

Analiza epidemiologiczno-pandemiczna przebiegów wybranych schorzeń i epidemii w ujęciach lokalno-globalnych, z uwzględnieniem reakcji czasowych odpowiedzi populacji, w czasie rzeczywistym.

APEL-G

Kamil Orzechowski & Łukasz Piotrowski

Programowanie Obiektowe Java

Wydział Fizyki, Politechnika Warszawska 2020

Projekt zakłada stworzenie interaktywnej symulacji przebiegów wybranych schorzeń oraz epidemii lokalno – globalnych, połączonej z rozbudowaną analizą zjawisk, zachodzących w danych miejscach na świecie, wśród grup populacji. Funkcjonalność programu zakłada zależne procesy: zasymulowanego rozwoju chorób, w różnych skalach (od niewielkiej infekcji małej grupy społecznej, przez stan epidemiczny, po stan pandemii) oraz reakcji zwrotnej masy ludzkiej, traktowanej, jako zachowanie populacji. Program opiera działanie populacji, na algorytmie metody SIR. W założeniu ma umożliwiać zasymulowanie ww. sytuacji w danym przedziale czasu, pozwalając na modyfikację parametrów, takich jak skok czasowy, czy położenie miejsca wybuchu epidemii, możliwa także będzie jednak lokalizacja tworzona losowo. Wynik, procesów, działających w tle, odpowiadających za eskalację zagrożenia chorobowego zostanie przedstawiony na interaktywnej mapie świata, na której wyszczególnione zostaną, połączone ze sobą, skupiska ludności (miasta powyżej 2 mln. os.+wyjątki), które będą udostępniały informacje, takie jak, liczba zarażonych, wyzdrowiałych, zmarłych itd.). Sytuację, w danej chwili i na danym etapie rozwoju zagrożenia, będzie można zapisać do pliku (w postaci odpowiednich zapisów liczbowych, także wykresów). Użytkownik zewnętrzny, będzie mógł w prosty sposób, dzięki użyciu programu poznać w przybliżeniu mechanizm rozprzestrzeniania się chorób na Ziemi, domyślnie ma on charakter edukacyjny, jednak może służyć do symulacji przy poważniejszych sytuacjach (tryb manualnego ustawienia wszelkich parametrów).

Rozprzestrzenianie się chorób zaraźliwych, od strony matematycznej może być opisane, za pomocą algorytmów metody **SIR**, zakładającej opis tychże zjawisk oraz ich postępu, przy użyciu równań różniczkowych (**równań Kermacka-McKendricka**). Model ma charakter rekurencyjny:

$$S \rightarrow I \rightarrow R,$$

S – susceptible (osobniki podatne);

I – infected (osobniki zarażone lub roznoszące schorzenie);

R – resistant/removed (osobniki ozdrowiałe).

$$\dot{S} = -r \cdot S(t) \cdot I(t)$$

$$\dot{I} = r \cdot S(t) \cdot I(t) - \alpha \cdot I(t)$$

$$\dot{R} = \alpha \cdot I(t)$$

$$N = S(t) + I(t) + r$$

N – wielkość populacji, α – współczynnik usuwania osobników po chorobie, r - zaraźliwość

Model ten zakłada wbudowane założenie względem liczebności. Jest ona mianowicie stała, zatem:

$$\dot{S} + \dot{I} + \dot{R} = 0$$

Model epidemiologiczny przyjmuje sensowne wartości dla następujących założeń początkowych:

$$S(0) = S_0 > 0$$

$$I(0) = I_0 > 0$$

$$R(0) = R_0 = 0$$

Warunki, w których zagrożenie rozwinie się lub wygaśnie można opisać przy pomocy następującej zależności:

$$\dot{I}(t=0) = I_0(rS_0 - \alpha) = \begin{cases} > 0, & S_0 > \rho = \frac{\alpha}{r} \\ < 0, & S_0 < \rho = \frac{\alpha}{r} \end{cases}$$

W sytuacji, gdy $\dot{S} \leq 0 \Rightarrow S < S_0$. Występują dwie możliwości:

- $S_0 \leq \frac{\alpha}{r} \Rightarrow \dot{I} \leq 0 \Rightarrow$ brak epidemii;
- $S_0 > \frac{\alpha}{r} \Rightarrow \dot{I} > 0 \Rightarrow$ niezerowe w początkowej fazie, czyli wystąpiła epidemia.

