

VYSOKÉ UČENÍ TECHNICKÉ V BRNĚ
FAKULTA INFORMAČNÍCH TECHNOLOGIÍ

IMS - Modelování a simulace

Téma č. 1: Epidemiologické modely pomocí
celulárních automatů

Obsah

1	Úvod do problematiky celulárních automatů	2
2	Vzorová studie modelující šíření viru Covid-19	2
2.1	Důležité informace z článku	2
3	Vlastní implementace	3
3.1	Využití článku v projektu	3
3.2	Popisy modelů	3
3.2.1	Model 0	3
3.2.2	Model 1	3
3.2.3	Model 2	3
3.3	Hypotézy	3
4	Popis jednotlivých částí aplikace	3
4.1	Pravidla	4
4.2	Simulace	4
4.3	Doplňkové skripty	5
4.4	Automatizované experimenty	5
4.4.1	Vizualizace průběhu simulace	5
5	Výsledky a srovnání	6
5.1	Experiment referenčního modelu z článku	7
5.2	Experimenty s vlastními modely	8
5.2.1	Model 0	8
5.2.2	Model 1	9
5.2.3	Model 2	10
5.3	Srovnání	10
6	Návrhy na vylepšení	11
7	Závěr	11

Seznam obrázků

1	Experiment číslo 2 modelu 0 (viz sekce 5), v modelovém čase $t = 0$	5
2	Experiment číslo 2 modelu 0 (viz sekce 5), v modelovém čase $t = 101$ (poslední cyklus, kdy došlo k infikování všech osob)	5
3	Tabulka s výsledky referenčního modelu, zdroj:[2]	7
4	Tabulka s výsledky modelu 0	8
5	Tabulka s výsledky modelu 1	9
6	Tabulka s výsledky modelu 2	10

1 Úvod do problematiky celulárních automatů

Celulární automaty (dále CA) jsou diskrétní modely, které se využívají pro simulování různých jevů, například šíření epidemie, požárů, evoluce, generování textur, proudění tekutin, aj. Typický systém se skládá z pole buněk a pravidel pro změnu stavu buňky. Buňka nabývá jedné konkrétní hodnoty z množiny všech možných stavů. V čase mění svou hodnotu podle funkce stavu buňky a jejího okolí: $s(t+1) = f(s(t), N_s(t))$.

Známým a jednoduchým příkladem celulárního automatu je **hra života** (anglicky *The game of life*). Jedná se o 2D celulární automat, kde buňka nabývá jednoho ze dvou stavů - živá nebo mrtvá. Buňka může ožít nebo zemřít v závislosti na svém okolí.[3](s. 298 - 304)

2 Vzorová studie modelující šíření viru Covid-19

2.1 Důležité informace z článku

Jako vzorovou studii jsme si zvolili článek *Enhanced Cellular Automata with Autonomous Agents for Covid-19 Pandemic Modeling*[2] z časopisu *Romanian Journal of Information Science and Technology*. Článek popisuje základní model v podobě CA pro simulaci vývoje šíření Covid-19 v malých prostorech, ale i dále rozvinuté a vylepšené CA pro simulaci komplexnějších podmínek, které jsou bližší reálnému světu. Autoři článku předpokládají, že model, který zohledňuje faktory šíření a vývoje viru/pandemie a chování společnosti může být nápomocen pro efektivní zvládnutí pandemií jako je pandemie Covid-19. Cílem článku je ukázat, že model celulárního automatu s agenty (simulované osoby) může být použit pro simulování vývoje pandemie.

Model je tvořen z prostoru - místností a agentů - osob/lidí, kteří se v něm pohybují. Prostor může obsahovat stěny, přes které agenti nemůžou přejít. Stěny tak tvoří překážky i pro šíření viru. Osoby mohou nabývat tří stavů: zdravý, infikovaný anebo imunní. Rozmístění osob i jejich stavů je náhodné.

Populace je inicializována dle následujících parametrů:

- N - celkový počet osob
- S - procento nemocných (infikovaných) osob
- I - procento imunních osob

Parametry pravděpodobností pohybu, které ovlivňují šíření nákazy:

- p_f - pravděpodobnost posunutí vpřed
- p_b - pravděpodobnost posunutí vzad
- p_r - pravděpodobnost posunutí vpravo
- p_l - pravděpodobnost posunutí vlevo
- p_s - pravděpodobnost setrvání na místě

Funkce stavu buňky a jejího okolí modelu z článku:

- Modelované osoby se náhodně přemisťují na volnou pozici.
- Pokud se infikovaný a zdravý agent dívají (jsou orientováni) směrem k sobě, zdravý agent změní svůj stav na infikovaný.

