

PROGRAMMERINGSKURS PÅ SANDVIKA VGS

Zombieinvasjon!

OPPGAVER OM POPULASJONSUTVIKLING MED ZOMBIER

Vigdis Holta
vigdihol@uio.no

Marie Roald
marieroa@math.uio.no



16. november 2015

Innhold

1	Introduksjon	2
2	Generell modell	2
3	Oppgave 1: SIR-modellen	4
3.1	Startverdier	4
3.2	Smitteutvikling	5
3.2.1	Utvikling av friske som kan bli smittet	5
3.2.2	Utvikling av smittede	5
3.2.3	Utvikling av immune	5
3.3	Tid og tidssteg	5
3.4	Simuler utviklingen!	6
4	Oppgave 2: SIZR-modellen	6
4.1	Smitteutvikling	7
4.1.1	Utvikling av friske personer	7
4.1.2	Utvikling av smittede	7
4.1.3	Utvikling av zombier	7
4.1.4	Utviklingen av døde	8
4.2	Simuler utviklingen!	8

1 Introduksjon

Disse oppgavene er basert på oppgave E.41, E.46 og E.47 i A Primer on Scientific Programming with Python, Fourth Edition av Hans Petter Langtangen.

2 Generell modell

Fra kurset vi holdt husker dere at vi kunne lage følgende program for å simulere utviklingen av en harebestand og en gaupebestand isolert på en øy:

```
from numpy import *
from matplotlib.pyplot import *
n = 12*50      #antall tidsintervaller
y0 = 100      #antall byttedyr naar vi starter
x0 = 50       #antall rovdyr naar vi starter
index_set = range(n+1)

x = zeros(len(index_set))
y = zeros(len(index_set))

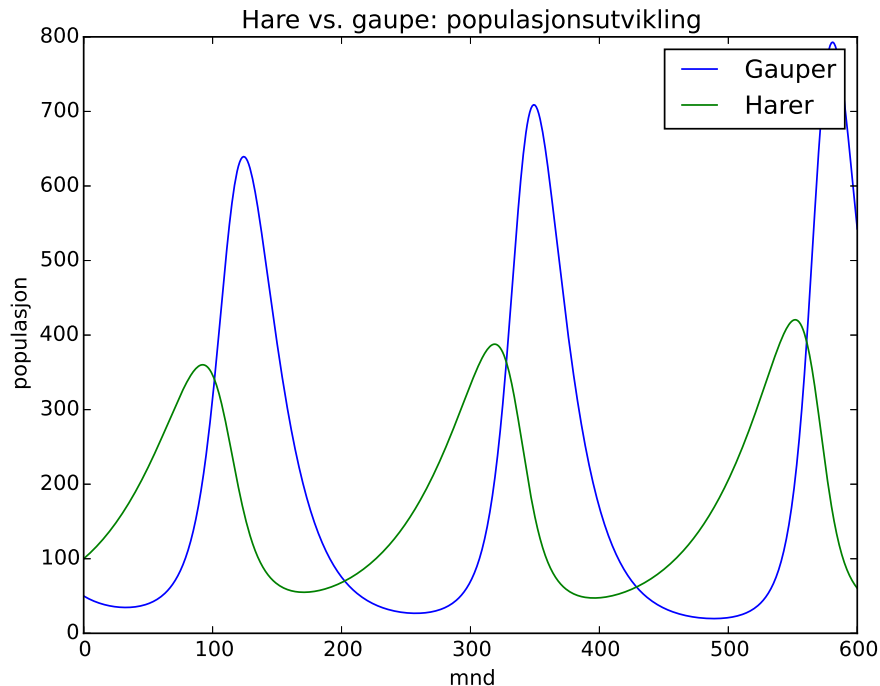
a = 0.05      # sultrate gauper
b = 0.0003    # reproduksjonsrate gauper

c = 0.02      # vekstrare harer
d = 0.0001    # spistrate harer

y[0] = y0
x[0] = x0
for k in index_set[:-1]:
    #print y[k]
    y[k+1] = y[k] + c*y[k] - d*y[k]*x[k]
    x[k+1] = x[k] - a*x[k] + b*x[k]*y[k]

plot(index_set, x)
plot(index_set, y)
legend(["Gauper", "Harer"])
title('Hare vs. gaupe: populasjonsutvikling')
xlabel('mnd')
ylabel('populasjon')
show()
```

Resultatet er vist i fig 1.



Figur 1: Utvikling av hare- og gaupebestand over 50 år.

Modellen og programmet vi skal komme frem til i disse oppgavene er veldig like det vi gjorde i rovdyr-byttedyr-modellen, men det er en viktig forskjell som vi vil vise dere før vi starter. I stedet for å sette antall tidsintervaller, n , vil vi sette en totaltid, T , og en *steglengde*, dt . Steglengden bestemmer hvor ofte vi skal regne ut en ny populasjon.