Parametr krytyczny $\rho = \frac{\alpha}{r}$, określa się, jako **współczynnik zdrowienia**. Jego odwrotnością określamy natomiast współczynnik kontaktu: $\sigma = \frac{r}{\alpha}$.

Kolejnym istotnym parametrem, skorelowanym z tym ostatnim, jest **Bazowy Współczynnik Reprodukcyjności (BWR)** dla danej infekcji:

$$R_B = \frac{r}{\alpha} \cdot S_0 \Leftrightarrow \sigma S_0$$

Na jego podstawie możliwe jest określenie liczby osobników zarażonych przez jedną osobę, aktualnie zarażoną.

- $R_B > 0 \Rightarrow$ choroba rozprzestrzenia się;
- $R_B < 0 \Rightarrow$ choroba nie rozprzestrzenia się.

Teoretyczna, maksymalna liczba osobników zarażonych wynosi, po scałkowaniu równań Kermacka-McKendricka:

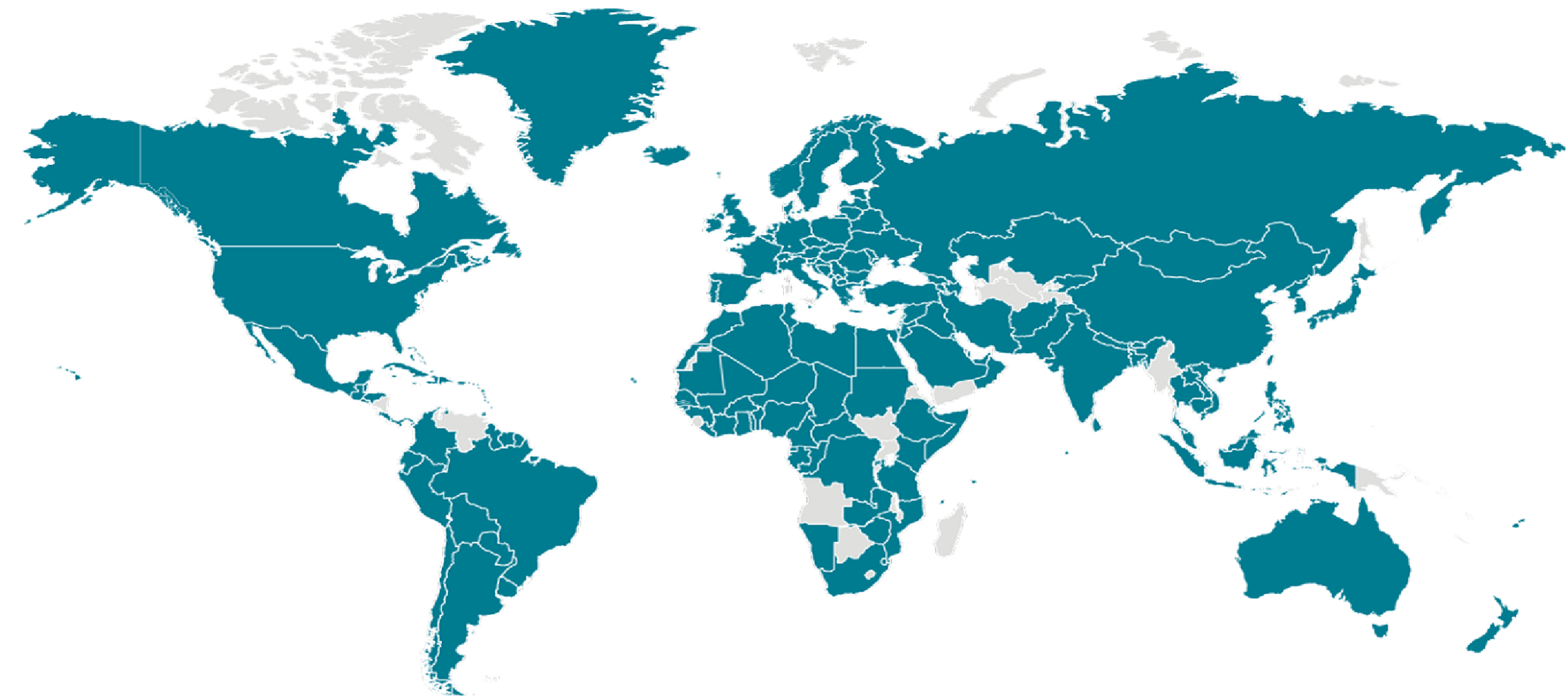
$$\frac{dI}{dS} = -\frac{(rS - \alpha)I}{rSI} = -1 + \frac{\rho}{S}$$

