

Laboratorium programistyczne 4

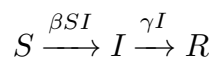
modelowanie epidemii (model SIR i jego modyfikacje)

Projekt „Matematyka dla Ciekawych Świata”,
Piotr Morawiecki, Robert Paciorek

2022-04-31

1 Powtórzenie wykładu: model SIR

Model SIR opisuje dynamikę epidemii poprzez podzielenie populacji na trzy grupy: osoby zdrowe ($S(t)$), osoby zainfekowane ($I(t)$) oraz osoby uodpornione ($R(t)$). Osoby zdrowe mogą stać się zainfekowane w wyniku kontaktu z inną osobą zainfekowaną, podczas gdy osoby zainfekowane mogą wyzdrowieć z pewnym stałym prawdopodobieństwem. Będziemy zakładać, że $S(t) + I(t) + R(t) = 1$, tzn. że opisują one część populacji, która należy do każdej grupy. Szybkość przechodzenia pomiędzy poszczególnymi stanami wygląda następująco:



Zatem szybkość zmian liczby osób uodpornionych, zainfekowanych i ozdrowiałych w czasie opisywana jest następującym układem równań różniczkowych:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (1a)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \quad (1b)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (1c)$$

gdzie β i γ to stałe dodatnie parametry. Parametr β opisuje szybkość rozchodzenia się epidemii (można na nią znacząco wpływać poprzez izolowanie osób chorych, noszenie maseczek itp.), a parametr γ szybkość wychodzenia z infekcji (można na nią w lekkim stopniu wpływać np. zapewniając odpowiednią opiekę zdrowotną).

W trakcie tej pracowni napiszemy własną symulację modelu SIR w Pythonie, zbadamy własności tego modelu, oraz rozbudujemy powyższy model o dodatkowe elementy.

2 Implementacja modelu SIR

Napiszemy teraz symulację modelu SIR wykorzystując metodę Eulera poznaną na ostatniej pracowni komputerowej. Implementacja będzie przebiegać tak samo jak w przypadku dotychczasowych symulacji numerycznych, z tym wyjątkiem, że będziemy mieć trzy zamiast jednej zmiennej.

1. Zaczniemy od zdefiniowania parametrów modelu, $\beta = 2.5$, $\gamma = 1$ i kroku czasowego $\Delta t = 0.001$:

```
beta = 2.5
gamma = 1
dt = 0.001
```

2. Następnie wybierzmy warunki początkowe. Przyjmijmy, że początkowo 1 na 10000 osób jest zainfekowana, podczas gdy reszta populacji jest podatna:

```
s0 = 0.9999
i0 = 0.0001
r0 = 0
```

3. Teraz zainicjujmy listy, w których będziemy umieszczać wartości t , S , I i R w kolejnych krokach czasowych.

```
t = [0]
s = [s0]
i = [i0]
r = [r0]
```

4. Czas na główną pętlę symulacji. Będziemy ją wykonywać dopóki liczba chorych nie spadnie poniżej ich początkowej ilości. Kolejne wartości S , I , R obliczamy za pomocą metody Eulera następująco:

$$\begin{aligned}S_{i+1} &= S_i - \beta S_i I_i \Delta t \\I_{i+1} &= I_i + (\beta S_i I_i - \gamma I_i) \Delta t \\R_{i+1} &= R_i + \gamma I_i \Delta t\end{aligned}$$

```
while i[-1] >= i0:
    t.append(t[-1] + dt)
    s.append(s[-1] - beta*s[-1]*i[-1] * dt)
    i.append(i[-1] + (beta*s[-1]*i[-1] - gamma*i[-1]) * dt)
    r.append(r[-1] + gamma*i[-1] * dt)
```

5. Narysujmy wyniki symulacji $S(t)$, $I(t)$, $R(t)$ na jednym wykresie:

```
plt.plot(t,s)
plt.plot(t,i)
plt.plot(t,r)

plt.xlabel('t')
plt.legend(['S(t)', 'I(t)', 'R(t)'])
plt.show()
```

Pamiętaj, że rysowanie wykresów wymaga załadowania biblioteki `matplotlib.pyplot` za pomocą komendy `import matplotlib.pyplot as plt`.