Hvis vi for eksempel ser på utviklingen over et år og setter $T = 365$, kan vi velge å regne ut den nye populasjonen hver måned. Da blir i så fall $dt = 30$. Hvis vi hadde telt hvor mange individer bestanden bestod av hver måned og ført det opp i en graf, hadde nok resultatet blitt ganske greit, men når vi simulerer blir det fryktelig unøyaktig. En tommelfingerregel når man programmerer er at lavere dt generelt gir mer nøyaktig resultat. Hvis man ser på et helt år ($T = 365$) vil det derfor være bra å regne ut populasjonsstørrelsen hver dag ($dt = 1$), eller kanskje enda bedre: hver time ($dt = 1/12 = 0.83$).

Vi innfører nå dt og T i programmet vårt for rovdyr og byttedyr. Hvis T er den totale tiden vi vil regne ut for og dt er hvor lange tidssteg vi vil ta, er antall tidsintervaller $n = T/dt$. (En lettere måte å se dette på er å tenke at hvis man tar lengden på hver tidsintervall dt og ganger det med antall tidsintervaller n , vil man få den totalte tiden T .) Når du har forstått programmet under kan du leke litt med dt og se hvordan dette endrer plottet.

```
from numpy import *
from matplotlib.pyplot import *

T = 12*50          #ser paa utviklingen over femti aar
dt = 1./12         #tidssteg paa en mnd.
n = int(T/dt)      #antall tidssteg

y0 = 100          #antall byttedyr naar vi starter
x0 = 50           #antall rovdyr naar vi starter
```

```

t0 = 0          #starttidspunkt

#Lager tomme lister med verdier for t (tiden), y (byttedyr) og x (rovdyr)
:
y = zeros(n+1)
x = zeros(n+1)
t = zeros(n+1)

#Fyller inn startverdier for alle listene:
y[0] = y0
x[0] = x0
t[0] = t0

a = 0.05      # sultrate gauper
b = 0.0003    # reproduksjonsrate gauper

c = 0.02      # vekstrare harer
d = 0.0001    # spistrate harer

for i in range(0, n):
    y[i+1] = y[i] + c*y[i]*dt - d*y[i]*x[i]*dt
    x[i+1] = x[i] - a*x[i]*dt + b*x[i]*y[i]*dt

    t[i+1] = t[i] + dt

plot(t, x, t, y)
legend(["Gauper", "Harer"])
title('Hare vs. gaupe: populasjonsutvikling')
xlabel('aar')
ylabel('populasjon')
show()

```

3 Oppgave 1: SIR-modellen

Vi begynner med en modell som viser utviklingen av et sykdomsutbrudd. I denne modellen har vi tre kategorier vi kan plassere populasjonen i:

- Mottagelige for smitte: **S** (susceptible)
- Smittede: **I** (infected)
- Friske etter sykdom: **R** (recovered)

Vi antar at de som har hatt sykdommen og blitt friske (**R**) også har blitt immune, og at ingen dør av sykdommen. (Hvis man veldig gjerne vil kan man se på menneskene i kategorien **R** som døde. I så fall dør alle som har hatt sykdommen i denne modellen.)

3.1 Startverdier

Vi starter med en populasjon med N individer. Personene i alle de tre kategoriene over må være en del av den totale populasjonen, så vi har

$$N = S + I + R.$$

Hvis vi sier at ingen blir født og ingen dør i den perioden vi ser på, kan vi si at N er konstant. Vi har da at

$$N = S + I + R = S_0 + I_0 + R_0.$$

Det er naturlig å starte med $R_0 = 0$ siden vi vil se på sykdomsspredningen fra begynnelsen av. Sånn sett er det også naturlig å starte med $I_0 = 1$ siden vi må ha en smittekilde. Vi har nå

$$\begin{aligned} N &= S_0 + I_0 + R_0 \\ &= S_0 + I_0 + 0 \\ &= S_0 + I_0 \\ S_0 &= N - I_0 \\ S_0 &= N - 1 \end{aligned}$$

Hvis vi ser på sykdomsutviklingen i en bygd med 2000 innbyggere får vi da

$$S_0 = 2000 - 1 = 1999.$$

3.2 Smitteutvikling

3.2.1 Utvikling av friske som kan bli smittet

I begynnelsen av modellen har vi aller flest friske, smittbare individer. Hva kan skje med disse? Jo, de kan bli smittet av den syke og forsvinne ut av **S**-kategorien. Hvis vi har en smitterate **b** pr tidssteg, får vi formelene

$$S_{i+1} = S_i - b \cdot dt \cdot S_i I_i.$$

Vi må ha med både S_i and I_i i det siste leddet fordi antall friske som blir smitta er avhengig av både hvor mange friske personer det er og hvor mange smittede det er.