$$\begin{cases} I + S - \rho \ln S = const \\ I_0 + S_0 - \rho \ln S_0 = const \end{cases}$$

$$N = S_0 + I_0$$

Dla $I_0 = 0 \Rightarrow S = \rho = \frac{\alpha}{r}$ liczba zakażonych jest maksymalna, toteż ostatecznie dana jest zależnością:

$$I_{max} = N - \rho \left(1 + \ln \frac{\rho}{S_0} \right)$$



MENU Language Authors Selected illness info

Country

Select the outbreak

START

STOP

N

SAVE

RESET

EXIT

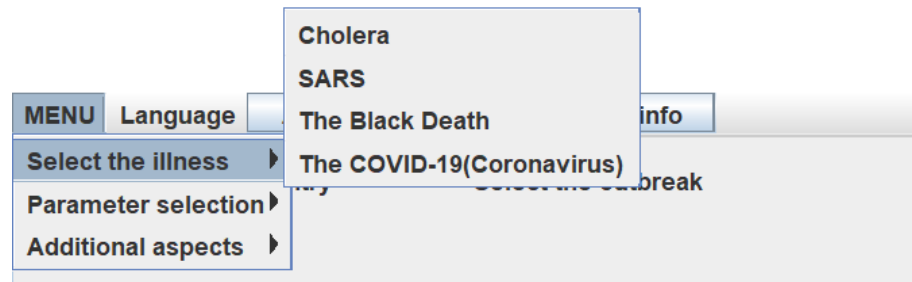
SELECTED DISEASE

02/04/2020 15:14:56

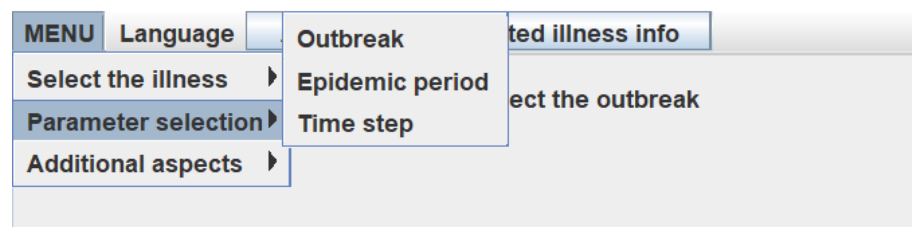
Week counter

Wybór schorzenia/choroby:

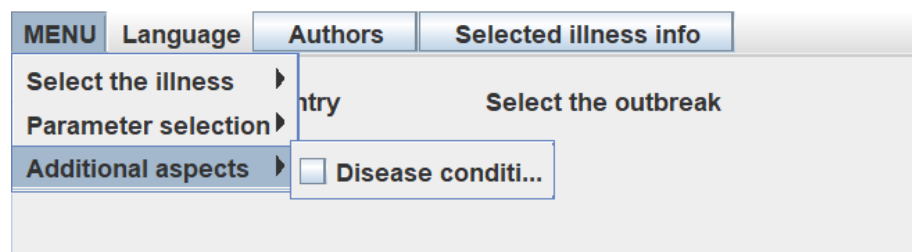
- a. z udostępnionej listy:

**Wybór parametrów podstawowych:**

- a. położenia ogniska epidemii;
- b. czasu trwania symulacji;
- c. kroku czasowego.

**Wybór aspektów dodatkowych:**

- a. powiadomienia o stanie epidemii/ schorzenia.

