

ห้องสมุดงานวิจัย สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ



E47373



**MATHEMATICAL ANALYSIS OF SEIRS EPIDEMIC MODEL
WITH TRANSPORT-RELATED INFECTION**

MR. ADISAK DENPHETNONG

**A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT OF THE REQUIREMENTS
FOR THE DEGREE OF MASTER OF SCIENCE (APPLIED MATHEMATICS)**

DEPARTMENT OF MATHEMATICS

FACULTY OF SCIENCE

KING MONKUT'S UNIVERSITY OF TECHNOLOGY THONBURI

2011

600254964

ห้องสมุดงานวิจัย สำนักงานคณะกรรมการการวิจัยแห่งชาติ



E47373

Mathematical analysis of *SEIRS* epidemic model
with transport-related infection

Mr. Adisak Denphetnong B.Sc. (Mathematics)

A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements for
the Degree of Master of Science (Applied Mathematics)
Department of Mathematics
Faculty of Science
King Mongkut's University of Technology Thonburi
2011

Thesis Committee

Sanoe Koonprasert
.....
(Assoc. Prof. Sanoe Koonprasert, Ph.D.)

Chairman

Wirawan Chinviriyasit
.....
(Asst. Prof. Wirawan Chinviriyasit, Ph.D.)

Member and Thesis Advisor

Waraporn Chatanin
.....
(Lect. Waraporn Chatanin, Ph.D.)

Member

Boonserm Kaewkamnerdpong
.....
(Lect. Boonserm Kaewkamnerdpong, Ph.D.)

Member

Copyright reserved



Thesis Title	Mathematical analysis of <i>SEIRS</i> epidemic model with transport-related infection
Thesis Credits	12
Candidate	Mr. Adisak Denphetnong
Thesis Advisor	Asst. Prof. Dr. Wirawan Chinviriyasit
Program	Master of Science
Field of Study	Applied Mathematics
Department	Mathematics
Faculty	Science
B.E.	2554

Abstract

E47373

Transportation amongst cities is found as one of the main factors which affect the outbreak of diseases. To understand the effect of transport-related infection on disease spread, an *SEIRS* (Susceptible, Exposed, Infectious, Recovered) epidemic model for two cities is developed in this research. The threshold value of the model is derived which is called the basic reproduction number. Stability analysis of the model shows that the disease-free equilibrium is locally asymptotically stable, if the basic reproduction number is less than unity. Thus, the disease can be eradicated from the community. On the other hand, if the basic reproduction number is greater than unity, the endemic equilibrium is locally asymptotically stable. This means that the disease will persist within the community. Numerical results show that transportation amongst cities without transport-related infection can bring the disease from one city to another city. The effect of transport-related infection is explored. It is found that transport-related infection intensifies the disease spread if infectious diseases break out to cause an endemic situation in each city, in the sense that, the number of patients increase. Moreover, the developed model is used to study the dynamics of severe acute respiratory syndrome (SARS) in two cities. The results obtained show that the transport-related infection has the effect of increasing the numbers of infected individuals and to make the spread of disease faster. This suggests that it is essential to strengthen restrictions of passengers once an infectious disease has appeared.

Keywords : *SEIRS* epidemic model / Transport-related infection / Stability /
Basic reproduction number

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การวิเคราะห์ทางคณิตศาสตร์ของแบบจำลองการระบาด <i>SEIRS</i> กับ การติดเชื้อที่สัมพันธ์กับการเดินทาง
หน่วยกิต	12
ผู้เขียน	นายอดิศักดิ์ เต็มเพชรหนอง
อาจารย์ที่ปรึกษา	ผศ.ดร.วิราวรรณ ชินวิริยสิทธิ์
หลักสูตร	วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต
สาขาวิชา	คณิตศาสตร์ประยุกต์
ภาควิชา	คณิตศาสตร์
คณะ	วิทยาศาสตร์
พ.ศ.	2554

