

AGH

**Symulacja rozprzestrzeniania się koronawirusa w
populacji ludzkiej**

Marta Piechówka, Paweł Gorgolewski, Mateusz Powęska

1. Analiza literatury

1.1. *“Mathematical Model of COVID-19 Transmission Dynamics in South Korea: The Impacts of Travel Restrictions, Social Distancing, and Early Detection”*

Artykuł dostępny pod tym [linkiem](#).

W podanym artykule zdefiniowany został *A Single-Patch Model: SEIQR Model*. Cechuje się on następującym układem równań:

- $\frac{dS}{dt} = -\beta\left(\frac{I}{N}\right)S$
- $\frac{dE}{dt} = \beta\left(\frac{I}{N}\right)S - \kappa E$
- $\frac{dI}{dt} = \kappa p E - \alpha I - \gamma I$
- $\frac{dQ}{dt} = \kappa(1 - p)E + \alpha I - \gamma Q$
- $\frac{dR}{dt} = \gamma Q + \gamma I$

gdzie,

- $S(t)$ - liczba osób narażonych (susceptible individuals)
- $E(t)$ - liczba osób mogących nosić wirusa (exposed individuals)
- $I(t)$ - liczba osób zakażonych (infectious individuals)
- $Q(t)$ - liczba osób zakażonych, potwierdzonych (quarantined individuals)
- $R(t)$ - liczba ozdowieńców (recovered individuals)
- β - stopień transmisji (transmission rate)
- κ - stopień osób mogących nosić wirusa, którzy zostaną zakażeni
- p - proporcja $E(t)/I(t)$
- α - stopień bycia na kwarantannie (rate of quarantined)
- γ - stopień zostania ozdowieńcem (recovery rate)

1.2. Two-Path Transmission Model

Ten sam artykuł definiuje *Two-Path Transmission Model*. Model ten bierze pod uwagę przemieszczanie się ludzi między zdefiniowanymi warstwami. Używa do tego macierzy $M = (m_{ij})_{2 \times 2}$. W m_{ij} jest zapisywana ilość ludzi podróżująca z warstwy i na warstwę j w jednej jednostce czasu. Analogicznie zostaje ustawione m_{ji} . Na poszczególnych warstwach ten model zachowuje się jak *Single-Path Model*, przez co jego układ równań jest bardziej rozbudowaną wersją tego zamieszczonego wyżej:

- $\frac{dS_i}{dt} = -\beta_i\left(\frac{I_i}{N_i}\right)S_i + m_{ji}\frac{S_j}{N_j-Q_j} - m_{ij}\frac{S_i}{N_i-Q_i}$
- $\frac{dE_i}{dt} = \beta_i\left(\frac{I_i}{N_i}\right)S_i - \kappa_i E_i + m_{ji}\frac{E_j}{N_j-Q_j} - m_{ij}\frac{E_i}{N_i-Q_i}$
- $\frac{dI_i}{dt} = \kappa_i p E_i - \alpha_i I_i - \gamma_i I_i + m_{ji}\frac{I_j}{N_j-Q_j} - m_{ij}\frac{I_i}{N_i-Q_i}$
- $\frac{dQ_i}{dt} = \kappa_i(1-p)E_i + \alpha_i I_i - \gamma_i Q_i$
- $\frac{dR_i}{dt} = \gamma_i I_i + \gamma_i Q_i + m_{ji}\frac{R_j}{N_j-Q_j} - m_{ij}\frac{R_i}{N_i-Q_i}$

Model zakłada, że:

- $N_i = S_i + E_i + I_i + Q_i + R_i (i, j = 1, 2)$
- $p = p_1 = p_2$
- $\kappa = \kappa_1 = \kappa_2$
- $\gamma = \gamma_1 = \gamma_2$

1.3. Analiza SEIR na podstawie wykładu Dr. Inż. Franciszka Rakowskiego: [Modelowanie zjawiska epidemii: przebieg, źródła danych, wnioskowanie](#).

