



Technische Universiteit Delft
Faculteit Elektrotechniek, Wiskunde en Informatica
Delft Institute of Applied Mathematics

**Verschillende vaccinatiestrategieën om de
verspreiding van COVID-19 te beperken**
(Engelse titel: Different vaccination strategies to
limit the spread of COVID-19)

Verslag ten behoeve van het
Delft Institute of Applied Mathematics
als onderdeel ter verkrijging

van de graad van

BACHELOR OF SCIENCE
in
TECHNISCHE WISKUNDE

door

Tess Kruyt

Delft, Nederland
Augustus 2021

Samenvatting

In dit verslag wordt de verspreiding van het SARS-coV-2-virus gemodelleerd aan de hand van een wiskundig model. Omdat verschillende leeftijden zich anders gedragen in deze verspreiding wordt de Nederlandse bevolking opgesplitst in verschillende leeftijdsklassen. Het model dat we gebruiken is het standaard SIR model. Dit bestaat uit de drie compartimenten de mensen die nog vatbaar zijn, de geïnfecteerden en de herstelden. Het model wordt verkregen met behulp van Python. Nadat de verspreiding in kaart is gebracht wordt er een vierde compartiment aan het model toegevoegd, de gevaccineerden. Vervolgens wordt er gekeken wat de invloed hiervan is. Deze invloed wordt bepaald aan de hand van drie verschillende criteria, namelijk het aantal besmettingen, het aantal sterfgevallen en de druk op de zorg. Met behulp van deze criteria wordt bepaald welke leeftijd het best als eerst geprikt kan worden. De conclusies zijn niet gebaseerd op precieze berekeningen, maar op grove schattingen.

Inhoudsopgave

1	Inleiding	3
2	Literatuuronderzoek	5
2.1	Transmissie	5
2.2	Aantal contacten	5
2.3	Next generation matrix	6
2.4	R_0 als dominante eigenwaarde	7
3	Het SIR model	10
3.1	De vatbaren, groep S.	11
3.2	De geïnfecteerden, groep I.	11
3.3	De herstelden, groep R.	12
3.4	Samenvatting	12
3.5	Typische oplossing van een SIR model.	12
4	Het SIR model met meerdere groepen	15
4.1	Het SIR model met de bevolking opgesplitst in twee groepen.	15
5	Het SIR model met vijf groepen	18
5.1	Leeftijdsgroepen	18
5.2	De vijf groepen	18
5.3	Parameters	20
5.3.1	Parameter γ	20
5.3.2	Parameter β	20
5.4	Beginwaardes	21
5.5	Oplossing van het model	22
6	Het SIRV model	25
6.1	Inleiding	25
6.2	De gevaccineerden, groep V	25
6.3	Standaard SIRV model.	26
6.3.1	Compartiment V groeit met een vaste proportie van compartiment S	27
6.3.2	Compartiment V groeit met constante snelheid	28
7	SIRV model in ons systeem van vijf groepen	31
7.1	Inleiding	31
7.2	Het stelsel van differentiaalvergelijkingen	31
7.2.1	Compartiment V groeit proportioneel met compartiment S	31
7.2.2	Compartiment V groeit met constante snelheid	32
7.3	Waardes voor parameter k	34
7.3.1	Parameter k_1	34
7.3.2	Parameter k_2	36
7.4	Conclusie	37
8	Het virus indammen	38
8.1	Totale ziektelast	38
8.2	Sterfte	39
8.2.1	Het sterftecijfer	39
8.2.2	Het aantal verloren levensjaren	40
8.3	Ziekenhuis	41
8.4	Het functioneren van de maatschappij	43
9	Conclusie	44

1 Inleiding

Sinds maart 2020 is er ontzettend veel veranderd in ons land. We zijn getroffen door een epidemie genaamd COVID-19, die wordt veroorzaakt door een besmetting met het SARS-coV-2-virus. Inmiddels (juli 2020) zijn er in Nederland, volgens de World Health Organization (WHO) [1], ruim 1.6 miljoen mensen besmet geweest met het virus. Er zijn bijna 18 duizend mensen aan het virus overleden. Dit zijn alleen de aangegeven gevallen. Er zijn ook nog genoeg besmettingen geweest die niet officieel geregistreerd zijn. De werkelijke aantallen besmettingen en sterfgevallen liggen dus nog een stuk hoger dan de net genoemde getallen. Er gelden strenge maatregelen door het hele land. Al ruim een jaar geldt de zogeheten '1,5 meter regel' en moet je dus minimaal 1,5 meter afstand houden van anderen. Om COVID-19 onder de duim te kunnen houden is het van groot belang dat heel Nederland zo snel mogelijk gevaccineerd wordt. Ook dit lijkt makkelijker gezegd dan gedaan. Er is namelijk niet een oneindige voorraad vaccins beschikbaar. Er moet dus een tactiek gevonden worden om met het beschikbare aantal het virus zo snel mogelijk onder controle te krijgen. Dit onder controle krijgen heeft verschillende betekenissen. Zo kan er verstaan worden dat de verspreiding geminimaliseerd moet worden. Er moet dan gekeken worden naar welke groep van de Nederlandse bevolking de grootste rol speelt in de verspreiding en die moet dan als eerst worden gevaccineerd om zo het virus in te dammen. Een andere maat is het ontlasten van de ziekenhuizen. In deze situatie is het van belang om te kijken wat voor mensen er in de ziekenhuizen liggen en deze bevolkingsgroep zo snel mogelijk te vaccineren. Een derde manier om het virus te onderdrukken is door het aantal sterfgevallen te reduceren. De meeste mensen die overlijden aan het virus zijn al aanzienlijk ouder of hebben andere gezondheidsproblemen. Het is dan dus van belang om hen als eerst te beschermen tegen het virus.

Voordat er gekeken kan worden naar wat de beste strategie is om het virus zo snel mogelijk onder controle te krijgen is het belangrijk om eerst te kijken naar hoe het virus zich verspreid over de Nederlandse bevolking. Om de verspreiding van een virus weer te geven wordt een SIR model gebruikt. Dit model bestaat uit drie verschillende compartimenten, namelijk de compartimenten S, I en R. Compartiment S bevat de 'susceptibles'. Dit zijn alle mensen van een bevolking of bevolkingsgroep die nog niet met het virus in contact zijn geweest. Dit is dus het compartiment met de (nog) vatbare mensen. Compartiment I is het compartiment met de 'infected' mensen. Dit compartiment bestaat uit de mensen die besmet zijn met het virus en ook anderen hier weer mee kunnen besmetten. De mensen die genezen zijn van het virus en de mensen die eraan zijn overleden worden in dit model als één groep beschouwd, namelijk de groep met de 'recovered', compartiment R. De gehele populatie wordt opgesplitst in deze drie compartimenten en dit geeft ons de volgende vergelijking, $N = S + I + R$, met N dus de gehele populatie. Vanuit compartiment S ga je naar compartiment I en vervolgens weer naar compartiment R. De verspreiding van het corona virus wordt aan de hand van dit zelfde model geanalyseerd. Om vervolgens te kunnen kijken naar de verspreiding terwijl de bevolking gevaccineerd wordt, moet er een vierde compartiment aan het model worden toegevoegd. Dit compartiment bevat, natuurlijk, het aantal gevaccineerden en wordt aangegeven met de letter V. De gehele bevolking is dan verdeeld over deze vier compartimenten en dus geldt nu $N = S + I + R + V$.

In Hoofdstuk 2 wordt het literatuuronderzoek besproken. Voordat er aan dit onderzoek begonnen kon worden waren er een paar dingen van belang om zo de waardes van verschillende parameters te bepalen. Zoals bijvoorbeeld het aantal contacten tussen verschillende individuen. Dit wordt besproken in deze sectie. In de volgende sectie, Hoofdstuk 3, wordt het standaard SIR model verder uitgewerkt. Er wordt gekeken naar hoe verschillende differentiaalvergelijkingen zijn opgesteld en het model dat daarbij hoort. Ditzelfde model wordt in Hoofdstuk 4 opgesteld voor meerdere groepen. Er wordt dan gekeken naar hoe het stelsel van differentiaalvergelijkingen verandert en de daarbij horende parameters. Vervolgens wordt het model aangepast naar de, volgens mij, best passende vorm voor de Nederlandse bevolking. Dit staat beschreven in Hoofdstuk 5. Zoals eerder al aangegeven moet er uiteindelijk een compartiment V worden toegevoegd aan het standaard SIR model om zo het SIRV model te krijgen. Dit wordt gedaan in Hoofdstuk 6. Er wordt naar verschillende manieren gekeken hoe deze groep kan worden toegevoegd. Zo wordt er gekeken of er het best een vast percentage van de bevolking geprikt kan worden of dat er juist beter een constant aantal prikken gezet moet worden. In Hoofdstuk 7 worden deze verschillende vormen van het SIRV model verwerkt in het systeem zoals beschreven in Hoofdstuk 5. Nadat compartiment V

aan het model is toegevoegd moet er een maat, of verschillende doelen, geïntroduceerd worden om te kunnen meten wat het effect is van de vaccinatie. Dit gebeurt in Hoofdstuk 8. In Hoofdstuk 9 is de conclusie te vinden.

2 Literatuuronderzoek

2.1 Transmissie

Over de transmissie van COVID-19 is nog niet alles bekend. Het virus wordt beschouwd als een 'druppelinfectie' waarbij overdracht dus vooral plaatsvindt via directe transmissie met druppels afkomstig uit de luchtwegen. Voor deze transmissie is ruimtelijke nabijheid een vereiste. Hoe groter de afstand tot een besmet persoon, hoe meer de druppels verspreid zijn en hoe kleiner de kans dus is op besmetting. Ook blijkt dat indirecte transmissie via aerogene overdracht kan plaatsvinden. Er kunnen dus zwevende infectieuze virusdeeltjes door de lucht verspreid worden. Vooral op plekken met weinig tot geen ventilatie kan dit gebeuren. Ook moeten de mensen dan langere tijd in deze ruimte aanwezig zijn. Als de verspreiding van COVID-19 wordt vergeleken met de verspreiding van een virus waarvan bevestigd is dat deze aerogene besmetting een belangrijke rol speelt dan is te zien dat die verspreiding een stuk harder gaat dan bij COVID-19. Tot nu toe is er dan ook op internationaal gebied een overeenstemming dat vooral de directe transmissie een grote rol speelt bij de verspreiding van het corona virus en dat de aerogene transmissie hierin een beperkte rol speelt [2]. Daarom wordt in dit onderzoek de aerogene transmissie buiten beschouwing gelaten en alleen gekeken naar de directe transmissie. Door deze manier van directe verspreiding is het dus logisch dat er een samenhang is tussen de leeftijdsverdeling van ontmoetingen van individuen en de leeftijdsverdeling van besmette personen. Hierom is het dus van groot belang dat er een goed beeld gecreëerd wordt van het aantal nauwe contacten tussen verschillende individuen van de Nederlandse bevolking.

2.2 Aantal contacten

In het stuk van Wallinga [3] wordt er gekeken naar de leeftijdsverdeling van ontmoetingen. De aanname dat dit inderdaad samenhangt met de verspreiding van de besmettingen over de verschillende leeftijdsklassen binnen de Nederlandse bevolking wordt door Wallinga de "social contact hypothesis" genoemd en in zijn stuk gebruikt.

In 1986 wordt er in Utrecht een survey afgenomen naar het aantal gesprekspartners van verschillende leeftijden. De deelnemers van dit onderzoek worden in verschillende leeftijdsgroepen ingedeeld, namelijk in een groep van 1 tot en met 5 jarigen, een groep van 6 tot en met 12 jarigen, één van 13 tot en met 19 jarigen, één van 20 tot en met 39 jarigen, een groep van 40 tot en met 59 jarigen en als laatste de groep van 60 - plussers. Ook de opgegeven gesprekspartners worden opgedeeld in deze zelfde klassen. Wallinga [3] gebruikt deze data in zijn stuk en deelt de resultaten, na correctie voor wederkerigheid, zie Tabel 1.

Rapporteurers \ Gesprekspartners	1 - 5	6 - 12	13 - 19	20 - 39	40 - 59	≥ 60
0 - 5	12,26	2,28	1,29	2,50	1,15	0,83
6 - 12	2,72	23,77	2,80	3,02	1,78	1,00
13 - 19	2,00	3,63	25,20	5,70	4,22	1,68
20 - 39	11,46	11,58	16,87	25,14	16,43	8,34
40 - 59	3,59	4,67	8,50	11,21	13,89	7,48
≥ 60	1,94	1,95	2,54	4,25	5,59	9,19

Tabel 1: Het aantal gesprekken dat gehouden wordt tijdens een gemiddelde week weergegeven per leeftijdsklasse, Utrecht, Nederland, 1986.

Laten we deze tabel voor het gemak $\mathbf{M}$ noemen. Dan representeert elk element m_{ij} dus het gemiddelde aantal gesprekken per week i aangegeven door persoon j . In de kolommen zijn dus de deelnemers van het onderzoek weergegeven en in de rijen de gesprekspartners. Zoals te zien is in de tabel zijn het aantal gesprekken misschien wat minder dan je tegenwoordig zou verwachten. Wel zie je dat het aantal gesprekken binnen een leeftijdsklasse een stuk groter is dan het aantal gesprekken tussen verschillende klassen. Dit is wel volgens verwachting. De verhoudingen zullen dus ongeveer kloppen en daarom kunnen deze

gegevens wel gebruikt worden in dit model.

Om de gegevens uit Tabel 1 te kunnen gebruiken in een willekeurig onderzoek waarin de populatie op een andere manier is samengesteld moet deze tabel eerst worden omgezet. Dit gebeurt door de waarden, m_{ij} uit tabel **M** met de totale populatie te vermenigvuldigen en vervolgens te delen door de populatiegrootte van groep i . Om deze tabel dus te kunnen corrigeren zijn de gegevens van deze verschillende populatiegroottes een vereiste. In Tabel 2 worden deze gegevens weergegeven.

	0	1 - 5	6 - 12	13 - 19	20 - 39	40 - 59	60	Totaal
Aantal deelnemers	0	125	154	152	681	360	341	1813
Nederlandse bevolking (x1000)	184	876	1265	1642	4857	3312	2477	14614

Tabel 2: Aantal deelnemers aan het onderzoek uit 1986 en het totaal aantal inwoners van Nederland in 1986.

De gecorrigeerde gegevens, c_{ij} , worden dan berekend aan de hand van de volgende vergelijking

$$c_{ij} = m_{ij} \frac{w_{tot}}{w_i} \quad (1)$$

met m_{ij} een punt uit rij i en kolom j van Tabel 1, w_{tot} het totaal aantal Nederlanders en w_i het aantal Nederlanders binnen groep i , beiden terug te vinden in Tabel 2. De gecorrigeerde onderdelen, c_{ij} worden weergegeven in Tabel 3, deze tabel noemen we voor het gemak **C**.

Rapporteerders Gesprekspartners	1 - 5	6 - 12	13 - 19	20 - 39	40 - 59	≥ 60
0 - 5	169,14	31,47	17,76	34,50	15,83	11,47
6 - 12	31,47	274,51	32,31	34,86	20,61	11,50
13 - 19	17,76	32,31	224,25	50,75	37,52	14,96
20 - 39	34,50	34,86	50,75	75,66	49,45	25,08
40 - 59	15,83	20,61	37,52	49,45	61,26	32,99
≥ 60	11,47	11,50	14,96	25,08	32,99	54,23

Tabel 3: Het aantal gesprekken dat gehouden wordt tijdens een gemiddelde week weergegeven per leeftijdsgroep gecorrigeerd, Utrecht, Nederland, 1986.

Deze gegevens kunnen weer worden omgerekend naar andere populaties en kunnen dus gebruikt worden in ander onderzoek.

2.3 Next generation matrix

Nu we een beter beeld hebben gekregen van het aantal contacten binnen de Nederlandse bevolking kan er vast kort gekeken worden naar de eerste parameter, β . Deze is gedefinieerd als het aantal contacten per persoon per dag vermenigvuldigt met de kans dat een contact tussen een besmet en een vatbaar persoon daadwerkelijk leidt tot een infectie. Tabel 1 geeft het aantal contacten weer per week, deze waarden moeten dus nog door zeven gedeeld worden om de gegevens per dag te krijgen zoals nodig is om β te kunnen bepalen. De tabel, **G**, die dan wordt verkregen is hieronder te zien.

Rapporteerders Gesprekspartners	1 - 5	6 - 12	13 - 19	20 - 39	40 - 59	≥ 60
0 - 5	1,75	0,33	0,18	0,36	0,16	0,12
6 - 12	0,39	3,40	0,40	0,43	0,25	0,14
13 - 19	0,29	0,52	3,60	0,81	0,60	0,24
20 - 39	1,64	1,65	2,41	3,59	2,35	1,19
40 - 59	0,51	0,67	1,21	1,60	1,98	1,07
≥ 60	0,28	0,28	0,36	0,61	0,80	1,31

Tabel 4: Het aantal gesprekken dat gehouden wordt tijdens een gemiddelde dag weergegeven per leeftijdsgroep, Utrecht, Nederland, 1986.