บทคัดย่อ

E47373

การเดินทางระหว่างเมืองเป็นหนึ่งในปัจจัยหลักที่ส่งผลกระทบต่อการระบาดของโรค เพื่อให้เข้าใจถึงผลกระทบของการติดเชื้อที่สัมพันธ์กับการเดินทาง งานวิจัยนี้ได้พัฒนาแบบจำลองการระบาดของ *SEIRS* (กลุ่มเสี่ยงต่อการติดเชื้อ, กลุ่มพักตัวของเชื้อ, กลุ่มที่ติดเชื้อ, กลุ่มที่หายจากการเป็นโรค) สำหรับสองเมือง คำนวณค่าวิกฤตของแบบจำลองซึ่งเรียกว่า ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน การวิเคราะห์เสถียรภาพของแบบจำลองแสดงให้เห็นว่า จุดสมดุลที่อิสระจากโรคมีเสถียรภาพเชิงตำแหน่งตามแนวเส้นกำกับถ้าค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานมีค่าน้อยกว่าหนึ่ง ดังนั้นโรคสามารถถูกกำจัดจากกลุ่มประชากร ในทางกลับกันหากค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานมีค่ามากกว่าหนึ่งแล้วจุดสมดุลที่โรคคงอยู่มีเสถียรภาพเชิงตำแหน่งตามแนวเส้นกำกับ ซึ่งหมายความว่าโรคยังคงแฝงอยู่ในกลุ่มประชากร ผลเชิงตัวเลขแสดงให้เห็นว่าการเดินทางระหว่างเมืองที่ไม่คำนึงถึงการติดเชื้อที่สัมพันธ์กับการเดินทาง จะมีผลทำให้โรคกระจายจากเมืองหนึ่งไปยังอีกเมืองหนึ่ง เมื่อตรวจสอบผลกระทบการติดเชื้อที่สัมพันธ์กับการเดินทาง จะพบว่า การแพร่กระจายของโรคจะมีความรุนแรงขึ้น ถ้าโรคติดเชื้อเกิดขึ้นจนส่งผลให้มีสถานการณ์การระบาดในแต่ละเมือง ในแง่ของการเพิ่มขนาดของผู้ป่วย นอกจากนี้แบบจำลองที่พัฒนาขึ้นได้นำไปใช้เพื่อศึกษาพลวัตของโรคทางเดินหายใจเฉียบพลันรุนแรง (โรคซาร์) ในสองเมือง ผลการศึกษาพบว่าการติดเชื้อที่สัมพันธ์กับการเดินทาง จะส่งผลกระทบต่อการเพิ่มขึ้นของจำนวนผู้ที่ติดเชื้อและทำให้การระบาดของโรคเกิดเร็วขึ้น ซึ่งผลลัพธ์นี้ชี้ให้เห็นว่ามีความจำเป็นอย่างยิ่งในการเพิ่มข้อจำกัดของผู้เดินทางหากมีโรคติดเชื้อเกิดขึ้น

คำสำคัญ : แบบจำลองการระบาดของ *SEIRS* / การติดเชื้อที่สัมพันธ์กับการเดินทาง / เสถียรภาพ / ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน

ACKNOWLEDGEMENTS

I would like to express my gratitude to all people who gave me the possibility to complete this thesis. I would like to thank Asst. Prof. Dr. Wirawan Chinviriyasit, my thesis advisor for her helpful guidance, valuable suggestion and friendly encouragement during my graduate years. I am also grateful to the member of the examination committee, Assoc. Prof. Dr. Sanoë Koonprasert from the Department of Mathematics, King Mongkut's University of Technology North Bangkok, Dr. Boonserm Kaewkamnerdpong from Biological Engineering Program, Faculty of Engineering and Dr. Waraporn Chatanin from the Department of Mathematics, King Mongkut's University of Technology Thonburi, for their valuable comments and suggestions. This research is supported by the Centre of Excellence in Mathematics, the Commission on Higher Education.

Also, I am deeply indebted to all the lectures who taught me in the graduate course at the Mathematics Department of King Mongkut's University of Technology Thonburi. Thank also to the Department of Mathematics, King Mongkut's University of Technology Thonburi for giving partial financial support during the preparation of the thesis. Finally, my thanks are extended to my family who has always been my inspiration and my guiding light.

