

MiOIB

Model epidemiologiczny - SIR

Marcin Mrugas, 122580

22. stycznia 2019

1. Wstęp

W środowisku, w którym jest używane coraz więcej leków i antybiotyków, choroby cały czas mutują i zmieniają się co prowadzi do powstania nowych zarazków i niebezpieczeństw dla człowieka. Ważną wtedy wydaje się możliwość przewidzenia jakie skutki epidemia może powodować w zależności od jej parametrów takich jak na przykład zaraźliwość, czy śmiertelność. Przeprowadziłem symulację sprawdzającą przeżywalność populacji w obliczu choroby zakaźnej. Do projektu wykorzystałem środowisko Repast 3 pozwalające przeprowadzać symulacje wieloagentowe.

2. Rys historyczny

Pierwsze próby opisanie zagadnienia epidemii podjęli w 1927 roku A. G. McKendrick oraz W. O. Kermack, którzy badali prędkość rozprzestrzeniania się chorób wśród populacji. Powstały wtedy model SIR opisywał dynamikę chorób i był później rozwijany, aby uwzględnić wiek osobnika, wskaźniki imigracji, współczynniki umieralności czy też ryzyko zakażenia. W eksperymencie zaimplementowałem i zbadałem podstawowy model, ale jest możliwe łatwe wprowadzenie poprawek i rozwinięcie modelu.

3. Model SIR

Podczas epidemii na początku większość ludzi jest podatna na chorobę. Po zakażeniu takie osoby mogą zarażać innych i muszą przechorować określony czas, aby na końcu wyzdrowieć i uzyskać odporność na chorobę. Przedstawiony model należy do najprostszych i składa się z trzech składników:

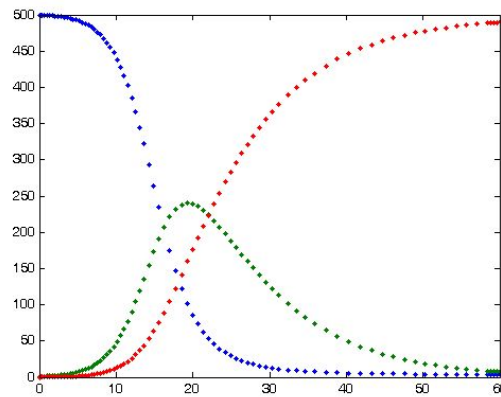
- S - susceptible, czyli osoby podatne na chorobę,
- I - infectious, czyli osoby zakażone, które rozprzestrzeniają zarazę,
- R - recovered, czyli osoby uodpornione.



Zmienne S, I oraz R będą oznaczać liczbę osobników, czyli w zależności od czasu możemy badać trzy funkcje S(t), I(t), R(t), które pozwalają zamodelować dynamikę eksperymentu. Opisany model można przedstawić wtedy jako zbiór trzech równań:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \frac{\beta IS}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta IS}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I\end{aligned}$$

Gdzie β odpowiada za zachorowalność choroby, zaś γ jest związany czasem wyzdrowienia pacjenta. Wtedy dla choroby dla której czas rekonwalescencji trwa średnio D dni, możemy obliczyć γ jako $D = \frac{1}{\gamma}$. Model zakłada także stałą liczbę populacji - N . Przykład pokazujący zależności pomiędzy funkcjami został przedstawiony na rysunku 1. W eksperymencie starałem się sprawdzić czy za pomocą środowiska Repast można uzyskać podobne wyniki.