Naast het aantal contacten per persoon per dag is dus ook de kans dat een contact tussen een susceptible en een infected leidt tot een besmetting van belang. Deze kans noemen we q . We definiëren nu een matrix, $\mathbf{B}$, de zogenoemde 'next generation matrix'. Deze matrix $\mathbf{B}$ is een $n \times n$ matrix met n het aantal groepen waarin de bevolking wordt opgedeeld. Elk element, b_{ij} , uit deze matrix $\mathbf{B}$ geeft het aantal mensen in groep i dat besmet wordt door één geïnfecteerd persoon uit groep j . Elk element b_{ij} wordt dus samengesteld door elk element uit Tabel 4 te vermenigvuldigen met de kans op besmetting, q . Oftewel, $\beta_{ij} = b_{ij} = q g_{ij}$. Waarin q de kans is dat een contact leidt tot een besmetting, g_{ij} het aantal contacten ij per dag en $\beta_{ij} = b_{ij}$ de waardes voor de eerder genoemde parameter β . In deze matrix $\mathbf{B}$ worden aannames gemaakt om het model te versimpelen. Er wordt namelijk vanuit gegaan dat $q_{ij} = q_{ji}$ geldt. Oftewel, als we puur kijken naar de kans van besmetting en dus niet de kans van contact, de kans dat persoon i door persoon j wordt besmet even groot is als de kans dat j besmet wordt door persoon i , terwijl dit absoluut niet zo hoeft te zijn. Het zou namelijk heel goed zo kunnen zijn dat een ouder iemand zieker wordt van het virus en dus meer virusdeeltjes in zijn lichaam heeft. Dit zou betekenen dat zo iemand ook eerder anderen zou kunnen aansteken. Sterker nog er wordt vanuit gegaan dat deze q over de gehele bevolking constant is. Er wordt dus aangenomen dat als een besmette 60 jarige tien nog niet besmette mensen tegenkomt de kans dat hij hier iemand van besmet precies even groot is als wanneer een besmette 2 jarige tien nog niet besmette mensen tegenkomt. Dit is dus nogmaals een aanname die gemaakt is om het model te versimpelen. Door de verdeling van het aantal contacten dat we gebruiken, Tabel 4, lijkt het met een constante q alsof kinderen een grote rol spelen in de verspreiding van het virus. Bij de verspreiding van COVID-19 is dit niet zo. De waarde van q zou dus eigenlijk moeten toenemen per leeftijdsgroep. In verder onderzoek zou er dus nog naar verschillende waardes van q gekeken kunnen worden.

2.4 R_0 als dominante eigenwaarde

Het basaal reproductie getal, R_0 , geeft een indicatie van het aantal secundaire besmettingen veroorzaakt door één besmet persoon in een (bijna) geheel vatbare populatie.

Voordat we naar de waarde van het basaal reproductie getal in het model met de bevolkingsgroepen van hierboven kunnen kijken, wordt er eerst naar een versimpeling gekeken. We splitsen daarom de bevolking op in twee groepen in plaats van de hierboven genoemde verdeling. Voor het gemak nemen we groep jong en groep oud. Als 'Next Generation Matrix' krijgen we dan Tabel 5.

	Vatbaar	
Geïnficeerd	Jong	Oud
Jong	β_{jj}	β_{jo}
Oud	β_{oj}	β_{oo}

Tabel 5: De vier verschillende soorten β 's.

Voor het basaal reproductie getal is het dus belangrijk om naar het aantal secundaire besmettingen te kijken wanneer de gehele populatie nog niet besmet of immuun is. Er wordt daarom gekeken naar de 'next generation' van de groep met alle geïnficeerden, groep I. Het aantal mensen dat in groep jong in een re-generatietijd wordt besmet wordt verkregen door de volgende vergelijking: $I_{k+1}^j = S_k^j \left(\beta_{jj} \frac{I_k^j}{N^j} + \beta_{jo} \frac{I_k^o}{N^o} \right)$ met de symbolen gedefinieerd als in Tabel 6.

Symbol	Definitie
I_{k+1}^j	Aantal geïnficeerden in groep jong op $t = k + 1$
S_{k+1}^j	Aantal vatbaren in groep jong op $t = k + 1$
β_{jj}	Zie Tabel 5
I_k^j	Aantal geïnficeerden in groep jong op $t = k$
N^j	Totaal aantal mensen in groep jong
β_{jo}	Zie Tabel 5
I_k^o	Aantal geïnficeerden in groep oud op $t = k$
N^o	Totaal aantal mensen in groep oud

Tabel 6: Verschillende symbolen en hun definities.

Voor groep oud geldt dan de volgende vergelijking: $I_{k+1}^o = S_k^o \left(\beta_{oj} \frac{I_k^j}{N^j} + \beta_{oo} \frac{I_k^o}{N^o} \right)$.

Aangezien R_0 gedefinieerd is als er nog niemand in de populatie besmet is met het virus of hier immuun voor is, geldt $N^j = S_k^j$ en ook geldt $N^o = S_k^o$. En dus zien de hierboven genoemde vergelijkingen er nu uit zoals weergegeven in Vergelijkingen 2 en 3.

$$I_{k+1}^j = \beta_{jj} I_k^j + S_k^j \left(\beta_{jo} \frac{I_k^o}{N^o} \right) \quad (2)$$

$$I_{k+1}^o = S_k^o \left(\beta_{oj} \frac{I_k^j}{N^j} \right) + \beta_{oo} I_k^o \quad (3)$$

Nu wordt er een aanname gedaan die het systeem hierboven behoorlijk versimpelt, maar die niet perse klopt. Er wordt namelijk van uit gegaan dat de groepen 'jong' en 'oud' precies even groot zijn. Of in ieder geval maar heel weinig variëren in grootte. Dit hoeft absoluut niet zo te zijn. Toch is er gekozen om de literatuur hier aan te houden en hier dus ook vanuit te gaan. We nemen dus aan dat $N^j = N^o$ geldt, maar dan geldt ook $S_k^j = N^o$ en $S_k^o = N^j$. De vergelijkingen 2 en 3 worden dan zoals weergegeven in 4 en 5.

$$I_{k+1}^j = \beta_{jj} I_k^j + \beta_{jo} I_k^o \quad (4)$$

$$I_{k+1}^o = \beta_{oj} I_k^j + \beta_{oo} I_k^o \quad (5)$$

Als deze vergelijkingen dan in een systeem worden gezet krijgen we

$$\begin{pmatrix} I_{k+1}^j \\ I_{k+1}^o \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \beta_{jj} & \beta_{jo} \\ \beta_{oj} & \beta_{oo} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} I_k^j \\ I_k^o \end{pmatrix} \quad (6)$$

We hebben nu te maken met een simpel model van de vorm $\vec{y} = \mathbf{A}\vec{x}$ met $\mathbf{A}$ een 2×2 matrix. Van dit systeem weten we heel goed hoe dit opgelost kan worden. Voor een systeem van deze soort geldt namelijk

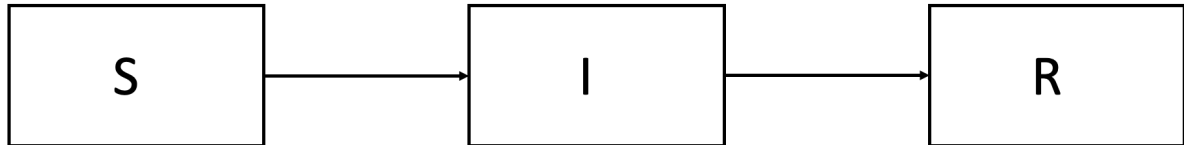
een standaard oplossing. Deze oplossing is van de vorm $\vec{y} = c_1 \lambda_1^k \vec{v}_1 + c_2 \lambda_2^k \vec{v}_2$ met c_i constanten, λ_i eigenwaarden en $\vec{v}_i$ eigenvectoren.

Als we dit nu terug koppelen naar een systeem waarin de bevolking niet in tweeën is gesplitst, maar in n groepen, dan word $\mathbf{A}$ niet een 2×2 matrix, maar een $n \times n$ matrix. De oplossing van dit systeem met n subgroepen wordt dan $\vec{y} = c_1 \lambda_1^k \vec{v}_1 + c_2 \lambda_2^k \vec{v}_2 + \dots + c_n \lambda_n^k \vec{v}_n$. De grootste eigenwaarde van matrix $\mathbf{A}$ bepaalt dus hier de grootte van de oplossing. Oftewel de grootste eigenwaarde van matrix $\mathbf{A}$ bepaalt de waarden voor I_{k+1}^j en I_{k+1}^o . En dus geldt dat de dominante eigenwaarde van matrix $\mathbf{A}$ gelijk is aan de waarde voor R_0 .

We hebben in het voorbeeld met de twee groepen, namelijk jong en oud, gezien dat $\mathbf{A}$ gelijk is aan de matrix met de vier verschillende β 's. En dat geldt dat R_0 gelijk is aan de dominante eigenwaarde van die matrix. Als we de bevolking opsplitsen in de groepen uit Tabel 1 dan krijgen we dus ook nog meer verschillende vormen van β . In Sectie 2.3 hebben we gezien dat matrix $\mathbf{B}$ al deze waarden voor de verschillende β 's bevat. Deze matrix $\mathbf{B}$ is gedefinieerd als de 'Next Generation Matrix'. Er kan dus geconcludeerd worden dat geldt dat de waarde van R_0 gelijk is aan de dominante eigenwaarde van de 'Next Generation Matrix'. Let wel op dat het systeem dus weer wordt versimpeld tot een systeem van de vorm $\vec{y} = \mathbf{A} \vec{x}$ en er dus vanuit wordt gegaan dat N^i (ongeveer) gelijk is voor elke $i \in 1, \dots, 6$. Terwijl dit volgens Tabel 2 helemaal niet klopt.

3 Het SIR model

Tijdens dit onderzoek is er gekeken naar de verspreiding van COVID-19. Dit is, zoals al eerder genoemd, gedaan aan de hand van het 'susceptible-infected-recovered' (SIR) model. Dit model wordt als standaard model gebruikt om ziektes die van mens op mens worden overgedragen te modelleren. Hier wordt de verspreiding van het corona virus gemodelleerd in de tijd, t in dagen, over de totale populatie N . Deze totale populatie wordt gesplitst in drie verschillende groepen, S, I en R zodat geldt dat $N = S + I + R$. Dit kan worden weergegeven zoals staat afgebeeld in Figuur 1.



Figuur 1: Grafische weergave SIR model.

Voordat er verder ingezoomd kan worden op het bovengenoemde SIR model moeten er eerst enkele aannames gedaan worden:

1. **De totale populatie N blijft gedurende de tijd even groot.** Het geboortecijfer in Nederland weegt op tegen het sterftecijfer. Ook kan het aantal immigranten en emigranten tegen elkaar worden weggestreept. Dit is natuurlijk niet een aanname die zo maar op elke tijdschaal gemaakt kan worden, maar op de tijdschaal die hier gebruikt wordt kan het wel worden aangenomen dat deze populatie min of meer gelijk blijft.
2. **Het virus verspreid zich door nauw contact tussen mensen.** Gesprekken worden hier als maatstaf genomen. Binnen die afstand kan het virus worden overgedragen. Deze actie hangt niet af van de tijd. Ook spelen de dieren geen rol in de verspreiding van COVID-19. En de aerogene transmissie wordt buiten beschouwing gehouden, de reden hiervoor is terug te vinden in sectie 2.1.
3. **Elk individu is even vatbaar en even besmettelijk.** Er zijn geen mensen die een hoger risico hebben om het virus te krijgen dan anderen. Ook zijn er geen mensen die sneller een nog niet besmet persoon infecteren dan anderen. De eerder genoemde parameter q (sectie 2.3) is dus constant.
4. **Eenmaal herstelt, ben je immuun.** Als een persoon eenmaal genezen is van een besmetting is deze niet meer vatbaar voor het virus. Dit kan aangenomen worden, omdat er inderdaad een klein percentage is dat meerdere keren met het SARS-coV-2-virus wordt besmet.
5. **Mensen die in aanraking zijn gekomen met het virus, maar nog niet besmettelijk zijn worden niet als aparte groep beschouwd.** Deze aanname wordt weer gemaakt om het model te versimpelen. Bij de verspreiding van COVID-19 speelt deze groep zeker een rol. Er is namelijk daadwerkelijk een periode, van ongeveer twee dagen, waarin een individu wel al besmet is met het virus, maar nog niet ziek is en anderen dus ook nog niet kan infecteren. Gelukkig is het niet al te ingewikkeld om deze groep nog aan het model toe te voegen en kan dit in vervolg onderzoek dus zeker nog gedaan worden.

Deze aannames worden gemaakt om het model te versimpelen. Door het maken van deze aannames wordt er dus wel een minder realistisch beeld gekregen. In verder onderzoek zou hier nog naar gekeken kunnen worden.

Het aantal mensen in elke groep hangt af van de tijd en worden dus weergegeven als $S(t)$, $I(t)$ en $R(t)$. In dit model worden fracties van elke groep op de gehele populatie gebruikt. De volgende vergelijkingen worden dan verkregen: $s(t) = \frac{S(t)}{N}$, $i(t) = \frac{I(t)}{N}$ en $r(t) = \frac{R(t)}{N}$.

3.1 De vatbaren, groep S.

Groep S bevat het deel van de bevolking dat nog vatbaar is voor het virus. Aan het begin van een uitbraak, op $t = 0$ behoort (ongeveer) de gehele bevolking tot deze groep. Later worden er steeds meer mensen besmet met het virus en krimpt groep S. Vanuit hier wordt men, na contact met het virus, doorgestuurd naar de groep met de geïnfekteerden. Het aantal mensen in groep S verhoudt zich dus tot het aantal mensen in groep I. Of preciezer, het aantal mensen in groep S hangt af van het aantal contacten per persoon per dag, de kans dat zo een contact leidt tot een besmetting, het aantal mensen binnen een bevolking en de kans dat zo een contact met een geïnficeerd persoon is. Bovendien hangt het aantal mensen in groep S natuurlijk ook af van de tijd. In Tabel 7 zijn deze factoren nog eens te zien met de bijbehorende symbolen.

Factor	Symbool
Verandering binnen groep S	ΔS
Het aantal contacten per persoon per dag $\times$ de kans dat zo een contact leidt tot een infectie	β
Aantal personen in groep S	S
Fractie van de bevolking dat besmet	$\frac{I}{N}$
Verandering in de tijd	Δt

Tabel 7: Verschillende symbolen en hun definities.

Als we deze symbolen nu in formulevorm zetten dan wordt de volgende vergelijking verkregen $\Delta S = -\beta S \frac{I}{N} \Delta t$. Het minteken staat er omdat dit de mensen zijn die groep S verlaten. Er zijn geen mensen die groep S binnenkomen aangezien we hebben aangenomen dat het geboortecijfer en het aantal immigranten kan worden weggestreept tegen het sterftcijfer en het aantal emigranten respectievelijk. Ook is er aangenomen dat eenmaal besmet met het virus iemand immuun is.

Als deze vergelijking wordt omgezet tot een differentiaalvergelijking, krijgen we Vergelijking 7.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N} \quad (7)$$

met $\beta > 0$ dus gedefinieerd als het aantal contacten per persoon per dag vermenigvuldigt met de kans, q , dat dat contact tussen een vatbare en een geïnficeerde leidt tot een infectie, dus $\beta = q \times \text{contactrate}$.

3.2 De geïnficeerden, groep I.

Groep I bevat iedereen die besmet is met het virus. Deze groep ontvangt dus individuen uit groep S. De individuen die groep I ontvangt, verliest groep S. De verhouding waarin groep S dus zijn leden verliest, wint groep I ze. In formulevorm ziet dat er dan als volgt uit: $\Delta I = \beta S \frac{I}{N} \Delta t$. Naast dat groep I instroom heeft vanuit groep S heeft groep I ook uitstroom. Elk individu geneest immers van het virus of overlijdt eraan. Als een individu is genezen van of is overleden aan het virus dan behoort diegene tot groep R. Men verlaat groep I afhankelijk van hoe lang het duurt tot iemand geneest. Hier wordt dan ook een parameter voor toegevoegd. Deze parameter geeft dus de genezing snelheid aan, of het omgekeerde van de duur van een besmetting. In Tabel 8 zijn de factoren voor de uitstroom van groep I te zien.

Factor	Symbool
De genezing snelheid, of het omgekeerde van de duur van een besmetting	γ
Aantal personen in groep I	I

Tabel 8: Verschillende symbolen en hun definities.

Na toevoeging van deze uitstroom wordt de volgende vergelijking voor de verandering van de individuen binnen groep I verkregen: $\Delta I = \beta S \frac{I}{N} \Delta t - \gamma I \Delta t$. Dit geeft dan weer de volgende differentiaalvergelijking

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - \gamma I \quad (8)$$

met γ de genezing snelheid gedefinieerd als

$$\gamma = \frac{1}{\text{de duur van de infectie}} \quad (9)$$

Parameter γ is dus eigenlijk ook een aanname. De genezing snelheid zal niet voor elk persoon precies even lang zijn, maar hier wordt een gemiddelde voor genomen. Op $t = 0$ moet gelden dat er ten minste één iemand besmet is met het virus anders kan het virus niet worden verspreid. Er geldt dus dat $I(0) \geq 1$.

3.3 De herstelden, groep R.

Als laatste stadium komt men terecht in de 'recovered' groep. Deze groep bevat dus alle mensen die zijn genezen van het virus of hieraan zijn overleden. De groep wordt aangegeven met de letter R. Groep R is afhankelijk van groep I, de groep met de geïnfecteerden, want vanaf groep I wordt elk individu doorgestuurd naar groep R. Elk individu gaat dus als hij/zij eenmaal in groep I zit niet meer terug naar groep S, maar door naar groep R. In het SIR model heerst dus ook een eenrichtingsverkeer. De verandering van groep R verhoudt zich dus tot de verandering van groep I, in formulevorm geeft dit $\Delta R = \gamma I \Delta t$. Hieruit wordt de volgende differentiaalvergelijking verkregen

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (10)$$

Aan het begin van een epidemie is er nog niemand herstelt van het virus en dus geldt dat $R(0) = 0$.