3.2.2 Utvikling av smittede

Personene som nå forsvinner fra **S**-kategorien vil bli flyttet over i **I**-kategorien:

$$I_{i+1} = I_i + b \cdot dt \cdot S_i I_i.$$

Fra denne kategorien vil det også forsvinne individer etterhvert som de blir friske. Hvis vi har en frisk-rate **f** pr tidssteg får vi da formelen:

$$I_{i+1} = I_i + b \cdot dt \cdot S_i I_i - f \cdot dt \cdot I_i.$$

3.2.3 Utvikling av immune

Alle de som forsvinner fra **I**-kategorien fordi de blir friske vil bli flytte over i **R**-kategorien, og vi får derfor følgende formel for **R**:

$$R_{i+1} = R_i + f \cdot dt \cdot I_i.$$

3.3 Tid og tidssteg

La oss måle tiden i dager og sette $T = 60$. Vi kan regne ut populasjonsfordelingen hver time, og bruker da $dt = 1./24$. Siden antall tidssteg er $n = T/dt$ får vi nå $30 \cdot 24$ tidssteg.

3.4 Simuler utviklingen!

- a) Ved hjelp av formlene for S_i , I_i og R_i , startverdiene $S_0 = 1999$, $I_0 = 1$ og $R_0 = 0$ og informasjonen om T og dt kan du modifisere programmet for utvikling av harer og gauper (som du finner over). Bruk $b = 0.0005$ og $f = 0.1$.

Hint! Husk at du nå skal plote tre forskjellige utviklinger:

```
plot(t, S, t, I, t, R)
legend(["Friske som kan bli smittet", "Syke", "Friske og immune"])
title('Sykdomsutvikling')
xlabel('dager')
ylabel('populasjon')
show()
```

Hint! Siden vi ikke lar folk dø eller bli født skal $N = S + I + R$ være konstant. En god test for å sjekke at programmet virker er derfor å plote N mot t og se at det blir en rett strek.

```
plot(t, S+I+R)
title('Total populasjon')
xlabel('dager')
ylabel('populasjon')
show()
```

- b) Befolkningen i bygda vår får beskjed om å holde seg inne for å unngå smitte, og vi kan redusere b til 0.0001. Se hvordan det påvirker smitteutviklinga.
- c) Eksperimenter med dt og se hvordan det påvirker plottene. Prøv med tidssteg på én dag ($dt = 1$) og én uke ($dt = 7$). Hvis dt blir for høy vil ikke lenger plottet lenger gi noen mening.
- d) La oss si at det fortsatt kan fødes barn og komme nye innflyttere til bygda under epedemien. Vi må i så fall legge til et ledd i utviklinga av S . La oss si at befolkningen i bygda øker med 1 person i uka i gjennomsnitt. Det blir én person hver syvende dag, og siden vi har $dt = 1/24$ dager (én time) får vi en innflytterrata a pr tidssteg som er $a = 1/(7*24)$. Hvis du har en annen dt etter oppgave c) kan du bruke følgende formel for a :

$$a = 1./(7/dt)$$

Formelen for S er nå

$$S_{i+1} = S_i - b \cdot dt \cdot S_i I_i + a \cdot dt.$$

Utviklingen av R og I er fortsatt som de var.

Innfør denne endringen i programmet, og eksperimenter med forskjellige størrelser for a .

4 Oppgave 2: SIZR-modellen

I stedet for en vanlig sykdom er det nå en zombie-invasjon som kommer til bygda! Vi må da legge til en Z i SIR-modellen vår, og vi får SIZR-modellen. Vi har nå fire kategorier for innbyggerne våre:

- Mottagelige for smitte: S (susceptible)
- Smittede: I (infected)
- Zombier: Z (zombies)
- Døde som ikke kan bli smittet: R (removed)

Personene i kategori R er nå enten mennesker som har dødd av naturlige årsaker (ikke blitt zombier) eller zombier som har blitt drept.

Det er ikke lenger personene i kategori I (smittede) som smitter de friske (kategori S). De friske blir nå kun smittet via kategori Z , zombiene.

