gamma$ je průměrná doba infekčnosti, tak hodnota γ je 0,2. Po dosazení do dříve uvedené rovnice (7) je výslednou hodnotou pro parametr β číslo 0,574. Nyní je třeba určit výchozí hodnoty jednotlivých kompartmentů v čase $t(0)$. Jako počet vnímavých jedinců (v České republice) pro kompartment „S“ byla určena hodnota 10 000 000. Stav epidemie je modelován v úplném počátku, tudíž počáteční počet „I“ infekčních jedinců je stanoven na hodnotu 1 a počet v kompartmentu „R“ je 0.

Níže byl sestaven SIR model pro zobrazení a pochopení dynamiky šíření SARS-CoV-2 v ČR. Na následujícím obrázku Obrázek 5) je znázorněn SFD diagram.



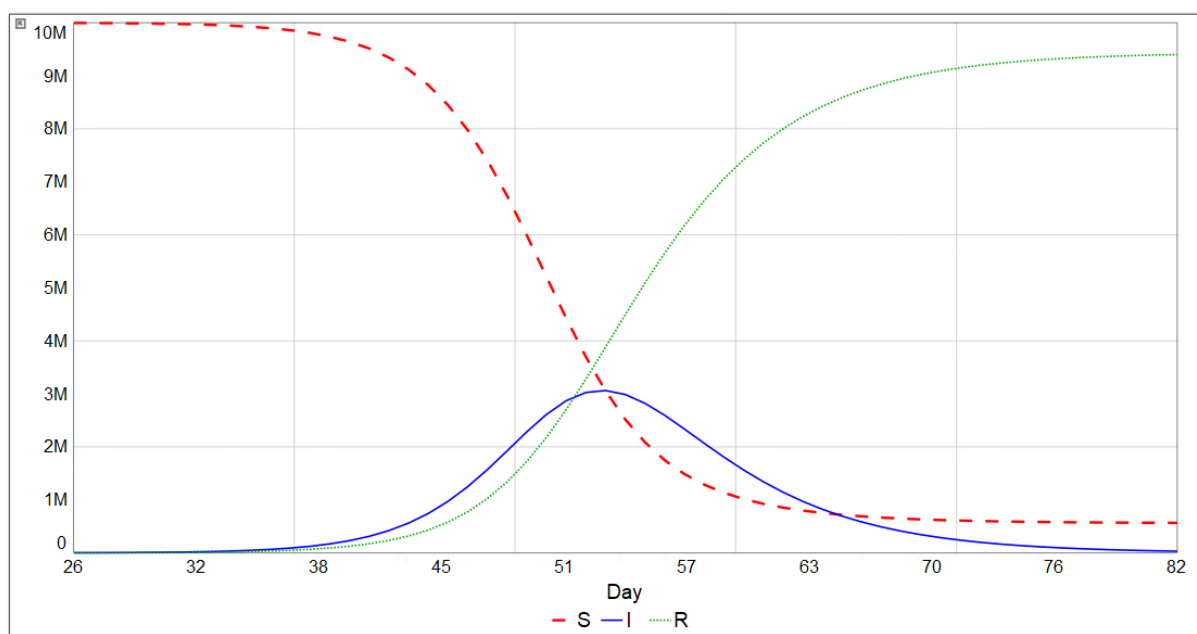
Obrázek 5 – SFD diagram pro model SIR pro SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)

V následující tabulce (Tabulka 1) jsou popsány hodnoty a parametry, které byly nalezeny nebo odvozeny ve veřejně dostupných statistikách pro epidemii SARS-CoV-2.

Tabulka 1 - Parametry a výchozích hodnot pro SIR model

Parametr	Typ hodnoty	Hodnota
β – beta	Hodnota parametru	0,574
γ – gama	Hodnota parametru	0,200
N – Velikost populace	Hodnota parametru	10 000 000,000
S – Vnímaví jedinci	Výchozí hodnota kompartmentu	10 000 000,000
I – Infekční jedinci	Výchozí hodnota kompartmentu	1,000
R – Odebraní jedinci	Výchozí hodnota kompartmentu	0,000

Na následujícím obrázku (Obrázek 6) je zobrazení simulace modelu po vložení dat uvedených výše v tabulce (osa „y“ – počet jedinců v populaci, osa „x“ – čas).



Obrázek 6 - Simulace – Model SIR pro SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)

Interpretace výsledků:

1. Křivka „S“ (Susceptible – Náchylní)

Tato křivka znázorňuje populaci obyvatel České republiky. V průběhu šíření nákazy onemocnění SARS-CoV-2 je pozorován postupný přesun náchylných jedinců do kompartmentu „I“, kde se stávají nakaženými. Čím více dosahuje epidemie svého vrcholu (den. 54.), tím klesá počet náchylných jedinců v populaci. Na základě vyčerpání kompartmentu „S“ se epidemie chýlí ke konci.

2. Křivka „I“ (Infected - Infekční jedinci)

Začátek epidemie: V prvních dnech simulace (viz osa „x“ – dny, „Day“) je počet infikovaných nízký a růst pomalý. Nástup exponenciálního růstu: Přibližně 35. den začíná dynamika nákazy nabírat na intenzitě. Lze pozorovat viditelný exponenciální růst charakteristický pro mnoho epidemií. Jeden infikovaný jedinec může infikovat několik dalších lidí. Během několika dní je tento trend jasně patrný, protože počet infikovaných jednotlivců razantně stoupá. Toto období je kritické z hlediska veřejného zdraví, protože rychle se zvyšující počet infikovaných, z nichž někteří mohou mít horší průběh a vyžadovat hospitalizaci, může způsobit přetížení zdravotnických systémů, a v tom důsledku zvýšenou míru úmrtnosti.

Vrchol epidemie: V 54. dni dosahuje epidemie svého vrcholu, a to počtu 2 987 083 infekčních jedinců. Toto období je nejrizikovější pro zdravotní systém, protože pravděpodobnost jeho přetížení je vysoká.

Pokles po vrcholu: Po vrcholu epidemie v následujících dnech počet infikovaných klesá v důsledku snížené pravděpodobnosti, že infekční jedinec potká náchylného jedince. To je dáno snižujícím se počtem náchylných jedinců v kompartmentu S. Jedná se o přirozený vývoj každé nákazy, u které je možné, aby se nakažení jedinci vyléčili nebo přestali být infekční.

Konec epidemie: Na konci simulace většina populace prošla infekcí a buď se stala imunní, nebo byla odebrána. V kontextu (buďto kvůli smrti nebo jiným důvodům).

3. Křivka „R“ (Removed – Odebrání)

Tato křivka je zrcadlicí křivku „S“. S postupným vzrůstem počtu nálezů u jedinců v populaci dochází zároveň k jejich uzdravování nebo úmrtí. Proto lze od počátku vrcholu epidemie pozorovat významný přesun jedinců z kompartmentu „I“ do kompartmentu „R“.

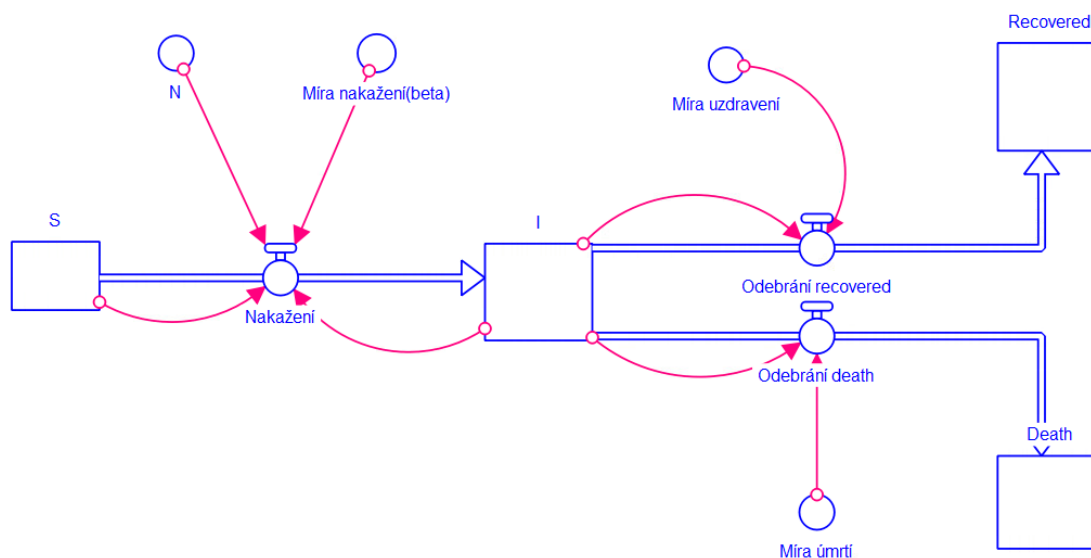
4.1.2 SIRD model pro SARS-CoV-2 v České republice

SIRD je rozšířený model SIR, a to o kompartment „D“ (zemřelí, z aj. „Death“). Při zahrnutí tohoto kompartmentu je důležité si uvědomit, že kompartment „R“, známý z modelu SIR, který zahrnuje jak úmrtí, tak vyléčené, se v modelu SIRD mění na „R“ – z aj. „Recovered“, tzn. zahrnuje pouze vyléčené.

V modelu SIRD vystupuje také nový parametr, a to tzv. míra úmrtí. Pro její výpočet je nutné znát pravděpodobnost úmrtí, ta je pro Českou republiku stanovena 0,7 % (Plevka, 2020). To znamená, že pravděpodobnost úmrtí po nakažení činí hodnotu 0,007. Další klíčovou hodnotou je průměrná doba od nakažení do úmrtí. Ta byla stanovena na 18 dní dle otevřené datové sady od Ministerstva zdravotnictví České republiky (Národní zdravotnický informační systém, Onemocnění aktuálně, mzcrcz). Míra úmrtí byla stanovena jako podíl pravděpodobnosti úmrtí a průměrnou dobou od nakažení do úmrtí, tedy:

$$\text{Míra úmrtí} = \frac{0.007}{18}$$

Na následujícím obrázku (Obrázek 7) je znázorněn SFD diagram pro SIRD model.



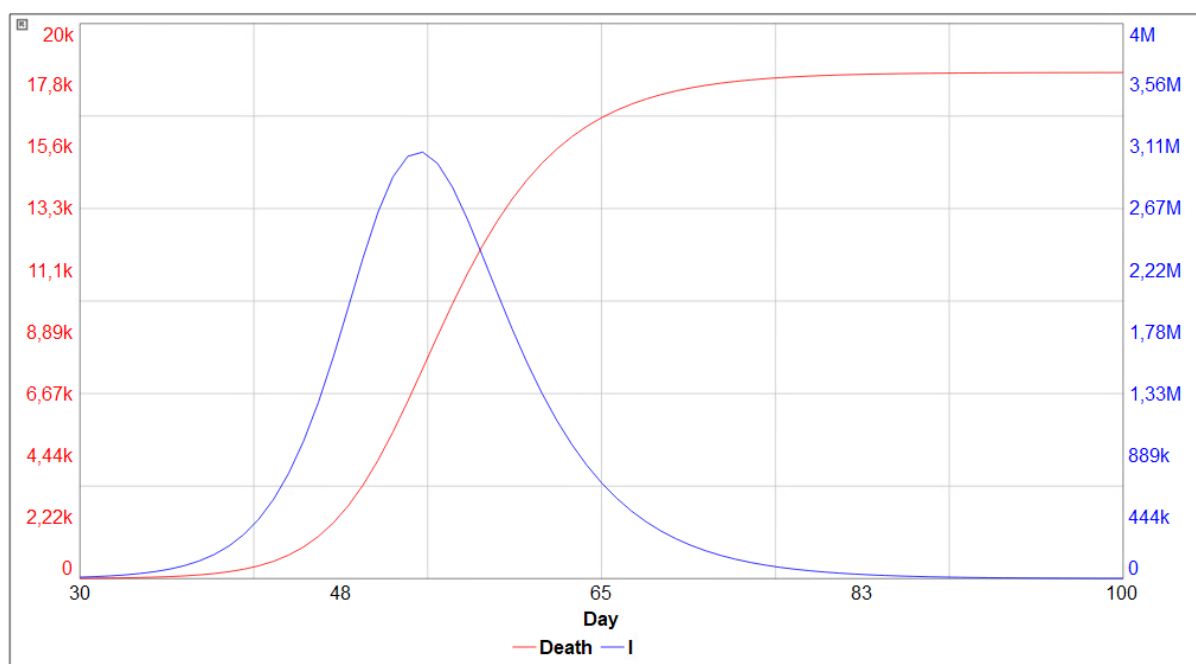
Obrázek 7 - SFD diagram pro model SIRD pro SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)

V další tabulce (Tabulka 2) jsou popsány použité výchozí hodnoty a parametry.

