

감염병 전파 과정을 위한 마르코프 체인 기반 SEIVR 모델 연구

안수진, 권민혜
승실대학교

asujin331@soongsil.ac.kr minhae@ssu.ac.kr

Markov Chain based SEIVR Model for Infection Transmission

Sujin Ahn Minhae Kwon
Soongsil University

요약

코로나 바이러스(SARS-CoV2: COVID-19)의 감염 양상을 파악하기 위해서는 다양한 시나리오를 포함할 수 있는 수학적 모델링이 중요하다. 본 논문에서는 백신 접종 상태를 포함한 5 가지의 상태(state)와 상태 전이 확률(state transition probability)을 정의하여 마르코프 체인 기반 감염병 전파 모델을 제안한다. 그 후, 대한민국 COVID-19 데이터를 이용하여 감염병의 확산 과정을 본 모델로 설명하고 시뮬레이션 결과를 확인하였다.

I. 서론

COVID-19 은 사람들의 전방위적 행동 뿐만 아니라 사회적, 경제적인 면까지 영향을 미치고 있다. 감염병이 지속되면서 정부는 장기적이고 효율적인 대비책을 세우는 것이 필수적이다. 실질적인 감염병 대응 전략을 수립하기 위해서는 감염병에 대한 이해가 선행되어야 한다. 감염병의 유행은 현실에서의 실험적 검증이 불가능하므로 수학적 모델링이 감염병에 대한 이해와 유행에 대응하는 계획 수립에 중요한 역할을 하고 있다. 본 연구에서는 감염병 전파 모델을 이산적인 확률 과정(stochastic process)인 마르코프 체인(Markov chain)에 기반하여 제시한다. 각 상태의 값과 일일 확진자 수를 비교하고, 감염병 전파 과정에 대해 설명한다.

II. 이산시간 마르코프 체인 기반의 SEIVR 모델 제안

본 논문에서는 이산시간 마르코프 체인 (discrete-time Markov chain) 모델을 기반으로 상태와 상태 전이 확률을 다음과 같이 정의하였다.

II.1 상태 정의

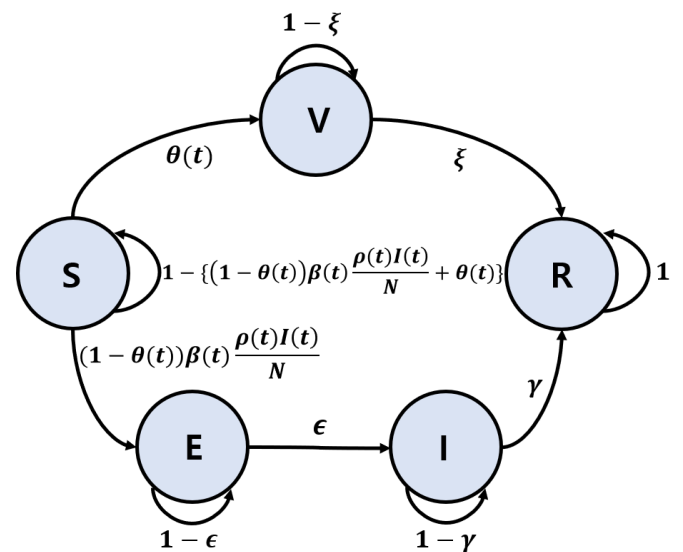
한 명의 인구는 특정 시간 t 에 복수의 상태에 속할 수 없으며, 각 상태의 인구수는 음이 아닌 정수이다. 본 모델에서는 인구의 출생과 자연 사망을 고려하지 않았기 때문에 모든 상태의 인구수의 합은 전체 인구수 N 으로 고정된다. 본 논문에서는 S, E, I, V, R 5 가지 상태로 정의하였다.

S (Susceptible) 아직 감염이 되지 않은 감수성자 상태를 의미한다. 한번 S 상태를 벗어나면 다시 돌아올 수 없다.

E (Exposed) 감염되었지만 바이러스 배출을 하지 않는 잠복 상태를 의미한다. S 상태에서 I 상태의 개체와의 접촉을 통해 E 상태로 전이된다.

I (Infectious) 감염병의 잠복기가 지나 전염 능력이 존재하는 상태로, 감염 상태라고 한다.

R (Recovered) 면역 체계를 갖춘 회복 상태이거나 사망한 상태이다. I 상태에서 벗어나 회복기를 지나거나 백신 접종 이후에는 면역 체계를 갖추게 된다.



