

# Andmepõhine tugi koroonakriisi juhtimisele Eestis



**KRISTA FISCHER**  
 akadeemik, Tartu Ülikooli  
 matemaatilise statistika  
 professor, biostatistika  
 kaasprofessor



**MARIO KADASTIK**  
 Keemilise ja Bioloogilise  
 Füüsika Instituudi  
 vanemteadur, asedirektor

**E**esti saab järgmisteks võimalikeks kriisideks paremini valmis olla, panustades kõrgetasemelisse laiapõhjalisse reaalarhitektuuri – õpetajatesse ja noortesse.

Koroonapandeemia ja andmete tugisüsteemi Eestis: kuidas kõik algas?

Kogu maailma pea peale pööratud koroonapandeemia jõudis Eestisse reaalset kohale 2020. aasta märtsi esimestel päevadel, kui sai selgeks, et Hiinast levima hakanud viirust pole tuvastatud mitte ainult reisilt naasnutel, vaid nakatumised on leidnud aset ka siin kohapeal. Olukord vajab kiiret parimate jõudude mobiliseerimist ka teadlaste poolt, et pakkuda riigile mitmekülgset tuge, aitamaks teha põhjendatud otsuseid nakkuse leviku pidurdamiseks.

Eriolukorra valitsuskomisjon kutsus 20. märtsil kokku teadusnõukoja, mida asus juhtima professor Irja Lutsar (Tartu Ülikool) ja liikmeteks olid professor Andres Merits (Tartu Ülikool), professor Peep Talving (Tartu Ülikool ja Põhja-Eesti Regionaalhaigla), dr Pilleriin Soodla (Tartu Ülikooli Kliinikum) ja Kristi Rüütel (Tervise Arengu Instituut).

Samal ajal olid hakanud mobiliseeruma ka mitmed andmeanalüüsiga tegelevad meeskonnad ja üksikisikud, sh Tartu Ülikooli arvutiteaduse instituudi BIIT töörühm eesotsas professor Jaak Vilo ja kaasprofessor Hedi Petersoniga ja Tartu Ülikooli matemaatika ja statistika instituudi statistikud eesotsas professor Krista Fischeriga. Eelkõige prognoosimudelite alal pakkusid abi ka mitmed inimesed väljastpoolt Tartu Ülikooli, kellest suurema panuse andsid statistik Jaak Sõnajalg (IQVIA Eesti) ja osakeste füüsik Mario Kadastik (Keemilise ja Bioloogilise Füüsika Instituudi vanemteadur ning asedirektor, Tallinna Tehnikaülikooli kaasatud professor). Mario Kadastik tegeleb prognoosimudelite koostamisega ka tänasel päeval.

Ka tööd alustanud teadusnõukoda teadvustas vajadust andmeanalüüsi ja prognoosimudelite järele ning märtsi keskel pöördus Irja Lutsar Krista Fischeri poole palvega aidata mudelite osas. Andmete, nende korrektse tõlgenduse ja prognoosimudelite roll osutus aga kriisi

juhtimisel niivõrd oluliseks ja mahukaks, et sai selgeks ka vastava kompetentsi vajalikkus teadusnõukojas. Seetõttu liituski 27. märtsil teadusnõukojaga kuues liige – professor Krista Fischer, kellest sai ühenduslüli eelmainitud andmeanalüüsi meeskonna ja teadusnõukoja ning selle kaudu ka Vabariigi Valitsuse kriisikomisjoni vahel.

Siinkohal toomegi väikese ülevaate sellest, millised karid oli vaja ületada andmeanalüütikute meeskonnal pandeemia esimestel kuudel ja kuhu me oleme sellega jõudnud praegu.

### **KÜSIMUSED ANDME-ANALÜÜTIKUTELE EPIDEEMIA AJAL**

Lihtsustatult võib andmeanalüütikute ees seisnud ülesanded kokku võtta kolme küsimusega:

1. Mis toimub? – Kuidas saada adekvaatne ülevaade olukorrast?
2. Kuhu me liigume? – Milline on prognoos lähemaks ja kaugemaks tulevikuks?
3. Mida me saame ette võtta? – Millised on võimalike sekkumiste oodatavad mõjud?

Kõigile neile kolmele küsimusele vastamiseks on vaja kahte poolt – esiteks, teadmisi konkreetse viiruse (SARS-CoV-2) omaduste kohta ja teiseks, andmeid, mis aitaksid meie praegust olukorda kaardistada. Siinjuures peame silmas eeskätt kohalikke, Eesti andmeid. Eelkõige epideemia alguses osutusid aga kasulikuks ka rahvusvahelised andmed, sest ajal kui Eestis oli tuvastatud vaid üksikuid nakatunuid, oli mõnes riigis (Hiina, Itaalia, Hispaania jt) jõutud juba tõsise meditsiinikriisini ja meie jaoks realistlikud tulevikustsenaariumid olid juba lahti rullunud.

Lisaks aitavad vastuseid leida rahvusvahelised teaduspublikatsioonid. Juba epideemia alguses oli vaja ennast kurssi viia tänapäevase nakkushaiguste epideemioloogia põhitõdedega ja kiirelt ilmuma

hakanud teaduspublikatsioonidega just Covid-19 teemal.

Järgnevalt keskendume ükshaaval eelkõige kahele esimesele küsimusele ja karidele, mille otsa võivad andmeanalüütikud neile vastuseid otsides komistada.

### **MIS TOIMUB – KUIDAS SAADA ADEKVAATNE ÜLEVAADE OLUKORRAST?**

Arusaadavalt koosneb see küsimus omakorda päris paljudest osadest. Kõige esimene ja esmapilgul kõige lihtsam neist on:

#### **Kui palju on hetkel nakatunuid? Millal nad nakatusid ja kui paljud neist on praegu nakkusohtlikud?**

Sellele küsimusele vastamiseks tuleb tähele panna, et praktiliselt ainukesed andmed siin on andmed positiivsete koroonatestide (SARS-CoV-2 testide) kohta. Selle küsimuse seisukohalt huvipakkuvad sündmused on toodud joonisel 1.

Seega kui indiviid nakatub ajahetkel  $T_1$ , siis mõne aja pärast, ajahetkel  $T_2$ , võivad tal ilmned haigussümptomid ning ajahetkel  $T_3$  võib ta teha koroonatesti, mille tulemus osutub positiivseks. Praeguseks on teada, et see isik muutub ise nakkusohtlikuks mõni päev enne sümptomite ilmnenemist (ECDC 2020; Slifka, Gao 2020).

Paraku jääb ajahetk  $T_1$  andmebaasides kajastamata (ja on paljudel juhtudel ka inimesele endale teadmata). Kui aga ajahetkel  $T_2$  ilmnevad nakatunud haigussümptomid või ta on teadlik lähikontaktist nakatunuga, siis suunatakse ta testimata ja ajahetkel  $T_3$  tehtud testi tulemus on kajastatud ka andmebaasides. Siinkohal tuleb arvestada ka seda, et andmebaasi jõuab testitulemus mõni aeg pärast testi tegemist (enamasti ööpäeva jooksul, kuid vahel kulub rohkemgi aega), kuigi ka  $T_3$  (nii kuupäev kui ka kellaaeg) on salvestatud andmebaasi. Samuti tuleb silmas pidada, et sugugi mitte kõik nakatunud ei jõua testimata. Epideemia alguses (märts-aprill 2020) suunati testimata eelkõige riskigruppi



**JOONIS 1.** Kolm võimalikku sündmust ja nakkusohtlik periood kujutatuna ajateljel.

Allikas: Krista Fischer

kuuluvad isikud – eakad ja need, kellel oli mõni tõsisem krooniline haigus. Hiljem on osutunud määravaks just inimese enda otsus testima minna, mis omakorda sõltub sellest, kas inimesel tekivad sümptomid. Asümptomaatiliste nakatunute osakaalu on hinnatud paljudes suurtes uuringutes ja erinevad uuringud on andnud mõneti vasturääkivaid tulemusi, ehk hinnanguid 15 protsendist 80 protsendini. Saamaks paremini selgust, on vaja süveneda nende uuringute metoodikasse (Meyerowitz *et al.* 2020). Hetkel võib siiski hinnata asümptomaatiliste nakatunute osakaaluks umbes 20 protsenti.