Tabulka 2 - Parametry a výchozích hodnot pro SIRD model

Parametr	Typ hodnoty	Hodnota
β – beta	Hodnota parametru	0,574
Pravděpodobnost úmrtí	Hodnota parametru	0,007
Doba od infekce po úmrtí (dny)	Hodnota parametru	18,000
N – Velikost populace	Hodnota parametru	10 000 000,000
Pravděpodobnost vyléčení	Hodnota parametru	0,993
S – Vnímaví jedinci	Výchozí hodnota kompartmentu	10 000 000,000
I – Infekční jedinci	Výchozí hodnota kompartmentu	1,000
R – Vyléčení jedinci	Výchozí hodnota kompartmentu	0,000

Na dalším obrázku (Obrázek 8) je zobrazení simulace modelu po vložení dat uvedených výše v tabulce (osa „y“ vlevo – počet zemřelých jedinců v populaci, osa „y“ vpravo – počet infikovaných jedinců v populaci, osa „x“ – čas)



Obrázek 8 - Simulace - Model SIRD pro SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)

Interpretace výsledků:

1. Křivka „Death“ (zemřelí)

Tato křivka znázorňuje na ose „y“ vlevo počet zemřelých jedinců v důsledku epidemie za daný čas. Z počátku má křivka exponenciální chování, během úbytku nakažených z kompartmentu „I“ se mění její chování na funkci logistickou.

2. Křivka „I“ (Infected – Infekční jedinci)

Tato křivka ukazuje nárůst jedinců od počátku epidemie do jejího vrcholu (54.den) ose „y“ vpravo. Lze pozorovat, jak během jejího vrcholu paralelně začíná narůstat počet zemřelých (kauzální závislost).

4.1.3 SIRD s kompartmentem hospitalizovaných pro SARS-CoV-2 v České republice

Rozšíření standardního SIR modelu o kompartment hospitalizovaných („H“) vede k vytvoření modelu, který pomůže poskytnout lepší simulaci skutečných podmínek šíření nemoci, kde určitá část infikovaných osob („I“), může vyžadovat hospitalizaci předtím, než se uzdraví („R“) nebo zemřou („D“).

V tomto rozšířeném modelu se kompartment „R“ z původního SIR modelu dělí na dva oddělené stavy, a to „R“ pro ty, kteří se zotavili a jsou nyní buď imunní nebo neinfekční, a „D“ pro ty, kteří na nemoc zemřeli. Tzn. jako tomu je u přechozího modelu. Nově přidaný kompartment „H“ reprezentuje jedince, kteří jsou hospitalizováni kvůli svému zdravotnímu stavu. Tento kompartment umožňuje modelovat přímou zátěž na zdravotnický systém, protože ti pacienti, kteří mají vážné příznaky nebo vyžadují intenzivní péči, jsou obvykle přijímáni do nemocnic. Díky začlenění hospitalizací do modelu lze odhalit, jak lépe odhadovat kolik lůžek, zdravotnického personálu a dalších zdrojů bude potřeba v případě epidemie. A to pomáhá zdravotnickým orgánům v plánování a přidělování zdrojů, stejně jako v rozhodování o preventivních opatřeních.

Kromě toho, model SIRD s kompartmentem hospitalizovaných také umožňuje analýzu dalších scénářů, jako je efekt zpožděné hospitalizace na šíření nemoci a úmrtnost, nebo dopad různých léčebných strategií na výsledek onemocnění.

Nejdůležitějším parametrem je zde pravděpodobnost hospitalizace. Ta byla dle Příbylové a spol. (2023) stanovena jako následující hodnota:

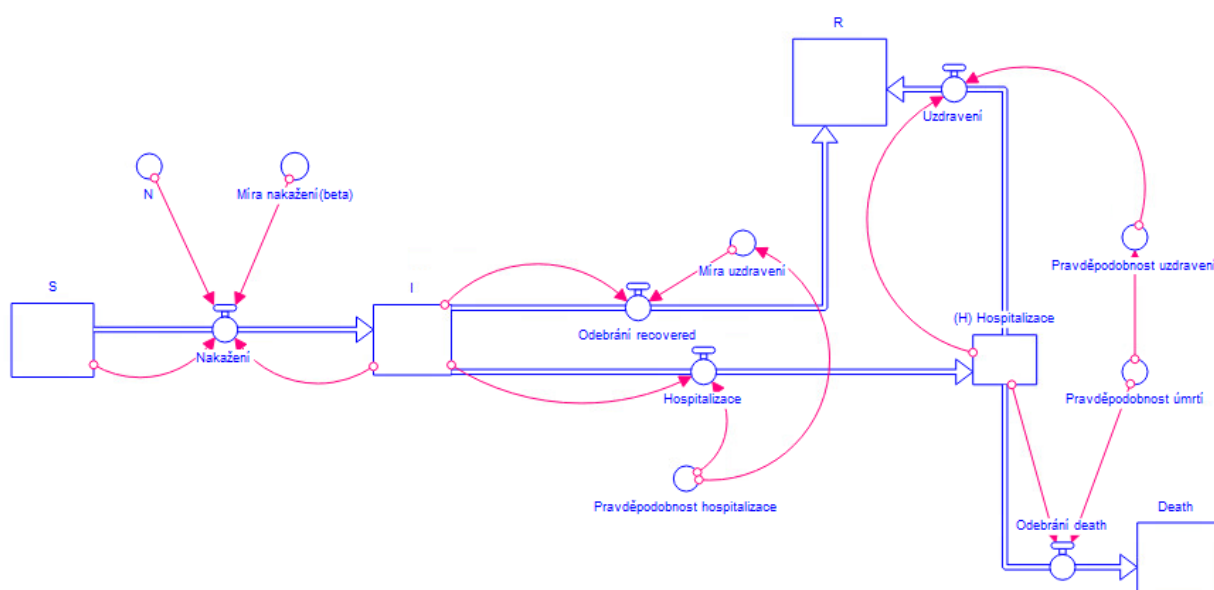
$$\text{Pravděpodobnost hospitalizace} = \frac{1}{50}$$

Příbylová a spol. (2023) použili pro získání této hodnoty metodu založenou na Bayesovské metodě, která zahrnuje nezávislé datové sady z pozitivních testů a přijetí do nemocnice. Tato metoda, založená na Bayesovských formulích, integruje nezávislé datové sady z pozitivních testů a přijetí do nemocnice.

V České republice tvoří přibližně 20 % populace senioři nad 65 let a většina pacientů s nutností hospitalizace byla starší část populace. Jelikož byla míra hospitalizace závislá, kromě jiných faktorů, především na věku, byla populace pro účely výpočtu rozdělena na dvě části, a to 65+ let a 65- let, zahrnující i děti (Příbylová, 2023). Pravděpodobnost hospitalizace bude vždy odhadem, a to v důsledku mnoha faktorů, jež hrají pro hospitalizaci jedinců roli (infekčnost, jiné zdravotní komplikace, závažnost stavu pacienta v době hospitalizace, míra testování, průměrná pozitivita antigenních testů, a nebo doba nahlášení infekčnosti aj.) Pro co nejlepší odhad byla jako podpůrná data využita sledování o hospitalizaci v jiných státech.

Dále je třeba znát pravděpodobnost úmrtí během hospitalizace. Tato hodnota byla stanovena dle otevřené datové sady od Ministerstva zdravotnictví České republiky (Národní zdravotnický informační systém, Onemocnění aktuálně, mzcr.cz). V této datové sadě je pravděpodobnost úmrtí při hospitalizaci 1-2 %. Pro účely modelu byla vybrána hodnota 1,5 %.

Na základě těchto parametrů byl vytvořen následující SFD model (Obrázek 9) a tabulka (Tabulka 3).

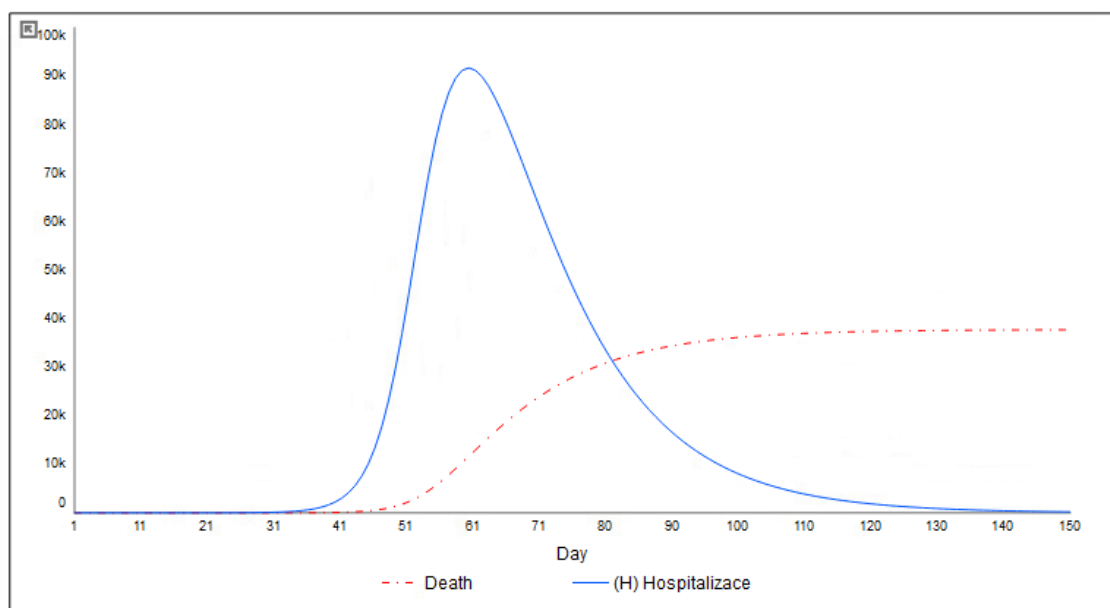


Obrázek 9 - SFD diagram pro model SIRD s hospitalizací pro SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)

Tabulka 3 - Parametry a výchozích hodnot pro SIRD model s hospitalizací

Parametr	Typ hodnoty	Hodnota
β – beta	Hodnota parametru	0,574
Pravděpodobnost hospitalizace	Hodnota parametru	1/50
Pravděpodobnost úmrtí (Hosp.)	Hodnota parametru	0,015
N – Velikost populace	Hodnota parametru	10 000 000,000
Pravděpodobnost uzdravení	Hodnota parametru	0,99
S – Vnímaví jedinci	Výchozí hodnota kompartmentu	10 000 000,000
I – Infekční jedinci	Výchozí hodnota kompartmentu	1,000
R – Vyléčení jedinci	Výchozí hodnota kompartmentu	0,000

Na dalším obrázku (Obrázek 10) je zobrazení simulace modelu po vložení dat uvedených výše v tabulce (osa „y“ vlevo – počet zemřelých jedinců v populaci pro červenou křivku, počet hospitalizovaných pro modrou křivku, osa „x“ – čas.



Obrázek 10 - Simulace – Model SIRD s hospitalizací pro SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)

Interpretace výsledků:

1. Křivka „Death“ (zemřelí)

Tato křivka znázorňuje na ose „y“ vlevo počet zemřelých jedinců v důsledku epidemie za daný čas.

2. Křivka „Hospitalizace“

Zhruba v 54. dnu je počet hospitalizovaných nejvyšší, a tím pádem musí zdravotnický systém čelit největší zátěži. Dle dat dostupných na webových stránkách Ústavu zdravotnických informací a statistiky ČR (Předávací úložiště ÚZIS ČR: Dostupnost kapacit 2020-10 (říjen 2020) - Soubory. Online) je maximální kapacita nemocničních lůžek určená pro stavy vyžadující hospitalizaci kvůli respiračním onemocněním zhruba 30 000 lůžek. To znamená, že pandemie SARS-CoV-2 v České republice způsobila jen v první vlně vyčerpání této kapacity zhruba ze 40 %.

Je důležité zmínit, že SARS-CoV-2 je jedním z mnoha typů respiračních onemocnění. Na základě toto lze předpokládat, že i ostatní respirační onemocnění by mohla vytěžovat kapacity nemocniční péče obdobně. Jedná se tedy o velmi významný údaj, a to např. proto, že spolu s vyčerpáním jednotlivých lůžek dochází k omezování standardní plánové zdravotní péče, což může mít závažné sekundární dopady.

