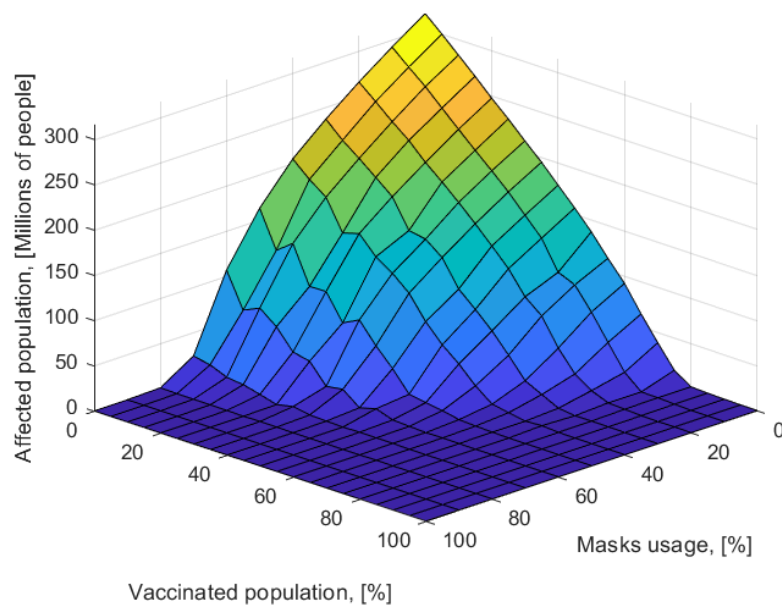


Περιορισμός της διασποράς του COVID-19 με χρήση масκών και εμβολιασμών στη NetLogo

Αναστάσιος-Φαίδων Ρετσέλης (ΑΕΜ: 4394)

13/7/2021



Περιεχόμενα

Περίληψη	3
1 Εισαγωγή	4
1.1 Σημασία της στατιστικής και προσομοιώσεις	4
1.2 COVID-19 και διασπορά σε μια κοινωνία ανθρώπων	4
1.2.1 Μοντέλα για τη μελέτη του προβλήματος	4
1.3 Σκοπός της εργασίας	5
2 Περιγραφή των μοντέλων	5
2.1 Συνεχής εκδοχές	5
2.1.1 Μελέτη με διαφορετικές εξισώσεις	5
2.1.2 Το μοντέλο SIR	6
2.1.3 Ανοσία της αγέλης	7
2.2 Διακριτή εκδοχή	7
2.2.1 Το μοντέλο στη NetLogo	8
2.2.2 Οι μεταβλητές του μοντέλου	8
2.2.3 Λειτουργία του μοντέλου	9
2.2.4 Μια τυπική προσομοίωση	13
3 Σχεδιασμός της έρευνας	14
3.1 Βασικοί στόχοι	14
3.2 Τροποποίηση του μοντέλου	14
4 Αποτελέσματα	16
4.1 Τρόπος εξαγωγής αποτελεσμάτων	16
4.2 Μόνο μάσκες	17
4.2.1 N95	17
4.2.2 Χειρουργικές μάσκες	19
4.2.3 Σπιτικές μάσκες	21
4.3 Μόνο εμβολιασμοί	22
4.3.1 N95	23
4.3.2 Χειρουργικές μάσκες	25
4.3.3 Σπιτικές μάσκες	27
4.4 Μάσκες και Εμβολιασμοί	29
4.4.1 N95	29
4.4.2 Χειρουργικές μάσκες	30
4.4.3 Σπιτικές μάσκες	31
5 Συμπεράσματα	32
Βιβλιογραφία	33
A MATLAB Code	34

Περίληψη

Στην παρούσα εργασία, με αφορμή την πανδημία του κορωνοϊού COVID-19, θα μελετήσουμε την εξάπλωση του συγκεκριμένου ιού στην κοινωνία των Ηνωμένων Πολιτειών της Αμερικής και θα διερευνήσουμε πως η χρήση масκών καθώς και ο εμβολιασμός του πληθυσμού μπορεί να δουλέψει ως μέτρο για τον περιορισμό της εξάπλωσης σε μια κοινωνία. Αρχικά, θα πραγματοποιήσουμε μια συνοπτική εισαγωγή στον τομέα της στατιστικής και των προσομοιώσεων, και επιπλέον θα αναλύσουμε τον τρόπο που συμβαίνει η διασπορά σε επίπεδο κοινωνίας. Έπειτα, παρουσιάζουμε τα διάφορα μοντέλα που περιγράφουν τη διασπορά ενός ιού, όπως είναι το SIR και η μελέτη με διαφορικές εξισώσεις. Ακολούθως, περιγράφουμε το διακριτό μοντέλο που έχει αναπτυχθεί στη NetLogo, τον τρόπο λειτουργίας του καθώς και μια τυπική προσομοίωση που μπορούμε να τρέξουμε με το συγκεκριμένο μοντέλο.

Στη συνέχεια, ορίζουμε τους βασικούς στόχους της εργασίας μας, οι οποίοι είναι να μελετήσουμε το πως περιορίζεται η πανδημία του κορωνοϊού ως συνάρτηση της χρήσης масκών και εμβολιασμένου πληθυσμού. Για να το επιτύχουμε αυτό, επαναλαμβάνουμε την κάθε προσομοίωση αρκετές φορές με τη χρήση της λειτουργίας της NetLogo που ονομάζεται BehaviorSpace, ούτως ώστε να μπορέσουμε να εξάγουμε ένα στατιστικά σημαντικό αποτέλεσμα. Έπειτα, μελετούμε το πρόβλημα συνδυαστικά, δημιουργώντας τριδιάστατες επιφάνειες που μας δείχνουν το πως περιορίζεται η πανδημία ταυτόχρονα με τη χρήση масκών και εμβολιασμών για να έχουμε μια καλύτερη εποπτική εικόνα πως συνδέονται αυτές οι μεταβλητές μεταξύ τους. Τέλος, σχολιάζουμε όλα τα παραπάνω αποτελέσματα, προτείνουμε βελτιώσεις για μελλοντική εργασία και παραθέτουμε τον κώδικα που χρησιμοποιήσαμε για τη στατιστική επεξεργασία των αποτελεσμάτων αλλά και την τροποποίηση που κάναμε στο μοντέλο της NetLogo ούτως ώστε να υπάρχει η δυνατότητα εμβολιασμού του πληθυσμού στο μοντέλο.

1 Εισαγωγή

1.1 Σημασία της στατιστικής και προσομοιώσεις

Η στατιστική αποτελεί μια επιστήμη η οποία χρησιμοποιεί διάφορες μαθηματικές μεθόδους για να εξάγει συμπεράσματα από εμπειρικά δεδομένα κάποιας παρατήρησης ή ενός πειράματος. Μέσω της στατιστικής μπορούμε να οδηγηθούμε χρησιμοποιώντας την επιστημονική μέθοδο στην εξαγωγή ασφαλών συμπερασμάτων για την λήψη ορθών αποφάσεων. Είναι αναμενόμενο λοιπόν ο κλάδος της στατιστικής να γνωρίζει τέτοια ανάπτυξη στις μέρες μας, καθώς έχουν ευρύτατες εφαρμογές στον οικονομικό κλάδο αλλά και στον κόσμο των επιχειρήσεων, στην κοινωνία μας. Θα μπορούσε κάποιος να ισχυριστεί μάλιστα, πως η στατιστική χρησιμοποιείται με τον έναν ή τον άλλον τρόπο σε όλες τις επιστήμες.

Φυσικά, μέσω της στατιστικής μπορούμε να επιτύχουμε σημαντικές ανακαλύψεις ή να ερμηνεύσουμε τον κόσμο γύρω μας. Για παράδειγμα, η ανακάλυψη του μποζόνιου Higgs αποτελεί ένα επίτευγμα της στατιστικής. Το μποζόνιο Higgs έχει έναν πολύ μικρό χρόνο ζωής και διασπάται πολύ γρήγορα με δύο πιθανούς τρόπους:

$$H \rightarrow \gamma\gamma \quad (1)$$

$$H \rightarrow ZZ \rightarrow e^-e^+ \text{ or } \mu^-\mu^+ \quad (2)$$

Καθώς έχει έναν πολύ μικρό χρόνο ζωής, ο μοναδικός τρόπος να μελετήσουμε το Higgs boson είναι παρατηρώντας την ενέργεια των σωματιδίων που δημιουργούνται κατά τη διάσπαση του. Και πράγματι, μελετώντας έναν τεράστιο αριθμό συγκρούσεων στο πείραμα ATLAS, οι επιστήμονες κατάφεραν να αποδείξουν την ύπαρξη του μποζόνιου Higgs με χρήση της στατιστικής, καθώς κατάφεραν να ταυτοποιήσουν αριθμό γεγονότων πάνω από πέντε φορές μεγαλύτερο της τυπικής απόκλισης για την τιμή των 125 GeV, γεγονός το οποίο δεν μπορούσε να ερμηνευθεί διαφορετικά ή να αποδοθεί στο θόρυβο και έτσι παρατηρήθηκε έμμεσα με χρήση της στατιστικής το συγκεκριμένο σωματίδιο.

Παράλληλα, οι ραγδαία εξέλιξη των υπολογιστών τα τελευταία χρόνια έχει προσφέρει τεράστια υπολογιστική ισχύ στην ανθρωπότητα. Με χρήση ενός υπολογιστή, μπορούμε να μελετήσουμε μια πληθώρα προβλημάτων είτε φυσικής που αναφέρονται σε προβλήματα δυναμικών συστημάτων και ορίζονται από διαφορικές εξισώσεις είτε σε άλλα προβλήματα φυσικής και όχι μόνο που εμπεριέχουν την έννοια της στοχαστικότητας καθώς βασίζονται σε τυχαίους αριθμούς. Καθώς μελετάμε αυτά τα προβλήματα στον υπολογιστή χρησιμοποιώντας κάποια συγκεκριμένη γλώσσα προγραμματισμού, λέμε πως **προσομοιώνουμε** το πρόβλημα στον υπολογιστή μας. Ακολουθώντας το ρητό του προγραμματισμού "Garbage in, garbage out." γίνεται αντιληπτό πως οι προσομοιώσεις στον υπολογιστή μπορεί να είναι εξαιρετικά ακριβείς σε βαθμό που να είναι ένα εξαιρετικό υποκατάστατο της πραγματικότητας ή εξαιρετικά ανακριβείς, όπως για παράδειγμα αν έχουμε κάνει κάποιος λάθος στον κώδικα. Τα αποτελέσματα που λαμβάνουμε από μια προσομοίωση μπορούν στη συνέχεια να ερμηνευθούν με χρήση της στατιστικής για την εξαγωγή συμπερασμάτων.

1.2 COVID-19 και διασπορά σε μια κοινωνία ανθρώπων

Φυσικά η στατιστική εμπεριέχει και εφαρμογές στην επιδημιολογία, που είναι ένα αρκετά σχετικό θέμα καθώς βρισκόμαστε στην πανδημία του κορωνοϊού COVID-19. Ο COVID-19 είναι μια ασθένεια που επηρεάζει το αναπνευστικό σύστημα των ασθενών και μεταδίδεται με μεγάλη ευκολία μέσω των σωματιδίων που εκπνέει ένας ασθενής άνθρωπος. Η αρκετά μεγάλη μεταδοτικότητα του συγκεκριμένου ιού σε συνδυασμό με ένα ποσοστό θνησιμότητας γύρω στο 2% οδήγησε τον Παγκόσμιο Οργανισμό Υγείας στο να κηρύξει το προηγούμενο έτος την συγκεκριμένη ασθένεια σε πανδημία. Έκτοτε, οι άνθρωποι και οι κυβερνήσεις σε ολόκληρο τον πλανήτη προσπαθούν να περιορίσουν με τον έναν ή με τον άλλον τρόπο τη διασπορά του ιού, με βασικό στόχο να μην υπάρξει κατάφραση του εκάστοτε συστήματος υγείας. Οι αποφάσεις για lockdown, χρήση масκών, εμβολιασμών και άλλων τρόπων για τον περιορισμό της διασποράς του κορωνοϊού βασίζονται σε αρκετά μεγάλο βαθμό και σε προσομοιώσεις που προκύπτουν από μοντέλα που τρέχουν σε υπολογιστές, στα οποία εφαρμόζεται κατάλληλη στατιστική ανάλυση. Μετά από αυτή την ανάλυση, οι ειδικοί παραδίδουν στις κυβερνήσεις τα πορίσματα τους ούτως ώστε να ληφθούν τα απαραίτητα μέτρα για τον περιορισμό της διασποράς.

1.2.1 Μοντέλα για τη μελέτη του προβλήματος

Γενικότερα, για τη μελέτη του προβλήματος της διασποράς ενός ιού σε μια κοινωνία ανθρώπων έχουν προταθεί διάφορα μοντέλα. Τα μοντέλα αυτά χωρίζονται σε δύο μεγάλες κατηγορίες, και συγκεκριμένα στα:

1. Συνεχή μοντέλα

2. Διακριτά μοντέλα

Με το κάθε ένα να ερμηνεύει με διαφορετική προσέγγιση το πρόβλημα, όμως και τα δύο μας οδηγούν σε παρόμοια αποτελέσματα έπειτα από την κατάλληλη στατιστική ανάλυση.

1.3 Σκοπός της εργασίας

Ορμώμενοι από όλα τα παραπάνω ορίζουμε ως βασικό στόχο της συγκεκριμένης εργασίας τη μελέτη της χρήσης масκών αλλά και των εμβολιασμών ως ενός τρόπου για τον περιορισμό της διασποράς του COVID-19. Η μελέτη αυτή θα γίνει αρχικά ξεχωριστά για τις μάσκες και τους εμβολιασμούς, όμως θα επιχειρήσουμε να μελετήσουμε και τον πιθανό συνδυασμό αυτών για να επιτύχουμε συνδυαστικά τον περιορισμό της πανδημίας. Για την προσομοίωση θα χρησιμοποιηθούν κατάλληλα μοντέλα στη NetLogo και η στατιστική ανάλυση των αποτελεσμάτων θα γίνει στο πρόγραμμα MATLAB.

2 Περιγραφή των μοντέλων

2.1 Συνεχής εκδοχές

2.1.1 Μελέτη με διαφορικές εξισώσεις

Η μελέτη για την διασπορά μια ασθένειας τυπικά χωρίζει τον πληθυσμό μιας κοινότητας σε διάφορες κατηγορίες. Ένα βασικό μοντέλο (Anderson & May, 1985) περιλαμβάνει αλλαγές ανάλογα με την ηλικία a και τον χρόνο t , λαμβάνοντας υπόψη τα ευάλωτα μέλη μιας κοινότητας $X(a, t)$, τα βρέφη που δυνητικά έχουν αποκτήσει αντισώματα από την μητέρα τους $M(a, t)$, μολυσμένα μέλη τα οποία δεν μπορούν ακόμα να μολύνουν άλλα μέλη $H(a, t)$, μολυσμένα μέλη που μπορούν να μολύνουν άλλα μέλη $Y(a, t)$ και τέλος τα μέλη που έχουν αναρρώσει από την ασθένεια και έχουν αποκτήσει ανοσία $Z(a, t)$. Ο συνολικός πληθυσμός της κοινότητας προφανώς θα είναι:

$$N(a, t) = M(a, t) + X(a, t) + H(a, t) + Y(a, t) + Z(a, t) \quad (3)$$

Και οι διαφορικές εξισώσεις που περιγράφουν τη μεταφορά από μια κατηγορία μελών σε μια άλλη θα δίνονται από τις εξισώσεις:

$$\frac{\partial M(a, t)}{\partial t} + \frac{\partial M(a, t)}{\partial a} = -[\mu(a) + d]M(a, t) \quad (4)$$

$$\frac{\partial X(a, t)}{\partial t} + \frac{\partial X(a, t)}{\partial a} = dM(a, t) - [v(a, t) + \lambda(a, t) + \mu(a)]X(a, t) \quad (5)$$

$$\frac{\partial H(a, t)}{\partial t} + \frac{\partial H(a, t)}{\partial a} = \lambda(a, t)X(a, t) - [\mu(a) + \sigma]H(a, t) \quad (6)$$

$$\frac{\partial Y(a, t)}{\partial t} + \frac{\partial Y(a, t)}{\partial a} = \sigma H(a, t) - [\mu(a) + \gamma]Y(a, t) \quad (7)$$

$$\frac{\partial Z(a, t)}{\partial t} + \frac{\partial Z(a, t)}{\partial a} = \gamma Y(a, t) + v(a, t)X(a, t) - \mu(a)Z(a, t) \quad (8)$$

$$\frac{\partial N(a, t)}{\partial t} + \frac{\partial N(a, t)}{\partial a} = -\mu(a)N(a, t) \quad (9)$$

όπου $\mu(a)$ η θνησιμότητα ανάλογα με την ηλικία, $1/d$ η μέση διάρκεια προστασίας από μητρικά αντισώματα, $1/\sigma$ και $1/\gamma$ ο χρόνος επώασης και η χρονική διάρκεια της ασθένειας αντίστοιχα. Το $v(a, t)$ περιγράφει το εμβολιαστικό πρόγραμμα για μια ασθένεια ανάλογα με την ηλικία και τον χρόνο. Για παράδειγμα, για την ασθένεια COVID-19, είναι προφανές πως τα εμβολιαστικά προγράμματα εμβολιάζουν πρώτα τις μεγαλύτερες ηλικίες, καθώς αυτές είναι οι πιο ευάλωτες απέναντι στην συγκεκριμένη ασθένεια και εμφανίζουν μεγαλύτερη θνησιμότητα $\mu(a)$. Ο τελευταίος συντελεστής περιγράφει το ρυθμό ή την «δύναμη» της μόλυνσης $\lambda(a, t)$.