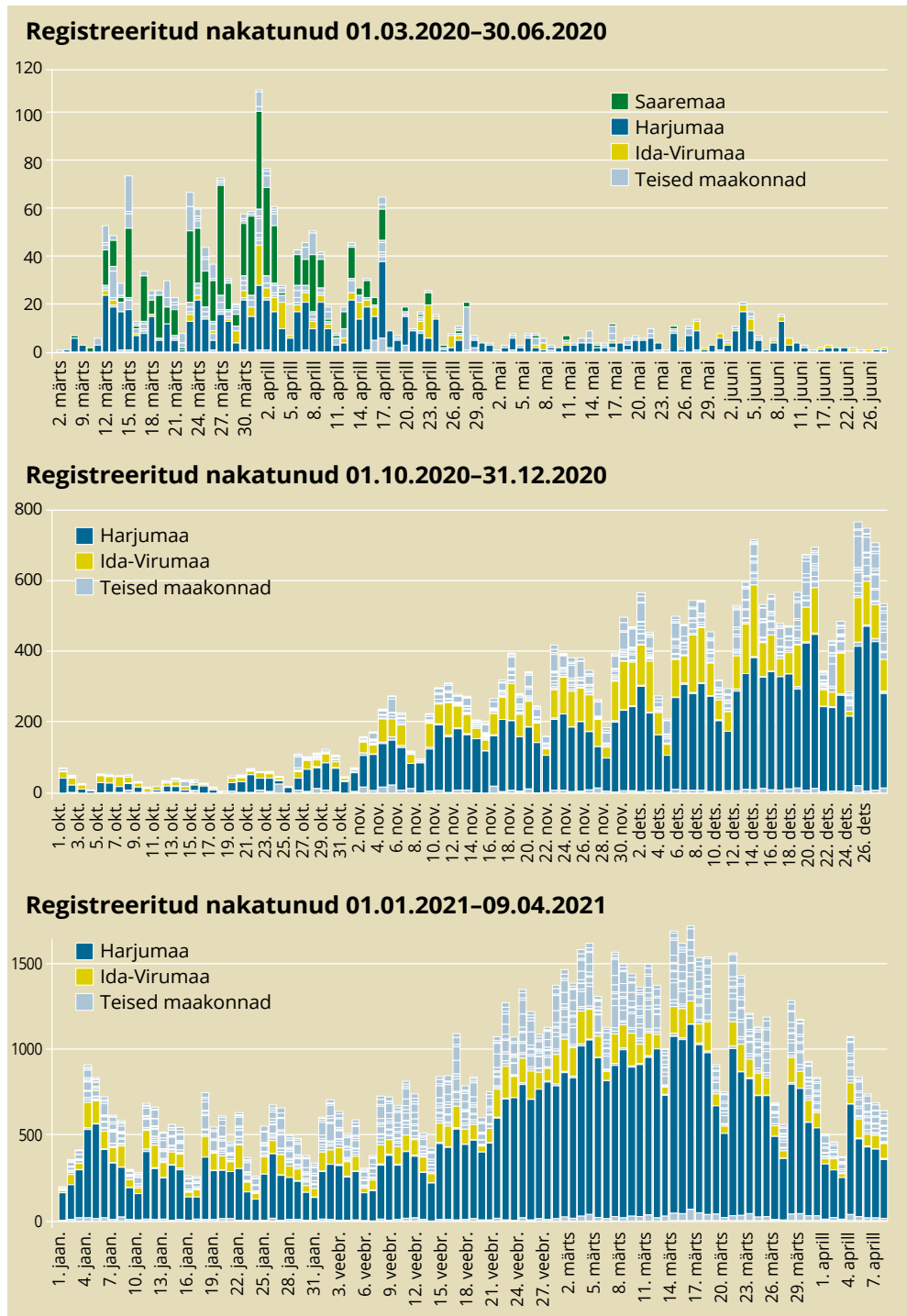
Sõltumata sellest, kui suur see protsent tegelikult on, võib eeldada, et kui testimise strateegiat ei muudeta, siis kajastab positiivsete testide arv stabiilselt ühesugust osakaalu tegelikust nakatunute arvust ja ajatrendid päevaste positiivsete testide arvudes peegeldavad muutusi nakatumises. Jämeda hinnangu sellele, kui palju jääb positiivsete testide arv alla tegelike nakatunute arvule, saab ka seroloogilistest uuringutest, mis teevad kindlaks isikute osakaalu, kellel on viiruse vastu antikehad. Nii leidis Eesti teadlaste korraldatud uuring KoroSero-EST-1 (CTM, 2020), et kevadise esimese laine jooksul nakatus 0,9–2,5 protsenti Tallinna elanikest (seda küll vaid ühe perearstikeskuse patsientide põhjal), kusjuures Saaremaal oli nakatunuid 5,0–7,9 protsenti elanikest. Samal ajal (1. märtsist 1. juunini 2020) oli Saaremaal kinnitatud nakatunuid 554, ehk 1,7 protsenti elanikest ning Harjumaal 706, ehk 0,12 protsenti elanikest. Siit võib järeldada, et Saaremaal sai testitud kolmandik kuni viiendik tegelikest nakkusjuhtudest ning mujal Eestis võis see osakaal olla veelgi väiksem. Tartu Ülikooli

teadlaste korraldatud seireuring hindas 2021. aasta märtsi keskel läbipõdemise teel omandatud antikehadega isikute osakaaluks umbes 11 protsenti, seda üle-eestilises juhuvalimis (TÜ 2021).

Et 20. märtsiks ületas positiivse koroonatesti teinud isikute osakaal juba 7,2 protsenti, siis võib eeldada, et lõppkokkuvõttes on testimise teel tuvastatud siiski üle poole (tegelikkuses isegi ligi 2/3) nakatunutest.

