

Monte Carlo simulace šíření nebezpečného viru

¹J. Frühauf, ²M. Matějček, ³J. Michna, ⁴D. Hanušková

¹Gymnázium a SOŠ dr.V. Šmejkal, ²Gymnázium Strakonice

¹fruehauf.jaroslav@gmail.com, ²mirek.mat2@seznam.cz,

³Gymnázium Mikuláše Koperníka, ⁴Gymnázium Velké Meziříčí

³jmichna5@gmail.com, ⁴dend8@seznam.cz

Kontaktní email: Martin.Matys@fjfi.cvut.cz

Abstrakt:

Cílem našeho miniprojektu bylo věrné ztvárnění šíření nebezpečného viru v předurčené populaci Lotka-Volterrovo modelem s Monte Carlo jevy. K danému účelu jsme využili program Matlab, ve které jsme programovali průběh uzavřené komunity skrze introdukci infikované skupiny. Díky této metodě a i pomocí dalších statistických postupů jsme nakonec užitečných dat dosáhli.

1 Úvod

Jako náš střed zájmu jsme si určili průběh smrtelného viru v přeúčtené skupině. Pro začátek jsme předurčili ideální podmínky, tudíž: skupina byla v dokonalé interakci bez rozporů, skupina byla ze 100% susceptibilní našemu viru, zdraví nebyli vůči infikovaným agresivní a že jak populace, tak studenti UK byli ochotni jeden s druhým interagovat.

Jakožto náš subjekt jsme tedy vybrali populaci České Republiky, s počáteční infekcí sestávající z 51 438 studentů Univerzity Karlovy (dle hodnot z r.2013).

Simulovali jsme tedy interakci těchto dvou skupin díky modelu predátor-kořist společně s pomocí Eulerovy metody a metody Monte Carlo.

2 Postup

Materiály a metody

Nejprve jsme se seznámili s modelem predátor-kořist, obecně známým jako Lotka-Volterrovy diferenciální rovnice rozšířený na tzv. Logistický model. Jde o jednoduchý model zabývající se právě vzájemnou interakcí mezi skupinami predátora a kořisti a zároveň jde o jeden z prvních pokusů o matematické zobrazení soužití druhů.^[1]

Následně jsme se seznamovali s programem Matlab a naučili se základní postupy při programování.

Pomocí tohoto programu jsme implementovali princip metody Monte Carlo, která pomocí pseudonáhodných čísel učuje střední hodnoty veličin, jež jsou výsledkem náhodného

děje. Je potřeba tyto simulace nechat proběhnout v dostatečném počtu, aby se data dala zpracovat stochastickými metodami do přesnějšího tvaru.^[2]

Pro naše simulace jsme použili základní hodnoty následující: populace ČR jakožto studovanou skupinu, 51 438 studentů UK jakožto základní skupinu infikovaných, nejdříve abstraktní hodnotu úmrtnosti a infekčnosti, později hodnoty dle morové epidemie z 17. století.

Naším cílem bylo dosažení nižší hodnoty infikovaných, než po vypuknutí, po době šesti let s náhodným počátkem a náhodně rostoucí efektivitou léčiva.

Všechny naše propočty stály na upravených vzorcích Lotka-Volterrova modelu řešených pomocí Eulerovy metody.^{[3][4]}

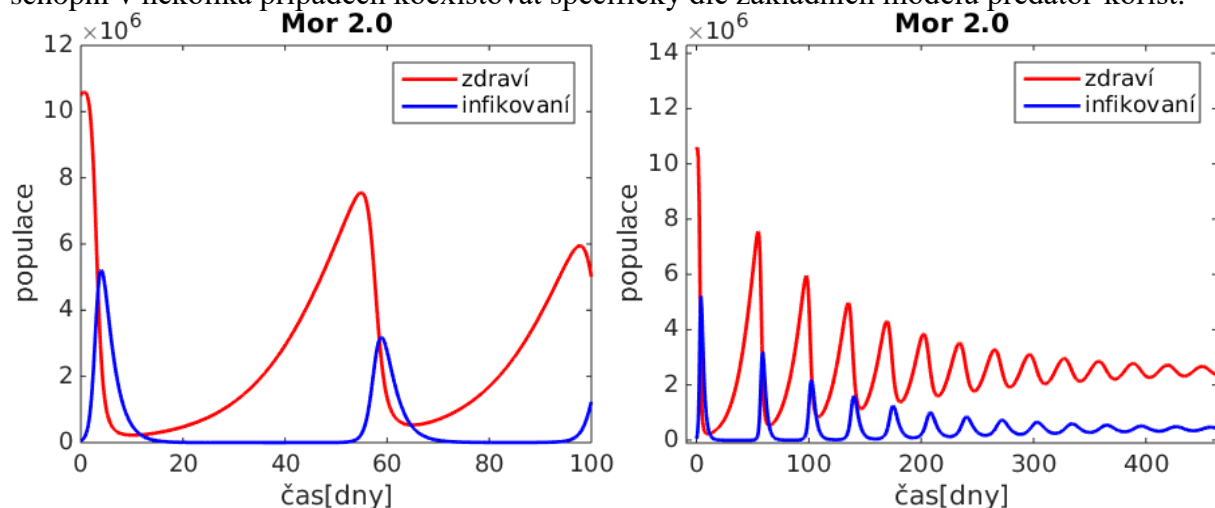
$$\begin{aligned}
 p_{x_1} &= a_1 \left[1 - \frac{x_1(t) + x_2(t)}{K} \right] x_1 + c_l x_2(t) - b_1 x_1(t) x_2(t) + c_p \\
 p_{x_2} &= b_1 x_1(t) x_2(t) - x_2(t) [c_l + c_2] \\
 x_1(t + 1) &= x_1(t) + p_{x_1} dt \\
 x_2(t + 1) &= x_2(t) + p_{x_2} dt
 \end{aligned}$$