CONTENTS

	Page
ENGLISH ABSTRACT	ii
THAI ABSTRACT	iii
ACKNOWLEDGEMENT	iv
CONTENTS	v
LIST OF TABLE	vii
LIST OF FIGURES	viii
LIST OF SYMBOLS	x

CHAPTER

1.	INTRODUCTION	1
	1.1 Introduction	1
2.	LITERATURE REVIEWS AND BASIC MATHEMATICS	4
	2.1 Literature Reviews	4
	2.2 Basic Mathematics	7
	2.2.1 Linear Stability Analysis	7
	2.2.2 Linearization of Nonlinear System	8
	2.2.3 Routh–Hurwitz Criteria	10
	2.2.4 Next Generation Method	12
3.	EPIDEMIC MODEL WITH TRANSPORT-RELATED INFECTION	14
	3.1 Model Formulation	14
	3.2 Analysis of the Model	17
	3.2.1 No Individual Travels	17
	3.2.2 Only Susceptible and Exposed Individuals Travel	21
	3.2.3 All Individuals Travel Between Two Cities	26

4. NUMERICAL EXPERIMENTS	35
4.1 Experiment 1: Numerical Solutions of the Models	35
4.2 Experiment 2: Effect of Transport-Related Infection to SARS Outbreak in Hongkong	47
5. DISCUSSIONS AND CONCLUSIONS	53
REFERENCES	57
APPENDICES	60
BIOGRAPHY	68

LIST OF TABLE

TABLE	PAGE
4.1 Description and value of parameters for the models (3.5), (3.6) and (3.24)	36

LIST OF FIGURES

FIGURES	PAGE
3.1 Schematic diagram of the <i>SEIRS</i> model for transmission of a communicable disease with population travel between two cities.	17
4.1 Simulations of the model (3.6) showing the number of all individuals as a function of time using the parameter values in Table 4.1 with $\beta = 0.6$ and $\mathcal{R}_0 = 0.72 < 1$	36
4.2 Simulations of the model (3.6) showing the number of all individuals as a function of time using the parameter values in Table 4.1 with $\beta = 0.95$ and $\mathcal{R}_0 = 1.14 > 1$	37
4.3 Simulations of the model (3.24) showing the number of all individuals in two cities as a function of time using the parameter values in Table 4.1 with $\beta = 0.6$ and $\mathcal{R}_0 = 0.72 < 1$	38
4.4 Simulations of the model (3.24) showing the number of all individuals in two cities as a function of time using the parameter values in Table 4.1 with $\beta = 0.95$ and $\mathcal{R}_0 = 1.14 > 1$	39
4.5 Simulations of the model (3.5) showing the number of all individuals in two cities as a function of time using the parameter values in Table 4.1 with $\beta = 0.6$, $\gamma = 0.09$, $\mathcal{R}_0 = 0.72 < 1$ and $\mathcal{R}_{0\gamma} = 0.82 < 1$	41
4.6 Simulations of the model (3.5) showing the number of all individuals in two cities as a function of time using the parameter values in Table 4.1 with $\beta = 0.6$, $\gamma = 0.2$, $\mathcal{R}_0 = 0.72 < 1$ and $\mathcal{R}_{0\gamma} = 0.936 < 1$	42
4.7 Simulations of the model (3.5) showing the number of all individuals in two cities as a function of time using the parameter values in Table 4.1 with $\beta = 0.6$, $\gamma = 1$, $\mathcal{R}_0 = 0.72 < 1$ and $\mathcal{R}_{0\gamma} = 1.8 > 1$	43
4.8 Simulations of the model (3.5) showing the number of all individuals in two cities as a function of time using the parameter values in Table 4.1 with $\beta = 0.95$, $\gamma = 1$, $\mathcal{R}_0 = 1.14 > 1$ and $\mathcal{R}_{0\gamma} = 2.22 > 1$	44
4.9 Schematic diagram of <i>SEIRS</i> model with cumulative number of SARS cases.	48
4.10 The dynamics of the model (3.6) with the parameter values: $a = 3 \text{ day}^{-1}$, $b = 0.000034 \text{ day}^{-1}$, $c = \frac{1}{6.4} \text{ day}^{-1}$, $d = \frac{1}{4} \text{ day}^{-1}$, $e = 0.007934 \text{ day}^{-1}$, $\alpha_2 = 0.001 \text{ day}^{-1}$, $k = \frac{1}{3} \text{ day}^{-1}$ and $\beta = 0.679 \text{ day}^{-1}$	49
4.11 The trajectory of infected individuals of model (3.6) with parameters values: $a = 3 \text{ day}^{-1}$, $b = 0.000034 \text{ day}^{-1}$, $c = \frac{1}{6.4} \text{ day}^{-1}$, $d = \frac{1}{4} \text{ day}^{-1}$, $e = 0.007934 \text{ day}^{-1}$, $\alpha_2 = 0.001 \text{ day}^{-1}$, $k = \frac{1}{3} \text{ day}^{-1}$ and $\beta = 0.679 \text{ day}^{-1}$	49

