



Politechnika Krakowska
Wydział Informatyki i Telekomunikacji

Studia Stacjonarne

Sprawozdanie z przedmiotu:

Systemy Złożone

Autorzy:

Mateusz Wójtowicz, SIiRRz2

Jakub Kiełński, SIiRRz1

Spis treści

<i>Temat projektu</i>	4
<i>Wstęp</i>	4
<i>Opis najważniejszych elementów kodu</i>	4
Reprezentacja agentów i ich stany	4
Atrybuty agentów i heterogeniczność populacji	5
Mechanizm zakażenia.....	5
Ozdrowienie i ponowne zakażenie.....	5
<i>Struktura sieci kontaktów</i>	6
Rejestrowanie wyników symulacji i wizualizacja	6
<i>Opis modelu agentowego</i>	6
<i>Struktura sieci kontaktów</i>	7
Sieć Erdősa–Rényiego (ER)	7
Sieć Barabásiego–Alberta (BA)	7
Sieć Watts–Strogatza (WS)	7
Stochastic Block Model (SBM)	7
<i>Scenariusze symulacyjne</i>	8
Scenariusz bazowy	8
Scenariusz z parametrami zbliżonymi do COVID-19	8
Scenariusz z parametrami zbliżonymi do grypy	8
Scenariusz z możliwością ponownego zakażenia	8
<i>Wyniki i analiza</i>	9
Scenariusz bazowy	9
Analiza dla scenariusza bazowego.....	11
Scenariusz z parametrami zbliżonymi do COVID-19	11
Analiza dla scenariusza COVID-19.....	13
Scenariusz z parametrami zbliżonymi do grypy.....	13
Analiza dla scenariusza grypa	15
Scenariusz z możliwością ponownego zakażenia	15
Analiza dla scenariusza z możliwością ponownego zakażenia.....	17
<i>Wnioski</i>	17

Rysunek 1 Reprezentacja agentów i ich stany	4
Rysunek 2 Atrybuty agentów i heterogeniczność populacji.....	5
Rysunek 3 Mechanizm zakażenia	5
Rysunek 4 Mechanizm ozdrowienia	5
Rysunek 5 Mechanizm ponownego zakażenia.....	5
Rysunek 6 Budowanie sieci.....	6
Rysunek 7 Rejestrowanie wyników symulacji i wizualizacja.....	6
Rysunek 8 Przykładowa symulacja dla sieci WS.....	9
Rysunek 9 Scenariusz bazowy - liczba zakażonych agentów w czasie	10
Rysunek 10 Scenariusz bazowy - Skumulowana liczba zakażonych agentów	10
Rysunek 11 Przykładowa symulacja dla sieci SBM	11
Rysunek 12 Scenariusz COVID19 - liczba zakażonych agentów w czasie	12
Rysunek 13 Scenariusz COVID19 - Skumulowana liczba zakażonych agentów	12
Rysunek 14 Przykładowa symulacja dla sieci BA	13
Rysunek 15 Scenariusz grypa - liczba zakażonych agentów w czasie.....	14
Rysunek 16 Scenariusz grypa - Skumulowana liczba zakażonych agentów	14
Rysunek 17 Przykładowa symulacja dla sieci ER.....	15
Rysunek 18 Scenariusz z ponownym zakażeniem - liczba zakażonych agentów w czasie	16
Rysunek 19 Scenariusz z ponownym zakażeniem - Skumulowana liczba zakażonych agentów ..	16

Temat projektu

„Epidemiologiczne modele agentowe. Symulacja rozprzestrzeniania się epidemii w zależności od cech agentów, struktury społecznej i zaraźliwości choroby”.

Wstęp

Celem projektu było zaimplementowanie i analiza agentowego modelu epidemiologicznego opisującego rozprzestrzenianie się choroby zakaźnej w populacji o określonej strukturze kontaktów społecznych. W modelu uwzględniono indywidualne cechy agentów, takie jak podatność na zakażenie oraz próg odporności, a także różne topologie sieci kontaktów, które wpływają na dynamikę epidemii.

W ramach projektu przeprowadzono symulacje dla kilku scenariuszy, w tym dla parametrów zbliżonych do COVID-19 i grypy, a także dla modelu umożliwiającego ponowne zakażenie agentów. Wyniki symulacji zostały przedstawione w postaci wykresów oraz animacji, co pozwoliło na porównanie przebiegu epidemii w zależności od zaraźliwości wirusa oraz struktury sieci.

Opis najważniejszych elementów kodu

Reprezentacja agentów i ich stany

Każdy agent w modelu reprezentuje pojedynczą osobę w populacji i może znajdować się w jednym z trzech stanów epidemiologicznych: podatny, zakażony lub ozdrowiały. Stany te są kodowane numerycznie, co upraszcza operacje na wektorach stanów podczas symulacji.

```
1  SUSC, INF, REC = 0, 1, 2
2
3  @dataclass
4  class AgentAttributes:
5      susceptibility: np.ndarray
6      resistance_threshold: np.ndarray
7
8
9  def init_agent_attributes(n: int, use_heterogeneity: bool = True) -> AgentAttributes:
10     if not use_heterogeneity:
11         return AgentAttributes(
12             susceptibility=np.ones(n, dtype=float),
13             resistance_threshold=np.full(n, 0.33, dtype=float)
14         )
15
16     susceptibility = np.random.uniform(SUSC_MIN, SUSC_MAX, size=n).astype(float)
17     resistance_threshold = np.random.uniform(RES_TH_MIN, RES_TH_MAX, size=n).astype(float)
18
19     return AgentAttributes(susceptibility=susceptibility, resistance_threshold=resistance_threshold)
20
21
22 def init_states(n: int, n_init_infected: int) -> np.ndarray:
23     states = np.full(n, SUSC, dtype=np.int8)
24     idx = np.random.choice(n, size=min(n_init_infected, n), replace=False)
25     states[idx] = INF
26
27     return states
```

Rysunek 1 Reprezentacja agentów i ich stany

Atrybuty agentów i heterogeniczność populacji

W modelu uwzględniono zróżnicowanie agentów poprzez indywidualną podatność na zakażenie oraz próg odporności. Parametry te są losowane dla każdego agenta i wpływają na decyzję o przejściu ze stanu podatnego do zakażonego.

```
susceptibility = np.random.uniform(SUSC_MIN, SUSC_MAX, size=n).astype(float)
resistance_threshold = np.random.uniform(RES_TH_MIN, RES_TH_MAX, size=n).astype(float)
```