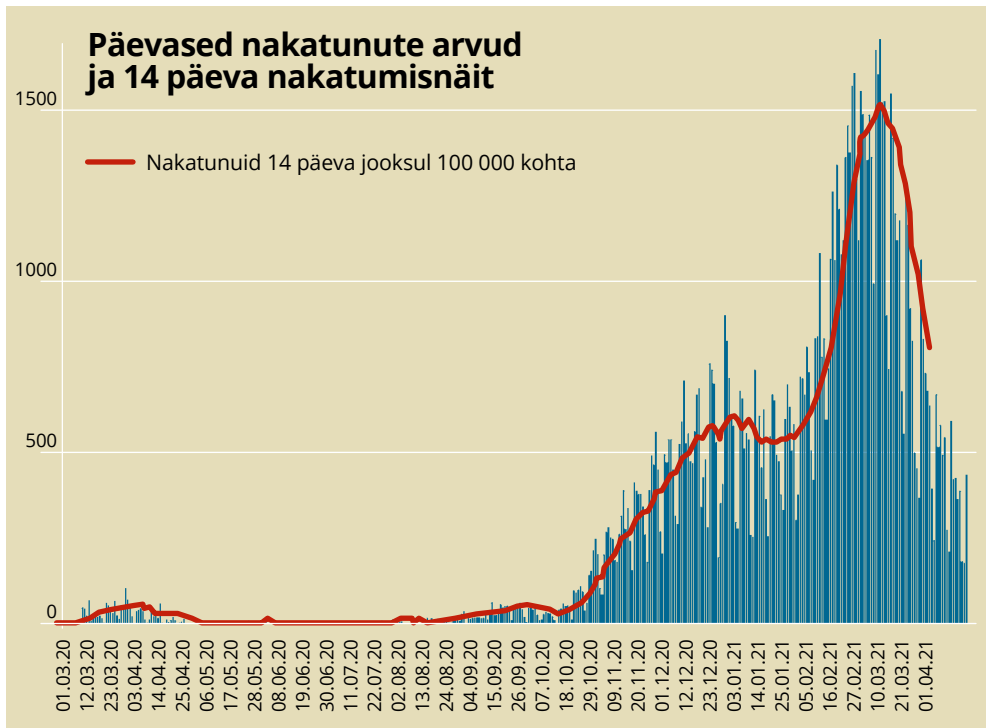
Lisaks positiivsete testide arvule on aga vaja ka detailsemat sissevaadet andmetesse – üks oluline küsimus on nakatunute geograafiline jaotus. Seetõttu oleme otsustanud kasutada nende andmete visualiseerimiseks tulpdiaagrammi, kus tulba kõrgus vastab positiivsete testitulemuste arvule vastaval päeval testitutest (ehk siis aja  $T_3$  järgi) ja tulp on värvitud vastavalt nakatunute maakondlikule jaotusele. Selline joonis iseloomustab näiteks hästi kevadist lainet 2020, kus domineeris Saaremaa puhang, sügisest nakatumise tõusu, kus domineerisid peamiselt Ida-Virumaa ja Harjumaal, ning 2021. aasta kevadtalvist perioodi, kus nakatunuid on olnud kõigest maakondadest (joonis 2).

Mis puutub küsimusse nakkusohtlike inimeste arvu kohta antud ajahetkel, siis võib arvestada, et erinevate uuringute andmetel püsib nakatunu nakkusohtlikuna keskmiselt kolm nädalat (Cevik *et al.* 2021), millest üks kuni neli päeva on aga nn presümptomaatiline periood (Byrne *et al.* 2020), kus aga levitatava viiruse hulk on kõige suurem, st inimene on kõige nakkusohtlikum. Praktikas teame, et pärast sümptomite avaldumist ja/või positiivse testitulemuste teadasaamist püsib suur osa haigeid siiski isolatsioonis, nii



**JOONIS 2.** Registreeritud nakatunud maakonniti.

Allikas: Krista Fischer



**JOONIS 3.** Päevased nakatunute arvud testimise kuupäeva järgi ja 14 päeva nakatumisnäit Eestis 3. märtsist 2020 kuni 10. aprillini 2021.

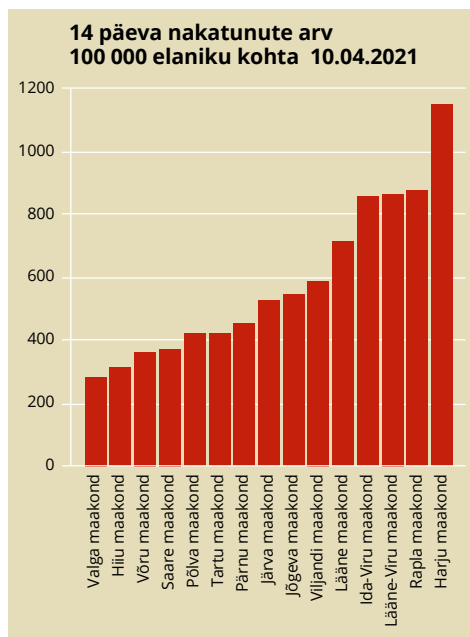
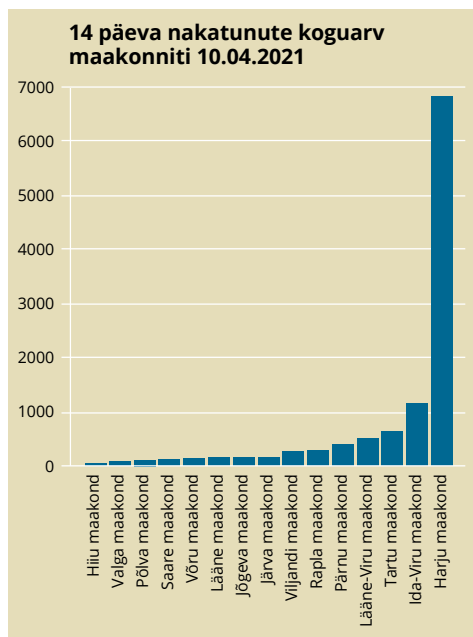
Allikas: Krista Fischer

et realselt nakkusohtliku perioodi (kus inimene on nakkusohtlik ja tal on kontaktid teiste inimestega) pikkus on selle võrra lühem. Seda kõike arvestades võib lugeda 14 päeva positiivsete testide arvu väga jämedaks hinnanguks nakkusohtlike isikute arvule. Sellest tulenevalt on nn **14 päeva nakatumisnäit** ehk positiivsete testide arv 100 000 inimese kohta ka üsna hea, kuid siiski vaid ligikaudne indikaator nakkusohu hindamiseks ühiskonnas. Nagu näha jooniselt 3, on see näit Eesti kohta tervikuna üsna lähedane keskmisele päevasele nakatunute arvule. See on nii vaid Eesti rahvaarvu tõttu, mis jagatuna 100 000-ga on ligikaudu 13,3 ehk lähedane arvule 14.

Sama näitajat saab kasutada ka nakkustaseme võrdluseks eri piirkondade (nt maakondade) vahel, kuid väikese rahvaarvuga piirkondade puhul tuleb

silmas pidada, et see arv võib olla oluliselt suurem kui tegelik nakatunute arv selles piirkonnas. Näiteks elab Hiiu maakond ligikaudu 10 000 inimest ja seega tähendaks nakatumisnäit 200 seal, et viimase kahe nädala jooksul on nakatunud kokku 20 inimest. See tähendab omakorda ka seda, et väikestes maakondades võib ajutiselt kõrgeks tõusnud nakatumisnäidu taga olla üksainus nakkuskolle (hooldekodu, töökoht vms), ilma et mujal maakonnas laialdast nakkust esineks. Seetõttu on maakondade võrdluses kasulik vaadata ka nakatunute koguarve, eristamaks paremini juhuslikke (ajutisi) ja süstemaatilisi erinevusi (joonis 4).

Lisaks maakondlikule jaotusele on alati huvi pakkunud ka nakatumise erinevused vanusegruppides. Siin tuleb teha vahet kahel küsimusel: a) milline on nakatunute vanuseline jaotus ja

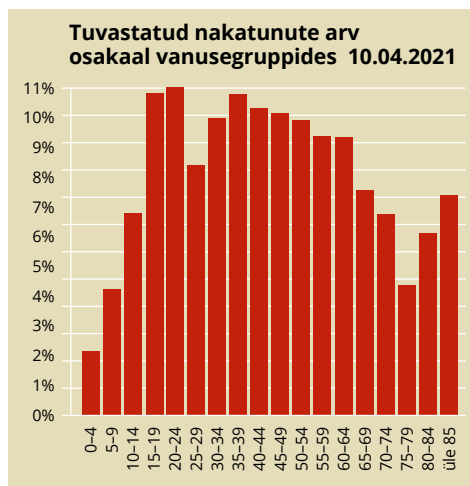
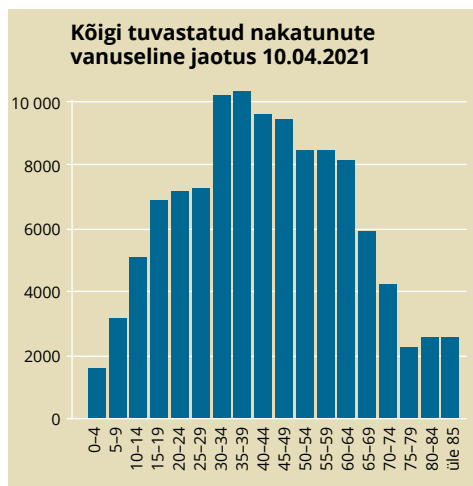


**JOONIS 4.** Nakatumine maakonniti 14 päeva jooksul: vasakul nakatunute koguarv ja paremal nakatumisnäit 100 000 elaniku kohta.