4.1 Smitteutvikling

4.1.1 Utvikling av friske personer

Som i stad må vi ha et ledd for friske personer som blir smittet og forsvinner ut av kategori S . Siden det nå er zombiene som smitter, blir det leddet seende slik ut:

$$b \cdot dt \cdot S_i Z_i.$$

Vi vil også ha med en mulighet for at de friske menneskene dør en naturlig død, så vi legger inn en *naturlig dødsrate* c pr tidssteg. Vi har da formelen

$$S_{i+1} = S_i - b \cdot dt \cdot S_i Z_i - c \cdot dt \cdot S_i.$$

Hvis vi i tillegg legger inn muligheten for barnefødsler og innflyttinger som vi innførte i oppgave 1 d), får vi følgende formel for utviklingen av friske mennesker:

$$S_{i+1} = S_i + a \cdot dt - b \cdot dt \cdot S_i Z_i - c \cdot dt \cdot S_i$$

4.1.2 Utviling av smittede

Alle personene som blir bitt av zombier og forsvinner fra kategori S vil havne i kategori I . Vi får derfor

$$I_{i+1} = I_i + b \cdot dt \cdot S_i Z_i.$$

De smittede vil etterhvert bli zombier, så vi må legge til et ledd som inneholder en *smittet-til-zombie-rate* d :

$$I_{i+1} = I_i + b \cdot dt \cdot S_i Z_i - d \cdot dt \cdot I_i$$

Det er også mulig for de smittede å dø på en naturlig måte før de rekker å bli zombier, og vi legger derfor inn et siste ledd med en *naturlig dødsrate for smittede* e :

$$I_{i+1} = I_i + b \cdot dt \cdot S_i Z_i - d \cdot dt \cdot I_i - e \cdot dt \cdot I_i$$

4.1.3 Utvikling av zombier

De smittede som ikke dør naturlig blir zombier og må flyttes til kategori Z . Vi legger også inn en rate for *zombier som blir drept av mennesker* f . Utviklingen av zombier blir da:

$$Z_{i+1} = Z_i + d \cdot dt \cdot I_i - f \cdot dt \cdot Z_i$$

4.1.4 Utviklingen av døde

Alle de friske, smittede og zombieene som dør må legges til i kategori R. Vi får da

$$R_{i+1} = R_i + c \cdot dt \cdot S_i + e \cdot dt \cdot I_i + f \cdot dt \cdot Z_i$$

4.2 Simuler utviklingen!

Vi er igjen i bygda vår med 2000 innbyggere. Ingen er døde av infeksjon ($R_0 = 0$) og ingen er smittet ($I_0 = 0$), og vi har

$$S_0 = 2000.$$

Ikke langt fra den lille bygda vår ligger det topphemmelige forskningssenteret Zimula hvor det forskes på hvordan man kan forlenge liv ved å forebygge hjerte- og karsykdommer. En dag går et eksperiment fryktelig galt, og til den lille bygda kommer det en zombie vandrende ($Z_0 = 1$).

- a) Bruk samme T og dt som i forrige oppgave og innfør den nye SIZR-modellen i programmet ditt med de startverdiene som er gitt over. Til å begynne med kan du bruke følgende rater i programmet ditt:
- Nye innbyggere: $a = 1/(4 \cdot dt)$
 - Friskt menneske møter zombie og blir smittet: $b = 0.001$
 - Frisk person dør av naturlige årsaker: $c = 0.0002$
 - Smittet person blir zombie: $d = 1$ (alle blir som er smittet vil bli zombier)
 - Smittet person dør av naturlige årsaker: $e = 0.028$
 - Menneske som møter zombie klarer å drepe zombie: $f = 0.00032$

Hvordan går det med menneskene i bygda?

- b) Regjeringen setter først bygda i karantene, men etter 14 uker skjønner de at de må sende inn hjelp. De sender inn 100 personer for å hjelpe bygda. Blant disse er militære styrker som gjør at sannsynligheten for at et menneske møter en zombie og dreper zombien (rate f) øker kraftig, og ved hjelp av mer informasjon, helsepersonell og bedre organisering synker også raten for friske mennesker som møter og blir smittet av zombier (b).

Raten a går opp til $a = 100 \cdot dt$ akkurat i uke 14, men går deretter tilbake til det den var før. De andre ratene som endres er:

- $b = 0.0004$
- $f = 0.0032$

Disse ratene forblir endret etter uke 14.

Du kan enten bruke `if`-test (som i bakterieutviklingsoppgaven) eller flere `for`-løkker for å løse denne oppgaven. Lag en variabel `n_hjelp` som er antall tidssteg det tar før det blir sendt inn hjelp til den lille landsbyen.

Hint! `n_hjelp = int(T_hjelp/dt) = int(14/dt)`

- c) Hva skjer med befolkningen hvis hjelpen kommer én uke senere?
- d) Lag din egen historie for zombieinvasjonen og prøv å endre programmet så det stemmer med din historie. Kanskje du vil simulere en større zombieinvasjon i en større by? Kanskje du vil ha flere perioder hvor de forskjellige parameterne endres? Prøv deg frem og se hvordan det går med befolkningen din!