Rysunek 2 Atrybuty agentów i heterogeniczność populacji

Mechanizm zakażenia

Zakażenie agenta może wystąpić wyłącznie wtedy, gdy posiada on co najmniej jednego zakażonego sąsiada w sieci kontaktów. Proces infekcji oparty jest na wielokrotnym losowaniu, a uzyskany wynik porównywany jest z indywidualnym progiem odporności agenta.

```
for _ in range(n_trials):
    if np.random.rand() < p:
        successes += 1

infection_score = successes / float(n_trials)
if infection_score > attrs.resistance_threshold[v]:
    new_infected[v] = True
```

Rysunek 3 Mechanizm zakażenia

Ozdrowienie i ponowne zakażenie

W podstawowym wariancie modelu zastosowano mechanizm ozdrowienia, w którym zakażony agent przechodzi do stanu ozdrowiałego z określonym prawdopodobieństwem. W rozszerzonym wariancie SIRS wprowadzono dodatkowo możliwość utraty odporności i ponownego przejścia do stanu podatnego.

```
recover = (np.random.rand(n) < gamma) & infected_before
new_states[recover] = REC
```

Rysunek 4 Mechanizm ozdrowienia

```
lose_immunity = (np.random.rand(n) < omega) & recovered_before
new_states[lose_immunity] = SUSC
```

Rysunek 5 Mechanizm ponownego zakażenia

Struktura sieci kontaktów

Kontakty społeczne pomiędzy agentami zostały odwzorowane za pomocą czterech typów sieci: losowej, bezskalowej, małego świata oraz sieci z wyraźnym podziałem na społeczności. Każda z tych struktur charakteryzuje się inną topologią, co wpływa na dynamikę rozprzestrzeniania się epidemii.

```
G_nt = build_network(nt, N_AGENTS, seed=RANDOM_SEED)
```

Rysunek 6 Budowanie sieci

Rejestrowanie wyników symulacji i wizualizacja

W trakcie symulacji zapisywana jest liczba aktualnie zakażonych agentów oraz liczba nowych zakażeń w kolejnych krokach czasowych. Dane te wykorzystywane są do tworzenia wykresów oraz animacji przedstawiających przebieg epidemii w czasie.

```
for _ in range(T):
    I_hist.append(int(np.sum(states == INF)))

    states, new_inf = sir_step(
        G, states, attrs,
        virus_infectivity=virus_infectivity,
        n_trials=n_trials,
        gamma=gamma
    )
    new_inf_hist.append(int(new_inf))

    if I_hist[-1] == 0 and len(I_hist) > 1:
        break
```

Rysunek 7 Rejestrowanie wyników symulacji i wizualizacja

Opis modelu agentowego

Zastosowany w projekcie model epidemiologiczny jest modelem agentowym, w którym każdy agent reprezentuje pojedynczą osobę w populacji. Model opisuje rozprzestrzenianie się choroby

zakaźnej na podstawie lokalnych interakcji pomiędzy agentami połączonymi w sieć kontaktów społecznych.

Każdy agent może znajdować się w jednym z trzech stanów epidemiologicznych: podatny, zakażony lub ozdrowiały. Przejście ze stanu podatnego do zakażonego możliwe jest wyłącznie w wyniku kontaktu z zakażonym sąsiadem, natomiast przejście do stanu ozdrowiałego następuje z określonym prawdopodobieństwem. W rozszerzonym wariancie modelu uwzględniono również możliwość utraty odporności i ponownego zakażenia.

Model uwzględnia zróżnicowanie populacji poprzez indywidualne cechy agentów, takie jak podatność na zakażenie oraz próg odporności. Dzięki temu symulacja lepiej odzwierciedla rzeczywiste warunki, w których nie wszyscy uczestnicy populacji reagują w jednakowy sposób na kontakt z chorobą.

Struktura sieci kontaktów

Sieć Erdősa–Rényiego (ER)

Sieć Erdősa–Rényiego charakteryzuje się losowym rozmieszczeniem połączeń pomiędzy agentami, co prowadzi do stosunkowo jednorodnej struktury kontaktów. Każdy agent ma zbliżoną liczbę sąsiadów, a brak wyraźnie wyróżnionych węzłów sprawia, że epidemia rozprzestrzenia się w sposób równomierny w całej populacji.

Sieć Barabásiego–Alberta (BA)

Model Barabásiego–Alberta opisuje sieć bezskalową, w której występują węzły o bardzo dużej liczbie połączeń. Obecność takich węzłów sprzyja szybkiemu rozprzestrzenianiu się epidemii, ponieważ zakażenie jednego centralnego agenta może prowadzić do infekcji dużej liczby innych osób.

Sieć Wattsa–Strogatza (WS)

Sieć Wattsa–Strogatza reprezentuje strukturę małego świata, łączącą silne lokalne powiązania z krótkimi ścieżkami pomiędzy odległymi węzłami. Taki układ powoduje, że epidemia może szybko rozprzestrzeniać się lokalnie, natomiast przenoszenie choroby pomiędzy różnymi grupami agentów następuje wolniej.

Stochastic Block Model (SBM)

Stochastic Block Model opisuje sieć z wyraźnym podziałem na społeczności, w których liczba połączeń wewnętrznych jest znacznie większa niż liczba połączeń pomiędzy grupami. Taka struktura umożliwia obserwację lokalnych ognisk epidemii oraz opóźnień w rozprzestrzenianiu się choroby pomiędzy różnymi częściami populacji.

Scenariusze symulacyjne

Scenariusz bazowy

Scenariusz bazowy obejmował symulację rozprzestrzeniania się choroby przy umiarkowanej zaraźliwości wirusa, dla której **parametr zaraźliwości ustawiono na poziomie 0.05**, oraz standardowym mechanizmie ozdrowienia. Jego celem było uzyskanie punktu odniesienia do dalszych analiz oraz obserwacja podstawowej dynamiki epidemii w różnych strukturach sieci kontaktów.

Scenariusz z parametrami zbliżonymi do COVID-19

W tym scenariuszu zastosowano zwiększoną **wartość parametru zaraźliwości wirusa na 0.12**, co odpowiada chorobie o wysokim potencjale transmisji, takiej jak COVID-19. Pozwoliło to na analizę szybkiego wzrostu liczby zakażonych oraz porównanie tempa rozprzestrzeniania się epidemii w zależności od typu sieci kontaktów społecznych.

Scenariusz z parametrami zbliżonymi do grypy

Scenariusz grypy charakteryzował się niższą zaraźliwością wirusa, dla której **parametr zaraźliwości ustawiono na poziomie 0.04**, co skutkowało wolniejszym przebiegiem epidemii oraz mniejszą liczbą jednocześnie zakażonych agentów. Dzięki temu możliwe było wyraźniejsze zaobserwowanie wpływu struktury sieci na dynamikę rozprzestrzeniania się choroby.

