

## Spis treści

<b>1</b>	<b>Motywacja</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>Algorytmy wykorzystane w pracy</b>	<b>1</b>
2.1	Fast SIR . . . . .	1
2.2	Gillespie SIR . . . . .	2
2.2.1	Porównanie Fast SIR oraz Gillespie SIR . . . . .	2
2.3	Symulacja - model SEIR . . . . .	3
2.4	Symulacja SIS w ujęciu czasowym . . . . .	3

## 1 Motywacja

Motywacją do powstania poniższej pracy jest chęć zamodelowania procesu rozpowszechniania się epidemii w oparciu o kilka dostępnych modeli matematycznych. W pracy wykorzystano następujące modele

1. Fast SIR
2. Gillespie SIR
3. SEIR

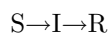
Ponadto dokonano porównania modelu Fast SIR z Gillespie SIR. Natomiast metode SEIR wykorzystano SEIR celem prezentacji rozwoju epidemii na przykładzie teoretycznej przestrzeni.

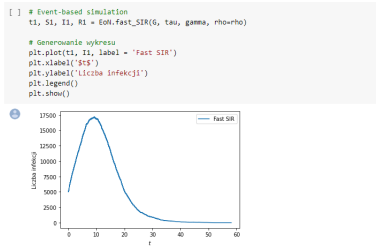
## 2 Algorytmy wykorzystane w pracy

### 2.1 Fast SIR

Poniżej załączono fragment kodu odpowiedzialny za tą metodę oraz wynik działania

Schemat modelu:





gdzie

S osobniki podatne

I osobniki chrujące i roznoszące infekcje

R osobniki ozdrowiałe

Model przyjmuje następujące założenia

1. wzrost ilości osobników zainfekowanych jest proporcjonalny do przyrostu osobników zainfekowanych i do ilości podatnych  $-rIS$
2. wzrost ilości wyleczonych jest wprost proporcjonalny do aktualnie zainfekowanych  $-aI$  gdzie  $a > 0$
3. . okres rozwoju choroby jest na tyle krótki, że można go zaniedbać— osobnik podatny, który się zaraził zaczyna chorować natychmiast.
4. populacja jest dokładnie wymieszana — każdy typ osobnika ma jednakowe prawdopodobieństwo spotkania osobnika innego typu.

co sprowadza nas do równań Kermacka-McKendricka, opisujących ten model

$$\dot{S} = -rSI \quad (1)$$

$$\dot{I} = rSI - aI \quad (2)$$

$$\dot{R} = aI \quad (3)$$

możemy zauważyć, iż model ten ma "wbudowane" założenie o stałej liczebności

$$\dot{S} + \dot{I} + \dot{R} = 0 \quad (4)$$

## 2.2 Gillespie SIR

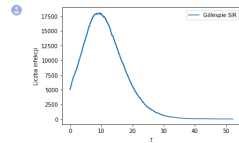
Poniżej załączono fragment kodu odpowiedzialny za tą metodę oraz wynik działania. W rysie historycznym model Gillespie SIR był modelem o podobnych założeniach, lecz o wiele wolniejszym od przedstawionego powyżej (Fast SIR) modelu. Jest to model dynamicznej metody Monte-Carlo.

### 2.2.1 Porównanie Fast SIR oraz Gillespie SIR

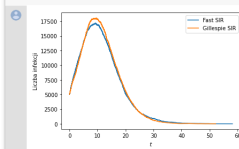
Jak z łatwością możemy zauważyć, oby dwie metody prezentują zbliżone wyniki.

```
[ ] # Gillespie simulation
t1, S1, I1, R1 = EoN.Gillespie_SIR(G, tau, gamma, rho=rho)

# Generowanie wykresu
plt.plot(t1, I1, label = 'Gillespie SIR')
plt.xlabel('$t$')
plt.ylabel('liczba infekcji')
plt.legend()
plt.show()
```



```
[ ] plt.plot(t1, I1, label = 'fast SIR')
plt.plot(t2, I2, label = 'Gillespie SIR')
plt.xlabel('$t$')
plt.ylabel('liczba infekcji')
plt.legend()
plt.show()
```



### 2.3 Symulacja - model SEIR

Mamy tu doczynienia z kolejnym, rozwinięciem pierwszego modelu. Tutaj dochodzi nam kolejny Współczynnik  $E$ , związany z czasem inkubacji u osoby zakażonej lecz jeszcze samej nie zakażającej. Możemy to przedstawić za pomocą grafu:

$S \rightarrow E \rightarrow I \rightarrow R$  w koncepcji rozwija nam to układ równań do postaci:

$$\dot{S} = \mu N - \mu S - \beta \frac{I}{N} S \tag{5}$$

$$\dot{E} = \beta \frac{I}{N} S - (\mu + a) E \tag{6}$$

$$\dot{I} = a E - (\gamma + \mu) I \tag{7}$$

$$\dot{R} = \gamma I - \mu R \tag{8}$$

### 2.4 Symulacja SIS w ujęciu czasowym

W tym paragrafie podjęto próbę przedstawienia graficznego rozchodzenia się epidemii w abstrakcyjnej przestrzeni.