Podstawowa dynamika stanów agenta typu SEIR.

- Punktem wyjścia jest model SEIR zaimplementowany dla każdego agenta
- Model jest uzupełniony o stany opisujące sposób przebycia choroby
- Prawdopodobieństwo przejścia pomiędzy stanami zależą od grupy wiekowej oraz historii chorobowej
- Prawdopodobieństwo infekcji zależy od liczby spotkanych zakażających osób w poszczególnych kontekstach $p(\text{zachorowania}) \sim p(\text{ekspozycji}) * p(\text{infekcji})$

$$p^j = 1 - \exp(-\alpha \beta_{hh} I_{hh}^j - \alpha (\sum_i^{\text{contexts}} \beta_i \frac{f I_i^j}{1-(1-f)I_i^j}))$$

f - ułamek osobników nie zostających w domu w trakcie infekcji

α - współczynnik infekcyjności szczepu wirusa

β - wagi poszczególnych kontekstów

I - ilość osób infekujących przebywających w danym kontekście

Ostatecznie chcemy, aby model (+ uwzględnienie śmierci) wyglądał jak ten z 28 minuty wykładu wspomnianego wyżej.

Dodatkowo, Wolfram Researcher Robert Nachbar przeprowadził szeroką analizę różnych modeli rozprzestrzeniania się koronawirusa. Dostępne pod tym [linkiem](#).

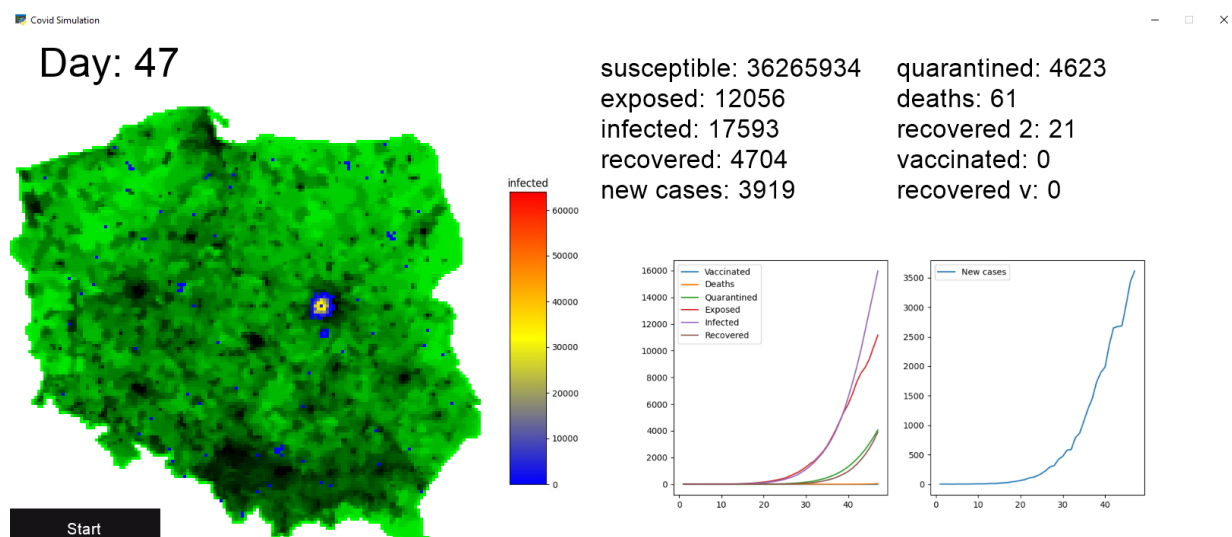
2. Harmonogram

Tydzień:

1. Analiza literatury
2. Gui z mapą Polski, zdefiniowanie typów
3. SEIR
4. SEIQR / SEIQRD
5. SEIlsaQRD / SEIlsaQRD2
6. SEIlsaQRD2V / dodanie lockdown (opcjonalne)

3. Symulacja

3.1. Opis GUI



Jak widać na zamieszczonym wyżej zdjęciu, stworzona przez nas symulacja obrazuje rozprzestrzenianie się wirusa wraz z upływem czasu. Zamieszczona mapa jest zbiorem punktów, wśród których można wybrać miejsce, w którym pojawią się pierwsze zarażone osoby. Odcień na początkowej mapie przedstawia gęstość zaludnienia - im ciemniejszy, tym więcej ludzi mieszka na danym obszarze.