Kde pro nás p_{x_1} a p_{x_2} figurují jako přírůstky skupin x_1 (populace zdravých) a x_2 (populace nemocných), a_1 je koeficient přirozeného růstu, c_l je náhodný koeficient efektivity léčiva, b_1 je infektivita nemoci, c_p je náhodný přírůstek (imigrace) a c_2 je koeficient mortality infikovaných.

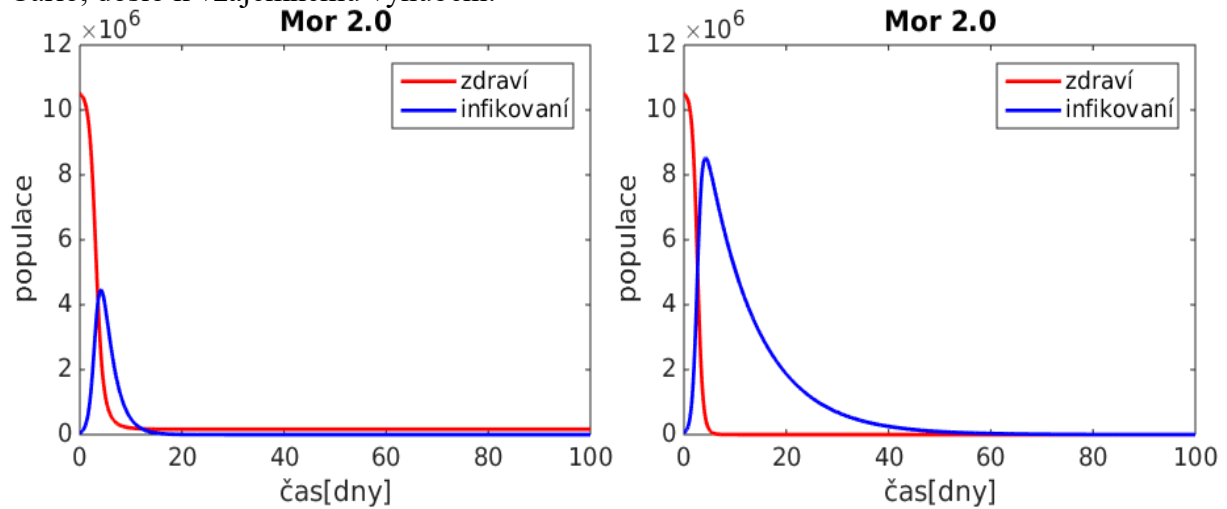
Hodnota imigrace závisela na předpokládané, nadměrně vysoké hodnotě v náhodném násobku v intervalu (0-1) * 50 000 každý rok, c_2 závisela explicitně na druhu nemoci, pro prvotní propočty bylo využito 0.1 a 0.2, později v realistickém (eliminačním) grafu moru byla dosazena hodnota 0.8.

Výsledky

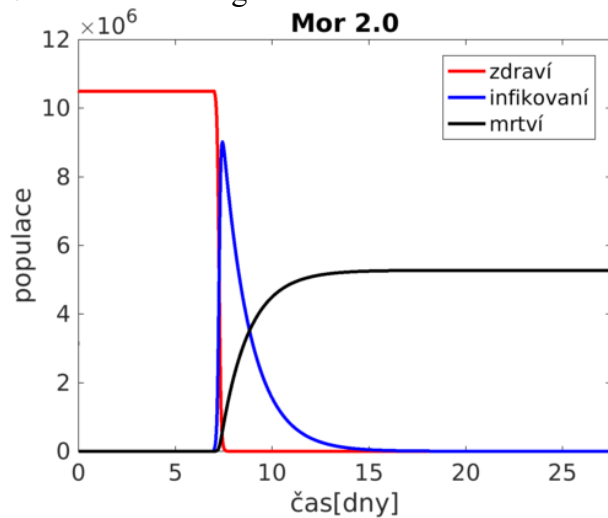
V prvotních vykreslených grafech jsme využívali pouze metody explicitní, bez implementace metody Monte Carlo a s přítomností extrémní schopnosti reprodukce populace. Dosáhli jsme několika překvapivých výsledků, a to těch, že lidé spolu s infikovanými byli schopni v několika případech koexistovat specificky dle základních modelů predátor-kořist.



