

ZÁPADOČESKÁ UNIVERZITA V PLZNI
FAKULTA APLIKOVANÝCH VĚD
KATEDRA MATEMATIKY



BAKALÁŘSKÁ PRÁCE
KOMPARTMENTOVÉ MODELY V DYNAMICKÝCH SYSTÉMECH

PLZEŇ 2015

VENDULA GONDÍKOVÁ

Čestné prohlášení

Předkládám tímto k posouzení a obhajobě bakalářskou práci zpracovanou na závěr studia na Fakultě aplikovaných věd Západočeské univerzity v Plzni.
Prohlašuji, že jsem bakalářskou práci vypracovala samostatně a výhradně s použitím odborné literatury a pramenů, jejichž úplný seznam je její součástí.

V Plzni, dne 27. 5. 2015.

.....

vlastnoruční podpis

Poděkování

Chtěla bych tímto poděkovat Doc. RNDr. Petru Stehlíkovi PhD. za trpělivost, konzultace, motivaci a vřelý přístup při vytváření této práce. Dále bych chtěla poděkovat svému příteli za podporu.

Abstrakt

Cílem bakalářské práce je jednoduchá analýza kompartmentových modelů. V první fázi se budeme zabývat zástupci ze spojitého přístupu, kterými jsou SIR modely. Dále si uvedeme zástupce s diskrétním časem, mezi které patří celulární automaty. V druhé fázi bude snaha o konstrukci vlastního jednoduchého modelu, který bude vycházet z Greensberg-Hastingsnova celulárního automatu. Vytvoříme základní analýzu a případné simulace.

Klíčová slova: SIR model, SIRS model, celulární automat, matematické modely v epidemiologii, graf, kompartmentový model

Abstract

This work's aim is simple analysis of compartment models. In the first part we will follow up the SIR models, which belong to the continuous approach. In contrast we will show cellular automats - models with discrete time. In the second part we will try to construct a simple model, which will be based on Greenberg-Hastings cellular automat. Finally we will make some simulations and analyse this model.

Key words: SIR models, SIRS models, cellular automata, mathematical models in epidemiology, graph, compartment models

Obsah

1	Úvod	1
2	Spojité kompartmentové modely	2
2.1	Klasický Kermack-McKendrick model	2
2.2	Další SIR modely	4
3	Celulární automaty	6
3.1	Obecné celulární automaty	6
3.2	Greensberg-Hastings automat	7
3.2.1	Vliv parametrů na dynamiku modelu	7
3.2.2	Vliv rozmístění infekčních jedinců v $t = 0$	11
4	Grafy	13
4.1	k -regulární grafy	14
5	Porovnání modelů	17
5.1	Srovnání Greensberg-Hastings celulárního automatu s SIRS modelem	17
5.2	Srovnání modelu na k -regulárním grafu s SIRS modelem	19
5.3	Shrnutí	21
6	Závěr	22

Kapitola 1

Úvod

Matematické modelování má velmi časté využití v biologii, ekonomii, sociologii a dalších technických a přírodovědných oborech. Pomocí těchto přístupů můžeme určit dynamiku určitých jevů, popsat a předpovídat různé situace a určit souvislosti mezi danými faktory popsaného systému.

V této bakalářské práci nás budou zajímat modely, pomocí kterých se dá studovat šíření určité nákazy, myšlenky, strategie nebo reklamy mezi jedinci populace. Takovýchto teorií existuje nesčetné množství. My se pokusíme představit hlavně základní a jednoduché. Konkrétně nás budou zajímat kompartmentové modely, které vychází z toho, že populaci rozdělí do skupin, kompartmentů, podle stavů jedinců.

Nejdříve se pokusíme představit spojité konfigurace, do nichž patří SIR modely. Tyto modely jsou velmi oblíbené převážně v biologii, kde se pomocí nich popisují různé epidemie a další přenosné nemoci. Základní přehled nalezneme v kapitole 2.

Dále se seznámíme s diskretním kompartmentovým modelem, který funguje na podobném principu. Jde o Greensberg-Hastingsův celulární automat, který popisuje šíření nákazy na mřížce.

Následně se pokusíme zobecnit Greensberg-Hastingsův celulární automat a vytvořit simulaci šíření nákazy na grafu. Použijeme k -regulární graf a analyzujeme určité vlastnosti tohoto vytvořeného modelu.

V poslední části této práce se pokusíme porovnat uvedené konfigurace, tedy spojitý a diskretní přístup. Budeme se snažit na konkrétních příkladech najít určité souvislosti mezi jednotlivými modely, případně se pokusíme objasnit, v čem se liší.

Veškeré simulace byly vytvořeny v programu Matlab. Soubory s příloženými kódy naleznete na příloženém CD.

Kapitola 2

Spojité kompartmentové modely

V této kapitole bychom se chtěli seznámit s modely, pomocí kterých můžeme modelovat dynamiku rozšiřování nákazy v dané populaci. Pojmeme nákaza je myšlena jakákoliv nemoc. Můžeme tím ale také myslet například počítačový vir, reklamu, šíření zpráv, módní trendy, cokoliv co se může rozšířit mezi jedince populace.

Rozšíření nákazy se dá modelovat pomocí kompartmentových modelů. Jedním z nejznámějších kompartmentových modelů je SIR model, který je připisován panu W. O. Kermackovi a jeho kolegovi A. G. McKendrickovi, kteří spolu v roce 1927 spolupracovali a vytvořili Kermack-McKendrick teorii, zabývající se právě tímto modelem. [4] Na této teorii poté stávkovělo spoustu matematiků a biologů a rozvíjeli ji.

Jelikož jsou modely SIR nejvíce spojené s epidemiologií, budeme za nákazu považovat nějakou nemoc.

2.1 Klasický Kermack-McKendrick model

Za klasický Kermack-McKendrick model se považuje SIR model.[5] Základní myšlenkou tohoto modelu je rozdělení celkové populace do tří odlišných skupin (kompartmentů).

1. *S - a susceptible compartment*

Do této skupiny patří jedinci, kteří mohou být nakaženi. Budeme je označovat jako náchylní, nebo ohrožení.

2. *I - an infected compartment*

Skupina jedinců, kteří jsou nakaženi a mohou nemoc rozšiřovat dál po celé populaci.