Z lewej strony znajdują się statystyki, które są aktualizowane na bieżąco. Obliczane oraz pokazane statystyki różnią się w zależności od wybranego modelu. Poszczególne nazwy oznaczają:

- susceptible - narażony na zakażenie
- exposed - zakażony, ale jeszcze nie zaraża
- infected - zakażony oraz zaraża innych
- recovered - zdrowy po przejściu choroby
- new cases - nowe przypadki
- quarantined - na kwarantannie
- deaths - martwy
- recovered 2 - zdrowy po przejściu choroby dwukrotnie
- vaccinated - zaszczepiony
- recovered v - zdrowy po przejściu choroby oraz zaszczepiony

3.2. Działanie symulacji

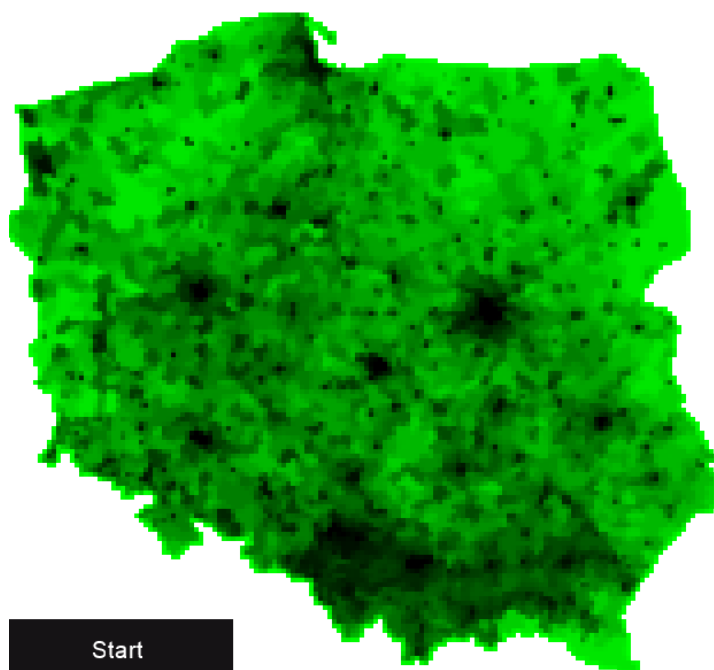
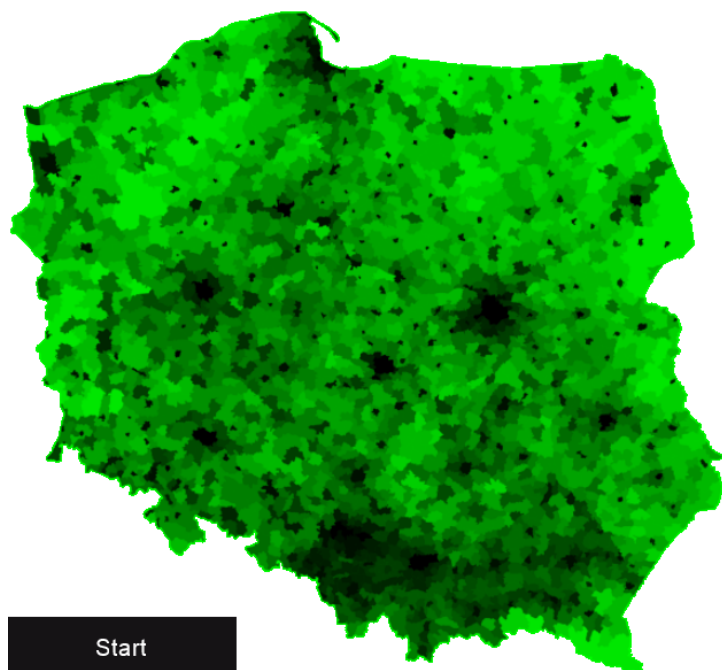
Przed pierwszym uruchomieniem aplikacji użytkownik musi zainstalować odpowiednie pakiety oraz wygenerować mapę i pasek kolorów potrzebne do symulacji i wyświetlania. Może do tego użyć komend:

- `pip install -r requirements.txt`
- `python helper/map_parser.py`
- `python helper/color_bar_generator.py`

Po wykonaniu tych komend aplikacja jest gotowa do uruchomienia. Podczas uruchamiania jest możliwość wyboru dokładności mapy oraz modelu. Służą do tego komendy:

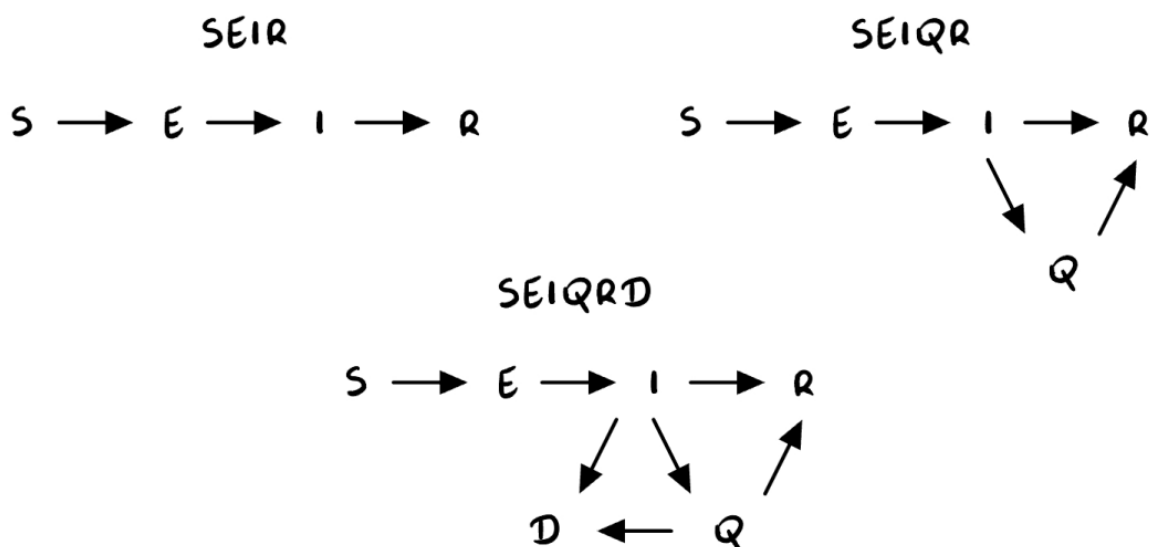
- `python run.py` - uruchamia dokładną mapę z modelem SEIR
- `python run.py -s small` - uruchamia przeskalowaną mapę z modelem SEIR
- `python run.py -m SEIQR` - uruchamia dokładną mapę z modelem innym niż SEIR
- `python run.py -s small -m SEIQR` - uruchamia przeskalowaną mapę z modelem innym niż SEIR