2.1.2 Το μοντέλο SIR

Ένα παρόμοιο μοντέλο με μια απλούστερη μαθηματική περιγραφή που χωρίζει τον πληθυσμό μιας κοινότητας σε τρεις κατηγορίες είναι το μοντέλο SIR (Kermack & McKendrick, 1927). Οι τρεις κατηγορίες είναι:

- **Ευάλωτος πληθυσμός (susceptible) $S(t)$** , που αντιστοιχεί σε άτομα τα οποία δεν έχουν μολυνθεί ακόμα με την ασθένεια ή έχουν αναρρώσει και μπορούν να ξαναμολυνθούν.
- **Μολυσμένος πληθυσμός (infected) $I(t)$** , που αντιστοιχεί σε άτομα τα οποία έχουν μολυνθεί και μπορούν να μεταδώσουν την ασθένεια στον ευάλωτο πληθυσμό.
- **Αναρρωμένος πληθυσμός (recovered) $R(t)$** , που αντιστοιχεί στα άτομα τα οποία είτε έχουν αναρρώσει πλήρως από την ασθένεια είτε έχουν αποβιώσει και ως αποτέλεσμα δεν μετέχουν άλλο στην διασπορά της ασθένειας.

προφανώς συνεπάγεται πως ο συνολικός πληθυσμός N της κοινότητας θα είναι μια σταθερά και θα δίνεται από τη σχέση:

$$N = S(t) + I(t) + R(t) = \text{constant} \quad (10)$$

Το μοντέλο SIR βασίζεται σε τρεις απλές υποθέσεις (Komineas & Charmandaris, 2016):

1. Ο αριθμός των ασθενών αυξάνεται ανάλογα με τον αριθμό επαφών μεταξύ ασθενών και ευπαθών, με ένα γραμμικό όρο ως προς το γινόμενο της μορφής rSI
2. Ο αριθμός των ευπαθών αντίστοιχα θα μειώνεται ανάλογα με τον αριθμό επαφών μεταξύ ασθενών και ευπαθών με τον όρο rSI
3. Ο αριθμός του αναρρωμένου πληθυσμού αυξάνεται ανάλογα με τον αριθμό των ασθενών, κατά ένα ποσοστό aI , ενώ αντίστοιχα με το ίδιο ποσοστό θα μειώνεται και ο αριθμός των ασθενών.

Με βάση τα παραπάνω οι διαφορικές εξισώσεις του SIR μοντέλου θα είναι:

$$\frac{dS}{dt} = -rSI \quad (11)$$

$$\frac{dI}{dt} = rSI - aI \quad (12)$$

$$\frac{dR}{dt} = aI \quad (13)$$

όπου r ο ρυθμός διαγραφής και a ο ρυθμός μόλυνσης είναι θετικές σταθερές. Για να εξετάσουμε τώρα την εξέλιξη μιας πανδημίας, λαμβάνοντας υπόψη της αρχικές συνθήκες, υπολογίζουμε την μεταβολή των ασθενών σε χρόνο $t = 0$ που θα είναι:

$$\left. \frac{dI}{dt} \right|_{t=0} = I_0 (rS_0 - a) \quad (14)$$

Διακρίνονται δυο περιπτώσεις:

1. Αν ισχύει $S_0 < a/r$, τότε η παράγωγος είναι αρνητική και ο αριθμός των ασθενών μειώνεται συνεχώς, οπότε δεν παρατηρείται επιδημία.
2. Αν ισχύει $S_0 > a/r$, τότε η παράγωγος είναι θετική και ο αριθμός των ασθενών αυξάνεται με το χρόνο, οπότε έχουμε να κάνουμε με μια επιδημία.

Τέλος, ορίζουμε τον ρυθμό αναπαραγωγής της ασθένειας R_0 , ο οποίος εκφράζει τον αριθμό δευτερογενών μολύνσεων από ένα μολυσμένο σε ολόκληρο τον πληθυσμό:

$$R_0 = \frac{rS_0}{a} \quad (15)$$

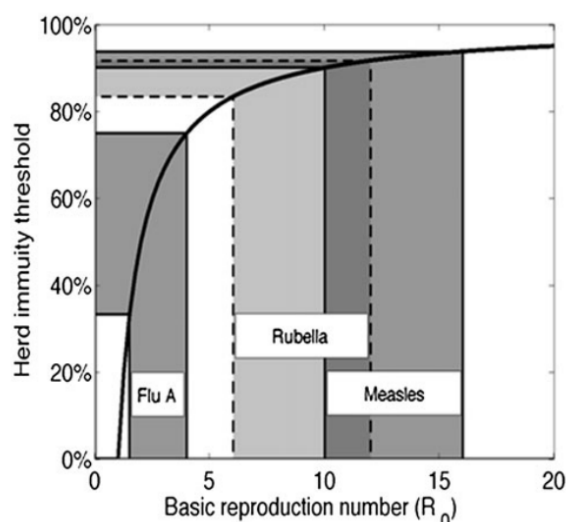
Εάν $R_0 > 1$, τότε βρισκόμαστε σε κατάσταση επιδημίας και για την αποτροπή της επιδημίας είναι αναγκαίο να μειωθεί ο ρυθμός αναπαραγωγής R_0 . Αυτό γίνεται με διάφορους τρόπους, συγκεκριμένα για τον COVID-19 η μείωση αυτή μπορεί να επιτευχθεί με χρήση масών και εμβολιασμούς. Και οι δυο αυτές μέθοδοι ουσιαστικά μειώνουν τον αριθμό του ευπαθούς πληθυσμού, οπότε η ασθένεια δεν μπορεί να εξελιχθεί σε επιδημία.

2.1.3 Ανοσία της αγέλης

Ο όρος ανοσία της αγέλης περιγράφει την προστασία μιας κοινωνίας η οποία επέρχεται για κάποιες μολυσματικές ασθένειες όταν ένα ικανό ποσοστό του πληθυσμού αποκτά ανοσία στην ασθένεια και δεν μπορεί να μολυνθεί. Η ανοσία των μελών της κοινωνίας μπορεί να επέλθει είτε από τον εμβολιασμό μιας κοινότητας ή από προηγούμενες μολύνσεις. Εάν αναφερόμαστε σε εμβολιασμούς, το ποσοστό του πληθυσμού που θα πρέπει να εμβολιαστεί για να φτάσουμε στην ανοσία της αγέλης θα δίνεται από τη σχέση (Fine, Eames, & Heymann, 2011):

$$V_c = \frac{1 - \frac{1}{R_0}}{E} \quad (16)$$

Όπου V_c το κρίσιμο όριο για την επίτευξη της ανοσίας της αγέλης, R_0 ο ρυθμός αναπαραγωγής της ασθένειας και E η αποτελεσματικότητα του εμβολίου που χρησιμοποιείται. Στο Σχήμα 1 φαίνονται οι τιμές του ορίου V_c για διάφορες ασθένειες, υποθέτοντας πως τα εμβόλια έχουν $E = 1$ δηλαδή 100% αποτελεσματικότητα.



Σχήμα 1: Οι τιμές V_c συναρτήσει του ρυθμού αναπαραγωγής R_0 για διάφορες ασθένειες (Fine κ. συν., 2011)

Μπορούμε να εφαρμόσουμε τα παραπάνω για να πάρουμε μια αίσθηση για τον COVID-19. Ο ρυθμός αναπαραγωγής R_0 για τη συγκεκριμένη ασθένεια υπολογίζεται σε διάστημα εμπιστοσύνης 95% σε 1.9–2.6 για τη δυτική Ευρώπη, ενώ για τις ασιατικές χώρες υπολογίστηκε στο ίδιο διάστημα εμπιστοσύνης σε 2.81–3.82 (Locatelli, Trächsel, & Rousson, 2021). Αν θεωρήσουμε καταχρηστικά πως ο ρυθμός αναπαραγωγής R_0 του COVID-19 σύμφωνα με τα παραπάνω βρίσκεται ανάμεσα στις τιμές [2, 4] και εάν υποθέσουμε πως τα εμβόλια έχουν αποτελεσματικότητα 100% ($E = 1$), τότε μπορούμε να υπολογίσουμε τα κρίσιμα όρια για να επιτευχθεί η ανοσία της αγέλης:

$$V_{c \text{ (upper)}} = \frac{1 - \frac{1}{4}}{E} = 0.75 \quad (17)$$

$$V_{c \text{ (lower)}} = \frac{1 - \frac{1}{2}}{E} = 0.50 \quad (18)$$

Το οποίο σημαίνει πως για $R_0 = 2$ θα πρέπει να εμβολιαστεί τουλάχιστον το 50% του πληθυσμού για να επιτευχθεί η ανοσία της αγέλης, ενώ για $R_0 = 4$ θα πρέπει να εμβολιαστεί τουλάχιστον το 75% του πληθυσμού για να επιτευχθεί η ανοσία της αγέλης. Πρέπει να τονίσουμε πως η προσέγγιση αυτή δεν λαμβάνει υπόψιν τις διάφορες μεταλλάξεις του ιού, οι οποίες επηρεάζουν το ρυθμό αναπαραγωγής αυξητικά.

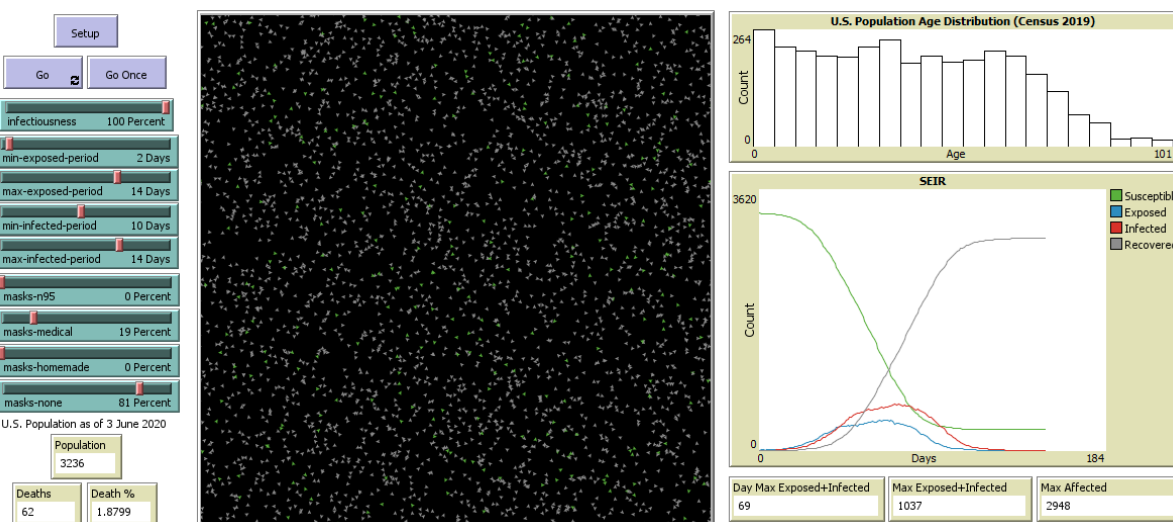
2.2 Διακριτή εκδοχή

Στη συνέχεια, θα παραθέσουμε το μοντέλο το οποίο χρησιμοποιήθηκε για να μελετήσουμε τη διακριτή εκδοχή του παραπάνω προβλήματος, το οποίο βασίζεται σε μια agent-based model (ABM) λογική σύμφωνα με αυτή της NetLogo και αναπτύχθηκε από τον Dale Brearcliffe (Brearcliffe, 2020). Στο μοντέλο αυτό, οι

χελώνες τις NetLogo αντιπροσωπεύουν τον πληθυσμό των Ηνωμένων Πολιτειών της Αμερικής. Μπορούμε να χρησιμοποιήσουμε αυτό το μοντέλο για να εντοπίσουμε 2 βασικά μοτίβα της πανδημίας του COVID-19, και συγκεκριμένα:

1. Τη χρήση масκών για να επέλθει πιο γρήγορα το τέλος της πανδημίας ή και για να μην ξεκινήσει καν. Αυτός ο ισχυρισμός θα είναι και το βασικό αντικείμενο της μελέτης μας στο επόμενο κεφάλαιο, και θα συγκριθεί και με τη δυνατότητα εμβολιασμού του πληθυσμού.
2. Τη χρήση масκών ούτως ώστε να μπορέσουμε να επιτύχουμε το λεγόμενο "flattening the curve", ούτως ώστε να μην επιβαρυνθεί το σύστημα υγείας των ΗΠΑ στην προκειμένη περίπτωση.

2.2.1 Το μοντέλο στη NetLogo



Σχήμα 2: Το γραφικό περιβάλλον λειτουργίας του προγράμματος στη NetLogo

Το μοντέλο αυτό αποτελείται από τρία βασικά χαρακτηριστικά:

1. Μια χελώνα αντιπροσωπεύει 100000 ανθρώπους, ούτως ώστε ο συνολικός αριθμός των χελωνών να αντιστοιχεί στο συνολικό πληθυσμό των Ηνωμένων Πολιτειών της Αμερικής, σύμφωνα με την πιο πρόσφατη απογραφή πληθυσμού.
2. 1 χρονικό tick της NetLogo αντιστοιχεί σε μια μέρα.
3. Οι χελώνες μπορούν να κινούνται στα patches της NetLogo που αντιστοιχεί σε έναν διδιάστατο χώρο 100×100 .

2.2.2 Οι μεταβλητές του μοντέλου

Το μοντέλο χρησιμοποιεί διάφορες μεταβλητές, όπως αυτές φαίνονται στον Πίνακα 1. Οι μεταβλητές αυτές αρχικοποιούνται κατά το set-up procedure για κάθε χελώνα ξεχωριστά, ενώ όλες οι μεταβλητές μπορούν να μεταβληθούν και κατά τη διάρκεια της προσομοίωσης (go procedure), με εξαίρεση αυτές που αναφέρονται στις μάσκες και παραμένουν σταθερές καθ' όλη τη διάρκεια της προσομοίωσης.

Πίνακας 1: Η μεταβλητές του μοντέλου της NetLogo για κάθε χελώνα

Όνομα	Εξήγηση	Τύπος	Εύρος τιμών
age	Ηλικία βάση τελευταίας απογραφής	Integer	[0,100]
Exposed?	Έχει εκτεθεί στον COVID?	Boolean	{True, False}
Infected?	Έχει μολυνθεί με COVID?	Boolean	{True, False}
mask-egress	Αποτελεσματικότητα μάσκας κατά την εκπνοή	Decimal	(0,1]
mask-ingress	Αποτελεσματικότητα μάσκας κατά την εισπνοή	Decimal	(0,1]
mask-name-ingress	Η έρευνα της αποτελεσματικότητας	Text	Mask type
mask-type	{“None”, “Homemade”, “Medical”, “N95”}	Integer	[0,3]
recovered?	Έχει αναρρώσει η χελώνα	Boolean	{True, False}
sick-time	Ο χρόνος για τον οποίο παραμένει άρρωστη η χελώνα	Integer	[1, 20]
susceptible?	Μπορεί να μολυνθεί με COVID?	Boolean	{True, False}
time-to-recover	Χρόνος (σε tick) μέχρι να αναρρώσει η χελώνα	Integer	[0, 20]
time-to-sick	Χρόνος (σε tick) μέχρι να αρρωστήσει η χελώνα	Integer	[0, 20]
tick	Χρονική μονάδα, 1 tick = 1day	Integer	[0, inf)
x/y-coordinate	Η θέση της χελώνας ως προς τον χώρο	Integer	[-50,50]

Η αποτελεσματικότητα των масκών φαίνεται στον πίνακα του Σχήμα 3. Το μοντέλο δημιουργεί μια τυχαία συνεχή κατανομή με βάση αυτές τις τιμές και στη συνέχεια δημιουργεί με βάση αυτή την κατανομή μια τιμή για την αποτελεσματικότητα της μάσκας για την κάθε χελώνα.

