

Nemlineáris Dinamikai Modellek a Biológiában

járványterjedés 1. *SIR modell* *Sejtautomata*

7. gyakorlat

Juhász János (juhasz.janos@itk.ppke.hu)

Schäffer Katalin (sch.katalin17@gmail.com)

Járványmodellek

- Valamilyen betegség lefutását szeretnénk modellezni egy közösségen belül.
- Mikor, mennyien, kik, hol, mennyire betegek, ki-kinek adta át kórokozót, stb...
- Több szinten vizsgálható: Pl.:
 1. Differenciál egyenletekkel (makro)
 1. Folytonos
 2. Diszkrét idő (számítógép ilyet tud)
 2. Ágens alapon (mikro)
 1. Sejtautomatákkal (szabályos rács)
 2. Hálózatokon (komplexebb kapcsoltság az egyedek közt)
 3. „Folytonos” térben (folyton mozoghatnak is az egyedek)

Komplexitás



Járványmodellek

Differenciál egyenletek:

- makro szintű leírás a rendszerre
- Hasznos, fel tudunk írni egyenleteket a rendszerre
 - Folytonos
 - Diszkrét idő (számítógép ilyen tud)
- Lásd: előadásjegyzet (Wiki)
- Pl.: SIR ,SIS modellek (ezen a héten)

Járványmodellek

Ágensek:

- Mikro szintű (bottom-up) leírás a rendszerre
- Az ágensek kis egységek viselkedési szabályokkal, melyek képesek érzékelni a környezetüket és egymást és ezeknek valamint belső állapotuknak a függvényében hoznak valamilyen döntést iterációnként (alkalmazzák a viselkedési szabályaikat)
- Hasznos, ha nem tudjuk a globális viselkedést leíró egyenleteket, viszont meg tudjuk adni az egyedek (ágensek) viselkedési szabályait
- Az egyedi szabályok összességéből áll elő a globális (makro szintű) viselkedés (ezek az úgynevezett emergens tulajdonságok: az eredmény több a részek összességénél...)

Járványmodellek

Ágensek:

Sejtautomaták (ilyen pl. a Conway-féle Game of Life vagy a CNN is)

- Van egy szabályos rács struktúra
- Van térbeliség (a diffegyenleteknél ezt nem figyeltük)
- Az ágensek a rácspontokon
- A környező 4 vagy 8 rácspontban lévő szomszédos ágenssel vannak kapcsolatban
- Pl.: a SIR modell sejtautomata változata:
 - Gyako7_jarvanykeret.m

Járványmodellek

Ágensek:

Járványterjedés hálózatokon

- Az ágensek közti összeköttetések nem csak egy szabályos rácsot alkothatnak
- Komplexebb kapcsoltság az egyedek közt
- (A diffegyenletes megoldás arra hasonlít, mintha mindenki mindenkivel össze lenne kötve)
- Pl.: nem minden ember van kapcsolatban ugyanannyi másikkal
- Hogyan terjed egy járvány (vagy mondjuk vm információ különböző hálózatokon)
- Következő gyakorlat

Járványmodellek

Ágensek:

Komplexebb, részletesebb modellek

- Pl.:
<https://www.youtube.com/watch?v=gxAaO2rsdIs&feature=youtu.be>
- Az ágensek mozoghatnak is: „folytonos” a tér, nincsenek egy rácshoz kötve
- Köztük lévő távolságot vizsgáljuk és akik egy adott sugáron belül vannak az adott iterációban azok között lehet kölcsönhatás
- Az ágensek alkotta kapcsoltsági hálózat folyton változik
- A példában a különböző járványügyi intézkedések hatásosságát szimulálták
- Mik voltak a fő tapasztalatok?
- Itt is a valósághű paraméterek becslése a komoly, nehéz feladat.

SIR modell

- **Paraméterek:**
 - **S=susceptible:** fertőzhető egyedek aránya
 - **I=infected:** fertőzött egyedek aránya
 - **R=recovered:** felgyógyult egyedek aránya (vagy meghalt, lényeg, hogy nem beteg és már nem is fertőz, vagy fertőzhető)
 - **ir=fertőzési ráta:** ilyen arányban kapják el a betegséget az egészségesek a betegektől/ milyen gyors a járvány
 - **rr=felgyógyulási ráta:** ilyen arányban gyógyulnak fel a betegek (múlik el a betegségük)/ milyen gyors a felépülés
 - A valóságban az egyes paraméterek becslése a komoly feladat. Erről további részletek -> a paraméterbecsléssel foglalkozó tárgyakon

