

Programowanie dla fizyków - Projekt Epidemia
Graficzne przedstawienie rozprzestrzeniania się wirusów
oraz pożarów lasów

Weronika Smagór, Aleksandra Motor, Patryk Polczyk
Fizyka Techniczna II rok
Wydział Inżynierii Materiałowej i Fizyki Politechniki Krakowskiej

Wrzesień 2020
Kraków

Spis treści

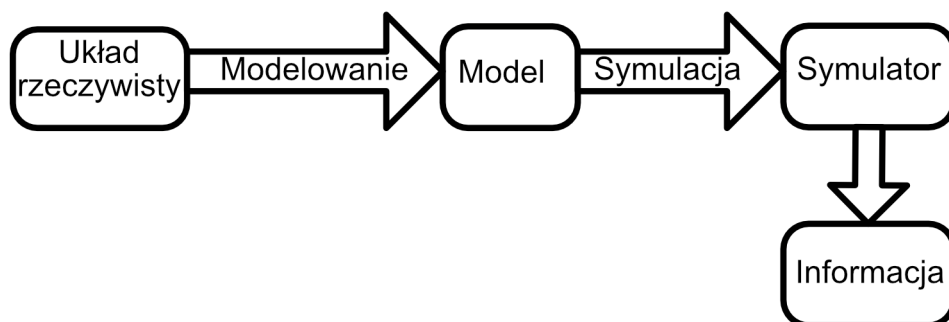
1	Cel zadania	2
2	Wstęp	2
3	Opis projektu	3
3.1	Model SIR - Koronawirus	3
3.2	Model Monte-Carlo – Pożar lasu	5
4	Podsumowanie	6

1 Cel zadania

Celem niniejszej pracy jest zwiększenie świadomości społecznej dotyczącej podejmowania działań prewencyjnych poprzez graficzne ukazanie rozprzestrzeniania się zjawisk takich jak pożary czy choroby. Projekt składa się z dwóch programów napisanych w języku Python opierających się na modelach: SIR oraz Monte-Carlo. Obie metody zostaną porównane pod kątem dokładności, wiarygodności oraz szybkości działania.

2 Wstęp

Modelowanie chorób zakaźnych jest narzędziem wykorzystywanym do badania mechanizmów rozprzestrzeniania się chorób, przewidywania przyszłego przebiegu epidemii oraz oceny strategii kontroli epidemii. Pierwszym naukowcem, który systematycznie próbował określić przyczyny śmierci był John Graunt. Analiza przyczyn zgonów Graunta jest uważana za początek „teorii konkurujących zagrożeń”, która według Daleya i Ganiego jest „teorią, która jest obecnie dobrze ugruntowana wśród współczesnych epidemiologów”.



Rysunek 1: Modelowanie i symulacja

Modele próbują przewidzieć takie rzeczy, jak:

- sposób rozprzestrzeniania się choroby,
- całkowitą liczbę zakażonych,
- czas trwania epidemii,
- oszacować różne parametry epidemiologiczne (takie jak liczba reprodukcyjna).

Modele matematyczne

Modele matematyczne pomagają przewidzieć postępy chorób zakaźnych, aby pokazać prawdopodobny wynik epidemii i pomóc w informowaniu o interwencjach w zakresie zdrowia publicznego. Wykorzystują podstawowe założenia lub zebrane statystyki, aby znaleźć parametry dla różnych chorób zakaźnych i wykorzystać te parametry do obliczenia skutków różnych interwencji, takich jak programy masowych szczepień. Modelowanie może pomóc w podjęciu decyzji, których interwencji należy unikać, a które należy zastosować. Pomaga przewidzieć przyszłe wzorce wzrostu, a także pozwalają na symulację komputerową.

Jednak wykorzystywane modele mogą być jedynie tak dokładne jak założenia, na których są oparte. Jeśli przewidywania modelu są niezgodne z obserwowanymi wynikami, podczas gdy obliczenia są poprawne, początkowe założenia muszą ulec zmianie, aby model był użyteczny.

Symulacja komputerowa

Symulacja komputerowa jest to program komputerowy symulujący wybrane zjawisko fizyczne lub społeczne, najczęściej implementujący jego model matematyczny. Techniki symulacyjne są szczególnie przydatne tam, gdzie analityczne wyznaczenie rozwiązania byłoby zbyt pracochłonne, a niekiedy nawet niemożliwe.