Cały skrypt powinien wyglądać następująco:

```

import matplotlib.pyplot as plt

beta = 2.5
gamma = 1
dt = 0.001

s0 = 0.9999
i0 = 0.0001
r0 = 0

t = [0]
s = [s0]
i = [i0]
r = [r0]

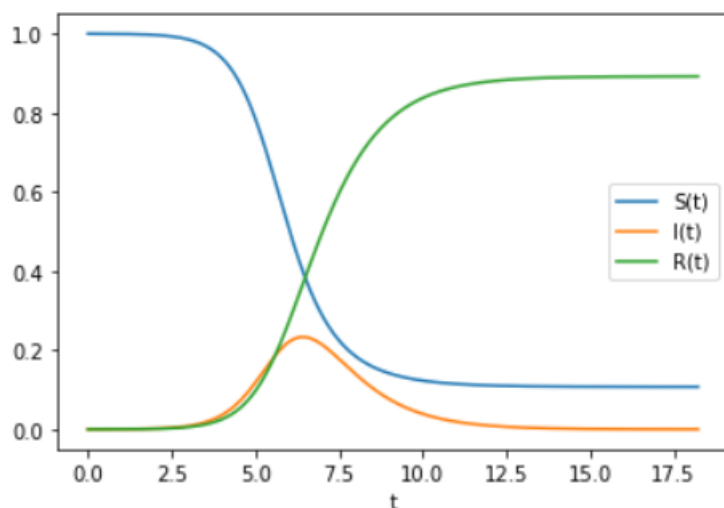
while i[-1] >= i0:
    t.append(t[-1] + dt)
    s.append(s[-1] - beta*s[-1]*i[-1] * dt)
    i.append(i[-1] + (beta*s[-1]*i[-1] - gamma*i[-1]) * dt)
    r.append(r[-1] + gamma*i[-1] * dt)

plt.plot(t,s)
plt.plot(t,i)
plt.plot(t,r)

plt.xlabel('t')
plt.legend(['S(t)', 'I(t)', 'R(t)'])
plt.show()

```

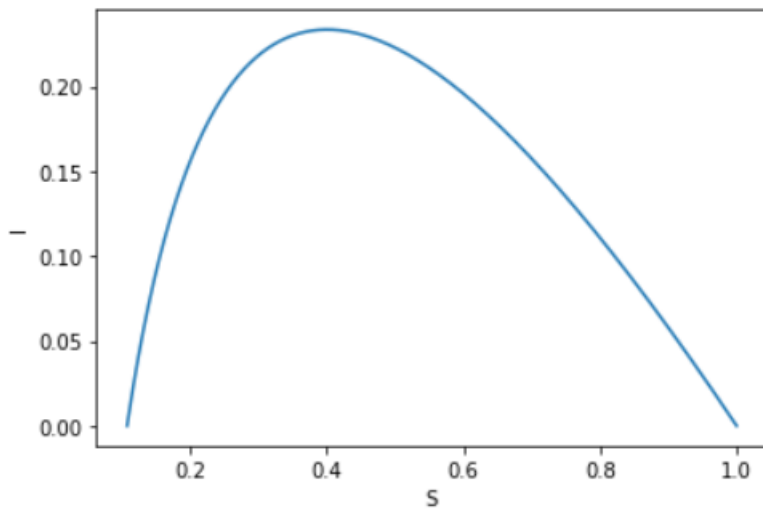
Powinniśmy w ten sposób uzyskać poniższy wykres:



Łatwo możemy sprawdzić, jaka część populacji zostałaby łącznie zainfekowana sprawdzając ile mamy pod koniec epidemii osób uodpornionych. Robimy to komendą `r[-1]`, która powinna zwrócić około 0.89 (czyli 89%).