3. *R - a removed compartment*

Tato skupina může obsahovat například jedince, kteří ještě mají nemoc, ale uzdravují se. Jejich nemoc je ve stádiu, kdy nenakazí někoho jiného. Dále sem mohou patřit jedinci, kteří nemoc nepřežili, nebo imunní jedinci. Obecně tedy platí, že jedinci v této skupině nemohou nemoc šířit, nebo být nakaženi.

Víme, že N je celková velikost populace. Dále označme $S(t)$, $I(t)$ a $R(t)$, jako počty jedinců v jednotlivých kompartmentech. Nyní můžeme uvést následující předpoklady [4], [5]:

- (i) Počet jedinců, kteří se v čase t nakazí, je přímo úměrný počtu ohrožených a infikovatelných jedinců. Celkový počet nově nakažených v čase t je tedy roven $\beta S(t)I(t)$, kde $\beta > 0$ je přenosný, infekční koeficient (*transmission rate*).
- (ii) Počet jedinců, kteří se v čase t přesunou ze skupiny I do skupiny R je přímo úměrný počtu infikovaných osob, to znamená $\alpha I(t)$, kde $\alpha > 0$ je *recovery, removal rate coefficient*, neboli koeficient léčení. Čas, který stráví jedinci v infekčním stádiu můžeme vyjádřit jako $1/\alpha$.
- (iii) Modelujeme na konečné populaci, která se v průběhu času nemění. Tím je myšleno, že se neuvažuje narození nových dětí, smrt jedince vzniká jen díky nemoci a nepředpokládá se migrace osob. Tzn. $S(t) + I(t) + R(t) = N$.
- (iv) Zanedbáváme inkubační období. Náchylný jedinec se ihned po nakažení stává infikovatelným, ihned se dostává do kompartmentu I .
- (v) Dále předpokládáme, že pravděpodobnost kontaktu mezi dvěma jedinci je u všech jedinců stejná.

Na základě výše uvedených předpokladů můžeme uvést Kermack-McKendrick model:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (2.1.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \alpha I \quad (2.1.2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \alpha I \quad (2.1.3)$$

Počáteční podmínky pro tento model jsou:

$$S(0) = S_0 > 0; \quad I(0) = I_0 > 0; \quad R(0) = 0.$$

U modelování infekčních nemocí v populaci nás zajímá dynamika těchto modelů. Nejdůležitějším poznatkem je, jestli se infekce rozšíří nebo ne. Jestliže se rozšíří, tak většinou chceme vědět, kdy začne počet nemocných klesat.

Máme tedy model s danými parametry a , r , S_0 a počet nakažených I_0 v čase $t = 0$. Po úpravě rovnice (2.1.2) získáme:

$$\left[\frac{dI}{dt} \right]_{t=0} = I_0 (\beta S_0 - \alpha) \quad (2.1.4)$$

Pro řešení platí:

$$\left[\frac{dI}{dt} \right]_{t=0} \begin{cases} > 0 \\ < 0 \end{cases} \quad \begin{cases} \text{pro } S_0 > \rho \\ \text{pro } S_0 < \rho \end{cases} \quad \text{kde } \rho = \frac{\alpha}{\beta} \quad (2.1.5)$$

Pro všechna $t \geq 0$ poté dostáváme:

$$\frac{dI}{dt} = I(\beta S - \alpha) \quad (2.1.6)$$

Z rovnice (2.1.1) víme, že $dS/dt \leq 0$. Také platí, že $S_0 \geq S$. Nyní nám mohou nastat dvě situace:

- $S_0 < \rho$
 Jak je uvedeno v rovnici (2.1.5) pro $S_0 < \rho$ nám vyjde $dI/dt < 0$. To znamená, že počet nakažených bude v čase $t \rightarrow \infty$ klesat, tedy $I_0 > I(t) \rightarrow 0$. Můžeme říci, že nákaza zanikne.
- $S_0 > \rho$
 Jestliže platí, že $S_0 > \rho$, potom je $dI/dt > 0$. V tomto případě nám počet nakažených jedinců bude růst. $I_0 < I(t)$, když $t \rightarrow \infty$. Vzniká nám epidemie.

Parametr ρ je krajní hodnotou modelu (*threshold phenomenon*).

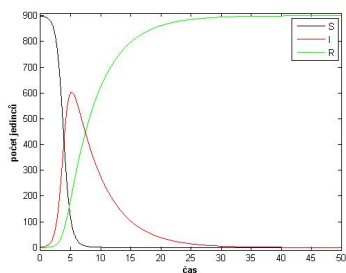
Nyní můžeme zavést pojem *míra reprodukce infekce (reproduction rate)*. Tuto míru značíme R_0 .

$$R_0 = \frac{rS_0}{a} = \frac{S_0}{\rho}, \quad (2.1.7)$$

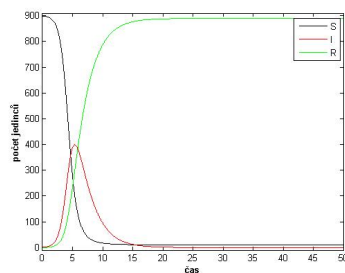
a určuje počet nově nakažených jedinců během celého infekčního období. [5] Pokud je $R_0 > 1$ nákaza se rozšíří a vzniká epidemie. V opačném případě nákaza zanikne. [4]

Odhadnout hodnotu R_0 je pro modelování velmi důležité, ale zároveň velmi těžké, jelikož k určení koeficientů α , β a γ potřebujeme znát biologické parametry, které mohou být často těžko měřitelné.

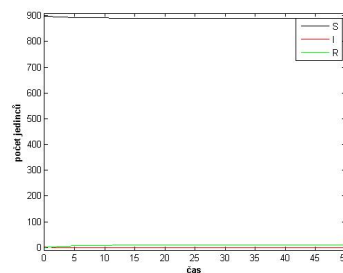
Příklad 1. Průběh modelu pro různé míry reprodukce infekce R_0 . Pro simulaci byla použita data koeficientů $\beta = 2,18 \cdot 10^{-3}$ a $\alpha = x_i \cdot 2,18 \cdot 10^{-3}$, $S(0) = 899$ a $I(0) = 1$ [5, p. 326]. Hodnoty x_i byly zadány tak, aby nám vyšly různé hodnoty míry reprodukce R_0 . V prvním případě bylo $x_1 = 89,91$, dále se $x_2 = 202$ a v posledním případě bylo $x_3 = 1000$.