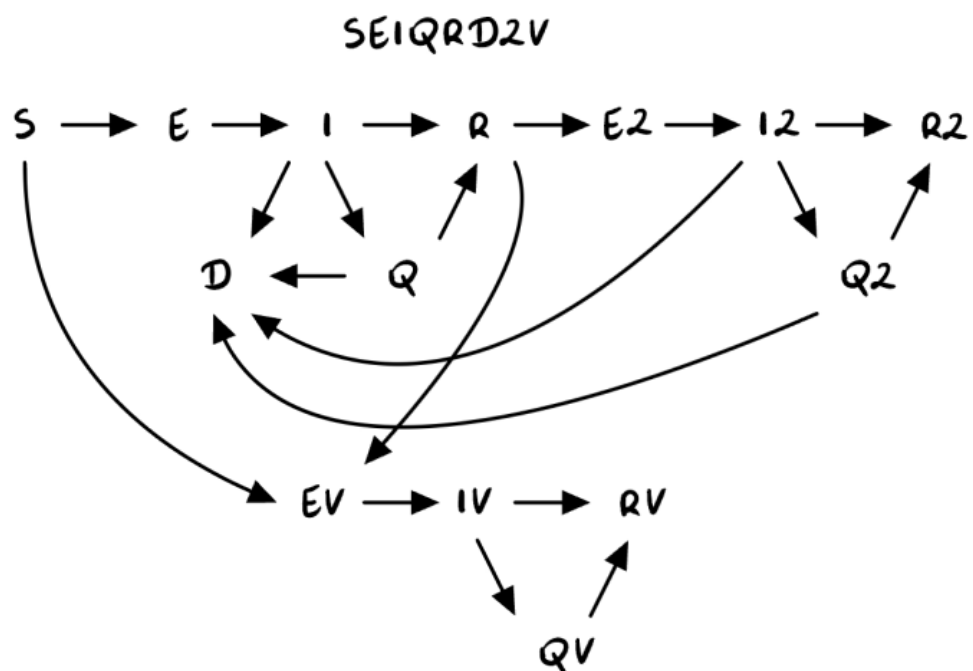
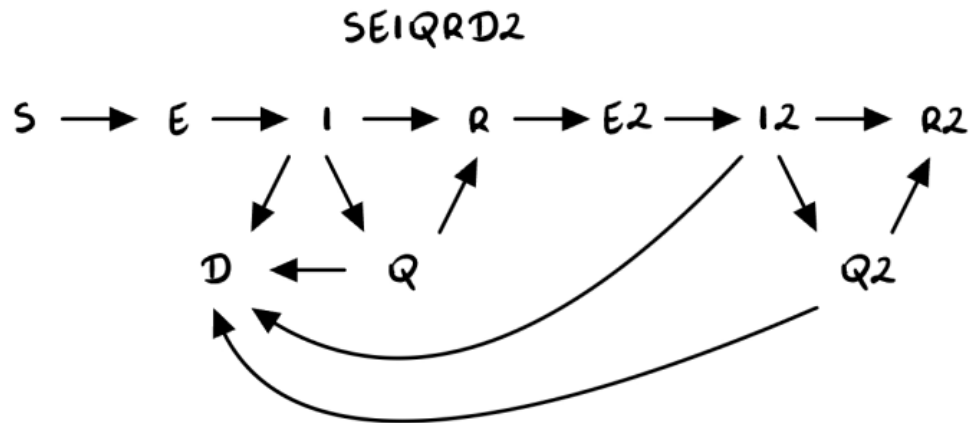
Przeskalowana mapa zdecydowanie pomaga z szybkością obliczeń symulacji. Traci się jednak wtedy na dokładności w wyświetlaniu jej w GUI. Jeden piksel na mapie dokładnej to około $1km^2$ w rzeczywistości, a na przeskalowanej mapie to około $16m^2$.



Jak łatwo można zauważyć, różnica w dokładności map jest całkiem spora (po lewej mapa dokładna, po prawej przeskalowana).

Dostępne modele to: SEIR, SEIQR, SEIQRD, SEIQRD2, SEIQRD2V. W zależności od wybranego wyniki symulacji są znacząco różne. Najbardziej zbliżone do rzeczywistości są bardziej rozbudowane modele. Poniżej dla każdego użytego przez nas modelu znajdują się rozrysowane ścieżki.