W kolejnym punkcie przedstawimy dwa typy modeli, które wykorzystaliśmy do stworzenia projektu.

3 Opis projektu

3.1 Model SIR - Koronawirus

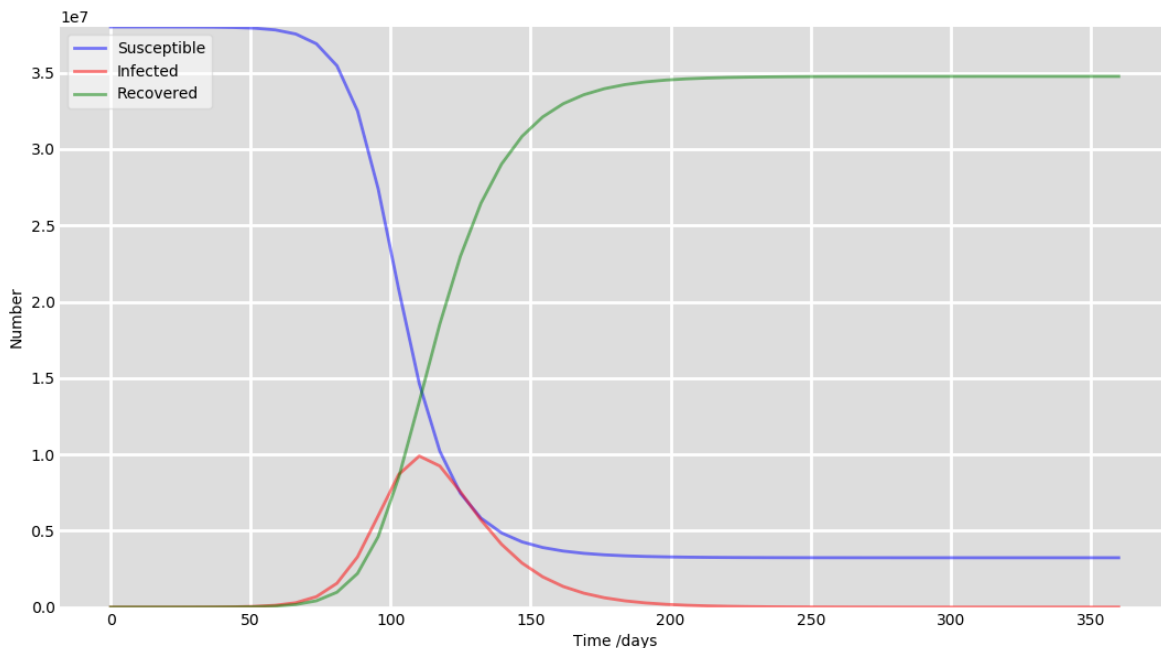
Model SIR (ang. Susceptible-Infected-Recovered) wykorzystuje w swoim działaniu układ równań różniczkowych, reprezentujący trzy grup: osoby podatne na zarażenie (susceptible), osoby zarażone (infected – model uwzględnia przypadki aktywne, a nie wszystkie osoby które były chore) oraz osoby wyzdrowiałe i jednocześnie odporne na ponowne zarażenie (recovered). Układ ten wyraża się w następujący sposób:

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

Model który opracowaliśmy nie uwzględnia wszystkich możliwych danych takich jak kwarantanna czy okres inkubacji, jednak dzięki temu uproszczeniu jesteśmy w stanie zobaczyć przebieg teoretyczny pandemii.

Możemy wyróżnić tutaj:

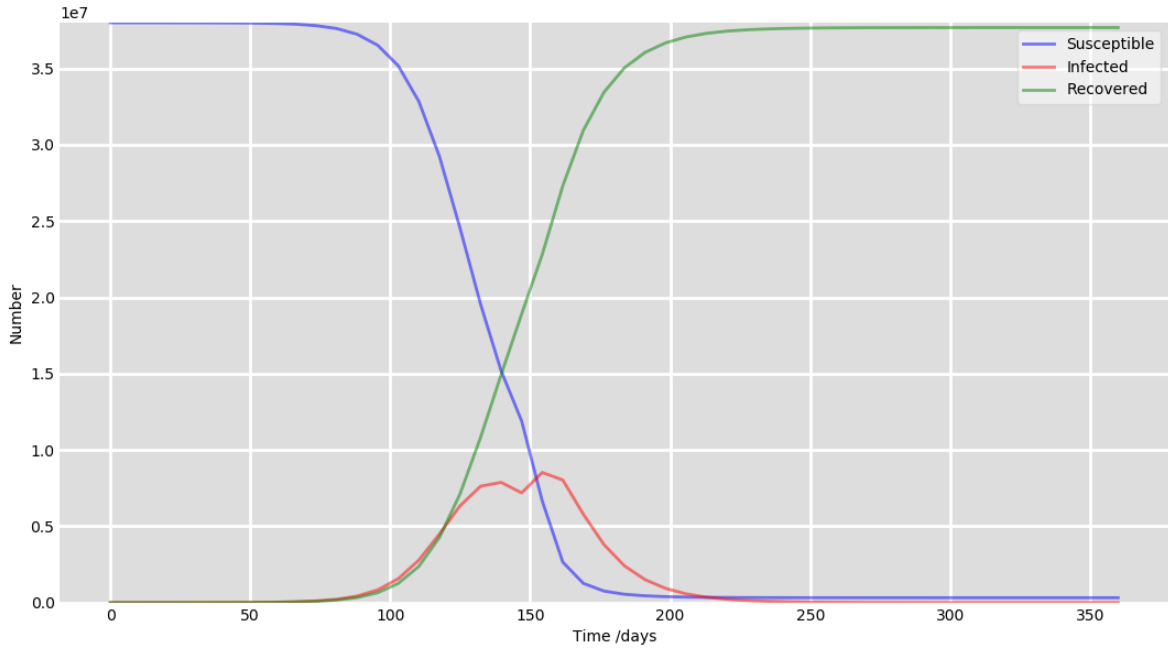
- narastanie
- szczyt
- rzuty
- zanikanie (ogon epidemii)



Rysunek 2: Teoretyczny przebieg epidemii

Przy kolejnej symulacji uwzględnione zostały poluzowania obostrzeń w Polsce. A co za tym idzie, zwiększone przemieszczanie i skupiska ludzkie, które przekładają się na większą szanse zarażenia.

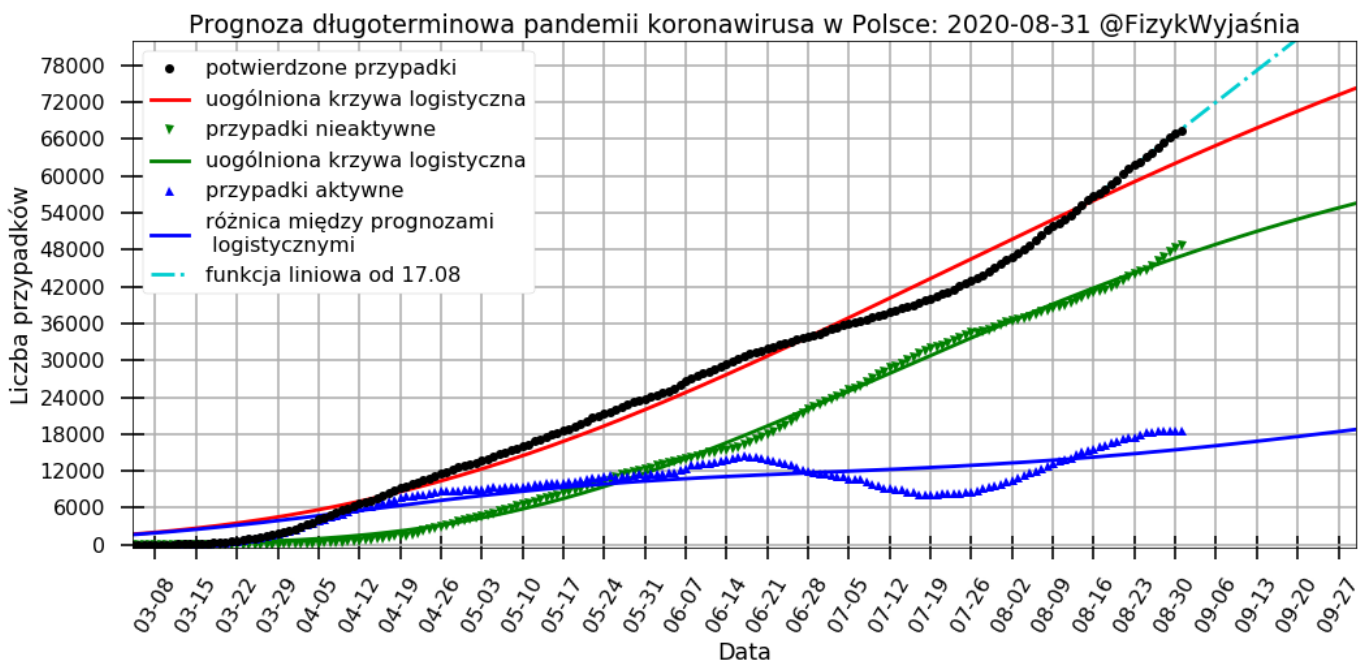
Początkowe parametry zostały wzięte z publikacji p. Atkinsona, a następnie empirycznie dostosowane tak, żeby odwzorować przebieg epidemii z danymi historycznymi. Współczynnik gamma z wyżej wspomnianej pracy wynosił $1/5.2$, był to dla nas punkt wyjścia dla dobrania tego parametru. W symulacji dobrany parametr wyniósł początkowo $1/6.2$. Natomiast po okresie 150 dni współczynnik zmienił się na $1/3.1$. Wynikło to z faktu poluzowania obostrzeń, a co za tym idzie zwiększenia skupisk ludzkich np. wesela, pogrzeby czy sklepy.



