

עבודה בביולוגיה חישובית

עבודה מס 1

רועי הנדלר 208728337 (מדמח)

תומר שורץ 209380864 (ביולוגיה חישובית)

בנוסף של שילוב של ביולוגיה חישובית ומדעי המחשב

אנו אפיינו את המערכת בשביל שיהיה אפשר ליצור מגוון סימולציות עם פרמטרים שונים, כך שניתן לייצר אותם בצורה קלה וידידותית למשתמש.

הקוד שלנו כתוב בצורת OOP - תכנות מונחה עצמים, כך שמימשנו 2 מחלקות עיקריות:

1. מחלקת סימולציה

2.1. מחלקת תא

2.2. מחלקת תא קופץ (דומה למחלקת תא אך עם מאפיינים שונים - ולכן יורשת ממחלקת תא)

פירוט התוכנית:

מחלקת הסימולציה אחראית על יצירת סימולציה (החל מהצגת ויזואליזציה, ביצוע הכנות לתחילת הסימולציה וביצוע סימולציה) על פי הפרמטרים הנשלחים מראש.

מחלקת התא אחראית על כל הפונקציונליות של התא (היצור) וכל המשתמע מכך (תזוזת התא, הדבקה של תאים שכנים ועדכון מצב התא).

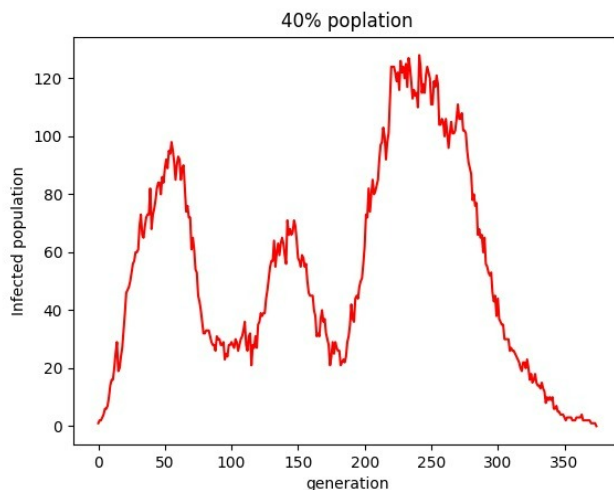
אנו מקבלים את הפרמטרים לכל סימולציה על ידי קובץ CSV בשם parameters אשר נמצא בתיקייה של קובץ הסימולציה ואשר יכול את כל הפרמטרים לכל הסימולציות שרוצים לבצע.

קובץ הפרמטרים בנוי כך שהשורה הראשונה הינה השם של כל עמודה (הכותרת של העמודה), בכל שורה (החל מהשורה השניה) מדובר בפרמטרים לסימולציה חדשה, שאנו מבצעים.

אם לא מצורף הקובץ או אם הקובץ לא בפורמט המתאים, התוכנית תריץ סימולציה אחת עם פרמטרים דיפולטים שהם הפרמטרים לריצה שעליה נפרט בהמשך.

בסוף כל סימולציה מחלקת הסימולציה מחזירה מידע על כמות החולים שיש בכל דור של הסימולציה, אנו מכינים ממידע זה גרף שהמשתמש יכול לשמור את הגרף על פי בחירתו, בגרף ישנם נתונים רבים אשר עוזרים למשתמש לסכם את הסימולציה שבוצעה.

דוגמא לגרף של סימולציה, כפי שניתן לראות בגרף למעלה יש כותרת שהינה השם של הסימולציה (מועבר כפרמטר בקובץ פרמטרים).



פירוט תוצאות הסימולציה:

כפי שניתן לראות בתחילת הסימולציה היה לנו גל גדול של תחלואה שבשיאו היו לנו 100 יצורים חולים באותו הזמן, גל זה נמשך כמעט 90 דורות ואחריו היה לנו תחלואה נמוכה של בערך 20 חולים במשך כ-30 דורות. בדור 115 בערך התחיל הגל השני שבשיאו היו לנו 70 יצורים חולים באותו הזמן, גל זה נמשך כמעט 30 דורות ואחריו חזרנו לתחלואה נמוכה של 20 יצורים חולים בערך עד דור 200. בדור 200 התחיל לנו הגל

תחלואה השלישי (והאחרון) של הסימולציה שבשיאו היו לנו יותר מ-120 יצורים חולים באותו הזמן, גל זה נמשך עד כמעט סוף הסימולציה ולקח בערך 100 דורות עד שהגיע לתחלואה נמוכה של 20 יצורים חולים.