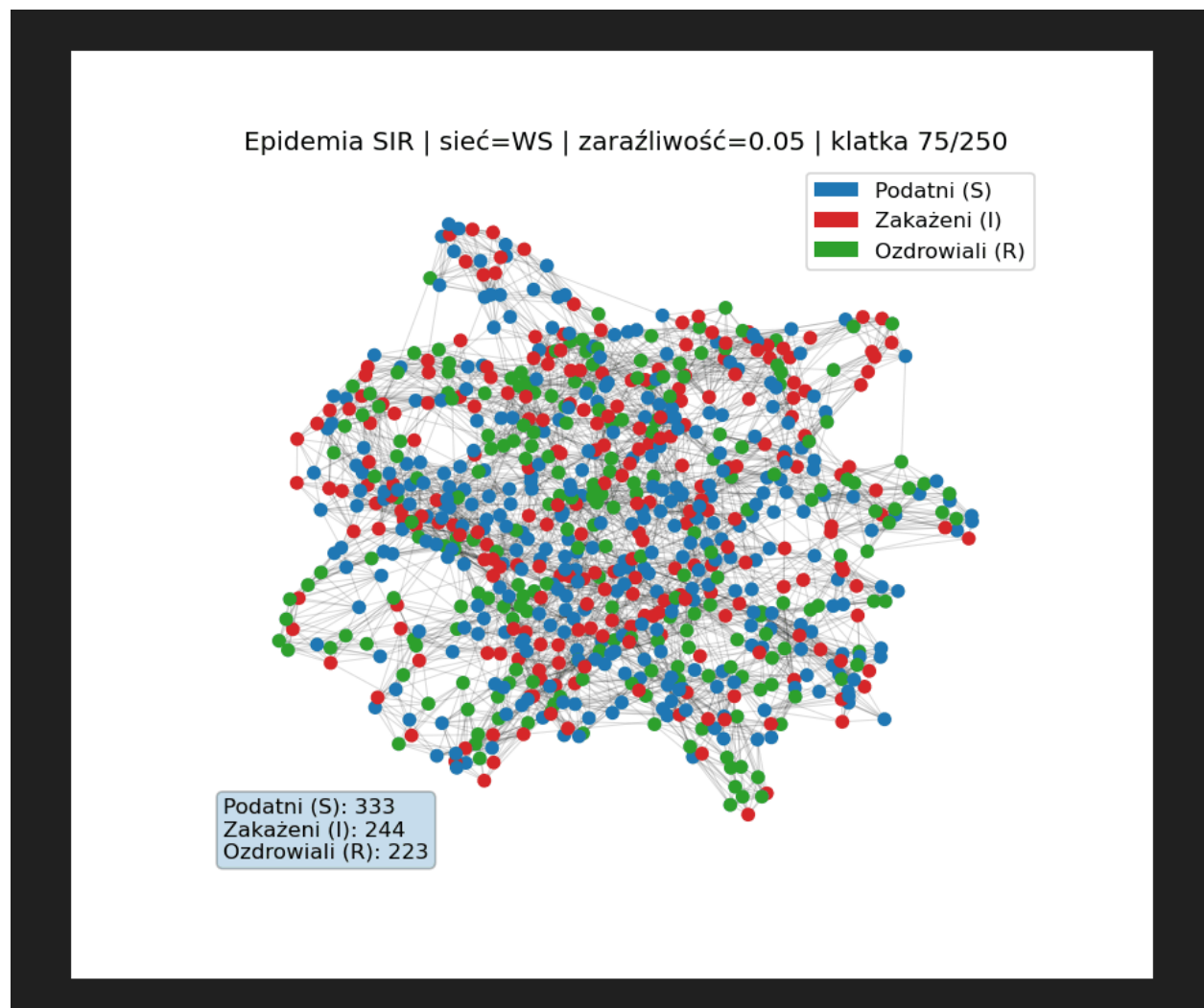
Scenariusz z możliwością ponownego zakażenia

Ostatni scenariusz rozszerzał model o **mechanizm utraty odporności i ponownego przejścia agentów do stanu podatnego**. W tym wariantcie zastosowano **parametr zaraźliwości równy 0.05**, co umożliwiło analizę długoterminowego zachowania epidemii oraz sytuacji, w której liczba zakażonych nie spada do zera, lecz stabilizuje się na pewnym poziomie w czasie.

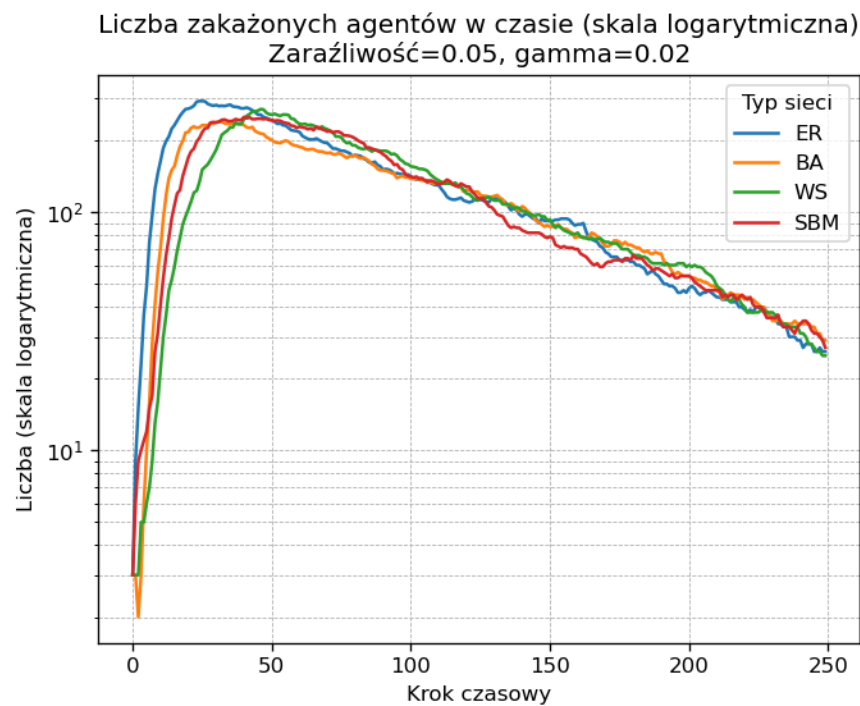
Wyniki i analiza

Scenariusz bazowy

Symulacje dla każdej sieci można zobaczyć w katalogu **/simulation** w kodzie źródłowym.

