

Controlling the spread of infectious diseases via Markov chains

Part 1: Simulations – PiE2 – Fall 2021

Sonia Castro

February 4, 2023

a) For each scenario and $X_0 = 20$, plot 5 realisations of $(n, X_n)_{0 \leq n \leq T_{ext}}$. Interpret the results in terms of R_0 .

(S1) $N = 100$ $\beta = 0.008$ and $\gamma = 0.01 \Rightarrow R_0 = 0.8$

(S2) $N = 100$ $\beta = 0.01$ and $\gamma = 0.01 \Rightarrow R_0 = 1$

(S3) $N = 100$ $\beta = 0.01$ and $\gamma = 0.008 \Rightarrow R_0 = 1.25$

Un cop realitzades 5 simulacions per a cada cas, podem observar que en funció del valor de R_0 la rapidesa en la que el nombre d'individus infectats disminueix es veu afectada. Com més petita sigui R_0 , més accentuat serà el decreixement.

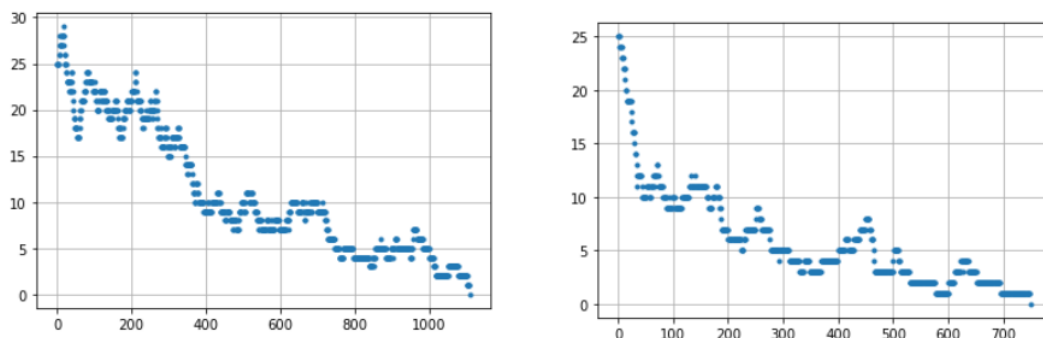


Figure 1: S1 simulations

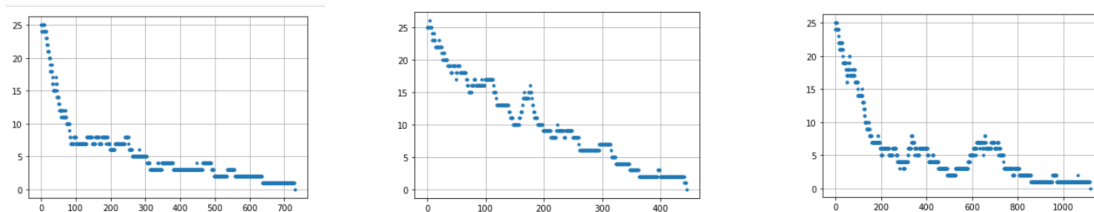


Figure 2: S1 simulations

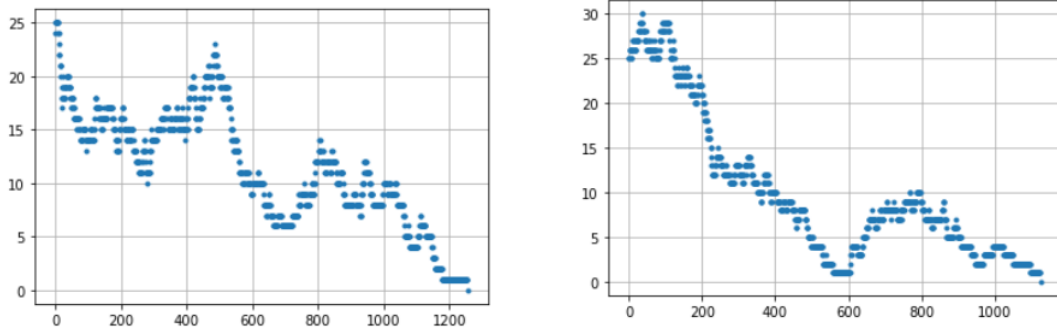


Figure 3: S2 simulations

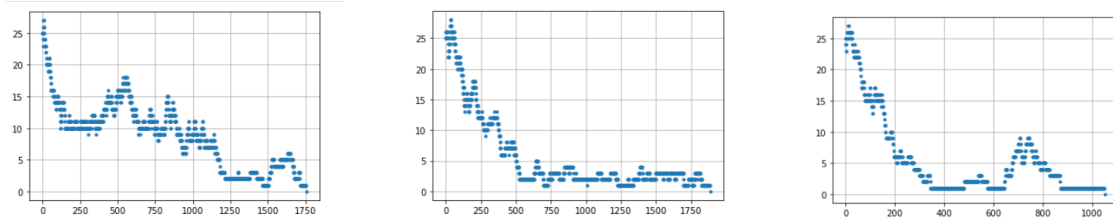


Figure 4: S2 simulations

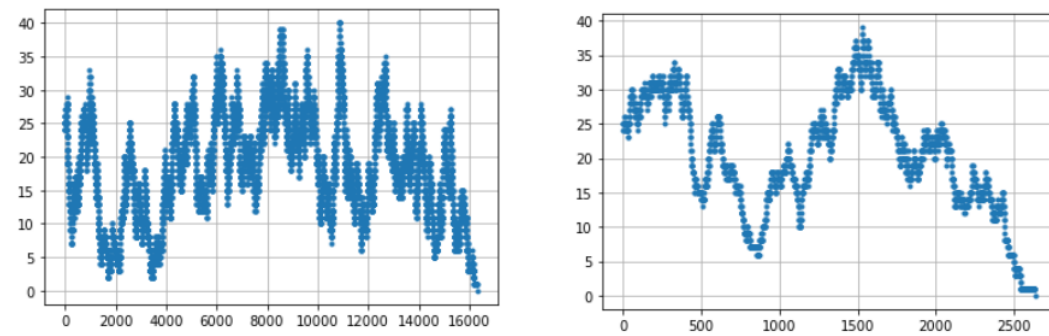


Figure 5: S3 simulations

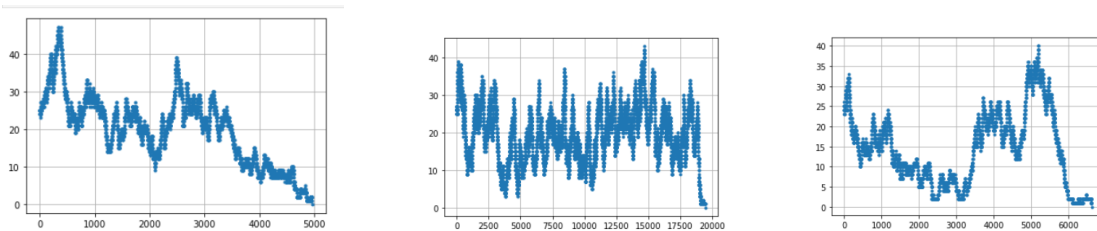


Figure 6: S3 simulations

El codi emprat per aconseguir les gràfiques:

```
import random
import matplotlib.pyplot as plt
```

$N = 100$ *#num individus*

```

B = 0.01 #infection rate
A = 0.008 #recovery rate

for n in range (0,5): #5 realizations
    X_n = [25] #X_0
    i = X_n[-1] #la i es l'ultim element afegit vector