[그림 1] SEIVR Model 의 State Transition Diagram

V (Vaccinated) 백신 접종을 1 번이라도 실시한 백신 접종 상태이다. 면역력 생성을 위한 일정 기간이 지나면 R 상태로 전이된다.

S 상태에서 R 상태로 가기까지의 역방향은 고려하지 않는다. 즉, S 상태에서 다음 상태로 전이된 이후엔 다시 S 상태로 복귀할 수 없다. R 상태는 흡수 상태(absorbing state)로, R 상태에 진입하게 되면 다른 상태로 이동할 수 없게 된다. t 시점에서 K 상태의 값 $K(t)$ 는 K 상태에 머무르는 인구수이다. t 시점의 감수성 상태 값을 $S(t)$, 잠복기 상태 값을 $E(t)$, 감염 상태의 값을 $I(t)$, 회복 상태의 값을 $R(t)$, 백신 접종 상태의 값을 $V(t)$ 로 표현할 수 있다.

II.2 상태 전이 확률

마르코프 체인은 $t - 1$ 시점까지의 과거 관측 값과 t 시점의 현재의 관측 값을 알고 있는 상황에서 $t + 1$ 시점의 미래의 예측 값의 조건부 확률 분포가 현재의 관측 값에 의존한다고 가정한다[1]. $p_{KJ}(t)$ 는 t 시점에서 K상태라는 정보가 주어진 상황에서, $t + 1$ 시점에서 J 상태에 있을

조건부 확률로 상태 전이 확률이다($t \geq 0$). $p_{KK}(t)$ 는 t 시점에서 여전히 K 상태에 머무는 확률이다. 역방향의 상태 전이 확률은 0이다. [그림 1]은 상태 간의 이동 과정과 확률을 나타내었다.

$$p_{SS}(t) = 1 - \left\{ (1 - \theta(t))\beta(t) \frac{\rho(t)I(t)}{N} + \theta(t) \right\}$$

$$p_{SE}(t) = (1 - \theta(t))\beta(t) \frac{\rho(t)I(t)}{N}$$

$$p_{SV}(t) = \theta(t)$$

$$p_{EE}(t) = 1 - \epsilon, p_{EI}(t) = \epsilon$$

$$p_{II}(t) = 1 - \gamma, p_{IR}(t) = \gamma$$

$$p_{VV}(t) = 1 - \xi, p_{VR}(t) = \xi$$

$$p_{ES}(t), p_{IE}(t), p_{RI}(t), p_{RV}(t), p_{VS}(t) = 0$$

$\theta(t)$ 는 t 시점에서 S 상태 값 중 일일 1 차 백신 접종자 수의 비율이다. $\rho(t)$ 는 t 시점에서 I 상태 값 중에 격리되지 않은 비율이다. $\beta(t)$ 는 t 시점의 감염 전파율 (transmission rate) 이다. $\beta(t)$ 는 감염병 대응 정책과 병의 특성에 종합적으로 영향을 받는다. $1/\epsilon$ 는 감염된 이후 전염력이 생기기까지의 기간인 평균 잠복 기간(mean latent period), $1/\gamma$ 는 감염 전파 가능 기간(mean infectious period), $1/\xi$ 는 한번이라도 백신 접종을 한 이후 완전한 면역력이 생기기까지 걸리는 평균 기간으로 정의한다. $t + 1$ 시점에서 각 상태의 값은 다음과 같다[2,3,4].

$$S(t + 1) = S(t) - X_{SE}(t + 1) - X_{SV}(t + 1)$$

$$E(t + 1) = E(t) + X_{SE}(t + 1) - X_{EI}(t + 1)$$

$$I(t + 1) = I(t) + X_{EI}(t + 1) - X_{IR}(t + 1)$$

$$V(t + 1) = V(t) + X_{SV}(t + 1) - X_{VR}(t + 1)$$

$$R(t + 1) = R(t) + X_{IR}(t + 1) + X_{VR}(t + 1)$$

여기서, $X_{KJ}(t + 1)$ 은 $t + 1$ 시점에서의 K 상태에서 J 상태로 전이될 때의 인구 수를 나타내는 확률변수로 $p_{KJ}(t)$ 의 확률을 갖는 이항 분포(binomial distribution)를 따른다. 이항 분포 성질에 의해 K상태에서 J 상태로 전이될 때의 기대되는 상태 값은 다음과 같다.