Allikas: Krista Fischer

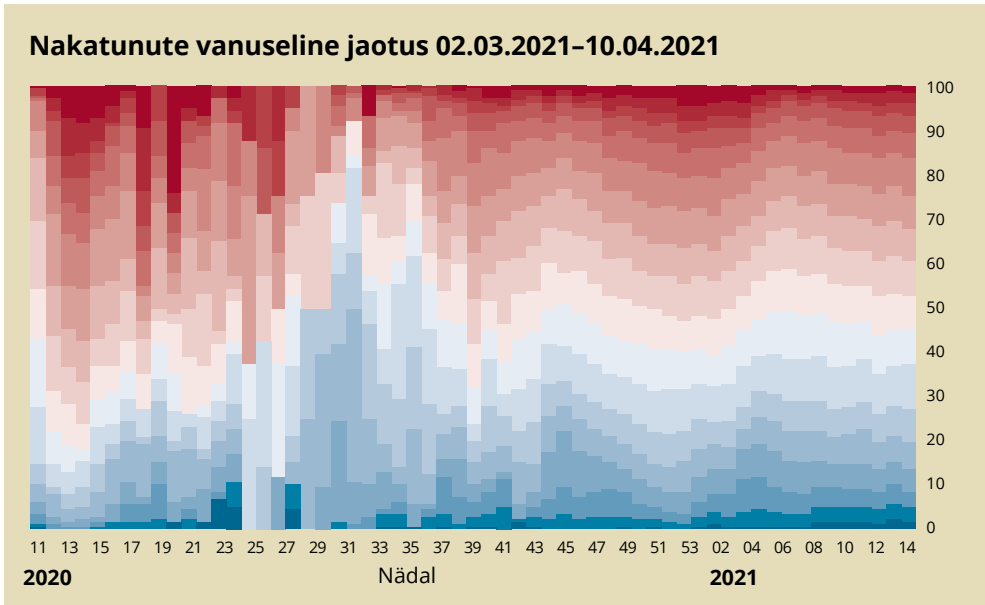
b) milline on nakatumus vanusegruppide kaupa? Nende vastused on erinevad, sest rahvastiku vanusestruktuur on ebahütlane.

Nii näeme jooniselt 5, et arvukselt on kõige rohkem nakatunud olnud vanusegruppides 30–34 ja 35–39 (kummaski üle 10 000 nakatunu) ning vanusegruppide



**JOONIS 5.** Nakatunute vanuseline jaotus (kõik nakatunud epideemia algusest kuni 10. aprillini 2021). Vasakul on toodud nakatunute koguarvud vanusegrupiti, paremal nakatunute osakaal igas vanusegrupis.

Allikas: Krista Fischer



**JOONIS 6.** Nakatunute vanuseline jaotus nädala kaupa terve pandeemia jooksul (tulbad värvitud vastavalt vanusegruppide osakaaludele nakatunute seas vastaval nädalal).

Allikas: Krista Fischer

15–19 ja 20–24 on nakatunuid olnud selgelt vähem (umbes 7000 kummastki grupist). Samas on nakatunute osakaal olnud kõige kõrgem just viimatimainitud vanusegruppides – kummaski grupis on nakkus tuvastatud veidi enam kui 11 protsendil inimestest. Samuti näeme, et 85aastaseid ja vanemaid inimesi on nakatunute seas olnud suhteliselt väike arv (2,2% kõigist nakatunutest), kuid selle vanusegrupi sees on nakatunuid olnud üle 7 protsendi.

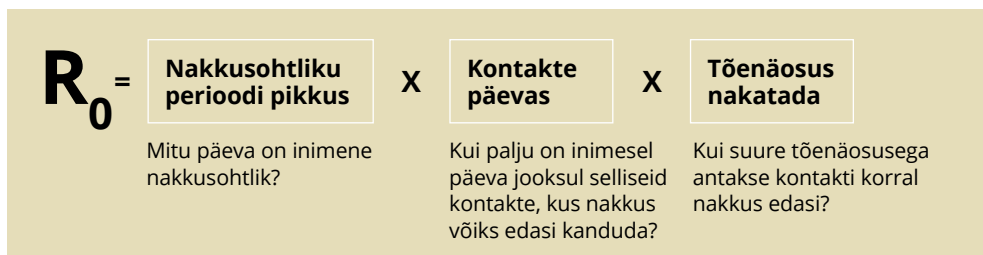
Ka vanuselist dünaamikat ajas saab näidata kahel erineval moel. Joonisel 6 on toodud esimene lähenemine, kus nakatunute vanuselist jaotust ja selle muutusi on visualiseeritud läbi terve epideemia kestuse. Seda joonist vaadates tuleb silmas pidada, et meil on 60,7 protsenti elanikkonnast alla 50 aasta vanad ja seega on nakkus ühtlaselt jagunenud nooremate ja vanemate vahel, kui sinist ala vastavas tulbas on samuti veidi üle 60 protsendi.

### NAKATUMISE DÜNAAMIKA Nakatamiskordaja R

Üks peamisi küsimusi, mis inimesi terve pandeemia vältel on huvitanud, on see, kas nakatumine on tõusu- või langustrendis ja milline on prognoos trendi jätkumisel. Seega on vaja otsustada, kuidas kirjeldada nakatumise dünaamikat. Nakkushaiguste epidemioloogias on saanud tavaks kasutada selleks nakatamiskordajat  $R$  ehk reproduktsiooniarvu.

Siin tuleb eristada kordajat  $R_0$ , millega tähistatakse nn baas-nakatamiskordajat. Kordaja  $R_0$  on defineeritud kui inimeste arv, keda keskmiselt nakatab üks nakatunud isik rahvastikus, kus keegi pole veel viiruse vastu immuunsust saavutanud. Kordaja  $R_0$  võib avaldada kolme komponendi korrutisena: nakkusohtliku perioodi pikkus, keskmine kontaktide arv päevas ja nakkuse ülekandumise tõenäosus (joonis 7a, 7b)

Siin tuleb tähele panna, et esimene komponent, nakkusohtliku perioodi pikkus, sõltub konkreetsest viirusest,



**JOONIS 7A.** Nakatamiskordaja  $R_0$  definitsioon.

Koostanud Krista Fischer

aga ka inimeste käitumisest – näiteks sellest, kui kiiresti suudetakse nakatunuid isoleerida. Teine komponent sõltub eelkõige käitumisest ja see on just see, mida saab mõjutada mitmesuguste suuremat distantseerumist soodustavate nakkustõrje meetmetega. Kolmas komponent on samuti eelkõige seotud viiruse omadustega, kuid samal ajal mõjutab seda ka näiteks maskide kandmine. Kolmas komponent muutub ka siis, kui osa rahvastikust on saavutanud immuunsuse kas läbipõdemise või vaksineerimise teel. Viimasel juhul aga ei nimetata saadud kordajat enam kui  $R_0$ , vaid  $R_t$  või lihtsalt  $R$ .