    b_i = (B * i * (N-i))/N
    d_i = A * i

    while i>0 and i<= N:
        i= X_n[-1]
        rand_num = random.random() #escollim num random entre 0.0 i 1.0

        if(rand_num <= b_i):
            X_n.append(i+1) #un infectat mes

        elif (b_i <=rand_num <= b_i + d_i):
            X_n.append(i-1) #un infectat menys
        else:
            X_n.append(i) # no passa res

        #actualitzem les probabilitats
        b_i = (B * i * (N-i))/N
        d_i = A * i

    i = X_n[-1]

#creem el grafic
plt.plot(X_n, ' . ')
plt.grid()
plt.show()

```

b) For scenarios (S1) and (S2) and $X_0 = 20$, estimate the expected extinction time by running several simulations. Interpret the results in terms of R_0 .

En el cas de l'escenari S1 la mitjana de T_{exp} dona 883. En canvi en l'escenari S2 la mitjana de T_{exp} dona 1503. En els dos casos hem calculat les mitjanes de 10000 iteracions.

R_0 és el nombre mitjà de persones que una persona infecciosa contagiarà, suposant que la resta de la població és susceptible, i és β/γ . En el cas del S1 pren valor 0.8 i en el S2 pren valor 1. Això indica que el temps d'extinció del primer ha de ser més petit, ja que en el primer cas la R_0 (i la infection rate) és més petita, fent que els contagis siguin menors i per tant que la malaltia trigui menys en desaparèixer.

En ambdós casos la malaltia desapareix, ja que per a que tots s'infectessin s'hauria de donar $S_0 > 1/R_0$ i en aquest cas $0.8 < 1.25$ i $0.8 < 1$.