Výsledky referenčního modelu lze vyčíst z tabulky 3. Další informace o referenčním modelu lze najít v článku[2].

3 Vlastní implementace

3.1 Využití článku v projektu

Rozhodli jsme se pro vytvoření celkem 3 modelů podobných referenčnímu modelu. Pro věrohodnější srovnání výsledků našich modelů a výsledků referenčních jsme naše systémy testovali na stejné místnosti jako byla představena v článku. Předpokládáme, že odlišnosti v jednotlivých verzích našich modelů budou mít dopad na celkové výsledky.

3.2 Popisy modelů

3.2.1 Model 0

Okolí agenta je v modelu 0 definované jako buňky přímo sousedící (i diagonálně) s buňkou, na které se daný agent nachází. Každý agent má tedy celkem až 8 sousedících buněk. Jedná se o tzv. *Moorovo okolí*[4]. Model 0 (oproti modelu z článku) nebere v úvahu orientaci osoby (tedy směr, který se osoba dívá), ale předpokládá, že člověk vydechuje vzduch a kapénky s infekcí, který se následně rozšíří do všech směrů (360°). K nakažení zdravé osoby tedy dojde vždy, když se v jeho okolí nachází alespoň jedna infikovaná osoba.

3.2.2 Model 1

Model 1 definuje okolí agenta jako buňky přímo sousedící s buňkou, na které je agent, a to bez diagonály. Agent tedy může mít až 4 sousedy. Jedná se o tzv. *von Neumanovo okolí*[5]. K infikování zdravého agenta dojde pouze tehdy, jestliže je v jeho okolí alespoň jeden infikovaný agent takový, který směřuje čelem k zdravému agentovi. Tento model je nejpodobnější modelu popsanému v článku.¹

3.2.3 Model 2

Model 2 rozšiřuje model 1 o možnost nakažení zdravého agenta sousedem podobně jako v modelu 0. V modelu 0 byla ale pravděpodobnost nákazy 100 %. V modelu 2 má každý infikovaný soused možnost nakazit zdravého agenta s pravděpodobností 10 %.

3.3 Hypotézy

Pro model 0 předpokládáme, že šíření nákazy bude podstatně rychlejší, protože model uvažuje agresivní šíření viru do okolí.

Pro model 1 předpokládáme, že se bude nejvíce podobat referenčnímu modelu, protože má nejpodobnější vlastnosti.

Pro model 2 předpokládáme, že šíření nákazy bude pomalejší než v modelu 0, protože je snížena pravděpodobnost přenosu z okolí agenta. Zároveň očekáváme, že se nákaze bude šířit rychleji než v modelu 1, protože je zde navíc možnost nákazy z okolí.

4 Popis jednotlivých částí aplikace

Program je napsán v jazyce C++. Místnost, v které šíření nákazy Covid-19 simulujeme, je znázorněna pomocí 2D matice (třída `Matrix`) buněk (třída `Cell`). Buňka může nabývat tří stavů - zeď, volno nebo obsazeno (osobou). Každá buňka má svoji pozici v prostoru a uchovává si informaci, který konkrétní agent se na její

¹ S ohledem na to, jaké informace jsme byli schopni z článku extrahovat.

pozici nachází. Agenti jsou modelováni třídou `Person` a uchovávají si informace o své pozici v prostoru, o svém stavu - zdravý, infikovaný nebo imunní a směru, kterým se dívají. Samotný simulátor je modelován jako třída `CellularAutomaton` a zajišťuje většinu operací jako např.:

- Správa prostoru - matice s buňkami.
- Správa buněk, aktualizace jejich obsahu, řízení výpočtu jejich stavů, apod.
- Správa agentů - osob a řízení výpočtu jejich stavů.
- Řízení chodu simulace.
- Průběžné ukládání stavu simulace do souborů.

Zápis výsledků probíhá pomocí metody `dumpMatrixToFile`, kdy dojde k vytvoření textového souboru `matrix_dump%ČÍSLO_CYKLU%.txt` reflektující matici se stavy buněk a osob, následovně:

- 0 = zeď
- 1 = volná buňka
- 2 = buňka obsazená zdravou osobou
- 3 = buňka obsazená infikovanou osobou
- 4 = buňka obsazená imunní osobou

4.1 Pravidla

Pravidla pro simulaci jsou následující (pravidla jsou seřazeny dle priority):

Model 0:

- Zdravá osoba se stane infikovanou, pokud se v jejím okolí nachází alespoň jedna infekční osoba.
- Ostatní osoby svůj stav nemění nikdy.