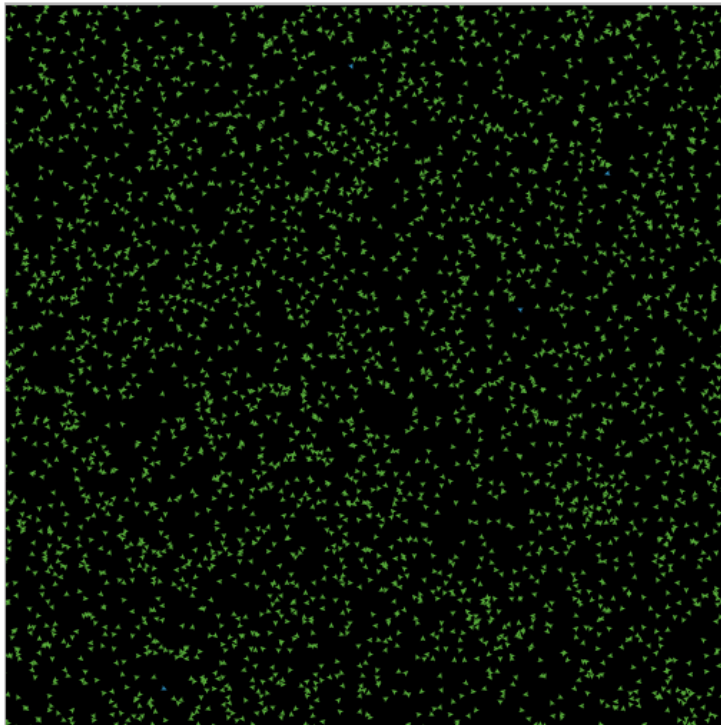
Category	Mask Type	Ingress Efficacy		Egress Efficacy		Source
		μ	σ	μ	σ	
N95	Balazy A	95.60%	0.600%	N/A	N/A	(Balazy, et al., 2006)
	Balazy B	94.40%	0.500%	N/A	N/A	(Balazy, et al., 2006)
	Johnson	95.00%	0.00%	95.00%	0.00%	(Johnson, Druce, Birch, & Grayson, 2009)
	Konda	85.00%	15.00%	N/A	N/A	(Konda, et al., 2020)
Medical	MacIntyre	44.00%	0.00%	N/A	N/A	(MacIntyre, et al., 2015)
	Davies	N/A	N/A	89.52%	2.65%	(Davies, Thompson, Giri, & Kafatos, 2013)
	Oberg A	9.80%	0.86%	N/A	N/A	(Oberg & Brosseau, 2008)
	Oberg B	47.10%	4.80%	N/A	N/A	(Oberg & Brosseau, 2008)
	Oberg C	22.80%	2.40%	N/A	N/A	(Oberg & Brosseau, 2008)
	Oberg D	94.02%	0.60%	N/A	N/A	(Oberg & Brosseau, 2008)
	Oberg E	62.60%	0.80%	N/A	N/A	(Oberg & Brosseau, 2008)
	Oberg F	71.10%	1.40%	N/A	N/A	(Oberg & Brosseau, 2008)
	Oberg G	89.56%	1.60%	N/A	N/A	(Oberg & Brosseau, 2008)
	Oberg H	96.04%	0.40%	N/A	N/A	(Oberg & Brosseau, 2008)
	Oberg I	68.40%	2.20%	N/A	N/A	(Oberg & Brosseau, 2008)
	Balazy A	15.00%	0.10%	N/A	N/A	(Balazy, et al., 2006)
	Balazy B	80.00%	0.20%	N/A	N/A	(Balazy, et al., 2006)
	Konda	50.00%	7.00%	N/A	N/A	(Konda, et al., 2020)
	MacIntyre	3.00%	0.00%			(MacIntyre, et al., 2015)
	Davies A	N/A	N/A	50.85%	16.81%	(Davies, Thompson, Giri, & Kafatos, 2013)
	Davies B	N/A	N/A	48.87%	19.77%	(Davies, Thompson, Giri, & Kafatos, 2013)
	Davies C	N/A	N/A	57.13%	10.55%	(Davies, Thompson, Giri, & Kafatos, 2013)
Homemade	Davies D	N/A	N/A	61.67%	2.41%	(Davies, Thompson, Giri, & Kafatos, 2013)
	Davies E	N/A	N/A	54.32%	29.49%	(Davies, Thompson, Giri, & Kafatos, 2013)
	Konda A	83.00%	9.00%	N/A	N/A	(Konda, et al., 2020)
	Konda B	67.00%	16.00%	N/A	N/A	(Konda, et al., 2020)
	Konda C	57.00%	8.00%	N/A	N/A	(Konda, et al., 2020)
	Konda D	96.00%	2.00%	N/A	N/A	(Konda, et al., 2020)
	Konda E	82.00%	19.00%	N/A	N/A	(Konda, et al., 2020)
	Konda F	79.00%	23.00%	N/A	N/A	(Konda, et al., 2020)
	Konda G	38.00%	11.00%	N/A	N/A	(Konda, et al., 2020)
	Konda H	9.00%	13.00%	N/A	N/A	(Konda, et al., 2020)

Σχήμα 3: Αποτελεσματικότητα των масκών από διάφορες έρευνες

2.2.3 Λειτουργία του μοντέλου

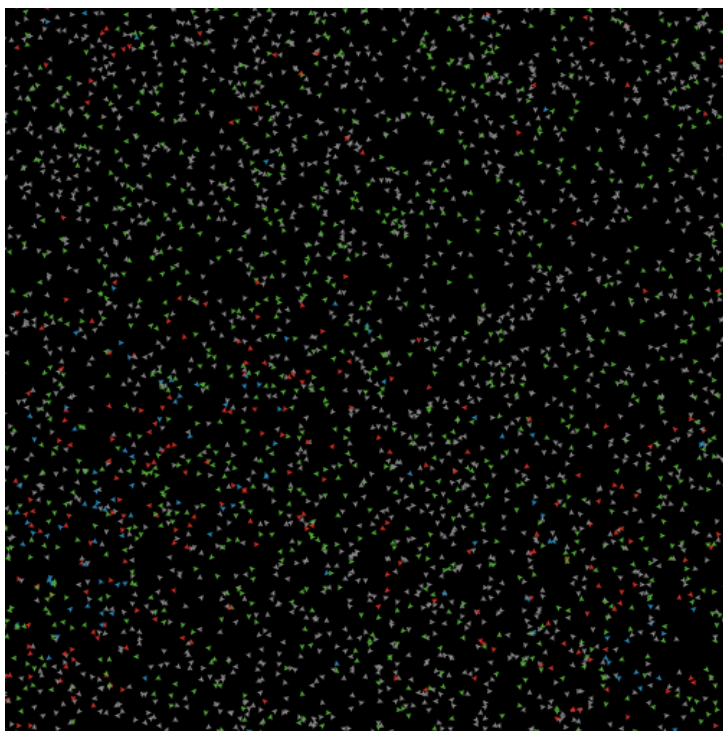
Αρχικοποίηση Στην αρχή, ο χρήστης ορίζει κάποιες βασικές μεταβλητές, και συγκεκριμένα τις μεταβλητές infectiousness, min-exposed-period, max-exposed-period, min-infected-period, max-infected-period καθώς και το ποσοστό του πληθυσμού που φοράει μάσκες (masks-n95, masks-medical, mask-homemade,

masks-none). Το πρόγραμμα ελέγχει κατά την αρχικοποίηση πως το άθροισμα των μασκών αντιστοιχεί στο 100% του πληθυσμού και αν όχι μεταβάλλει κατάλληλα τον αριθμό των μασκών ώστε να αθροίζονται στο 100%. Στη συνέχεια, το μοντέλο διαμοιράζει με ένα τυχαίο τρόπο τις μάσκες σε όλες τις χελώνες και τις τοποθετεί στο χώρο επίσης με έναν τυχαίο τρόπο. Η τυχαιότητα αυτή βασίζεται σε γεννήτρια τυχαίων αριθμών. Το αποτέλεσμα φαίνεται στο [Σχήμα 4](#). Για την έναρξη της μόλυνσης, το μοντέλο ορίζει ως infected 4 χελώνες, ενώ όλες οι υπόλοιπες είναι susceptible στον ιό.



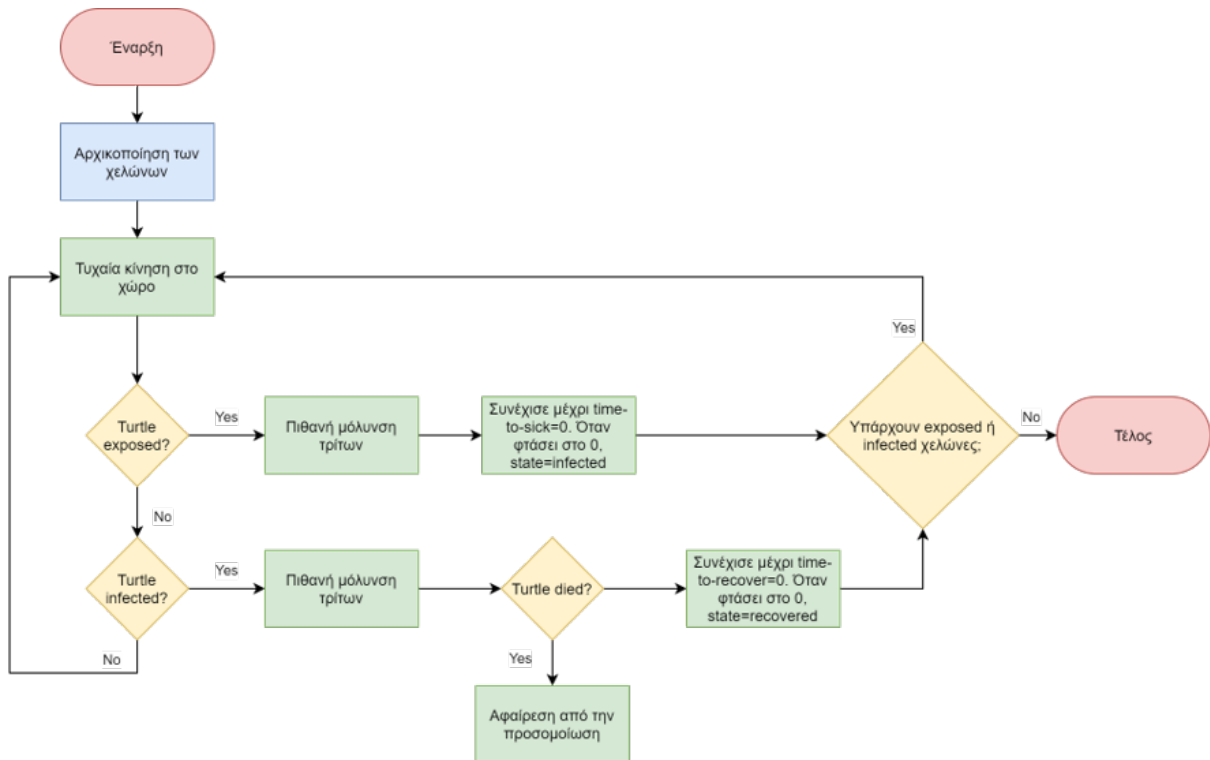
Σχήμα 4: Αρχικοποίηση των χελώνων στο χώρο

Μόλυνση Με την έναρξη της προσομοίωσης, οι χελώνες κινούνται με έναν τυχαίο τρόπο στο χώρο. Όταν μια susceptible χελώνα βρίσκεται στο ίδιο patch με μια infected χελώνα, τότε έχουμε μια πιθανή περίπτωση μόλυνσης. Δημιουργείται ένας τυχαίος αριθμός από συνεχή ομοιόμορφη κατανομή ανάμεσα στο $[0, 1]$. Εάν η infected χελώνα φοράει μάσκα, τότε γίνεται έλεγχος αν ο τυχαίος αριθμός που δημιουργήθηκε είναι μεγαλύτερος από την αποτελεσματικότητα της μάσκας στην εκπνοή. Αν ισχύει αυτό, τότε η μάσκα έχει αποτύχει και ο ιός περνάει από τη μάσκα (το ίδιο συμβαίνει και στην περίπτωση που η μολυσμένη χελώνα δεν φοράει μάσκα). Αν ο αριθμός είναι μικρότερος από την αποτελεσματικότητα της μάσκας στην εκπνοή, τότε ο ιός δεν περνάει και δεν συμβαίνει στη μόλυνση. Για την πρώτη περίπτωση, δημιουργείται ένας νέος τυχαίος αριθμός από συνεχή ομοιόμορφη κατανομή ανάμεσα στο $[0, 1]$ για να ελεγχθεί εάν ο ιός περνάει τη μάσκα της ευάλωτης χελώνας. Και πάλι, αν ο τυχαίος αριθμός είναι μεγαλύτερος από την αποτελεσματικότητα της μάσκας της ευάλωτης χελώνας για την εκπνοή ή αν η χελώνα δεν φοράει μάσκα, τότε η μόλυνση έχει ολοκληρωθεί και η χελώνα από ευάλωτη γίνεται μολυσμένη. Σε αντίθετη περίπτωση δεν συμβαίνει μόλυνση. Αυτός ο έλεγχος πραγματοποιείται για όλες τις χελώνες σε κάθε χρονικό βήμα. Το αποτέλεσμα φαίνεται στο [Σχήμα 5](#). Πρέπει να τονιστεί πως οι χελώνες δεν αρρωσταίνουν κατευθείαν, καθώς θεωρείται πως υπάρχει ένας χρόνος επώασης του ιού. Στο [Σχήμα 5](#) με μπλε χρώμα είναι οι χελώνες που έχουν εκτεθεί στον ιό αλλά δεν έχουν νοσήσει ακόμα για να μολύνουν άλλες χελώνες, με πράσινο χρώμα είναι οι ευάλωτες χελώνες, με κόκκινο χρώμα οι μολυσμένες που μπορούν να μολύνουν και με γκρι οι χελώνες που είτε έχουν αναρρώσει και έχουν ανοσία είτε έχουν αποβιώσει.



Σχήμα 5: Κίνηση των χελώνων στο χώρο και πιθανές μολύνσεις.

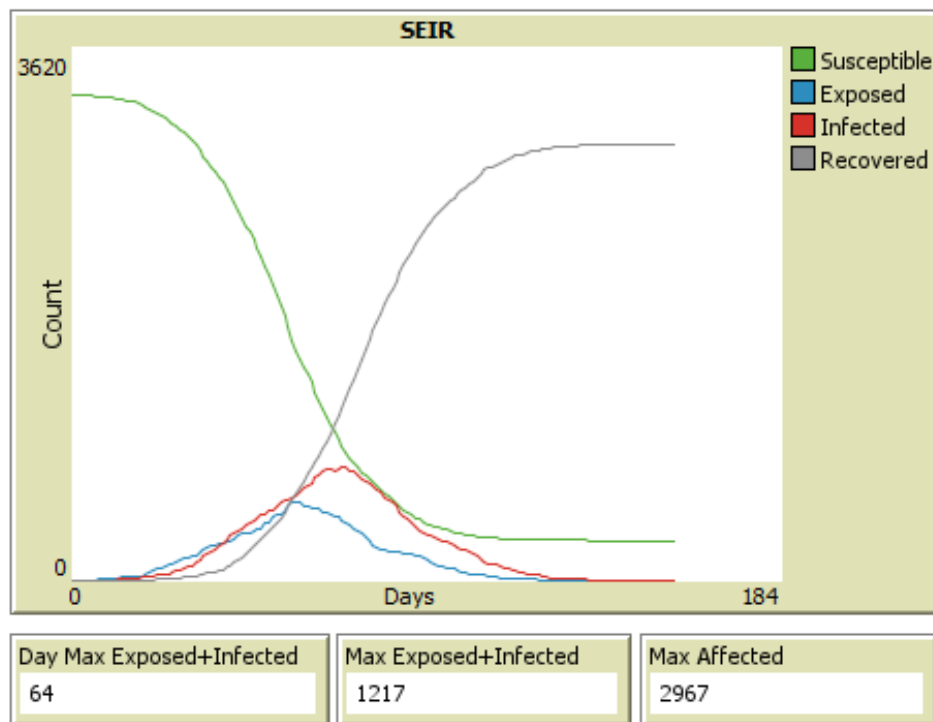
Προσομοίωση Η διαδικασία της προσομοίωσης φαίνεται στο [Σχήμα 6](#). Έχουμε εξηγήσει τον τρόπο με τον οποίο μπορεί να συμβεί η πιθανή μόλυνση τρίτων παραπάνω. Για τις χελώνες που έχουν εκτεθεί στον ιό, αρχίζει μια αντίστροφη μέτρηση σύμφωνα με το χρόνο επώασης μέχρι να γίνουν μολυσμένες και να μπορούν να μολύνουν τρίτους. Για τις μολυσμένες χελώνες, γίνεται έλεγχος αν η χελώνα έχει πεθάνει και τότε αφαιρείται από την προσομοίωση. Αν η χελώνα δεν πεθαίνει, συνεχίζει μέχρι να αναρρώσει πλήρως, δηλαδή μια αντίστροφη μέτρηση σύμφωνα με το χρόνο ανάρρωσης. Τέλος, πραγματοποιείται έλεγχος για να δούμε αν υπάρχουν μολυσμένες ή εκτεθειμένες χελώνες. Αν υπάρχουν, τότε η προσομοίωση πηγαίνει στο επόμενο χρονικό βήμα όπου συμβαίνει εκ νέου τυχαία κίνηση στο χώρο και ξαναπραγματοποιούνται όλοι οι παραπάνω έλεγχοι. Η προσομοίωση τερματίζει όταν δεν υπάρχουν άλλες μολυσμένες ή εκτεθειμένες χελώνες, όπου θεωρείται πως ο ιός δεν υπάρχει πλέον στην κοινότητα.