Kordaja  $R$ -i oluline omadus on see, et kui tema väärtus on üle 1, siis on nakatumine kasvutrendil – iga nakatunu toob endaga kaasa rohkem kui ühe uue nakatunu. Kui  $R$  püsib stabiilselt üle 1, siis toimubki seetõttu nakatumise eksponentsiaalne kasv. Kui aga  $R$  saavutab väärtuse alla 1, siis nakatumine rahvastikus väheneb. Oluline on ka mõista, et kui muuta ükskõik millist kolme komponenti teatud protsendi võrra suuremaks või väiksemaks, siis muutub ka  $R$  ise sama protsendi võrra. Seega võib näiteks arvestada, et kui  $R = 1,1$  ja teatud meetme abil saavutatakse keskmine kontaktide vähenemine 20 protsendi võrra ehk 0,8 korda, siis uueks  $R$ -i väärtuseks saab  $1,1 \times 0,8 = 0,88$  ehk ongi saavutatud  $R$ -i väärtus alla 1.

Kordaja  $R_0$  väärtuseks on SARS-CoV-2 korral hinnatud vahemikku 2–3, olenevalt piirkonnast (Rahman *et al.* 2020), seega piiramata leviku korral oleks see viirus toonud kaasa nakatunute arvu kiire

mitmekordistumise üsna lühikese ajaperioodi vältel.

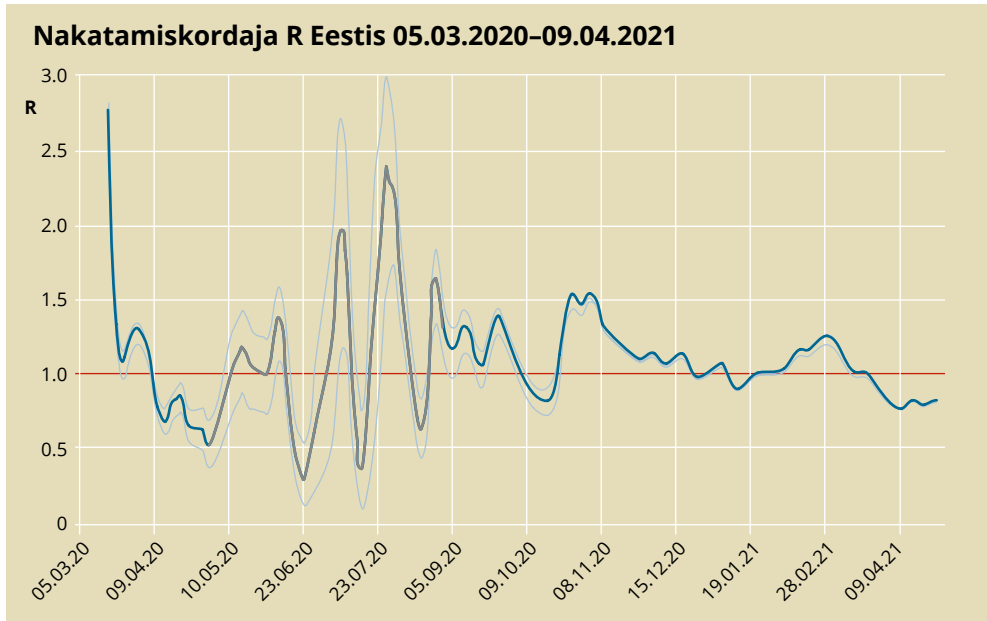
Kordaja  $R$ -i väärtuse hindamiseks ei hinnata kolme komponenti eraldi, vaid see tuletatakse analüütiliselt nakatunute aegrida analüüsides. Vastavate arvutuste tegemiseks on vajalikuks sisendparameetrik: keskmine ajavahemiku pikkus sümptomite avaldumisest indeksindiviidil sümptomite avaldumiseni tema poolt nakkuse saanud indiviidil. Lisaks on vaja teada selle ajavahemiku varieeruvust ehk täpsemalt tema standardhälvet. Rahvusvaheliste uuringute põhjal oleme valinud nendeks parameetriteks 5 ja 3 päeva ning analüüsiks kasutanud tarkvara  $R$  (ver.4.0.3) paketti EpiEstim (Cori *et al.* 2013). Meie analüüs on näidanud, et nii nagu mujal maailmas oli ka Eestis algne  $R_0$  tõenäoliselt üle 2, kuid hiljem on ta erinevatel perioodidel varieerunud.

Tõlgendamisel tuleb tähele panna, et  $R$  iseloomustab ainult nakatumiste arvude muutust ajas, aga mitte üldist nakkustaset.

### Nakatamise dünaamika prognoosimine

Nakatamise dünaamika prognoosimisel on nakkushaiguste epidemioloogias kujunenud standardiks kambriised e kompartment mudelid (Wikipedia 2021). Selliste mudelite põhiline idee on jagada inimesed nakkuse seisukohalt eri kategooriatesse (nakkusele vastuvõtlik, nakkusega kokku puutunud, nakkusohtlik, paranenud/immuunsed, jne) ja modelleerida kogu protsessi dünaamikat, kus vaadeldava ajaperioodi alguses on kõik indiviidid





**JOONIS 7B.** Nakatamiskordaja R-i hinnatud väärtused Eestis kogu epideemia vältel. Periood, kus keskmine päevane nakatunute arv on olnud alla 10, on kujutatud halli värviga, sest siis ei ole R suure varieeruvuse tõttu tõlgendatav.

Allikas: Krista Fischer

nakkusele vastuvõtlikud, kuid epideemia jooksul liiguvad järjest järgmistesse kategooriatesse, kuni lõpuks on saavutatud nn karjaimmuunsus ehk siis selline immuunsuse tase rahvastikus, kus R enam üle 1 olla ei saa ja viirus n-õ sureb välja. Et selline mudel vastaks praeguse pandeemia reaalsusele, tuleks seda oluliselt keerulisemaks muuta, võttes arvesse eri ajahetkedel rakendatud meetmeid, nende leevendamist, ja praegu ka vaksineerimist. Et aga mudeli keerukuse tõstmine lisab pidevalt parameetreid, mille jaoks on raske saada täpseid hinnanguid, siis oleme Eesti oludes otsustanud rakendada analoogseid, kuid lihtsamaid mudeleid, mis aga võimaldavad suhteliselt lühiajalisi prognoose.

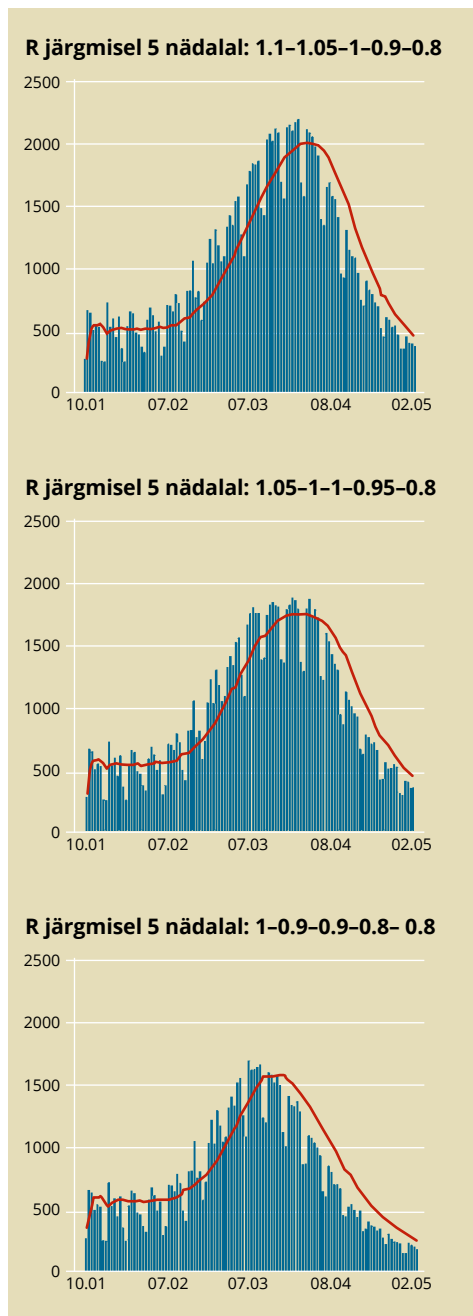
Nii saab lühiajaliselt stabiilse R-i eeldusel prognoosida nakatumiste aegridu, mis kaasneks konkreetse R-i väärtusega. Jälgides jooksvalt R-i hinnanguid, on võimalik mõista, millised päevased nakatunute arvud kaasneks kas R-i samale tasemele jäämise või mingite muutustega.