W przypadku symulacji z więcej niż jedną zmienną możemy także narysować przestrzeń fazową, np. pokazującą zależność między liczbą osób zdrowych i zainfekowanych:

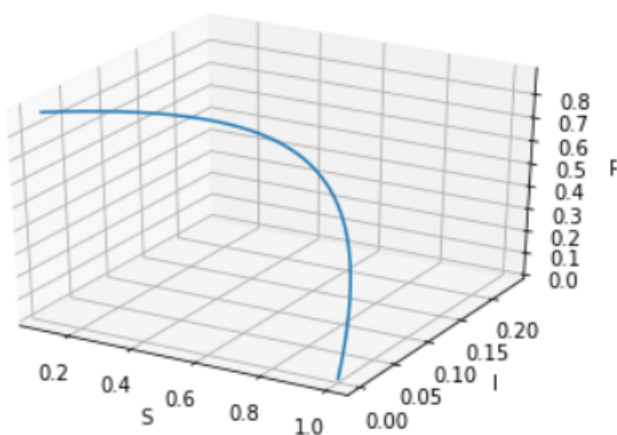
```
plt.plot(s,i)
plt.xlabel('S')
plt.ylabel('I')
plt.show()
```



Na wykresie tym możemy zaobserwować, że liczba osób zdrowych maleje do około 10% populacji, podczas gdy liczba osób zainfekowanych rośnie to pewnej maksymalnej ilości w trakcie szczytu epidemii, a następnie maleje.

Ciekawostka: Biblioteka `matplotlib.pyplot` umożliwia także rysowanie wykresów trójwymiarowych. W celu narysowania trójwymiarowej przestrzeni fazowej (S, I, R) możesz posłużyć się następującym kodem:

```
fig = plt.figure()
ax = fig.gca(projection='3d')
ax.plot(s,i,r)
ax.set_xlabel('S')
ax.set_ylabel('I')
ax.set_zlabel('R')
plt.show()
```



Zadanie 2.0.1

W tym zadaniu pokażemy jak rozwój epidemii zależy od szybkości transmisji opisywanej za pomocą parametru β . Na niego mają wpływ takie działania jak wprowadzanie lockdownów, promowanie pracy z domu czy noszenie maseczek w miejscach publicznych – spróbujemy jakościowo zbadać skuteczność takich interwencji.

Wykonaj symulację dla β równego 1.1, 2, 5, 10 i 20, a następnie przedstaw wyniki wszystkich symulacji na jednej przestrzeni fazowej. Opisz słownie jak szybkość transmisji (parametr β) wpływa 1) na liczbę chorych podczas szczytu epidemii, oraz 2) na liczbę osób, które zostaną zarażone podczas całego trwania epidemii.

3 Rozszerzenie modelu SIR

Teraz spróbujemy rozbudować model SIR, poprzez uwzględnienie w nim faktu, że osoby, które przeszły przez chorobę po pewnym czasie tracą swoją odporność.

Zadanie 3.0.1

Zmodyfikuj model SIR określony równaniami (1), tak żeby uwzględnić powyższy efekt. Załóż, że każda osoba uodporniona ma taką samą szansę na utratę odporności oraz, że nie zmienia się ona w czasie. Szybkość utraty odporności oznaczmy jako δ .

Zadanie 3.0.2

Zmodyfikuj swoją symulację modelu SIR, tak żeby uwzględnić utratę odporności. Wykonaj symulację dla czasu t od 0 do $t_{max} = 500$ dla parametrów $\beta = 2.5$, $\gamma = 1$ i $\delta = 0.01$. Narysuj wynik symulacji $S(t)$, $I(t)$ i $R(t)$ na jednym wykresie. Co obserwujesz?

Zadanie 3.0.3

Narysuj wykres fazowy opisujący wyniki symulacji z poprzedniego zadania. Co obserwujesz?

