



Institutionen för
informationsteknologi
Beräkningsvetenskap

Besöksadress:
Ångströmlaboratorium hus 10
Lägerhyddsvägen 1

Postadress:
Box 337
751 05 Uppsala

Hemsida:
<http://www.it.uu.se/>

Department of
Information Technology
Scientific Computing

Visiting address:
Ångströmlaboratorium house 10
Lägerhyddsvägen 1

Postal address:
Box 337
SE-751 05 Uppsala
SWEDEN

Web page:
<http://www.it.uu.se/>

Projektuppgift Stokastiska simuleringar

Epidemimodellering

Mycket forskning och utveckling på epidemimodellering har på senaste tiden aktualiserats pga Covid-19. Det har visat sig att det nya viruset har nya och oväntade egenskaper där tidigare modeller inte har kunnat förutspå dess utveckling och där grupp beteendet, med tex social distansiering, inte har fångats in av modellerna. I det här projektet ska ni implementera och studera några välkända modeller, hämtade från [1], och sedan utöka och vidareutveckla en egen modell för smittspridning.

SIR-modellen

Grundmodellen för smittspridning är SIR-modellen som schematiskt kan beskrivas enligt följande.



Figur 1: SIR-modellen för smittspridning.

Om man betecknar antalet mottagliga för sjukdomen vid tidpunkten t för $S(t)$ (*Susceptible*), antalet infekterade (*Infectious*) som kan sprida smitta för $I(t)$ och slutligen antalet tillfrisknade/resistenta (*Recovered/Resistant*) för $R(t)$ så kan man ställa upp följande matematiska modell med system av ordinära differentialekvationer:

$$\begin{aligned}S'(t) &= -\beta \frac{I(t)}{N} S(t) \\I'(t) &= \beta \frac{I(t)}{N} S(t) - \gamma I(t) \\R'(t) &= \gamma I(t)\end{aligned}$$

Här är

- N storleken på populationen
- β andelen mottagliga som blir exponerade för smitta per tidsenhet
- γ andelen sjuka som tillfrisknar per tidsenhet

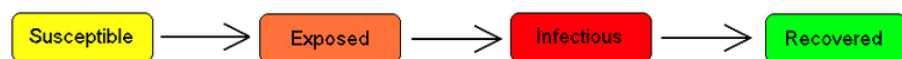


Med den här modellen kommer totala antalet individer att vara konstant hela tiden, $S(t) + I(t) + R(t) = N$. Modellera ekvationerna nu genom att lösa dem med SciPy's inbyggda ODE-lösare (eller med en egen lösare) för en population på 1000 personer där 5 stycken är infekterade. Vi tänker oss att vi modellerar smittspridning bland studenter på Ångström vid terminsstart. För parametrarna kan du använda följande värden $\beta = 0.3$ och $\gamma = 1/7$. Gör en simulering för höstterminen, $t = 0$ till $t = 120$, och plotta upp de tre kurvorna i samma diagram.

När det kommer till en så här liten population kan slumpen spela en stor roll och vi kan få stor variation på olika scenarier. Det kan då vara bättre att göra flera stokastiska simuleringar för att se spridningen i modellen och vilka eventuella värsta fall som kan inträffa. Gör nu om samma simulering men med Gillespies algoritm [2,4]. Du kan använda den givna funktionen `gillespie.py` men behöver själv implementera stokiometri-matrisen (stochiometry matrix) och propensitetsfunktionerna (propensities). Här kan du följa exemplet med rovdjur och bytesdjur som går igenom på föreläsningarna.

SEIR-modellen

En brist med modellen ovan är att den saknar inkubationstiden. Då kan man lägga till ett tillstånd exponerad (*Exposed*) i modellen mellan mottaglig och infekterad.



Figur 2: Smittspridning med inkubationstid.

Matematiskt blir då modellen

$$\begin{aligned}S'(t) &= -\beta \frac{I(t)}{N} S(t) \\E'(t) &= \beta \frac{I(t)}{N} S(t) - \alpha E(t) \\I'(t) &= \alpha E(t) - \gamma I(t) \\R'(t) &= \gamma I(t)\end{aligned}$$

där α^{-1} motsvarar inkubationstiden. Modellera SEIR-modellen stokastiskt med Gillespies algoritm och se vilken inverkan längden på inkubationstiden har.