4.2 Validace modelu pro SARS-CoV-2

Validace slouží k ověření, že navržený model odráží chování reálného systému. Vztahy v modelu by měly odpovídat vztahům, které panují v reálném systému. Validita modelu je posuzována dle jeho užitečnosti. Model by např. nebyl validní, pokud by hodnoty některých proměnných byly nereálné aj. (Pelánek, 2011, str. 53;107). Ověření validity modelu bylo provedeno pomocí testu změny reprodukčního čísla (Základní validita), metody retrodikce (porovnání s reálnými daty z minulosti) a citlivostní analýzou (ověření vlivu klíčových parametrů).

4.2.1 Základní validita

Základní validita je metoda pro otestování modelu za účelem zjištění, zda odpovídá jeho chování se základními vloženými parametry očekáváním (Pelánek, 2011, str. 108). Základní validita bude testována na změně reprodukčního čísla.

Změna reprodukčního čísla

Jak už bylo dříve v této práci vysvětleno, reprodukční číslo R_0 je jeden ze základních ukazatelů vývoje epidemie. Pokud je reprodukční číslo větší než 1, tak je epidemie na vzestupu (tzn. nakazí se mnoho lidí za krátký čas).

Reprodukční číslo (pro účely testu značeno jako „ R “) v kontextu SIR modelu bylo vysvětleno jako hodnota β podělená hodnotou γ . V modelu pro účely validace bude

změna čísla R testována jako změna čitatele tohoto vzorce, tedy změnou hodnoty β . Hodnota γ bude pro účely testování fixně určena jako 0,2. Změna R je vyjádřena jednoduchou lineární funkcí:

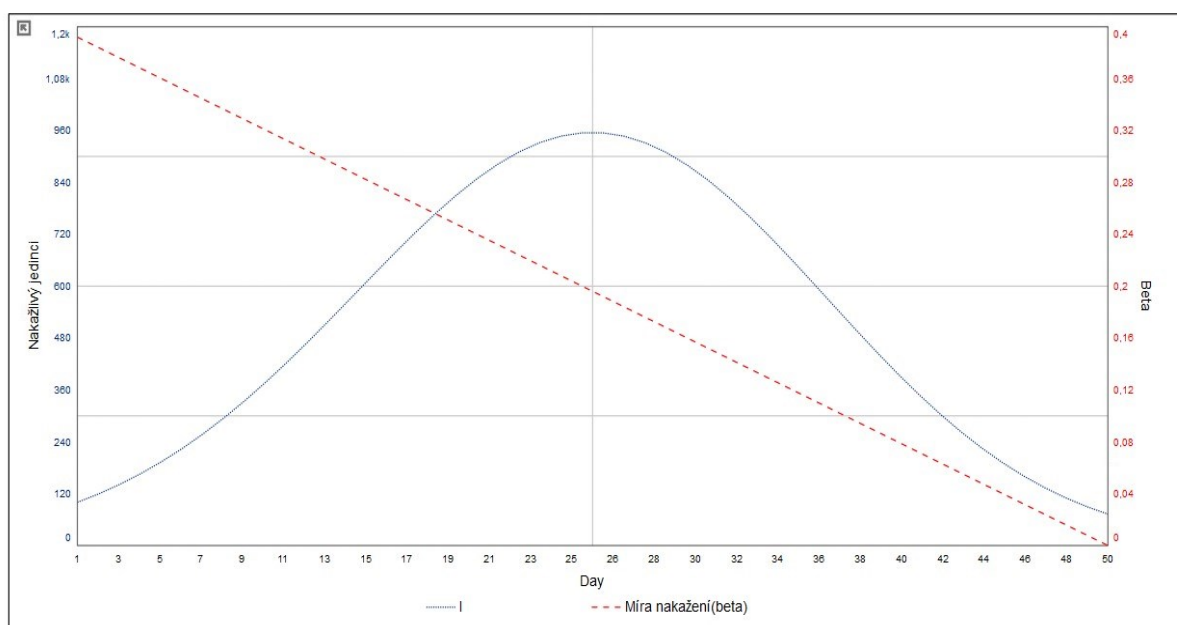
$$y = 0,4 - 0,008x$$

V této funkci představuje hodnota 0,4 výchozí hodnotu β v čase $t(0)$ a 0,008 představuje změnu za každou jednotku času. Dále je bráno v potaz, že úbytek celkové populace z kompartmentu S má také vliv na samotné R. Proto je časový úsek, na kterém bude proveden test, zkrácen na 50 dní. Při takto malém časovém úseku je tento jev zanedbatelný, protože změna populace je na tomto úseku velmi nízká.

Celkově tedy platí: Pokud $y > 0,2$ pak je hodnota kompartmentu I rostoucí. V opačném případě by byl pozorován klesající trend. Řešení lze vyjádřit nerovnicí:

$$0,4 - 0,008x > 0,2$$

Z toho vyplývá, že v intervalu od 0 do 25 dní by měl počet nakažených jedinců v kompartmentu I růst a od 25 do 50 dní by naopak měl klesat. Že tento předpoklad platí je znázorněno na následujícím obrázku (Obrázek 11) simulace modelu se změnou R.



Obrázek 11 - Simulace - Základní validita modelu SIR pro změnu reprodukčního čísla pro SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)

Interpretace výsledků:

Počet hospitalizovaných má podobný průběh jako křivka infikovaných v předešlé simulaci SIRD. Zhruba v 54. dnu je počet hospitalizovaných nejvyšší, a tím pádem musí zdravotnický systém čelit největší zátěži. Dle dat dostupných na webových stránkách Ústavu zdravotnických informací a statistiky ČR (Předávací úložiště ÚZIS ČR: Dostupnost kapacit 2020-10 (říjen 2020) - Soubory. Online) je maximální kapacita nemocničních lůžek určená pro stavy vyžadující hospitalizaci kvůli respiračním onemocněním.

Ze simulace při již dříve zmíněných kritériích lze jasně pozorovat shodu s řešením výše uvedené nerovnice. Po 25. dni, kdy se β rovná hodnotě 0,2 (viz Obrázek 11 osa y vpravo – „Beta“) lze sledovat vrchol počtu jedinců v kompartmentu I a následný klesající trend.

V tomto testu bylo ověřeno pomocí hypotézy, že model reaguje dle očekávání na změnu reprodukčního čísla. Hypotéza vychází z teoretické znalosti, kdy platí, že pokud je $R < 1$, infekční onemocnění v populaci je na ústupu. Pokud platí, že $R > 1$, infekční onemocnění v populaci má rostoucí trend. Ověřením této hypotézy byla potvrzena správná funkčnost modelu na změnu reprodukčního čísla.

4.2.2 Retrodikce

Pro další testování validity SIR modelu byla vybrána metoda retrodikce, která je založena na porovnání simulace provedené modelem s reálnými daty. Retrodikci lze využít pouze pokud jsou k dispozici data z minulosti. Retrodikce je tedy provedena tak, že je simulace modelu spuštěna v časovém intervalu, pro který jsou k dispozici ona reálná data, následně je provedeno porovnání pro daný časový interval (Pelánek, 2011, str. 108; 179).

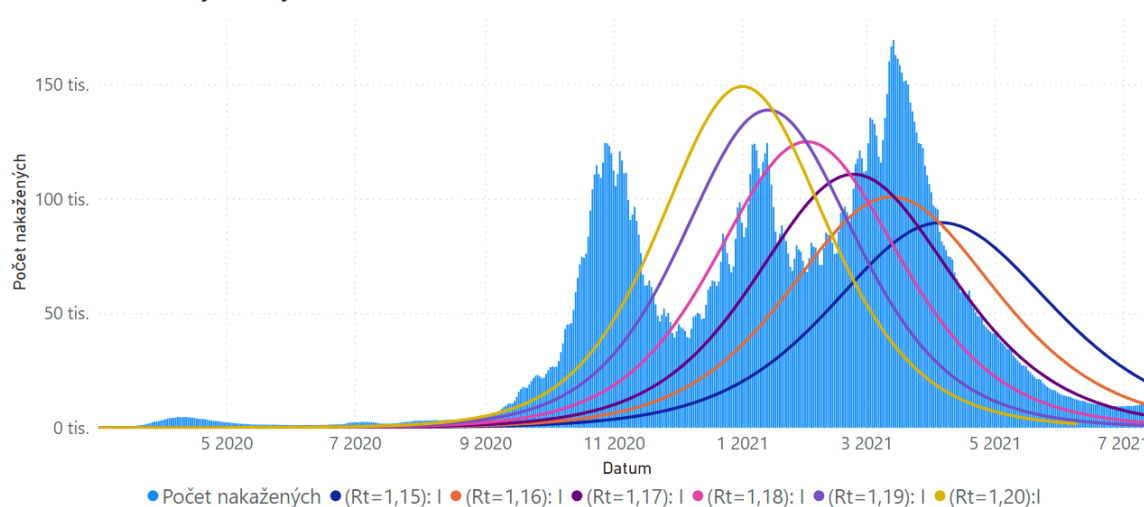
Test retrodikce byl proveden na základě porovnání statistických (dále reálných) dat z pandemie SARS-Cov2 (Datové sady: COVID-19, onemocneni-aktualne.mzcr.cz), s výsledky simulace modelu SIR. Pro provedení takového porovnání bude nutné nejprve zjistit hodnotu efektivního reprodukčního čísla. Efektivní reprodukční číslo je takové reprodukční číslo, které odpovídá šíření infekčního onemocnění potom, co byla přijata ochranná opatření (Reprodukční číslo, www.nzip.cz), tzn. bylo ovlivněno vnějšími jevy. Předpokládá se, že lidé v ohrožované populaci se začali chovat dle opatření nebo vyhlášek omezujících šíření infekce.

Pozn. základní reprodukční číslo, uváděné dříve (R_0) nezohledňovalo žádná protiepidemická opatření.

Efektivní reprodukční číslo (značeno jako R_t) lze pouze odhadnout, neboť jeho hodnota je ovlivněna mnoha faktory v reálném čase. Výpočet odhadu efektivního reprodukčního čísla bude pro účely tohoto testu zjednodušený po vzoru zjednodušeného výpočtu dle Institutu Roberta Kocha. Do výpočtu bude zahrnut počet nově nakažených za den i období nakažlivosti jedince (Schilling, 2020). Odhad R_t je získán výpočtem dvou několikanásobných součtů nově nakažených osob navzájem posunutých o průměr intervalu série dní pro dané infekční onemocnění. Pro SARS-Cov2 je pro výpočet R_t využíván součet sedmi denního počtu nově nakažených osob se sériovým intervalem 5 dní (Bártlová, 2020).

Určení časového intervalu pro provedení porovnání reálných dat s vypočtenými (simulovanými), na kterém se bude počítat průměrné R_t , je složité. Hodnoty R_t se totiž velmi mění v závislosti na tom, zda je porovnání v čase provedeno před nebo po první vlně. Pro účely testování je vybrána hodnota v rozmezí od začátku datové sady (březen roku 2020) až po konec první vlny epidemie SARS-Cov2 (tedy červenec roku 2021). V tomto období covidu je dle Kochova Vypočtu průměrné $R(t)$ v rozmezí 1,15 až 1,2. Pro výpočet a vizualizaci použit analytický nástroj Power BI. Provedené porovnání je na Obrázku níže (Obrázek 12).

Porovnání s reálnými daty (R_t rozmezí 1,15 až 1,20)



Obrázek 12 - Retrodikce - Porovnání reálných dat se simulovanými daty pro SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)

Interpretace výsledků:

Na obrázku (Obrázek 12) je znázorněno porovnání reálných dat s vypočítanými hodnotami pro účely simulace. Na ose „y“ jsou zaneseny počty nakažených jedinců, na ose „x“ je čas (měsíc, rok), jedná se o vybrané časové rozmezí, jež bylo dříve vysvětleno. Vložená data vyobrazující reálné počty nakažených jedinců, která byla

evidována v České republice dle testování infekčního onemocnění SARS-Cov2, jsou označovány jako Reálná data a v grafickém zobrazení vyznačena jako modré plochy (absolutní počty nakažených v daném čase testování). Vložené křivky značené dle velikosti hodnot R_t (viz legenda pod grafem) představují průměrný počet nakažených jedinců v čase, přičemž je každá křivka výsledkem simulace s danou hodnotou R_t (odhad efektivního reprodukčního čísla).

Z tohoto grafického porovnání lze pozorovat, že křivky získané simulací vykazují určitou korelaci s reálnými daty. Od počátku epidemie SARS-Cov2 v daném časovém rozmezí je vidět, že významný nárůst počtu nakažených jedinců nastal v září roku 2020, následně se šíření epidemie nedařilo pomocí zavedených opatření a vyhlášek dostatečně kontrolovat, a tak počty nakažených během zimního období toho roku a počátku následujícího roku dosahovaly vysokých hodnot. Z křivek získaných simulací s proměnlivou hodnotou R_t , lze pozorovat, že křivky s vyššími hodnotami R_t lépe korelují s reálnými daty (v grafu křivky - žlutá, fialová, růžová). Metodou retrodikce tak bylo ověřeno, že spuštěné simulace modelu odpovídají v rámci možností porovnání reálných dat z minulosti s výsledky simulace reálnému chování systému.