3.4 Samenvatting

Zoals hierboven is laten zien gelden de volgende beginwaarden:

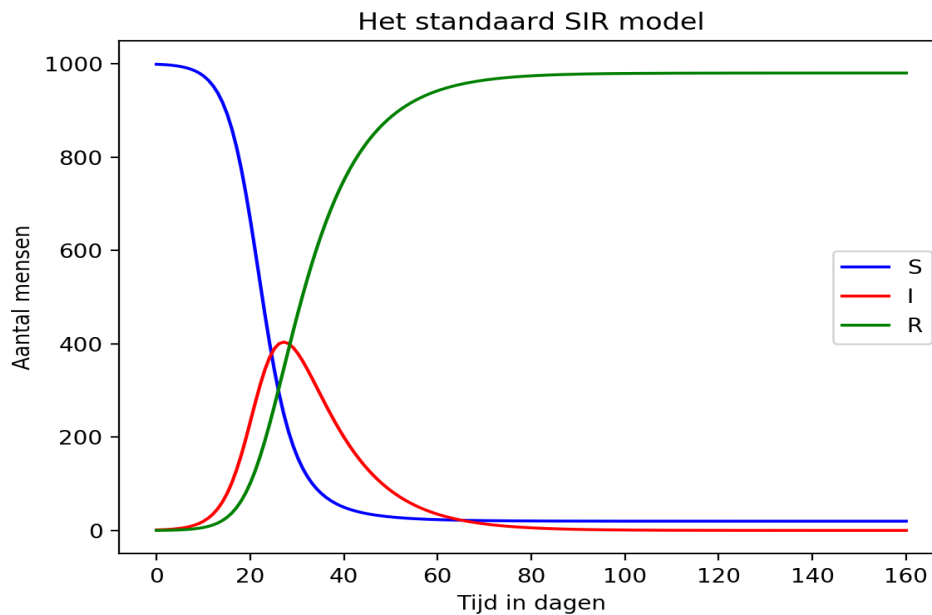
$$\begin{cases} S(0) = N - 1 \\ I(0) = 1 \\ R(0) = 0 \end{cases} \quad (11)$$

Door al deze differentiaalvergelijkingen samen te voegen, wordt het volgende stelsel verkregen

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases} \quad (12)$$

3.5 Typische oplossing van een SIR model.

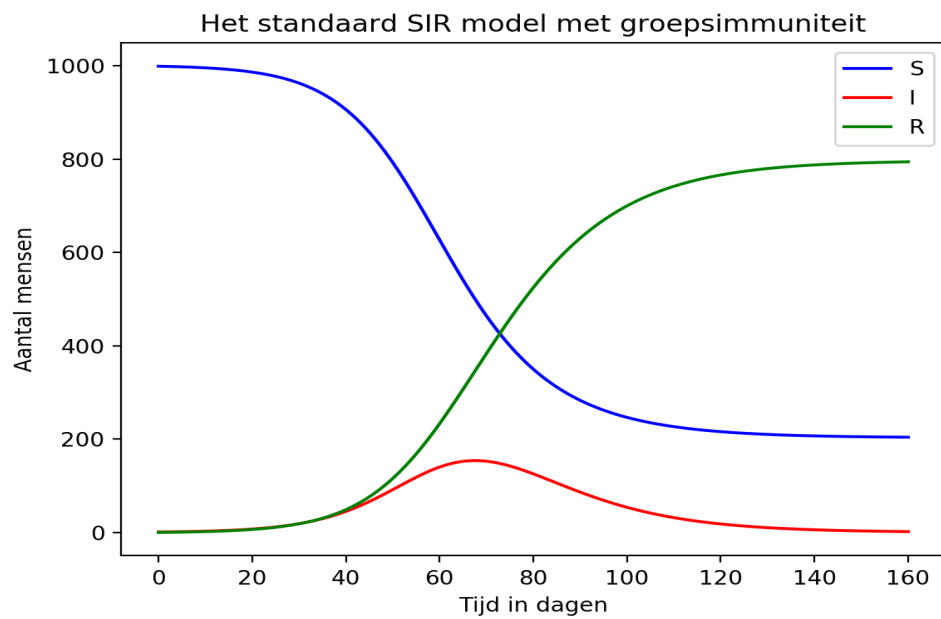
In Figuur 2 is te zien hoe de standaard oplossing van een SIR model eruit ziet. Voor de parameters β en γ worden respectievelijk 0.4 en $\frac{1}{10}$ gebruikt. Deze waardes zijn willekeurig gekozen en functioneren alleen om een beeld te krijgen van hoe het model eruit ziet.



Figuur 2: De oplossing van het SIR model met één groep met β gelijk aan 0.4 en $\gamma = \frac{1}{10}$.

In Figuur 2 is, zoals verwacht, te zien dat het aantal susceptibles (blauw) afneemt zodra er mensen besmet worden met het virus (rood). Voordat groep R (groen) mensen ontvangt moeten deze mensen eerst besmet raken met het virus. In de figuur is dus ook te zien dat de groene lijn pas gaat stijgen na de rode. Er is ook te zien dat niet de gehele bevolking besmet raakt met het virus, want de blauwe lijn gaat niet helemaal terug naar nul.

Als de parameters β en γ dichter bij elkaar genomen worden, dan zullen er minder infecties nodig zijn om een evenwicht te creëren. Er ontstaat dan groepsimmunitet. Om een voorbeeld te zien van een oplossing van zo een model worden voor β en γ de waarden 0.2 en $\frac{1}{10}$ respectievelijk genomen. De oplossing van dit model is te zien in Figuur 3.



Figuur 3: De oplossing van het SIR model met één groep met β gelijk aan 0.2 en $\gamma = \frac{1}{10}$. De parameters zijn hier zo gekozen dat er groepsimmunitet ontstaat.

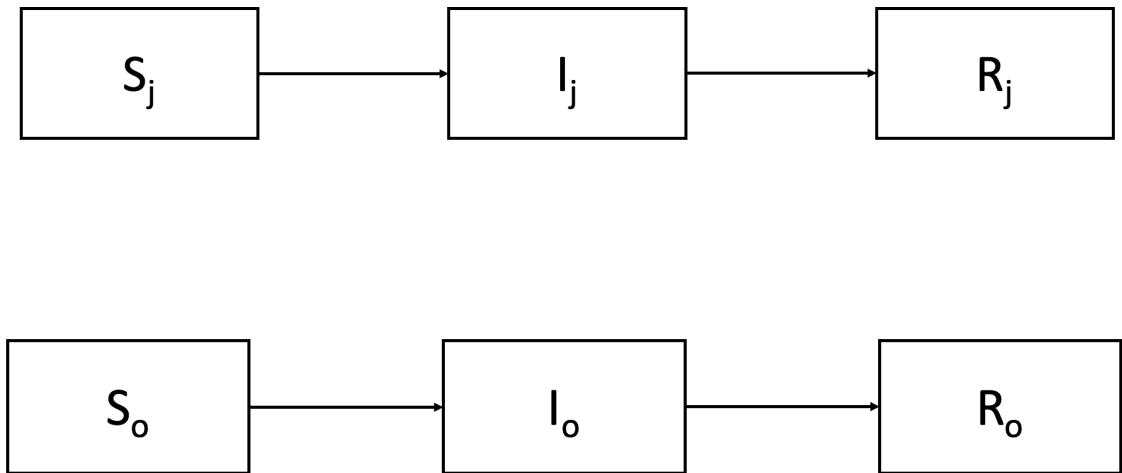
4 Het SIR model met meerdere groepen

Omdat COVID-19 zich anders gedraagt binnen verschillende leeftijdsklassen wordt er niet naar de Nederlandse bevolking als een geheel gekeken, maar opgesplitst in verschillende groepen op basis van leeftijd.

4.1 Het SIR model met de bevolking opgesplitst in twee groepen.

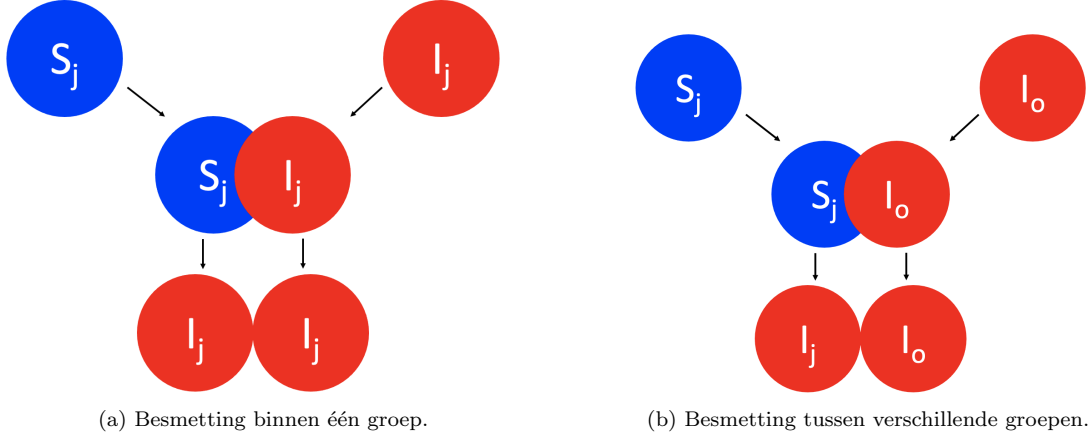
Om een beter beeld te krijgen van hoe het SIR model zich dan gaat gedragen, maar nog niet verstrengd te raken in te veel verschillende vergelijken, wordt de bevolking eerst verdeeld in twee groepen. Groep jong bestaat uit iedereen die jonger is dan 55 jaar. Groep oud bestaat dan uit iedereen met een leeftijd van 55 jaar of ouder. Deze grens is gekozen omdat de mensen uit groep jong nog behoorlijk in contact komen met elkaar en er tussen jong en oud minder interactie is. Het splitsen van de bevolking in twee verschillende groepen is puur een tussenstap naar de uiteindelijke splitsing. Waar de grens dus nu precies ligt is niet van groot belang.

Waar eerst de gehele bevolking tot dezelfde groep S behoorde, is dat nu niet het geval. In dit nieuwe systeem, met twee bevolkingsgroepen, bestaan er twee groepen S , namelijk S_j , de vatbaren uit groep jong en S_o de vatbaren uit groep oud. Dit geldt ook voor I en R . Dit nieuwe systeem wordt weergegeven in Figuur 4.



Figuur 4: Grafische weergave SIR model met groepen jong en oud.

Daarnaast geldt nu ook dat een jong iemand niet alleen aangestoken kan worden door een ander iemand uit groep jong, maar ook door iemand uit groep oud. Dit geldt ook voor de mensen in groep oud. Die kunnen nu naast besmettingen vanuit hun eigen groep ook besmettingen vanuit de andere groep oplopen. Er kan dus zowel intern als extern besmet worden, zie Figuur 5.



Figuur 5: Verschillende manieren waarop de bevolking besmet kan raken.

Ook het stelsel met differentiaalvergelijkingen gaat er iets anders uit zien. Allereerst zijn er meerdere parameters nodig. Er is namelijk niet alleen een β voor een besmetting binnen de jonge groep, maar er is ook een β nodig voor de besmettingen tussen groep jong en groep oud. Vanaf nu worden de volgende vier β 's gebruikt:

β 's	Betekenis
β_{jj}	Jong wordt besmet door jong
β_{jo}	Jong wordt besmet door oud
β_{oo}	Oud wordt besmet door oud
β_{oj}	Oud wordt besmet door jong

Tabel 9: Verschillende vormen van β die ontstaan door de bevolking in de twee groepen jong en oud op te splitsen.

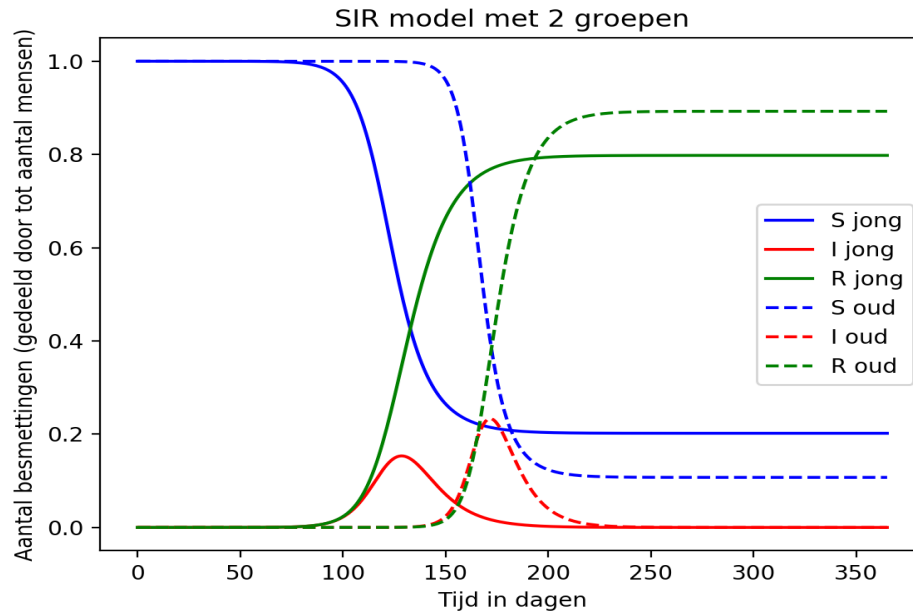
De differentiaalvergelijkingen veranderen dan ook. Zo verliest groep S binnen het jonge deel van de bevolking nu niet alleen mensen door een besmetting met iemand uit groep jong, maar ook door een besmetting met iemand uit groep oud. De bijbehorende β 's hebben we gezien in Tabel 9. Waar β in Vergelijking 7 werd vermenigvuldigd met de kans dat iemand uit groep S ook daadwerkelijk een ontmoeting had met iemand uit groep I, hangt een besmetting in groep jong door iemand uit groep oud ook af van een ontmoeting met een persoon uit die oude groep. Dus in plaats van $\frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N}$ krijgen we voor de susceptibles van de jonge groep nu $\frac{dS_j}{dt} = -\beta_{jj} S_j \frac{I_j}{N_j} - \beta_{jo} S_j \frac{I_o}{N_o}$. Het stelsel van differentiaalvergelijkingen voor groep jong is nu gelijk aan:

$$\begin{cases} \frac{dS_j}{dt} = -\beta_{jj} S_j \frac{I_j}{N_j} - \beta_{jo} S_j \frac{I_o}{N_o} \\ \frac{dI_j}{dt} = \beta_{jj} S_j \frac{I_j}{N_j} + \beta_{jo} S_j \frac{I_o}{N_o} - \gamma I_j \\ \frac{dR_j}{dt} = \gamma I_j \end{cases} \quad (13)$$

en voor groep oud geldt

$$\begin{cases} \frac{dS_o}{dt} = -\beta_{oo} S_o \frac{I_o}{N_o} - \beta_{oj} S_o \frac{I_j}{N_j} \\ \frac{dI_o}{dt} = \beta_{oo} S_o \frac{I_o}{N_o} + \beta_{oj} S_o \frac{I_j}{N_j} - \gamma I_o \\ \frac{dR_o}{dt} = \gamma I_o \end{cases} \quad (14)$$

In Figuur 6 is een voorbeeld weergegeven een oplossing van een zo een SIR model met twee groepen eruit kan zien.



Figuur 6: Aantal susceptibles, infected en recovered in zowel groep jong als groep oud tegen de tijd t (in dagen).

Ook hier zijn voor de verschillende β 's en γ weer willekeurige waardes genomen, omdat dit dient als een voorbeeld. Verder is in Figuur 6 te zien dat de jongeren eerst besmet worden met het virus, de hele rode lijn begint eerst met stijgen en heeft als eerst een top. Pas als de besmettingen van de jongeren weer afnemen worden de eerste ouderen besmet (gestippelde rode lijn). Er is dus ook bewust gekozen om voor de cross terms (dus β_{jo} en β_{oj}) zeer kleine waardes te nemen (10^{-4} en 10^{-8}) om te zorgen dat deze pieken van de verschillende groepen na elkaar ontstaan. Deze waardes zijn onrealistisch klein. In de werkelijkheid zijn deze waardes een stuk groter en dan liggen de pieken dus ook dicht bij elkaar.

5 Het SIR model met vijf groepen

In het vorige hoofdstuk is een standaard SIR model waarin de bevolking is opgesplitst in twee groepen laten zien. Vanuit deze basis kan het model nu worden uitgebreid naar een versie die past bij de verspreiding van COVID-19. Volgens Heesterbeek is de eerste stap bij het opstellen van zo een model het kijken naar de populatie zelf en welke criteria binnen een populatie van belang zijn [4]. Hierna kan dan het bijpassende model worden opgesteld.

5.1 Leeftijdsgroepen

Tijdens de aanwezigheid van COVID-19 is er erg veel gekeken naar leeftijden. Mensen met bepaalde leeftijden zouden het virus sneller of juist minder snel verspreiden. Ook zijn mensen van een bepaalde leeftijd gevoeliger of juist minder gevoelig voor COVID-19. Daarom heb ik besloten om de Nederlandse bevolking op te splitsen in verschillende leeftijdsgroepen. Voor de indeling van deze leeftijdsgroepen zou het logisch zijn om deze klassen even groot te maken. Dus om bijvoorbeeld alle Nederlanders in groepen van 10 jaar op te delen. Nadat er veel literatuur bestudeerd is, is er besloten om het stuk van Wallinga [3] aan te houden, en dus voor dezelfde groepen te kiezen. Van de contacten binnen en tussen deze groepen is namelijk het meest bekend. Wallinga verdeelt de Nederlandse populatie in de volgende zes groepen: 1 – 5 jaar, 6 – 12 jaar, 13 – 19 jaar, 20 – 39 jaar, 40 – 59 jaar en als laatste de 60 - plussers. Omdat COVID-19 niet tot nauwelijks wordt verspreid door (jonge) kinderen heb ik ervoor gekozen om de jongste twee groepen van Wallinga bij elkaar te nemen als één groep. Hun rol in de verspreiding is namelijk niet erg relevant. De Nederlandse bevolking is dan dus opgesplitst in vijf verschillende groepen, namelijk 1 – 12 jaar, 13 – 19 jaar, 20 – 39 jaar, 40 – 59 jaar en de 60 - plussers.