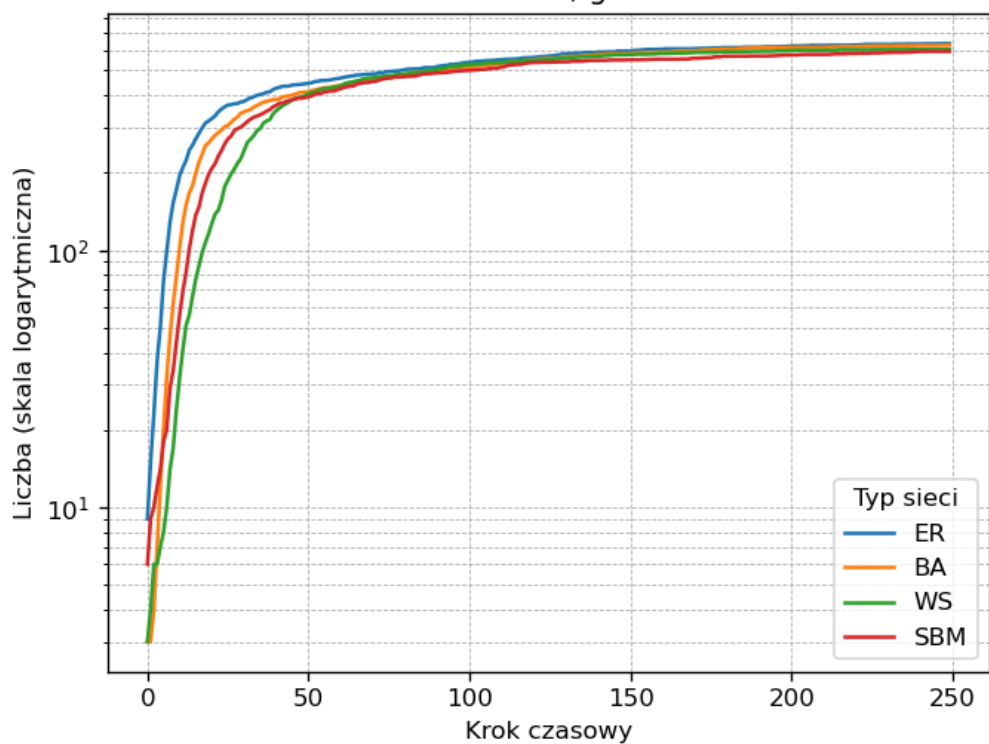


Rysunek 8 Przykładowa symulacja dla sieci WS



Rysunek 9 Scenariusz bazowy - liczba zakażonych agentów w czasie

Skumulowana liczba agentów, którzy zarazili się do tej pory (skala logarytmiczna)
Zaraźliwość=0.05, gamma=0.02



Rysunek 10 Scenariusz bazowy - Skumulowana liczba zakażonych agentów

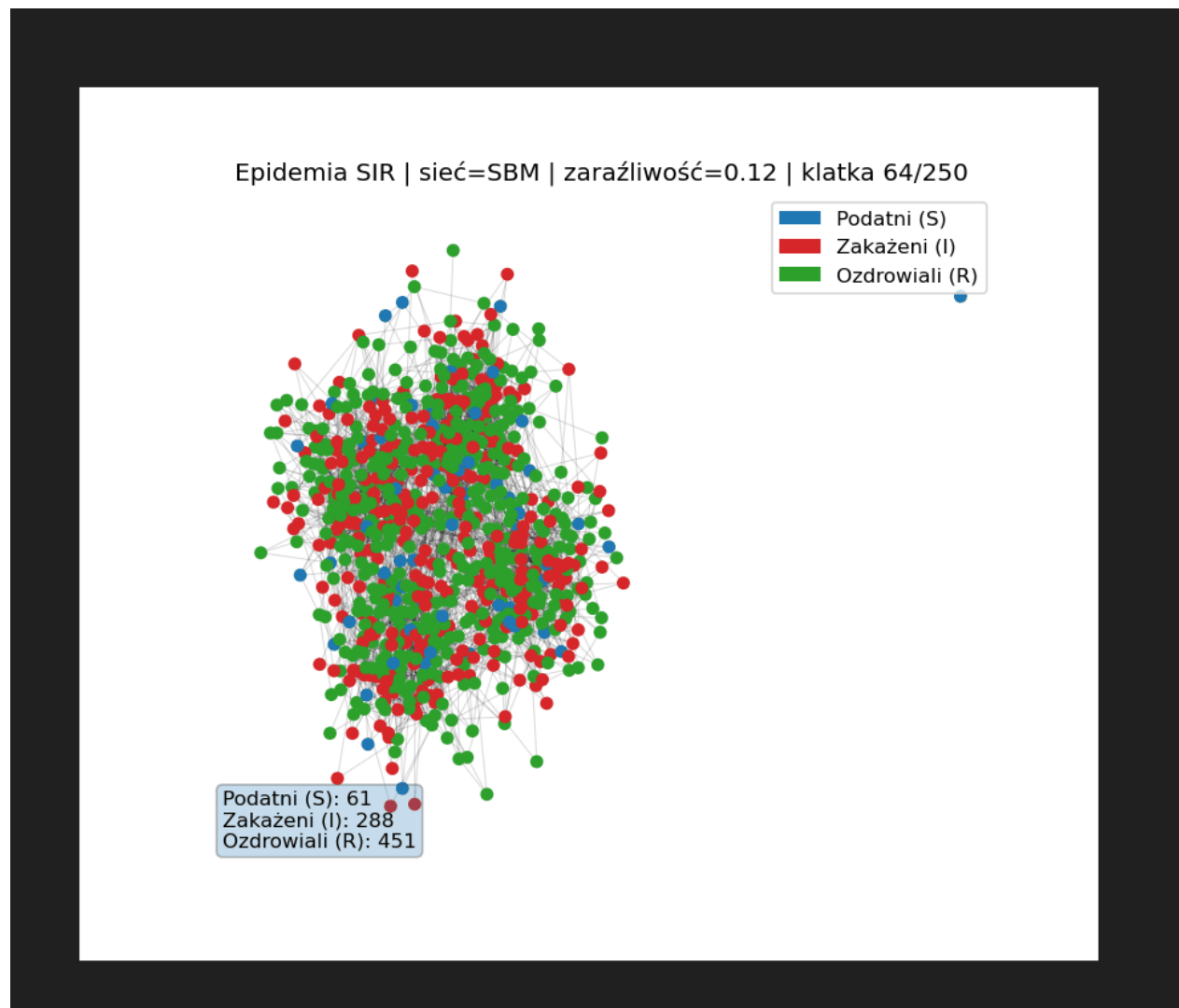
Analiza dla scenariusza bazowego

Na wykresie liczby zakażonych agentów w czasie widać szybki wzrost liczby infekcji we wszystkich typach sieci, po którym następuje stopniowy spadek związany z procesem ozdowień. Różnice pomiędzy sieciami są widoczne głównie w początkowej fazie epidemii, gdzie sieci ER i BA charakteryzują się szybszym wzrostem liczby zakażonych niż sieci WS i SBM.