Näitena võib siin tuua 2021. aasta märtsi alguses loodud prognoosid, mis eeldasid R-i väikesi muutusi nädalast nädalasse (joonis 8).

### HAIGLARAVI JA SUREMUSE PROGNOOSID

Prognoosimudelite peamiseks eesmärgiks selle epideemia jooksul on olnud realistliku hinnangu saamine haigla- ja intensiivravi voodikohtade täituvusele, samuti võimaliku suremuse prognoosimine. Selleks et seda saaks teha, on vaja võimalikult hästi mõista nakkuse ja selle tagajärjel tekkinud haiguse ajalist dünaamikat. Samuti on vaja võimalikult täpseid hinnanguid neid protsesse iseloomustavatele parameetritele.

Seega saame iga nakatunu puhul rääkida seitsmest võimalikust nakatumisele järgnevast sündmusest: sümptomite ilmumine, nakkuse kinnitamine testi abil, haiglasse minek, intensiivraviosakonda (IRO) saatmine, IROst ja haiglast välja



**JOONIS 8.** Prognoositud nakatunute arvud vastavalt R-i eeldatavale muutumisele (prognoos loodud 8. märtsil).

Allikas: Krista Fischer

saamine või surm. Tuleb tähele panna, et mitte ühegi sündmuse toimumine ei ole kindel – seega on esimeseks huvipakkuvaks parameetriks iga sündmuse korral selle toimumise tõenäosus. Samuti võib täheldada, et osa neist sündmusest võivad toimuda ka teises järjekorras kui joonisel kujutatud – nt võib patsient teha koroonatesti alles pärast haiglasse jõudmist. Aastal 2021 pole artikli kirjutamise ajaks registreeritud mitte ühtegi koroonasurma väljaspool haiglat, seega on vaadeldavad ainult kas inimene saab haiglast koju või sureb.

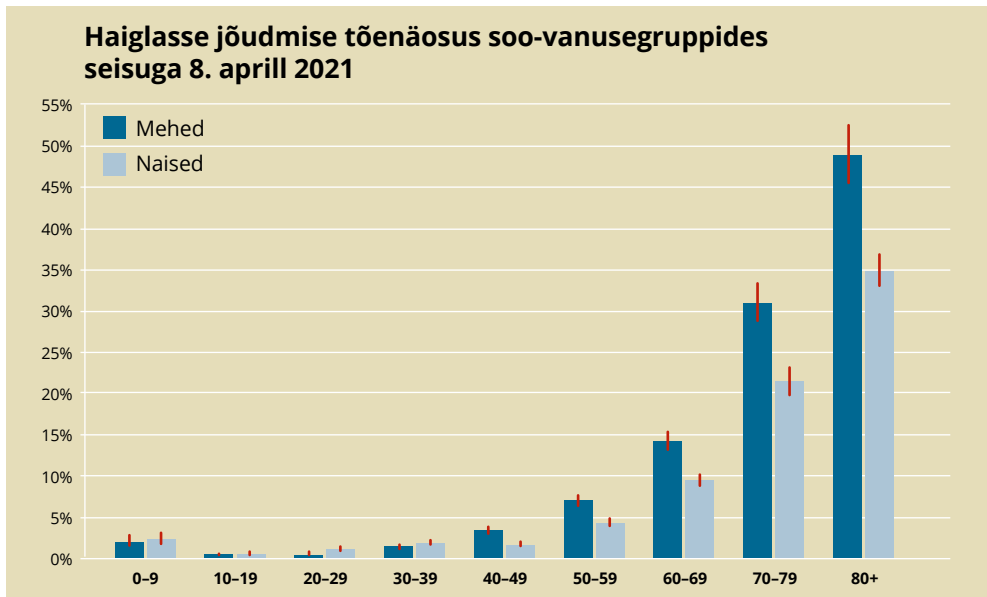
Haiglaravi vajadus sõltub väga olulisel määral nakatunute vanuselisest jaotusest (joonis 9) ja vastavalt selle muutumisele on keskmine haiglaravi vajaduse tõenäosus epideemia jooksul varieerunud vahemikus 5,5 protsenti kuni 7,5 protsenti.

Lisaks tõenäosustele on prognoosimiseks vajalikud ka eelteadmised ajavahe- mike pikkuste kohta – näiteks kui kaua kulub aega sümptomite tekkest haiglasse- minekuni, kui kaua ollakse haiglas jne. Kõiki neid teadmisi kasutades saab luua nn Monte-Carlo mudeli haiglaravi vajadusele.

### MONTE CARLO MUDELPROGNOOS HAIGLARAVI VAJADUSEKS

Olles kaardistanud tõenäosuslikud jaotused populatsioonis ajavahe- miku nakatumisest sümptomite tekkeni, sümptomaatiliste nakatunute haiglasse jõudmise osakaalu ning samuti terve- mine, aga ka IROsse sattumise võis surma tõenäosused (ning nende sündmusteni viivate ajavahe- mike jaotused), on võimalik modelleerida erinevaid tulevikustsenaar- iume, genereerides juhuslikke sündmusi. Iga stsenaariumi korral saab sel moel hinnata, milline on tõenäoline haiglate koormatus, voodikohtade vajadus IROs ning milliseks kujuneb suremus.

Selleks genereeritakse hüpoteetiline prognoos nakatunute arvule erinevate kordaja R-i väärtuste korral, seda nii hetkel vaadeldud olukorran jöudmisel (mille aluseks on R-i mõõtmine nakatunute



**JOONIS 9.** Haiglasse jõudmise tõenäosus soo-vanusegrupiti 8. aprill 2021 seisuga.

Allikas: Krista Fischer

jaotuses) ning ennustuslikku R-i käitumist tulevikus, mis on kooskõlas kas rakendatavate piirangute või leevendustega. Nakatunute aegreast on võimalik seejärel eelnevalt määratud jaotusfunktsioone kasutades genereerida aegrida sümptomaatika tekkeks. Nii saadud hüpoteetilise sümptomaatiliste nakatunute aegrea põhjal on omakorda võimalik genereerida haiglasse võetute aegrida ning sealt omakorda haiglas viibimise kestus, IROsse võetute aegrida koos sealviibimise kestusega ning haiglaravi lõpetavad sündmused (väljakirjutamine või surm).