פרמטרי הסימולציה היו כר:

אתחלנו את הסימולציה כך ש-40% מהתאים במטריצה יצורים (16,000 יצורים), שמתוכם 0.1% מהיצורים מאותחלים כחולים (כלומר 16 יצורים) בנוסף לזה (כלומר יכול להיות עם חפיפה של חולים) 10% מהיצורים (כלומר 1,600 יצורים) הוגדרו כייצורים קופצניים (כלומר יכולים לזוז למרחק של 10 תאים מהמקום שלהם בניגוד ליצור רגיל שיכול למרחק של 1). ערך הסף של שינוי סיכויי הדבקה היה 21% (כלומר כשיש בסימולציה יותר מ-21% יצורים חולים אז סיכויי הדבקה הופכים להיות יותר נמוכים) וסיכויי ההדבקה מהגבוהה לנמוך להיות 10% ו-5% בהתאמה ולסיום נתנו שאחרי 15 דורות היצורים נרפאים מהמחלה והופכים להיות מחוסנים ממנה.

השפעות הפרמטרים על הסימולציה:

ראינו שכל פרמטר יכול להשפיע בצורה מאוד קיצונית על הסימולציה גם אם רק הוא משתנה ובמיוחד אם יש לנו כמה פרמטרים ששינוי ביחד, כלומר יש לנו מערכת מאוד כאוטית שגם ריצה עם אותם פרמטרים יכולה להביא לתוצאות מאוד שונות, אבל לכל פרמטר היה שינוי עיקרי על המערכת שעליו נפרט:

• כמות היצורים (population size):

כשנתנו כמות יצורים קטנה יחסית למערכת (מתחת 30% מהמקומות בערך) המחלה לא התפשטה מהר והרבה מהסימולציות הסתיימו מהר כי היצורים החולים היו בודדים ולא הדביקו תאים חדשים, לעומת זאת כשמות היצורים גדולה יחסית במערכת (מעל 70% מהמקומות) רוב הסימולציות התחלקו לאחד משני המקרים:
(1) המחלה התפשטה מהר ודי מהר כל האוכלוסייה חלתה.
(2) המחלה התפשטה אבל חדלה במפתיע כי כל השכנים של התאים החלימו מהמחלה ולא היה לה לאן להתפשט (התאים לא יכלו לזוז למקומות חדשים)
כך שברוב הסימולציות שהרצנו שמנו את כמות האוכלוסייה להיות באזור 40%-50% מהמקומות מהמערכת

• כמות יצורים המתחילים חולים (infected population):

ראינו פה שכמות היצורים שמתחילים חולים משפיעה רק על מהירות ההגעה לערך סף השינוי (T) וגם ראינו בהרבה סימולציות שגם כשהתחלנו עם חולה אחד בודד הגענו בסוף הסימולציה שכמעט כל התאים הודבקו במהלכה.

• כמות היצורים הקופצניים (R):

ראינו שככל שהגדלנו את הכמות היצורים העלה תזוזת האוכלוסייה שלנו גדלה אבל לא הרגשנו שזה באמת משפיע כי לרוב היצורים עברו למקומות שהמחלה כבר התפשטה ובעצם לא הרגשנו שהם תורמים משמעותית להתפשטות המחלה שזה בניגוד לציפיות ההתחלתיות שלנו.

• ערך הסף לשינוי סיכויי הדבקה (T):

ראינו שיש קשר ישיר בין ערך הסף לבין הגובה של הגלי תחלואה שלנו.
ראינו שאם נתנו ערך סף גבוה מידי (מעל 30%) אז נוצר לנו גל תחלואה אחד גדול שיכול להימשך במשך הרבה דורות ואחריו כבר לא יהיו גלי תחלואה, לעומת זאת אם שמנו ערך סף נמוך מדי (מתחת ל-10%) נוצר לנו גל שמסתיים די מהר ואין הדבקה אחריו כי לא היה לנו מספיק יצורים חולים שימשיכו להדביק בסוף הגל.