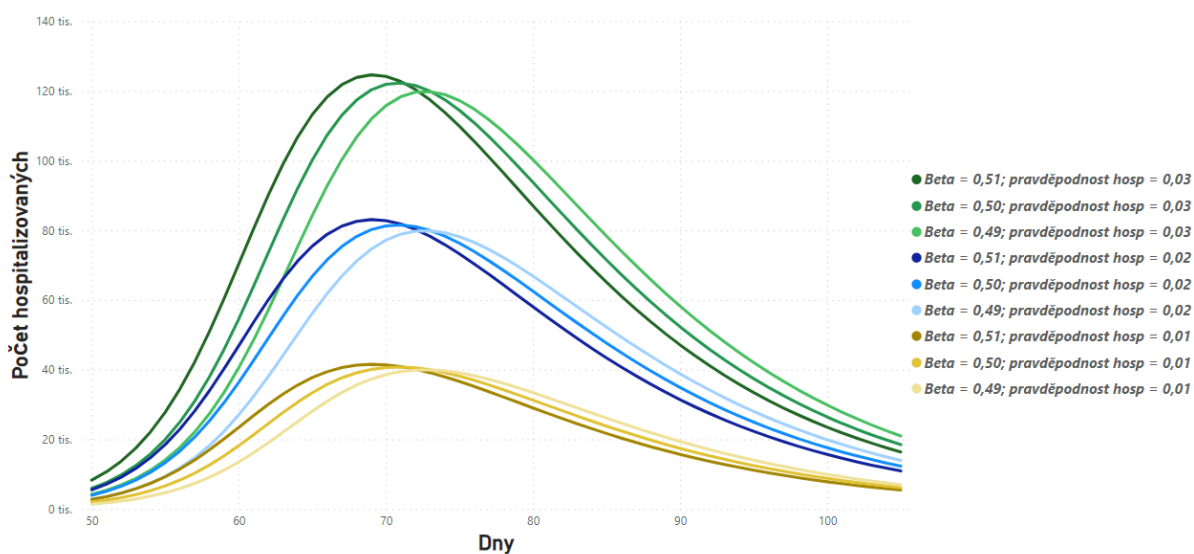
Odchytky a nedostatky porovnání lze nalézt právě v nutnosti odhadnout efektivní reprodukční číslo. Vzhledem k tomu, že tento klíčový parametr je v reálném systému udáván mnohými faktory, je velmi obtížné jej správně odhadovat, a tak je třeba vždy počítat s odchylkami od reálných dat. Dalším nedostatkem může být i to, že pro porovnání byly použity absolutní počty nakažených v daném čase, jedná se ovšem o počty nakažených, které byly zjištěny testováním jedinců. To však nemusí reflektovat správné hodnoty počtu nakažených, neboť nebyly testováni všichni jedinci v populaci České republiky, ale jen někteří, tedy faktorem způsobujícím odchylky je i odlišné chování mezi vnímavými jedinci (např. odlišné přistupování k zavedeným opatřením a povinnosti se pravidelně testovat).

4.2.3 Analýza citlivosti

Analýza citlivosti slouží k ověření vlivu jednotlivých parametrů na chování modelu. Jejím cílem je určit, jak ovlivňují zvolené vypočítané hodnoty chování modelu a jaké hodnoty mají významnější vliv než jiné. Analýza je provedena tak, že jsou hodnoty vybraných parametrů měněny a sledovány, jak ovlivňují chování modelu. Platí, že čím více parametrů je v modelu zaneseno, tím složitější je provedení citlivostní analýzy. Výhodou je však to, že nástroj Stella Professional 1.9 umožňuje provádět simulaci se změnou jakýchkoli zvolených parametrů, a výsledky tak ihned vizuálně porovnat v grafickém zobrazení kombinace změn několika parametrů najednou.

Výsledkem citlivostní analýzy by měly být závěry ohledně toho, jak citlivě model reagoval na změnu vybraných klíčových parametrů a které proměnné měly nejvýznamnější vliv na chování systému.

Analýza citlivosti bude provedena na parametrech, které ovlivňují počet hospitalizovaných jedinců se SARS-Cov2, a to právě proto, že se jedná o klíčový kritický údaj pro vyhodnocování zátěže na zdravotnický systém. Pro účely takového testování byly zvoleny jako klíčové parametry ovlivňující počet hospitalizovaných jedinců s infekcí SARS-Cov2 hodnoty: β a pravděpodobnost hospitalizace.



Obrázek 13 - Analýza citlivosti - vliv proměnných parametrů β a Pravděpodobnosti hospitalizace pro počet hospitalizovaných se SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)

Interpretace výsledků:

Výsledky simulace se zanesenými proměnnými parametry β a pravděpodobnost hospitalizace (viz Obrázek 13) byly vygenerovány v programu Stella Professional a následně přeneseny do programu Power BI, kde byly odlišeny barevně dle typu sledovaného parametru. V legendě napravo od grafu jsou popsány změny hodnot.

Na ose „y“ je počet hospitalizovaných jedinců se SARS-Cov2, na ose „x“ je počet dní, který ovšem nyní nehraje roli. Jednotlivé barevně odlišené křivky jsou výsledkem simulace změny hodnot vybraných parametrů. Lze pozorovat, že křivky se stejnými hodnotami pro Pravděpodobnost hospitalizace si jsou podobnější než ty se změnou parametru β . V obou případech se jednalo o změnu jedné setiny z dané hodnoty každého z obou parametrů. Na základě vizuálního hodnocení lze říci, že změna parametru Pravděpodobnosti hospitalizace ovlivňuje Počet hospitalizovaných

jedinců se SARS-Cov2 větší mírou než stejně velké změny parametru β . Počet hospitalizovaných jedinců je tedy více citlivý na Pravděpodobnost hospitalizace.

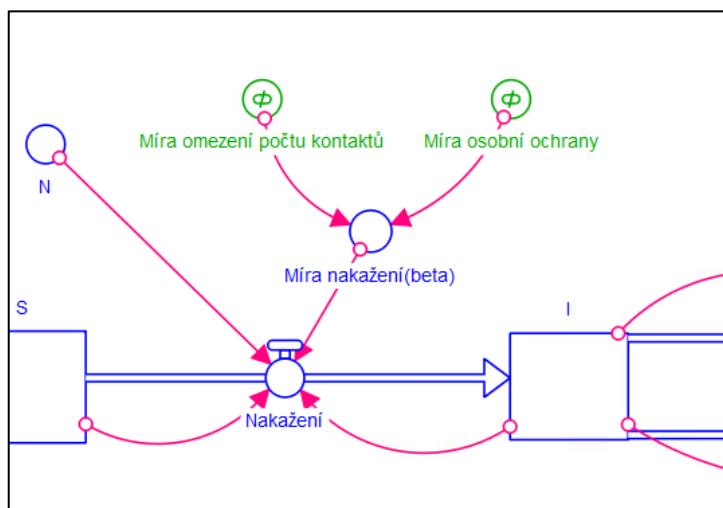
4.3 What-if analýza

What-if analýza, někdy nazývána též scénářová analýza, je nástrojem pro hodnocení informací na základě atributů a podmínek, které mají významný vliv na sledovaný výsledek. Během modelování nějaké situace slouží what-if analýza pro sledování vlivu změn vstupních proměnných modelu.

Simulační model pro what-if analýzu by měl být sestaven tak, aby reflektoval prostředí reálného světa. Pomocí simulace změn vybraných klíčových parametrů modelu, i jeho struktury, budou vytvořeny různé scénáře, které budou vzájemně porovnány. (Pelánek, 2011, str. 116).

4.3.1 Scénář 1 - Ovlivnění parametru β ochrannými opatřeními

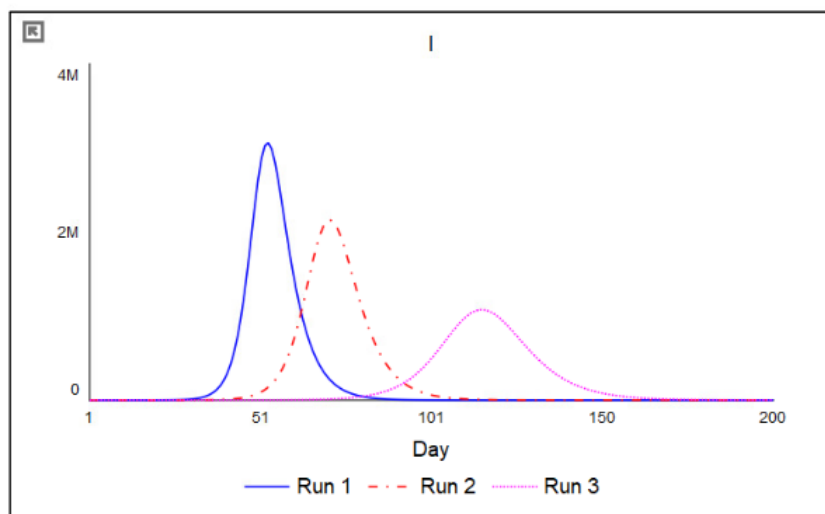
Ve scénáři 1 byl zaveden parametr a) zvaný Míra osobní ochrany. Tento parametr má vliv na parametr β . Míra osobní ochrany je vyjádřena v procentech. Pro tento scénář byla Míra osobní ochrany stanovena 20 %. Druhým nově zavedeným parametrem je b) Míra omezení počtu kontaktů, vyjádřen procentuálně hodnotou 25 %. Vztah ochranných opatření k hodnotě β byl již dříve zmíněn v kapitole 3.3.5.



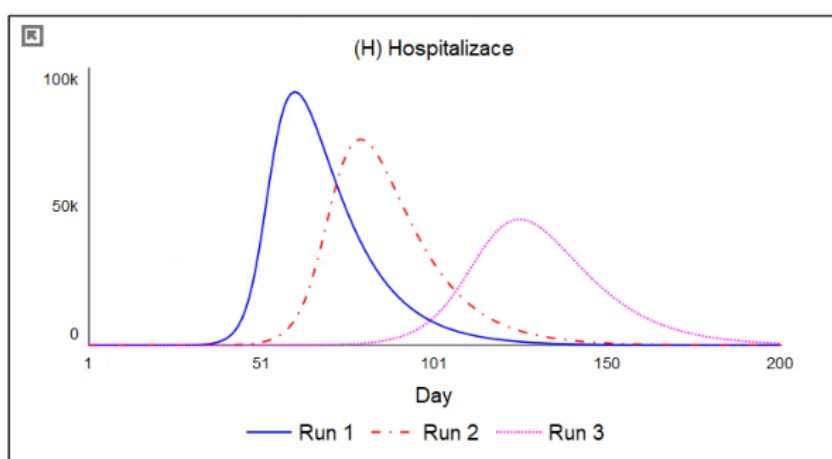
Obrázek 14 - Scénář 1: Ovlivnění parametru Beta pomocí ochranných opatření (a – Míra osobní ochrany, b - Míra omezení počtu kontaktů) proti SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)

Simulace modelu se Scénářem 1 znázorňující změny počtu nakažených za čas, viz Obrázek 15. Simulace modelu se Scénářem 1 znázorňující změny) počtu

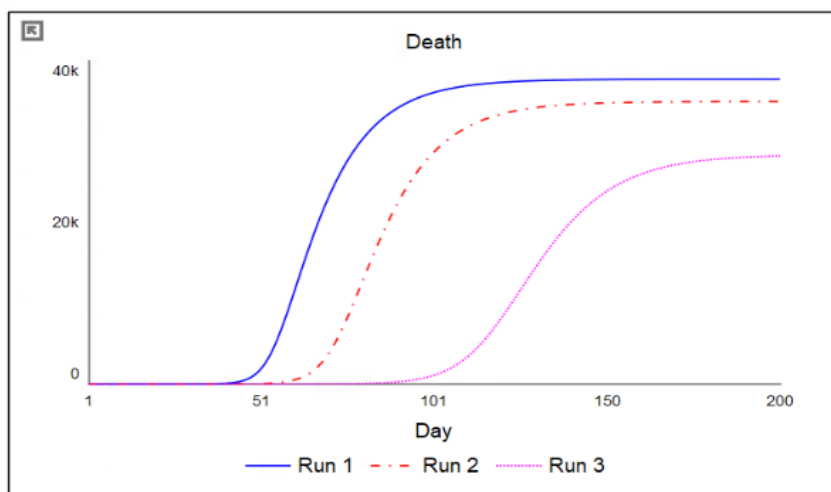
hospitalizovaných za čas, viz Obrázek 16. Simulace modelu se Scénářem 1 znázorňující změny počtu zemřelých za čas, viz Obrázek 17.