El codi emprant per calcular l'estimació:

```

import random
import matplotlib.pyplot as plt

sum = 0
it = 10000

for n in range(0, it):
    N = 100 #num indiv
    B = 0.008 #infection rate
    A = 0.01 #recovery rate

    X_n = [20] #X_0
    i = X_n[-1]
    b_i = (B * i * (N-i))/N
    d_i = A * i

    while i>0 and i<= N:
        i= X_n[-1]
        rand_num = random.random()

        if(rand_num <= b_i):
            X_n.append(i+1)

        elif (b_i <=rand_num <= b_i + d_i):
            X_n.append(i-1)
        else:
            X_n.append(i)

        b_i = (B * i * (N-i))/N
        d_i = A * i
        i = X_n[-1]

    sum = sum + X_n.index(0)
    #sumem els valors del primer index on i = 0 de totes
    #les repeticions

avg = sum // it #dividim entre el nombre d'iteracions per fer la mitjana
print(avg)

```

c) Consider the following probability distribution:

$$q_i(n) = Pr(X_n = i | T_{ext} > n)$$

that is, the number of infected individuals at time n conditional on the disease not being extinct.

For (S3), estimate the distribution $q_i(100000)$ for $X_0 = 25, 35, 75$, by running many simulations and plotting the relative frequency of each state in $1, \dots, 100$ whenever $T_{ext} > 10000$. Interpret your results.

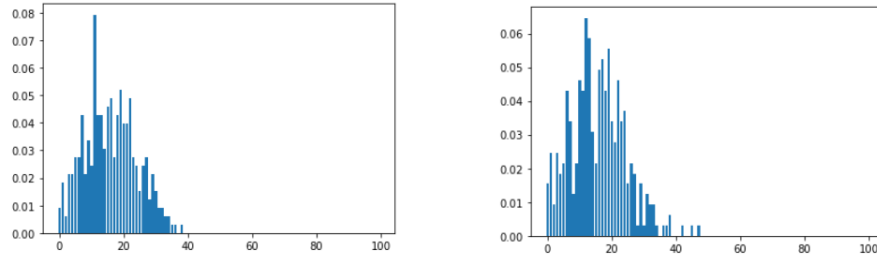


Figure 7: Left: $X_0 = 25$. Right $X_0 = 50$

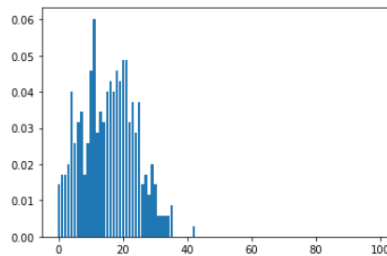


Figure 8: $X_0 = 75$

Com podem observar els valors més grans de les freqüències solen estar entre els estats 15 i 20. Tots els casos canviant la X_0 acaben en gràfics molt semblants. Normalment el número d'infectats en el moment 10000 no acostuma a sobrepassar els 40 mai.

Es podria dir observant el dibuix que es forma als gràfics que probabilitat de $X_{100000} = i$ si $T_{ext} > n$ tendeix a una normal.

El codi que hem fet servir per calcular els gràfics:

```
import random
import matplotlib.pyplot as plt

N = 100 #numero individus
B = 0.01 #infection rate
A = 0.008 #recovery rate
freq = [0]*N #vector freq relatives
itval = 0 #num iteracions on T.ext > 10000

for n in range (0,1000):
    X_n = [25] #X_0
    i = X_n[-1]

    b_i = (B * i * (N-i))/N
```

```

d_i = A * i

while i>0 and i<= N:
    i= X_n[-1]
    rand_num = random.random()

    if(rand_num <= b_i):
        X_n.append(i+1)

    elif (b_i <=rand_num <= b_i + d_i):
        X_n.append(i-1)
    else:
        X_n.append(i)

    b_i = (B * i * (N-i))/N
    d_i = A * i
    i = X_n[-1]

#si el T.ext > 10000, sumem 1 al vector en la
#posici i i sumem 1 a les iteracions valides
if X_n.index(0) > 10000:
    itval = itval+1
    val = X_n[10000]
    freq[val-1] = freq[val-1]+1

freq = [x /itval for x in freq] #dividim per tenir les freq relatives
x_axis = range(100)
y_axis = freq
plt.bar(x_axis , y_axis)
plt.show()

```

d) We say that there is an outbreak if there exists $n < \text{Textwith}X_m \geq N/2000$; in words, we have at least 50 cases per 100000 inhabitants. Barcelona's population is roughly $N = 1$ million. Simulate the probability that an initial set of $X_0 = 200$ infected people will create an outbreak in Barcelona in each of the following two scenarios:

- (S1') $N = 1000000$, $\beta = 0.0008$ and $\gamma = 0.001 \Rightarrow R_0 = 0.8$**
(S2') $N = 1000000$, $\beta = 0.001$ and $\gamma = 0.0008 \Rightarrow R_0 = 1.25$

Hem calculat amb 10000 iteracions que en el cas de S1' la probabilitat d'outbreak és 0. I en el cas de S2' és 1. Això es relaciona amb els R_0 , perquè, com hem dit anteriorment, en el cas de S1' al tenir $R_0 < 1$ el nombre d'infectats va disminuint amb el temps fins que la malaltia desapareix. En canvi en S2' al tenir $R_0 > 1$, el nombre d'infectats va augmentant fins que es dona l'outbreak. A més, per a que tots els individus s'infectin s'ha de donar $S_0 > 1/R_0$ i en aquest cas $0.9998 > 0.8$ per tant sempre hi haurà un outbreak.