Rys 1. Wykres przedstawiający matematyczny model

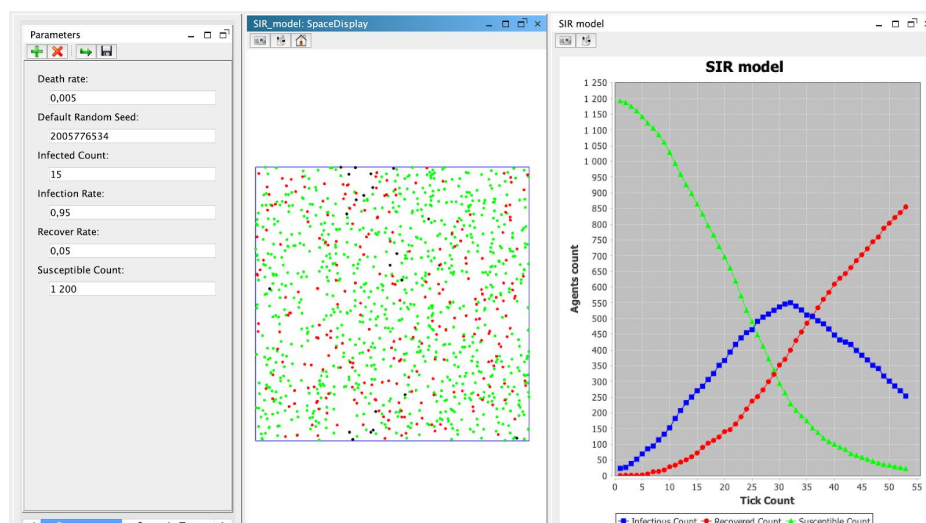
4. Opis projektu

Aby zasymulować przebieg epidemii stworzyłem trzy klasy imitujące osobniki S, I oraz R, które poruszają się po torusie i wchodzi w interakcje. Symulację opisuje 5 parametrów:

- Susceptible count (*sc*) - liczba osób podatnych na chorobę,
- Infected count (*ic*) - liczba osób zakażonych,
- Infection rate (*ir*) - wskaźnik zachorowalności,
- Recover rate (*rr*) - wskaźnik wyzdrowień
- Death rate (*dr*) - wskaźnik umieralności.

Symulowany świat składa się z planszy o wymiarach 50x50 pól. Wszystkie osobniki poruszają się losowo o odległość 1 pola z losowym kątem w każdej turze. Osobniki typu S są zakażane przez osobniki typu I z prawdopodobieństwem *ir*. Osobniki typu I mogą dodatkowo umrzeć w każdej turze z prawdopodobieństwem *rr* lub wyzdrowieć z prawdopodobieństwem *dr*. Osobniki uodpornione nie wchodzi już w interakcję i tylko poruszają się po świecie symulacji. Ten model nie zakłada stałej liczby populacji ze względu na śmiertelność osobników.

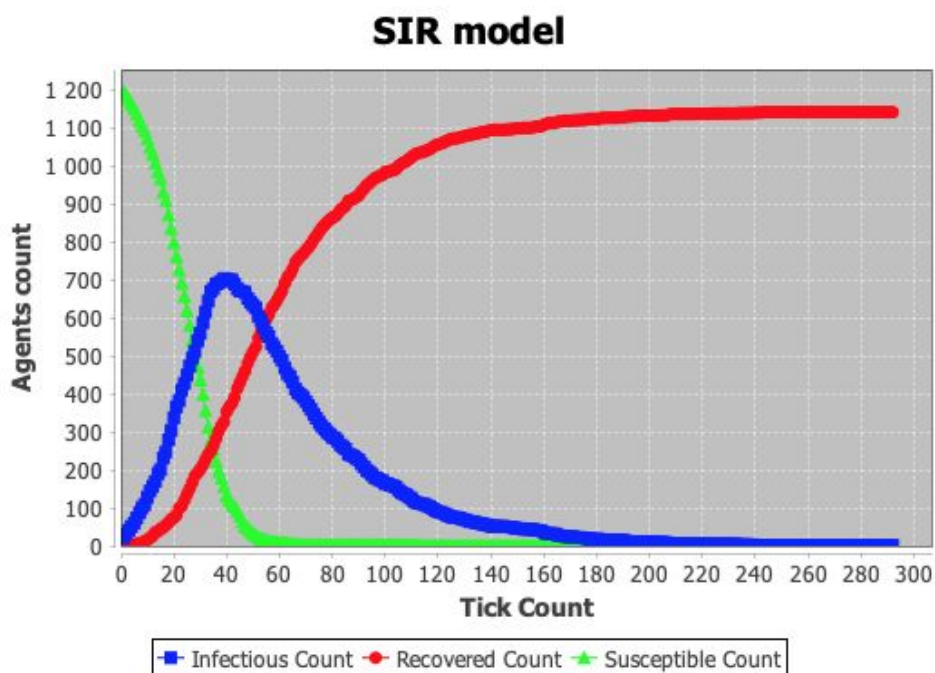
Projekt posiada panel służący do ustawienia parametrów wizualizacji świata i osobników oraz dwa okna do rysowania wykresów z ilością osobników, co pokazuje rysunek 2.