SIR modell

- **Egyenletek:**

- $S+I \rightarrow 2I$

- fertőzhető és beteg találkozik \rightarrow a fertőzhető is megbetegszik;

- $I \rightarrow R$

- a beteg felgyógyul

- **Differenciál egyenletekké átírva:**

- $S' = -i r * S * I$

- a fertőzhetőek aránya csökken, ez függ a fertőzhetőek, és a betegek mennyiségétől és a fertőzési rátától

- $I' = i r * S * I - r r * I$

- betegek aránya ugyanennyivel nő egyrészt, másrészt csökken a meggyógyultakéval

- $R' = r r * I$

- a felgyógyultak aránya nő, ez függ a betegek mennyiségétől és a felgyógyulási rátától

- **Peremfeltételek:**

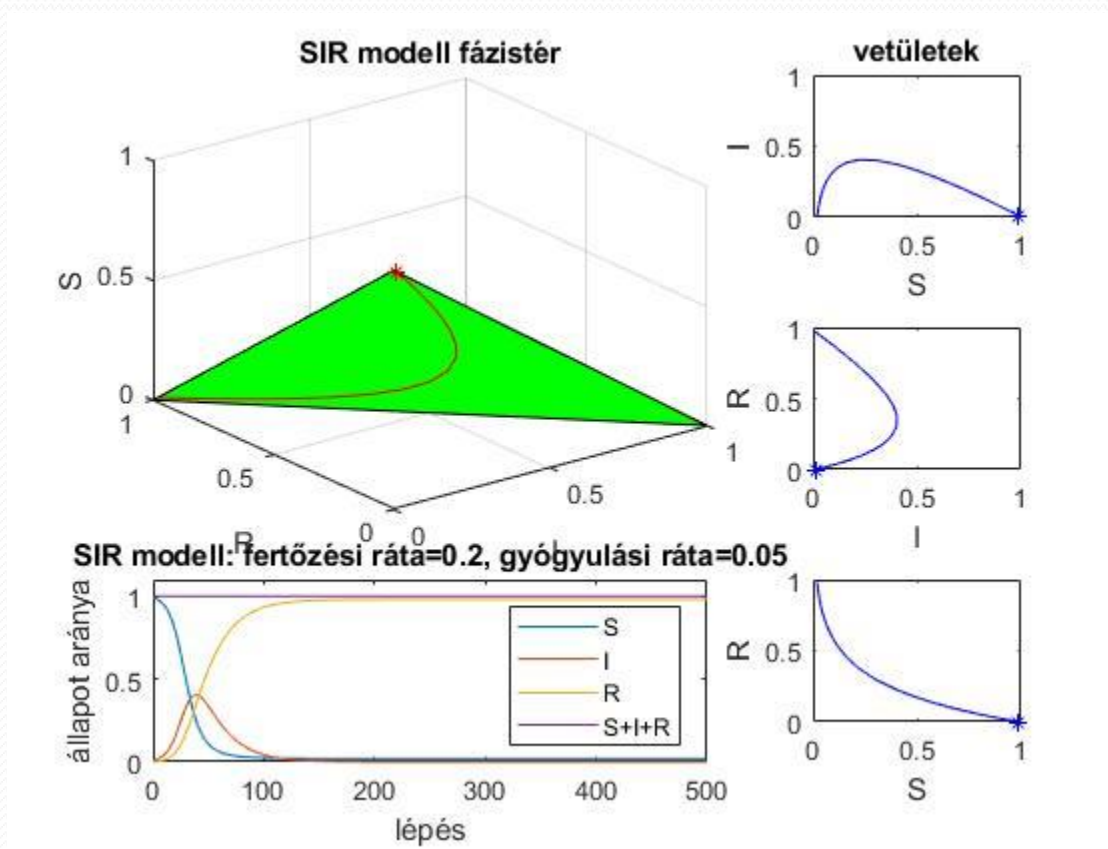
- $S+I+R=1 ; S, I, R \geq 0 ; R' \geq 0 ; S' \leq 0$

- mindenki ezek közül a kategóriák közül valamelyikbe tartozik

Feladatok

- Implementáljuk a SIR rendszert a `gyako7_sir_diffegy_feladat.m` kódba!
- Mi az egyes paraméterek hatása az eredményre?
 - Mikor, milyen paraméterek esetén alakul ki járvány (ugrik meg a betegek aránya)?
 - Hogyan befolyásolja a megbetegedések alakulását a fertőzési és a felgyógyulási ráta?
 - Hogyan befolyásolja az eredményeket, ha már kezdetben már vannak rezisztens (R) egyedek?
 - Hogyan befolyásolja az eredményeket, ha több fertőzöttről indulunk?