5.2 De vijf groepen

In Hoofdstuk 2 hebben we de tabel gezien met het aantal gesprekken tussen mensen uit verschillende leeftijdsklassen. Tabel 1 geeft hier een overzicht van. Let wel op dat de gegevens in deze tabel nog per week zijn en voor parameter β hebben we, in dit zelfde hoofdstuk, gezien dat deze gegevens per dag nodig zijn. Daarom zijn de waarden uit Tabel 1 nog gedeeld door zeven, de resultaten hiervan zijn te zien in Tabel 4. Deze tabel is hieronder nog eens weergegeven.

Rapporteurers Gesprekspartners						
	1 - 5	6 - 12	13 - 19	20 - 39	40 - 59	≥ 60
0 - 5	1,75	0,33	0,18	0,36	0,16	0,12
6 - 12	0,39	3,40	0,40	0,43	0,25	0,14
13 - 19	0,29	0,52	3,60	0,81	0,60	0,24
20 - 39	1,64	1,65	2,41	3,59	2,35	1,19
40 - 59	0,51	0,67	1,21	1,60	1,98	1,07
≥ 60	0,28	0,28	0,36	0,61	0,80	1,31

Tabel 10: Het aantal gesprekken dat gehouden wordt tijdens een gemiddelde dag weergegeven per leeftijdsgroep, Utrecht, Nederland, 1986.

De gegevens van deze tabel moeten alleen nog zo worden aangepast dat de bevolking niet meer in zes groepen is opgesplitst, maar in vijf. Om dit te doen wordt het vierkant bestaande uit de twee kolommen van de groepen 1 - 5 jarigen en 6 - 12 jarigen en de twee rijen van de groepen 0 - 5 jarigen en 6 - 12 jarigen even buiten beschouwing gelaten. Op dit stukje van de tabel wordt later in deze paragraaf nog een keer op ingezoomd. Dan wordt er eerst naar de eerste twee kolommen gekeken. Let op dat we dus nu, qua rijen, kijken vanaf de groep met 13 - 19 jarigen. Er is te zien dat iemand uit de groep van 1 tot en met 5 jarigen gemiddeld per dag 0,29 mensen spreekt uit de groep met 13 - 19 jarigen. In Tabel 2 is te zien dat er 876.000 mensen behoren tot de groep van 1 tot en met 5 jarigen. Er worden dus

door alle 1 tot en met 5 jarigen gemiddeld per dag $876.000 \cdot 0,29 = 254.040$ mensen uit groep 13 – 19 gesproken. En door één iemand uit de groep van 6 tot en met 12 jarigen wordt er per dag met gemiddeld 0,52 mensen uit groep 13 – 19 gesproken. In Tabel 2 is weer te zien dat er 1.265.000 mensen tot de groep van 6 tot en met 12 jarigen behoren en dus spreken alle mensen uit deze groep samen per dag gemiddeld $1.265.000 \cdot 0,52 = 657.800$ mensen uit groep 13 – 19. Alle mensen met een leeftijd van 1 tot en met 12 jaar spreken dus samen, per dag $254.040 + 657.800 = 911.840$ mensen uit groep 13 – 19. Om dit weer om te rekenen naar een gemiddelde moet dit aantal gedeeld worden door het totaal aantal mensen binnen de '1 – 12 jaar' groep. Dus geldt dat één iemand van 1 tot en met 12 jaar gemiddeld per dag $\frac{911.840}{876.000+1.265.000} = 0,426$ mensen uit groep 13 – 19 spreekt. Als we dit vervolgens voor elke rij uitrekenen krijgen we de tabel die hieronder te zien is.

Rapporteurers Gesprekspartners					
	1 - 12	13 - 19	20 - 39	40 - 59	≥ 60
0 - 5		0,18	0,36	0,16	0,12
6 - 12		0,40	0,43	0,25	0,14
13 - 19	0,426	3,60	0,81	0,60	0,24
20 - 39	1,646	2,41	3,59	2,35	1,19
40 - 59	0,605	1,21	1,60	1,98	1,07
≥ 60	0,28	0,36	0,61	0,80	1,31

Tabel 11: Het aantal gesprekken dat gehouden wordt tijdens een gemiddelde dag weergegeven per leeftijdsgroep met de deelnemers opgesplitst in vijf groepen in plaats van zes, Utrecht, Nederland, 1986.

De deelnemers zijn dus nu opgesplitst in vijf groepen in plaats van zes. Dit moet nu ook nog gebeuren voor de gesprekspartners. Dit is gelukkig een stuk eenvoudiger. Iemand uit de groep met 13 – 19 jarigen spreekt namelijk 0,18 mensen uit groep 0 – 5. Dus spreekt de gehele groep van 13 tot en met 19 jarigen samen $1.642.000 \cdot 0,18$ mensen uit groep 0 – 5. Ook geldt dat iemand uit groep 13 – 19 per dag 0,40 mensen uit groep 6 – 12 spreekt en dus spreken alle 13 – 19 jarigen samen $1.642.000 \cdot 0,40$ mensen uit groep 6 – 12. Dit betekent dat, als we een gemiddelde nemen, één iemand uit groep 13 – 19 dus per dag $\frac{(1.642.000 \cdot 0,18) + (1.642.000 \cdot 0,40)}{1.642.000} = 0,18 + 0,40 = 0,58$ mensen uit groep 0 – 12 spreekt. Als we dit vervolgens voor de andere kolommen ook zo doen komen we uit op waardes zoals weergegeven in Tabel 12.

Rapporteurers Gesprekspartners					
	1 - 12	13 - 19	20 - 39	40 - 59	≥ 60
0 - 12		0,58	0,79	0,41	0,26
13 - 19	0,426	3,60	0,81	0,60	0,24
20 - 39	1,646	2,41	3,59	2,35	1,19
40 - 59	0,605	1,21	1,60	1,98	1,07
≥ 60	0,28	0,36	0,61	0,80	1,31

Tabel 12: Het aantal gesprekken dat gehouden wordt tijdens een gemiddelde dag weergegeven per leeftijdsgroep met de deelnemers én gesprekspartners opgesplitst in vijf groepen in plaats van zes, Utrecht, Nederland, 1986.

Nu hoeft er alleen nog gekeken naar het leeggelaten hokje. Dit hokje representeert namelijk het aantal gesprekken dat per dag gehouden wordt met de 0 – 12 jarigen, volgens de 1 – 12 jarigen. De originele gegevens van deze gesprekken wordt weergegeven in Tabel 13.

Gesprekspartners \ Rapporteerders	Rapporteerders	
	1 - 5	6 - 12
0 - 5	1,75	0,33
6 - 12	0,39	3,40

Tabel 13: Het aantal gesprekken dat gehouden wordt tijdens een gemiddelde dag weergegeven per leeftijdsgroep met de deelnemers én gesprekspartners ingezoomd op de 1 tot en met 12 jarigen, Utrecht, Nederland, 1986.

Er is dus te zien dat iemand uit groep 1 – 5 per dag 0,39 mensen uit groep 6 – 12 spreekt. Alle mensen uit groep 1 – 5 spreken dus samen $876.000 \cdot 0,39 = 341.640$ mensen uit groep 6 – 12. Ook is te zien dat iemand uit groep 6 – 12 per dag gemiddeld 0,33 mensen uit groep 0 – 5 spreekt. Dat betekent dat alle mensen uit groep 6 – 12 samen $1.265.000 \cdot 0,33 = 417.450$ mensen uit groep 0 – 5 spreken. Dus het gemiddelde hiervan is $\frac{341.640+417.450}{2.141.000} = 0,355$. Nu spreekt iemand uit groep 1 – 5 per dag gemiddeld 1,75 mensen van zijn eigen leeftijd en iemand van groep 6 – 12 spreekt per dag gemiddeld 3,40 mensen van zijn eigen leeftijd. Dus wordt er door iemand uit groep 1 – 12 gemiddeld per dag $\frac{(876.000 \cdot 1,75) + (1.265.000 \cdot 3,40)}{(876.000 + 1.265.000)} = 2,725$ mensen uit hun eigen leeftijdsgroep gesproken. Door de diagonale factor wordt dit aantal gelijk aan $2,725 + 0,355 = 3,08$. Daarmee krijgen we de uiteindelijke tabel zoals weergegeven in Tabel 14.

Gesprekspartners \ Rapporteerders	Rapporteerders				
	1 - 12	13 - 19	20 - 39	40 - 59	≥ 60
0 - 12	3,08	0,58	0,79	0,41	0,26
13 - 19	0,426	3,60	0,81	0,60	0,24
20 - 39	1,646	2,41	3,59	2,35	1,19
40 - 59	0,605	1,21	1,60	1,98	1,07
≥ 60	0,28	0,36	0,61	0,80	1,31

Tabel 14: Het aantal gesprekken dat gehouden wordt tijdens een gemiddelde dag weergegeven per leeftijdsgroep met de deelnemers én gesprekspartners opgesplitst in vijf groepen in plaats van zes, Utrecht, Nederland, 1986.

Bovenstaande tabel geeft dus het gemiddeld aantal gesprekspartners per dag en wordt dus gebruikt voor parameter β .

5.3 Parameters

Al een aantal keer zijn er twee belangrijke parameters voorbij gekomen, namelijk parameter γ en parameter β . Hoe de waardes hiervoor worden verkregen is te lezen in de volgende secties.

5.3.1 Parameter γ

Parameter γ , Vergelijking 9, hangt af van de duur van de besmettelijke periode. Per persoon kan het verschillen hoe ernstig ziek hij/zij wordt van een besmetting met het corona virus. Het verschilt dan dus ook hoe lang iemand besmettelijk is. Hoe ernstiger ziek, hoe langer iemand besmettelijk is. De gemiddelde duur van de besmettelijke periode is 8 dagen. In mijn onderzoek ga ik ervan uit dat iedereen even ziek wordt en dus even lang besmettelijk is. Omdat de gemiddelde duur van het virus 8 dagen is, geldt $\gamma = \frac{1}{8}$.

5.3.2 Parameter β

Omdat de bevolking nu is opgesplitst in vijf verschillende groepen hebben we niet meer met één vorm van β te maken, maar met maar liefst 25 verschillende vormen van β , weergegeven in Tabel 15.

	Groep 1	Groep 2	Groep 3	Groep 4	Groep 5
Groep 1	β_{11}	β_{12}	β_{13}	β_{14}	β_{15}
Groep 2	β_{21}	β_{22}	β_{23}	β_{24}	β_{25}
Groep 3	β_{31}	β_{32}	β_{33}	β_{34}	β_{35}
Groep 4	β_{41}	β_{42}	β_{43}	β_{44}	β_{45}
Groep 5	β_{51}	β_{52}	β_{53}	β_{54}	β_{55}

Tabel 15: De verschillende versies van parameter β in een SIR model met de bevolking opgesplitst in vijf leeftijdsgroepen.

De parameter β wordt bepaald door het aantal contacten per persoon per dag te vermenigvuldigen met de kans dat een contact tussen een susceptible en een infected leidt tot een besmetting. Oftewel, $\beta = q c$, met q de kans op overdragen en c het aantal contacten per persoon per dag. Matrix $\mathbf{C}$, zoals hieronder gedefinieerd, is de contactmatrix waarin de bevolking is opgesplitst in vijf leeftijdsgroepen. Hierin is dus het aantal contacten per dag te zien is. c_{ij} is dus gedefinieerd als het aantal contacten per dag tussen iemand uit groep i en iemand uit groep j .

$$C = \begin{pmatrix} 3,08 & 0,58 & 0,79 & 0,41 & 0,26 \\ 0,426 & 3,60 & 0,81 & 0,60 & 0,24 \\ 1,646 & 2,41 & 3,59 & 2,35 & 1,19 \\ 0,605 & 1,21 & 1,60 & 1,98 & 1,07 \\ 0,28 & 0,36 & 0,61 & 0,80 & 1,31 \end{pmatrix} \quad (15)$$

Nu c bekend is voor elke combinatie van groepen, moet er alleen nog gekeken worden naar parameter q . Deze waarde verkrijgen we met behulp van het basaal reproductiegetal R_0 .

Met behulp van de hierboven genoemde matrix $\mathbf{C}$ wordt de next generation matrix $\mathbf{G}$ gevormd. Dit gebeurt door elke waarde in de matrix $\mathbf{C}$ te vermenigvuldigen met q , dus $\mathbf{G} = q \mathbf{C}$. Zoals gezien in sectie 2.4 geldt dat de waarde van R_0 gelijk is aan de dominante eigenwaarde van deze next generation matrix $\mathbf{G}$. Met behulp van Python worden de eigenwaardes van $\mathbf{G}$ uitgerekend met verschillende waardes voor q . Er wordt dan gevonden dat bij een q gelijk aan 0,3403 geldt dat R_0 gelijk is aan 2,30. In het stuk van het RIVM [5] wordt voor R_0 de waarde 2,3 gebruikt, dus dit is een goede benadering. De next generation matrix $\mathbf{G}$ ziet er dus als volgt uit:

$$\mathbf{G} = q \mathbf{C} = \begin{pmatrix} 1,05 & 0,20 & 0,27 & 0,14 & 0,09 \\ 0,14 & 1,23 & 0,28 & 0,20 & 0,08 \\ 0,56 & 0,82 & 1,22 & 0,80 & 0,40 \\ 0,21 & 0,41 & 0,54 & 0,67 & 0,36 \\ 0,10 & 0,12 & 0,21 & 0,28 & 0,45 \end{pmatrix} \quad (16)$$

Vanuit deze matrix kunnen de waardes voor de verschillende β 's, zoals te zien in Tabel 15, herleidt worden. Er geldt namelijk dat β_{ij} gelijk is aan g_{ij} voor elke waarde van i en j .

5.4 Beginwaardes

Voor de beginwaardes wordt er gekeken naar de waardes voor S_i , I_i en R_i met $i \in 1, \dots, 5$ op $t = 0$. Tot groep 1 behoren in het totaal 2.325.000 individuen. Dat betekent dat N_1 gelijk is aan 2.325.000. Op $t = 0$ is er 1 persoon uit deze groep besmet met het virus en er is nog niemand hersteld van het virus of aan het virus overleden. Voor het aantal vatbare individuen in groep 1 op $t = 0$ geldt de volgende vergelijking: $S(0) = N_1 - I_0 - R_0 = N_1 - 1$. Voor groep 1 hebben we dus de volgende beginwaardes

$$\begin{cases} S_1(0) = N_1 - 1 = 2.324.999 \\ I_1(0) = 1 \\ R_1(0) = 0 \end{cases} \quad (17)$$

Voor de groepen 2, 3, 4 en 5 geldt dat er op $t = 0$ nog niemand besmet is met het virus of hiervan is hersteld. Ook is er uit deze groepen nog niemand overleden aan COVID-19. De totale populatie voor de groepen 2, 3, 4 en 5 is gelijk aan 1.642.000, 4.857.000, 3.312.000 en 2.477.000 respectievelijk. Als beginwaarden hebben we dus de volgende stelsels:

$$\begin{cases} S_2(0) = N_2 - 1 = 1.641.999 \\ I_2(0) = 0 \\ R_2(0) = 0 \end{cases} \quad (18)$$

$$\begin{cases} S_3(0) = N_3 - 1 = 4.856.999 \\ I_3(0) = 0 \\ R_3(0) = 0 \end{cases} \quad (19)$$

$$\begin{cases} S_4(0) = N_4 - 1 = 3.311.999 \\ I_4(0) = 0 \\ R_4(0) = 0 \end{cases} \quad (20)$$

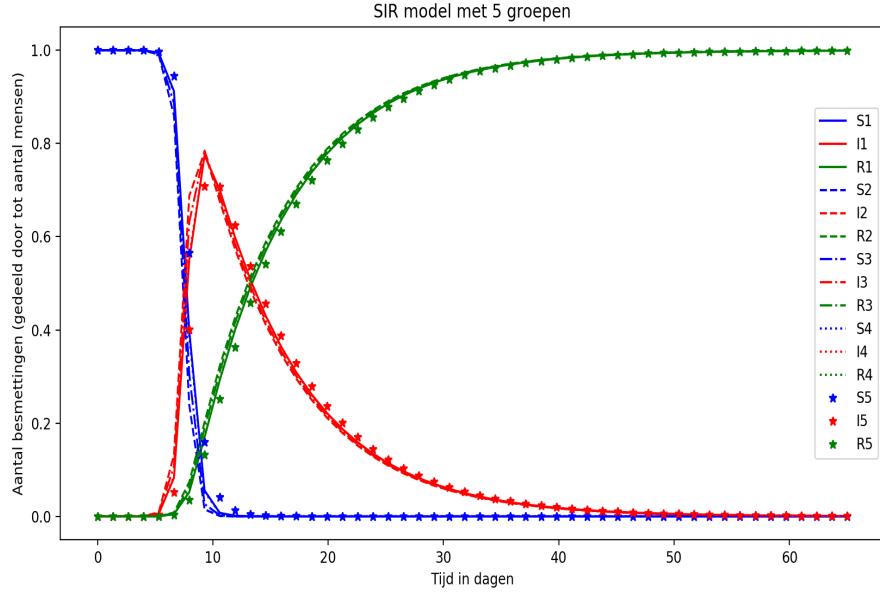
$$\begin{cases} S_5(0) = N_5 - 1 = 2.476.999 \\ I_5(0) = 0 \\ R_5(0) = 0 \end{cases} \quad (21)$$

5.5 Oplossing van het model

Aangezien het systeem nu uit vijf verschillende groepen bestaat, ontstaan er ook vijf verschillende stelsels van vergelijkingen. In Vergelijking 22 is het stelsel van differentiaalvergelijkingen van de jongste groep, groep 1, te zien.

$$\begin{cases} \frac{dS_1}{dt} = -\beta_{11}S_1 \frac{I_1}{N_1} - \beta_{12}S_1 \frac{I_2}{N_2} - \beta_{13}S_1 \frac{I_3}{N_3} - \beta_{14}S_1 \frac{I_4}{N_4} - \beta_{15}S_1 \frac{I_5}{N_5} \\ \frac{dI_1}{dt} = \gamma I_1 + \beta_{11}S_1 \frac{I_1}{N_1} + \beta_{12}S_1 \frac{I_2}{N_2} + \beta_{13}S_1 \frac{I_3}{N_3} + \beta_{14}S_1 \frac{I_4}{N_4} + \beta_{15}S_1 \frac{I_5}{N_5} \\ \frac{dR_1}{dt} = \gamma I_1 \end{cases} \quad (22)$$

Vanzelfsprekend zien de stelsels van differentiaal vergelijkingen voor de groepen 2, 3, 4 en 5 er hetzelfde uit, maar dan met de daarvoor bestemde versies van β . In Figuur 7 is een oplossing van een SIR model te zien waarin de bevolking is opgesplitst in vijf groepen. Voor de parameters hebben we de waardes genomen die hierboven genoemd zijn, voor β dus de waardes uit matrix $\mathbf{G}$ en voor γ is $\frac{1}{8}$ genomen. In Figuur 7 is dus het verloop van de drie compartimenten S, I en R van vijf verschillende leeftijdsklassen te zien. Wat uit deze figuur vooral duidelijk wordt is dat het verloop van de vijf verschillende leeftijdsklassen eigenlijk niet tot nauwelijks verschilt. Er is bijvoorbeeld te zien dat de lijnen van de susceptibles (blauw) bijna helemaal over elkaar heen lopen. Dat betekent dat het aantal susceptibles binnen de vijf verschillende leeftijdsgroepen even snel afneemt. Dit geldt ook voor het aantal infected (rood) en recovered (groen).