Rysunek 3: Symulacja przebiegu epidemii w Polsce

Porównując wygenerowany wykres z danymi faktycznymi na temat przypadków aktywnych możemy stwierdzić następujące rzeczy:

- wykresy są zbliżone do siebie
- model w wartościach bezwzględnych osiągnął wyższe wartości zachorowań
- wykresy nie są jednakowo wyskalowane, co dałoby wizualnie lepsze porównanie
- myśląc o przyszłości możemy stwierdzić optymistyczny wniosek, że drugi szczyt zachorowań mamy za sobą, a epidemia powinna powoli dobiegać końca



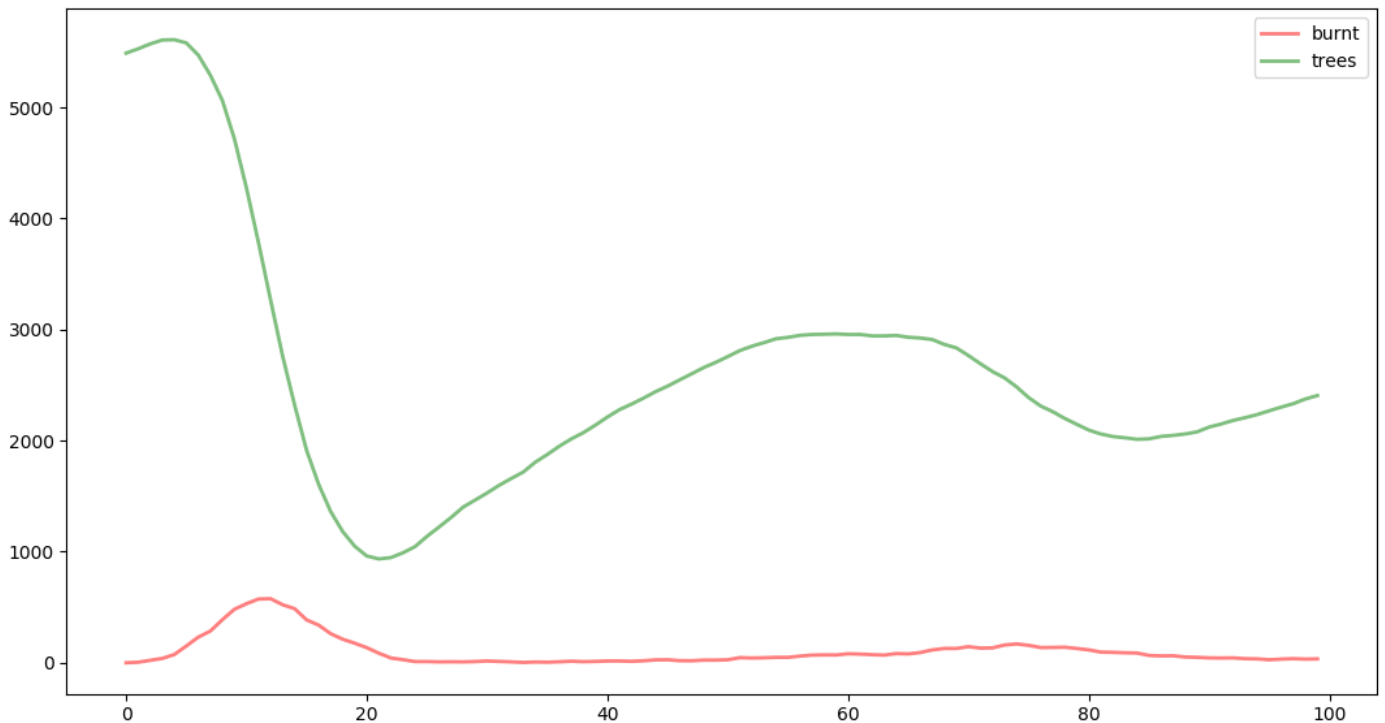
Rysunek 4: Prognoza długoterminowa pandemii koronawirusa w Polsce.