Obrázek 15 - Scénář 1: Simulace – Počet nakažených za čas Run 1: bez opatření, Run 2: Míra osobní ochrany = 20 %, Run 3: Míra osobní ochrany = 20 % + Míra omezení počtu kontaktů = 25 % (vlastní zpracování)



Obrázek 16 - Scénář 1: Simulace – Počet hospitalizovaných za čas Run 1: bez opatření, Run 2: Míra osobní ochrany = 20 %, Run 3: Míra osobní ochrany = 20 % + Míra omezení počtu kontaktů = 25 % (vlastní zpracování)

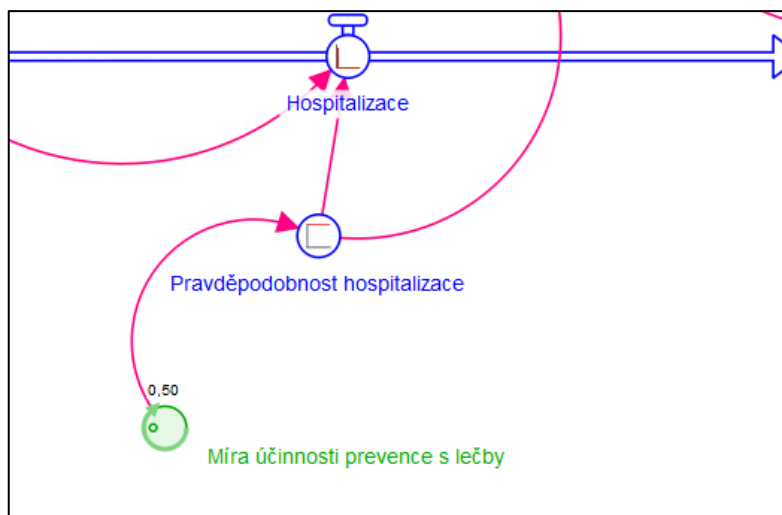


Obrázek 17 - Scénář 1: Simulace – Počet zemřelých za čas Run 1: bez opatření, Run 2: Míra osobní ochrany = 20 %, Run 3: Míra osobní ochrany = 20 % + Míra omezení počtu kontaktů = 25 % (vlastní zpracování)

Na grafickém porovnání (Obrázek 15) v podobě tří křivek lze pozorovat, že bez jakýchkoli zavedených opatření je počet nakažených vysoký se strmým trendem, tzn. nakažených v čase velmi rychle přibývá (modrá křivka – Run 1). Po zavedení Osobní ochrany, např. v podobě ochrany dýchacích cest se vrchol počtu nakažených snižuje, a křivka mírně zplošťuje (červená čerchovaná křivka – Run 2). Při zavedení opatření pro omezení kontaktů mezi lidmi (Míra omezení počtu kontaktů) k již zavedené Osobní ochraně lze pozorovat, že se křivka velmi zploštila, posunula doprava a snížil se vrchol celkového počtu nakažených. Na obrázku znázorňujícím vliv na počet hospitalizovaných (Obrázek 16) lze sledovat obdobné trendy jako u již popsaného znázornění vlivu na počet nakažených. Na třetím znázornění je vliv na počtu zemřelých v čase (Obrázek 17), je zde znázorněno, jak se s vyšší mírou zavedených opatření snižuje počet zemřelých v čase.

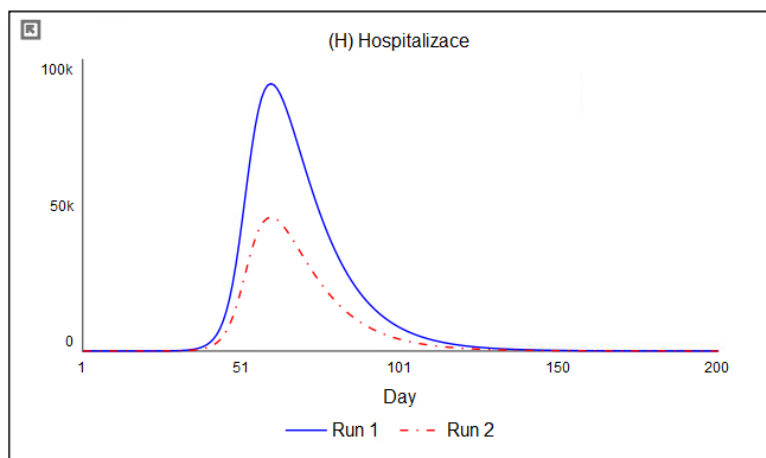
4.3.2 Scénář 2 - Ovlivnění pravděpodobnosti hospitalizace prevencí a léčbou

Ve scénáři 2 byl zaveden parametr Míra účinnosti prevence a léčby (viz Obrázek 18). Tento parametr má vliv na Pravděpodobnost hospitalizace. Míra účinnosti prevence a léčby je vyjádřena v procentech. Pro tento scénář byla stanovena 50 %. Tento parametr zahrnuje např. očkování (prevence) nebo dostupnost kvalitní medicíny a lékařské péče (léčba).

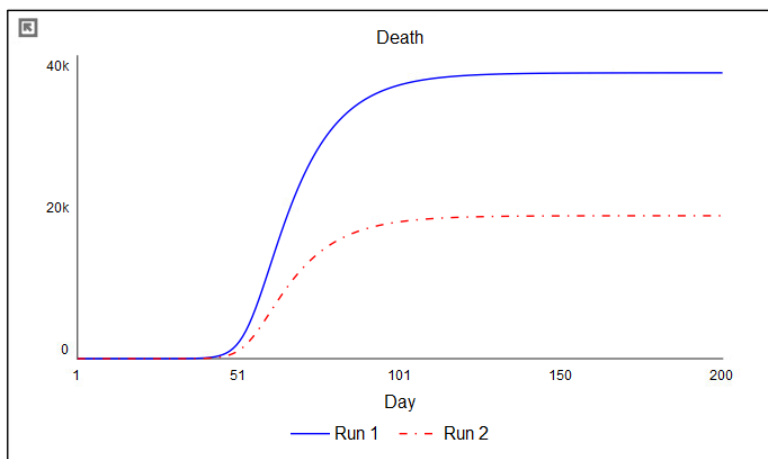


Obrázek 18 - Scénář 2: Ovlivnění Pravděpodobnosti hospitalizace prevencí a léčbou onemocnění SARS-CoV-2 v ČR (vlastní zpracování)

Simulace modelu se Scénářem 2 znázorňující změny počtu hospitalizovaných za čas, viz Obrázek 19. Simulace modelu se Scénářem 2 znázorňující změny počtu zemřelých za čas, viz Obrázek 20.



Obrázek 19 - Scénář 2: Simulace – Počet hospitalizovaných za čas Run 1: bez jakékoli prevence a léčby, Run 2: Míra prevence a léčby = 50 % (vlastní zpracování)



Obrázek 20 - Scénář 2: Simulace – Počet zemřelých za čas Run 1: bez jakékoli prevence a léčby, Run 2: Míra prevence a léčby = 50 % (vlastní zpracování)

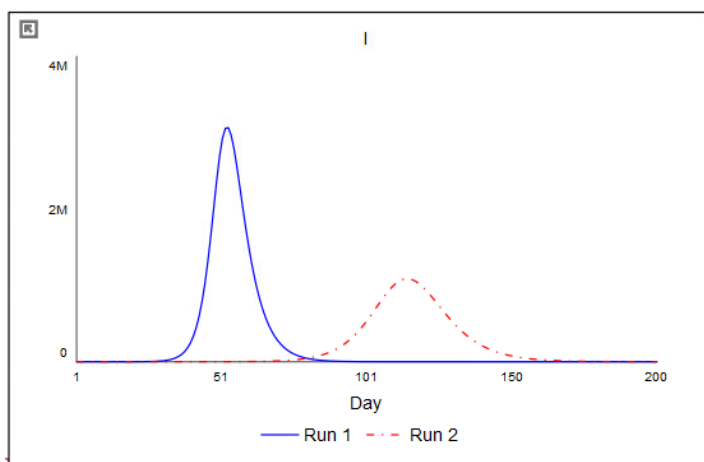
Na grafickém porovnání (Obrázek 19) v podobě dvou křivek lze pozorovat, že bez jakékoli prevence nebo léčby je počet hospitalizovaných (modrá křivka – Run 1) vyšší než se zavedenými prvky prevence a dostupnou medikací nebo kvalitní lékařskou péčí obecně. Po zvýšení míry prevence a léčby na 50 %, např. lékaři vyzvali lidi, aby se očkovali, je dostupná vakcína a/nebo je dostupná účinná medikace aj. léčebné pomůcky (ventilátor apod.) se vrchol počtu hospitalizovaných snížil (červená čerchovaná křivka – Run 2). Na grafickém znázornění počtu zemřelých za čas (Obrázek 20) lze pozorovat snížení úmrtí stejnou měrou jako snížení počtu hospitalizovaných. Na základě tohoto scénáře lze říci, že prevencí a kvalitní léčbou lze snižovat zátěž na zdravotnický systém.

4.3.3 Scénář 3 - Kombinace Scénářů 1 a 2

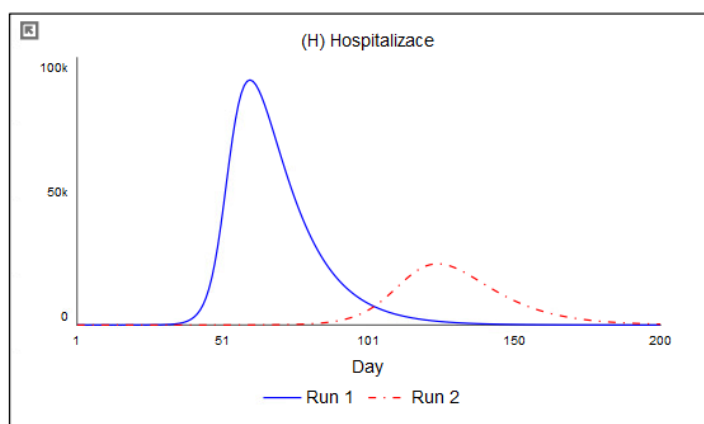
Ve scénáři 3 byl proveden průnik nově zavedených parametrů ze Scénářů 1 a 2.

Hodnoty jednotlivých parametrů byly ponechány stejné jako v předchozích scénářích. (Míra osobní ochrany = 20 %, Míra omezení počtu kontaktů = 25 %, Míra prevence a léčby 50 %).

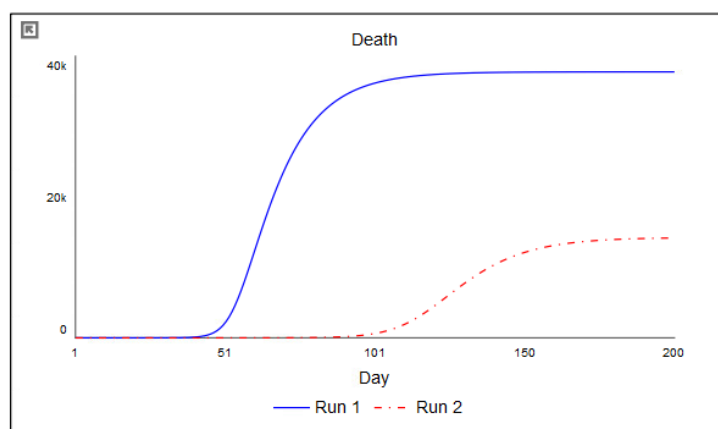
Simulace modelu se Scénářem 3 znázorňující změny počtu nakažených za čas, viz Obrázek 21. Simulace modelu se Scénářem 3 znázorňující změny počtu hospitalizovaných za čas, viz Obrázek 22Obrázek 19. Simulace modelu se Scénářem 3 znázorňující změny počtu zemřelých za čas, viz Obrázek 23.