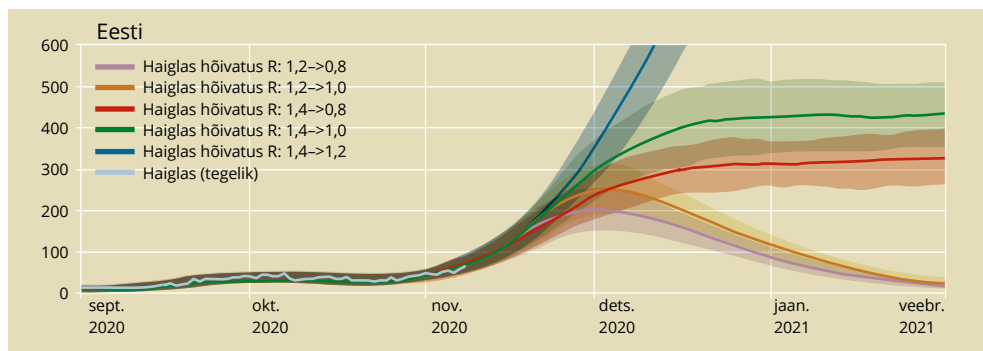
Selliseid stsenaariume on võimalik iga eeldatava parameetrite komplekti (kordaja R-i väärtused perioodide kaupa) korral genereerida sadu või tuhandeid, ning vaadata statistilist jaotumist: kui palju tuleb iga stsenaariumi korral keskmiselt inimesi haiglasse ja kui kaua ollakse haiglas ning kui palju ja millal esineb suremust.

Tuleb meeles pidada, et sisendiks on nii tõenäosuslikud jaotused, mida me saame reaalse andmete baasil mõõta, kui

ka hüpoteetiline nakatunute prognoos. Nii saadud prognoose tõlgendades tuleb seetõttu arvestada, et erinevalt paljudest teistest ennustusmudelitest ei ole siin enamasti eesmärgiks reaalselt aset leidva tuleviku võimalikult täpne prognoosimine, vaid **need prognoosid on tööriistaks otsustajatele, kes nende abil saavad teha otsuseid meetmete vajalikkuse kohta**. Prognoosimudelid n-ö mängivad läbi erinevaid tulevikustsenaariume ja meil on võimalik ette näha, milliseks kujuneb olukord haiglates, kui kordaja R-i iseloomustatud nakatumise trend jätkub sellisena, kui ta antud hetkel on, ning olukordades, kus tehakse muudatusi meetmete osas, mis toob kaasa R-i vähenemise või suurenemise.

Enamasti oleme iga piirangute rakendamise/leevendamise hetke puhul modelleerinud mitut erinevat stsenaariumi R-i muutuseks, ning hiljem saame andmete põhjal anda hinnanguid, millisega neist on reaalsus kõige paremini kooskõlas.

Nii näiteks on joonisel 10 toodud 9. novembril 2020 koostatud prognoos, kus



**JOONIS 10.** Haiglaravi prognoos nelja erineva tulevikutsenaariumi jaoks. Prognoos on koostatud 9. novembril 2020, kui tegelik R-i väärtus sellel ajahetkel ei olnud päris selge.

Allikas: Mario Kadastik

tegelik R-i väärtus sellel ajahetkel ei olnud päris selge. Seega koostati prognoosid nii eeldusel, et hetkeseisuga oli R-i väärtus 1,2 kui ka eeldusel, et ta väärtus oli 1,4. Nii nagu näha jooniselt 7B, siis tagantjärele hinnatuna oli väärtus 1,4 pigem lähedane tegelikkusele. Novembris ei suudetud nakatunute arvu langustrendile viia, kuid R langes 1,1-ni ja hiljem 1-ni. Seega teame praegu, et roheliselt kujutatud prognoos, mis vastab R-i langusele 1,4-lt 1-ni, saigi hiljem reaalsuseks – haiglapatsientide arv, mis tol hetkel oli veel 68, ületas 25. detsembril 400 piiri ja jäi 400–450 vahemikku kuni jaanuari (2021) lõpuni, hakates seejärel uuesti kasvama.

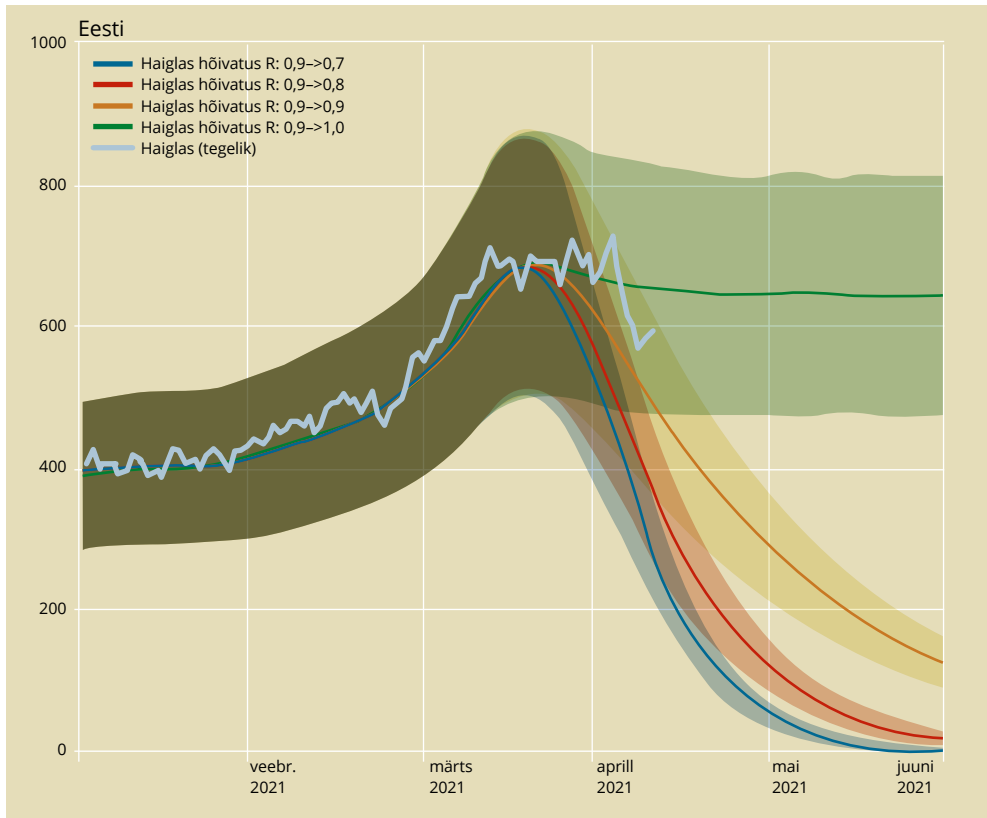
Viimane prognoos haiglapatsientide arvule (12.04.2021 seisuga) on toodud joonisel 11 – siin on arvestatud, et 11. märtsil kehtestatud piirangud tõid muutuse, kuid ei ole veel päris selge, kui madalale viisid need piirangud nakatamiskordaja R.

Antud viimase aja prognoosidest on võimalik näha, et kuigi nakatunute arvude aegriku viitas R-i olulisele langusele, võttis selle mõju avaldumine haiglaravis siiski aega. Trend on nüüd küll  $R = 0,9$ -ga enamuses kooskõlaline, kuid on siiski pigem konservatiivselt veel ka  $R = 0,9$  ja  $R = 1,0$  vahel. Nakatunute prognoos siiski ennustab langevat trendi, mistõttu eeldame, et edasine haiglaravi prognoos pigem järgib kollast  $R = 0,9$  kanalit.