Model, który skonstruowaliśmy, nazywa się SIRS, i podobnie jak model SIR jest wykorzystywany do opisu dynamiki epidemii.

4 Zadanie dodatkowe

Zadanie 4.0.1

Zmodyfikuj model z poprzedniego zadania (model SIRS) przy dodatkowym założeniu, że prowadzona jest akcja szczepień, w wyniku której osoby podatne z pewnym stałym prawdopodobieństwem stają się uodpornione.

1. Zapisz równania opisujące zmianę $S(t)$, $I(t)$ i $R(t)$ w czasie dla tego modelu.
2. Napisz symulację tego modelu w Pythonie.
3. Zbadaj wpływ częstości wykonywania szczepień na przebieg epidemii.

Zadanie 4.0.2

Zmodyfikuj model SIRS przy dodatkowym założeniu, że osoby zainfekowane mogą z pewnym prawdopodobieństwem umrzeć

1. Zapisz równania opisujące zmianę $S(t)$, $I(t)$, $R(t)$ i $D(t)$ (liczby osób zmarłych) w czasie dla tego modelu.
2. Napisz symulację tego modelu w Pythonie.
3. Zbadaj wpływ śmiertelności na przebieg epidemii.

Zadanie 4.0.3

Zmodyfikuj podstawowy model SIR (1) przy uwzględnieniu dynamiki populacji. Załóż, że liczba osób podatnych przybywa w stałym tempie na skutek przyrostu naturalnego. Także załóż, że zarówno osoby podatne, zainfekowane jak i uodpornione umierają w tym samym tempie (tzn. fakt, że przechodzimy/przeszliśmy chorobę, nie wpływa na śmiertelność). Tak dobierz współczynniki, żeby łączna populacja nie ulegała zmianie.

1. Zapisz równania opisujące zmianę $S(t)$, $I(t)$ i $R(t)$ w czasie dla tego modelu.
2. Napisz symulację tego modelu w Pythonie.
3. Zbadaj wpływ współczynnika narodzin/zgonów na przebieg epidemii.

5 Zadania domowe

Zadanie 5.0.1 (3 punkty)

Zbadaj jak przebieg epidemii Sars-Cov-2 zależy od początkowej liczby osób uodpornionych, np. poprzez program szczepień. Wykorzystaj standardowy model SIR. Przyjmijmy, że wirus Sars-Cov-2 opisują parametry $\beta = 2.5$ i $\gamma = 1$. Rozważ 0%, 10%, 20%, 30%, 40%, 50% i 60% początkowo uodpornionych osób.

Opisz słownie stopień uodpornienia społeczeństwa wpływa na 1) maksymalną liczbę osób chorych w trakcie szczytu epidemii, 2) łączną liczbę chorych przez cały czas trwania epidemii.

Zadanie 5.0.2 (3 punkty)

Zaproponuj modyfikację modelu SIR, który uwzględni to, że osoby wystawione na działania wirusa, nie zarażają od razu, ale przechodzą najpierw przez okres inkubacji (oznaczmy tę część populacji zmienną $E(t)$ - z angielskiego *exposed*). Przyjmij, że osoby w okresie inkubacji nie zarażają, jednak z pewnym prawdopodobieństwem mogą stać się zarażeni.

1. Zmodyfikuj równanie (1), tak aby uwzględnić osoby przechodzące przez okres inkubacji. W równaniach powinien pojawić się nowy stały parametr opisujący szybkość przechodzenia z okresu inkubacji (E) do stanu zainfekowanego (I).
2. Zaimplementuj zmodyfikowany model SIR w Pythonie. Wykonaj symulację dla różnej szybkości przechodzenia z okresu inkubacji E do stanu I .
3. Rysując odpowiednie wykresy pokaż jak długość okresu inkubacji wpływa na 1) długość epidemii, 2) najwyższą liczbę zachorowań w trakcie szczytu epidemii, oraz 3) łączną liczbę osób zainfekowanych.