Σχήμα 6: Διάγραμμα ροής της προσομοίωσης

Αποτελέσματα Το μοντέλο μας προσφέρει μια πληθώρα αποτελεσμάτων. Η εικόνα που έχουμε στη NetLogo φαίνεται στο [Σχήμα 7](#). Σε κάθε χρονικό βήμα καταγράφονται τα εξής:

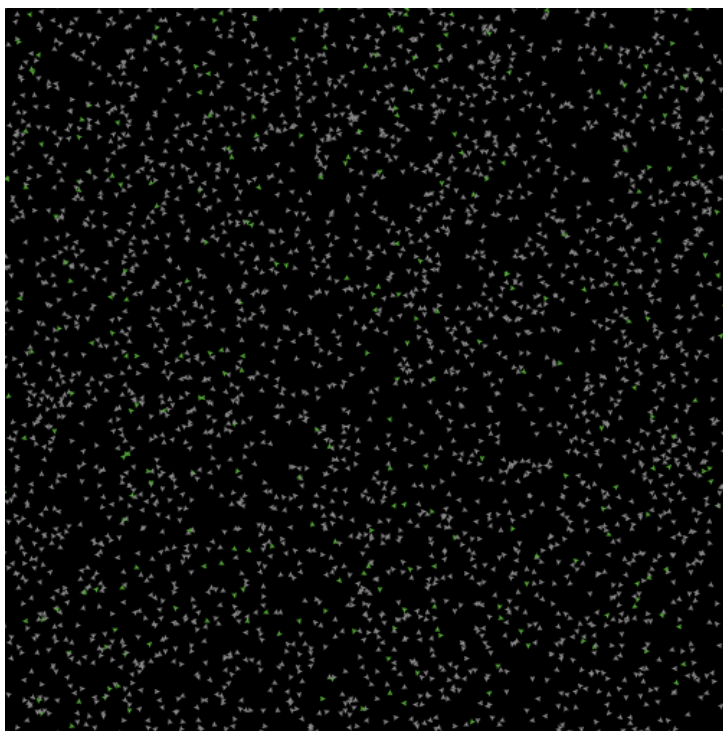
1. Αριθμός ευάλωτων χελωνών
2. Αριθμός εκτεθειμένων χελωνών
3. Αριθμός μολυσμένων χελωνών
4. Αριθμός χελωνών που έχουν αναρρώσει ή αποβιώσει
5. Μέγιστος αριθμός που επηρεάστηκαν (max affected)
6. Μέγιστος αριθμός εκτεθειμένων και μολυσμένων
7. Ημερήσιος αριθμός εκτεθειμένων και μολυσμένων
8. Θάνατοι και ποσοστό θανάτων επί του συνολικού πληθυσμού



Σχήμα 7: Τυπική εικόνα αποτελεσμάτων μετά απο μια προσομοίωση

2.2.4 Μια τυπική προσομοίωση

Τα αποτελέσματα μια τυπικής προσομοίωσης φαίνονται στο [Σχήμα 7](#). Για τη συγκεκριμένη προσομοίωση, ένα 19% των χελωνών φοράει medical masks, ενώ όλες οι υπόλοιπες δεν φοράνε καμία μάσκα. Από το διάγραμμα SEIR συναρτήσει του χρόνου, μπορούμε να παρατηρήσουμε την λεγόμενη καμπύλη των κρουσμάτων η οποία θεωρητικά πρέπει να γίνει "flattened" για να μην καταρρεύσει το σύστημα υγείας. Στο [Σχήμα 8](#) παρατηρούμε την τελική κατάσταση του χώρου. Είναι φανερό πως έχουν απομείνει μόνο ευάλωτες ή recovered χελώνες στο χώρο.



Σχήμα 8: Τελική κατάσταση του χώρου

3 Σχεδιασμός της έρευνας

Σε αυτό το σημείο, είμαστε έτοιμοι να σχεδιάσουμε τη μελέτη που θα πραγματοποιήσουμε σχετικά με τον ιό COVID-19 χρησιμοποιώντας το παραπάνω μοντέλο στη NetLogo και πραγματοποιώντας την ανάλυση των δεδομένων μας στη MATLAB.

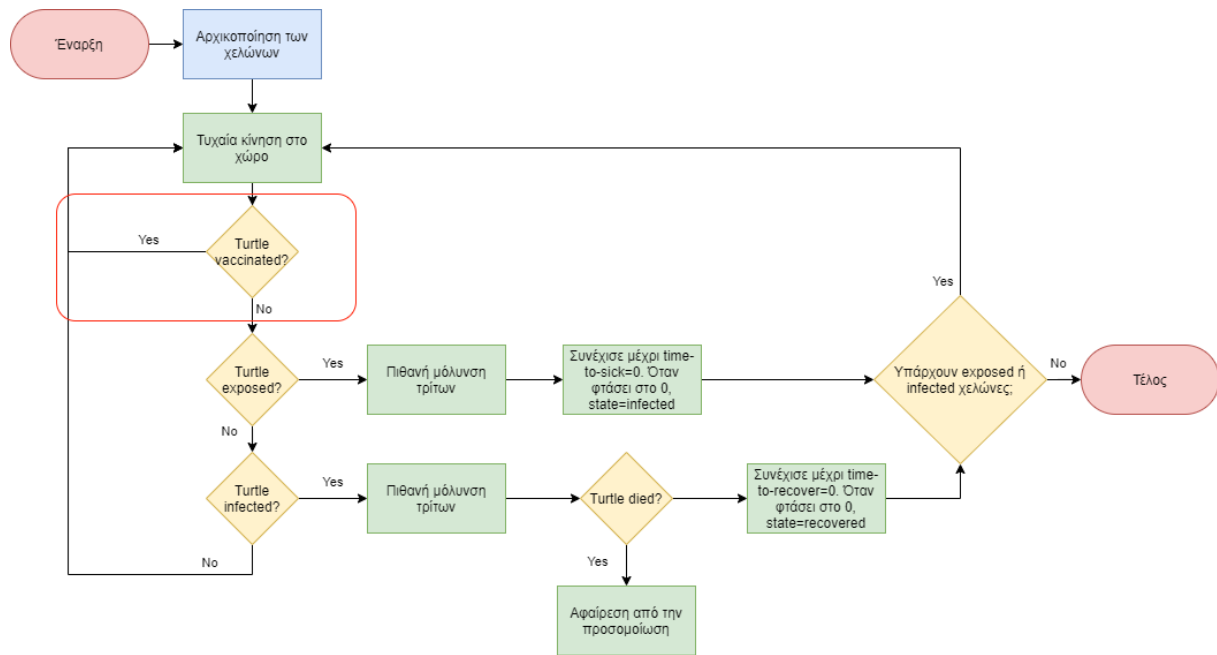
3.1 Βασικοί στόχοι

Με βάση τον τρόπο με τον οποίο είναι δομημένο το μοντέλο μας, η πιο εύκολη αλλαγή που μπορεί να γίνει είναι να αλλάξουμε τον αριθμό των μασκών που φοράει ο πληθυσμός. Αυτή η αλλαγή θα μας επιτρέψει να μελετήσουμε ποια είναι η επίδραση της χρήσης μάσκας στον περιορισμό της πανδημίας. Ο καλύτερος τρόπος για να το μελετήσουμε αυτό είναι καταγράφοντας την μεταβλητή *max-affected*, η οποία μας δίνει τον μέγιστο αριθμό ανθρώπων που επηρεάζονται από τη πανδημία. Θα προσπαθήσουμε επίσης να προσαρμόσουμε κάποιες καμπύλες σε αυτά τα αποτελέσματα, ώστε να βγάλουμε κάποιο πόρισμα για το **πως ακριβώς περιορίζεται το μέγεθος της πανδημίας ως συνάρτηση της χρήσης μασκών**. Πέρα από τη χρήση των μασκών, το μεγάλο μας εργαλείο για την αντιμετώπιση της πανδημίας είναι και τα διάφορα εμβόλια που έχουν αναπτυχθεί. Θα είχε ιδιαίτερο ενδιαφέρον να πραγματοποιήσουμε και την παραπάνω εργασία αποκλειστικά για τα εμβόλια, δηλαδή να δούμε **πως ακριβώς περιορίζεται το μέγεθος της πανδημίας ως συνάρτηση του εμβολιασμένου πληθυσμού**. Επιπροσθέτως, μπορούμε να συνδυάσουμε αυτούς τους δυο βασικούς στόχους για να δημιουργήσουμε μια επιφάνεια στον τρισδιάστατο χώρο η οποία θα μας δείχνει το μέγεθος της πανδημίας ως συνάρτηση της χρήσης μασκών και του εμβολιασμένου πληθυσμού, αποκτώντας έτσι και τρισδιάστατα διαγράμματα.

3.2 Τροποποίηση του μοντέλου

Στην αρχική μορφή του μοντέλου, δεν υπάρχει η δυνατότητα να εμβολιάσουμε τον πληθυσμό. Για αυτό το λόγο, θα αναπτύξουμε εμείς αυτή τη λειτουργία πάνω στο μοντέλο, τροποποιώντας τον κώδικα του μοντέλου πραγματοποιώντας τις κατάλληλες προσθήκες. Η βασική αλλαγή στον τρόπο λειτουργίας φαίνεται στο [Σχήμα 9](#), και έχει να κάνει με έναν έλεγχο του αν η χελώνα είναι εμβολιασμένη ή όχι. Αν είναι εμβολιασμένη, θεωρούμε πως η αποτελεσματικότητα του εμβολίου είναι $E = 1$, οπότε ο εμβολιασμός μιας χελώνας οδηγεί στην απόλυτη ανοσία απέναντι στον ιό. Αυτός είναι ο πρώτος έλεγχος που πραγματοποιείται,

και εάν η χελώνα δεν είναι εμβολιασμένη το πρόγραμμα συνεχίζει κανονικά σύμφωνα με τον προβλεπόμενο τρόπο λειτουργίας του.



Σχήμα 9: Τροποποίηση του τρόπου λειτουργίας του προγράμματος για τις ανάγκες τις εργασίας

Για την υλοποίηση αυτή χρησιμοποιήσαμε τις ακόλουθες νέες μεταβλητές:

1. **percent-vaccinated**, η οποία χρησιμοποιείται ως input για το ποσοστό του συνολικού πληθυσμού που είναι εμβολιασμένος.
2. **vaccine-efficacy**, που αντιστοιχεί στην αποτελεσματικότητα του εμβολίου. Σε συμφωνία με τα υπάρχα εμβόλια ενάντια στον COVID-19, θέσαμε την αποτελεσματικότητα του εμβολιασμού στο 85%.
3. **unvaccinated**, που είναι Boolean μεταβλητή που δείχνει αν η χελώνα είναι εμβολιασμένη ή όχι. Ακολουθεί ο κώδικας που αναπτύχθηκε.

Ακολουθούν οι τροποποιήσεις που πραγματοποιήσαμε στον κώδικα στη NetLogo.

```

1
2 turtles-own [
3   age                ;;Agent age based on census distribution
4   susceptible?       ;;Agent susceptible status {True, False}
5   exposed?           ;;Agent exposed status {True, False}
6   infected?          ;;Agent infected status {True, False}
7   recovered?         ;;Agent recovered status {True, False}
8   time-to-recover    ;;The number of ticks before an infected (symptomatic) agent
   recovers
9   time-to-sick       ;;The number of ticks before an exposed (asymptomatic) agent becoms
   infected
10
11   sick-time          ;;(symptomatic)
12   mask-type          ;;The initial value for time-to-recover
13   mask-name-ingress  ;;One of four types [0,3] {"None", "Homemade", "Medical", "N95"}
14   mask-name-egress   ;;The study author and mask data used to protect wearer
15   mask-ingress       ;;The study author and mask data used to protect from wearer
16   mask-egress        ;;The efficacy percent in protecting the wearer
17   unvaccinated?      ;;The efficacy percent in protecting from the wearer
18   vaccine-efficacy   ;;Is the turtle vaccinated or not? {True, False}
19   ;; How effective is the vaccine
20 ]
21
22 to setup-turtles
23   create-turtles population [
24     setxy random-xcor random-ycor
  
```

```

24   set susceptible? true
25   set exposed? false
26   set infected? false
27   set recovered? false
28   set unvaccinated? true
29   set vaccine-efficacy 0
30   set time-to-recover 0
31   set age set-age
32   set color Green
33 ]
34 ask n-of (percent-vaccinated * population) turtles [
35   set unvaccinated? false
36   set vaccine-efficacy 0.85
37   set color 128
38 ]
39
40 to infect-others
41   let a-turtle-egress mask-egress
42   ;;Are there other agents nearby?
43   ask other turtles-here with [susceptible? and unvaccinated?] [
44     ;;Can the other agent get the virus?
45     ;;Random uniform distribution
46     if random-float 100 < infectiousness [
47       ;;Did the agent's mask block the virus? (Egress)
48       ;;Random uniform distribution
49       if random-float 1 >= a-turtle-egress [
50         ;;Did the other's mask block the virus? (Ingress)
51         ;;Random uniform distribution
52         if random-float 1 >= mask-ingress [
53           ;; Will the vaccine work?
54           if random-float 1 >= vaccine-efficacy [
55             set exposed? true
56             set susceptible? false
57             set color 95
58             set time-to-sick random (last exposed-period - first exposed-period + 1)
59                                   + first exposed-period
60           ]
61         ]
62       ]
63     ]
64   ]
65 end

```

Listing 1: Code alterations for vaccination

Από τα παραπάνω, μπορούμε να συμπεράνουμε τον τρόπο λειτουργίας του εμβολιασμού στο μοντέλο μας όπως τα εισάγαμε παραπάνω. Συγκεκριμένα:

1. Ο χρήστης εισάγει το ποσοστό του πληθυσμού που θέλει να είναι εμβολιασμένος.
2. Κατά το setup, όλες οι χελώνες θεωρούνται ανεμβολίαστες.
3. Το πρόγραμμα επιλέγει τυχαία τις χελώνες που αντιστοιχούν στον ζητούμενο εμβολιασμένο πληθυσμό, θέτει unvaccinated=false και τους δίνει την αποτελεσματικότητα του εμβολίου.
4. Κατά το infect-others, ο τελευταίος έλεγχος που πραγματοποιείται είναι με βάση της δημιουργία ενός τυχαίου αριθμού να ελεγχθεί αν αυτός ο αριθμός είναι μεγαλύτερος από την αποτελεσματικότητα του εμβολίου και εάν είναι, η χελώνα μολύνεται, αλλιώς το εμβόλιο λειτουργεί κανονικά.