### KUIDAS PAREMINI VALMIS OLLA

Kriis, mille tõi kaasa Covid-19 ülemaailmne pandeemia, on andnud meile mitmeid tarvilikke õppetunde. Üks neist on kindlasti meeskonnatöö tähtsus niivõrd suurte ja erinevaid valdkondi hõlmavate kriisidega tegelemisel. Aasta 2020 tõestas, et produktiivne dialoog ja koostöö riigijuhtide ja teadlaste vahel on igati võimalik ja sellistes olukordades ka mõödapääsmatu. Sellise koostöö edukuseks on oluline vastastikune tihe suhtlus ja infovahetus, mis eeldab teatud empaatiat mõlemalt poolt – teadlastel võib esmapilgul olla raske tajuda valitsuse otsuste keerukust ja mitmetahulisust, ning samas on poliitikutel vahel keeruline mõista, et teadus ei suuda anda mustvalgeid vastuseid – nii nagu prognoosimudelid ei ennusta ette kindlalt saabuvat tulevikku, ei ole ka hetkel parimate bioloogiliste, epidemioloogiliste või meditsiiniliste teadmiste kohta võimalik anda garantiid, et need teadmised ja seisukohad tulevikus ei muutu. Samuti on vajalik väga erinevate valdkondade teadlaste valmidus omavaheliseks koostööks.

Covid-19 pandeemia on näidanud, et tänapäevane kriisijuhtimine ei saa hakkama ilma andmeanalüütilise toeta. Operatiivsete otsuste tegemise eelduseks on esiteks olukorra võimalikult täpne kaardistamine andmete oskusliku kogumise, süstematiseerimise ja



**JOONIS 11.** Haiglaravi prognoos nelja erineva tulevikustenaariumi jaoks ning tegelik haiglasituatsioon. Prognoos on koostatud märtsi teises pooles ning eeldas 11. märtsil toimunud muutust inimeste käitumises.

Allikas: Mario Kadastik

visualiseerimise teel, ja teiseks võimekus prognoosida võimalikke tulevikustenaariume. Väikese riigina ei saa me aga tekitada endale spetsiifilist analüütilist kompetentsi kõigi teoreetiliselt võimalike tulevaste kriiside tarbeks – erinevalt mõnedest naaberriikidest (Soome, Rootsi) puudus meil ka kohalik nakkushaiguste matemaatilise modelleerimise koolkond ja vastav multidistsiplinaarne meeskond. Sellegipoolest suutsid eri valdkondade reaalteadlased kiirelt mobiliseeruda, leidmaks parimad võimalikud lahendused, et kasutada nii rahvusvahelist ja teaduskirjandust (mis pandeemia algusest peale on kiirelt täienenud just Covid-19 alaste töödega) kui ka oma parimat kompetentsi teistest valdkondadest. Esmajärgul võib

tunduda üllatav, et nakkuse leviku dünaamika peamiseks modelleerijaks osutus lisaks biostatistikale spetsialiseerunud matemaatilise statistika professorile (K. F.) ka osakestefüüsik (M. K.), kuid tegelikult on see suurepärane näide baasteaduste universaalsusest. Nimelt on keerukate dünaamiliste protsesside matemaatilise modelleerimise üldpõhimõtted üsna samad, sõltumata sellest, millises valdkonnas need protsessid toimuvad.

Seega, kui selle kogemuse najal edasi mõelda, et kuidas Eesti saab järgmisteks võimalikeks kriisideks paremini valmis olla, oleks üks soovitus panustada kõrgetasemelisse laiapõhjalisse reaalharidusse. Ei tohi unustada, et kõigi moodsate infotehnoloogiliste lahenduste taga on

siiski klassikaline matemaatika ja füüsika, ning just nende teaduste baasilt on võimalik pakkuda analüütilist abi olukordades, kus valmis töövahendid ja -juhendid puuduvad ning need on vaja n-ö nullist üles ehitada. Et tegemist on siiski üsna keerukate teadusaladega, siis võtab vastavate kõrgtasemel spetsialistide koolitamine aega ja valmistuma tuleb hakata juba enne kõrgkooli – kiiremas korras on vaja pöörata rohkem tähelepanu reaalalade õpetajate puudusele meie koolides ja leida lahendusi olukorra parandamiseks,

samuti ei tasuks unustada nende alade populariseerimist noorte seas. Lisaks tuleb mõelda, kuidas muuta alus-reaalteadused atraktiivseks valikuks kõrgkooli astujate seas ja kuidas toetada andekaid õpilasi ja tudengeid nende arengus.

*Krista Fischeri igapäevaselt uuendatav andmepõhine ülevaade Covid-19 olukorrast on leitav aadressil [http://www-1.ms.ut.ee/krista/covid/covid\\_pildid.html](http://www-1.ms.ut.ee/krista/covid/covid_pildid.html) ja Mario Kadastiku loodud prognoosid haiglaravi vajadusele aadressil: <https://covid.hep.kbfi.ee/>*

---

#### KASUTATUD ALLIKAD:

- BYRNE, A. W., MCEVOY, D., COLLINS, A. B., et al. (2020). Inferred Duration of Infectious Period of SARS-CoV-2: Rapid Scoping Review and Analysis of Available Evidence for Asymptomatic and Symptomatic. COVID-19 cases. *BMJ Open*;10:e039856. DOI:10.1136/bmjopen-2020-039856
- CEVIK, M., TATE, M., LLOYD, O., MARAOLLO, A. E., SCHAFERS, J., HO, A. (2021). SARS-CoV-2, SARS-CoV, and MERS-CoV Viral Load Dynamics, Duration of Viral Shedding, and Infectiousness: a Systematic Review and Meta-Analysis. – *The Lancet Microbe*, 2(1), e13–e22
- CORI, A., FERGUSON, N. M., FRASER, C., CAUCHEMEZ, S. (2013). A New Framework and Software to Estimate Time-Varying Reproduction Numbers During Epidemics. – *American Journal of Epidemiology*, 178(9), 1 November, 1505–1512. DOI: 10.1093/aje/kwt133
- [ECDC]. EUROPEAN CENTRE FOR DISEASE PREVENTION AND CONTROL (2020). Transmission of COVID-19. – <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/latest-evidence/transmission>
- MEYEROWITZ, E. A., RICHTERMAN, A., BOGOCH, I. I., LOW, N., CEVIK, M. (2020). Towards an Accurate and Systematic Characterisation of Persistently Asymptomatic Infection with SARS-CoV-2. *The Lancet Infectious Diseases*. DOI: 10.1016/S1473-3099(20)30837-9.
- RAHMAN, B., SADRAADDIN, E., PORRECA, A. (2020). The Basic Reproduction Number of SARS-CoV-2 in Wuhan Is About to Die Out, How About the Rest of the World? – *Rev Med Virol*. 30(4), e2111. DOI:10.1002/rmv.2111
- [CTM] RIIKLIK SIIRDEMEDITSIINI JA KLIINILISTE TEADUSUURINGUTE KESKUS. (2020). Koroona viirus SARS-CoV-2 antikehade seroepidemioloogiline uuring Eestis (kahe piirkonna testuuring). *KoroSero-Est-1*. – <https://www.ctm.ee/et/covid-19/koroona-viirus-sars-cov-2-antikehade-serolevimumuuring-eestis-kahe-piirkonna-testuuring/>
- SLIFKA, M. K., GAO, L. (2020). Is Presymptomatic Spread a Major Contributor to COVID-19 Transmission? – *Nat Med* 26, 1531–1533. DOI: 10.1038/s41591-020-1046-6
- [TÜ] TARTU ÜLIKOOL. (2021). Koroona viiruse levimuse uuring „Covid-19 aktiivne seire“. – <https://www.ut.ee/et/teadus/koroona-viiruse-levimuse-uuring-covid-19-aktiivne-seire>
- WIKIPEDIA, THE FREE ENCYCLOPEDIA. (2021). Compartmental Models in Epidemiology. – [https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental\\_models\\_in\\_epidemiology](https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_models_in_epidemiology)