Rys 2. Widoki użyte w projekcie

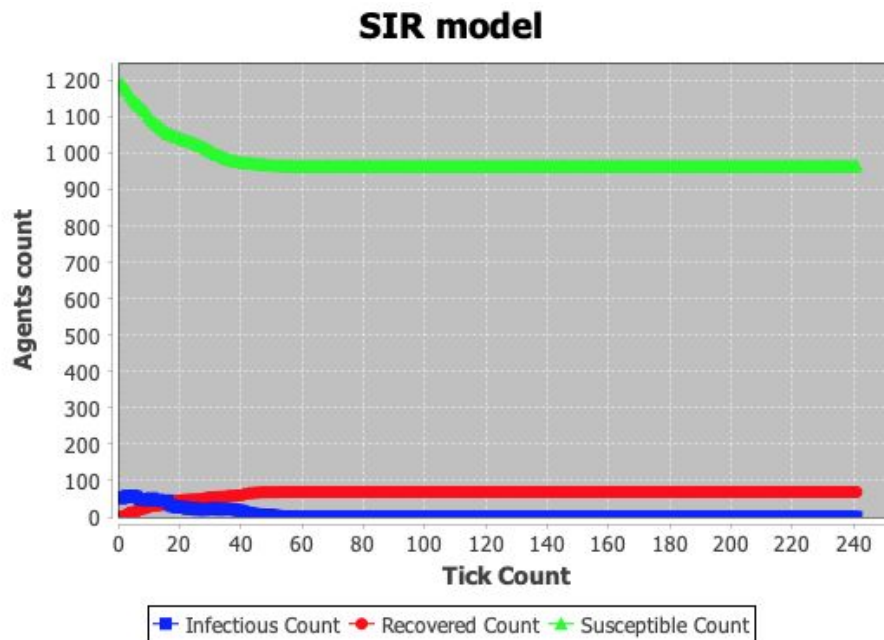
5. Wyniki

Dla parametrów $ir=0.75$, $dr=0.002$, $rr=0.025$, $sc=1200$ oraz $ic=15$ można zamodelować bardzo zaraźliwą, jednak nie tak bardzo śmiertelną chorobę, dla której średni czas wyzdrowienia trwa 40 dni. Wykres wygenerowany przez symulację został pokazany na rysunku 3.



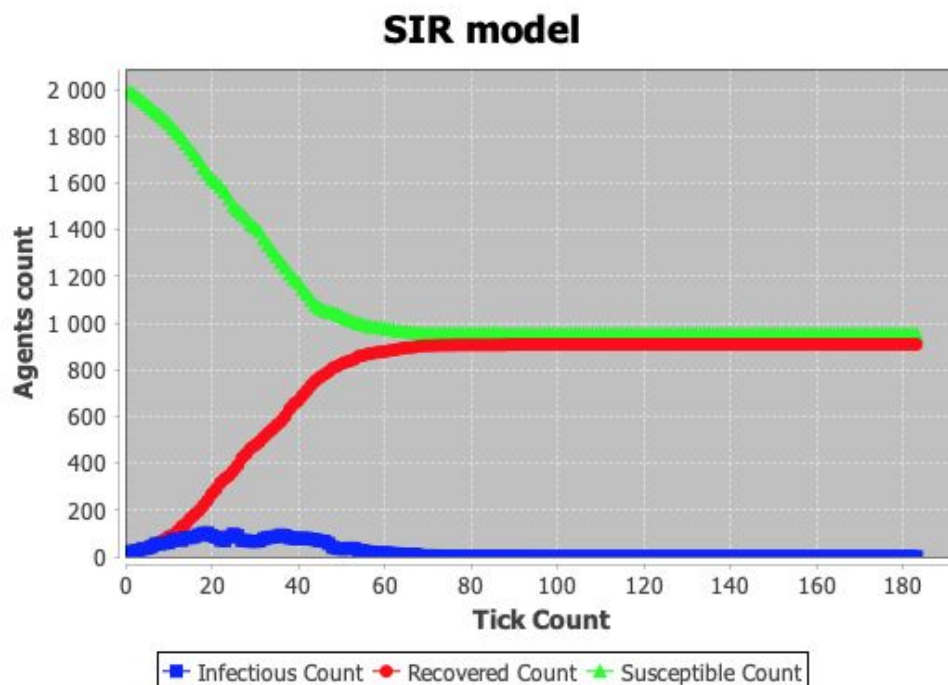
Rys 3. Wykres dla parametrów $ir=0.75$, $dr=0.002$, $rr=0.025$, $sc=1200$ oraz $ic=15$

Gdy zwiększymy umieralność w modelu do 0.15, może się okazać, że osoby zakażone nie dożyją zarażenia wystarczająco wielu osób, aby wszyscy zdążyli się uodpornić. Rysunek 4 przedstawia taką sytuację.