3.2 Model Monte-Carlo – Pożar lasu

Działanie metody Monte-Carlo opiera się na modelowaniu zmiennych pseudolosowych – losowanie dokonywane jest zgodnie ze znanym rozkładem. Struktura algorytmu obliczeń nie jest skomplikowana, wobec czego model ten stosuje się w przypadkach, dla których wystarcza znajomość wyniku z niewielką dokładnością. Dokładność ta zależy od liczby sprawdzeń i jakości stosowanego generatora liczb pseudolosowych. Zazwyczaj przy pomocy metody Monte-Carlo tworzy się program realizujący jedno zdarzenie losowe, powtarzane następnie N-razy, aby eksperyment był niezależny od poprzednich. Uzyskane wyniki uśrednia się, stąd alternatywna nazwa „metoda prób statystycznych”.

Wykonana przez nas symulacja przedstawia zjawisko jakim jest pożar lasu. Działanie kodu zaczynamy od „posadzenia drzew” na zadanym przez nas obszarze i gęstości wypełnienia. Następnie w każdym przejściu badamy czy:

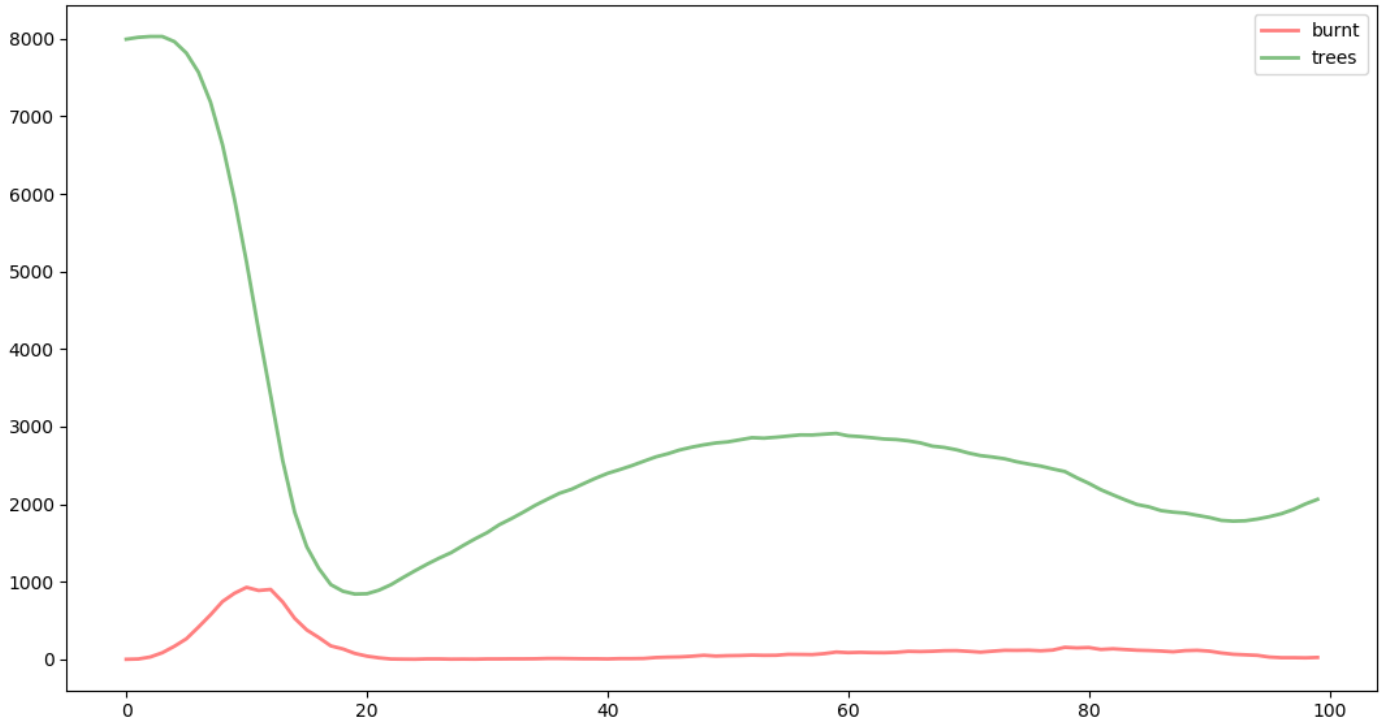
- zostało posadzone nowe drzewo na co mamy 1% szans – parametr p
- drzewo zapłonęło na co mamy 1 promil szans – parametr f
- drzewo splunęło i mamy wolną przestrzeń