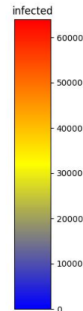
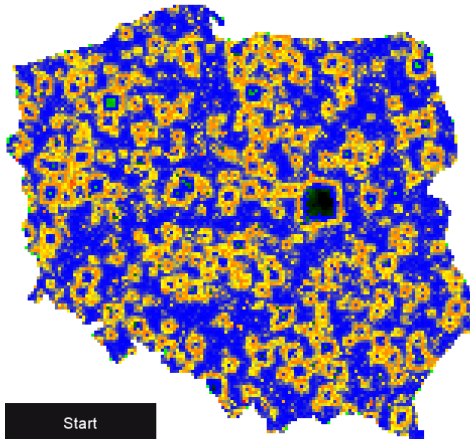
Przejście na każdy ze stanów ma swoje określone prawdopodobieństwo, dlatego E, E2 oraz EV to trzy różne stany, które w symulacji zachowują się inaczej. Zależności te są obliczane dla ludzi w pojedynczym pikselu oraz dla określonego sąsiedztwa. Dla zoptymalizowania szybkości symulacji użyliśmy sąsiedztwa o określonym promieniu, co niestety powoduje powstawanie nienaturalnych okręgów w prostszych modelach symulacji. Dodatkowo każdy model uwzględnia losowe przemieszczanie się ludzi poza swoimi sąsiedztwami.

4. Wyniki

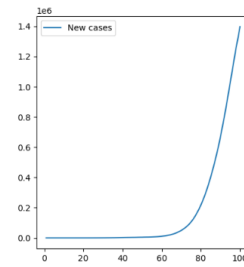
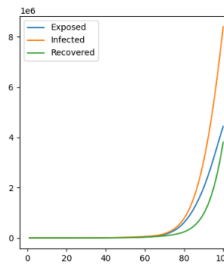
SEIR

Covid Simulation

Day: 100



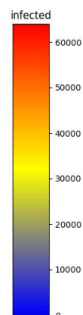
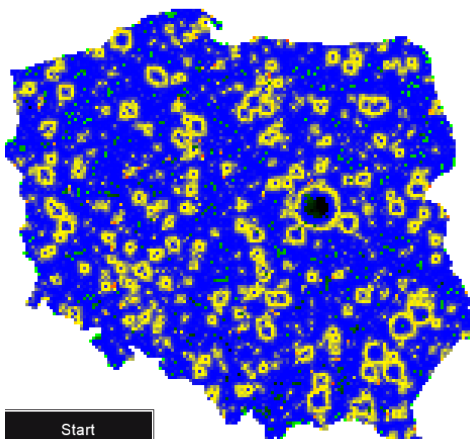
susceptible: 18206032
exposed: 4673676
infected: 9108024
recovered: 4317260
new cases: 1452902



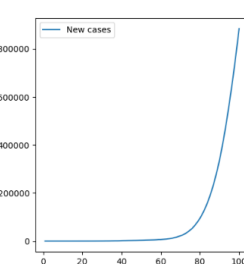
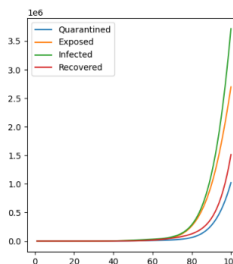
SEIQR

Covid Simulation

Day: 100



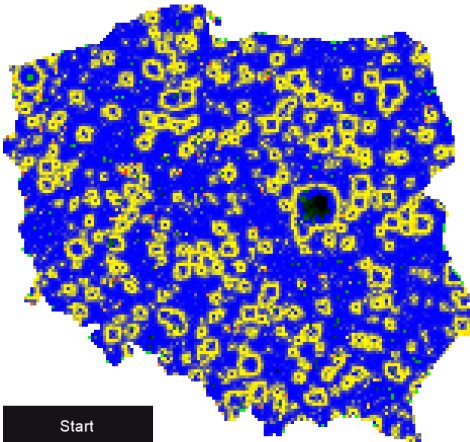
susceptible: 26399178 quarantined: 1149350
exposed: 2927771
infected: 4103834
recovered: 1724859
new cases: 955004