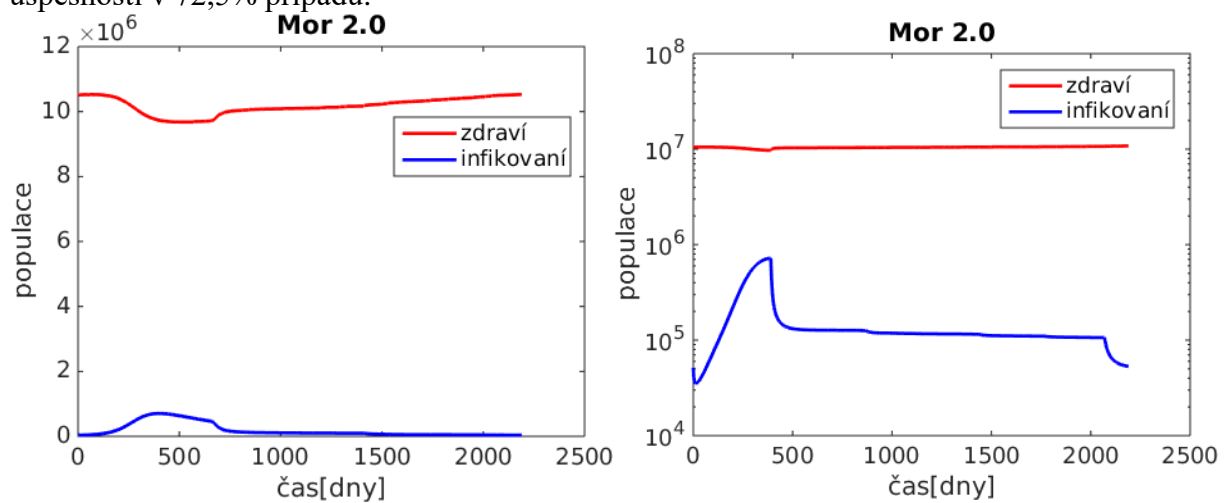
Dále jsme generovali populaci bez extrémní reprodukce, stále bez metody Monte Carlo, došlo k vzájemnému vyhubení.

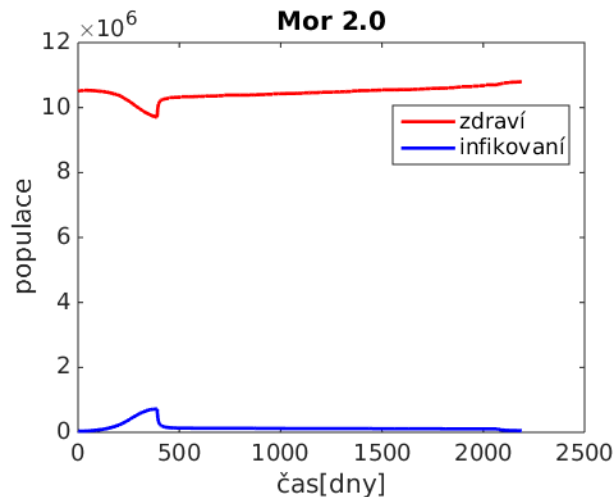


Naše další výsledky byly při přidání metody Monte Carlo spolu s hodnotami moru v tzv. eliminační graf.



V neposlední řadě jsme využili všech daných metod a vykreslili průměrné výsledky pro celkové vzorce (průměr z grafů během 10 simulací podle 100 opakování) s konečnou úspěšností v 72,5% případů.





I přes vložení našich pseudonáhodných hodnot, se, jak je vidět z většiny grafů, většinou populace ustálila pro určité hodnoty.

Diskuse

V rámci výsledků pro nás grafy byly překvapivé, hlavně kvůli implikovanému soužití infikovaných mezi zdravými, ovšem musíme tedy podotknout, že naše simulace nepředpokládají lidské chování a psychiku. Navíc tyto výsledky povětšinou času následují model predátor-kořist. Nepravděpodobnost celkového vyhubení specifické nemoci je také faktorem hodným zmínění.

3 Shrnutí

V našem experimentu jsme objevili, že infikovaní by mohli za určitých podmínek koexistovat s lidmi zdravými. Efektivního cíle jsme dosáhli v 72,5% simulací, je pro nás tedy určitou nadějí, že by lidstvo nemuselo být nutně vyhubeno, pokud by se takový patogen objevil a za předpokladu, že lidé by se po tomto objevu nevyhubili sami.

Poděkování

Otevřeně děkujeme našemu supervisorovi Martinovi Matysovi, jak za odhalení intrik Matlabu, tak i za vysvětlení potřebných operací a nakonec i za vřelý přístup při našem řešení. Následně děkujeme Vojtěchu Svobodovi na organizaci Týdne vědy a za kontaktování supervisorů.

Reference:

- [1] MATOUŠKOVÁ, K : *Lotka-Volterra Model Predátor Kořist*, Plzeň, 2009
- [2] https://en.wikipedia.org/wiki/Monte_Carlo_method
- [3] https://en.wikipedia.org/wiki/Lotka-Volterra_equations
- [4] https://en.wikipedia.org/wiki/Euler_method