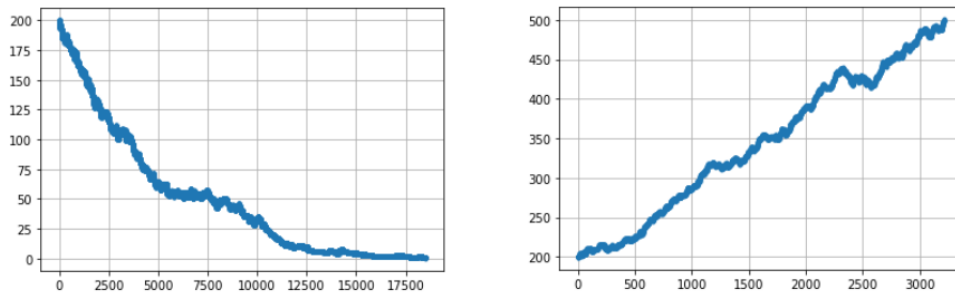


Figure 9: Left: S1' simulation graphic. Right: S3' simulation graphic

El codi emprat per calcular les probabilitats:

```

import random
import matplotlib.pyplot as plt

N = 1000000 #nombre individus
B = 0.0008 #infection rate
A = 0.001 #recovery rate
prob = [0]*2 #vector probabilitats
it = 10000 #num iteracions

for n in range (0,it):
    X_n = [200] #X_0
    i = X_n[-1]
    b_i = (B * i * (N-i))/N
    d_i = A * i
    while i>0 and i< 500: #surt del bucle si arriba T.ext o si X_n >= 500
        i= X_n[-1]
        rand_num = random.random()

        if(rand_num <= b_i):
            X_n.append(i+1)

        elif (b_i <=rand_num <= b_i + d_i):
            X_n.append(i-1)
        else:
            X_n.append(i)

        b_i = (B * i * (N-i))/N
        d_i = A * i
        i = X_n[-1]

    if(i == 0): # si es el T.ext
        #sumem 1 a la posicio 0 que indica els cops que no hi ha outbreak
        prob[0] = prob[0]+1
    if(i>=500): #si hi ha outbreak
        #sumem 1 a la posicio 1 que indica els cops que hi ha outbreak

```

```
prob[1] = prob[1]+1
```

```
#dividim pel nombre d'iteracions per tenir vector amb freq relatives  
prob = [x / it for x in prob]  
print(prob)
```

e) This simple model has many limitations. There are many other relevant parameters and phenomena that, when introduced in the model, would give us a better approximation of the evolution of epidemics. Here you are asked to introduce an improvement to the basic model, obtaining a more sophisticated and realistic Markov chain. Some ideas could be to introduce vaccination, the fact that there are no(or few) reinfections, birth and death of new individuals, use of mask... and many others. Be creative!

Amb la finalitat de millorar la cadena i tenir una millor aproximació de l'evolució de l'epidèmia, podríem tenir en compte altres paràmetres. Primer de tot, tindríem en compte el naixement i la mort d'alguns individus. Aquests nous fenòmens vindrien condicionats per la seva edat, dividida en franges. Així doncs, classificaríem els individus en infants, joves, adults i gent gran.

Per a cada grup esmentat anteriorment, les probabilitats d'estar sense vacunar, amb la primera dosi de la vacuna, la segona, ja havent passat la malaltia, d'infectar-se o morir serien diferents. Ben és cert que, per exemple, la majoria de països vacunen seguint franges d'edat, per tant en n petites seria més probable que el nombre de persones grans vacunades sigui superior al nombre de joves. Addicionalment, hi hauria una probabilitat de quedar-se sense vacunar corresponent a aquelles persones de la població en contra de la vacunació, i també es tindria en compte el fet de dur o no mascareta sent més o menys susceptible a infectar-se.

Fins i tot, podríem agregar dos nous estats, ser hospitalitzat i romandre en la unitat de cuidats intensius. Aquests anirien lligats a una probabilitat de quedar-te més o menys temps en funció de l'edat, la prèvia vacunació en contra de la malaltia i les prioritats en èpoques de manca de recursos .

Finalment, es tindria en compte les persones provinents d'altres països i la probabilitat de que tinguin la malaltia o les vacunes en funció de com afectat estigui el seu país i l'organització del seu sistema de salut.