Obrázek 2.1.1: $R_0 = 10$



Obrázek 2.1.2: $R_0 = 4,5$



Obrázek 2.1.3: $R_0 = 0,9$

2.2 Další SIR modely

Podstatou kompartmentových modelů tedy je, že danou populaci rozdělíme do určitých tříd (kompartmentů), podle stavu jedince. Kromě klasického Kermack-McKendrick modelu (*SIR*) rozlišujeme ještě následující modely [4]:

(i) Modely bez inkubačního (latentního) období

Modely, kde se ohrožený jedinec po kontaktu s nakaženým ihned nakazí.

- **SI** model - V tomto modelu se jedinci nemohou vyléčit.
- **SIS** model - Jedinci se sice uzdraví, ale hned se stávají ohroženými a mohou být ihned nakaženi. V SIS modelu není žádný imunní stav.
- **SIRS** model - Jedinec se může dostat do dočasné imunní fáze, po kterou nemůže být znovu nakažen. Poté se opět stane ohroženým.
- **SIRI** model - V modelu SIRI se nakažený jedinec trvale neuzdraví.

(ii) Modely s inkubačním (latentním) obdobím

Modely s inkubačním obdobím jsou modely, ve kterých se vyskytuje další kompartment *E* - *an exposed compartment*. Jedinci v této třídě jsou nakaženi, ale ještě nemohou přenášet nemoc mezi ostatní. Přidáním tohoto kompartmentu dostáváme modely *SEI*, *SEIS*, *SEIR*, *SEIRS*.

Jelikož v následujících kapitolách budeme také pracovat s diskrétní analogií SIRS modelu, měli bychom si ho blíže představit.

$$\frac{dS}{dt} = -\phi(S, I, R) + \gamma R, \quad (2.2.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \phi(S, I, R) - \alpha I, \quad (2.2.2)$$

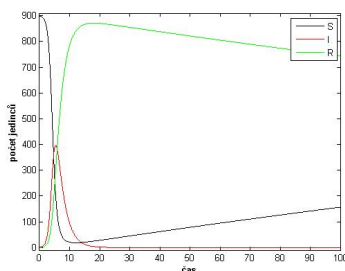
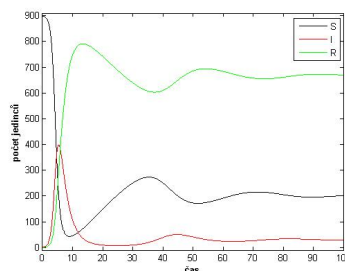
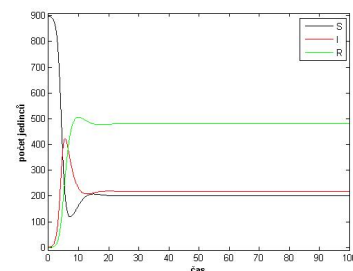
$$\frac{dR}{dt} = \alpha I - \gamma R, \quad (2.2.3)$$

kde $\phi(S, I, R)$ je obecná incidenční funkce. V klasickém Kermack-McKendrick modelu je tato funkce rovna βSI . [2] Proto dále uvažujme:

$$\phi(S, I, R) = \beta SI. \quad (2.2.4)$$

Na chování modelu budou mít opět velký vliv hodnoty koeficientů α , β a samozřejmě i nový koeficient γ . Důležitá je zde opět hodnota R_0 , která je definována rovnicí (2.1.7).

Příklad 2. Průběh modelu pro různé hodnoty koeficientu γ jsou zobrazeny na Obrázcích 2.2.1, 2.2.2 a 2.2.3. Předpokládali jsme, že hodnoty míry reprodukce infekce R_0 jsou větší než jedna. Pro simulaci byla použita opět data koeficientů $\beta = 2,18 \cdot 10^{-3}$ a $\alpha = 202 \cdot 2,18 \cdot 10^{-3}$, $S(0) = 899$ a $I(0) = 1$ [5, p. 326].

Obrázek 2.2.1: $\gamma = 0,002$ Obrázek 2.2.2: $\gamma = 0,02$ Obrázek 2.2.3: $\gamma = 0,2$

Kapitola 3

Celulární automaty

V předchozí kapitole jsme si ukázali modelování nemocí ve spojitém čase pomocí SIR modelů. Tento přístup má ale své určité nevýhody.

V první řadě je tento způsob modelování nevhodný pro malé populace. Dále se předpokládá, že každý jedinec se může nakazit od jakéhokoli jiného infikovaného jedince.

Nyní si zkusme představit reálnou situaci, kdy máme rodinu a dítě se nakazí od svého spolužáka ve škole. Nemoc se rozšíří mezi ostatní členy rodiny, i když se s určitým žákem ze školy nikdy nesetkají. Jsou nakaženi přímým kontaktem s jedincem v jejich okolí, kterého dále budeme označovat jako souseda.

Uvažujme tedy, že bychom daným jednotlivcům v populaci nadefinovali, od jakých jedinců se mohou nakazit. Tuto vlastnost nám zajistí obecné celulární automaty, které jsou také vhodnější pro studování šíření nákazy v menších populacích.

3.1 Obecné celulární automaty

Dalším způsobem, kterým můžeme studovat rozšiřování nákazy, jsou celulární automaty. Celulární automat je dynamický systém, který nabývá diskretních hodnot. Jedná se o síť buněk, většinou jde o čtvercovou mřížku. Buňky mohou představovat jak jedince samotné, tak lokaci, ve které se jedinci nacházejí. Každá z těchto buněk nabývá stav z množiny stavů E . Obecně můžeme tedy celulární automat nadefinovat takto:

Definice 3.1. *Celulární automat je n -tice $A = (G, E, U, f)$, kde G je mřížka buněk, E je množina základních stavů, U je množina určující okolí bodu a f jsou lokální pravidla. [2]*

Rozlišujeme dva základní typy okolí bodu, von Neumannovo okolí a Moorovo okolí.