• סיכויי ההדבקה הגבוהה (P1):

ראינו ששזה משתנה שמאוד משפיע גם באחוזים יחסית נמוכים, כי מהרגע שעברנו את ה-25% סיכויי ההדבקה אז היה לנו התפשטות יותר מדי מהירה מה שגרם לגל תחלואה אחד מתמשך ולא לכמה גלים כמו שרצינו.

• סיכויי ההדבקה הנמוך (P2):

בעקרון פרמטר זה הוגבל על ידי פרמטר P1 (לא יכול להיות יותר גדול ממנו) וראינו שאם היה הפרש משמעותי ביניהם (מספיק הפרש של 10%) אז נוצרו לנו מלא גלי תחלואה קטנים שמתחדשים במהירות (כלומר יש להם בערך 10-3 דורות של ירידה ואז התחלה מהירה של גל חדש)

- מספר הדורות עד להתגברות על המחלקה (recovery time):

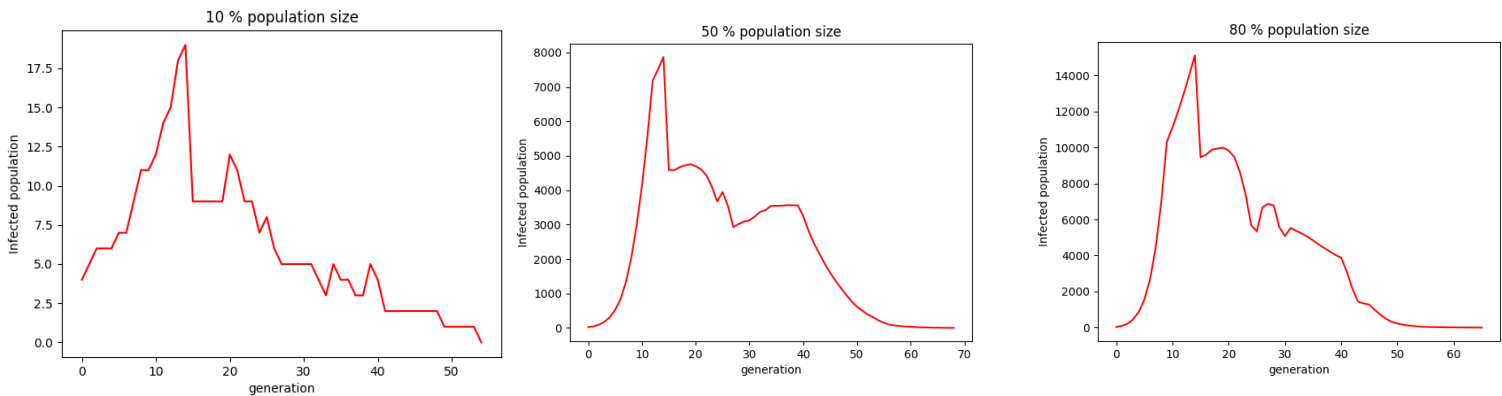
ראינו שפרמטר זה השפיע בעיקר על קצב ירידת הגל אבל גם בפרמטר זה היה צריך לבחור בזהירות. אם בחרנו במספר דורות גדול מדי אז תאים נשארו חולים להרבה דורות מה שגרם לגל תחלואה מתמשך והשארות רבה מדי מעבר לערך הסף (T) מה שגרם בסופו של דבר לגל אחד גדול וזהו, לעומת זאת אם מספר הדורות היה נמוך מדי אז התאים החולים הברואו מהר מדי מה שגרם שלא היו לנו תאים חולים שיכולים להדביק בסוף הגל.

לסיכום:

למדנו שקל מאוד ליצור במערכת גל תחלואה אחד גדול, אבל ליצור כמה גלים ובמיוחד 3 גלים ויותר זה כבר מצריך פרמטרים מאוד ספציפיים וגם אז לא בטוח שיהיה כי המערכת מאוד כאוטית ורנדומלית.

