
Modelleren en Simuleren

Project – Modelling van populaties

2022 - 2023

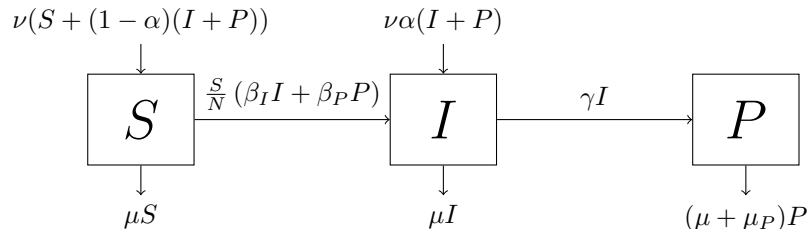
1 Het modelleren van ongeneeslijke ziektes

In de cursus hebben we enkele modellen bestudeerd om het verloop van ziektes te modelleren. Al deze modellen veronderstelden dat besmette individuen konden genezen en eventueel resistentie opbouwen. Sommige ziektes, zoals HIV of CMV, dragen individuen hun hele leven mee. Soms is de ziekte onvermoed aanwezig, op andere momenten is er een duidelijke opflakking van symptomen.

Om dit soort ziektes te modelleren kunnen we een kleine aanpassing doen aan het klassieke SIR-model. De populatie is onderverdeeld in drie groepen:

1. S : susceptible. Dit zijn individuen die besmet kunnen worden, en het nog niet zijn.
2. I : infected. Deze individuen zijn besmet en besmettelijk, maar vertonen geen of weinig symptomen.
3. P : patients. Deze groep is besmet en besmettelijk en vertoont duidelijk symptomen.

Met deze drie groepen kunnen we volgend model voorstellen.



We overlopen de parameters die hierin voorkomen.

- N is de totale populatie: $N = S + I + P$. Merk op dat deze niet constant is, en afhangt van de huidige waarden van S , I en P .
- ν is de natuurlijk geboortesnelheid. Bijvoorbeeld 0.017 kinderen per jaar per individu.
- μ is de natuurlijke sterftesnelheid. Bijvoorbeeld 1.25% van de bevolking per jaar.
- μ_P is de oversterfte door de ziekte. Bijvoorbeeld 5% per jaar.
- β_I en β_P zijn de besmettelijkheid per contact. Bijvoorbeeld $\beta_I = \beta_P = 0.1$.
- α drukt uit met hoeveel kans een kind van besmette ouders ook besmet is. Kies bijvoorbeeld 10%.
- γ beschrijft met welke kans besmette individuen ook symptomen zullen vertonen. Bijvoorbeeld: 20%.

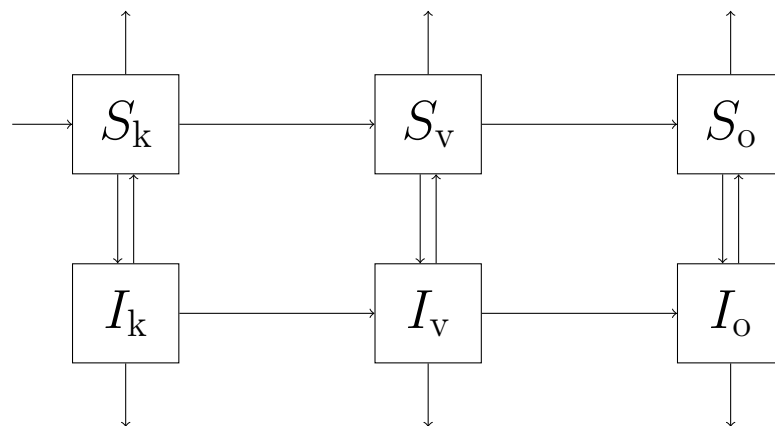
Opdracht 1. *Simuleer dit model met de beginvoorwaarden $S = 11 \cdot 10^6$, $I = 1 \cdot 10^6$ and $P = 0$. Experimenteer met de verschillende parameters. Wat als de ziekte dodelijker is? Wat als kinderen van besmette ouders een grotere kans hebben zelf besmet te zijn? Wat als ...?*

Opdracht 2. *Pas het model aan waarbij er een latente periode is. Hierbij zijn individuen nog niet besmettelijk, maar dragen wel de ziekte al. Verwerk in jouw aanpassingen dat ze deze ziekte wel al kunnen doorgeven aan hun kinderen.*

2 Leeftijdscategorieën bij epidemiologische modellen

In de theorie hebben we gezien dat we groepen nog verder zouden kunnen opsplitsen per leeftijdscategorie bijvoorbeeld. Zo kunnen we vertrekken van een relatief eenvoudig SIS-model waarbij er demografie is. Om hier leeftijdscategorieën in aan te brengen vervangen we de besmetbare groep S door S_k (voor kinderen, < 18 jaar), S_v (voor volwassenen, van 18 tot 65 jaar) en S_o (voor ouderen > 65 jaar). Voor de groep van besmette individuen maken we een gelijkaardige splitsing in I_k , I_v en I_o .

Een mogelijk schema dat de evolutie tussen categorieën beschrijft, kan er als volgt uit zien.



De pijlen in het schema laten toe dat er nieuwe kinderen geboren worden, dat individuen ouder worden en dat er een geneeslijke, niet resistente ziekte is.