Nechť $x_{i,j}$ je pozice dané buňky. Potom von Neumannovo okolí této buňky můžeme vyjádřit jako $U(x_{i,j}) = \{x \mid \|x_{i,j} - x\|_1 \leq 1\}$. [2] To znamená, že mezi sousedy buňky $x_{i,j}$ patří buňky, které mají s touto buňkou společnou hranu. Je tedy zřejmé, že u čtvercové mřížky má každý jedinec 4 sousedy. V případě Moorova okolí má každý jedinec celkem 8 sousedů. Do tohoto okolí se totiž počítají sousedi, kteří mají společnou hranu, ale také sousedi se společným vrcholem. Moorovo okolí vyjádříme jako $U(x_i) = \{x \mid \|x_{i,j} - x\|_\infty \leq 1\}$. [2] Daná okolí jsou zobrazena na Obrázku 3.1.1.

To, jaký bude mít daná buňka stav, se řídí předem nadefinovanými lokálními pravidly f . Lokální pravidla jsou stejná pro všechny buňky mřížky. Jedním takovým pravidlem může být "Pokud alespoň jeden ze sousedů dané buňky je nakažený, nakazí danou buňku." [2] Stav buňky tedy záleží na stavech jejích sousedů, ale také na stavu buňky samotné. Důležitou vlastností celulárního automatu je paralelní určení stavů, neboli určení stavů ve všech buňkách probíhá zároveň, nikoli sériově. [3]

Dále se budeme zabývat jedním konkrétním typem celulárního automatu. Tento model se nazývá Greenberg-Hastingsův celulární automat. Budeme předpokládat, že daná buňka mřížky představuje jedince populace.



Obrázek 3.1.1: okolí bodu $x_{i,j}$

3.2 Greensberg-Hastings automat

Greensberg-Hastings automat [2] (dále GH model) je konkrétní model, pomocí kterého můžeme modelovat infekční nemoci. Stejně jako u SIR modelů mohou mít v tomto modelu jedinci jeden ze tří stavů S = zdraví (*susceptible*), I = nakažení (*infectious*), nebo R = mrtví, uzdravující se, nebo imunní (*recovery*).

V GH modelu se jedinec nakazí, pokud alespoň jeden z jeho sousedů je nakažený. Zároveň platí, že se jedinec může nakazit pouze od svých sousedů.

Pro model jsou důležité dva parametry. Parametr $a > 0$, představující počet časových kroků, po které je daný jedinec nakažený. Jakmile uplyne doba a , jedinec přejde ze stavu I do stavu R . Dále parametr $g > 0$, představující počet časových kroků, po které je daný jedinec ve stavu R a poté se stává opět zdravým (S).

Množina stavů modelu se tedy rovná $E = \{S, I_1, I_2, \dots, I_a, R_1, R_2, \dots, R_g\}$. Přejechod mezi jednotlivými stavy je znázorněn níže.

$$\underbrace{0}_S \rightarrow \underbrace{1 \rightarrow \dots \rightarrow a}_I \rightarrow \underbrace{a+1 \rightarrow \dots \rightarrow a+g}_R \rightarrow \underbrace{0}_S \quad (3.2.1)$$

3.2.1 Vliv parametrů na dynamiku modelu

Nejprve si ukážeme, jak se bude populace vyvíjet pro různé hodnoty parametrů a a g , pokud budeme uvažovat von Neumannovo okolí.

Mohou nám nastat následující situace:

- I. Jedinci se jen jednou nakazí. Nákaza sice projde celou populací, ale "vyhyne". Po uplynutí nějaké doby se všichni nakažení uzdraví a vrátí do stavu S a již se nenakazí. Tato situace nastane, pokud mají všichni nakažení jedinci v čase nula stav z množiny $\{I_1, \dots, I_{max}\}$, kde hodnota $max < g + 1$. Za tohoto předpokladu můžeme tedy říci:

Věta 3.1. Uvažujme GH model s von Neumannovým okolím a parametry $a, g \geq 1$. Jestliže existuje $max < g + 1$, potom platí:

$$E_{ij}(0) \in \{S, I_1, \dots, I_{max}\} \implies \exists t \in \mathbb{N}_0 : E_{ij}(t) = \{S\}, \forall i, j \in \{1, \dots, N\} \quad (3.2.2)$$

Jinými slovy, jestliže platí, že v čase nula obsahuje množina stavů E pouze stavy S, I_1 až I_{max} , kde $max < g + 1$, poté existuje čas $t \in \mathbb{N}_0$, ve kterém se všichni jedinci uzdraví a množina stavů E bude obsahovat pouze stavy S .

Dynamika modelu pro tuto situaci je znázorněna na Obrázcích 3.2.8, 3.2.9 v Příkladu 6.

Důkaz. Znázorněme si, jak jdou za sebou určité stavy a časové kroky.

$$S \rightarrow I_1 \rightarrow \dots \rightarrow I_{max} \rightarrow \dots \rightarrow I_a \rightarrow R_1 \rightarrow \dots \rightarrow R_g \rightarrow S \quad (3.2.3)$$

$$0 \rightarrow 1 \rightarrow \dots \rightarrow max \rightarrow \dots \rightarrow a \rightarrow (a + 1) \rightarrow \dots \rightarrow (a + g) \rightarrow (a + g + 1) \quad (3.2.4)$$

Uvažujme následující možnosti:

1. Jedinec $x_{i,j}$ je v čase $t = 0$ nakažený. A chceme zjistit, zda-li ho může nějaký z jeho sousedů znovu nakazit.

- $x_{i,j}(0) = I_{max}$ a jeho soused $x_{i,j+1}(0) = S$.

Jakmile se zdraví jedinec $x_{i,j+1}$ nakazí, může roznášet nákazu po dobu a . Víme, že $x_{i,j}$ je nenakazitelný po dobu $(a + g - max)$, v této době se nachází buď ve stavu I , nebo R . Jestliže je $max < g + 1$, tak nejvyšší možné $max = g$. Pokud dosadíme, dostáváme $(a + g - g)$. Tedy jedinec je nenakazitelný po dobu a . Je zřejmé, že ho jeho soused, který byl v čase $t = 0$ zdravým, nemůže nakazit, protože jakmile se $x_{i,j}$ uzdraví (S), soused $x_{i,j+1}$ se dostane do stavu R . Je zřejmé, že to bude platit také pro jedince ve stavech $I_{k < max}$.

- $x_{i,j}(0) = I_l$ a jeho soused $x_{i,j+1} = I_k$, kde $k, l \leq max$.

Soused $x_{i,j+1}$ může roznášet nákazu po dobu $(a - k)$. Doba, po kterou nemůžeme $x_{i,j}$ nakazit, je rovna $(a + g - l)$. Je zřejmé, že $(a + g - l) > (a - k)$. Soused $x_{i,j+1}$ nemůže nakazit jedince $x_{i,j}$.

