

Modelowanie epidemii chorób zakaźnych za pomocą automatów komórkowych

Dominika Bocheńczyk, Antonina Kuś, Piotr Magiera

May 2022

1 Idee oraz plany

1. SIRV - model uwzględniający szczepienia,
2. dopasowanie parametrów p i q do odpowiednich skali modelu (małe miasto, społeczność, płytka laboratoryjna etc.),
3. w przypadku chorób, na które odporność nabywana jest czasowo zmieniamy stan z R na S po określonej liczbie iteracji,
4. oczekiwane rezultaty - dobór p ma znacznie większy wpływ na przebieg epidemii choroby niż dobór q .

Harmonogram

05.05 - Pseudokod funkcji przejścia, wybór modelu, research
12.05 - Zaprogramowanie modelu i jego funkcjonalności
19.05 - Implementacja GUI
26.05 - Walidacja oraz ewentualna poprawa funkcji przejścia
02.06 - Dokumentacja, prezentacja gotowego modelu oraz wnioski

Model McKendricka-Kermacka

1.1 Parametry

Powyższy model opiera się na automacie komórkowym wykorzystującym sąsiedztwo Moore'a o promieniu równym jeden oraz dwóch parametrach - p oraz q - determinujących odpowiednio prawdopodobieństwa zakażenia i wyzdrowienia:

$$P_{\text{infect}} = 1 - (1 - p)^n,$$

$$P_{\text{recover}} = q.$$

Liczba sąsiadów symbolizowana przez n wynosi w naszym przypadku 8.

1.2 SIR asynchroniczny

```
c = ...
for rekurencyjny jak DFS
while cell in cells that cell.site == S:
while there are unused cells:
if this.site == I:
    if rand(0, 1) < p_recover:
        this.site == R
    else:
        pick neighbour N
        if N.site == S and rand(0, 1) < p_infect:
            N.site = I
```

implementation hints:
list of I cells

1.3 SIS asynchroniczny

```
c = ...
while True:
if this.site == I:
while there are unused cells:
    if rand(0, 1) < p_recover:
        this.site == S
    else:
        pick neighbour N
        if N.site == S and rand(0, 1) < p_infect:
            N.site = I
```

Oprogramowanie

Do zaimplementowania modelu został użyty język Java