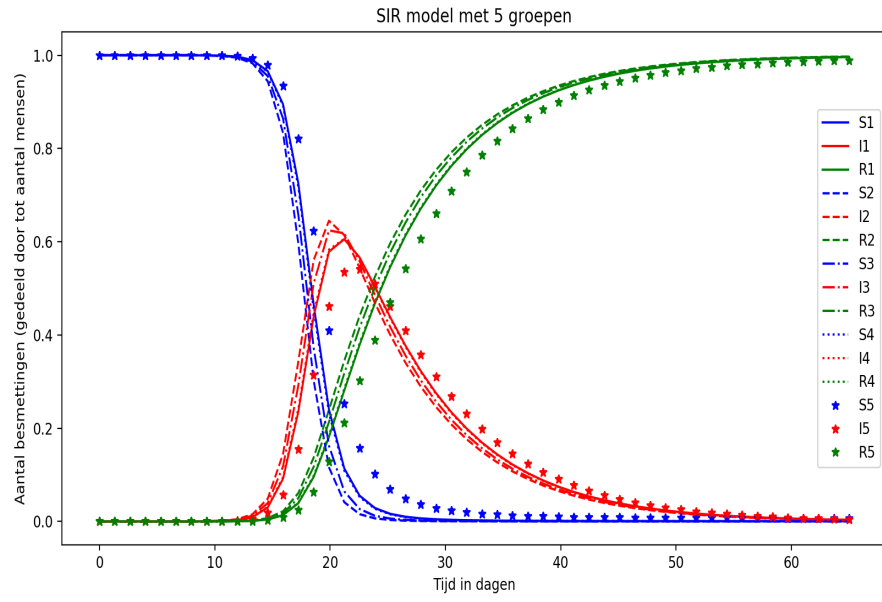


Figuur 7: De oplossing van het SIR model met vijf verschillende groepen met β zoals weergegeven in matrix $\mathbf{G}$, Vergelijking 16, en $\gamma = \frac{1}{8}$.

Omdat R_0 het basale reproductiegetal vooral de uitbraak representeert is deze niet perse representatief voor de gehele verspreiding van het virus. Daarom is er ook een algemenere R waarde die in Nederland voor het coronavirus gelijk is aan 1,04, [5]. Voor q wordt dan ook een andere waarde verkregen, namelijk 0,15384. Als grootste eigenwaarde krijgen we dan 1,040, dit is daarom een goede benadering voor $R = 1,04$. De waarden voor de verschillende β 's zijn dan zoals weergegeven in matrix $\mathbf{G}_n$.

$$G_n = q_n \mathbf{C} = \begin{pmatrix} 0,47 & 0,09 & 0,12 & 0,06 & 0,04 \\ 0,07 & 0,55 & 0,12 & 0,09 & 0,04 \\ 0,25 & 0,37 & 0,55 & 0,36 & 0,18 \\ 0,09 & 0,19 & 0,25 & 0,30 & 0,16 \\ 0,04 & 0,06 & 0,09 & 0,12 & 0,20 \end{pmatrix} \quad (23)$$

De oplossing van het model met de bovenstaande waarden voor β en voor gamma nog steeds $\frac{1}{8}$ is te zien in 8. Nu is te zien dat de lijnen van de groepen, per compartiment, wat meer uit elkaar liggen. Als we bijvoorbeeld kijken naar het aantal susceptibles dan zien we dat de toppen nu niet meer over elkaar heen liggen, maar naast elkaar. Er is te zien dat de gestreepte rode lijn als eerst begint te stijgen. Hieruit kan geconcludeerd worden dat groep 2 dus het snelst besmet raakt met het virus. De groepen 1, 3, en 4 gaan daarna gelijk op en als laatste wordt ook groep 5 nog besmet.



Figuur 8: De oplossing van het SIR model met vijf verschillende groepen met β zoals weergegeven in matrix $\mathbf{G}_n$, Vergelijking 23, en $\gamma = \frac{1}{8}$.

6 Het SIRV model

Hier wordt het SIR model zoals beschreven in Hoofdstuk 3 uitgebreid. Er wordt een vierde compartiment toegevoegd, namelijk een compartiment met de gevaccineerden.

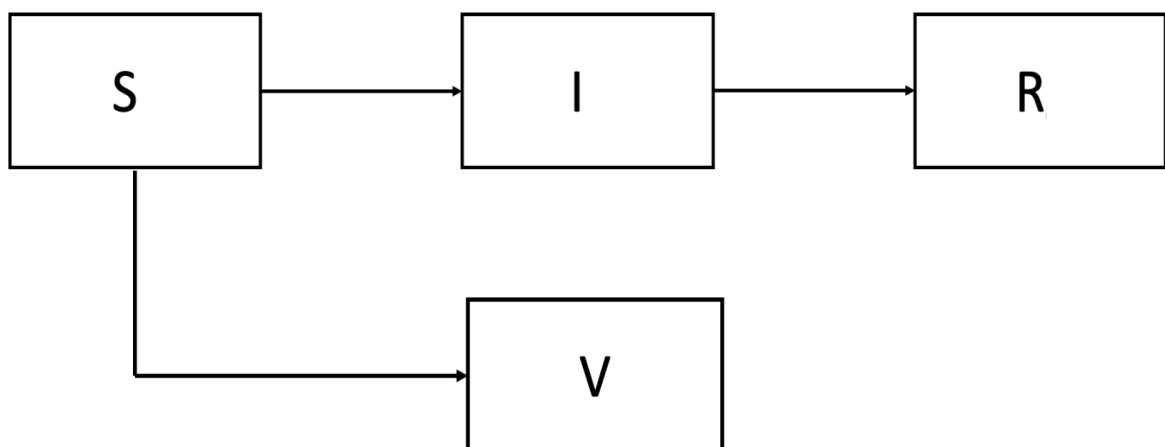
6.1 Inleiding

Tijdens de verspreiding van het coronavirus speelt vaccinatie een hele belangrijke rol. Het is namelijk de enige manier om het virus onder controle te krijgen. Het land vaccineren is een stuk makkelijker gezegd dan gedaan. Er zitten behoorlijk wat haken en ogen aan. Zo zal er altijd een deel van de populatie zijn dat überhaupt niet gevaccineerd wil worden vanwege ethische redenen. In het geval van COVID-19 is het zo dat deze pandemie vrij plotseling kwam en er dus relatief snel een vaccin moest komen tegen dit virus. Hierdoor is er minder tijd geweest om het vaccin te testen en vooral minder tijd om de eventuele bijwerkingen of andere gevolgen van het vaccin te onderzoeken. Daarom ligt het percentage van mensen dat weigert gevaccineerd te worden waarschijnlijk nog wat hoger. Toch is het van groot belang dat er zo veel mogelijk mensen wel worden gevaccineerd. Alleen samen krijgen we het virus onder controle. Veel voorbeeld personen, die dus groot publiek beïnvloeden, promoten daarom ook het nemen van een vaccin. Verder is het qua tijd en mankracht vrij onmogelijk om heel Nederland in één dag te prikken en zal dit proces dus over een langere tijd verspreid moeten worden. Naast tijd en mankracht is het ook zo dat er niet van het een op het andere moment een onbeperkt aantal prikken beschikbaar is. Ook hierom duurt het dus langer om het gehele land gevaccineerd te krijgen.

Voordat we het compartiment met de gevaccineerden toe gaan voegen aan ons model met vijf leeftijds- klassen, voegen we dit compartiment eerst toe aan het simpele SIR model met één gehele bevolkingsgroep, dus het model zoals beschreven in Hoofdstuk 3.

6.2 De gevaccineerden, groep V

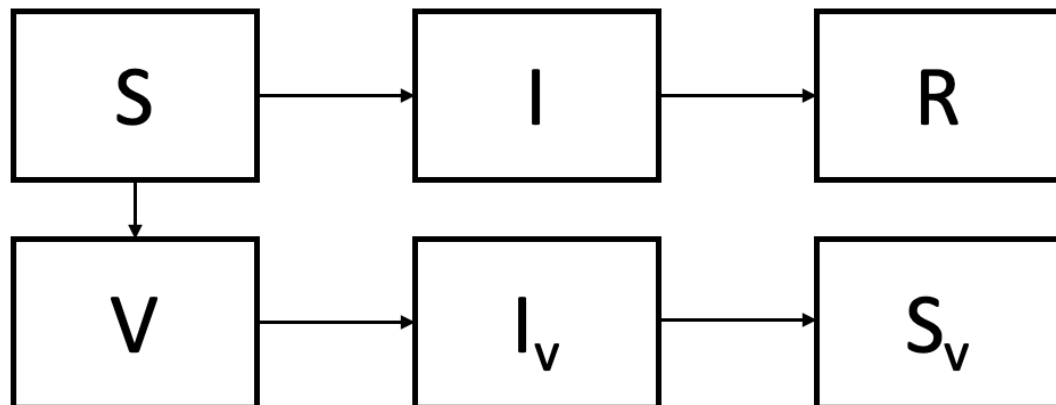
Het toevoegen van vaccinaties betekent voor het model eigenlijk gewoon het toevoegen van een extra compartiment, V , die weer afhankelijk is van de tijd, t . In Figuur 9 is een grafische weergave van een SIRV model te zien. Voor de Nederlandse bevolking opgesplitst in de eerder genoemde vijf groepen ziet dit er voor elke groep precies zo uit. Voor het gemak heb ik het nu over V , maar er geldt dus dat het $S_i I_i R_i$ model wordt uitgebreid naar het $S_i I_i R_i V_i$ model voor elke $i \in \{1, 2, \dots, 5\}$.



Figuur 9: Grafische weergave $SIRV$ model.

In mijn $SIRV$ model blijven de in Hoofdstuk 5 genoemde aannames gelden. Hieraan worden wel nog drie aannames toegevoegd:

1. **Een vaccinatie leidt tot immuniteit.** Eenmaal in compartiment V kom je hier dus niet meer uit. Als er naar de situatie in Nederland wordt gekeken, is er te zien dat er nog wel mensen zijn die al zijn gevaccineerd tegen het virus, maar nog steeds besmet raken. Eigenlijk had ik daarom een ander model moeten gebruiken met ook een uitstroom vanaf compartiment V naar een compartiment I_v , de individuen die besmet zijn na inenting, en van daaruit door naar compartiment R_v , de individuen die zijn hersteld van een besmetting met het virus na inenting. Een schematische weergave van dit model is te zien in Figuur 10.
2. **Alleen groep S komt in aanmerking voor een vaccinatie.** Als je dus eenmaal bent besmet maak je geen kans meer om gevaccineerd te worden. Vanuit groep I is er dus nog steeds alleen een stroom naar groep R . Groep S heeft nu uitstroom naar zowel I als V , zie Figuur 9. Ook deze aanname is gemaakt om het model te versimpelen. In de werkelijkheid is het namelijk zo dat ook mensen die hersteld zijn geprikt worden.
3. **Er is maar één prik nodig om volledig gevaccineerd te zijn en je bent direct na de prik beschermd.** Na één prik van het vaccin tegen het corona virus is een individu direct immuun. Deze aanname is niet in lijn met de werkelijkheid. In het echt is het namelijk zo dat er twee prikken nodig zijn. Ook is het niet zo dat je na een prik meteen beschermd bent tegen het virus, hier gaat in de werkelijkheid tijd overheen. Om dit goed te verwerken in het model moet er dus vertraging in het model worden toegevoegd.



Figuur 10: Grafische weergave van het SIRV model zoals dit er eigenlijk uit had moeten zien.

6.3 Standaard SIRV model.

Voordat we vaccinatie kunnen gaan toepassen in ons model waarin de bevolking is opgesplitst in vijf groepen, kijken we eerst naar het simpele SIR model zoals beschreven in Hoofdstuk 3.

In Figuur 2 hebben we gezien hoe een standaard SIR model eruit ziet met $\beta = 0,4$ en $\gamma = \frac{1}{10}$.

Het compartiment met de gevaccineerden kan op verschillende wijzen worden toegevoegd. Er zijn namelijk niet oneindig veel vaccins beschikbaar dus dit beperkt het aantal prikken dat gezet kan worden, maar ook de vaccinatie bereidheid is niet 100%, dus ook dat is bepalend voor de snelheid van het vaccineren. De verschillende wijzen waarop ons land gevaccineerd kan worden, wordt hier beschreven.

1. **Compartiment V groeit proportioneel met compartiment S .** Dit betekent dat er elke dag een vast percentage van compartiment S geprikt wordt. Omdat compartiment S elke dag kleiner wordt, wordt het aantal mensen dat geprikt wordt op een dag ook kleiner. Het percentage is

namelijk constant. Aan het begin van het vaccinatie proces is er een groter deel van de populatie dat bereid is gevaccineerd te worden en richting het eind worden dit er steeds minder, vandaar deze tactiek.

2. **Groep V groeit met een constante snelheid.** Elke dag wordt er een vast aantal mensen gevaccineerd. Deze wijze van het toedienen van de vaccinaties heeft te maken met de leveringen van de vaccinaties. Er is geen oneindige beschikbaarheid.

6.3.1 Compartment V groeit met een vaste proportie van compartment S

We nemen voor nu aan dat V met een vast percentage van compartment S toeneemt. Deze vaste proportie noemen we k en stel ik gelijk aan 0,005. Ook hier geldt weer dat de waarde 0,005 willekeurig is gekozen en puur functioneert om een beeld te creëren. Als compartment V dus met kS toeneemt krijgen we voor compartment V de differentiaalvergelijking $\frac{dV}{dt}$, zoals gedefinieerd in Vergelijking 24.

$$\frac{dV}{dt} = kS \quad (24)$$

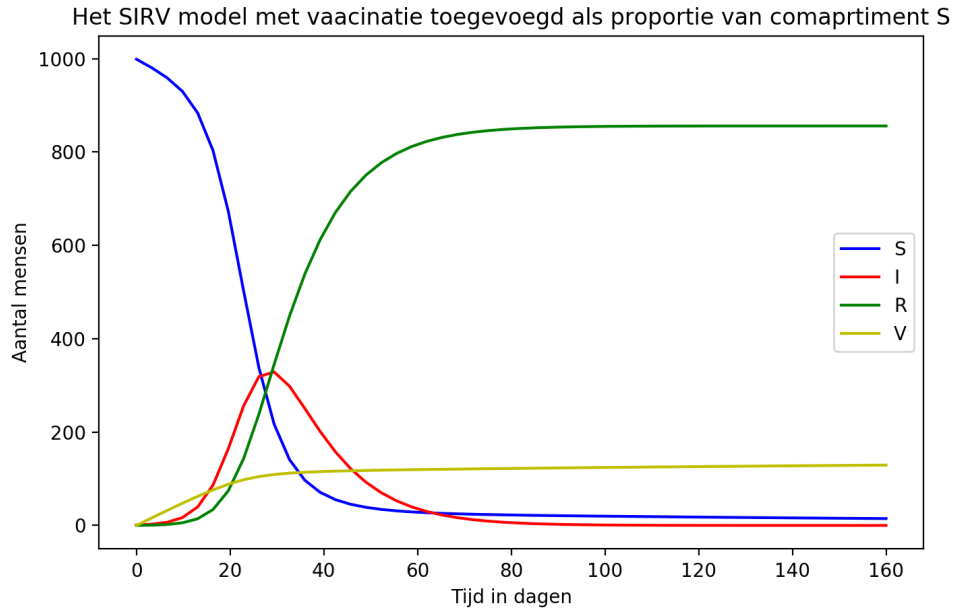
Omdat V instroom heeft vanuit compartment S, betekent dat dat compartment S dit zelfde als uitstroom heeft. De differentiaalvergelijking van compartment S verandert dus en we krijgen het volgende stelsel van differentiaalvergelijkingen:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N} - kS \\ \frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \\ \frac{dV}{dt} = kS \end{cases} \quad (25)$$

Omdat er op dag 0 nog niemand is gevaccineerd geldt $V(0) = 0$. En dus gelden als beginwaarden:

$$\begin{cases} S(0) = N - 1 \\ I(0) = 1 \\ R(0) = 0 \\ V(0) = 0 \end{cases} \quad (26)$$

De oplossing van het hierboven beschreven model is te zien in Figuur 11.