Model 1:

- Zdravá osoba se stane infikovanou, pokud se v jejím okolí nachází alespoň jedna infekční osoba orientovaná směrem k agentovi.
- Ostatní osoby svůj stav nemění nikdy.

Model 2:

- Zdravá osoba se stane infikovanou s pravděpodobností 10 %, s každou infekční osobou, která se nachází se v jejím okolí
- Zdravá osoba se stane infikovanou, pokud se v jejím okolí nachází alespoň jedna infekční osoba orientovaná směrem k agentovi.
- Ostatní osoby svůj stav nemění nikdy.

4.2 Simulace

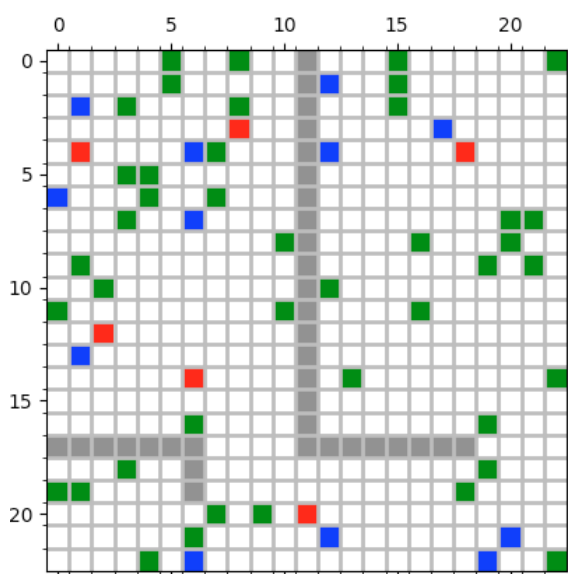
Po zpracování přendáných parametrů (viz `-h` pro zobrazení nápovědy) z `main.cpp` dojde k inicializaci celulárního automatu. Vytvoří se matice o zadaných rozměrech, inicializují se zdi a dojde k náhodnému rozproštění agentů. Ke generování pseudo-náhodných čísel jsme využili `Mersenne Twister` generátor náhodných čísel z C++ knihovny `random`, která se stará o vygenerování čísla z diskrétního rovnoměrného rozdělení [1]. O spuštění se stará třídní funkce `simulate`, která zajistí infikování osob a spuštění samotné simulace, která v cyklu podle definovaných pravidel (viz podsekcce 4.1) mění stav buněk a osob. V rámci cyklu dojde i k "posunutí" osoby v místnosti. Cyklus probíhá dokud nedojde k nakažení všech osob v celém prostoru, kdy se simulace

ukončí a dojde k vypísání celkového počtu cyklu simulace do souboru.

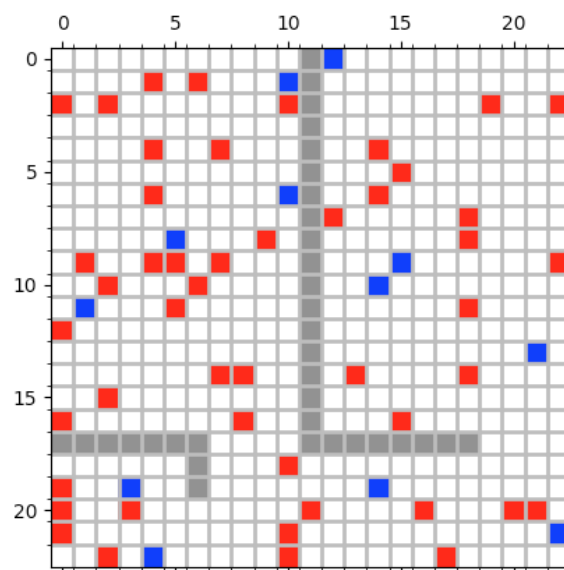
Ukázka simulace, kde inicializovaná matice má velikost 23x23 se zdmi rozmístěnými stejně jako v článku. V místnostech je rozprostřeno 60 osob, kde 10 % je nakažených a 20 % imunních.

