

Laboratorium 3. Analiza wrażliwości modeli deterministycznych.

Celem laboratorium jest przećwiczenie przeprowadzenia lokalnej i globalnej analizy wrażliwości modelu deterministycznego przy wykorzystaniu stworzonego wcześniej solvera.

W ramach laboratorium należy zaimplementować metodę lokalnej (opartej o funkcje wrażliwości) i globalnej (opartej o wskaźniki Sobola) analizy wrażliwości. Stworzone algorytmy należy przetestować na dostarczonym przez prowadzącego modelu zgodnie z opisem jak poniżej. Ocena końcowa uzależniona będzie od poprawności wykonania ćwiczenia, jakości przygotowanego sprawozdania oraz wariantów analizy jakie zostaną zaimplementowane.

W ramach ćwiczenia należy:

1. Zaimplementować metodę lokalnej analizy wrażliwości opartą o funkcję wrażliwości przy czym obliczanie pochodnych może być wykonane automatycznie lub ręcznie. W tym drugim przypadku można wpisać je wprost do algorytmu lub przyjąć je jako elementy pliku wejściowego do algorytmu.
2. Zaimplementować metodę globalnej analizy wrażliwości opartą o wskaźniki Sobola.
3. Sprawdzić wpływ zmian każdego z parametrów układu na poziom białka p53 w przypadku komórek zdrowych bez uszkodzeń DNA (jak poprzedni scenariusz 1) oraz komórek nowotworowych z uszkodzeniem DNA (jak poprzedni scenariusz 3) przy wykorzystaniu obu metod.
4. Dla każdej z zaimplementowanych metod analizy wrażliwości sporządzić dwa rankingi parametrów pokazujących a) średni wpływ danego parametru w całym przedziale czasu (0-48h) b) wpływ jedynie w chwili końcowej ($t=48h$) na poziom białka p53 dla obu rozważanych przypadków (scenariusz 1 i 3). Pamiętać o normalizacji!
5. Zilustrować zmiany funkcji wrażliwości (lokalna) i/lub wskaźników Sobola (globalna) w czasie dla każdego ze scenariuszy osobno dla parametrów z pierwszego i ostatniego miejsca w rankingu – maksymalnie 8 wykresów.
6. Pokazać zmiany poziomu białka p53 przy zmianie o plus i minus 20% od wartości nominalnych parametrów zajmujących pierwsze i ostatnie miejsce rankingu. Zilustrować należy każdy z parametrów i każdą z metod osobno (w sumie maksymalnie 16 wykresów)

Implementacja jednej (wybranej) z metod analizy umożliwia zdobycie maksymalnej oceny 3. Do zdobycia wyższej oceny konieczna jest implementacja obu metod.

Sprawozdanie powinno zawierać:

1. Stronę tytułową z podaniem nazwisk osób wykonujących ćwiczenie
2. Wyjaśnienie zaimplementowanych metod w szczególności sposób obliczenia pochodnych w metodzie analizy lokalnej i losowania parametrów w analizie globalnej.
3. Wzory wykorzystane przy normalizacji i budowie rankingów.
4. Wszystkie wykresy zgodnie z wyjaśnieniami przedstawionymi powyżej.
5. Wnioski końcowe zawierające komentarz uzyskanych wyników np. czy kolejność parametrów w rankingach jest jednakowa czy się zmienia, czy różnice w pozycji w rankingu przekładają się na zmiany poziomu białka p53 itp.

Do sprawozdania należy dołączyć skomentowany kod programu oraz jego działającą skompilowaną wersję. Proszę pamiętać że skompilowany program powinien uruchamiać się na standardowym sprzęcie z systemem Windows 10 bez konieczności instalowania dodatkowego oprogramowania.