Figuur 11: De oplossing van een SIRV model met vaccinatie, compartiment V, toegevoegd als vaste proportie van het aantal susceptibles, compartiment S.

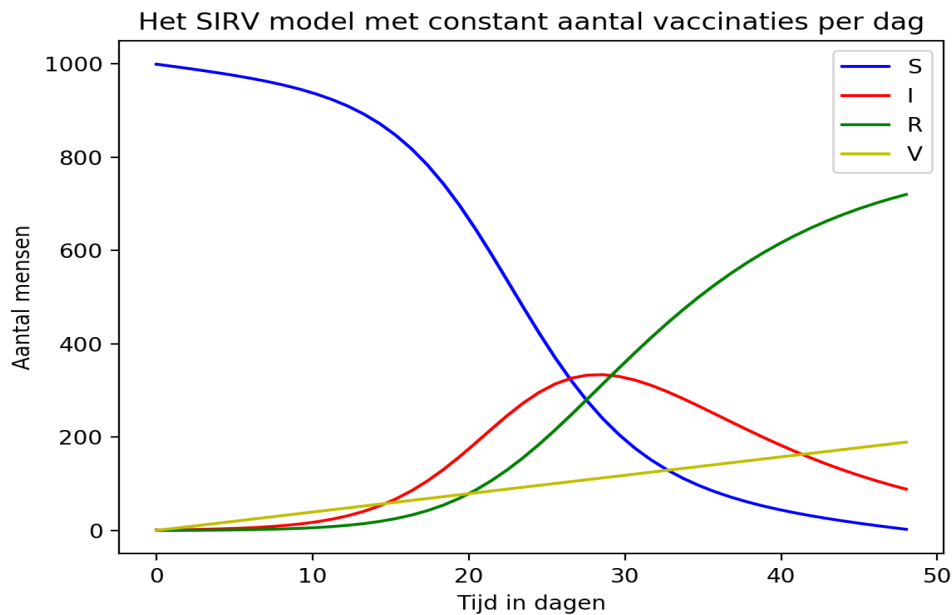
In Figuur 11 is het duidelijk te zien dat de piek van de geïnfekteerden lager ligt dan in het model zonder vaccinatie, Figuur 2. Ook zien we dat de maximale hoeveelheid herstelden een stuk lager ligt in het model met de vaccinatie. Kortom, de situatie mét vaccinatie ziet er gunstiger uit dan zonder vaccinatie, er raken immers minder individuen besmet.

6.3.2 Compartiment V groeit met constante snelheid

Een andere mogelijkheid om te vaccineren is door een vast aantal prikken per dag te zetten. Hierdoor neemt compartiment V met een constante, k , toe. Dit betekent dat compartiment S dan met die zelfde constante nog extra afneemt. Het stelsel van differentiaalvergelijkingen dat hoort bij deze situatie is als volgt:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N} - k \\ \frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \\ \frac{dV}{dt} = k \end{cases} \quad (27)$$

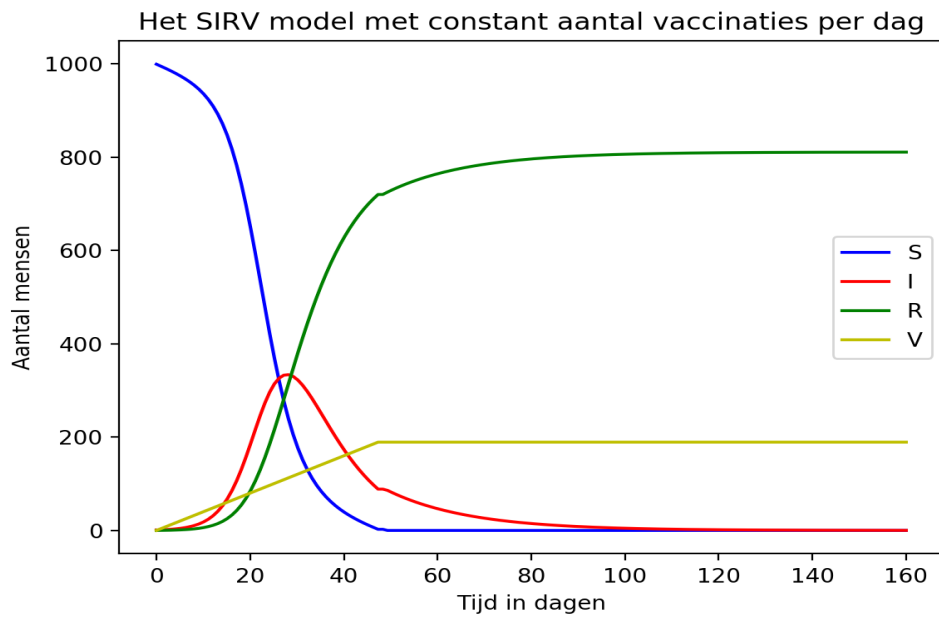
met de beginwaarden zoals gedefinieerd in stelsel 26.



Figuur 12: De oplossing van een SIRV model waarin vaccinatie, compartiment V, is toegevoegd met een constant aantal prikken per dag.

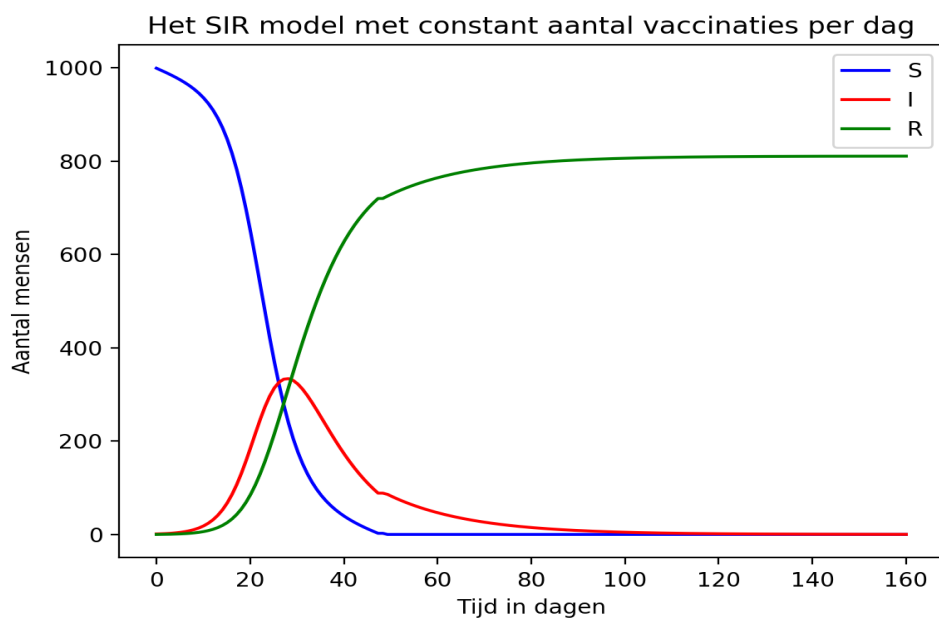
In Figuur 12 zien we ook weer dat de piek van de geïnfekteerden een stukje lager ligt dan in het model zonder vaccinatie, Figuur 2. Ook zien we dat het model nu maar loopt tot $t = 48$. Dit komt omdat na $t = 48$ de waarden van compartiment S negatief worden en dat is natuurlijk onmogelijk. Een compartiment kan simpelweg niet een negatief aantal personen bevatten. Op $t = 48$ zitten er nog ongeveer 2 personen in groep S. Dit betekent dat $1000 - 2 = 998$ mensen, op $t = 48$, zijn gevaccineerd of besmet zijn geweest met het virus.

We hebben dus nu het SIRV model gezien waarin elke dag een vast aantal prikken wordt gezet. Ook hebben we gezien dat dit model stopt op $t = 48$ omdat na $t = 48$ het aantal mensen in compartiment S negatief wordt. Om wel een beeld te krijgen van wat er na $t = 48$ gebeurt laten we het model na $t = 48$ overgaan op het standaard SIR model zoals gezien in Hoofdstuk 3. Voor het SIR model gebruiken we dan als beginwaarden niet de waarden zoals aangegeven in 11, maar we gebruiken de waarden waarop de oplossing van het SIRV model zoals in Figuur 12 'stopt'. Het model dat we dan krijgen is te zien in Figuur 13.



Figuur 13: De oplossing van een SIRV model met constant aantal prikken per dag dat daarna overgaat op een standaard SIR model.

Omdat de vaccinatie stopt op het moment dat we het SIR model 'vastplakken' aan het SIRV model laten we deze lijn even weg om beter te kunnen zien wat er met de groepen S, I en R gebeurt, zie Figuur 14.



Figuur 14: Het SIRV model met constant aantal prikken per dag dat daarna overgaat op het standaard SIR model met de lijn van groep V weggelaten.

7 SIRV model in ons systeem van vijf groepen

7.1 Inleiding

In het vorige hoofdstuk hebben we gezien hoe er een compartiment V met de gevaccineerden aan het simpele SIR model uit Hoofdstuk 3 wordt toegevoegd. In plaats van een SIR model hebben wij het dan over het SIRV model. Ook hebben we gezien dat dit compartiment op verschillende manieren bij het model gevoegd kan worden, namelijk als vaste proportie van het aantal mensen in compartiment S of door een vast aantal mensen per dag te prikken. In het eerste geval wordt er dus niet elke dag een zelfde aantal mensen geprikt, maar wel wordt elke dag hetzelfde percentage mensen uit compartiment S geprikt. En in het tweede geval wordt dus wel een constant aantal individuen per dag geprikt. De oplossingen die bij deze verschillende modellen horen zien er dus ook anders uit, ook dat is te zien in Hoofdstuk 6. In dit hoofdstuk gaan we volgens deze twee verschillende manieren compartiment V toevoegen aan ons model waarin de Nederlandse bevolking is opgesplitst in vijf verschillende leeftijdsgroepen.

In de volgende SIRV modellen is gerekend met een R gelijk aan 1,04 in plaats van 2,3. Voor q is dus ook de bijbehorende waarde van 0,15384 gebruikt.

7.2 Het stelsel van differentiaalvergelijkingen

Ook in ons model met vijf verschillende leeftijdsgroepen kijken we weer naar verschillende manieren om de bevolking te vaccineren. We voegen compartiment V dus toe aan de hand van de manieren beschreven zoals in Hoofdstuk 6.

7.2.1 Compartiment V groeit proportioneel met compartiment S

Hier wordt het aantal gevaccineerden per dag dus bepaald door een vaste proportie te nemen van compartiment S, zoals beschreven in Paragraaf 6.3.1. De differentiaalvergelijkingen worden dus ook verkregen door de informatie uit Hoofdstuk 5 en Paragraaf 6.3.1 te combineren.

In dit deel heb ik het, voor het gemak, over S_1 , I_1 , R_1 en V_1 , maar dit geldt natuurlijk voor alle leeftijdsgroepen 1, 2, 3, 4 en 5 met de juiste waarden voor de verschillende β 's en γ .

We kiezen er hier voor om de populatie te vaccineren aan de hand van een vaste proportie van groep S_1 . Elke dag zal er een vast percentage van groep S_1 gevaccineerd worden. De differentiaalvergelijking die dan hoort bij groep V_1 is

$$\frac{dV_1}{dt} = k_1 S_1 \quad (28)$$

We hebben gezien dat naast het feit dat de vergelijking voor compartiment V aan het stelsel van differentiaalvergelijkingen wordt toegevoegd ook de vergelijking voor compartiment S verandert. De mensen die compartiment V instromen moeten namelijk wel compartiment S ook uitstromen. De differentiaalvergelijking voor compartiment S_1 gaat er dan als volgt uit zien:

$$\frac{dS_1}{dt} = -\beta_{11}S_1 \frac{I_1}{N_1} - \beta_{21}S_1 \frac{I_2}{N_2} - \beta_{31}S_1 \frac{I_3}{N_3} - \beta_{41}S_1 \frac{I_4}{N_4} - \beta_{51}S_1 \frac{I_5}{N_5} - k_1 S_1 \quad (29)$$

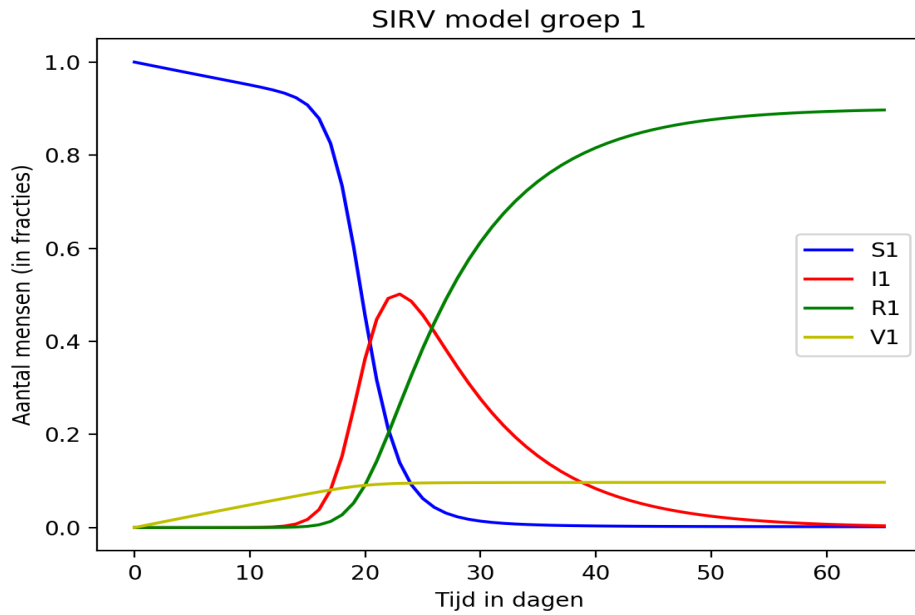
Op $t = 0$ geldt nog steeds dat $I_1 = 1$ en $R_1 = 0$. Ook hebben we gezien dat $V(0) = 0$ geldt. Voor de beginwaarde van S_1 geldt dus $S_1(0) = N_1 - I_1 - R_1 - V_1 = N_1 - 1$. Als stelsel van differentiaalvergelijkingen krijgen we dan

$$\begin{cases} \frac{dS_1}{dt} = -\beta_{11}S_1 \frac{I_1}{N_1} - \beta_{21}S_1 \frac{I_2}{N_2} - \beta_{31}S_1 \frac{I_3}{N_3} - \beta_{41}S_1 \frac{I_4}{N_4} - \beta_{51}S_1 \frac{I_5}{N_5} - k_1 S_1 \\ \frac{dI_1}{dt} = \gamma I_1 + \beta_{11}S_1 \frac{I_1}{N_1} + \beta_{21}S_1 \frac{I_2}{N_2} + \beta_{31}S_1 \frac{I_3}{N_3} + \beta_{41}S_1 \frac{I_4}{N_4} + \beta_{51}S_1 \frac{I_5}{N_5} \\ \frac{dR_1}{dt} = \gamma I_1 \\ \frac{dV_1}{dt} = k_1 S_1 \end{cases} \quad (30)$$

met als beginwaarden

$$\begin{cases} S_1(0) = N_1 - 1 \\ I_1(0) = 1 \\ R_1(0) = 0 \\ V_1(0) = 0 \end{cases} \quad (31)$$

Als we dit nieuwe stelsel van vergelijkingen voor groep N_1 in een figuur zetten krijgen we het volgende



Figuur 15: De oplossing van het SIRV model voor de jongste leeftijdsgroep, groep 1. De gevaccineerden, V_1 , zijn als vaste proportie van het aantal susceptibles, S_1 , toegevoegd.

In dit model heb ik voor k_1 de waarde 0,005 genomen. Er wordt dan dus elke dag 0,5% van de bevolking gevaccineerd. Deze waarde heb ik genomen om te kijken of het model klopt. Later wordt er gekeken naar een realistische waarde voor deze k_1 .

In Figuur 15 is dus, zoals ook al gezien in Paragraaf 6.3.1, te zien dat het aantal mensen dat herstelt van het virus niet meer helemaal oploopt tot 1, maar, omdat een deel ook gevaccineerd wordt en dus niet in compartiment R belandt, eerder afvlakt. Dit is dus precies zoals verwacht. Ook zien we dat het totaal aantal besmettingen ook lager ligt dan in het model waarin niet gevaccineerd wordt, Figuur 8.

7.2.2 Compartiment V groeit met constante snelheid

Door op deze manier de gevaccineerden toe te voegen wordt er een vast aantal individuen geprikt per dag, zoals beschreven in Paragraaf 6.3.2. De differentiaalvergelijkingen worden dus ook verkregen door de informatie uit Hoofdstuk 5 en Paragraaf 6.3.2 te combineren.

Ook hier heb ik het, voor het gemak, over S_1 , I_1 , R_1 en V_1 , maar dit geldt natuurlijk voor alle leeftijdsgroepen 1, 2, 3, 4 en 5 met de juiste waarden voor de verschillende β 's en γ .