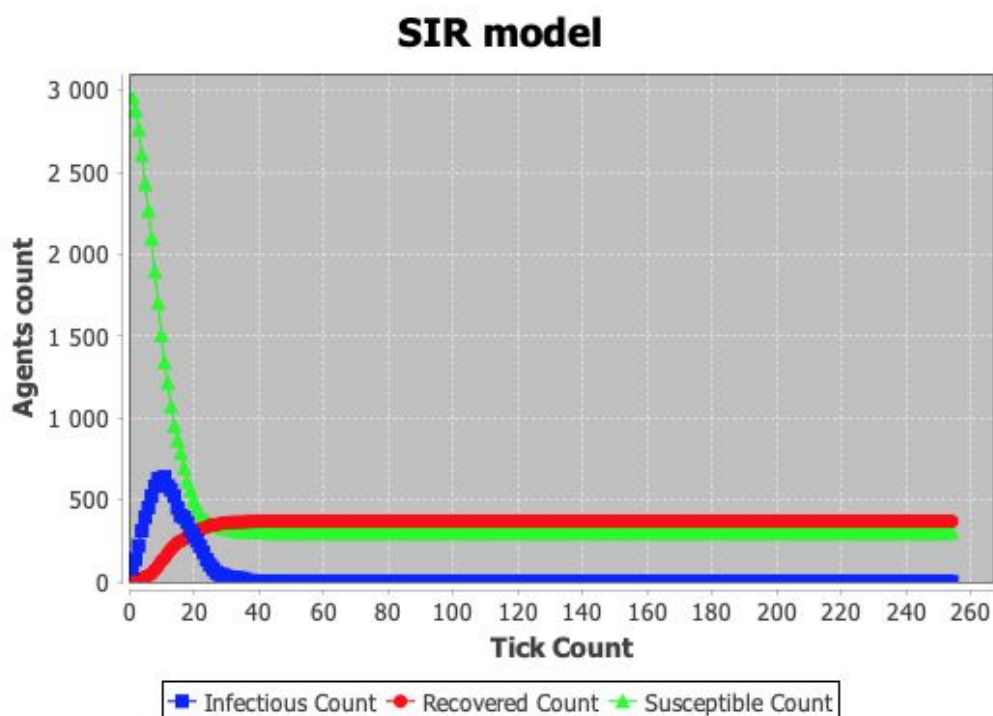
Rys 4. Wykres dla parametrów $ir=0.5$, $dr=0.15$, $rr=0.15$, $sc=1200$ oraz $ic=50$

Podobnie możemy skrócić czas zachorowania do 4 dni wtedy rr powinien wynosić 0.25 i powinniśmy zaobserwować podobne zjawisko. Symulację pokazuje rysunek 5. Chociaż choroba była wysoce zaraźliwa przeżyły prawie wszystkie osobniki i połowa z nich nabrała odporności.



Rysunek 5. Wykres dla parametrów $ir=0.99$, $dr=0.05$, $rr=0.25$, $sc=2000$ oraz $ic=15$

Ostatecznie możemy sprawdzić przebieg bardzo ciężkiej choroby, porównywalnej do ospy, której zaraźliwej choroby której leczenie trwa 3-4 tygodnie i która jest wysoce śmiertelna. Rysunek 5 pokazuje że epidemia trwałaby około miesiąc i zmniejszyłaby populację o 90%.



Rysunek 5. Wykres dla parametrów $ir=0.95$, $dr=0.25$, $rr=0.038$, $sc=3000$ oraz $ic=50$

6. Wnioski

Badania dotyczące epidemiologii są ważne, a ich pogłębienie pozwala na lepsze reagowanie w podobnych sytuacjach. Stworzony model dobrze oddawał dynamikę przebiegu choroby, pozwalając na przebadanie różnych przypadków i parametrów. Można by pokusić się o głębszą analizę i interpretację współczynników jak na przykład prawdopodobieństwo spotkania dwóch osobników i porównanie go z parametrem β z pierwotnego wzoru. Ciekawe byłoby także dodanie nowych parametrów jak na przykład wieku, jednak tak stworzony model wystarcza, by sprawdzić przebieg i rozwój chorób.

7. Bibliografia:

- https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_models_in_epidemiology
- https://en.wikipedia.org/wiki/Kermack%E2%80%93McKendrick_theory
- <https://hkumath.hku.hk/~ntw/SCNC1001-2004b.pdf>
- <http://repast.sourceforge.net/docs/RepastJavaGettingStarted.pdf>