4 Αποτελέσματα

4.1 Τρόπος εξαγωγής αποτελεσμάτων

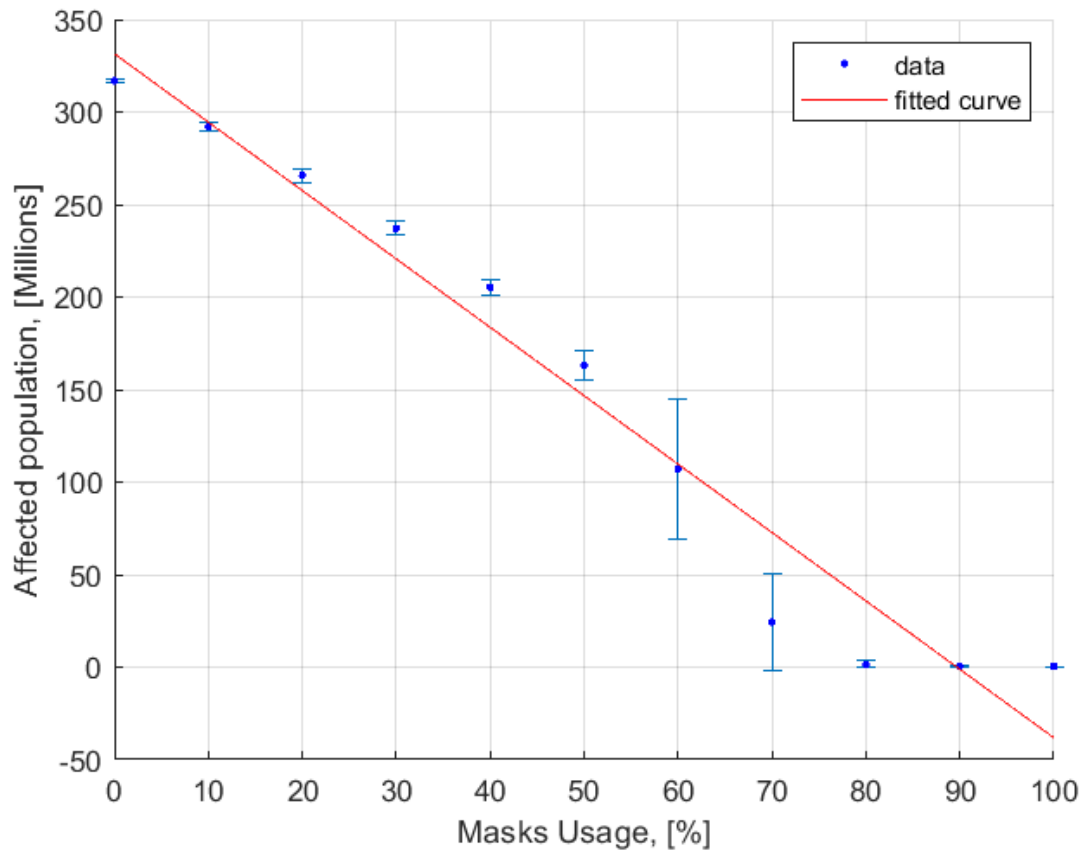
Για να εξάγουμε τα αποτελέσματα μας, θα χρησιμοποιήσουμε το Behavior Space της NetLogo, το οποίο μας επιτρέπει να εκτελέσουμε διάφορα πειράματα μαζικά και στη συνέχεια μας δίνει τα αποτελέσματα σε μορφή .csv ούτως ώστε να μπορέσουμε να τα χρησιμοποιήσουμε στη συνέχεια για να τα επεξεργαστούμε στο πρόγραμμα της επιλογής μας. Θα τρέξουμε το εξής πείραμα για κάθε είδους μάσκες ξεχωριστά (N95, χειρουργικές, σπιτικές μάσκες):

1. Με βήμα 10, θα μεταβάλλουμε το τοις εκατό της αντίστοιχης μάσκας που φοράει ο πληθυσμός από το 0% έως το 100%.
2. Σε κάθε ένα από τα παραπάνω βήματα, θα μεταβάλλουμε το ποσοστό του εμβολιασμένου πληθυσμού από το 0% έως το 100% με βήμα 5. Δηλαδή για ποσοστό χρήσης μάσκας 0% θα πραγματοποιήσουμε επιπλέον 20 πειράματα από 0% έως 100% με το δεδομένο ποσοστό χρήσης μάσκας.
3. Επαναλαμβάνουμε την παραπάνω διαδικασία 10 φορές για να έχουμε ένα στατιστικά σημαντικό αποτέλεσμα. Αυτό μας οδηγεί στο να εκτελούμε 2310 runs για κάθε τύπου μάσκας, και συνολικά 6930 runs.

Στη συνέχεια, με τη χρήση του MATLAB, πραγματοποιούμε την επεξεργασία των αποτελεσμάτων, υπολογίζοντας τους μέσους όρους, τις τυπικές αποκλίσεις και προσαρμόζουμε τις κατάλληλες καμπύλες για την ερμηνεία των δεδομένων. Επιπλέον, διαμορφώνουμε το κατάλληλο γριδ πραγματοποιώντας το λεγόμενο meshing και δημιουργούμε τις ζητούμενες τρισδιάστατες επιφάνειες για να μελετήσουμε το πρόβλημα.

4.2 Μόνο μάσκες

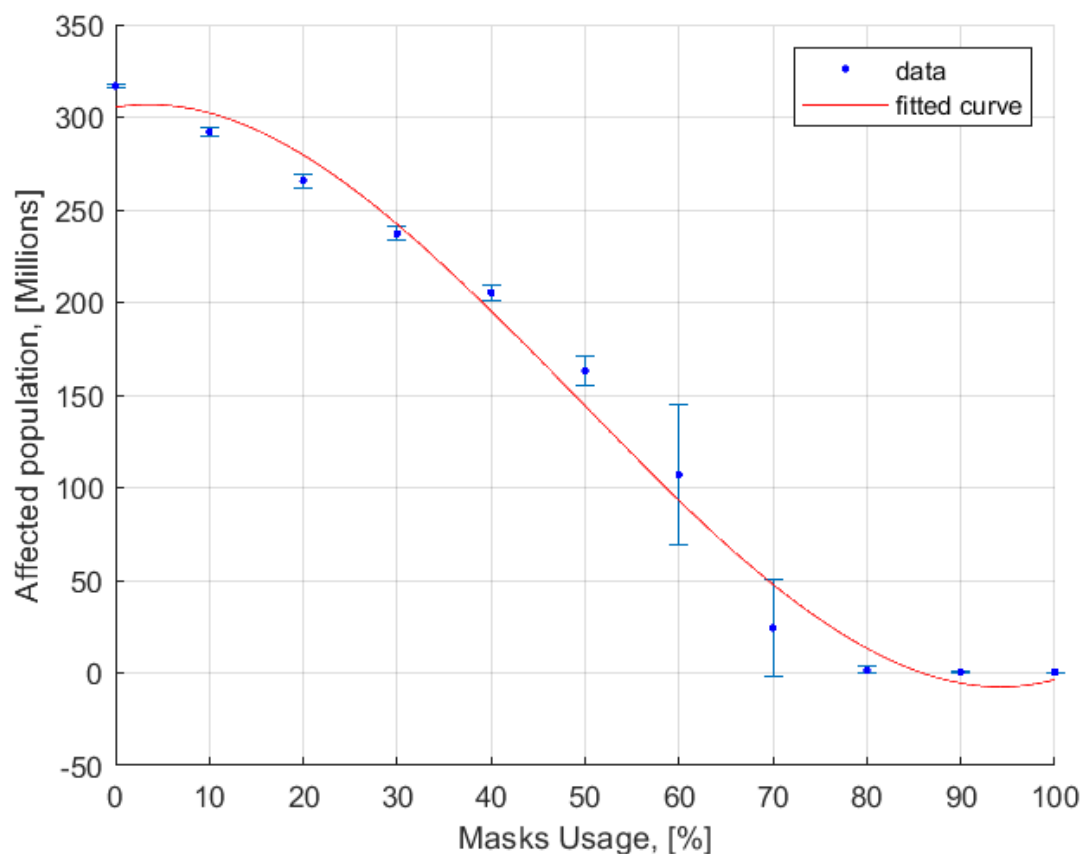
4.2.1 N95



Σχήμα 10: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση της χρήσης των μασκών

Η γραμμική σχέση προσαρμογής θα είναι:

$$y = -3.696x + 331.5 \quad (19)$$



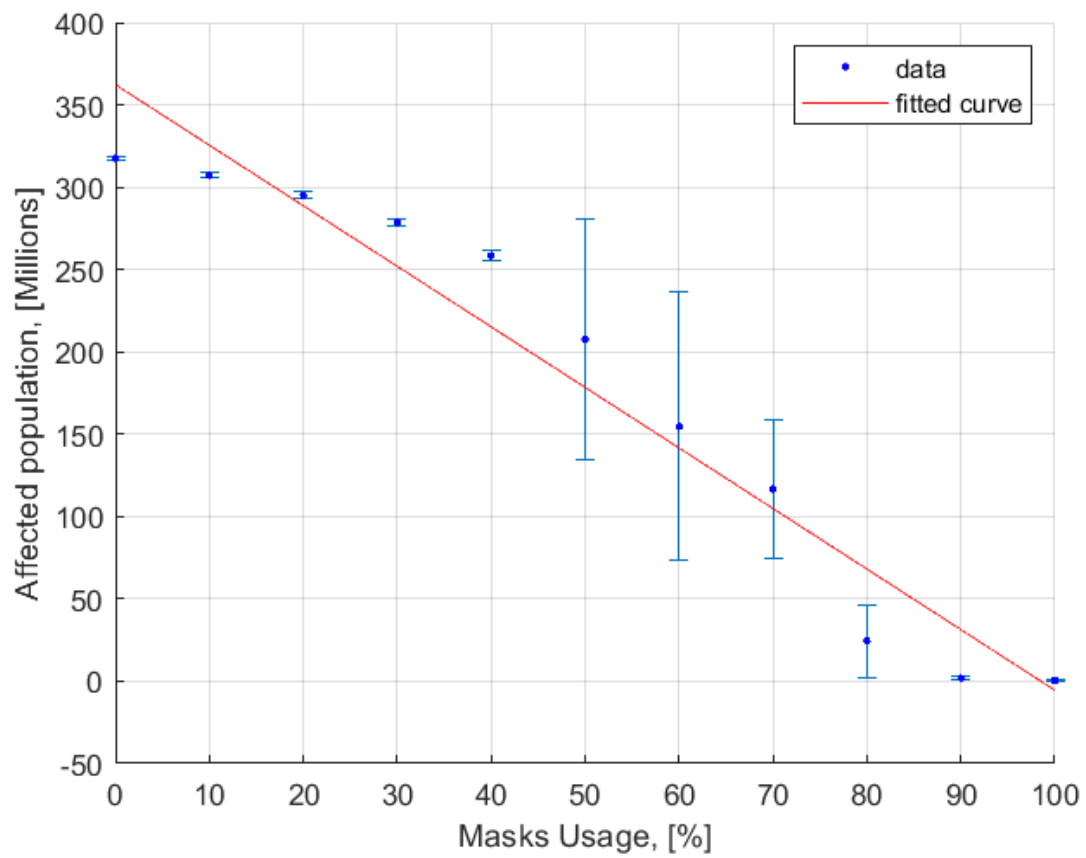
Σχήμα 11: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση της χρήσης των масκών (Τρίτου βαθμού πολυώνυμο)

Η πολυωνυμική σχέση προσαρμογής θα είναι:

$$y = 0.0008429x^3 - 0.1237x^2 + 0.8507x + 305.3 \quad (20)$$

Παρατηρούμε πως για τιμές χρήσης μάσκας N95 ανάμεσα στο 60 με 70% οι τυπικές αποκλίσεις μεγάλωνουν σε μεγάλο βαθμό, καθώς κάποια σενάρια με βάση την τυχειότητα ξεφεύγουν προς πανδημία ενώ σε άλλα σενάρια ο ιός δεν μπορεί να εξαπλωθεί. Εάν πάνω από 80% του πληθυσμού χρησιμοποιούσε μάσκα N95, παρατηρούμε πως η πανδημία δεν θα μπορούσε να εξαπλωθεί στις ΗΠΑ.

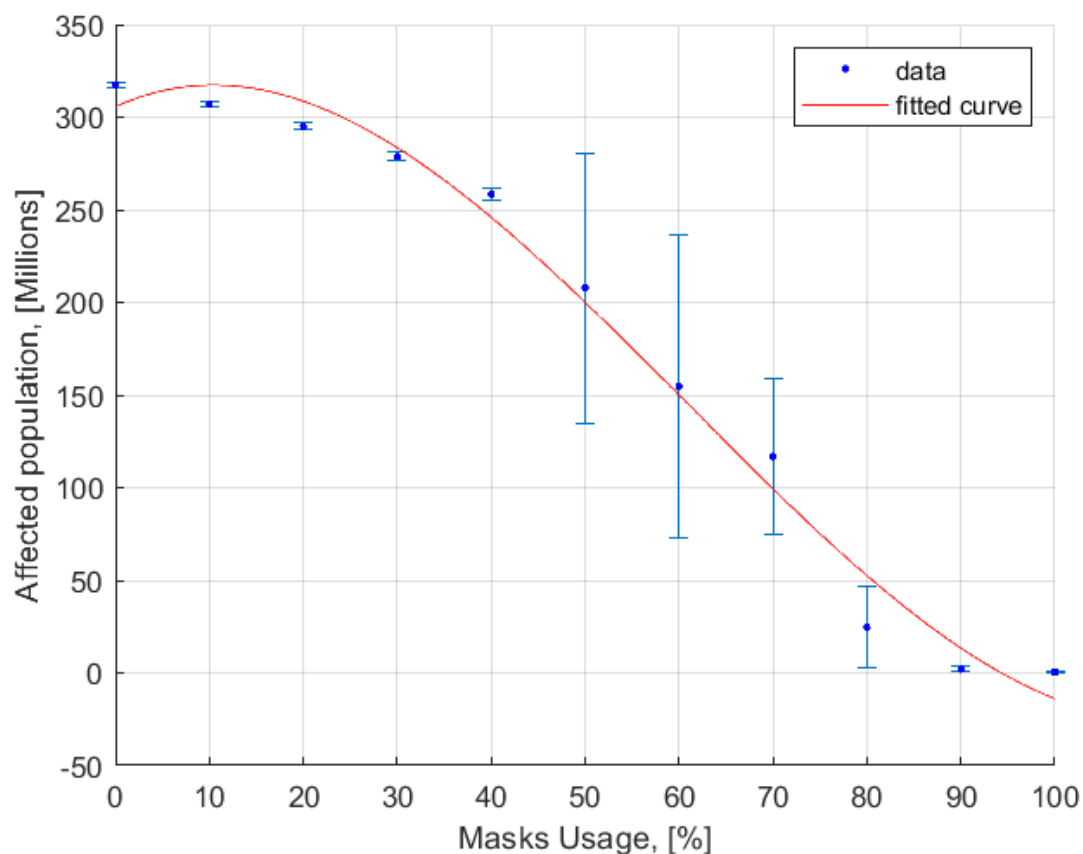
4.2.2 Χειρουργικές μάσκες



Σχήμα 12: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση της χρήσης των μασκών

Η γραμμική σχέση προσαρμογής θα είναι:

$$y = -3.677x + 362.3 \quad (21)$$



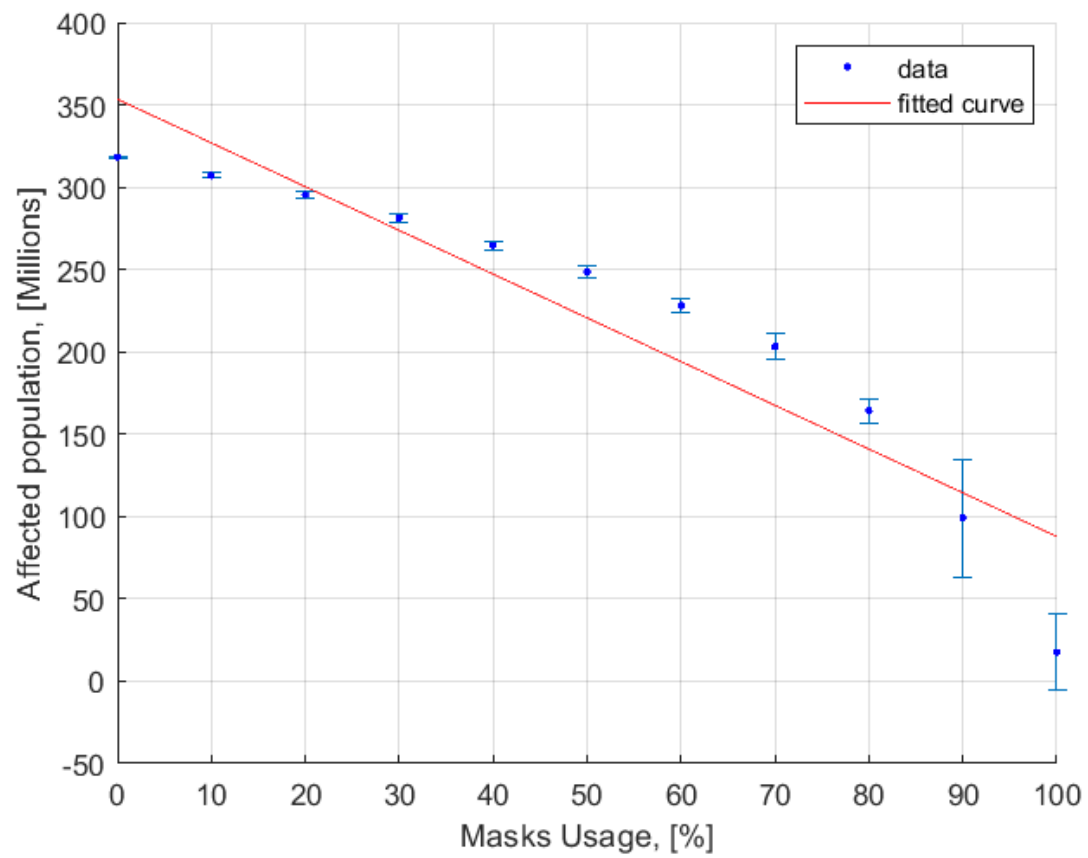
Σχήμα 13: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση της χρήσης των масκών (Τρίτου βαθμού πολυώνυμο)

Η πολυωνυμική σχέση προσαρμογής θα είναι:

$$y = 0.0006703x^3 - 0.1223x^2 + 2.33x + 305.6 \quad (22)$$

Σε αντιστοιχία με τις μάσκες N95, παρατηρούμε πως για τιμές χρήσης χειρουργικής μάσκας ανάμεσα στο 50 με 70% οι τυπικές αποκλίσεις μεγαλώνουν σε μεγάλο βαθμό, καθώς κάποια σενάρια με βάση την τυχαιότητα ξεφεύγουν προς πανδημία ενώ σε άλλα σενάρια ο ιός δεν μπορεί να εξαπλωθεί. Εάν πάνω από 90% του πληθυσμού χρησιμοποιούσε χειρουργική μάσκα, παρατηρούμε πως η πανδημία δεν θα μπορούσε να εξαπλωθεί στις ΗΠΑ, δηλαδή απαιτείται ένα 10% παραπάνω σε σύγκριση με τις μάσκες N95, καθώς οι χειρουργικές μάσκες είναι λιγότερο αποτελεσματικές.