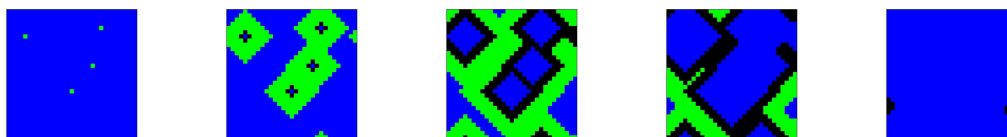
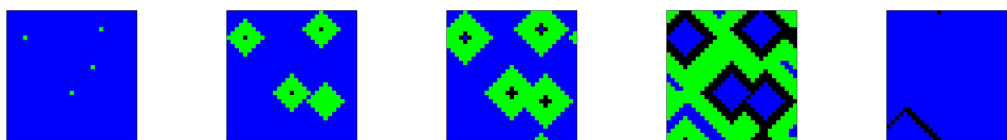
2. Jedinec $x_{i,j}$ je v čase $t = 0$ zdravý. A chceme zjistit, zda-li ho může nějaký z jeho sousedů $x_{i,j+1} = I_k$, kde $k \leq max$, v celkovém čase T dvakrát nakazit.

Jakmile se jedinec $x_{i,j}$ nakazí, nemůže být nakažen po dobu $(a + g)$. Jeho soused je nakažlivý po dobu $(a - k)$. Vidíme, že $(a + g) \geq (a - k)$. Jedinec $x_{i,j}$ nemůže být tedy znovu nakažen.

□

Příklad 3. Na Obrázcích 3.2.1 a 3.2.2 je ukázán vývoj populace pokud jsou jedinci na počátku ve stavech I_k , kde $k \leq max$. Modře jsou S stavy, zeleně jsou stavy I a černě stavy R . Na Obrázku 3.2.1 je znázorněn vývoj populace, pokud jsou všechny nakažené stavy na začátku ve stejné fázi nemoci, konkrétně $I_{max} = I_3$. Nákaza v určitém čase t zmizí a všichni jedinci se uzdraví.

Na Obrázku 3.2.2 je populace, kde nemocní jedinci jsou na začátku v různých stavech $I_{k \leq max}$.

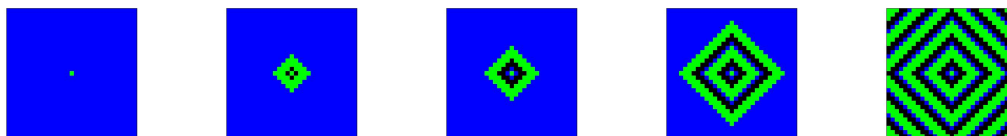
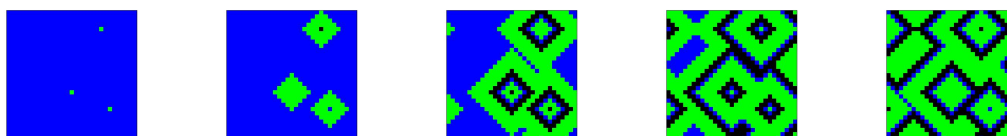
Obrázek 3.2.1: simulace populace: $N=961, a=5, g=3$ Obrázek 3.2.2: simulace populace: $N=961, a=5, g=3$

- II. Celý model se zacyklí. Infekce nezanikne, jedinci se po určité době opět nakazí. Samozřejmě tento případ nastane pokud bude $a > g \geq 1$ a v čase $t = 0$ budeme mít v populaci alespoň jednoho jedince, který bude ve stavu I_k , kde $k > \max$. Předpokládejme, že budeme mít v čase $t = 0$, jedince, kteří mají stav $I_{1, \dots, \max}$ a také jedince se stavy $I_{\max+1, \dots, a}$. Poté je zřejmé, že nákaza, kterou rozšířili jedinci $I_{1, \dots, \max}$ zanikne a nákaza pocházející z jedinců, kteří byly v počátku ve stavech $I_{\max+1, \dots, a}$, přetrvává. Při těchto počátečních podmínkách nám pak díky opětovnému nakažení vznikají v mřížce zajímavé periodicky se opakující vzory. Na Obrázcích 3.2.3, 3.2.4 a 3.2.5 můžeme vidět, jak se jedinci populace v čase opakovaně nakazí.

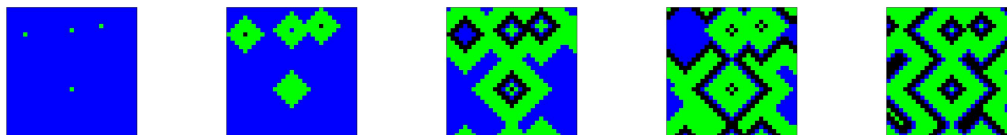
Příklad 4. Na Obrázku 3.2.3 je simulace populace, s jedním nakaženým jedincem, který v čase $t = 0$ je ve stavu I_k s $k > \max$.

Na Obrázku 3.2.4 můžeme vidět populaci, kde jsou všichni jedinci v čase $t = 0$ ve stavech I_k s $k > \max$.

Pokud máme v počátečním rozložení populace jedince I_k a I_l , kde $k > \max$ a $l \leq \max$, může vzniknout simulace populace, jako je například na Obrázku 3.2.5. V tomto případě jde vidět, že nákaza, kterou začal rozšiřovat jedinec I_l v určitém čase zanikne a nákaza od stavů I_k v čase T přetrvává a jedinci se opakovaně nakazí.

Obrázek 3.2.3: simulace populace: $N=961, a=3, g=2, E(0) \in \{S, I_3\}$ Obrázek 3.2.4: simulace populace: $N=961, a=5, g=2, E(0) \in \{S, I_3, I_4, I_5\}$

Otázkou nyní je, jestli parametry modelu ovlivní délku cyklu, či nikoli. Abychom na tuto otázku mohli odpovědět, musíme si nadefinovat vzdálenost mezi dvěma stavy buněk $d(m, n)$. [2]



Obrázek 3.2.5: simulace populace: $N=961, a=5, g=2, E(0) \in \{S, I_2, I_3, I_4, I_5\}$

Definice 3.2. Vzdálenost mezi dvěma stavy $m, n \in E$ buněk je definovaná:

$$d(m, n) = \min\{|m - n|, a + g + 1 - |m - n|\}. \quad (3.2.5)$$

Tvrzení 3.1. Pokud je délka cyklu l , potom ji můžeme vyjádřit jako $l = a + g + 1$.