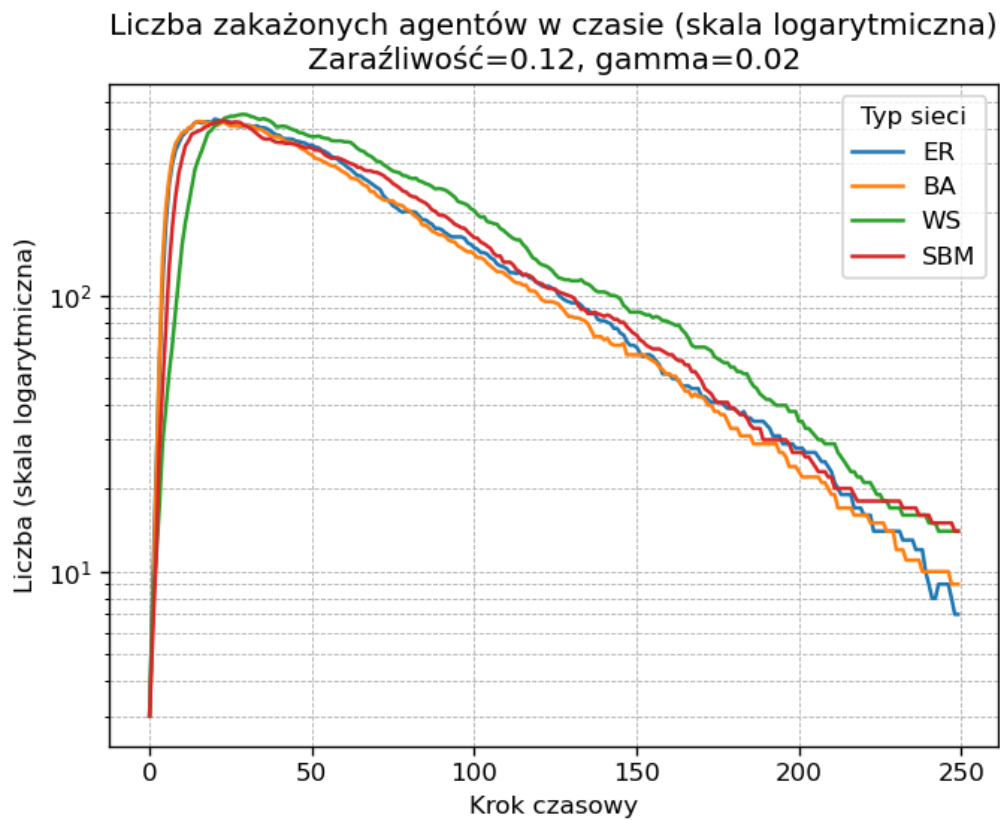
Wykres skumulowanej liczby zakażonych pokazuje, że wraz z upływem czasu liczba agentów, którzy ulegli zakażeniu, stabilizuje się na podobnym poziomie dla wszystkich typów sieci. Oznacza to, że przy umiarkowanej zaraźliwości wirusa struktura sieci wpływa przede wszystkim na tempo rozprzestrzeniania się epidemii, natomiast końcowy zasięg infekcji w populacji pozostaje zbliżony.

Scenariusz z parametrami zbliżonymi do COVID-19

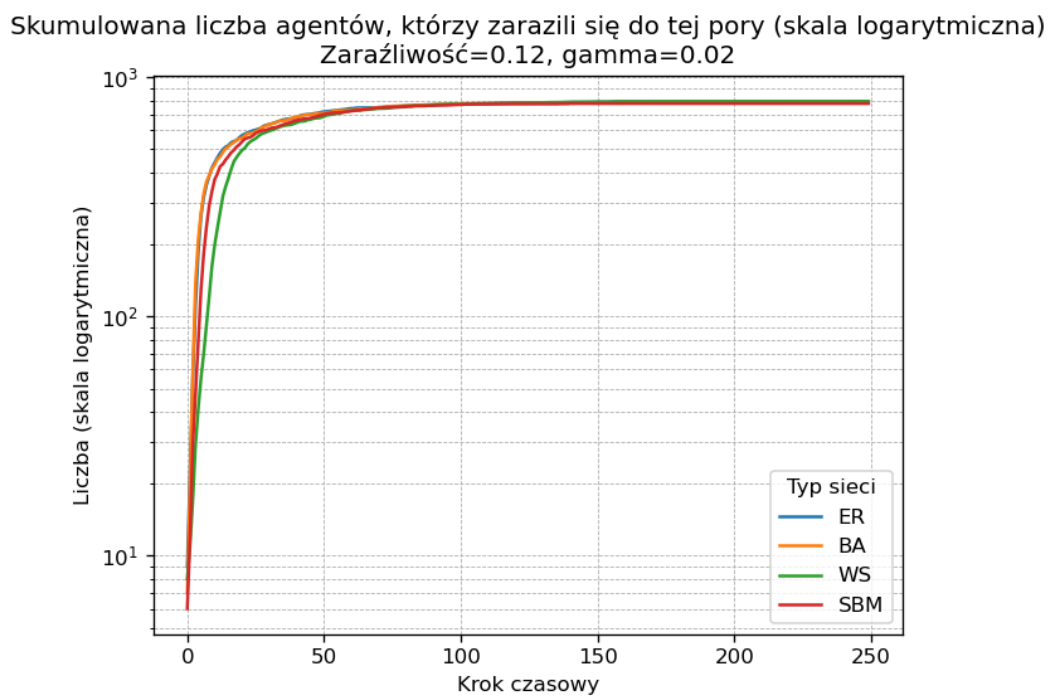
Symulacje dla każdej sieci można zobaczyć w katalogu `/simulation_covid` w kodzie źródłowym.