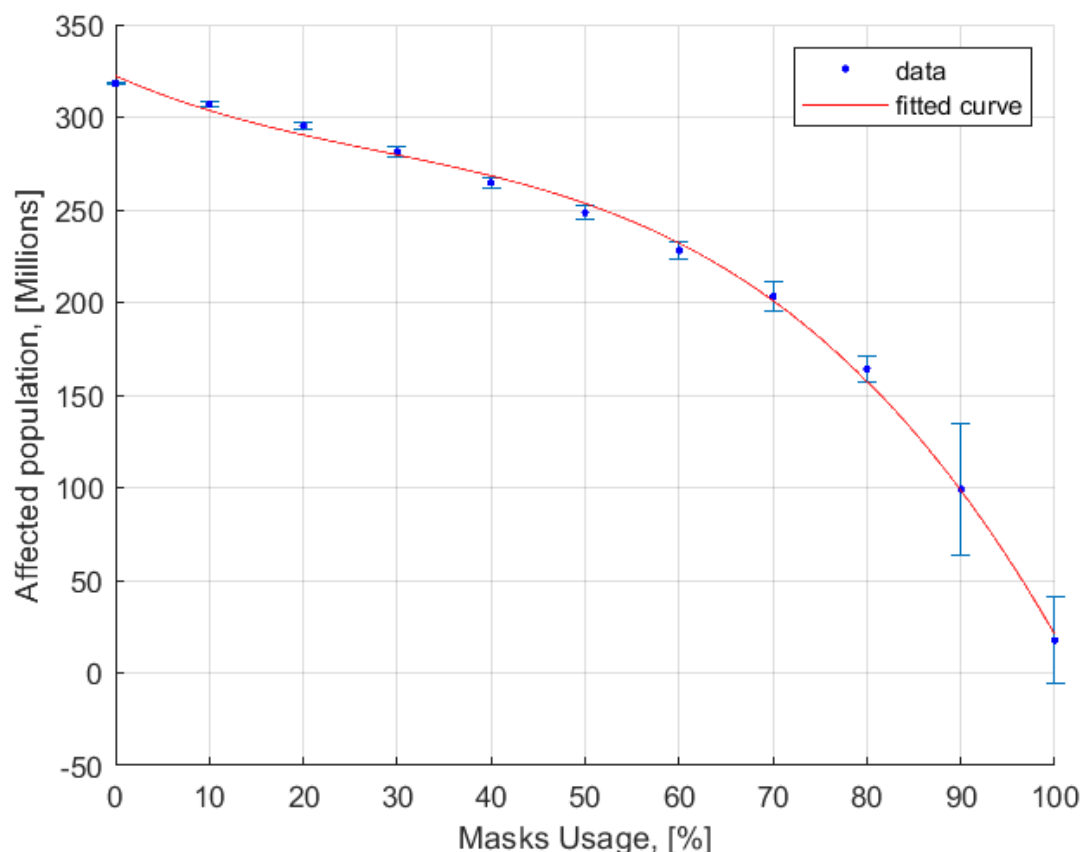
4.2.3 Σπιτικές μάσκες



Σχήμα 14: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση της χρήσης των масών

Η γραμμική σχέση προσαρμογής θα είναι:

$$y = -2.656x + 353.5 \quad (23)$$



Σχήμα 15: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση της χρήσης των масκών (Τρίτου βαθμού πολυώνυμο)

Η πολυωνυμική σχέση προσαρμογής θα είναι:

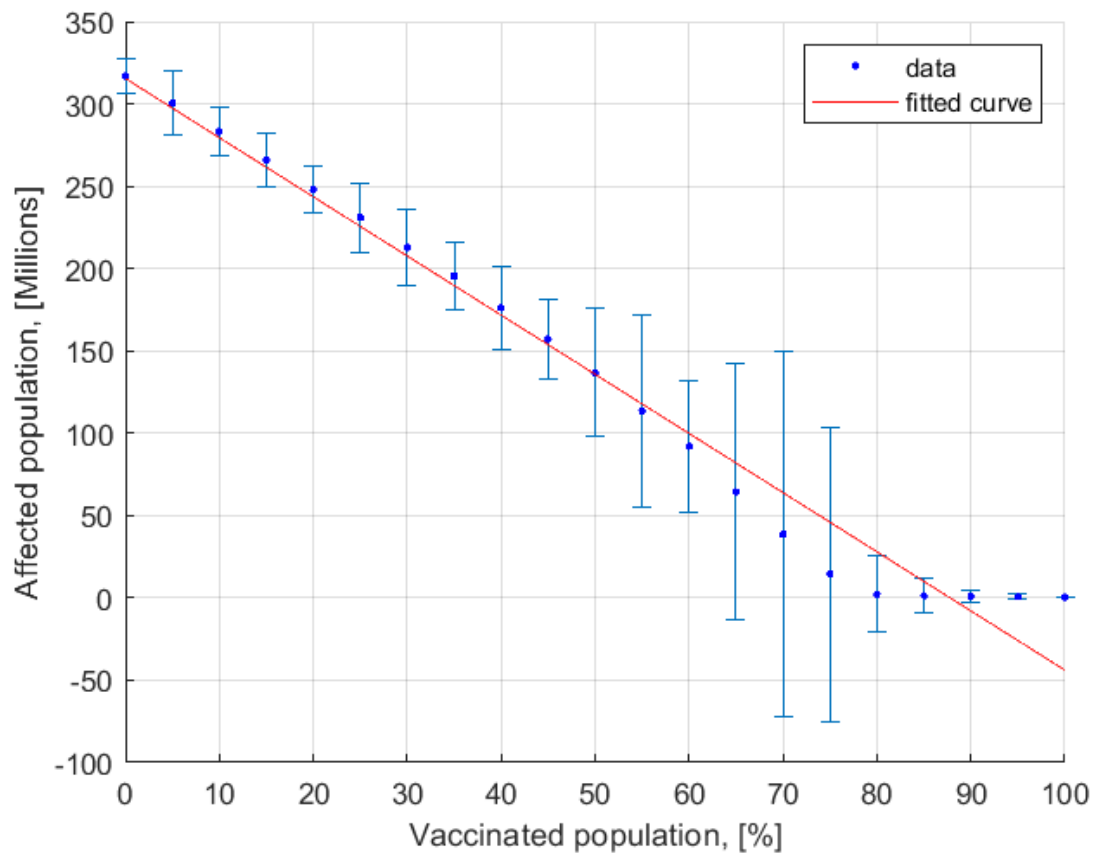
$$y = -0.0005006x^3 + 0.42313x^2 - 2.241x + 322.3 \quad (24)$$

Για τις σπιτικές μάσκες, παρατηρούμε πως η κρίσιμη περιοχή στην οποία παρατηρούνται μεγάλες τυπικές αποκλίσεις λόγω του γεγονότος πως κάποια σενάρια ξεφεύγουν προς πανδημία ενώ άλλα δεν ξεφεύγουν έχει μετατοπιστεί στο 90 με 100%. Για τις σπιτικές μάσκες, παρατηρούμε πως αν και μπορούν να περιορίσουν το μέγεθος της πανδημίας σε έναν σημαντικό βαθμό, δεν μπορούν να την εξαλείψουν πλήρως όπως παρατηρήσαμε προηγουμένως με τις χειρουργικές μάσκες ή τις N95. Σε κάθε περίπτωση όμως, μπορούμε να συμπεράνουμε πως η χρήση οποιασδήποτε μάσκας βοηθάει στον περιορισμό της διασποράς του κορωνοϊού.

4.3 Μόνο εμβολιασμοί

Καθώς μελετάμε μόνο τους εμβολιασμούς, η διάκριση αυτής της ενότητας σε διαφορετικούς τύπους масκών μπορεί να φανεί άστοχη, όμως μπορεί να μας προσφέρει μια σύγκριση ως προς την επαναληψιμότητα του πειράματος. Και πράγματι και στις τρεις περιπτώσεις που ακολουθούν, μπορούμε να παρατηρήσουμε μια κρίσιμη περιοχή του εμβολιασμού ανάμεσα στο 60% και στο 80%, όπου ανάλογα με την κίνηση των χελωνών κάποια σενάρια ξεφεύγουν προς πανδημία ενώ άλλα δεν εξελίσσονται σε πανδημία καθώς δεν υπάρχουν μολύνσεις στην κοινότητα. Η βασική διαφορά σε σχέση με τη χρήση масκών είναι πως μόλις ξεπεραστεί αυτό το κρίσιμο όριο εμβολιασμού που σε προηγούμενη ενότητα το ορίσαμε και ως ανοσία της αγέλης, παρατηρούμε πως η ασθένεια πρακτικά δεν μπορεί να εξαπλωθεί και οι μολύνσεις που παρατηρούνται βρίσκονται κοντά στο μηδέν για όλες τις τιμές πάνω από το κρίσιμο όριο του εμβολιασμού. Αυτό γίνεται εμφανές και για τις τρεις περιπτώσεις που ακολουθούν.

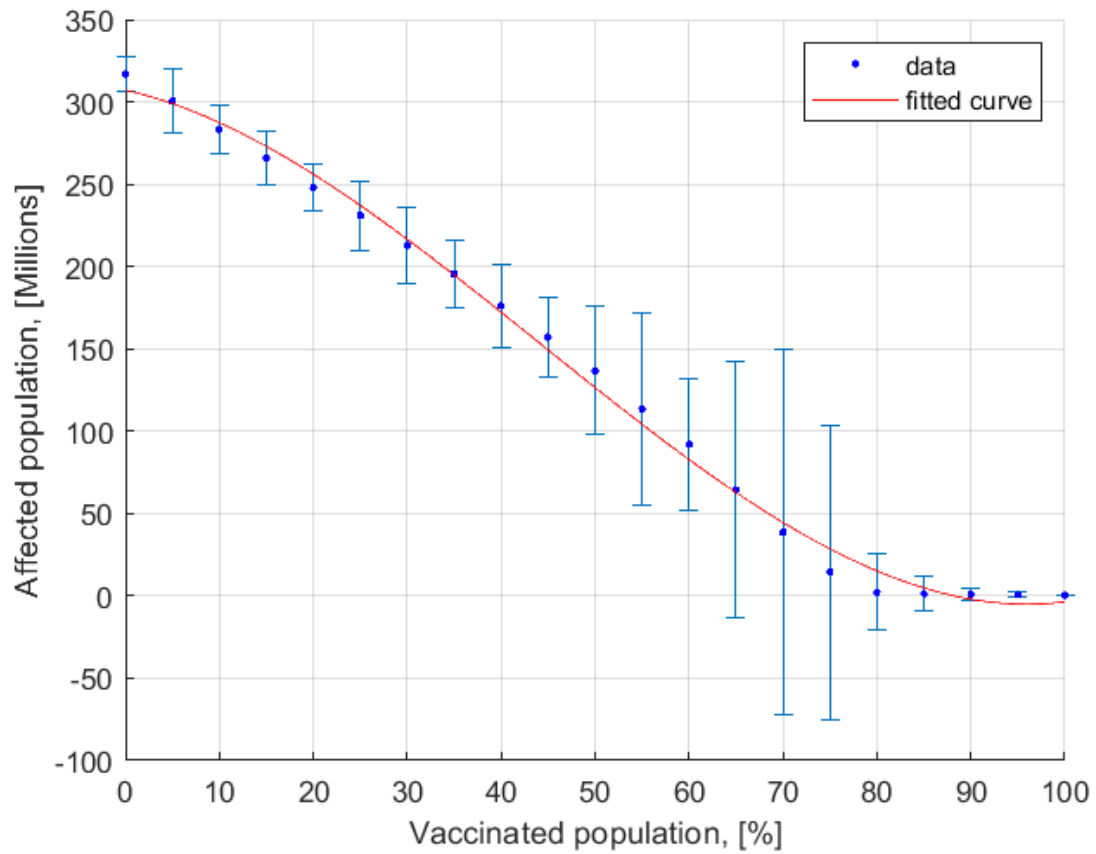
4.3.1 N95



Σχήμα 16: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση των εμβολιασμών

Η γραμμική σχέση προσαρμογής θα είναι:

$$y = -3.592x + 315.4 \quad (25)$$

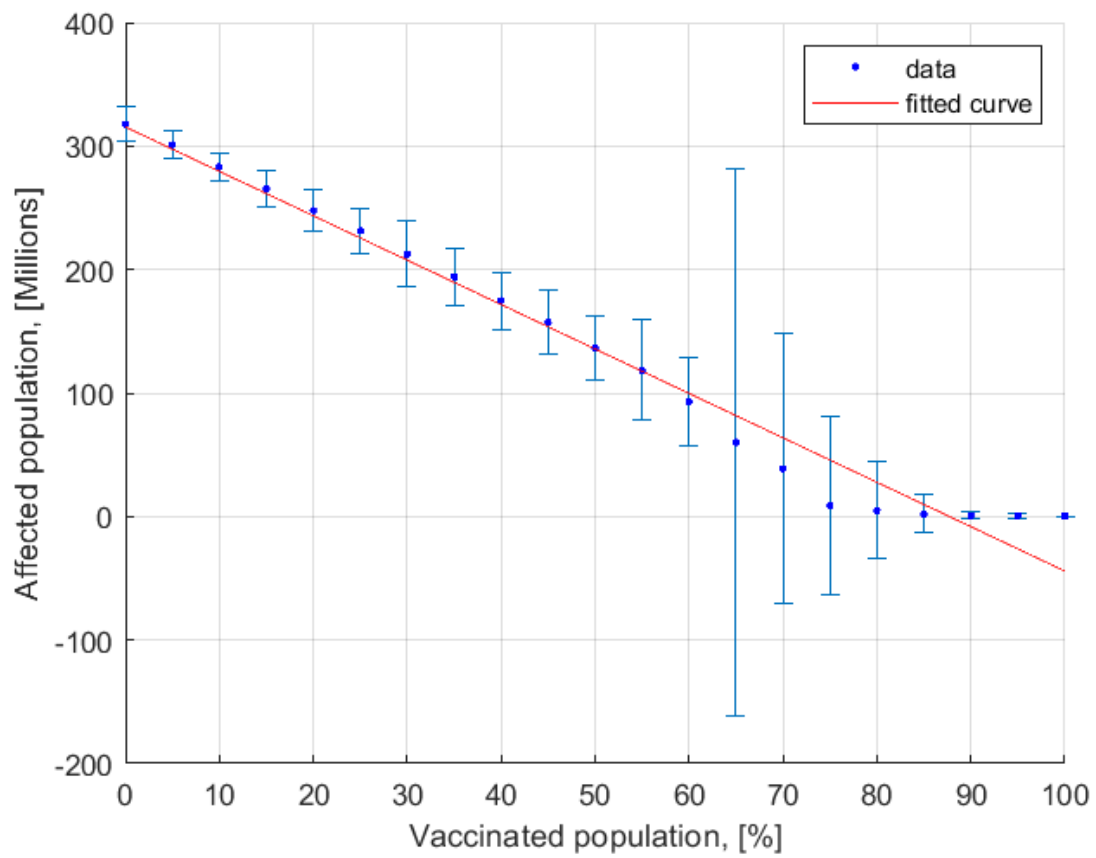


Σχήμα 17: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση των εμβολιασμών (Τρίτου βαθμού πολυώνυμο)