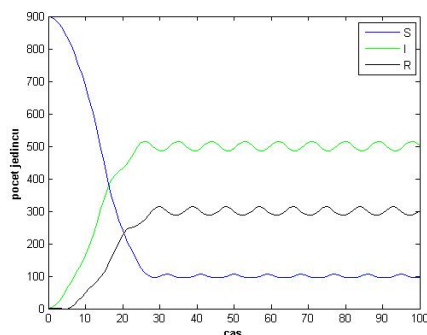
Důkaz. Uvažujme, že jedinec $x_{i,j}$ je v čase t v nějakém stavu $m \in E$, $x_{i,j}(t) = m$. Chceme zjistit, kdy se do tohoto stavu opět vrátí, neboli chceme zjistit dobu l , pro kterou platí, že $x_{i,j}(t + l) = m$.

Každý jedinec musí projít danou posloupností stavů, která je znázorněna v 3.2.3.

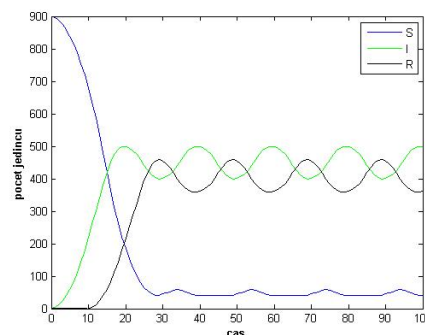
Jestliže je jedinec v čase t ve stavu I_k , projde následně zbývajícími infekčními stavy, kterých je $a - k$, až do stavu I_a . Poté se dostane do stavů R , kterých je g . Následně se uzdraví a bude ve stavu S . V tomto stavu je jen po dobu jednoho kroku. Jeho sousedi ho ihned nakazí a než se dostane do stavu I_k , uběhne k kroků.

Pokud všechny kroky sečteme, dostáváme $l = a - k + g + 1 + k = a + g + 1$. Hledaná délka cyklu l se tedy rovná vzdálenosti $d(I_k, I_k) = a + g + 1$. \square

Příklad 5. Na Obrázcích 3.2.6 a 3.2.7 je znázorněný průběh modelu pro různé hodnoty parametru a a g . U obou modelů jsou v počáteční množině stavů E v čase $t = 0$ stavy I_m , kde $m > \max$. Díky tomu se model zacyklí a nákaza nezanikne.

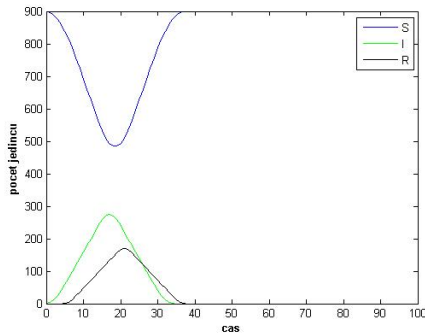


Obrázek 3.2.6: $N = 900, a = 5, g = 3, l = 9$, $E(0) \in \{S, I_m\}$

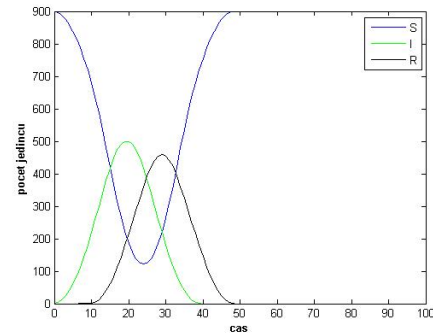


Obrázek 3.2.7: $N = 900, a = 10, g = 9, l = 20$, $E(0) \in \{S, I_m\}$

Příklad 6. Obrázky 3.2.8 a 3.2.9 vyjadřují dynamiku GH modelu v případě, že se nemoc neuchytí v populaci a zanikne. Na rozdíl od předchozího příkladu v těchto modelech uvažujeme počáteční množinu stavů E v čase $t = 0$ se stavy I_m , kde $m \leq \max$.



Obrázek 3.2.8: $N = 900$, $a = 5$, $g = 3$,
 $E(0) \in \{S, I_1\}$



Obrázek 3.2.9: $N = 900$, $a = 10$, $g = 9$,
 $E(0) \in \{S, I_4\}$

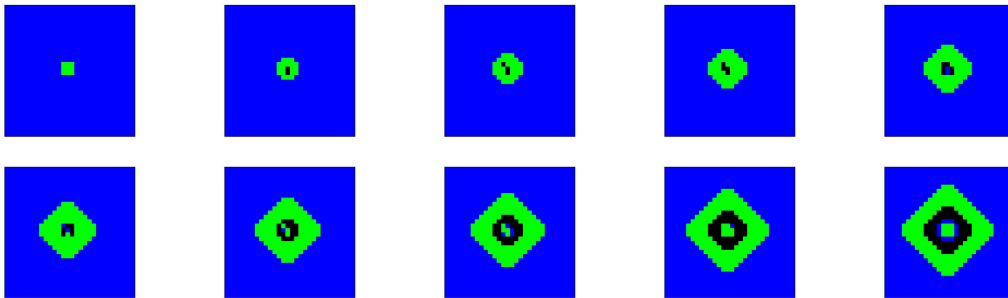
3.2.2 Vliv rozmístění infekčních jedinců v $t = 0$

Mohlo by nás také zajímat, zda-li se změní dynamika modelu, pokud do populace vložíme více nakažených jedinců. Tito jedinci mohou být pohromadě, nebo náhodně rozmístěni.

- **Nakažení jedinci budou pohromadě ve skupině**

Uvažujme, že na začátku simulování vložíme do populace skupinu nakažených jedinců. Mohou mít stavy z množiny $\{I_1, \dots, I_a\}$. Vývoj jednoho takového modelu je popsán v příkladu 7 a dynamika tohoto modelu je zobrazena na Obrázku 3.2.13.

Příklad 7. Do populace o velikosti $N = 900$ s parametry $a = 5$, $g = 3$ a počáteční množinou stavů $E(0) \in \{S, I_1, I_2, I_3, I_4, I_5\}$ umístíme skupinku jedinců, kteří mají stavy z množiny $\{I_1, \dots, I_a\}$.