Rysunek 11 Przykładowa symulacja dla sieci SBM



Rysunek 12 Scenariusz COVID19 - liczba zakażonych agentów w czasie



Rysunek 13 Scenariusz COVID19 - Skumulowana liczba zakażonych agentów

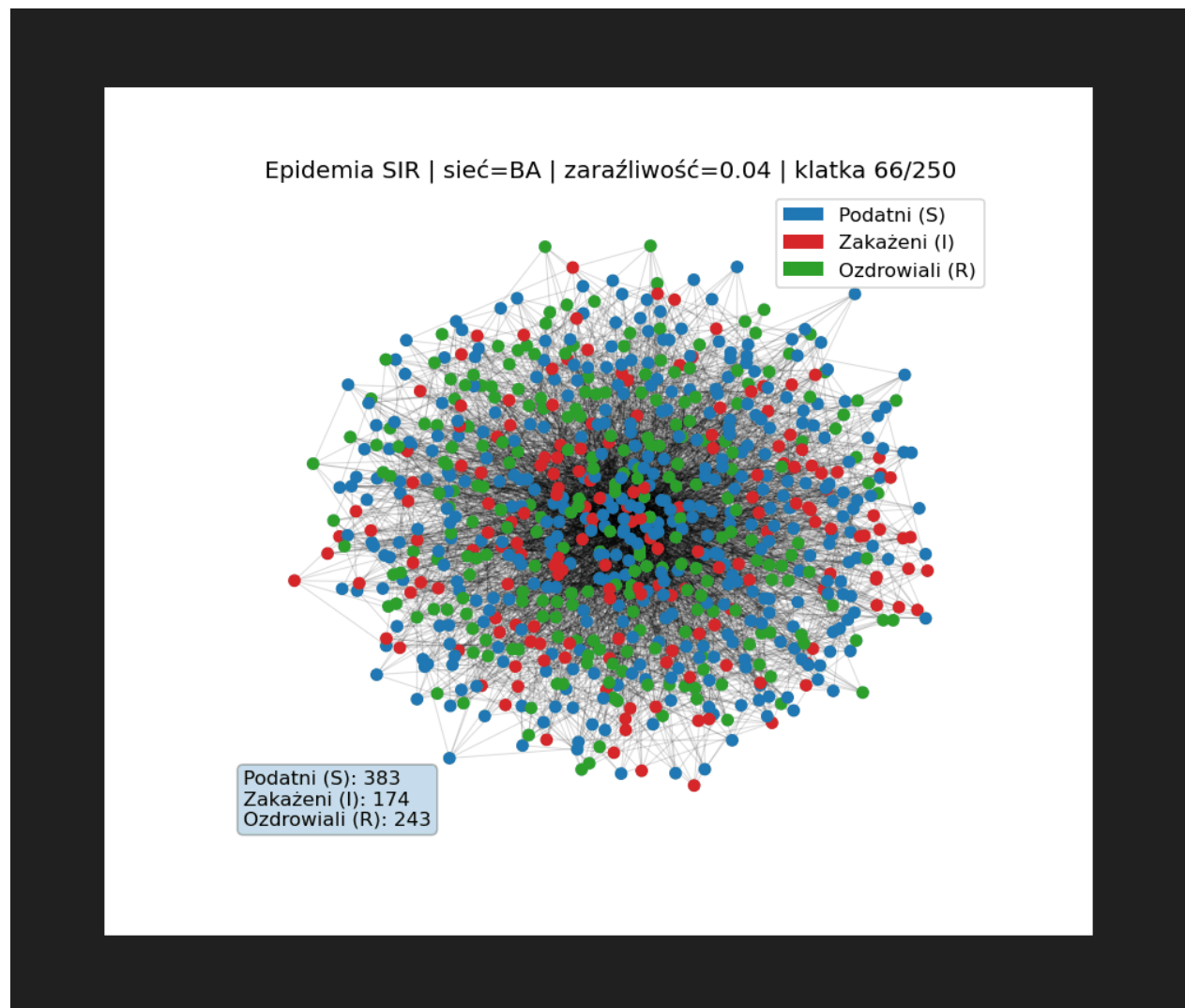
Analiza dla scenariusza COVID-19

W przypadku tego scenariusza liczba zakażonych agentów rośnie bardzo gwałtownie we wszystkich typach sieci, a maksimum epidemii osiągane jest w krótkim czasie. Różnice pomiędzy sieciami są widoczne głównie w początkowej fazie rozwoju epidemii, jednak przy tak wysokiej zaraźliwości mają one mniejszy wpływ na ogólną dynamikę zakażeń.

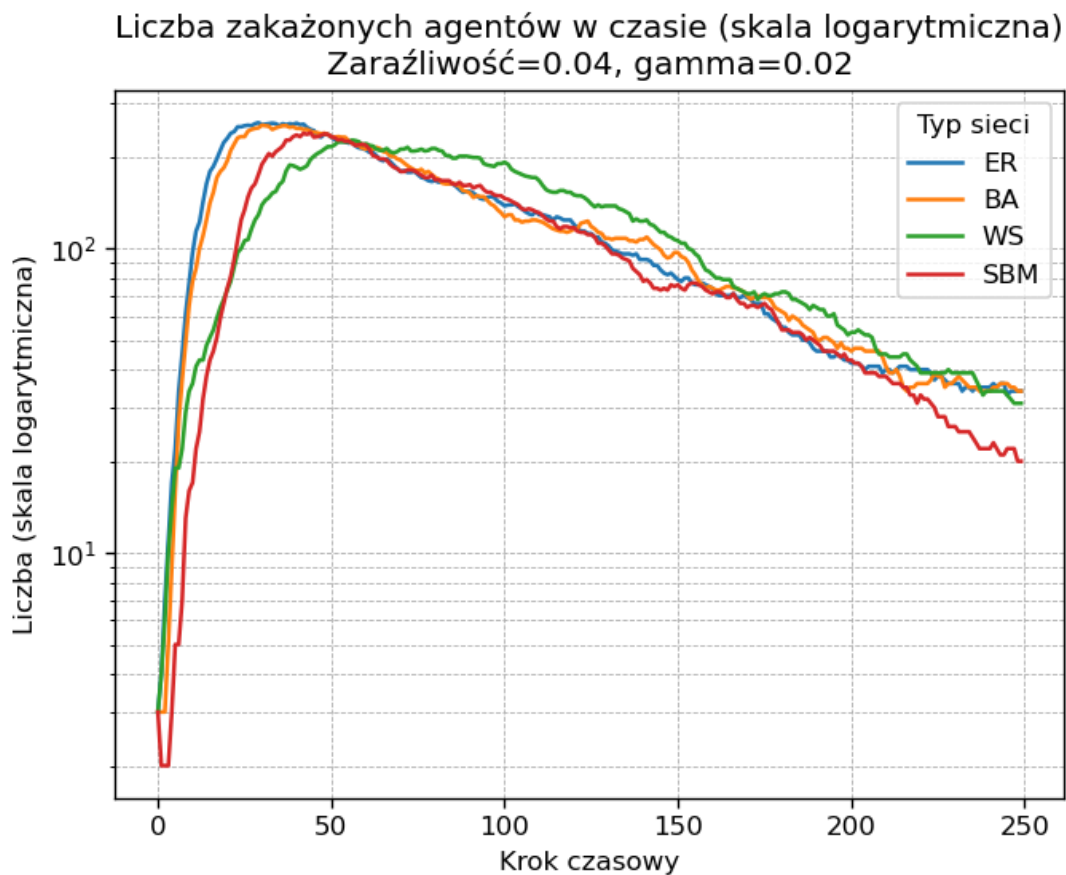
Wykres skumulowanej liczby zakażonych pokazuje szybkie nasycenie populacji i osiągnięcie wysokiego poziomu końcowego dla wszystkich modeli sieci. Oznacza to, że przy dużej zaraźliwości wirusa struktura sieci kontaktów społecznych wpływa przede wszystkim na tempo rozprzestrzeniania się epidemii, natomiast końcowy zasięg infekcji jest bardzo zbliżony.