Opdracht 3. *Bepaal zelf welke waarde bij elke pijl in dit schema hoort. Probeer om min of meer realistische formules te bepalen. Houd rekening met de volgende zaken: dat individuen correct ouder worden, dat natuurlijke sterfte gerelateerd is aan leeftijd en zo ook de kwetsbaarheid voor de ziekte.*

Opdracht 4. *Simuleer deze situatie grondig. Experimenteer hierbij met verschillende ernstigheid van ziekte.*

Opdracht 5. *Bouw dit model verder uit door een (eventueel tijdelijke) resistentie toe te laten. Voer opnieuw enkele experimenten uit. Laat je inspireren door werkelijke ziektes zoals mazelen, luizen, griep... Kies dus intelligent je parameters.*

3 Modelleren van populatie-evolutie

De theorie vermeldt dat het mogelijk is om een eigenschap zoals leeftijd in rekening te brengen door over te stappen naar een stelsel partiële differentiaalvergelijkingen. Hierbij hangen dan de veranderlijken S , I en R niet enkel af van de tijd t , maar ook de leeftijd l .

Voor de eenvoud gaan we dit voorbeeld eerst uitwerken zonder dat er een ziekte aanwezig is. De functie $p(t, l)$ beschrijft de populatieverdeling per leeftijd l op tijdstip t . Op elk moment voldoet deze functie aan volgende vergelijking:

$$\frac{\partial}{\partial t} p(t, l) = -\frac{\partial}{\partial l} p(t, l) - \mu(l)p(t, l). \quad (1)$$

samen met de randvoorwaarden

$$\begin{aligned} p(0, l) &= p_0(l) \\ p(t, 0) &= f \int_0^\infty p(t, l) F(l) dl. \end{aligned}$$

Hierbij is $p_0(l)$ de huidige verdeling per leeftijd, $\mu(l)$ de sterfkans op leeftijd l en $F(l)$ beschrijft de vruchtbare momenten, de scalair f drukt uit hoeveel kinderen een persoon gemiddeld krijgt doorheen hun hele leven. Al deze waarden kan je terugvinden in de bijgeleverde notebook.

De eerste term van vergelijking (1) drukt uit dat de gehele populatie ouder wordt, de tweede term bevat de natuurlijke sterfte. Deze is leeftijdsafhankelijk door de functie $\mu(l)$. De eerste randvoorwaarde is een beginwaarde die uitdrukt hoe de populatieverdeling er bij het begin uit ziet. De tweede randvoorwaarde drukt uit dat er nieuwe kinderen geboren worden.

Opdracht 6. *Werk een methode uit om het verloop van een populatie te bepalen aan de hand van de differentiaalvergelijking (1). Je kan hier kiezen voor een semi-discretisatie methode, waarbij je $p(t, l)$ benadert door een ophijsting waarden per leeftijd op elk moment $p_l(t)$ voor $l \in \{1, 2, 3, \dots\}$. Welke resultaten verkrijgt je wanneer je met f experimenteert?*

Nu kunnen we deze ideeën gebruiken om een uitgebreide leeftijdsafhankelijkheid in te voeren in een SIS-model. De functie $S(t, l)$ drukt uit hoeveel vatbare individuen van leeftijd l er zijn op tijdstip t . De functie $I(t, l)$ drukt dan uit hoeveel besmettelijke individuen van leeftijd l er zijn op tijdstip t . Het model dat we op deze manier verkrijgen is:

$$\begin{cases} \frac{\partial}{\partial t} S(t, l) = -\frac{\partial}{\partial l} S(t, l) - \mu(l)S(t, l) - \beta \frac{\int_0^\infty I(t, l') dl'}{N(t)} S(t, l) \\ \frac{\partial}{\partial t} I(t, l) = -\frac{\partial}{\partial l} I(t, l) - (\mu(l) + \mu_I(l))I(t, l) + \beta \frac{\int_0^\infty I(t, l') dl'}{N(t)} S(t, l). \end{cases}$$

met randvoorwaarden:

$$\begin{aligned} S(0, l) &= p_0(l) \\ S(t, 0) &= f \int_0^\infty (S(t, l) + I(t, l)) F(l) dl \\ I(0, l) &= 100 \exp\left(-\frac{(l-35)^2}{10}\right) \\ I(t, 0) &= 0. \end{aligned}$$

In deze formules is $N(t) = \int_0^\infty S(t, l) + I(t, l) dl$, is β een parameter die de besmettelijkheid per contact uitdrukt, en $\mu_I(l)$ is de oversterfte door de ziekte per leeftijd.

Opdracht 7. *Simuleer deze situatie. Experimenteer zelf met mogelijke waarden voor β en $\mu_I(l)$.*

4 De opdracht

Van dit project moet je een verslag schrijven. Dit verslag, en niet jouw code, zal geëvalueerd worden. Je noteert hierin jouw bevindingen en resultaten. Dit verslag zal ook een overzicht bevatten van alle

wendingen die jouw onderzoek genomen heeft. Dit project is *individueel*. Het delen van ideeën mag, het delen van code of oplossingen niet.

Je dient dit verslag, samen met je code, in op Ufora, niet later dan **18 december 2022**.

Het verslag

In je verslag noteer je jouw resultaten en bevindingen. Je verantwoordt ook grondig je keuzes en geeft de motivering achterliggend aan jouw modellen en interpretaties ervan.

Het is aan jou om te illustreren dat al het gevraagde inderdaad correct opgelost is. Doe dit door jouw code grondig te beschrijven, maar ook voldoende testen uit te voeren en de resultaten hiervan te rapporteren in het verslag.

Onderzoek

Naast de opdrachten in deze opgave wordt je van harte aangemoedigd om zelf te experimenteren en te onderzoeken. Rapporteer dit ook zeker in jouw verslag.