**Wybór wersji językowej programu:**

- a. angielski (default);
- b. polski;
- c. niemiecki;
- d. rosyjski.



START: Włączenie symulacji nastąpi po wciśnięciu przycisku.

STOP: Program spauzuje symulację w chwili naciśnięcia przycisku;

Pauza nastąpi również w chwili, w której użytkownik wciśnie przycisk **ZAPISZ**, który zapisuje je do pliku, bądź bazy danych, w zależności od dalszego wyboru.

RESET: Program zresetuje symulację, po wciśnięciu przycisku;

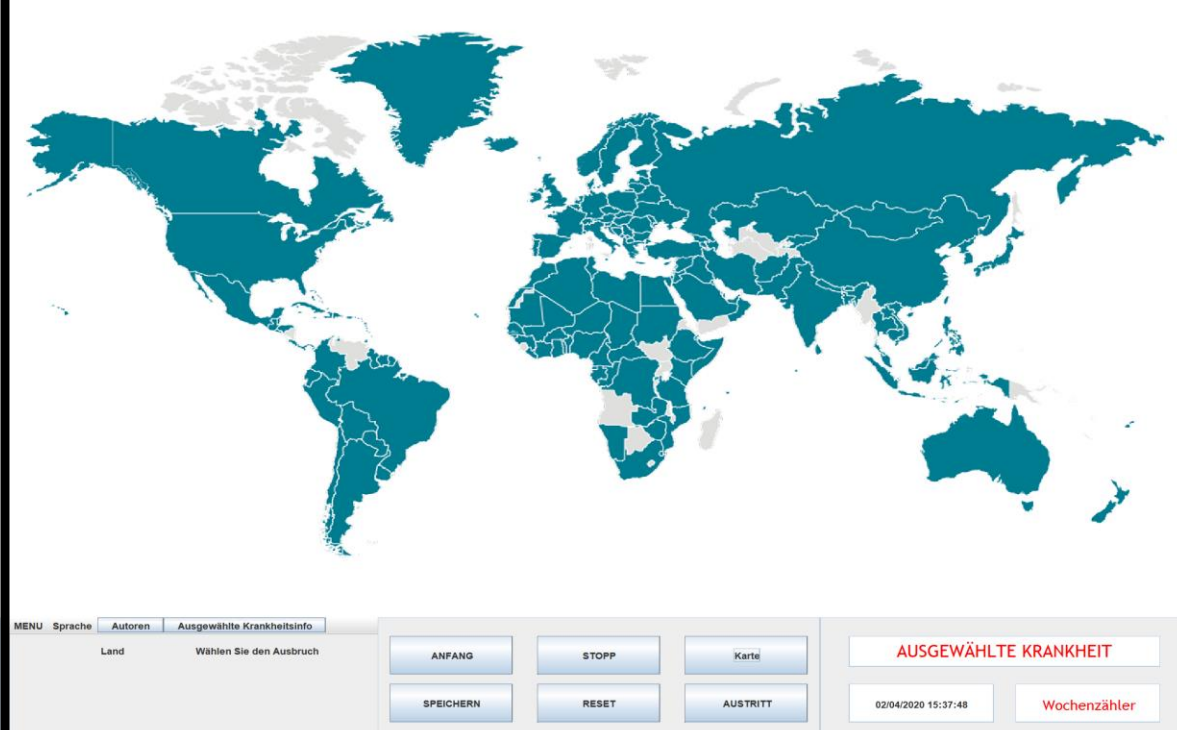
Wybrane schorzenie: Program wyświetli notę informacyjną dot. danego schorzenia w żądanym języku.

Autorzy: Program wyświetli informacje na temat projektu i autorów.

N: Program załaduje tymczasową mapę.

Zamknięcie programu następuje po kliknięciu przycisku **WYJDŹ**.

Interface - języki



Prototype - User Interface

Oddane etapy pracy:

1. GUI (10 pkt)
2. Wielojęzyczność (6 pkt – 4 języki)

W ramach wykonanego etapu pracy chcielibyśmy uzyskać 16 pkt.

Dziękujemy za uwagę!

Autorzy