Obrázek 21 - Scénář 3: Simulace – Počet nakažených za čas Run 1: bez ochranných opatření a jakékoli prevence a léčby, Run 2: Míra osobní ochrany = 20 %, Míra omezení počtu kontaktů = 25 %, Míra prevence a léčby 50 % (vlastní zpracování)



Obrázek 22 - Scénář 3: Simulace – Počet hospitalizovaných za čas Run 1: bez ochranných opatření a jakékoli prevence a léčby, Run 2: Míra osobní ochrany = 20 %, Míra omezení počtu kontaktů = 25 %, Míra prevence a léčby 50 % (vlastní zpracování)

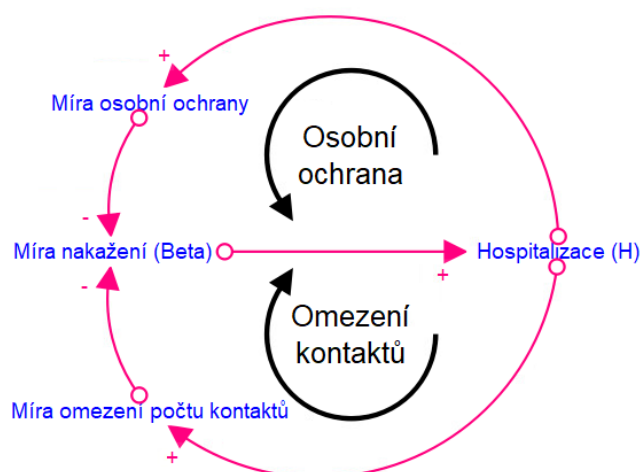


Obrázek 23 - Scénář 3: Simulace – Počet nakažených za čas Run 1: bez ochranných opatření a jakékoli prevence a léčby, Run 2: Míra osobní ochrany = 20 %, Míra omezení počtu kontaktů = 25 %, Míra prevence a léčby 50 % (vlastní zpracování)

Na grafickém porovnání (Obrázek 21) v podobě dvou křivek lze pozorovat, že bez jakýchkoli zavedených ochranných opatření, bez prevence a léčby, je počet nakažených vysoký se strmým trendem, tzn. nakažených v čase velmi rychle přibývá (modrá křivka – Run 1). Po zvýšení osobní ochrany a omezení kontaktů mezi lidmi (Scénář 1) a zároveň zvýšení míry prevence a kvality nebo dostupnosti léčby (Scénář 2) lze pozorovat, že se křivka velmi zploštila (červená čerchovaná křivka – Run 2), posunula doprava a snížil se vrchol celkového počtu nakažených. Na obrázku znázorňujícím vliv na počet hospitalizovaných (Obrázek 22) lze pozorovat obdobné trendy jako u již popsaného znázornění vlivu na počet nakažených, křivka se zde dokonce zploštila ještě více. Na třetím znázornění je vliv na počet zemřelých v čase (Obrázek 23) lze pozorovat velký pokles úmrtí. Scénář 3 tedy ukazuje, jak je důležité kombinovat ochranná a preventivní opatření a zajistit včasnou a kvalitní léčbu. Zdravotnický systém je tak pod menší zátěží, zvládá se např. lépe soustředit na pacienty ve vážném stavu a zároveň pomocí prevence takovým případům více předcházet.

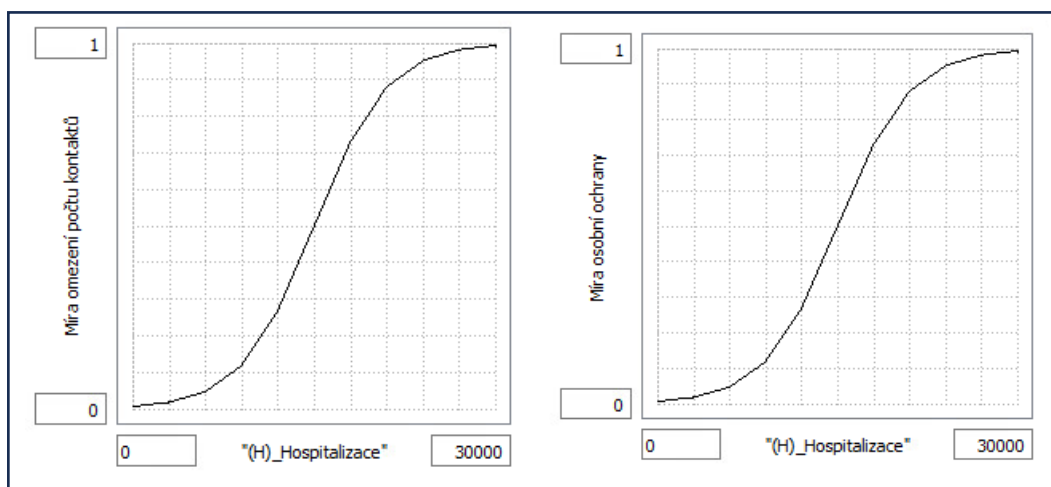
4.3.4 Scénář 4 – Vliv kapacity zdravotní péče na dodržování ochranných opatření

Scénář 4 byl sestaven na základě předchozích scénářů, ovšem byl přidán údaj týkající se kapacity lůžek v nemocnicích ČR. Pro účely tohoto scénáře byla stanovena hodnota této kapacity na 30 tisíc lůžek (Černý, Nákaza COVID-19 a systém lůžkové péče ČR). Pro přehled byl vytvořen CLD diagram zpětnovazební smyčky, který je základem pro Scénář 4 (níže na obrázku, viz Obrázek 24).



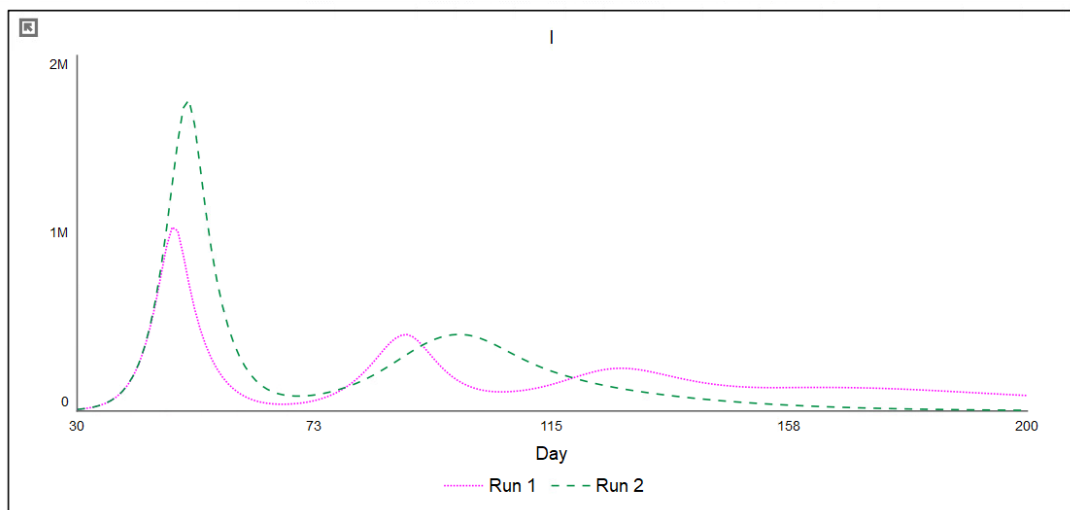
Obrázek 24 - CLD pro Scénář 4 – Vliv kapacity zdravotní péče na dodržování ochranných opatření (vlastní zpracování)

Pro simulaci Scénáře 4 nebudou parametry ochranných opatření fixně určeny, ale vyjádřeny pomocí logistické funkce (osa „y“ – vybraný parametr $<0 - 1>$ (%), osa „x“ – (H) hospitalizace = $<0 - 30\,000>$). Hodnota 30 000 vyjadřuje kapacitu nemocnic - celkový počet nemocničních lůžek v ČR, který byl během pandemie SARs-Cov2 k dispozici. Míra účinnosti prevence a léčby bude zachována z dřívějších scénářů jako fixní hodnota 50 %. První porovnání bude provedeno s hodnotou Míry účinnosti prevence 0 % (Run 1), druhé porovnání s hodnotou Míry účinnosti prevence 50 % (Run 2).

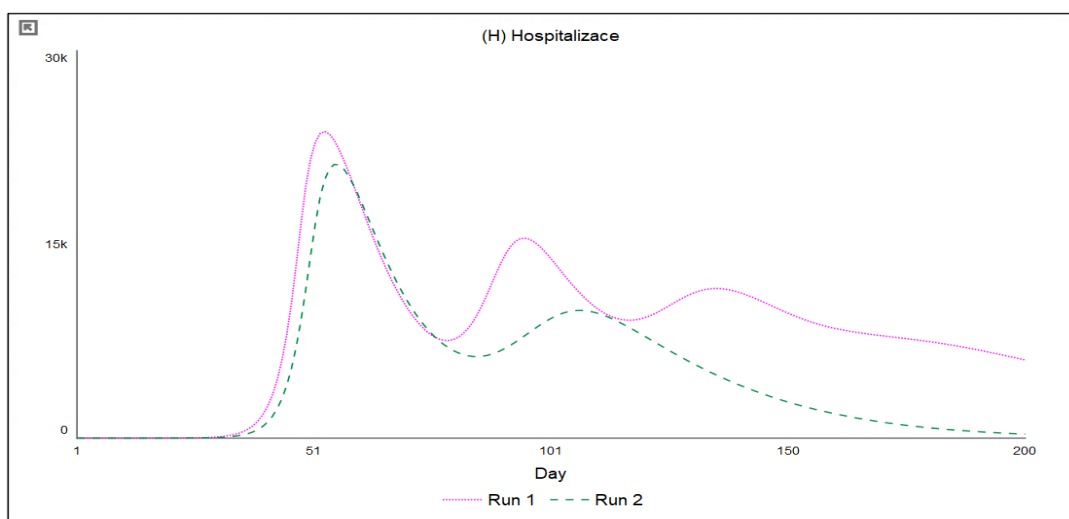


Obrázek 25 - - Scénář 4: Vyjádření parametrů Míra osobní ochrany a Míra omezení kontaktů logistickou funkcí (vlastní zpracování)

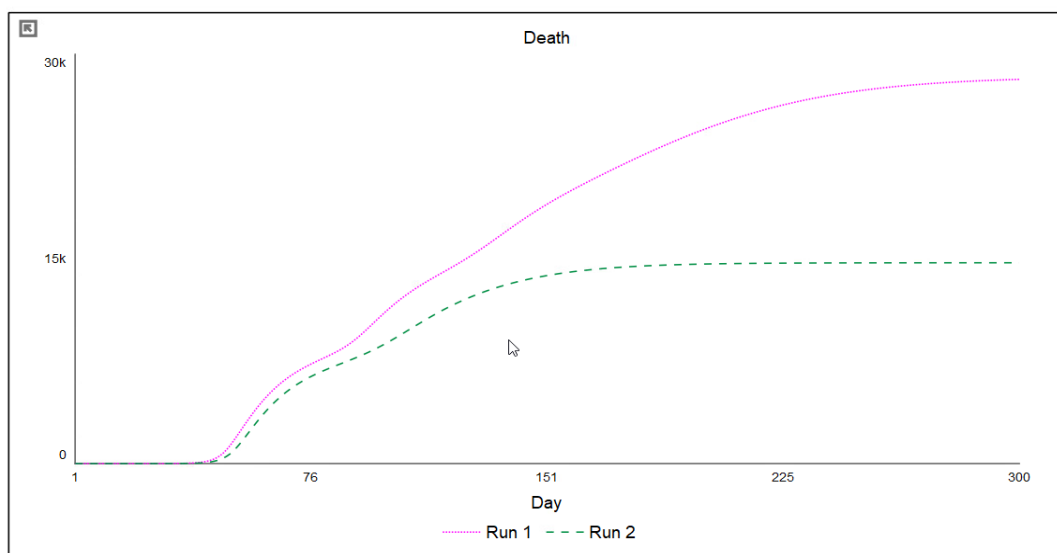
Simulace modelu se Scénářem 4 znázorňující změny počtu nakažených za čas, viz Obrázek 26. Simulace modelu se Scénářem 4 znázorňující změny počtu hospitalizovaných za čas, viz Obrázek 27. Simulace modelu se Scénářem 4 znázorňující změny počtu zemřelých za čas, viz Obrázek 28.