Nu kiezen we ervoor om een vast aantal prikken per dag te zetten. Het aantal prikken dat gezet wordt

is dus nu constant. De differentiaalvergelijking die we dan krijgen is dus simpelweg

$$\frac{dV_1}{dt} = k \quad (32)$$

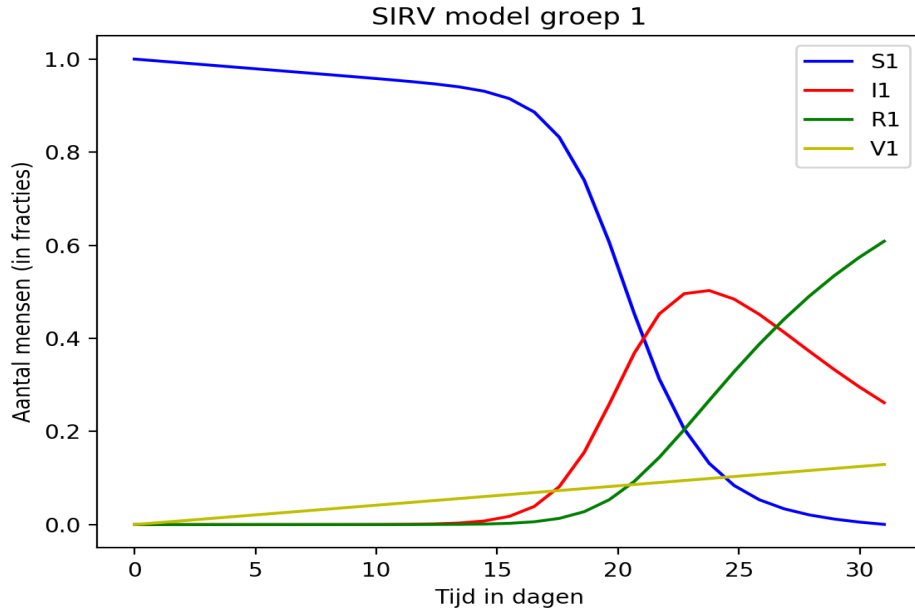
met k een constante. Ook nu verandert de differentiaalvergelijking voor compartiment S_1 weer. Deze wordt nu

$$\frac{dS_1}{dt} = -\beta_{11}S_1 \frac{I_1}{N_1} - \beta_{21}S_1 \frac{I_2}{N_2} - \beta_{31}S_1 \frac{I_3}{N_3} - \beta_{41}S_1 \frac{I_4}{N_4} - \beta_{51}S_1 \frac{I_5}{N_5} - kS_1 \quad (33)$$

Voor de beginwaardes geldt nog steeds hetzelfde als wanneer er niet een vast aantal prikken per dag wordt gezet, zie stelsel 31. Ons stelsel van differentiaalvergelijkingen voor de jongste bevolkingsgroep wordt nu:

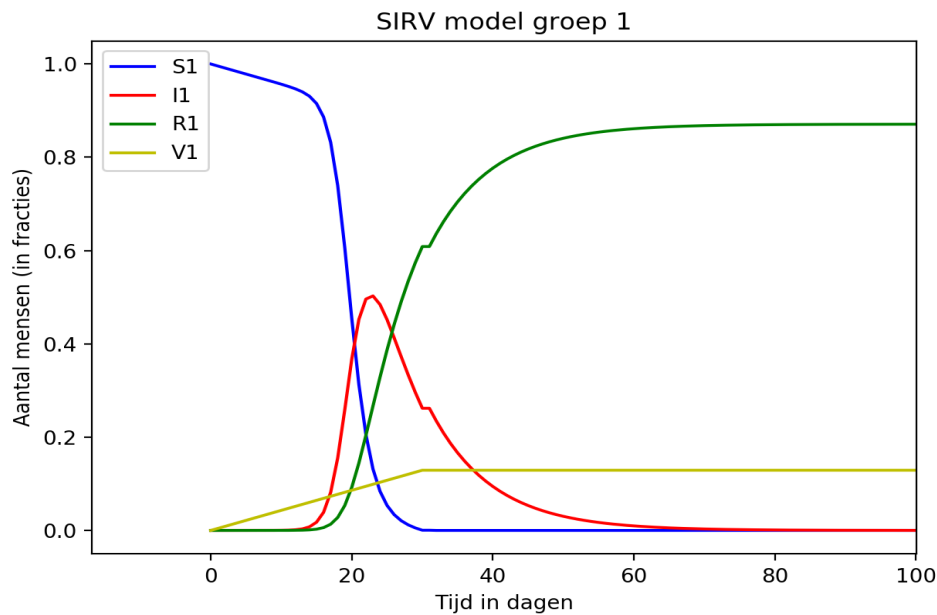
$$\begin{cases} \frac{dS_1}{dt} = -\beta_{11}S_1 \frac{I_1}{N_1} - \beta_{21}S_1 \frac{I_2}{N_2} - \beta_{31}S_1 \frac{I_3}{N_3} - \beta_{41}S_1 \frac{I_4}{N_4} - \beta_{51}S_1 \frac{I_5}{N_5} - kS_1 \\ \frac{dI_1}{dt} = \gamma I_1 + \beta_{11}S_1 \frac{I_1}{N_1} + \beta_{21}S_1 \frac{I_2}{N_2} + \beta_{31}S_1 \frac{I_3}{N_3} + \beta_{41}S_1 \frac{I_4}{N_4} + \beta_{51}S_1 \frac{I_5}{N_5} \\ \frac{dR_1}{dt} = \gamma I_1 \\ \frac{dV_1}{dt} = k \end{cases} \quad (34)$$

In Figuur 16 is de oplossing van het SIRV model voor de jongste bevolkingsgroep te zien. In dit model wordt er per dag dus dezelfde hoeveelheid prikken gezet. Er is een hoeveelheid van 10.000 prikken per dag gebruikt. Ook hier is weer te zien dat, omdat compartiment V nu mensen 'ontvangt', niet meer de gehele bevolking in compartiment R zal belanden.



Figuur 16: De oplossing van het SIRV model voor de jongste leeftijdsgroep, groep 1. Het aantal gevaccineerden V_1 , groeit hier met een constante snelheid.

Om nog een beter beeld te krijgen van wat er met de compartimenten S_1 , I_1 en R_1 gebeurt na $t = 31$ laten we het model vanaf dit tijdstip weer overgaan op het standaard SIR model. De oplossing hiervan is te zien in Figuur 17.



Figuur 17: De oplossing van het SIRV model voor de jongste leeftijdsgroep, groep 1. Het aantal gevaccineerden V_1 , groeit hier met een constante snelheid. Het model gaat na vaccinatie weer over op het SIR model.

Er is te zien dat het aantal mensen dat besmet raakt met het virus lager ligt dan wanneer er niet gevaccineerd wordt, Figuur 8. Ook zien we, zoals verwacht, dat niet de gehele bevolking herstelt van het virus, doordat mensen gevaccineerd worden en überhaupt niet in aanraking komen met het virus. Het aantal gevaccineerden en herstelden samen vormt aan het eind van de epidemie dus weer de gehele bevolking.

7.3 Waardes voor parameter k

Parameter k representeert het aantal prikken dat gezet wordt per dag. In het SIRV model waar de gevaccineerden proportioneel worden toegevoegd is dat k_1 en in het SIRV model waar een vast aantal mensen per dag geprikt wordt is dat k_2 .

7.3.1 Parameter k_1

Tegenwoordig worden er gemiddeld ongeveer 245.000 prikken gezet op een dag. Toen Nederland begon met prikken was dit een stuk minder. In Tabel 16 is een overzicht te zien van het aantal prikken dat gezet is, van de eerste prik tot prik nummer 12.000.000. Het is duidelijk te zien dat we een stuk sneller zijn gaan prikken.

Datum	06/01	20/02	15/03	06/04	15/04	25/04	05/05	12/05	19/05	26/05	02/06
t (in dagen)	1	46	69	91	100	110	120	127	134	141	148
Prikken gezet ($\times 10^6$)	$1 \cdot 10^{-6}$	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

Tabel 16: Een aantal mijlpalen tijdens het vaccineren van de Nederlandse bevolking.

In Tabel 16 is dus te zien dat er in 157 dagen 12 miljoen prikken zijn gezet. Dat betekent dat er per dag gemiddeld $\frac{12.000.000}{157} = 76.433$ prikken zijn gezet.

Het aantal personen per leeftijdsgroep ingedeeld zoals in dit onderzoek is weergegeven in Tabel 17.

Leeftijdsgroep	Aantal personen
1 - 12 jaar	2.325.000
13 - 19 jaar	1.642.000
20 - 39 jaar	4.857.000
40 - 59 jaar	3.312.000
≥ 60	2.477.000
Totaal	14.613.000

Tabel 17: Het aantal inwoners van Nederland per leeftijdsgroep in 1986.

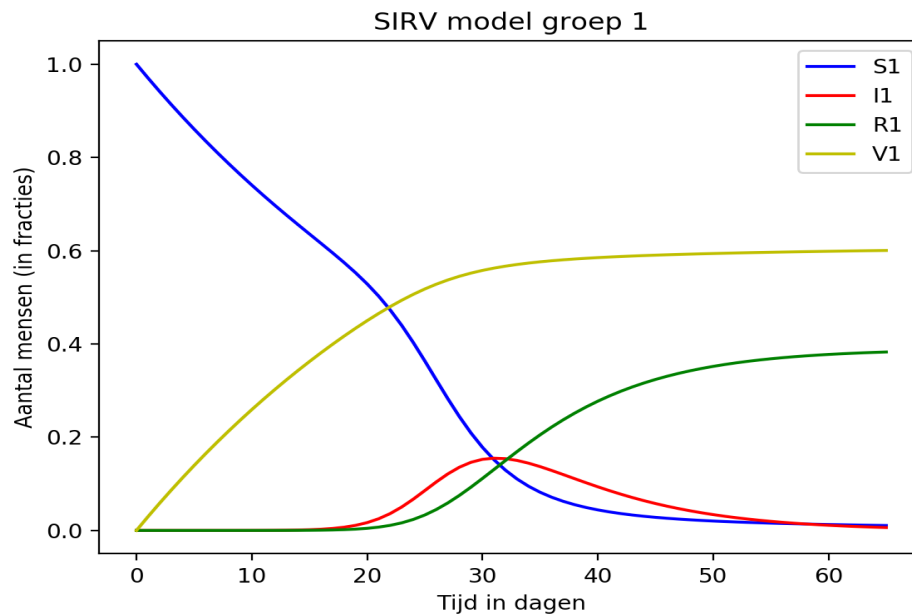
Als er dus gemiddeld 75.433 prikken per dag worden gezet dan wordt er op dag 1 dus, $\frac{75.433}{2.325.000} = 0,03$, 3% geprikt van de jongste leeftijdsgroep. De percentages die per leeftijdsgroep geprikt moeten worden om het gemiddelde te halen zijn te zien in Tabel 18.

Leeftijdsgroep	Deel dat geprikt moet worden
1 - 12 jaar	0,03
13 - 19 jaar	0,05
20 - 39 jaar	0,02
40 - 59 jaar	0,02
≥ 60	0,03
Totaal	14.613.000

Tabel 18: Het percentage per leeftijdsgroep dat geprikt moet worden om het gemiddelde aantal prikken per dag van 75.433 te halen.

Omdat het aantal mensen in de compartiment S_1 , S_2 , S_3 , S_4 en S_5 natuurlijk minder wordt, moeten deze percentages stijgen om die 75.433 prikken per dag te halen. In mijn model gebruik ik voor k_1 alleen de begin percentages zoals te zien zijn in Tabel 18.

Als voor groep 1 dus in plaats van 0,005 nu de waarde 0,03 wordt genomen voor parameter k_1 dan ziet de oplossing van het model er anders uit. Deze oplossing is te zien in Figuur 18.

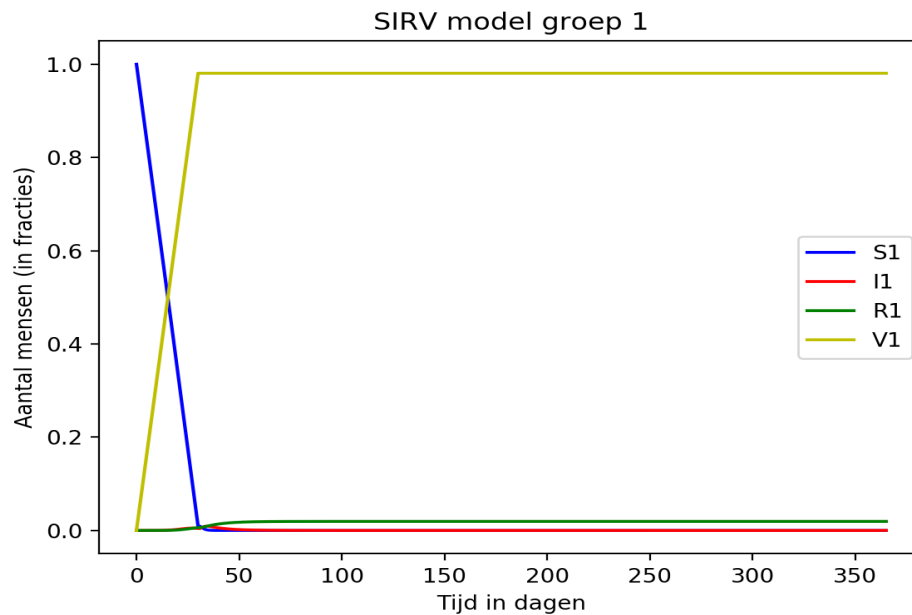


Figuur 18: De oplossing van het SIRV model voor de jongste leeftijdsgroep, groep 1. Het aantal gevaccineerden V_1 , groeit hier proportioneel. Er wordt per dag 3% van het aantal susceptibles gevaccineerd.

We zien dat er dus een stuk sneller gevaccineerd wordt dan in Figuur 15, waardoor het aantal besmettingen veel lager ligt en we zien dat er daarom natuurlijk ook minder mensen herstellen van het virus.

7.3.2 Parameter k_2

We hebben gezien dat er per dag dus gemiddeld 75.433 prikken worden gezet. Dit is een gemiddelde, aan het begin van de epidemie is er een stuk langzamer geprikt dan dat er tegenwoordig geprikt wordt. Als k_2 gelijk wordt gesteld aan 76.000 dan is de oplossing die hoort bij dit model te zien in Figuur ??.



Figuur 19: De oplossing van het SIRV model voor de jongste leeftijdsgroep, groep 1. Het aantal gevaccineerden V_1 , groeit hier met een (enorme) constante snelheid. Er worden per dag 76.000 mensen gevaccineerd.

Hier is dus te zien dat deze waarde voor k_2 veel te hoog ligt in dit model. In dertig dagen is heel groep 1 al gevaccineerd.

7.4 Conclusie

In dit hoofdstuk hebben we gezien dat het toevoegen van een compartiment met gevaccineerden aan het SIR model zoals beschreven in Hoofdstuk 5 de verspreiding van het virus belemmert. Dit compartiment V is op twee verschillende manieren aan het SIR model toegevoegd. In beide situaties is er gekeken naar de jongste groep en is te zien dat het totaal aantal besmettingen binnen deze groep een lager ligt als een deel van deze groep gevaccineerd wordt. Ook hebben we in beide versies van de SIRV modellen gezien dat niet meer de gehele bevolking herstelt van het virus, maar een deel 'eindigt' in compartiment V, omdat er is aangenomen dat je na vaccineren immuun bent. De compartimenten R en V vormen dan uiteindelijk samen weer de gehele bevolking.

Om het aantal besmettingen met het COVID-19 virus te beperken is het dus van belang om te gaan vaccineren.

8 Het virus indammen

Het 'indammen' van het coronavirus kan verschillende dingen betekenen. In dit hoofdstuk worden verschillende gebieden besproken waarop de verspreiding van het virus gemeten kan worden. Deze verschillende gebieden noemen we ook wel de doelen en die zijn als volgt:

1. **Totale ziektelast:** De totale ziektelast geeft zeker ook een beeld van de status rondom het coronavirus en ook het minimaliseren hiervan draagt bij aan het insluiten van het virus.
2. **Sterfte:** Het aantal doden minimaliseren is een manier om het virus in te sluiten, maar ook het aantal verloren levensjaren minimaliseren kan gebruikt worden om het virus terug te dringen.
3. **Ziekenhuis:** Om verspreiding van het virus te beperken kan ook gefocust worden op het ontnemen van de druk op de zorg.
4. **Het functioneren van de maatschappij:** Het zo goed mogelijk door laten draaien van de maatschappij is belangrijk voor een land om niet ten onder te gaan.

Een paar verschillende strategieën om het land te vaccineren zijn bijvoorbeeld:

1. **Mensen met veel contacten vaccineren.** Door als eerst de mensen met veel contacten te vaccineren, denk aan mensen in de zorg, zou het kunnen zijn dat de grootste pieken van besmettingen voorkomen of in ieder geval kleiner worden.
2. **Mensen met overgewicht eerst vaccineren.** Er is gebleken dat een groot deel van de COVID-19 patiënten op de IC ook overgewicht hebben. Daarom kan het tactisch zijn om deze mensen als eerst te beschermen tegen het virus.
3. **Ouderen eerst vaccineren.** Een derde strategie om het land te vaccineren is door van oud naar jong te prikken. De ouderen worden dan als eerst geprikt en de jongeren als laatst.

De hierboven genoemde doelen zouden eigenlijk per strategie gemeten moeten worden om te kijken wat de beste strategie is die hoort bij dat doel. Daar heb ik helaas geen tijd voor gehad tijdens mijn onderzoek, maar dit zou wel interessant kunnen zijn om nog te analyseren. In dit hoofdstuk worden daarom vooral grove schattingen gemaakt.