Popis barev:

- šedá = zeď
- bílá = volná buňka
- zelená = buňka obsazená zdravou osobou
- červená = buňka obsazená infikovanou osobou
- modrá = buňka obsazená imunní osobou



Obrázek 1: Experiment číslo 2 modelu 0 (viz sekce 5), v modelovém čase $t = 0$



Obrázek 2: Experiment číslo 2 modelu 0 (viz sekce 5), v modelovém čase $t = 101$ (poslední cyklus, kdy došlo k infikování všech osob)

4.3 Doplnkové skripty

Součástí ZIP balíčku jsou i dva Python skripty, které usnadňují práci se simulační aplikací. Pro spuštění obou skriptů jsou k dispozici Makefile cíle, které se postarají mimo jiné i o závislosti.

4.4 Automatizované experimenty

První ze skriptů umožňuje automatizované spuštění a vyhodnocení experimentů, které jsou předdefinované ve vlastním souboru `experiments.txt`.

Spuštění se provádí příkazem `make all_exp`. Při základním nastavení skript provede 100 iterací všech 20 experimentů a následně vygeneruje HTML tabulku s výsledky. Podobná tabulka je možné vidět v tomto dokumentu.

4.4.1 Vizualizace průběhu simulace

Druhý ze skriptů umožňuje zobrazit animaci šíření nákazy.

Spuštění se provádí příkazem `make visualize`. Při základním nastavení se spustí simulace experimentu č. 2. Pokud chcete vizualizovat jiný experiment, je nutné přenastavit proměnné v souboru `main.cpp`.

5 Výsledky a srovnání

V následujících podsekcích jsou zobrazeny výsledky referenčního modelu a našich vlastních modelů, které byly vytvořeny v rámci projektu. V poslední části je jejich srovnání. Všechny experimenty pracují s místností z článku a zobrazenou v obrázcích 1 a 2.

Popis záhlaví tabulky:

- N - celkový počet osob
- S - procento infikovaných
- I - procento imunních
- p_f - pravděpodobnost posunutí vpřed
- p_b - pravděpodobnost posunutí vzad
- p_r - pravděpodobnost posunutí vpravo
- p_l - pravděpodobnost posunutí vlevo
- p_s - pravděpodobnost zůstání na místě
- Average time to no-green - počet cyklů simulace do doby kdy jsou všichni agenti nakažení nebo imunní

5.1 Experiment referenčního modelu z článku

#	N(0)	S(0)	I(0)	p_f	p_b	p_r	p_l	p_s	Average time to no-green
1	60	10%	20%	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	229 cycles
2	60	10%	20%	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	273 cycles
3	60	10%	20%	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	531 cycles
4	60	10%	50%	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	798 cycles
5	60	5%	20%	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	325 cycles
6	60	5%	20%	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	330 cycles
7	60	5%	20%	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	647 cycles
8	60	5%	50%	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	1559 cycles
9	60	2%	20%	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	568 cycles
10	60	2%	20%	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	665 cycles
11	60	2%	20%	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	1561 cycles
12	60	2%	50%	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	1583 cycles
13	30	10%	20%	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	472 cycles
14	30	10%	20%	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	447 cycles
15	30	10%	20%	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	1044 cycles
16	30	10%	50%	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	1081 cycles
17	30	5%	20%	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	993 cycles
18	30	5%	20%	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	1090 cycles
19	30	5%	20%	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	2439 cycles
20	30	5%	50%	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	3239 cycles

Obrázek 3: Tabulka s výsledky referenčního modelu, zdroj:[2]

Autoři článku uvedli následující závěry z výsledků jejich experimentů[2]:

- 1. a 2. simulace ukazuje, že není příliš velký rozdíl, jestli agenti postávají částečně na místě nebo ne.
- 3. simulace v porovnání s experimenty 1 a 2 ukazuje, že při nižším pohybu osob, dojde ke značnému snížení rychlosti šíření nákazy. A to i v experimentech, kde jsou hodnoty N, S a I jiné.
- 4., 8., 12., 16. a 20. simulace ukazují, že pokud je v místnosti velká část imunních osob, dojde k zpomalení šíření nákazy.
- Srovnání simulací 1 až 4 a 5 až 8 ukazuje, že v případě nižšího prvotního počtu nakažených osob, dojde opět k zpomalení šíření nákazy.
- Stejná tendence se projeví i při snížení počtu infikovaných na 2 %, viz simulace 9 až 12.
- V případě snížení hustoty populace na polovinu, průměrná doba do úplné infekce se výrazně zvýší (simulace 13 až 20 ve srovnání s předchozími).
- Pro hustou a intenzivně se pohybující populaci je rychlost šíření infekce vyšší.