גרפים להשוואת ערכי משתנים:

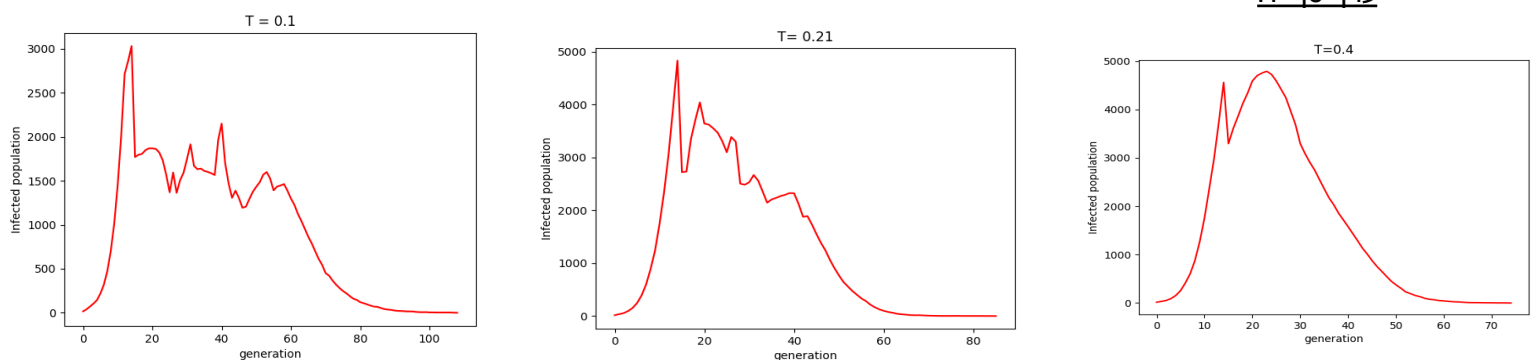
גודל אוכלוסיה:



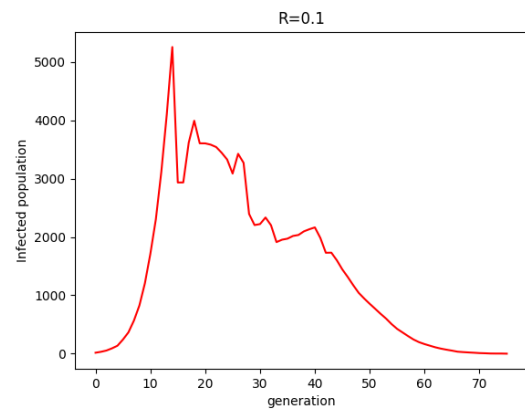
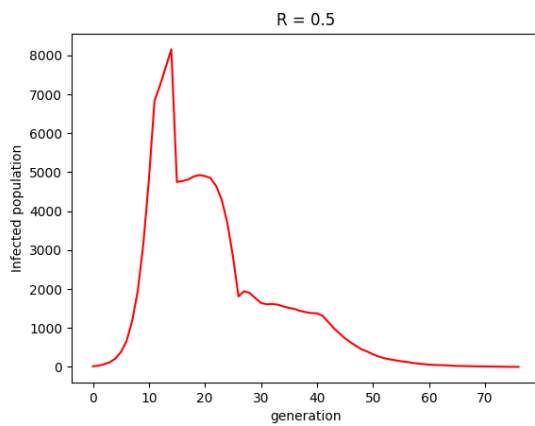
כמות חולים התחלתית:



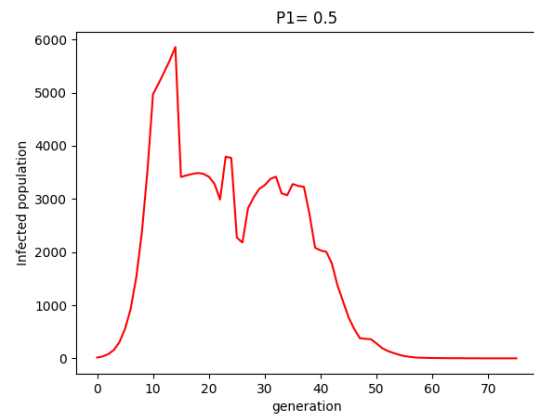
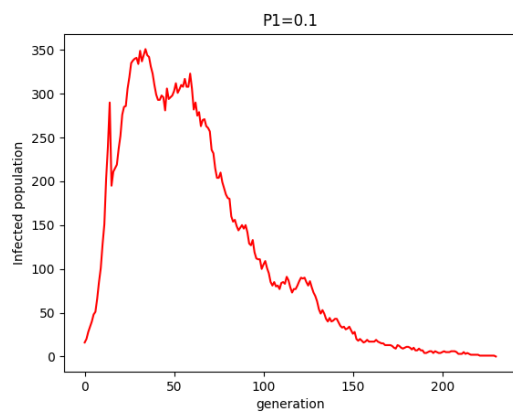
ערך סף T:



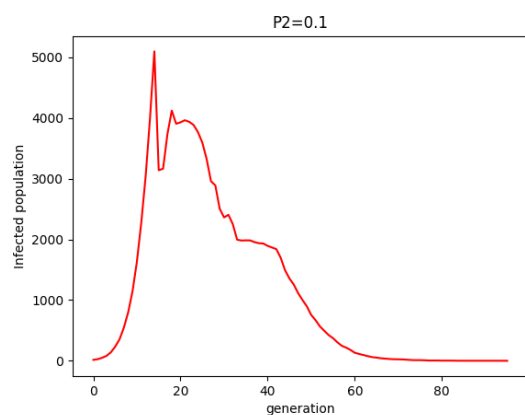
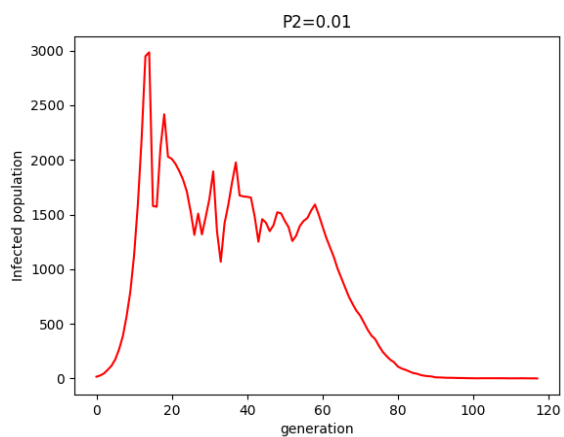
כמות היצורים הקופצים: R:



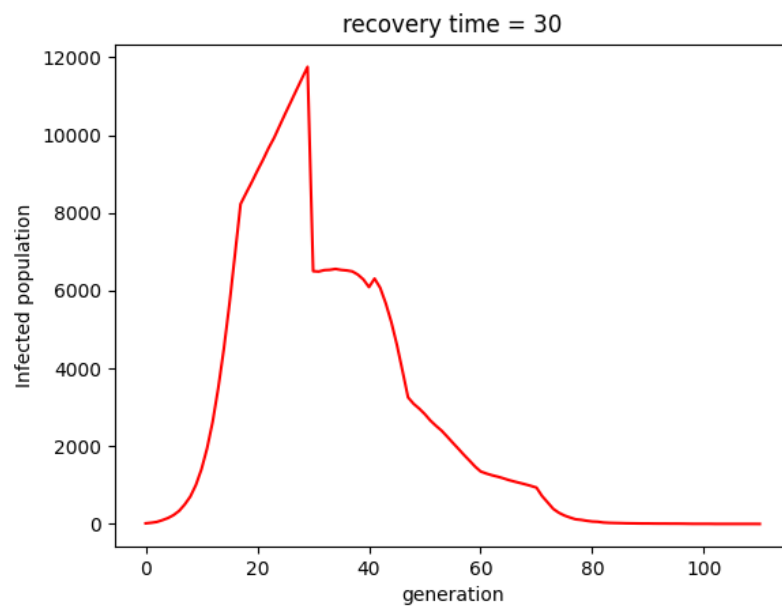
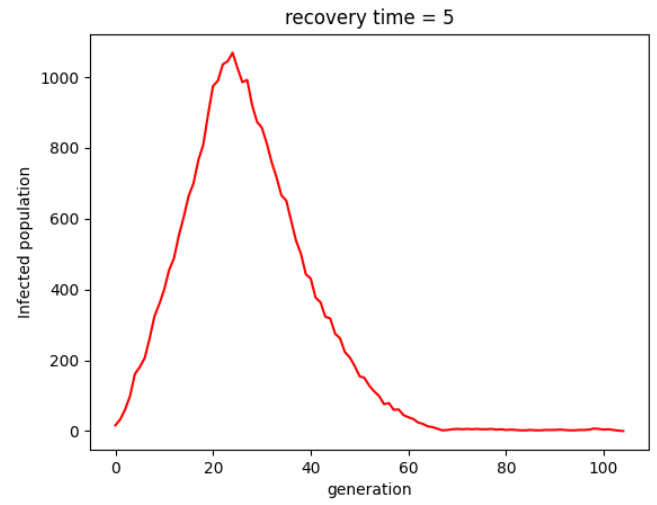
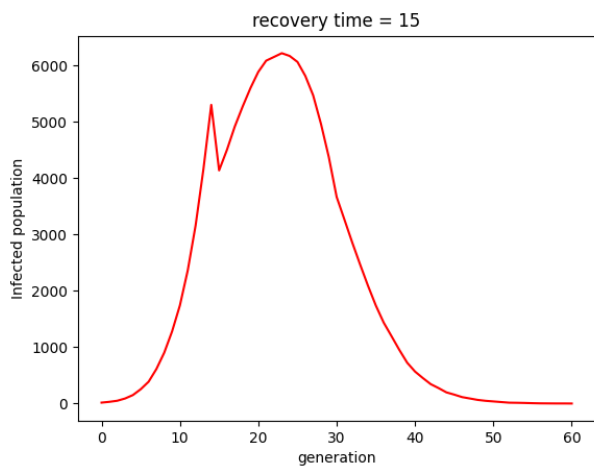
ערך P1:



ערך P2:



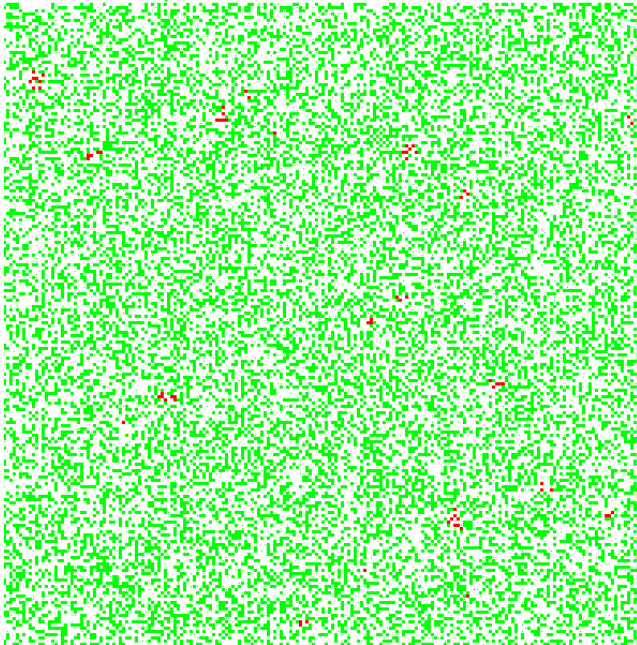
כמות הדורות להחלמה:



כעת נצרף מספר תמונות מתוך שלבים שונים של סימולציות שונות

Simulation Name : R=0.1

Healthy Infected Recovered

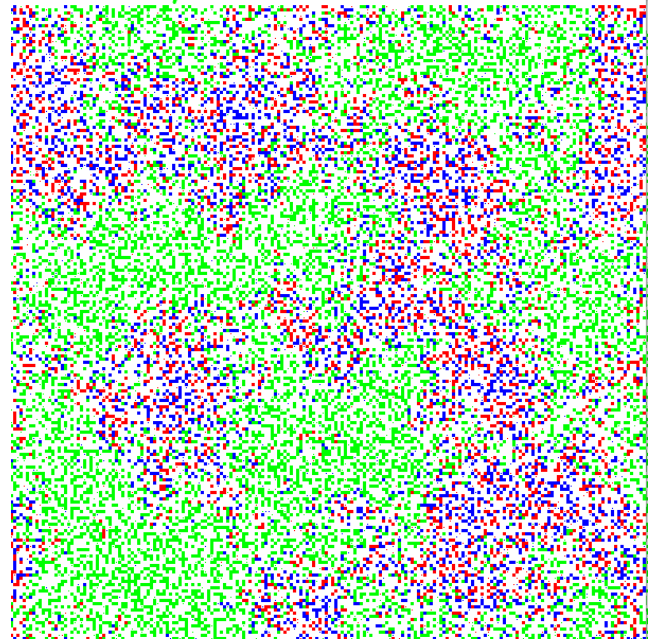


Generation number : 3

N = 16000, D = 0.001, R = 0.1, X = 15, P1 = 0.3, P2 = 0.05, T = 0.21

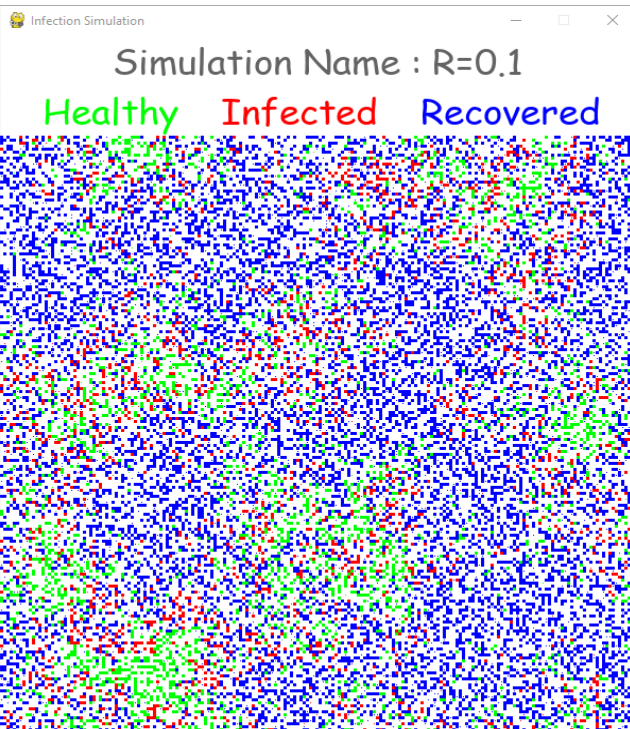
Simulation Name : R=0.1

Healthy Infected Recovered



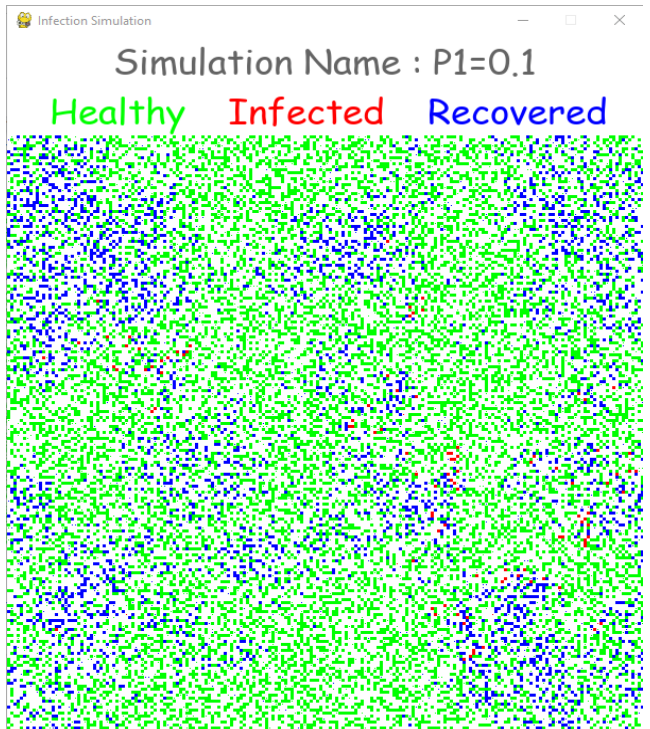
Generation number : 22

N = 16000, D = 0.001, R = 0.1, X = 15, P1 = 0.3, P2 = 0.05, T = 0.21



Generation number : 36

N = 16000, D = 0.001, R = 0.1, X = 15, P1 = 0.3, P2 = 0.05, T = 0.21



Generation number : 97

N = 16000, D = 0.001, R = 0.1, X = 15, P1 = 0.1, P2 = 0.05, T = 0.21