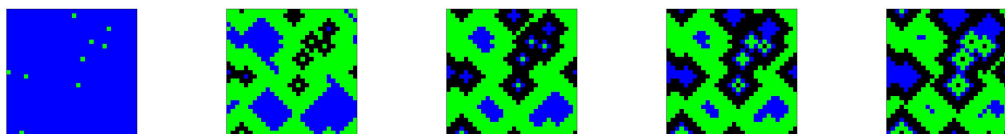
Obrázek 3.2.10: nakažení jedinci umístěni v populaci ve skupině

- **Nakažení jedinci budou náhodně rozmístěni v populaci**

Další možností je, že na začátku simulování vložíme do populace nakažené jedince náhodně rozmístěné po celé populaci. Opět mají stavy z množiny $\{I_1, \dots, I_a\}$. Vývoj konkrétního modelu s náhodným rozmístěním je popsán v Příkladu 8 a dynamika tohoto modelu je zobrazena na Obrázku 3.2.12.

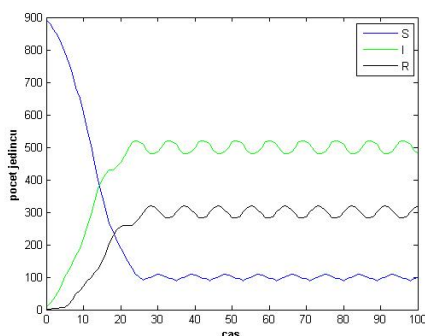
Příklad 8. Simulace populace, kdy na začátku jsou nakažení jedinci náhodně rozmístění. $N = 900, a = 5, g = 3, E(0) \in \{S, I_1, I_2, I_3, I_4, I_5\}$. Na prvním obrázku je vykresleno rozmístění infikovaných jedinců v populaci. Těmto devíti jedincům byli náhodně přiděleny stavy z množiny $\{I_1, I_2, I_3, I_4, I_5\}$. Hodnota max pro tuto konkrétní simulaci je $max = 3$. V počátku bylo celkem šest z devíti nakažených, kteří byli ve stavu I_m , pro $m > max$.

Na Obrázcích 3.2.11 jde vidět, že z nákazy, kterou rozšířilo těchto šest nakažených jedinců vzniká epidemie. Kdežto nákaza, kterou rozšířili jedinci ve stavu I_m , kde hodnota $m < max$, zanikne. Celkový vývoj počtu jedinců v daných kompartmentech je zobrazen na Obrázku 3.2.12.

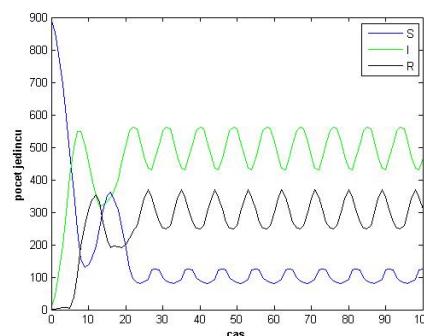


Obrázek 3.2.11: náhodné rozmístění nakažených jedinců v populaci

V grafech na Obrázcích 3.2.13 a 3.2.12 je zobrazena dynamika modelů s rozdílným rozmístěním nakažených jedinců na začátku simulace. Když tyto dva grafy porovnáme, vidíme, že u náhodného rozmístění je rychlost rozšiřování nákazy vyšší. Navíc ze začátku je v určitých kompartmentech značná změna počtu jedinců. Je to zapříčiněno tím, že nákaza, kterou rozšířili jedinci, kteří byli ve stavu I_m s hodnotou $m \leq max$, zanikla. Kdežto u modelu s jedinci ve skupině tomu tak není. Jedinci, kteří byli ve stavu I_m s hodnotou $m \leq max$, jejichž nákaza by měla také zaniknout, se ihned znovu nakazili od svých sousedů. Celá tato skupina se chová jako jeden nakažený jedinec.



Obrázek 3.2.12: nakažení jedinci umístění v populaci ve skupině



Obrázek 3.2.13: náhodné rozmístění nakažených jedinců v populaci

Kapitola 4

Grafy

U GH modelu jsme uvažovali přenos nákazy mezi jedinci, kdy jsme měli přesně určené sousedy pomocí von Neumannova okolí. V reálném životě ale můžeme mít více nebo méně "sousedů". Navíc naši sousedi mohou být náhodní, podle lokace, ve které se nacházíme. Zkusme tedy vytvořit model, kde jedinci budou mít více, nebo méně sousedů. Takový model bychom mohli zkonstruovat na obecných neorientovaných grafech.

Stále budeme uvažovat populaci o velikosti N , jejíž velikost se v čase T nemění. Uzel grafu bude představovat jedince, nebo skupinu jedinců, kteří jsou daní lokací. Kontakty mezi jednotlivci představují hrany grafu. Nákaza se může šířit jen přímým kontaktem mezi jedinci.

Definice 4.1. Graf $A = (G, E)$, je dvojice složená z konečné množiny vrcholů G a množiny E , která představuje hrany $E \subset \binom{V}{2}$, přičemž

$$\binom{V}{2} = \{\{x, y\} : x, y \in V \text{ a } x \neq y\}. [1] \quad (4.0.1)$$

Některá pravidla pro modelování rozšiřování nákazy na grafech zanecháme stejná jako u Greensberg-Hastingsova celulárního automatu. Pro upřesnění:

- (i) Jedinci populace budou rozděleni do tří kompartmentů S, I a R , podle stavu, v jakém se v daném čase t budou nacházet. Průchod mezi těmito kompartmenty je shodný s rovnicí 3.2.3.
- (ii) Opět zde uvažujeme parametry a a g , pro něž platí, že udávají délku nákazy a délku imunity.
- (iii) Lokální pravidlo pro tento model je zachováno stejné, tedy jedinec se nakazí, pokud alespoň jeden z jeho sousedů je nakažený. Zároveň platí, že se jedinec může nakazit pouze od svých sousedů.
- (iv) Jedinou odlišností je určení sousedů jedince pomocí von Neumannova okolí. Počet sousedů je dán hodnotou k .

Otázkou nyní je, zda-li se změní dynamika šíření nákazy, když nemáme přesně nadefinované okolí bodu, případně jak se změní. Dále nás bude zajímat, jak počet sousedů ovlivní dynamiku nákazy.