SEIRD-modellen

Om vi antar att sjukdomen har en viss dödlighet kan vi lägga till ett nytt tillstånd i modellen $D(t)$, antalet döda, och då blir ekvationerna

$$\begin{aligned}S'(t) &= -\beta \frac{I(t)}{N} S(t) \\E'(t) &= \beta \frac{I(t)}{N} S(t) - \alpha E(t) \\I'(t) &= \alpha E(t) - \gamma I(t) - \mu I(t) \\R'(t) &= \gamma I(t) \\D'(t) &= \mu I(t)\end{aligned}$$

där μ andelen som dör per tidsenhet (mortality rate). Modellera ekvationerna stokastiskt och experimentera med olika dödligheter för sjukdomen.

Vaccinationsmodell

Slutligen har vi även fått fram ett vaccin till sjukdomen och då kan vi lägga till ett nytt tillstånd $V(t)$, vaccinerad. Här kan vi anta att vaccinationstakten v är konstant och då blir ekvationerna:

$$\begin{aligned}S'(t) &= -\beta \frac{I(t)}{N} S(t) - v \\E'(t) &= \beta \frac{I(t)}{N} S(t) - \alpha E(t) \\I'(t) &= \alpha E(t) - \gamma I(t) - \mu I(t) \\R'(t) &= \gamma I(t) \\D'(t) &= \mu I(t) \\V'(t) &= v\end{aligned}$$

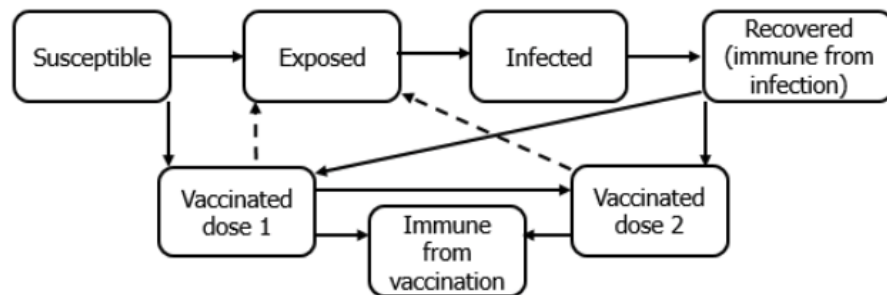
Modellera ekvationerna stokastiskt och experimentera med olika vaccinationstakter v . Hur påverkar det sjukdomen, hur många blir sjuka totalt, hur hög topp av infekterade får vi maximalt och hur snabbt avtar smittspridningen?

Variera även de andra parametrarna och se hur de samverkar och påverkar pandemiförloppet. I experimenten får ni kanske överdriva vissa parametrar för att förtydliga effekterna av de olika parametrarna och hur de påverkar smittspridningen.



Egen smittspridningsmodell

I vaccinationsprogrammet för Covid-19 måste man ta minst två sprutor för att få bra skydd mot allvarlig sjukdom. Försök att skapa en modell utifrån Folkhälsomyndighetens rapport [3], *Scenarier för fortsatt spridning - delrapport 5*. Här kan ni hitta följande flödesschema men ni kan behöva modifiera den lite för att kunna modellera den. Ni kan också utöka modellen efter egna ideer.



Figur 3: Folkhälsomyndighetens flödesschema för epidemimodellering av Covid-19.

Redovisning

Projektet ska redovisas i en projektrapport men gruppen ska också vara beredd på att muntligt redovisa sina resultat vid Seminarium 2. Rapporten ska innehålla en **metoddel** där ni beskriver modellerna och lösningsalgoritmerna, en **resultatdel** där ni redovisar era experiment och kommenterar resultaten med slutsatser, en **argumentationsdel** där ni argumenterar för giltigheten och säkerheten i simuleringarna samt diskuterar vilka fel och brister som finns i metoderna och modellerna och slutligen en **diskussionsdel** där ni diskuterar eventuella samhälleliga och etiska aspekter av en sådan här studie (tex vilken samhällsnytta kan det ge, finns det några etiska överväganden i modellen och hur man presenterar resultaten, kan man påverka människor på något sätt).

Referenser

1. https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_models_in_epidemiology
2. https://en.wikipedia.org/wiki/Gillespie_algorithm
3. <https://www.folkhalsomyndigheten.se/contentassets/0f5da1a87e8b4da0a6225aaaf86f61f0/scenarier-for-fortsatt-spridning-delrapport-5.pdf>



UPPSALA
UNIVERSITET

4. Andreas Hellander, Stochastic Simulation and Monte Carlo Methods, Institutionen för informationsteknologi, Uppsala universitet, 2009