Obrázek 26 - Scénář 4: Simulace – Počet nakažených za čas Run 1: Míra osobní ochrany a Míra omezení kontaktů logistikou funkcí dle kapacit nemocnic, Run 2: Míra osobní ochrany a Míra omezení kontaktů logistikou funkcí dle kapacit nemocnic a Míra prevence a léčby 50 %, (vlastní zpracování)



Obrázek 27 - Scénář 4: Simulace – Počet hospitalizovaných za čas Run 1: Míra osobní ochrany a Míra omezení kontaktů logistikou funkcí dle kapacit nemocnic, Run 2: Míra osobní ochrany a Míra omezení kontaktů logistikou funkcí dle kapacit nemocnic a Míra prevence a léčby 50 % (vlastní zpracování)



Obrázek 28 - Scénář 4: Simulace – Počet zemřelých za čas Run 1: Míra osobní ochrany a Míra omezení kontaktů logistikou funkcí dle kapacit nemocnic, Run 2: Míra osobní ochrany a Míra omezení kontaktů logistikou funkcí dle kapacit nemocnic a Míra prevence a léčby 50 % (vlastní zpracování)

Na grafickém znázornění první části scénáře (růžová křivka – Run 1, u všech grafů) v podobě dvou křivek vyjadřujících počty nakažených (Obrázek 26) za daný čas lze pozorovat, že ochranná opatření mají významný vliv na změny nárůstů nakažených, neboť se chování lidí přizpůsobuje dané epidemiologické situaci. Stejný trend je pozorován i na grafu pro Hospitalizaci (růžová křivka – Run 1) (Obrázek 27), zde si lze všimnout, jak významně lze ovlivnit počet hospitalizovaných dodržováním ochranných opatření. Pokud roste počet hospitalizovaných (1. pík), lidé jsou poté opatrnější, a více dodržují ochranná opatření, což má za následek snížení růstu počtu nakažených i hospitalizovaných. Poté, co se však tyto počty sníží, lidé mohou být opět méně obezřetní, což může vést k dalšímu nárůstu nakažených, a následně hospitalizovaných (2. pík).

V porovnání s druhou částí scénáře – zavedení parametru Míry účinnosti prevence a léčby (50 %) jsou u grafu s počty nakažených (Obrázek 26) i u grafu s počty hospitalizovaných (Obrázek 27) pozorovatelné změny.

Počet nakažených (Obrázek 26) vyjádřen zelenou čerchovanou křivkou (Run 2) je oproti Run 1 vyšší, protože lidé zatím nedodržují moc ochranných ani preventivních opatření (zelená křivka – 1. pík), v čase se ale chování lidí mění, a začnou dodržovat opatření, chránit se, využívat prevenci, proto je následná vlna (zelená křivka - 2. pík) velmi zploštělá a počet nakažených významně nižší než v předchozí vlně.

Počet hospitalizovaných (Obrázek 27) vyjádřen zelenou čerchovanou křivkou - Run 2 je oproti Run 1 v 1. píku jen mírně nižší, a to právě proto, že nakažených je více (výše popsany trend zelené křivky u předchozího grafu (Obrázek 26). Dále si lze všimnout, že trend křivky Run 2 je oproti Run 1 zmírněn do jedné plošší vlny (zelená křivka - 2. pík), což je vyústěním změny chování lidí v populaci, kdy je k dispozici prevence v podobě např. očkování a kvalitní léčba.

V posledním grafu (Obrázek 28) je porovnání počtu zemřelých. V porovnání Run 1 a Run 2 je vidět, jak lze pomocí preventivních a ochranných opatření snížit počty zemřelých. V závěru lze říci, že kombinovat ochranná a preventivní opatření, a zajistit včasnou a kvalitní léčbu, je významné pro zachraňování lidských životů. Zdravotnický systém je tak pod menší zátěží, zvládá se např. lépe soustředit na pacienty ve vážném stavu a zároveň pomocí prevence takovým případům více předcházet.

5 Závěr a doporučení

Bakalářská práce je zaměřena na tvorbu a analyzování kompartmentových modelů v kontextu epidemiologických situací. Jedním z hlavních stanovených cílů bylo porozumění systémové dynamice a představení základů teorie systémů v souvislosti s oborem epidemiologie. Tato témata byla podrobně popsána v teoretické části této práce. Dále se práce věnovala pochopení a popisu modelování a simulace systémů pro epidemiologické situace. Byly popsány různé druhy základních v praxi využívaných kompartmentových modelů pro analýzu epidemií. V praktické části byly teoretické znalosti využity pro vytváření vlastních epidemiologických modelů. Jednalo se o modely SIR a SIRD, kde se pracuje s hodnotami: velikost sledované populace během epidemie, počet nakažených jedinců, počet zemřelých a počet uzdravených. Následně bylo provedeno rozšíření modelu SIRD, které zahrnovalo i pravděpodobnost hospitalizace, a úmrtí s tím související. Do modelů byly vkládány hodnoty, které byly co nejvíce odpovídající reálnému průběhu pandemie SARS-Cov2.

Tvorba kompartmentového modelu SIR a jeho rozšíření byly prováděny v programu Stella Professional. Tento program je v praxi hojně využíván a umožňuje provádět i porovnání mezi simulacemi po změně hodnot parametrů. Možnost takového porovnání byla využita v závěru praktické části, kde byla provedena validace modelu a what-if analýza. V praxi existují i další nástroje pro modelování pomocí systémové dynamiky. V dřívější době byl výběr více omezený, protože byli analytici omezeni výpočetním výkonem svých počítačů. Dnes je již možné provádět velmi komplexní simulace, a to téměř okamžitě. Nejvíce využívanými softwarovými nástroji jsou kromě již zmíněné Stelly Professional také např. Vensim, MATLAB. V návaznosti na tuto práci by se nabízelo využití i těchto dalších dostupných nástrojů pro modelování a provést porovnání mezi nimi a jejich možnostmi.

Na základě validace modelu bylo ověřeno, že model je dostatečně robustní a chová se dle očekávání, tzn. vztahy v modelu odpovídají reálnému systému. Proto by jej bylo možné nadále rozvíjet, tzn. přidávat další hodnoty, a dosahovat tak detailnější simulace bližší reálnému chování populace a epidemie, které populace čelí.

Díky what-if analýze bylo zjištěno, jak lze ovlivňovat pomocí významných vstupních proměnných modelu šířením infekčního onemocnění. Tyto získané výsledky by bylo možné dále využít pro návrhy řešení, jak lépe šíření onemocnění kontrolovat v reálném světě. Tuto analýzu by bylo možné také nadále rozšiřovat, a odhalovat tak další faktory, které mají vliv na výsledný počet infikovaných, zemřelých, vyléčených. Parametry by bylo možné více konkretizovat, např. zaměřit se na konkrétní mutaci

viru SARS-Cov-2 a přidat parametry vakcinace jako jednotlivé druhy vakcín a jejich účinnosti proti této variantě viru.

Díky neustálé modernizaci těchto nástrojů a vzniku dalších je možné získávat detailnější a přesnější modely. Pro tvorbu modelů je však důležité mít k dispozici také dostatek reálných dat. V posledních několika letech se dostupnost dat velmi zlepšila, mnoho databází je více transparentních ve sdílení epidemiologických dat. Přístup k datům je tak snazší, a lze lépe verifikovat, zda se model blíží svým chováním realitě.

Lze také podotknout, že v posledních několika desítkách let se modelování dynamického systému nebo jevů, ať už přírodních nebo jiných, stalo důležitým nástrojem. Modelování pomocí systémové dynamiky se stalo jedním z klíčových nástrojů především v oboru epidemiologie pro modelování infekčních onemocnění. Je tak dosahováno lepšího pochopení a analýzy šíření infekčních onemocnění.

Kromě jiného lze díky simulaci modelu navrhovat opatření pro kontrolu šíření onemocnění nebo např. vytvářet predikce o účinnosti vakcinace aj. Přesah z teoretických znalostí do epidemiologické praxe je již běžně využíván. Např. právě pro pandemii SARS-Cov-2 bylo takových predikcí v mnohých zemích využíváno, a to včetně České republiky. Dle rad epidemiologických expertů, kteří těchto znalostí využívali, byly poté nastaveny i některá vládní opatření a monitoring pandemie, které v realitě pomáhaly snižovat zátěž na zdravotnických systémech v ČR.

V nynější době po skočení této pandemie jsou nadále ze získaných dat tvořeny modely pro SARS-Cov-2. Výsledky takových simulací mohou v budoucnu pomoci jednotlivým zemím lépe predikovat chování své populace v době epidemiologické krize nebo také lépe předpovídat, jak by měl být připraven jejich zdravotnický systém apod.

Do blízké budoucnosti lze předpokládat, že díky aktuálně rychle se rozvíjejícím nástrojům umělé inteligence a strojového učení bude dosaženo zlepšení v přesnosti a relevanci epidemiologických modelů i modelování pro jiné obory. Již nyní je totiž využíváno modelování pomocí systémové dynamiky v reálném čase a možnosti vizualizace simulovaných dat jsou velmi rozsáhlé.

Je proto pravděpodobné, že modelování bude v budoucnu sofistikovanější a inovativnější. Díky umělé inteligenci bude možné lépe a rychleji predikovat vývoj onemocnění a identifikovat vzorce ve velkých souborech dat z minulých epidemiologických situací a přirovnávat je tak k těm aktuálním. Zároveň lze předpokládat, že tyto nástroje pomohou lépe se rozhodovat v krizových situacích, protože budou umět situace lépe shrnout a identifikovat kritické vztahy. Do modelů

bude možné zanést specifické demografické, sociální a demografické faktory, sociální média aj. a aplikovat modely na konkrétní populaci s daným genofondem apod.

Na základě zkušeností z této práce lze doporučit pro příště zahrnout i multiagentní systém s využitím nástrojů umělé inteligence. Nabízelo by se také využití i dalších dostupných nástrojů pro modelování, jako je např. MATLAB a Vensim, a provést porovnání mezi nimi a jejich možnostmi.

Zdroje

ANDERSON, R. M. Discussion: The Kermack-McKendrick epidemic threshold theorem. Bulletin of Mathematical Biology [online]. **1991**, 53, 1–32 [cit. 2023-07-14]. Dostupné z: doi:10.1007/BF02464422.

BACKLUND, A. The definition of system. Kybernetes [online]. **2000**, 4(29), 444–451 [cit. 2022-08-21]. Dostupné z: doi:10.1108/03684920010322055.

BÁRTLOVÁ, T. Matematika koronaviru: Tajemství čísla R. Online. In: Wwww.matfyz.cz/. **2020**. Dostupné z: <https://www.matfyz.cz/clanky/matematika-koronaviru-tajemstvi-cisla-r>. [cit. 2023-12-23].

BILLAH, M. A., M. M. MIAH a M. N. KHAN. Reproductive number of coronavirus: A systematic review and meta-analysis based on global level evidence. PloS one [online]. **2020**, 11(15) [cit. 2023-09-20]. Dostupné z: doi:10.1371/journal.pone.0242128.

BARROSO, Guillem. “All models are wrong, but some are useful”. George E. P. Box. In: Wwww.lacan.upc.edu [online]. **2018** [cit. 2022-08-21]. Dostupné z: <https://www.lacan.upc.edu/admoreWeb/2018/05/all-models-are-wrong-but-some-are-useful-george-e-p-box/>

BÁRTLOVÁ, T. Matematika koronaviru: Matematické modely šíření epidemie. In: Wwww.matfyz.cz [online]. **2020** [cit. 2022-08-21]. Dostupné z: <https://www.matfyz.cz/clanky/matematika-koronaviru-matematicke-modely-sireni-epidemie>

BASSINGTHWAIGHTE, J.B., E. BUTTERWORTH, B. JARDINE a G. M. RAYMOND. Compartmental Modeling in the Analysis of Biological Systems. Computational Toxicology: Methods in Molecular Biology [online]. **2012**, 17(929), 391–438 [cit. 2023-07-14]. Dostupné z: doi:10.1007/978-1-62703-050-2_17.

BJØRNSTAD, O., K. SHEA, M. KRZYWINSKI N. ALTMAN. Modeling infectious epidemics. Nature Methods [online]. **2020**, (17), 455–456 [cit. 2022-08-21]. Dostupné z: doi:10.1038/s41592-020-0822-z

BUREŠ, V. Systémové myšlení pro manažery. 1. PROFESSIONAL PUBLISHING, **2011**. ISBN 978-80-7431-037-9.

BUREŠ, V. Theory and Practice in System Dynamics Modelling. Online. In: Systems. 2018. Dostupné z: https://www.mdpi.com/journal/systems/special_issues/system_dynamics_modelling. [cit. 2024-01-20].

BERTALANFFY, L. General System Theory: Foundations, Development, Applications. 1. New York: GEORGE BRAZILLER, **1969**. ISBN 9780807600153.

CARTOCCI, A., G. CEVENINI a P. BARBINI. A compartment modeling approach to reconstruct and analyze gender and age-grouped CoViD-19 Italian data for decision-making strategies. *Journal of Biomedical Informatics* [online]. **2021**, (118) [cit. 2023-08-13]. Dostupné z: doi:10.1016/j.jbi.2021.103793.

CUI, Z.; LUO, W. a CHEN, R. Comparing T- and B-cell responses to COVID-19 vaccines across varied immune backgrounds. *Online. Sig Transduct Target Ther.* **2023**, roč. 8, č. 179. Dostupné z: <https://doi.org/10.1038/s41392-023-01422-7>. [cit. 2023-11-26].