Scenariusz z parametrami zbliżonymi do grypy

Symulacje dla każdej sieci można zobaczyć w katalogu `/simulation_flu` w kodzie źródłowym.

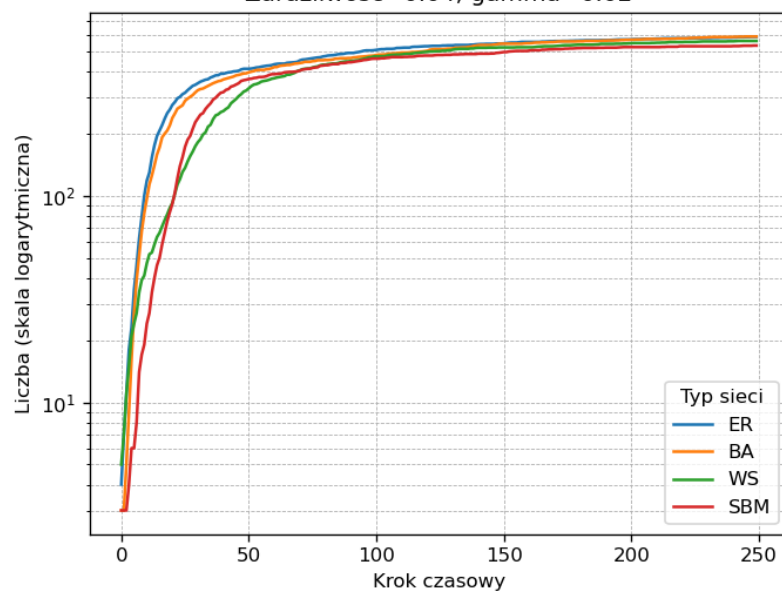


Rysunek 14 Przykładowa symulacja dla sieci BA



Rysunek 15 Scenariusz grypa - liczba zakażonych agentów w czasie

Skumulowana liczba agentów, którzy zarazili się do tej pory (skala logarytmiczna)
Zaraźliwość=0.04, gamma=0.02



Rysunek 16 Scenariusz grypa - Skumulowana liczba zakażonych agentów

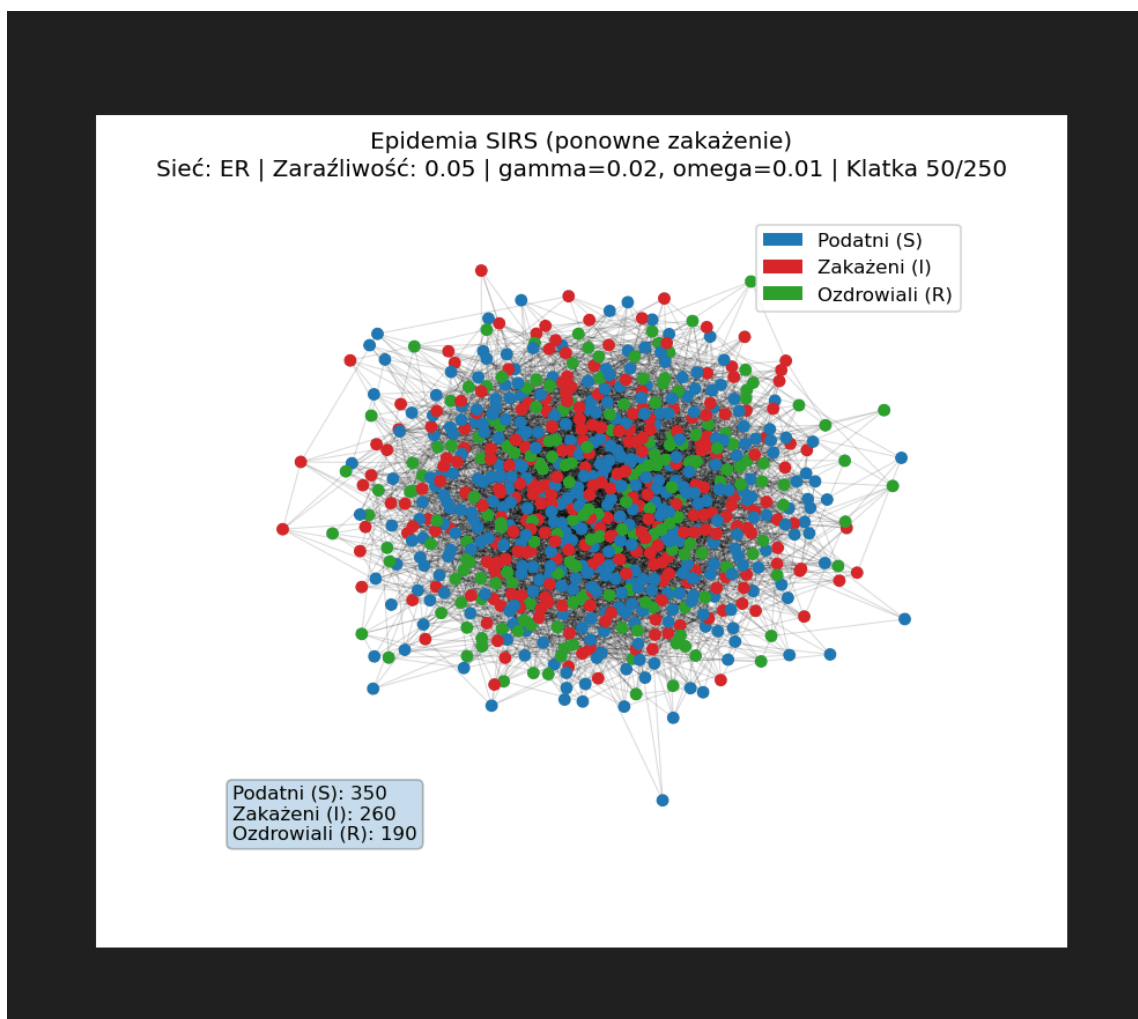
Analiza dla scenariusza grypa

W przypadku niższej zaraźliwości odpowiadającej grypie wzrost liczby zakażonych agentów jest wyraźnie wolniejszy, a maksimum epidemii osiągane jest później niż w scenariuszu bazowym i COVID-19. Różnice pomiędzy typami sieci są bardziej widoczne, szczególnie w początkowej fazie epidemii, co wskazuje na większy wpływ struktury kontaktów społecznych przy niższej transmisyjności wirusa.