5.2 Experimenty s vlastními modely

Průměrný počet cyklů do úplné infekce je tvořen ze 100 běhů simulace o definovaných parametrech. Toto platí pro všechny naše tři modely. Počet 100 iterací jsme uvážili za dostatečný pro zajištění směrodatnosti.

5.2.1 Model 0

#	N(0)	S(0)	I(0)	p_f	p_b	p_r	p_l	p_s	Průměrný počet cyklů do kompletního nakažení
1	60	10%	20%	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	78 cycles
2	60	10 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	101 cycles
3	60	10 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	202 cycles
4	60	10 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	326 cycles
5	60	5 %	20 %	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	115 cycles
6	60	5 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	150 cycles
7	60	5 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	304 cycles
8	60	5 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	496 cycles
9	60	2 %	20 %	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	198 cycles
10	60	2 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	257 cycles
11	60	2 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	520 cycles
12	60	2 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	839 cycles
13	30	10 %	20 %	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	218 cycles
14	30	10 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	250 cycles
15	30	10 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	555 cycles
16	30	10 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	834 cycles
17	30	5 %	20 %	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	259 cycles
18	30	5 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	320 cycles
19	30	5 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	684 cycles
20	30	5 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	1044 cycles

Obrázek 4: Tabulka s výsledky modelu 0

Z výsledků experimentů s modelem 0 lze vyvodit zcela stejné závěry jako jsou uvedeny výše pro model z článku. Podrobnější srovnání viz následující podkapitola 5.3.

5.2.2 Model 1

#	N(0)	S(0)	I(0)	p_f	p_b	p_r	p_l	p_s	Průměrný počet cyklů do kompletního nakažení
1	60	10%	20%	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	348 cycles
2	60	10 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	285 cycles
3	60	10 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	456 cycles
4	60	10 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	571 cycles
5	60	5 %	20 %	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	420 cycles
6	60	5 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	384 cycles
7	60	5 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	626 cycles
8	60	5 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	838 cycles
9	60	2 %	20 %	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	633 cycles
10	60	2 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	608 cycles
11	60	2 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	991 cycles
12	60	2 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	1479 cycles
13	30	10 %	20 %	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	689 cycles
14	30	10 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	679 cycles
15	30	10 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	903 cycles
16	30	10 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	1264 cycles
17	30	5 %	20 %	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	771 cycles
18	30	5 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	714 cycles
19	30	5 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	1124 cycles
20	30	5 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	1514 cycles

Obrázek 5: Tabulka s výsledky modelu 1

Z výsledků experimentů s modelem 1 lze vyvodit opět stejné závěry jako pro model z článku s výjimkou prvních dvou experimentů, které se od modelu z článku i od našich zbylých dvou liší. Podrobnější srovnání viz následující podkapitola 5.3.

5.2.3 Model 2

#	N(0)	S(0)	I(0)	p_f	p_b	p_r	p_l	p_s	Průměrný počet cyklů do kompletního nakažení
1	60	10%	20%	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	163 cycles
2	60	10 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	187 cycles
3	60	10 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	301 cycles
4	60	10 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	422 cycles
5	60	5 %	20 %	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	261 cycles
6	60	5 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	255 cycles
7	60	5 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	433 cycles
8	60	5 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	654 cycles
9	60	2 %	20 %	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	399 cycles
10	60	2 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	454 cycles
11	60	2 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	738 cycles
12	60	2 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	1079 cycles
13	30	10 %	20 %	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	370 cycles
14	30	10 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	411 cycles
15	30	10 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	736 cycles
16	30	10 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	1064 cycles
17	30	5 %	20 %	0.25	0.25	0.25	0.25	0.00	457 cycles
18	30	5 %	20 %	0.20	0.20	0.20	0.20	0.20	510 cycles
19	30	5 %	20 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	854 cycles
20	30	5 %	50 %	0.10	0.10	0.10	0.10	0.60	1251 cycles

Obrázek 6: Tabulka s výsledky modelu 2

Z výsledků experimentů s modelem 2 lze vyvodit opět stejné závěry jako jsou uvedeny výše pro model z článku. Podrobnější srovnání viz následující podkapitola 5.3.

5.3 Srovnání

Experimenty, které jsme s modely provedli, potvrdily všechny naše hypotézy z kapitoly 3.3. Až na výjimku modelu 1, v 1. a 2. experimentu, lze ze výsledků usoudit, že se varianty modelů chovají dle očekávání. Na příčinu výjimky, se nám nepodařilo přijít.