ČERNÝ, V. Nákaza COVID-19 a systém lůžkové péče ČR [online]. In: . [cit. 2024-01-07]. Dostupné z: <https://www.uzis.cz/res/file/covid/20200917-cerny.pdf>

Datové sady: COVID-19: Celkový (kumulativní) počet osob s prokázanou nákazou dle krajských hygienických stanic včetně laboratoří, počet vyléčených, počet úmrtí a provedených testů (v2). *Online. In: Onemocnění-aktualne.mzcr.cz.* 23. 12. 2023. Dostupné z: <https://onemocneni-aktualne.mzcr.cz/api/v2/covid-19>. [cit. 2023-12-23].

DICKER, R., F. CORONAD a D. KOO. Epidemic Disease Occurrence. In: *Principles of Epidemiology in Public Health Practice: An Introduction to Applied Epidemiology and Biostatistics* [online]. 3. Atlanta: U.S. DEPARTMENT OF HEALTH AND HUMAN SERVICES, **2012**, s. 72 [cit. 2023-07-14]. ISBN B005V99H4K. Dostupné z: <https://www.cdc.gov/csels/dsepd/ss1978/ss1978.pdf>

FITZHARRIS, A. Stella: Sophisticated Dynamics without Complex Mathematics, Teaching Mathematics and its Applications. *An International Journal of the IMA* [online]. **1978**, 4(17), 171–183 [cit. 2023-09-19]. Dostupné z: doi:10.1093/teamat/17.4.171.

GRAÑA, C.; GHOSN, L.; EVRENOGLOU, T.; JARDE, A.; MINOZZI, S. et al. Efficacy and safety of COVID-19 vaccines. *Online. Cochrane Database Syst Rev.* **2022**, roč. 12, č. 12, s. CD015477. Dostupné z: <https://doi.org/10.1002/14651858>. [cit. 2023-11-26].

GREENHALGH, S. a C. ROZINS. A generalized differential equation compartmental model of infectious disease transmission. *Infectious Disease Modelling* [online]. **2021**, (6), 1073–1091 [cit. 2023-07-14]. Dostupné z: doi:10.1016/j.idm.2021.08.007.

HOLČÍK, J., O. FOJT. Modelování biologických systémů. 1. Brno: Ústav biomedicínského inženýrství, **2001**. ISBN ISBN 80-214-2023-5.

HUANG, Y. a Q. ZHU. Game-Theoretic Frameworks for Epidemic Spreading and Human Decision-Making: A Review. *Dynamic games and applications* [online]. 2022, 12(1), 7–48 [cit. 2023-11-05]. Dostupné z: doi:10.1007/s13235-022-00428-0.

IDOWU, I. Mathematical Modelling: Modelling the Spread of Diseases with SIRD Model [online]. In: . *Data Science Blogathon*, **2021** [cit. 2023-08-13]. Dostupné z: <https://www.analyticsvidhya.com/blog/2021/08/mathematical-modelling-modelling-the-spread-of-diseases-with-sird-model/>

Iseesystems [online]. [cit. 2023-09-19]. Dostupné z: <https://www.iseesystems.com/store/products/overview.aspx>

KERMACK, W.O. a **A.G. MCKENDRICK**. Contributions to the mathematical theory of epidemics. Bulletin of Mathematical Biology [online]. **1991**, (53), 33–55 [cit. 2023-08-03]. Dostupné z: doi:10.1007/BF02464423.

KLEMENT, M. Teorie systémů: Úvod do teorie systémů. 1. Univerzita Palackého: Vydavatelství Univerzity Palackého, **2022**, 58 s. ISBN 978-80-244-6110-6.

LIU, H., C. **LIU** a T. **FENG**. Global dynamics of an SIS compartment model with resource constraints. Journal of applied mathematics & computing [online]. **2023**, 3(69), 2657–2673 [cit. 2023-08-13]. Dostupné z: doi:10.1007/s12190-023-01851-1.

MARINOV, T.T. a R.S. **MARINOVA**. Adaptive SIR model with vaccination: simultaneous identification of rates and functions illustrated with COVID-19. Scientific Reports [online]. **2022**, 12(15688) [cit. 2023-09-18]. Dostupné z: doi:10.1038/s41598-022-20276-7.

MERRITT, J. What are mental models?. In: Iseesystems.com [online]. **2010** [cit. 2022-08-21]. Dostupné z: <https://blog.iseesystems.com/systems-thinking/what-are-mental-models/>

MUKANDAVIRE, Z., A. B. **GUMEL**, W. **GARIRA** a J.M. **TCHUENCHE**. Mathematical analysis of a model for HIV-malaria co-infection. Math Biosci Eng [online]. **2009**, 6(2), 333–62 [cit. 2023-07-14]. Dostupné z: doi:10.3934/mbe.2009.6.333.

MWALILI, S., M. **KIMATHI**, V. **OJAMBO**, D. **GATHUNGU** a R. **MBOGO**. SEIR model for COVID-19 dynamics incorporating the environment and social distancing. Biomed Central research notes [online]. **2020**, 13(352), 1 [cit. 2023-09-18]. Dostupné z: doi:10.1186/s13104-020-05192-1.

NÁRODNÍ ZDRAVOTNICKÝ INFORMAČNÍ SYSTÉM. Onemocnění aktuálně [online]. [cit. 2023-09-22]. Dostupné z: <https://onemocneni-aktualne.mzcr.cz/covid-19>

NESTERUK, I. Classical SIR Model and the Exact Solution of Differential Equations. In: COVID-19 Pandemic Dynamics: Mathematical Simulations [online]. Institute of Hydromechanics National Academy of Sciences of Ukraine Kyiv, Ukraine: Springer, **2021**, s. 24–25 [cit. 2023-07-14]. ISBN 978-981-33-6416-5. Dostupné z: <https://link.springer.com/book/10.1007/978-981-33-6416-5>

NESTERUK, I. General SIR Model and Its Exact Solution. In: COVID-19 Pandemic Dynamics: Mathematical Simulations [online]. Institute of Hydromechanics, Ukraine: Springer, **2021**, s. 127–132 [cit. 2023-08-03]. ISBN 978-981-33-6415-8.

PELÁNEK, R. Modelování a simulace komplexních systémů: Jak lépe porozumět světu. 1. Brno: Masarykova univerzita, **2011**. ISBN 978-80-210-5318-2.

PLEVKA, P. a R. **VÁCHA**. Studie: Rozsah epidemie COVID-19 je větší, než říkají zveřejňovaná čísla [online]. In: . **2020** [cit. 2023-09-22]. Dostupné z: <https://www.em.muni.cz/vite/13340-rozsah-epidemie-covid-19-je-vetsi-nez-rikaji-zverejnovana-cisla>

Předávací úložiště ÚZIS ČR: Dostupnost kapacit 2020-10 (říjen 2020) - Soubory. Online. In: . Dostupné z: [https://share.uzis.cz/s/fbCgFKagS6fCrzc?path=%2F2020%2F2020-10%20\(%2C5%99%C3%ADjen%202020\)](https://share.uzis.cz/s/fbCgFKagS6fCrzc?path=%2F2020%2F2020-10%20(%2C5%99%C3%ADjen%202020)). [cit. 2023-11-25].

Principles of Epidemiology in Public Health Practice: Lesson 1: Introduction to Epidemiology [online]. 3. Atlanta: Centers for Disease Control and Prevention, **2012**, s. 1-2 [cit. 2022-08-21]. Dostupné z: <https://www.cdc.gov/csels/dsepd/ss1978/SS1978.pdf>

PŘIBYLOVÁ, L.; ECLEROVÁ, V.; MÁJEK, O.; JARKOVSKÝ, J.; PAVLÍK, T. et al. Using real-time ascertainment rate estimate from infection and hospitalization dataset for modeling the spread of infectious disease: COVID-19 case study in the Czech Republic. Online. PloS one. **2023**, roč. 18, č. 7, s. e0287959. Dostupné z: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0287959>. [cit. 2023-11-25].

RAKSHIT, P., S. KUMAR, S. NOEIAGHDAM, U. FERNANDEZ-GAMIZ, M. ALTANJI a S. S. SANTRA. Modified SIR model for COVID-19 transmission dynamics: Simulation with case study of UK, US and India. Results in physics [online]. **2022**, (40) [cit. 2023-09-20]. Dostupné z: [doi:10.1016/j.rinp.2022.105855](https://doi.org/10.1016/j.rinp.2022.105855).

Reprodukční číslo. Online. In: Wwww.nzip.cz. Dostupné z: <https://www.nzip.cz/rejstrikovy-pojem/1111>. [cit. 2023-12-23].

RYDING, S., S. COVENEY. Pandemic vs. Epidemic. In: Wwww.news-medical.net [online]. **2021** [cit. 2022-08-21]. Dostupné z: <https://www.news-medical.net/health/Pandemic-vs-Epidemic.aspx>

Section 11: Epidemic Disease Occurrence: Level of disease. In: CDC [online]. **2018** [cit. 2023-07-14]. Dostupné z: <https://www.cdc.gov/csels/dsepd/ss1978/lesson1/section11.html>

SCHILLING, J.; DIERCKE, M.; ALTMANN, D.; HAAS, W. a BUDA, S. Krankheitsschwere von COVID-19, Nowcasting: Erkrankungsfälle und Reproduktionszahl. Online. Epidemiologisches Bulletin. **2020**, s. 15-17. ISSN 2569-5266. Dostupné z: https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Archiv/2020/Ausgaben/17_20.pdf?__blob=publicationFile. [cit. 2023-12-23].

SILVERMAN, E., U. GOSTOLI a S. PICASCIA. Situating agent-based modelling in population health research. Emerging Themes in Epidemiology [online]. **2021**, 10(18) [cit. 2023-11-05]. Dostupné z: [doi:10.1186/s12982-021-00102-7](https://doi.org/10.1186/s12982-021-00102-7).

STEWART, K. Epidemic vs Pandemic. In: Technology Networks [online]. **2019** [cit. 2023-07-14]. Dostupné z: <https://www.technologynetworks.com/immunology/articles/epidemic-vs-pandemic-323471>

TAFFE, W. J. Simulation and Modelling with Stella A General Education Course [online]. Plymouth, **1991** [cit. 2023-09-19]. Dostupné z: <https://dl.acm.org/doi/pdf/10.1145/107005.107021>.

Things You Should Know about COVID-19 Vaccines. Online. In: National Center for Immunization and Respiratory Diseases. **2023**, s. 1. Dostupné z: <https://www.cdc.gov/respiratory-viruses/whats-new/5-things-you-should-know.html>. [cit. 2023-11-26].

Understanding Feedback Loops. In: [Www.goldsim.com](http://www.goldsim.com) [online]. [cit. 2022-08-20]. Dostupné z: <https://www.goldsim.com/Courses/BasicGoldSim/Unit8/Lesson2/>

YADAV, S. K a Y. AKHTER. Statistical Modeling for the Prediction of Infectious Disease Dissemination With Special Reference to COVID-19 Spread. *Frontiers in public health* [online]. **2021**, 9(645405) [cit. 2023-11-05]. Dostupné z: [doi:10.3389/fpubh.2021.645405](https://doi.org/10.3389/fpubh.2021.645405).

YONG, J. C. a B. K. CHOY. Noncompliance With Safety Guidelines as a Free-Riding Strategy: An Evolutionary Game-Theoretic Approach to Cooperation During the COVID-19 Pandemic. *Frontiers in Psychology* [online]. **2021**, 12 [cit. 2023-11-05]. Dostupné z: [doi:10.3389/fpsyg.2021.646892](https://doi.org/10.3389/fpsyg.2021.646892).

Podklad pro zadání BAKALÁŘSKÉ práce studenta

Jméno a příjmení: **Martin Donát**
Osobní číslo: **I2000273**
Adresa: **Běloveská 1597, Náchod, 54701 Náchod 1, Česká republika**
Téma práce: **Analýza epidemiologických situací pomocí systémové dynamiky**
Téma práce anglicky: **Analysis of epidemiological situations using system dynamics**
Jazyk práce: **Čeština**
Vedoucí práce: **prof. Ing. Vladimír Bureš, Ph.D., MBA**
Katedra informačních technologií

Zásady pro vypracování:

Student vytvoří přehled epidemiologických modelů a transformuje je do diagramů systémové dynamiky.

Seznam doporučené literatury:

Coronavirus & Epidemic Modeling [online]. 11 Mar 2020. Dostupné z: <https://vensim.com/coronavirus/>
COVID-19 Pandemic Dynamics. Mathematical Simulations [online]. December 2020. Dostupné z: doi:10.1007/978-981-33-6416-5

Podpis studenta:

Datum:

Podpis vedoucího práce:

Datum: