

马尔科夫链和流行病学:流行病在人群中的传播

31005

2022年11月21日

这个项目的目的是操纵马尔科夫链来研究流行病在人群中的传播。你的输出将是一个笔记本,希望对 代码进行**评论**并**对**结果**进行解释**。推荐使用numpy、random和matplotlib软件包。

我们将研究由3种类型的个体组成的人群。每个人都处于三种**状态**之一:健康的S,感染的I或治愈的R。

1 从数据中学习模型参数

在我们的模型中, 我们将考虑在每个时间:

- 一 每个健康人都可以保持健康或被感染
- 一 每个受感染的人都可以保持感染或变得痊愈
- 一 每个被治愈的人都能保持痊愈

而从一个状态到另一个状态的概率只取决于前一个状态。

1. 根据这一连串的观察, 估计各状态之间的过渡概率, 并绘制出过渡概率矩阵。

然后我们对5000个个体的群体进行了200天的监测。要读取数据,请使用

- np.loadtxt('data exol.txt')。健康的人得0分,感染的人得1分,治愈的人得2分。
- 1. 读取数据
- **2.** 估计各状态之间的过渡概率并构建过渡概率矩阵(提示检查你的结果:矩阵的第一行是[0.9308, 0.0691, 0.])。

2 第一个模型的描述

一个人在时间t处于这三种状态之一的概率, 只取决于他在时间t-1所处的状态。

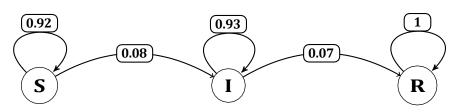


图1-显示3个模型状态和过渡概率的图表1

- 一个处于健康状态的个体有0.92的概率保持健康,有0.08的概率成为感染者。如果个人被感染了,他可以以0.93的概率保持感染,以0.07的概率被治愈。
- **1.** 从过渡图中,创建过渡矩阵A,该矩阵包含不同状态之间的过渡概率。创建一个函数来检查一个矩阵是否是随机的。

在时间t=0时,一个人有0.9的概率是健康的,0.1的概率是被感染的。

2. 创建π。, 即初始概率分布。

我们将研究健康、感染和治愈的个体数量随时间的演变,首先研究理论分布,然后在模拟上观察分布。

分布π₊

让 π_t 是时间t的概率向量。

- 1. 使用 π_0 和A,给出一个人在时间上健康、被感染或治愈的概率 t=1 (先用手计算一下)。
- **2.** 给出一个人在时间t=2时健康、被感染或治愈的概率(先用手计算)。
- 3. 同样地,对于1到200之间的每个时间t,计算出数字的理论分布,在每个州(回顾 $\pi_{t+1} = \pi_t$)
- 4. 绘制处于每种状态的概率与时间的关系图(+描述一下你观察到的情况)。

随机抽出的状态

你将使用这个马尔可夫链生成一个大小为T的序列。为了产生一个随机序列,随机选择一个初始状态(使用 π_0);然后按照过渡概率(=过渡矩阵A)来选择后续状态。 你可以取T=150。

建立一个人口模型

你已经为一个人生成了一个状态序列。现在你将为200个个体的群体生成一组序列。

- 1. 在每个时间t,计算人口中健康、感染和治愈的个体数量,并显示三种状态下的个体数量随时间的变化。
- 2. 显示健康感染者和治愈者的百分比是时间的函数。
- 3. 当t很大时,健康人、感染者和治愈者的比例是多少?
- 4. 用不同规模的种群重复前面的问题,如5个个体和5000个个体。

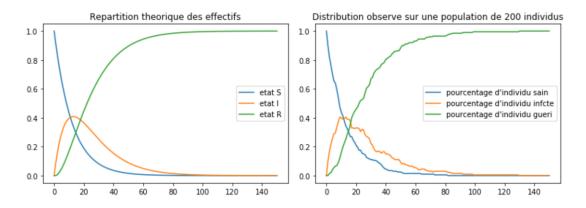


图2--理论上和观察到的每个状态下的个体百分比是时间的函数

感染的时间长度

- 1. 根据模拟结果, 估计一个*I序列*的平均长度。
- 2. 显示观察到的感染长度的分布(也许为了表示分布,做一个直方图是个好主意)。
- 3. 计算一序列I的理论长度(你可以使用几何定律的期望值并说明理由)。
- 4. 将估计的长度与理论的长度进行比较。
- 5. 显示感染长度的理论分布。

围绕这第一个模型进行的小修改

你现在可以修改模型来研究不同的情况, 例如通过改变

- 1. 人口规模
- 2. 的初始概率分布。
- 3. 过渡概率。

3 第二个模型的描述

现在我们将考虑第二个模型,即康复的个体可以以**0.02**的概率重新变得健康,他们可以失去对疾病的免疫力。

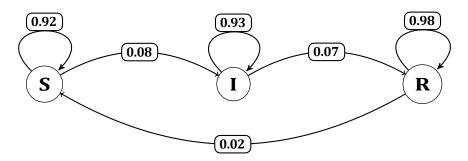


图3-显示3个模型状态和过渡概率的图表

模型的分析

- 1. 这个过程可以用马尔科夫链来模拟吗?
- 2. 给出新的过渡矩阵
- 3. 这个马尔可夫链中的状态的性质是什么?它是定期的吗?它是不可还原的吗?
- 4. 计算矩阵 $A \times A$ 。它对应的是什么?它是随机的吗?A的问题相同³ 和 A^4 。
- 5. 进行新的模拟。人口是如何变化的?
- **6.** 用不同的初始概率分布重复模拟(例如,如果在时间t=0时,我们有90%的感染者和10%的健康者)。探索其他的初始化,至于每个问题,请**评论**你的观察。
- 7. 计算静止的概率分布,并将这一结果与模拟结果进行比较,以获得规模相当大。

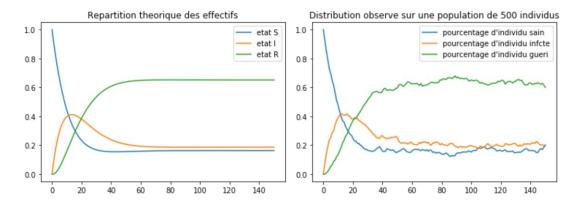


图4--理论上和观察到的每个状态下的个体百分比是时间的函数

豁免权的长度

一个患病的人在多长时间内保持对疾病的保护是值得怀疑的。

- 1. 根据模拟结果, 估计R的序列的平均长度
- 2. 计算一个R的序列的理论长度
- 3. 显示豁免权长度的理论和观察分布。

修改模型

- 1. 如果你改变了一个健康个体被感染的概率,那么流行病是如何演变的?什么是新的均衡分布?
- 2. 同样的问题,如果你改变一个被治愈的个体重新变得健康的概率。

4 遏制

可以想象, 如果社会疏远措施到位, 成为感染者的概率就会变成零。

- 1. 我们将交替进行不疏导和疏导期。
 - 1. 在非遏制期, 我们使用之前练习的过渡矩阵。
 - 2. 在遏制期,健康个体被感染的概率变为零
 - 一 用前面练习中的过渡矩阵开始模拟。可以假设,在最初的时候,所有的人都是健康的。
 - 一 当人口中有25%的感染者时,我们进入了一个疏远期
 - 一 感染者的数量将减少。当感染者少于10%时,遏制措施就会解除。
- 2. 对一个足够大的种群进行模拟,在每个时间*t*绘制个体数量的演变(你应该看到 "波浪"),并注意遏制和解禁的时间。
- 3. 需要多少个封闭/解封装置?

5 讨论

- 1. 你能对所使用的模型提出什么批评意见?
- 2. 可选:提出改进建议,并在可能的情况下实施。