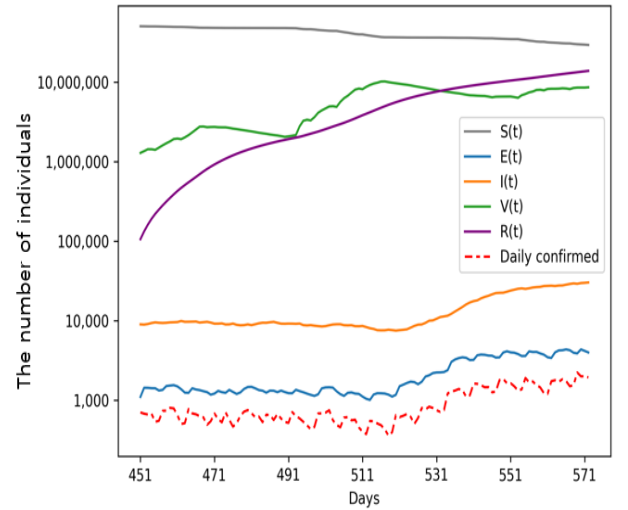
$$X_{KJ}(t + 1) \sim \text{Binom}(K(t), p_{KJ}(t))$$

$$E[X_{KJ}(t + 1)] = K(t) p_{KJ}(t)$$

III. 대한민국 COVID-19 데이터 기반 SEIVR 모델 결과 분석

[그림 2]에서는 COVID-19 발병 시작일 (2020년 1월 20일)을 기준으로 451일 (2021년 4월 15일)~ 572일 (2021년 8월 14일)간의 각 상태에 속하는 인구수와 일일 확진자 수를 비교해보았다. ϵ, γ, ξ 는 각각 $\frac{1}{2}, \frac{1}{9}, \frac{1}{49}$ 의 값을 갖는다고 가정하였다[5]. 각 상태 값의 합은 전체 인구수를 따르도록 하였다. S 상태 값은 감염병이 지속됨에 따라 감소하고 있다. 이는 S 상태에 머무르는 인구가 E 상태나 V 상태로 전이되기 때문이다. S 상태에서 E, I 상태를 거치거나 V 상태를 거치면 R 상태에 도달하게 된다. R 상태에 머무르는 인구는 더 이상 다른 상태로 이동할 수 없기 때문에 지속적으로 증가하게 된다.

V 상태 값은 백신 접종 현황에 따라, E, I 상태 값은 감염병의 전파 양상에 따라 증감한다. 일일 확진자 수와



[그림 2] 각 상태 값과 일일 확진자 수 변화 양상

비교해 본 결과, E, I 상태 값의 변화 양상은 일일 확진자의 변화 양상과 비슷함을 확인할 수 있다. 또한, I 상태 값은 E 상태 값보다 큼을 확인할 수 있다. 이는 $\frac{1}{\epsilon} < \frac{1}{\gamma}$ 이므로 한 인구가 E 상태에서 I 상태로 변화하는 속도가 I 상태에서 R 상태로 변화하는 속도보다 빠르기 때문이다.

IV. 결론

본 논문에서는 백신 접종을 고려하여 상태에 따른 감염병의 확산 과정을 살펴보았다. 본 모델에서는 감염 전파율 $\beta(t)$, 접종 비율 $\theta(t)$, 격리되지 않은 비율 $\rho(t)$ 등의 변수들을 포함하여 기존의 단순화된 결정론적 감염병 모델보다 현실적인 부분들을 고려하여 반영하였다. 또한, 마르코프 체인을 기반으로 SEIVR 모델의 각 상태 값을 추정하고, 각 상태의 변화를 확인하였다.

ACKNOWLEDGEMENT

이 논문은 과학기술정보통신부 및 정보통신기획평가원의 대학 ICT 연구센터지원사업(IITP- 2021-2020-0-01602)과 한국연구재단(NRF- 2020R1F1A1069182)의 지원을 받아 수행된 연구임.

참고 문헌

- [1] H. Taylor, S. Karlin, "An Introduction to Stochastic Modeling," Academic Press, 1998.
- [2] C. Twumasi, L. Asiedu, E. N. Nortey, "Markov chain modeling of HIV, tuberculosis, and Hepatitis B Transmission in Ghana," Interdisciplinary perspectives on infectious diseases, 2019.
- [3] Z. Xu, B. Wu, U. Topcu, "Control strategies for COVID-19 epidemic with vaccination, shield immunity and quarantine: A metric temporal logic approach," PloS one, vol. 16, no. 2, 2021.
- [4] 안수진, 권민혜, "순간 재생산지수에 기반한 COVID-19 확진자 수 변화 예측 시스템 연구," 한국통신학회 하계종합학술대회, June 2021.
- [5] J. T. Wu, K. Leung, G. M. Leung, "Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan China: a modelling study," The Lancet, vol. 395, no. 10225, pp. 689-697, 2020.