Skumulowana liczba zakażonych rośnie stopniowo i osiąga niższy poziom końcowy niż w scenariuszu COVID-19, potwierdza to, że przy mniejszej zaraźliwości epidemia obejmuje mniejszą część populacji, a jej przebieg jest bardziej rozciągnięty w czasie.

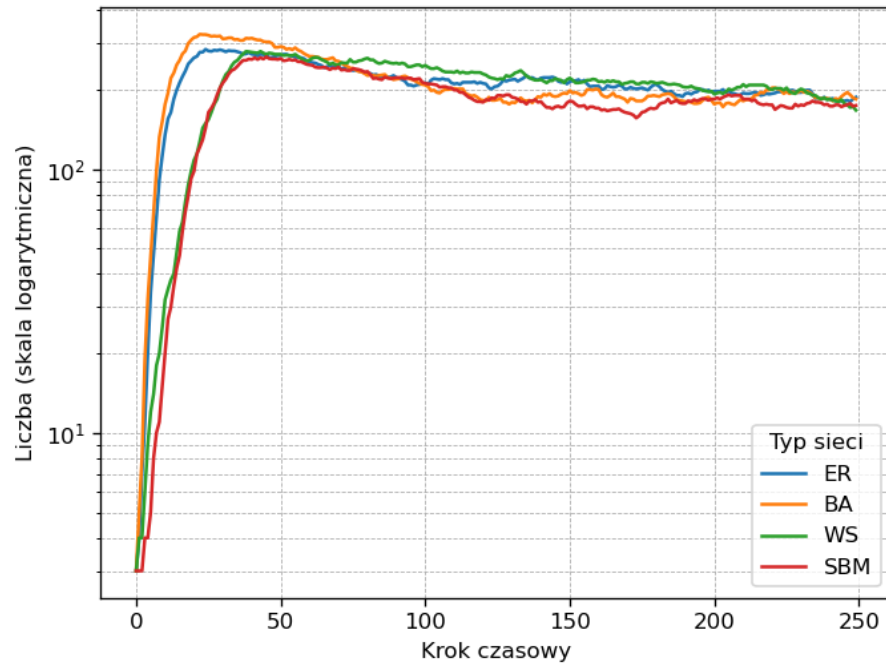
Scenariusz z możliwością ponownego zakażenia

Symulacje dla każdej sieci można zobaczyć w katalogu `/simulation_reinfection` w kodzie źródłowym.



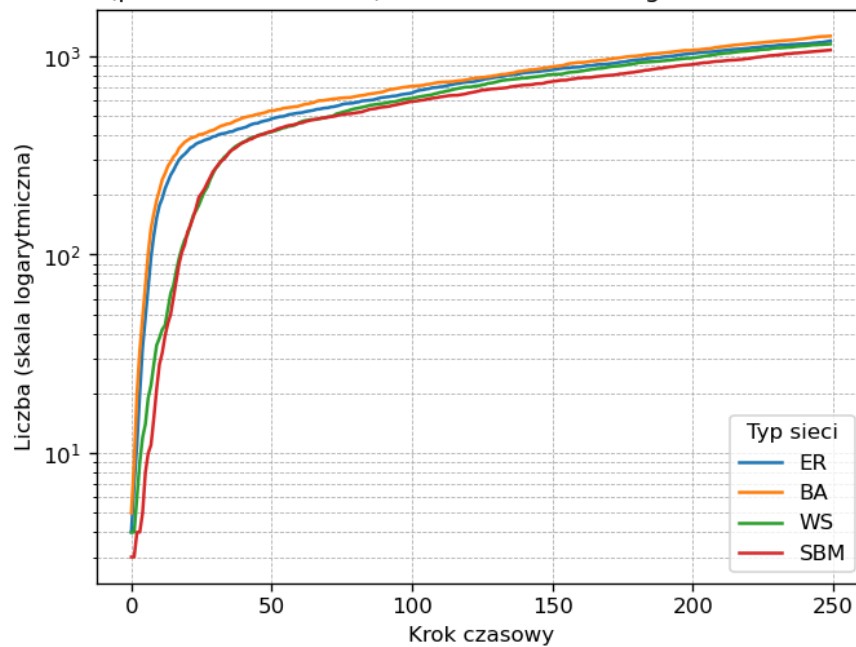
Rysunek 17 Przykładowa symulacja dla sieci ER

Liczba zakażonych agentów w czasie (skala logarytmiczna)
Model SIRS (ponowne zakażenie), zaraźliwość=0.05, gamma=0.02, omega=0.01



Rysunek 18 Scenariusz z ponownym zakażeniem - liczba zakażonych agentów w czasie

Skumulowana liczba agentów, którzy zarazili się do tej pory (skala logarytmiczna)
Model SIRS (ponowne zakażenie), zaraźliwość=0.05, gamma=0.02, omega=0.01



Rysunek 19 Scenariusz z ponownym zakażeniem - Skumulowana liczba zakażonych agentów

Analiza dla scenariusza z możliwością ponownego zakażenia

W tym modelu liczba zakażonych agentów po początkowym gwałtownym wzroście nie spada do zera, lecz stabilizuje się na zbliżonym poziomie dla wszystkich typów sieci. Oznacza to, że utrata odporności prowadzi do utrzymywania się choroby w populacji przez dłuższy czas.

Skumulowana liczba zakażonych agentów rośnie w sposób ciągły, ponieważ część agentów może ulegać zakażeniu wielokrotnie. Wpływ struktury sieci widoczny jest głównie w tempie narastania zakażeń, natomiast długoterminowe zachowanie systemu pozostaje podobne we wszystkich analizowanych modelach sieci.

Wnioski

Przeprowadzone symulacje pokazały, że struktura sieci kontaktów społecznych ma istotny wpływ na tempo rozprzestrzeniania się epidemii, szczególnie przy niższej zaraźliwości wirusa. W przypadku wysokiej zaraźliwości, jak w scenariuszu COVID-19, różnice pomiędzy sieciami stają się mniej widoczne, a epidemia szybko obejmuje dużą część populacji niezależnie od topologii sieci. Uwzględnienie zróżnicowanych cech agentów, takich jak podatność na zakażenie oraz próg odporności, pozwoliło na uzyskanie bardziej realistycznego przebiegu epidemii, a rozszerzenie modelu o możliwość ponownego zakażenia pokazało, że choroba może utrzymywać się w populacji przez długi czas, zamiast całkowicie wygasać.

Projekt potwierdza, że modele agentowe są skutecznym narzędziem do analizy procesów epidemiologicznych oraz wpływu struktury społecznej na dynamikę rozprzestrzeniania się chorób.