Η πολυωνυμική σχέση προσαρμογής θα είναι:

$$y = 0.0005681x^3 - 0.07516x^2 - 1.272x + 307.1 \quad (26)$$

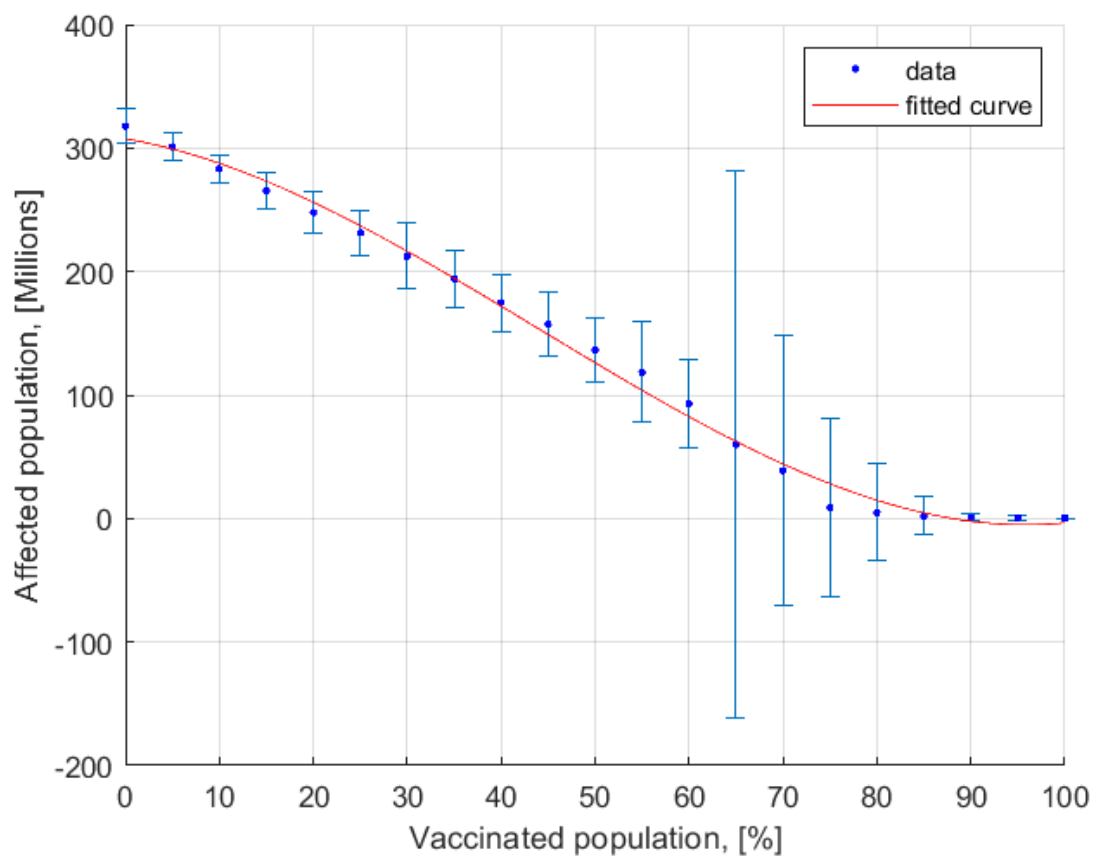
4.3.2 Χειρουργικές μάσκες



Σχήμα 18: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση των εμβολιασμών

Η γραμμική σχέση προσαρμογής θα είναι:

$$y = -3.596x + 315.5 \quad (27)$$

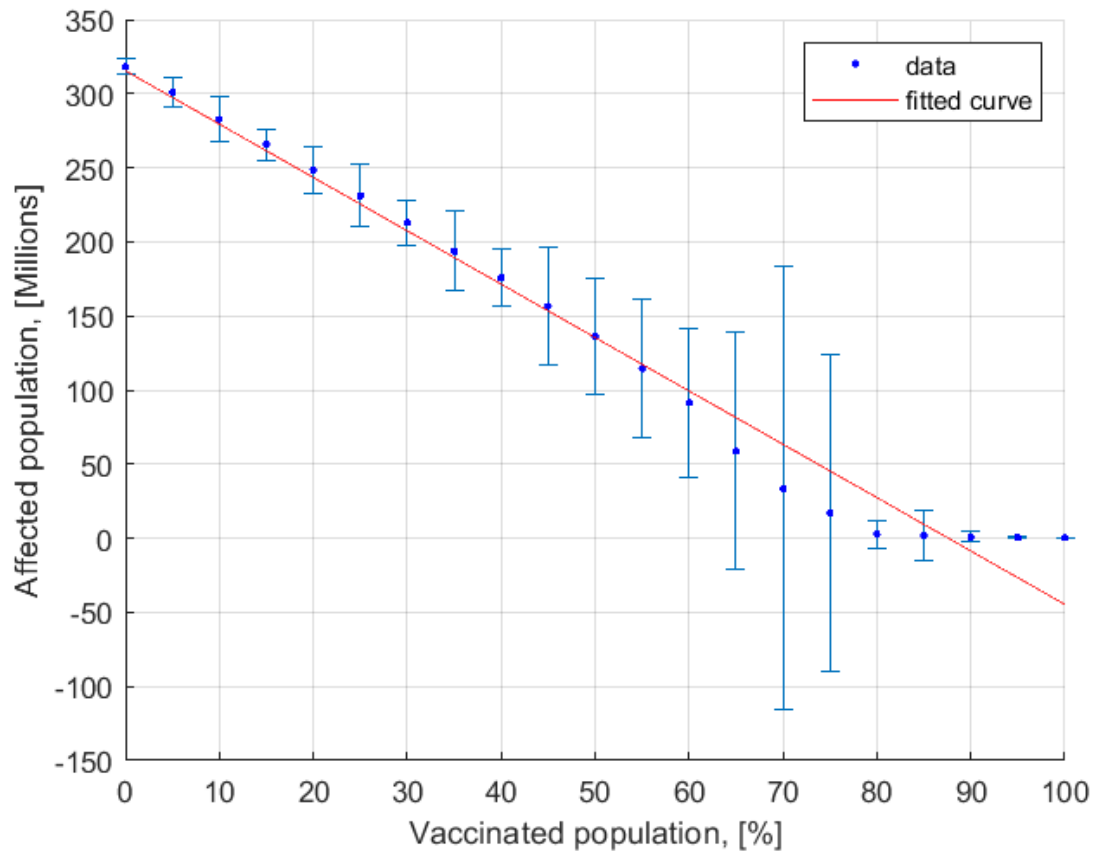


Σχήμα 19: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση των εμβολιασμών (Τρίτου βαθμού πολυώνυμο)

Η πολυωνυμική σχέση προσαρμογής θα είναι:

$$y = 0.00057x^3 - 0.07517x^2 - 1.291x + 307.5 \quad (28)$$

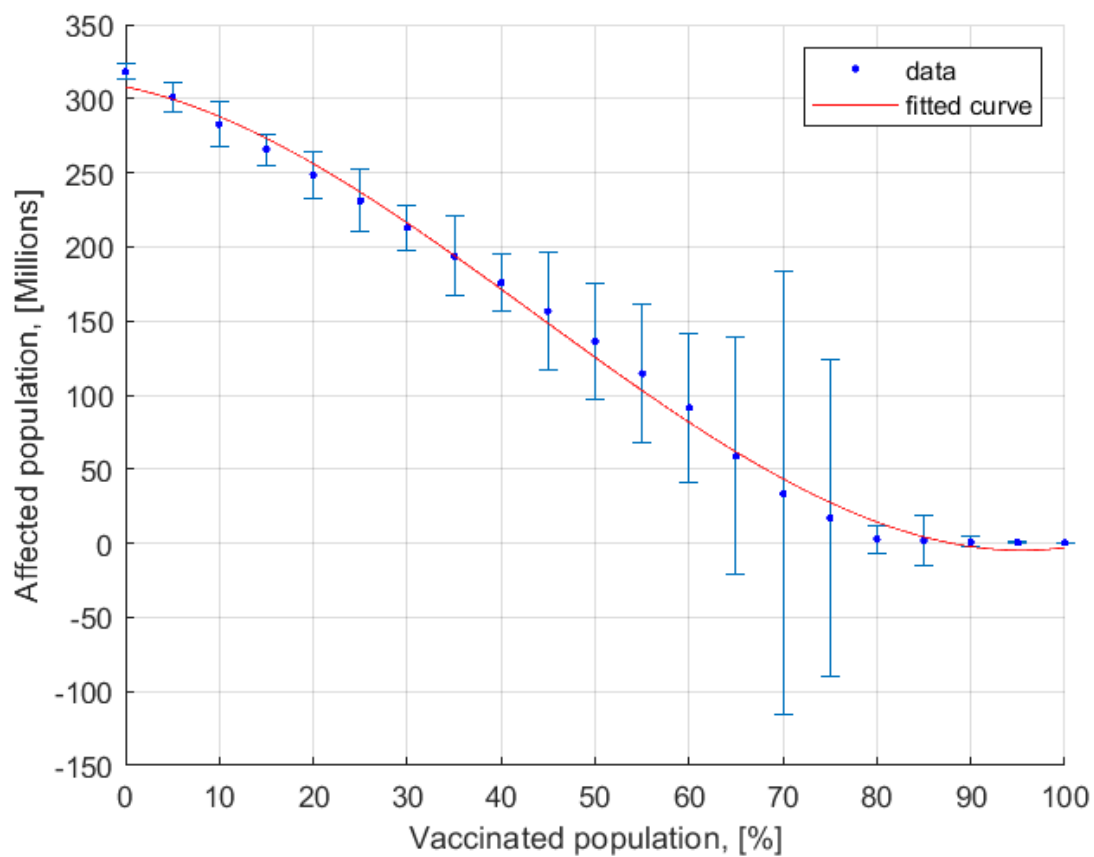
4.3.3 Σπιτικές μάσκες



Σχήμα 20: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση των εμβολιασμών

Η γραμμική σχέση προσαρμογής θα είναι:

$$y = -3.601x + 315.5 \quad (29)$$



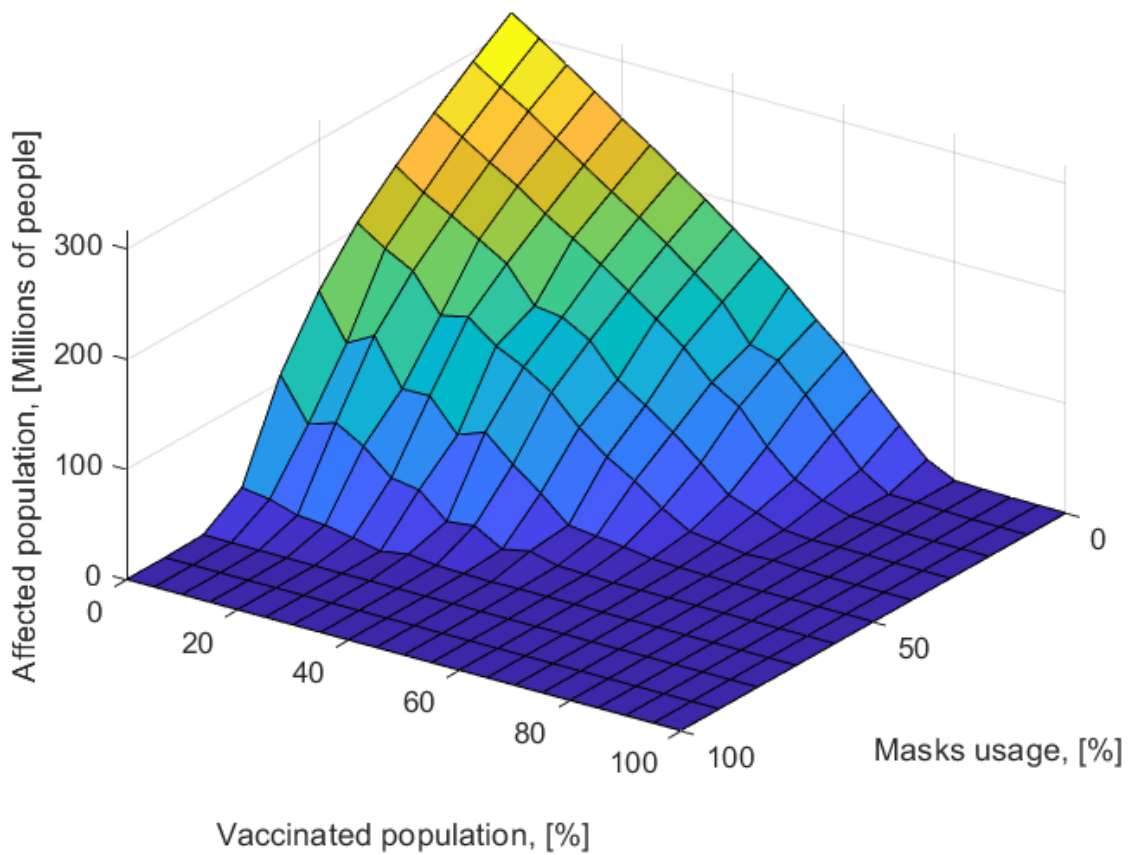
Σχήμα 21: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση των εμβολιασμών (Τρίτου βαθμού πολυώνυμο)

Η πολυωνυμική σχέση προσαρμογής θα είναι:

$$y = 0.0005753x^3 - 0.0755x^2 - 1.312x + 308 \quad (30)$$

4.4 Μάσκες και Εμβολιασμοί

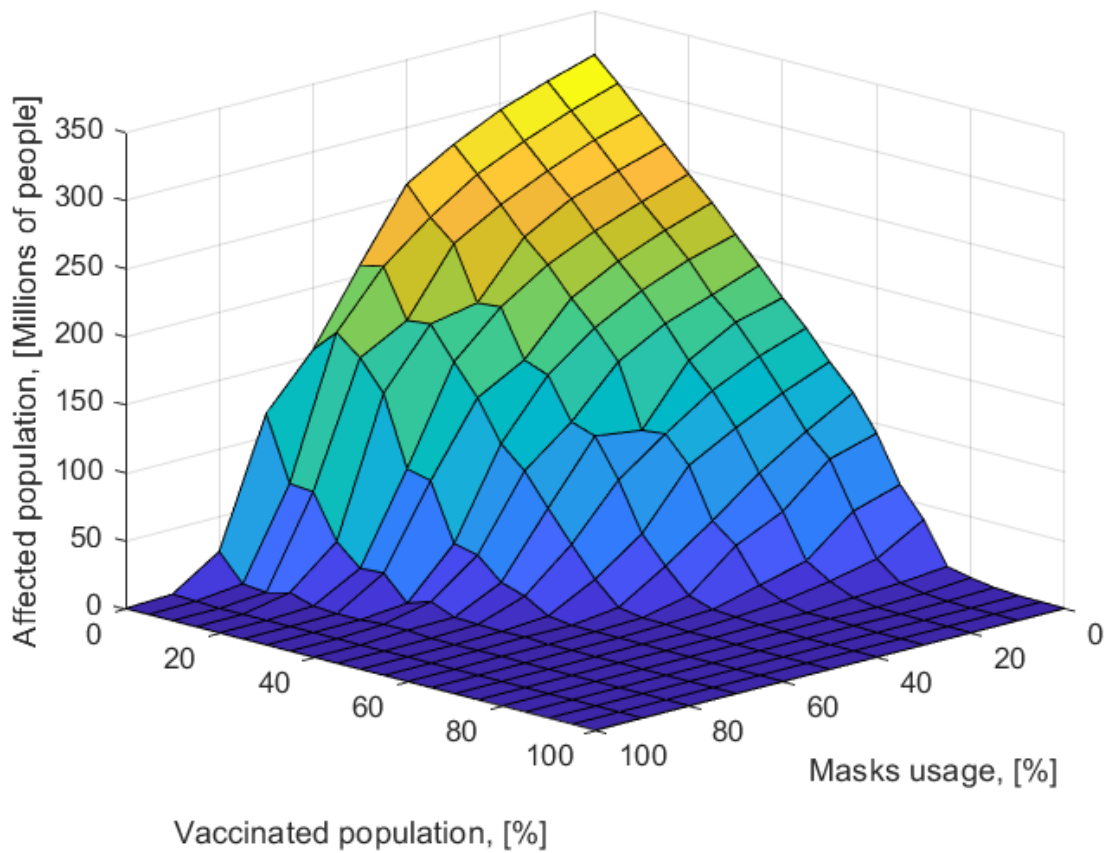
4.4.1 N95



Σχήμα 22: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση των εμβολιασμών και χρήσης масκών

Εδώ γίνεται εμφανές το πλεονέκτημα της χρήσης των масκών N95. Συνδυάζοντας ένα ποσοστό εμβολιασμένου πληθυσμού γύρω στο 60%, παρατηρούμε πως με χρήση μάσκας N95 από ένα 50% του πληθυσμού ο ιός πρακτικά δεν μπορεί να διαδοθεί στην κοινότητα και δεν καθιστά πανδημία. Καταλαβαίνουμε λοιπόν τη σημασία που έχει η χρήση μάσκας ακόμα και μετά τον εμβολιασμό, καθώς μπορεί να σταματήσει την πανδημία ακόμα πιο γρήγορα.