Obecně si lze všimnout, že naše modely simulují šíření nemoci v kratším čase než model referenční. Vzhledem k tomu, že článek pouze slovně popisuje jejich model, ale už neuvádí postup řešení různých detailů, snažili jsme se v naší implementaci upravovat modely podle výsledků. Nemohli jsme nijak porovnávat vnitřní parametry a postupy referenčního systému s tím naším.

Za povšimnutí stojí výsledky referenčního modelu v experimentech 16 a 20. Dle nás jsou tyto výsledky podezřelé. Experiment 16 a 20 mají všechny parametry stejné až na míru nakažení. Experiment 16 má 10 % a exp. 20 má 5 %. Oba experimenty jsou provedeny s 30 lidmi. To v absolutních číslech tedy znamená 3 infekční agenty pro experiment 16 a 2 infekční agenty pro exp. 20. Zajímavé je, že výsledky referenčního modelu nám připadají experimentu 16 a 20 nepřesné, kdy model 16 předpokládá v inicializaci o 1 nakaženého více než experiment 20, ale experiment 20 má 3x cyklů více. Rozdíl v průměrných cyklech k plné nákaze je ale trojnásobný. Experiment 16 má v průměru 993 cyklů a exp. 20 má průměr 3239 cyklů. Toto považujeme za

podezřelé. Jak je možné, že dvěma infekčním lidem místo třem, jinak za stejných podmínek, zabere infikovat všechny ostatní tři krát delší dobu.

6 Návrhy na vylepšení

Vyvinuli jsme 3 varianty modelu, nejbližší realitě je dle našeho názoru model 2. V rámci dalšího výzkumu a vývoje modelu by bylo možné prozkoumat šíření kapánek a viru vzduchem, vliv ochranných pomůcek (roušky, respirátory, ...) na šíření kapének, účinnost desinfekce a další možnosti prevence, které by pomohly vybudovat spolehlivý model pro simulaci šíření onemocnění přenášných vzduchem a kapénkami.

Další oblastí, na kterou je možné se zaměřit jsou vlastnosti prostoru. Pro věrohodnější simulaci reálného prostředí je nutné brát v úvahu například klimatizaci, vzduchotechniku nebo i obyčejné větrání oken. Cirkulace vzduchu v místnosti může výrazně ovlivnit způsob a rychlost šíření nákazy.

Jak referenční tak implementovaný model ve všech variantách zahrnuje inkubační dobu nákazy. V rámci zavedení inkubační doby a případné karantény a ohlášení kontaktů by v rámci simulace více dnů mohlo dojít ke snížení šíření v případě, že by byly nakažené a nahlášené osoby byly vloženy do karantény.

7 Závěr

Podařily se nám vytvořit tři modely demonstrující šíření nákazy v prostoru. Dosáhli jsme výsledků, které lze považovat za smysluplné a reálné. Bohužel se nám nepodařilo dosáhnout stejných výsledků jak v referenčním modelu. Lze předpokládat, že je to způsobeno tím, že jsme měli k dispozici pouze základní informace o referenčním modelu ve formě slovního popisu a samotná implementace nám zůstala skryta. Naši implementaci lze považovat za konkurenční řešení.

Reference

- [1] cplusplus.com: std::mt19937. Dostupné z: <https://www.cplusplus.com/reference/random/mt19937/>
- [2] Dascalu, M.; Malita, M.; Barbilian, A.; aj.: Enhanced Cellular Automata with Autonomous Agents for Covid-19 Pandemic Modeling. *ROMANIAN JOURNAL OF INFORMATION SCIENCE AND TECHNOLOGY*, ročník 23, č. S, 2020: str. 15–27. Dostupné z: <http://www.romjist.ro/full-texts/paper651.pdf>
- [3] Peringer, P.; Hrubý, M.: Modelování a simulace. 2020. Dostupné z: <https://wis.fit.vutbr.cz/FIT/st/cfs.php.cs?file=%2Fcourse%2FIMS-IT%2Flectures%2FIMS.pdf&cid=13998>
- [4] Weisstein, E. W.: "Moore Neighborhood". 2020. Dostupné z: <https://mathworld.wolfram.com/MooreNeighborhood.html>
- [5] Weisstein, E. W.: von Neumann Neighborhood. 2020. Dostupné z: <https://mathworld.wolfram.com/vonNeumannNeighborhood.html>