Rysunek 5: Symulacja dla gęstości wypełnienia obszaru w 55%

Porównując te wykresy (rys.5 oraz rys.6) możemy dojść do następujących wniosków:

- przebieg pożaru jest podobny, niezależnie od gęstości wypełnienia obszaru drzewami
- przy największym drzewostanie pożar jest najbardziej burzliwy
- po burzliwym okresie następuje szybkie przejście fazowe i stabilizowanie się drzewostanu
- ciekawym spostrzeżeniem jest to, że niezależnie od początkowej gęstości lasu, drzewostan utrzymuje się w obu symulacjach na tym samym poziomie.



Rysunek 6: Symulacja dla gęstości wypełnienia obszaru w 80%

4 Podsumowanie

Modelowanie obu zjawisk dało założony efekt, zarówno w metodzie SIR jak i Monte Carlo, możemy zauważyć odwrócone i kopnięte Z. W symulacji Pożaru Lasu jest to bardziej widoczne, ponieważ dochodzi do ponownego zapłonu, gdy drzewostan osiągnie wartość krytyczną. Przy modelowaniu epidemii założyliśmy, że jednostka po przejściu choroby jest na nią odporna. Dlatego nie było w modelu nawrotu choroby i nie dało się zaobserwować małego nawrotu choroby. W naszych symulacjach metoda Monte Carlo okazała się bardziej wiarygodna przez to, że osiągnęliśmy założony efekt jakim było uzyskanie odwróconej i kopniętej litery 'Z'. Jest to jednak wynikiem uproszczenia przez nas symulacji SIR, a nie wadą metody.

W metodzie SIR wykonaliśmy 360 cykli dla populacji 38 mln ludzi. Dla metody Monte-Carlo wykonaliśmy 100 przejść programu po obszarze 10 tys pól. Czas wykonania symulacji pierwszą metodą był wielokrotnie krótszy.

Ostatnim spostrzeżeniem wynikającym z symulacji pożaru lasu jest to, że gdyby ludzie byli poddani działaniu zjawiska, któremu by nie przeciwdziałali, to natura sama sterowałaby populacją świata utrzymując ją na optymalnym dla siebie poziomie.

Literatura

- [1] https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_models_in_epidemiology
- [2] https://python.quantecon.org/sir_model.html
- [3] <https://www.nber.org/papers/w26867.pdf>
- [4] <https://arxiv.org/pdf/1503.01104.pdf>
- [5] https://rosettacode.org/wiki/Forest_fire#Python
- [6] <https://www.fizykwyjasnia.pl/>
- [7] https://en.wikipedia.org/wiki/Mathematical_modelling_of_infectious_disease