8.1 Totale ziektelast

Hier is het doel om het aantal zieken te minimaliseren. Daarom is het belangrijk om te kijken naar het totaal aantal besmettingen in alle leeftijdsgroepen. Een overzicht van het maximaal besmettingen in het model uit Hoofdstuk 5, dus zonder vaccinaties, is te zien in Tabel 19.

Leeftijdsgroepen	Maximale deel dat besmet is
1 - 12	0,605
13 - 19	0,645
20 - 39	0,624
40 - 59	0,606
≥ 60	0,541

Tabel 19: Een overzicht van de maximale delen van de bevolking per leeftijdsgroep dat besmet is met het COVID-19 virus.

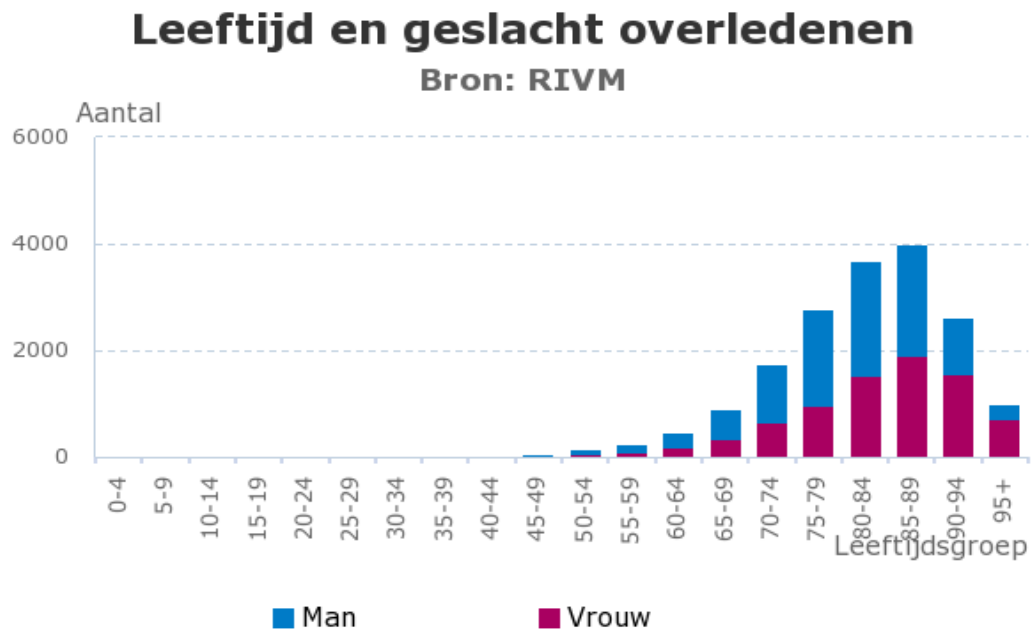
Vervolgens moeten deze maxima ook gevonden worden voor de verschillende vaccinatiestrategieën. Aan de hand van al die gegevens kan dan, puur door te kijken bij welke strategie de maxima het laagst zijn, geconcludeerd worden welke strategie het best bij dit doel past. Hier ben ik niet aan toe gekomen, maar dit kan interessant zijn om nog verder te onderzoeken.

8.2 Sterfte

Één van de belangrijkste criteria is sterfte. Meten hoe veel mensen er aan het virus zijn overleden geeft een goed beeld van de eventuele ernst van de situatie. Voor velen zal het minimaliseren van de sterfte gezien worden als het overwinnen van het virus. Het minimaliseren van de sterfte kan weer worden opgesplitst in twee subcategorieën, namelijk puur het sterftecijfer minimaliseren of het aantal verloren levensjaren minimaliseren.

8.2.1 Het sterftecijfer

Het sterftecijfer geeft een bepaald beeld van de situatie rondom het coronavirus. We kunnen er namelijk aan zien hoeveel mensen er overlijden aan het virus. Het RIVM heeft het sterftecijfer per leeftijdsgroep gepubliceerd [5], zie Figuur 20.



Figuur 20: Het, in Nederland, aantal overledenen aan het coronavirus naar leeftijd en geslacht. In het blauw wordt het aantal overledenen mannen laten zien en in het paars het aantal overledenen vrouwen.

Er is te zien dat het aantal overledenen eigenlijk pas vanaf een leeftijd van 60 jaar begint op te lopen. De precieze cijfers worden weergegeven in Tabel 20.

Leeftijdsgroepen	Man	Vrouw
0 - 4	1	0
5 - 9	0	0
10 - 14	0	0
15 - 19	2	0
20 - 24	4	1
25 - 29	6	1
30 - 34	7	4
35 - 39	13	9
40 - 44	19	10
45 - 49	37	30
50 - 54	93	58
55 - 59	176	83
60 - 64	303	173
65 - 69	579	331
70 - 74	1108	649
75 - 79	1798	976
80 - 84	2138	1541
85 - 89	2096	1907
90 - 94	1085	1553
≥ 95	278	714

Tabel 20: Het, in Nederland, aantal overledenen aan het coronavirus naar leeftijd en geslacht.

Om een beeld te krijgen van de situatie die hoort bij onze modellen zoals beschreven in de hoofdstukken 5 en 7 moeten de cijfers uit Tabel 20 verdeeld worden in de eerder genoemde vijf leeftijdsgroepen. De tabel die we dan krijgen is hieronder te zien.

Leeftijdsgroepen	Man	Vrouw	Totaal
1 - 12	1	0	1
13 - 19	2	0	2
20 - 39	30	15	45
40 - 59	325	181	506
≥ 60	9.385	7.844	17.229

Tabel 21: Het, in Nederland, aantal overledenen aan het coronavirus naar leeftijd en geslacht, verdeeld in de vijf leeftijdsklassen.

Uit deze tabel kunnen we dus concluderen dat het aantal overledenen vooral in groep 5, dus de groep met de 60 - plussers, erg hoog is, maar om een beter beeld te kunnen krijgen zou deze oudste groep eigenlijk nog moeten worden opgesplitst in kleinere leeftijdsklassen.

Het lijkt dus het slimst om eerst de ouderen te beschermen als we dit doel willen behalen. De strategie die hier bij hoort is door van oud naar jong te prikken. Wel geldt dat dit een schatting is en er beter gekeken moet worden om hier een standvastigere conclusie over te kunnen trekken.

8.2.2 Het aantal verloren levensjaren

We hebben nu gezien dat er vooral in de oudste groep veel mensen aan het virus overlijden. Een vraag die dan op komt is of het overlijden van een 90 jarige hetzelfde betekent als het overlijden van een 20 jarige. Een ander criterium is dus niet het pure sterftecijfer, maar het aantal verloren levensjaren. Om hier een beeld van de te krijgen moet er eerst gekeken worden naar de levensverwachting van de Nederlandse bevolking.

Volgens het Centraal Bureau van Statistiek is de levensverwachting van de Nederlandse man gelijk aan

een leeftijd van 80,6 jaar en de levensverwachting van een Nederlandse vrouw ligt op 83,6 jaar, [6]. Vanuit hier kan dan gekeken worden naar het aantal verloren levensjaren. Het Centraal Bureau van Statistiek heeft ook nauwkeurigere data over de levensverwachting gepubliceerd, [7]. Door hier het gewogen gemiddelde van te nemen, krijgen we de gemiddelde levensverwachting per leeftijdsgroep zoals verdeeld in Hoofdstuk 5. Deze gemiddelde levensverwachting is te zien in Tabel 22.

Leeftijdsgroepen	Man	Vrouw
1 - 12	74	77
13 - 19	64	68
20 - 39	51	55
40 - 59	32	35
≥ 60	15	16

Tabel 22: De gemiddelde levensverwachting (in jaren) per leeftijdsgroep van Nederlanders in 2020.

Als we dan het aantal verloren levensjaren dankzij corona willen uitrekenen dan hebben we zowel de gegevens uit Tabel 21 als Tabel 22 nodig. Laten we eens kijken naar de groep van 1 – 12 jarigen. In deze groep is er één man overleden aan het virus en geen vrouwen, voor zover we weten natuurlijk. De gemiddelde levensverwachting van een man uit deze groep is gelijk aan 73,906 jaar en dat van een vrouw is 77,267 jaar. Er zijn in deze leeftijdsgroep dus $(1 \cdot 73,906) + (0 \cdot 77,267) = 73,906$ levensjaren verloren gegaan. Als we dit vervolgens voor de andere vier groepen ook zo uitrekenen krijgen we de gegevens zoals weergegeven in Tabel 23.

Leeftijdsgroepen	Verloren levensjaren
1 - 12	74
13 - 19	129
20 - 39	2.365
40 - 59	16.650
≥ 60	261.621

Tabel 23: Aantal verloren levensjaren, ten gevolge van COVID-19, per leeftijdsgroep, in Nederland.

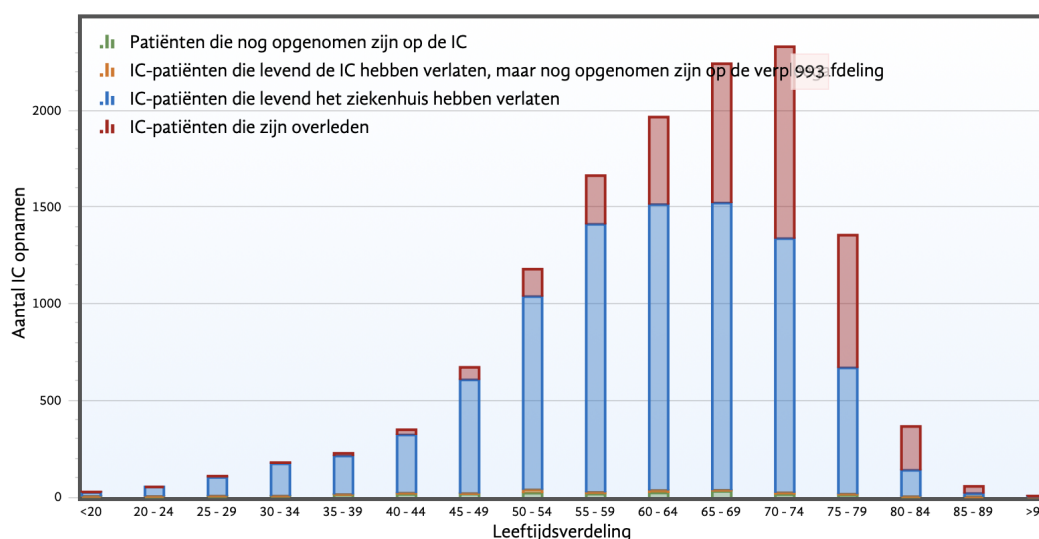
In Tabel 23 is te zien dat verreweg de meeste levensjaren verloren gaan in de groep van 60 - plussers, daar gaan namelijk meer dan 260 duizend jaren verloren. Om dit te minimaliseren is het dus van belang dat de groep van 60 - plussers als eerst wordt beschermd. We zien ook dat het aantal verloren levensjaren per groep minder wordt, de strategie die het best past bij het minimaliseren van het aantal verloren levensjaren is dus de strategie waarbij we beginnen met prikken in groep 5 daarna groep 4 en zo door te werken naar de jongste groep, groep 1.

Ook hier geldt weer dat dit een grove schatting is. Om een beter beeld te kunnen krijgen zou een goede eerste stap zijn om de oudste groep, groep 5, op te splitsen in kleinere groepen.

8.3 Ziekenhuis

Naast sterfte is de druk in de zorg ook een belangrijk criterium. Een andere manier om het virus in te dammen is door de druk op de zorg te ontnemen en dus het aantal ziekenhuisopnames te minimaliseren. Er is bekend dat er vooral veel mensen met overgewicht op de intensive care zijn beland, BRON. De stichting NICE (Nationale Intensive Care Evaluatie) heeft veel data met betrekking tot het aantal COVID-19 patiënten op de intensive care gepubliceerd, [8]. Een belangrijke grafiek, gepubliceerd door stichting NICE, wordt weergegeven in Figuur 21.

Leeftijdsverdeling van IC-patiënten met verdachte of bewezen COVID-19 naar uitkomst



Figuur 21: Het totaal aantal IC-patiënten met verdachte of bewezen COVID-19 verdeeld in leeftijdsgroepen, in Nederland.

Merk op dat in deze figuur dus ook de (nog) niet bewezen COVID-19 gevallen zijn opgenomen. Deze patiënten zullen, indien COVID-19 inmiddels officieel is geconstateerd, worden omgezet naar bewezen en zullen anders uit de grafiek worden gehaald. Ook is van niet elke patiënt de leeftijd geregistreerd en is de grafiek niet helemaal 'up-to-date' dus in de werkelijkheid zal het aantal IC-patiënten hoger liggen dan het totaal aantal in deze grafiek. Toch wordt deze grafiek genomen om het aantal ziekenhuisopnames per leeftijdsgroep te waarnemen. Er is te zien dat het aantal IC-patiënten jonger dan 25 is aan 25. De gegevens van het aantal IC-patiënten per leeftijdsgroep is weergegeven in Tabel 24.

Leeftijdsgroepen	Aantal IC-patiënten
1 - 19	25
20 - 39	568
40 - 59	3.866
≥ 60	8.325

Tabel 24: Het totaal aantal IC-patiënten per leeftijdsgroep in Nederland.

De gegevens uit Figuur 21 zijn het totaal aantal IC opnames, er is dus uit deze figuur niet op te maken of deze patiënten allemaal tegelijk voor de deur stonden of verspreid over een bepaalde periode. Om een beter beeld te krijgen van het aantal COVID-19 patiënten op de IC zou dit dus aan de hand van de tijd gemodelleerd moeten worden. Hier ben ik tijdens mijn onderzoek helaas niet aan toegekomen, maar dit is interessant voor verder onderzoek.

Verder is er in Figuur 21 te zien dat, vanaf de groep met 65 - 69 jarigen, het aantal IC opnames wel echt begint toe te nemen. Een grove schatting zou dus zijn dat het verstandig is om deze groep als eerst te beschermen. Ook hier zou dan weer geconcludeerd worden dat het prikken van oud naar jong de beste strategie lijkt te zijn. Er geldt wel weer dat dit een ontzettend grove schatting is en dat er meer en gedetailleerder onderzoek nodig is om meer betrouwbare conclusies te kunnen trekken.

8.4 Het functioneren van de maatschappij

Naast het aantal besmettingen is natuurlijk ook de impact dat een virus heeft op de maatschappij erg belangrijk. De zorg was bijvoorbeeld niet alleen overbelast door het aantal patiënten, maar ook omdat er artsen en zusters besmet raakten met het virus. Hierdoor kon er dus ook minder zorg aangeboden worden. Ook was het van belang dat het onderwijs zo lang mogelijk zou doordraaien zodat niet alle kinderen ineens thuis zouden zitten. Kortom, het is van groot belang dat alle bedrijven in de voedselketen en andere nutsbedrijven kunnen blijven draaien om de maatschappij staande te houden. Om dat te kunnen realiseren is het belangrijk dat eerst de vitale beroepen beschermd worden.

9 Conclusie

De uitbraak van het SARS-coV-2-virus heeft grote gevolgen gehad in ons land. Het hele land is op slot gegaan. Om een beeld te krijgen van hoe zo een uitbraak eruit ziet, is de verspreiding van het virus aan de hand van een standaard SIR model gemodelleerd. Het virus gedraagt zich anders binnen verschillende leeftijdsgroepen, daarom is er voor gekozen om de verspreiding ook in verschillende leeftijdsgroepen te modelleren. Nadat er een beter beeld is gecreëerd van de verspreiding is er een vierde compartiment aan het SIR model toegevoegd, namelijk een compartiment met de gevaccineerden, compartiment V. Met behulp van dit SIRV model is er gekeken wat de invloed is van het toevoegen van vaccinaties in de verspreiding van het virus. De beste strategie om de impact van het virus te minimaliseren lijkt te zijn om van oud naar jong te prikken. Waar er precies in de groep van 60 - plussers als eerst geprikt moet worden is uit dit model niet duidelijk geworden, daarvoor zou die oudste groep nog opgesplitst moeten worden in kleinere groepen. Om de impact van het virus op de maatschappij te minimaliseren lijkt het het beste om als eerst de vitale beroepen te vaccineren. Merk wel op dat door een tekort aan tijd het niet mogelijk was om een specifiek model te maken om daaruit precieze conclusies te kunnen trekken. Daarom zijn de bevindingen gedaan aan de hand van grove schattingen.

Referenties

- [1] Netherlands: Who coronavirus disease (covid-19) dashboard with vaccination data, Jun 2021.
- [2] Aerogene transmissie sars-cov-2, <https://lci.rivm.nl/aerogene-transmissie-sars-cov-2>.
- [3] Jacco Wallinga, Peter Teunis, and Mirjam Kretzschmar. Using data on social contacts to estimate age-specific transmission parameters for respiratory-spread infectious agents. *American Journal of Epidemiology*, 164(10):936–944, 2006.
- [4] Johan Andre Peter Heesterbeek. A brief history of r_0 and a recipe for its calculation. *Acta biotheoretica*, 50(3):189–204, 2002.
- [5] Ontwikkeling covid-19 in grafieken, <https://www.rivm.nl/coronavirus-covid-19/grafieken>.
- [6] Experts en redactie C. Deuning (RIVM), Sturmans F., Who-Hfa, and Verschuuren M. Levensverwachting, <https://www.volksgezondheidenzorg.info/onderwerp/levensverwachting/cijfers-context/infographic>.
- [7] Cbs open data, <https://opendata.cbs.nl/statline//cbs/nl/dataset/37360ned/table?fromstatweb>.
- [8] Nationale intensive care evaluatie, <https://www.stichting-nice.nl>.