SEIQRD

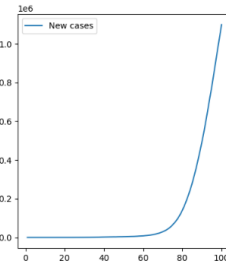
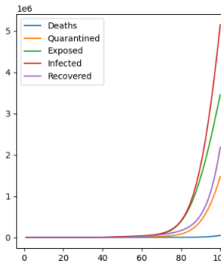
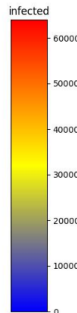
Covid Simulation

Day: 100



susceptible: 22841280
exposed: 3667591
infected: 5599960
recovered: 2496475
new cases: 1157865

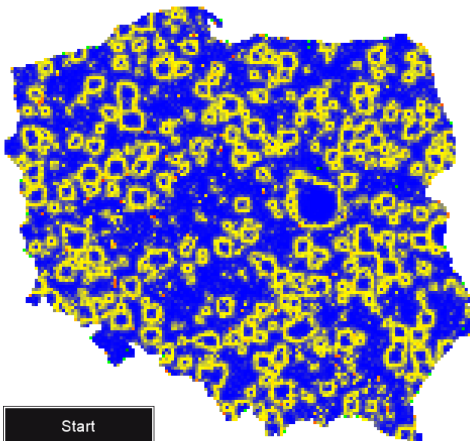
quarantined: 1641858
deaths: 57828



SEIQRD2

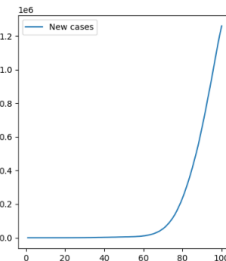
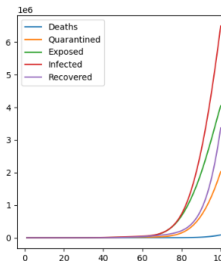
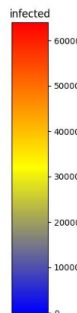
Covid Simulation

Day: 100



susceptible: 18958058
exposed: 4241285
infected: 6968611
recovered: 3804155
new cases: 1308760

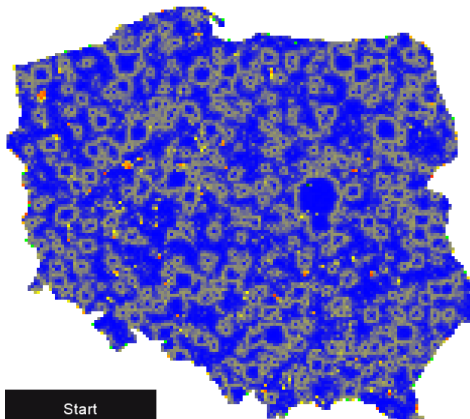
quarantined: 2214117
deaths: 97116
recovered 2: 21650



SEIQRD2V

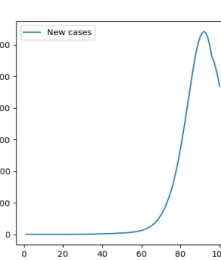
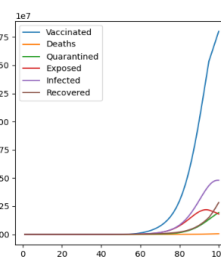
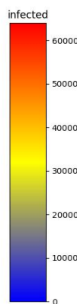
Covid Simulation