- 4.12 Comparison the cumulative numbers of SARS between actual data by WHO [27] (dotted lines) and *SEIRS* model's prediction (solid lines). 50
- 4.13 The cumulative number of SARS cases of the model (3.5) with various of γ : $\gamma = 0$, $\gamma = 0.2$, $\gamma = 1$ 51
- 4.14 The trajectory of infected individuals of the model (3.5) with various of γ and other parameter values: $a = 3 \text{ day}^{-1}$, $b = 0.000034 \text{ day}^{-1}$, $c = \frac{1}{6.4} \text{ day}^{-1}$, $d = \frac{1}{4} \text{ day}^{-1}$, $e = 0.007934 \text{ day}^{-1}$, $\alpha_2 = 0.001 \text{ day}^{-1}$, $k = \frac{1}{3} \text{ day}^{-1}$, $\beta = 0.679 \text{ day}^{-1}$, and $\alpha_1 = 0.9 \text{ day}^{-1}$ 52

LIST OF SYMBOLS

Symbols	Descriptions
S_i	Susceptible individuals in city i , $i = 1, 2$
E_i	Exposed individuals in city i , $i = 1, 2$
I_i	Infected individuals in city i , $i = 1, 2$
R_i	Recovered individuals in city i , $i = 1, 2$
N_i	Total population in city i ($N_i = S_i + E_i + I_i + R_i$), $i = 1, 2$
C	Cumulative number of SARS cases
a	Recruitment rate (by birth and by immigration)
b	Natural death rate
c	Rate that exposed individuals become infected individuals
d	Transfer rate from infected individuals to recovered individuals
e	Mortality rate for infected individuals
α_2	Rate that recovered individuals become susceptible individuals
α_1	Rate that individuals of city i leave to city j , ($i, j = 1, 2$; $i \neq j$)
β	Transmission rate within a city
γ	Transport-related transmission rate
k	Rate of progression from infective to diagnosed
λ	Eigenvalue
ρ	Spectral radius
$\frac{\beta S_i I_i}{N_i}$	Incidence rate that disease is transmitted within city

Symbols	Descriptions
$\frac{\gamma\alpha_1 S_i I_i}{N_i}$	Incidence rate that disease is transmitted when the individuals in city i travel to city j , ($i, j = 1, 2; i \neq j$)
$\mathcal{R}_{0\gamma}$	Basic reproduction number of model (3.5)
\mathcal{R}_0	Basic reproduction number of model (3.6)
\mathcal{R}'_0	Basic reproduction number of model (3.24)
P_0	Disease-free equilibrium of model (3.6)
P_*	Endemic equilibrium (3.6)
P_1	Disease-free equilibrium of models (3.5) and (3.24)
P_2	Endemic equilibrium (3.24)
P_γ^*	Endemic equilibrium (3.5)
\mathcal{F}_i	Vector consisting new infection term
$\mathcal{V}_i = \mathcal{V}_i^- - \mathcal{V}_i^+$	Vector consisting the transition term
\mathcal{V}_i^-	Vector consisting the rate of transfer of individuals out of compartment i
\mathcal{V}_i^+	Vector consisting the rate of transfer of individuals into compartment i
$\tilde{\mathbf{x}}_0$	Disease-free equilibrium
$F = \left(\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_j}(\tilde{\mathbf{x}}_0) \right)$	Non-negative matrix
$V = \left(\frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_j}(\tilde{\mathbf{x}}_0) \right)$	Non-singular M -matrix