Megoldás pl.:



SIS modell

- A SIR modell egyszerűsített esete
- **Nincs immunitás:**
 - a felgyógyultak újra megbetegedhetnek
 - tehát a gyógyultak nem az R, hanem az S kategóriába kerülnek
- **$S+I \rightarrow 2I$**
 - fertőzhető és beteg találkozik \rightarrow a fertőzhető is megbetegszik
- **$I \rightarrow S$**
 - a beteg felgyógyul, de újra fertőzhető
- Alakítsuk át ilyenné a modellünk!
- Milyen ennek a modellnek a viselkedése? Milyen az egyensúlyi állapot?

Járványterjedés sejtautomatán

- Az ágensek **állapotai**:
 - S=Fertőzhető
 - I=Beteg (különböző súlyossággal: I_1, I_2, \dots, I_n)
 - R=Meggyógyult (immunis)
 - D=Halott
- Az ágensekre ható **szabályok** minden iterációban:
 - Ha az adott ágens S
 - Megszámolom a (8-as) környezetében lévő I ágenseket, és ezek számával arányosan betegszik meg (S->I)
 - Ha az adott ágens I
 - Adott valószínűséggel felgyógyul (I->R)
 - Ha nem gyógyul fel, súlyosbodik a betegsége ($I_k \rightarrow I_{k+1}$)
 - Ha bizonyos ideig nem gyógyult meg, meghal ($I_n \rightarrow D$)
 - Ha az adott ágens R
 - Adott valószínűséggel elvesztheti immunitását (R->S)
 - Ha D
 - Úgy is marad (nem gyógyul, nem fertőz)

Járványterjedés sejtautomatán

- **Paraméterek:**

- `dieAfter` = az ágens meghal, ha ennyi lépés alatt nem gyógyult fel
- `initialInfection` = annak valsége, hogy egy ágens kezdetben beteg
- `infectionRate` = $1 - (\text{megbetegedés valószínűsége})$ (1 beteg szomszédtól)
- `healRate` = a beteg felgyógyulásának valsége (iterációnként)
- `immunityLoss` = az immunitás elvesztésének valsége (iterációnként)

- **Kezdeti állapot:**

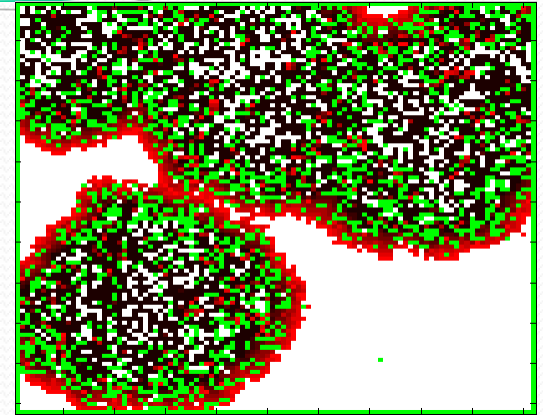
- Mindenki egészséges, pár ágens beteg (random pozíciókban)

Járványterjedés sejtautomatán

- Valószínűségi döntések (**véletlenek** a modellben)
 - A betegek kezdeti pozíciója és pontos száma
 - Megbetegedés (több beteg szomszédra nagyobb a valsége)
 - Gyógyulás
 - Immunitás vesztés
 - A random faktorok miatt azonos paraméterekkel futtatott szimulációk eredménye sem lesz pontosan azonos
- **Peremfeltétel:** fix perem, de periodikusan is megoldható (ekkor nincsenek szélek, melyek viselkedése eltérhet a belső régiókéétól)

Feladatok

- Implementáljuk a sejtautomatát a `gyako7_jarvanykeret.m` kódba!
- Milyen a járvány lefutása térben és időben különböző paraméterek esetén? Milyen típusú járványt modellezhetnek az egyes esetek (lásd következő dia)?
- A különböző állapotú sejtek mennyiségét jegyezzük fel minden iterációban, és ábrázoljuk a szimuláció végén! Mennyire hasonlítanak az eredmények a differenciálegyenletes SIR modell és a belinkelt komplexebb modell eredményeihez?



Feladatok

Példa paraméterkészletek

infectionRate	healRate	immunityLoss
0.9	0.1	0
0.9	0.1	0.01
0.9	0.1	0.1
0.99	0.1	0.1
0.1	0.1	0
0.1	0.5	0
0.1	0.5	0.1
0.5	0.1	0.1
0.5	0.1	0.9
0.5	0	0.1