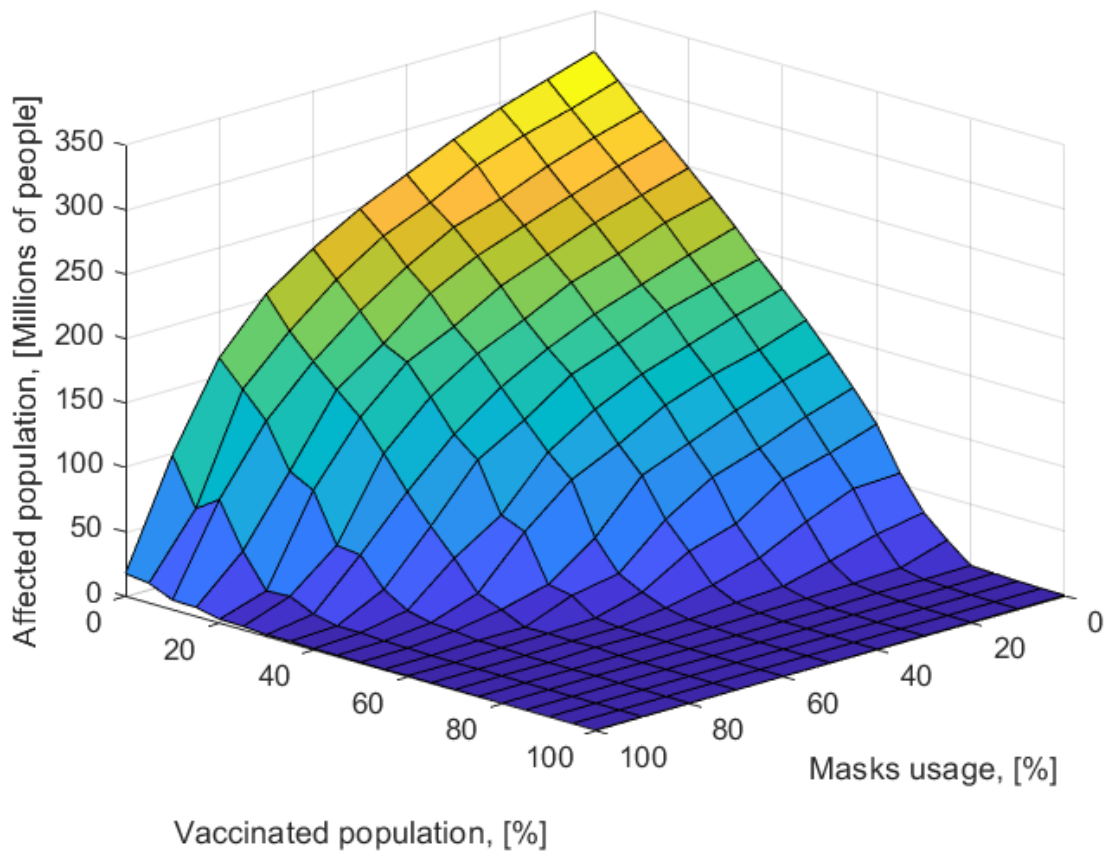
4.4.2 Χειρουργικές μάσκες



Σχήμα 23: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση των εμβολιασμών και χρήσης масών

Παρόλο που οι χειρουργικές μάσκες δεν είναι τόσο αποτελεσματικές όσο οι N95, παρατηρούμε και εδώ πως ο συνδυασμός των масών με τον εμβολιασμό μπορεί να σταματήσει πολύ γρήγορα το μέγεθος της πανδημίας. Σε αντιστοιχία με την προηγούμενη περίπτωση, για ένα ποσοστό εμβολιασμένου πληθυσμού γύρω στο 60%, παρατηρούμε πως με χρήση χειρουργικής μάσκας πάνω από 60% επί του συνόλου του πληθυσμού, μπορούμε να εκμηδενίσουμε τη διασπορά του κορωνοϊού, δηλαδή απαιτείται ένα 10% επιπλέον από την προηγούμενη περίπτωση για να πετύχουμε το ίδιο αποτέλεσμα. Παρόλα αυτά, αυτό το σενάριο μοιάζει πιο ρεαλιστικό, καθώς ο περισσότερος κόσμος χρησιμοποιεί τις χειρουργικές μάσκες στην καθημερινότητά του.

4.4.3 Σπιτικές μάσκες



Σχήμα 24: Πληθυσμός που επηρεάστηκε ως συνάρτηση των εμβολιασμών και χρήσης масκών

Τέλος για τις σπιτικές μάσκες, παρατηρούμε αυτό που σχολιάσαμε και παραπάνω, πως ακόμα και για καθολική χρήση μιας σπιτικής μάσκας που κατασκευάζεται π.χ. από μια μπλούζα, δεν μπορούμε να πετύχουμε την πλήρη εξάλειψη της πανδημίας. Παρόλα αυτά, και σε αυτή την περίπτωση εντοπίζουμε μια παρόμοια συμπεριφορά. Για να συγκρίνουμε με τις προηγούμενες περιπτώσεις, για ποσοστό εμβολιασμού περί τα 60% επί του συνόλου του πληθυσμού, απαιτείται χρήσης μάσκας από του 80% του πληθυσμού για να πετύχουμε την πλήρη εξάλειψη της πανδημίας, ή αλλιώς 10% πάνω από τις χειρουργικές μάσκες και 20% πάνω από τις N95.

5 Συμπεράσματα

Με μια πρώτη ματιά μπορούμε να επιβεβαιώσουμε πως για την περίπτωση που εξετάζουμε μόνο τον εμβολιασμό, τα διαγράμματα μας είναι ίδια και για τις τρεις περιπτώσεις όπως και είναι το αναμενόμενο. Στην περίπτωση που εξετάζουμε μόνο τις μάσκες, παρατηρούμε πως οι μάσκες τύπου N95 αποδίδουν πολύ καλύτερα από τις χειρουργικές ή τις σπιτικές μάσκες, οδηγώντας ακόμα και σε σταματημό της πανδημίας για ποσοστά πάνω του 80%, τη στιγμή που οι χειρουργικές και οι σπιτικές μάσκες απλά περιορίζουν το μέγεθος της πανδημίας για τιμές πάνω του 80%. Σε κάθε περίπτωση, μπορούμε πάντως να παρατηρήσουμε πως το μέγεθος της πανδημίας μειώνεται χαρακτηριστικά με το ποσοστό χρήσης μάσκας, για αυτό συνιστάται η χρήση της από όσο το δυνατό μεγαλύτερο μέρος του πληθυσμού, ούτως ώστε να μπορέσουμε να σταματήσουμε την πανδημία ακόμα και πριν την ύπαρξη κάποιου πιθανού εμβολίου.

Όσον αφορά τους εμβολιασμούς, μπορούμε να επιβεβαιώσουμε από τα διαγράμματα που δημιουργήσαμε την ύπαρξη του κρίσιμου ορίου εμβολιασμού γύρω στο 75%, το οποίο είναι σε συμφωνία με αυτά που υπολογίσαμε στη συνεχή εκδοχή του προβλήματος. Πάνω από αυτή την κρίσιμη τιμή εμβολιασμού, παρατηρούμε πως η διασπορά του κορονοϊού πρακτικά μηδενίζεται, επιβεβαιώνοντας την θεωρία που ορίσαμε στην αρχή. Άρα, επιβεβαιώνουμε μέσω αυτής της προσομοίωσης αυτό που μας συνιστούν οι επιδημιολόγοι το τελευταίο χρονικό διάστημα: Να εμβολιαστούμε όσο το δυνατόν πιο γρήγορα ούτως ώστε να φτάσουμε το 75% εμβολιασμένου πληθυσμού το οποίο αποτελεί την ανοσία της αγέλης.

Αξιοσημείωτο από τα διαγράμματα είναι του επηρεαζόμενου πληθυσμού συναρτήσει των εμβολιασμένων ή της χρήσης μάσκας είναι η μεγάλη απόκλιση μεταξύ των τιμών που παρουσιάζεται μεταξύ των τιμών. Για παράδειγμα, στο [Σχήμα 21](#), παρατηρούμε πως υπάρχει μια μεγάλη τυπική απόκλιση γύρω στο 70%. Αυτό συμβαίνει επειδή κάπου εκεί βρίσκεται η κρίσιμη τιμή και κάποια σενάρια ξεφεύγουν προς πανδημία ενώ άλλα δεν οδηγούν σε πανδημία, ανάλογα με την κίνηση των χελωνών στο χώρο. Παρατηρούμε πως οι αμέσως επόμενη τιμή δειγματοληψίας, που είναι το 80%, παρουσιάζει μια πάρα πολύ μικρή τυπική απόκλιση, καθώς η κρίσιμη τιμή εμβολιασμού έχει ξεπεραστεί και κανένα από τα runs που πραγματοποιήσαμε δεν οδηγούν σε πανδημία. Κάτι αντίστοιχο συμβαίνει και στις αντίστοιχες περιπτώσεις με τη χρήση масκών.

Αναφορικά με την καμπύλη κατάλληλης προσαρμογής, από όλα τα μοντέλα που επιχειρήσαμε, η γραμμική παρεμβολή φαίνεται να ερμηνεύει σε αρκετά ικανοποιητικό βαθμό τα δεδομένα, δίνοντας στις περισσότερες περιπτώσεις $R > 0.91$, τη στιγμή που οι εκθετικές και άλλες προσαρμογές γυρνούσαν τιμές για το R περί τα 0.7 – 0.85. Αυτό μας οδηγεί στο συμπέρασμα πως η γραμμική παρεμβολή είναι η καλύτερη δυνατή, με την μικρή προσαρμογή πως πάνω από μια κρίσιμη τιμή σε κάθε περίπτωση η συνάρτηση θα μηδενίζεται αντί να οδεύει προς τις αρνητικές τιμές, οι οποίες δεν έχουν φυσική σημασία. Το πολυώνυμο τρίτου βαθμού οδηγεί σε ακόμα καλύτερες προσαρμογές με $R > 0.98$, το οποίο βέβαια δεν θα το επιλέγουμε καθώς οι πολυωνυμικές προσαρμογές εξ' ορισμού θα ταιριάζουν στα δεδομένα μας. Καταλήγουμε λοιπόν στο συμπέρασμα πως για όλες τις παραπάνω καμπύλες η γραμμική προσαρμογή ερμηνεύει καλύτερα τα αποτελέσματα μας.

Τέλος, έχει ιδιαίτερο ενδιαφέρον να σχολιάσουμε τις τρισδιάστατες εικόνες που υπολογίσαμε στο τέλος. Από αυτές τις εικόνες, μπορούμε να αντιληφθούμε πως μπορούμε να σταματήσουμε τη πανδημία όχι αποκλειστικά με την χρήση масκών ή τον εμβολιασμό, αλλά και με τον συνδυασμό των δύο αυτών μεθόδων. Χαρακτηριστικά, στην περίπτωση που ο πληθυσμός φοράει μάσκες τύπου N95, μπορούμε να σταματήσουμε τη πανδημία με ένα 60% του πληθυσμού εμβολιασμένο και ένα 60% του πληθυσμού να φοράει μάσκες. Σε αντίστοιχη περίπτωση όμως που ο πληθυσμός φοράει σπιτικές μάσκες, με 60% του πληθυσμού εμβολιασμένο θα πρέπει να φοράει μάσκα ένα ποσοστό πάνω από 80% του πληθυσμού για να περιοριστεί με επιτυχία η πανδημία του κορωνοϊού.

Για μελλοντική εργασία, χρησιμοποιώντας το ίδιο μοντέλο, θα είχε ενδιαφέρον να μελετήσουμε και την επίδραση του lockdown στον περιορισμό της διασποράς του ιού. Στο συγκεκριμένο μοντέλο στη NetLogo, καθώς η κίνηση καθορίζεται με τυχαίο τρόπο, το lockdown θα μπορούσε να υλοποιηθεί θεωρώντας ένα τετράγωνο συγκεκριμένων διαστάσεων γύρω από την αρχική θέση της κάθε χελώνας. Κατά την εκτέλεση της προσομοίωσης, εάν θεωρήσουμε πως υπάρχει lockdown, θα επιτρέπουμε στη χελώνα να κινείται αλλά μόνο στο συγκεκριμένο τετράγωνο που προαναφέραμε και δεν θα μπορεί να κινηθεί έξω από αυτό. Στη συνέχεια, θα μπορούσαμε να λάβουμε ακριβώς τα ίδια διαγράμματα, και να μελετήσουμε τις διαφορές που πιθανώς να υπάρχουν με τη χρήση του lockdown.

Βιβλιογραφία

- Anderson, R., & May, R. (1985). Vaccination and herd immunity to infectious disease. *Nature*, 318, 323–329. DOI: <https://doi.org/10.1038/318323a0>
- Breearcliffe, D. (2020). Covid-19 us masks. *CoMSES Computational Model Library*. Ανακτήθηκε στις από <https://www.comses.net/codebases/ef690263-d2fb-4ac0-8f0b-71d8ee86186f/releases/1.0.0/>
- Fine, P., Eames, K., & Heymann, D. L. (2011, 04). “Herd Immunity”: A Rough Guide. *Clinical Infectious Diseases*, 52(7), 911-916. DOI: 10.1093/cid/cir007
- Kermack, W., & McKendrick, A. (1927). Contributions to the mathematical theory of epidemics–i. *Proceedings of the Royal Society*, 115A, 700–721. DOI: <https://doi.org/10.1007/bf02464423>
- Komineas, S., & Charmandaris, E. (2016). *Mathematical modelling*. Kallipos: Hellenic Academic Ebooks. Ανακτήθηκε στις από <https://repository.kallipos.gr/handle/11419/6325>
- Locatelli, I., Trächsel, B., & Rousson, V. (2021, 03). Estimating the basic reproduction number for covid-19 in western europe. *PLOS ONE*, 16(3), 1-9. Ανακτήθηκε στις από <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0248731> DOI: 10.1371/journal.pone.0248731

A MATLAB Code

```
1 clear; clc; close all;
2
3 % [N95 = 2, medical = 3, homemade = 4]
4
5 masks = 4;
6
7 if masks == 2
8     raw_input = readmatrix("iterative_n95_vaccinated.csv");
9     masks_column = 2;
10    raw_input = sortrows(raw_input);
11 elseif masks == 3
12    raw_input = readmatrix("iterative_medical_vaccinated.csv");
13    masks_column = 3;
14    raw_input = sortrows(raw_input);
15 elseif masks == 4
16    raw_input = readmatrix("iterative_homemade_vaccinated.csv");
17    masks_column = 4;
18    raw_input = sortrows(raw_input);
19 end
20
21 % Define Column Rows
22
23 run_column = 1;
24 percent_vaccinated_column = 5;
25 step_column = 6;
26 max_affected_column = 7;
27
28 % Read data
29 main_data = raw_input(3:end-1,...
30     [masks_column percent_vaccinated_column max_affected_column step_column run_column]);
31
32 main_data = sortrows(main_data);
33 vaccination = unique(main_data(:,2));
34 masks_usage = unique(main_data(:,1));
35 runs = unique(main_data(:,5));
36 runs(isnan(runs),:) = [];
37
38 % Get what we need from each run
39
40 final_data = zeros(length(runs), 5);
41
42 for i=1:length(runs)
43     row = find(main_data(:,5)== i);
44     temp_storage = main_data(row, :);
45     final_data(i, :) = temp_storage(end, :);
46 end
47
48 % 3D Surf plot creation
49 affected_grid = zeros(length(vaccination), length(masks_usage));
50 std_affected_grid = zeros(length(vaccination), length(masks_usage));
51
52 for i = 1:length(vaccination)
53     for j = 1:length(masks_usage)
54         requested_data = find(final_data(:,2)==vaccination(i) & final_data(:,1)==
55             masks_usage(j));
56         data_with_affected = final_data(requested_data, :);
57         array_sum = sum(data_with_affected);
58         affected_grid(i,j) = array_sum(3)/length(requested_data);
59         std_affected_grid(i,j) = std(data_with_affected(:,3));
60     end
61 end
62 surf(masks_usage, vaccination*100, affected_grid/10);
63 %title(["Affected US population in a COVID-19 outbreak",
64 % "as a function of mask usage and vaccinated population"]);
65 xlabel("Masks usage, [%]");
66 ylabel("Vaccinated population, [%]");
67 zlabel("Affected population, [Millions of people]");
68
69 vaccination_affected = affected_grid(:,1)/10;
70 masks_affected = (affected_grid(1, :)/10).';
```

```

71 std_vaccination_affected = std_affected_grid(:,1);
72 std_masks_affected = (std_affected_grid(1, :)/10).';
73
74 fitobject = fit(vaccination*100, vaccination_affected, 'poly1')
75
76 figure;
77 hold on;
78 errorbar(vaccination*100, vaccination_affected, std_vaccination_affected, '.');
79 plot(fitobject, vaccination*100, vaccination_affected)
80 grid on;
81 xlabel('Vaccinated population, [%]');
82 ylabel('Affected population, [Millions]');
83
84 fitobject = fit(vaccination*100, vaccination_affected, 'poly3')
85
86 figure;
87 hold on;
88 errorbar(vaccination*100, vaccination_affected, std_vaccination_affected, '.');
89 plot(fitobject, vaccination*100, vaccination_affected)
90 grid on;
91 xlabel('Vaccinated population, [%]');
92 ylabel('Affected population, [Millions]');
93
94 fitobject = fit(masks_usage, masks_affected, 'poly1')
95
96 figure;
97 hold on;
98 errorbar(masks_usage, masks_affected, std_masks_affected, '.');
99 plot(fitobject, masks_usage, masks_affected);
100 grid on;
101 xlabel('Masks Usage, [%]');
102 ylabel('Affected population, [Millions]');
103
104
105 fitobject = fit(masks_usage, masks_affected, 'poly3')
106
107 figure;
108 hold on;
109 errorbar(masks_usage, masks_affected, std_masks_affected, '.');
110 plot(fitobject, masks_usage, masks_affected);
111 grid on;
112 xlabel('Masks Usage, [%]');
113 ylabel('Affected population, [Millions]');

```

Listing 2: Code to process MATLAB results