Day: 100



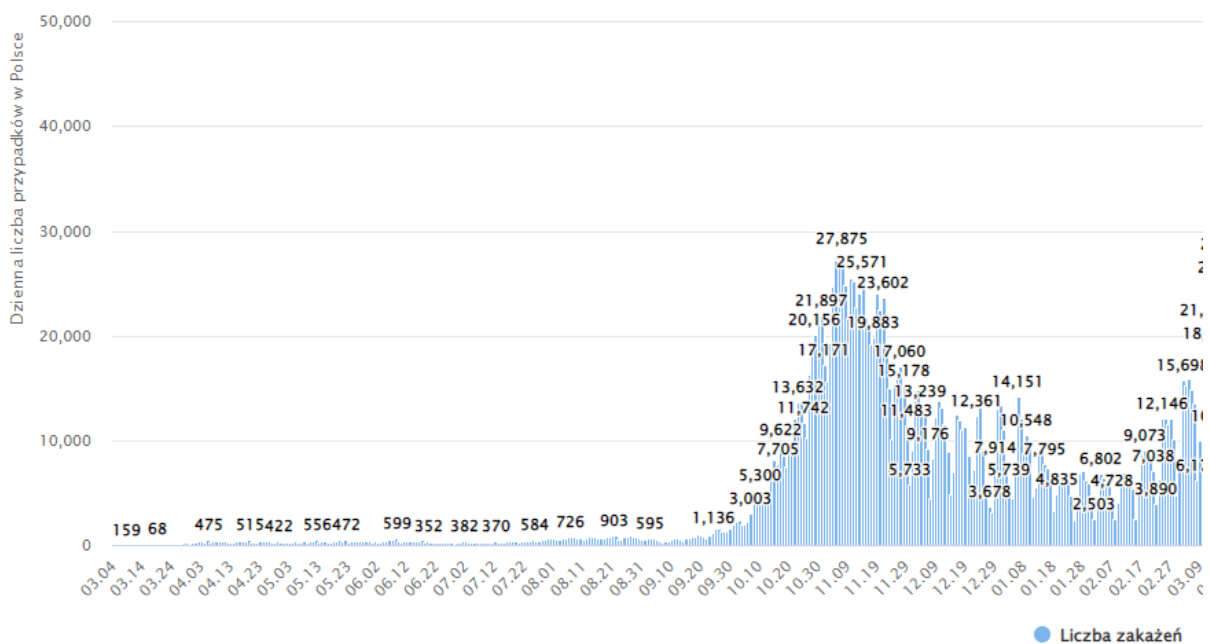
susceptible: 6153183
exposed: 1708441
infected: 4764575
recovered: 3139871
new cases: 435971

quarantined: 2026280
deaths: 67239
recovered 2: 22916
vaccinated: 18536553
recovered v: 89837



Powyżej zostały przedstawione wyniki symulacji dla każdego opracowanego modelu. Wszystkie symulacje zostały rozpoczęte mniej więcej w centrum Warszawy.

Jak widać najbardziej zbliżony do rzeczywistości jest model SEIGRD2V. Na wykresie z nowymi przypadkami można zauważyć spadek, który jest poprawną odpowiedzią na wprowadzenie kwarantanny oraz szczepień. Pojawianie się nienaturalnych okręgów, które zdecydowanie widać na mniej rozbudowanych modelach, nie jest aż tak wyraźne.



Powyższy wykres przedstawia statystyki zebrane dla Polski w pierwszej fazie pandemii koronawirusa. Spadek widoczny na wykresie jest bardzo podobny do tego, który wyliczyła nasza symulacja. Oczywiście jest, że wyniki nie są idealne. Niestety dobierając parametry nie mogliśmy się sugerować tym, co znaleźliśmy w opisanej na samym literaturze. Nasz model brał pod uwagę sąsiedztwo punktów, które nie było w żaden sposób rozważane w przeanalizowanych przez nas innych modelach. Dodatkowo byliśmy zmuszeni ograniczyć zakres sąsiedztw dla poszczególnych punktów, co na pewno wpłynęło dodatkowo na wyniki.

Podsumowując, symulacja stworzona przez nas nie jest idealnym odwzorowaniem przebiegu pandemii, jednak biorąc pod uwagę

ograniczenia z jakimi się spotkaliśmy, można zdecydowanie powiedzieć, że obliczone wyniki są zadowalające.