4.1 k-regulární grafy

Jestliže bychom předpokládali, že každý jedinec má stejný počet sousedů, tedy že každý jedinec je spojen s k sousedy pomocí hrany, můžeme zkusit modelovat šíření nákazy na k -regulárních grafech.

Definice 4.2. Necht' A je graf, g jeho vrchol. Symbolem $\deg A(g)$ označme počet hran grafu A obsahujících vrchol g . Číslo $\deg A(g)$ nazveme stupněm vrcholu g v grafu A . [1]

Definice 4.3. Graf je k -regulární, jestliže všechny jeho vrcholy mají stupeň k . [1]

Začneme tím, že zkusíme zjistit, jak pomocí parametrů odhadneme chování modelu. Pro jaké hodnoty parametrů nákaza zanikne, kdy vzniká epidemie a model se zacyklí, atd...

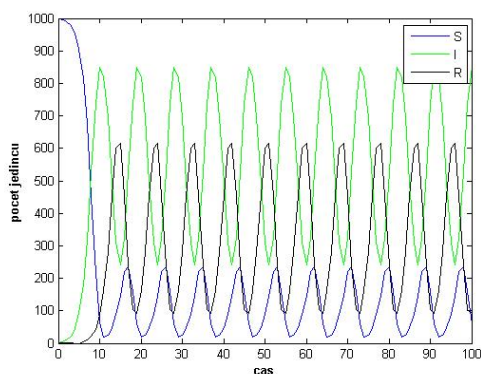
Po bližším zkoumání modelu můžeme říci, že platí stejná pravidla pro chování modelu jako u GH modelu. Vliv na chování modelu mají především parametry a a g .

Věta 4.1. Uvažujme model na k -regulárním grafu, potom platí, že nákaza zanikne v případě, že množina stavů E v čase $t = 0$ bude mít tvar $E(0) \in \{S, I_1, \dots, I_{max}\}$. Opět platí, že $max < g + 1$.

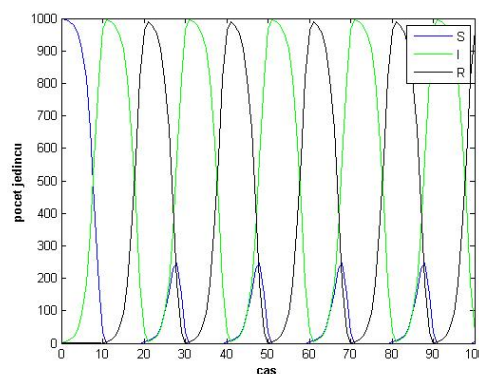
Důkaz. Důkaz by byl stejný jako pro Větu 3.1. □

Věta 4.2. Jestliže v modelu na k -regulárním grafu bude množina stavů E v čase $t = 0$ obsahovat stavy I_m , pro které bude platit, že $m > max$, poté se celý model zacyklí s délkou cyklu $l = a + g + 1$, pro všechna $k > 2$, a nákaza nezanikne.

Příklad 9. Na Obrázcích 4.1.1 a 4.1.2 je vykreslena dynamika populace, kdy se model zacyklí, jelikož do populace je v čase $t = 0$ umístěn jedinec ve stavu I_m , kde $m > max$. V populaci je celkem 1000 jedinců. Aby se model zacyklil mohou být hodnoty parametrů a a g nastaveny tak, jako jsou v simulacích na Obrázcích 4.1.1 a 4.1.2.

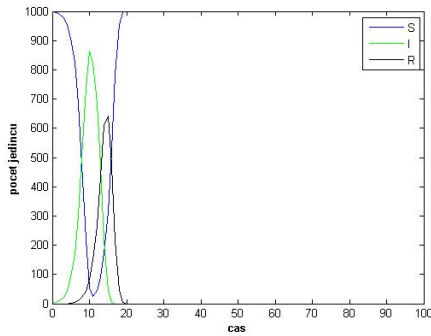


Obrázek 4.1.1: $N = 1000, a = 5, g = 3,$
 $E(0) \in \{S, I_5\}, k = 3$

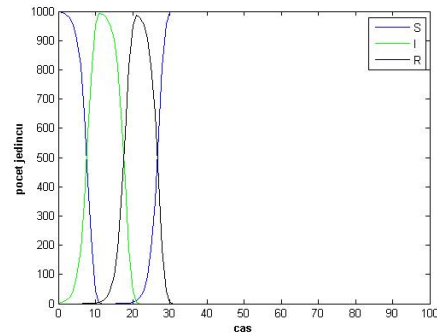


Obrázek 4.1.2: $N = 1000, a = 10, g = 9,$
 $E(0) \in \{S, I_{10}\}, k = 3$

Oproti tomu na Obrázcích 4.1.3 a 4.1.4 je vykreslena dynamika modelu pro případ, kdy nemoc zanikne. Do populace je v čase $t = 0$ umístěn jedinec ve stavu I_m , kde $m \leq max$. Všechny Obrázky jsou modelované pro 3-regulární graf.



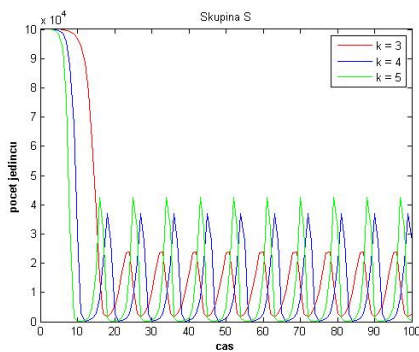
Obrázek 4.1.3: $N = 1000, a = 5, g = 3,$
 $E(0) \in \{S, I_1\}, k = 3$



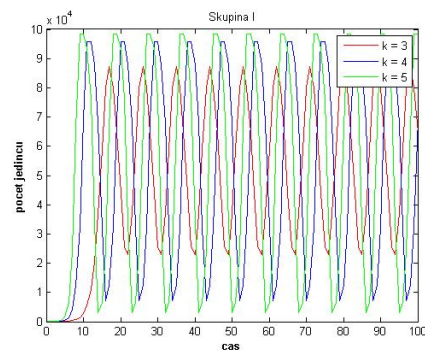
Obrázek 4.1.4: $N = 1000, a = 10, g = 9,$
 $E(0) \in \{S, I_4\}, k = 3$

Zkusme si nyní vykreslit, jak se vyvíjí počty jedinců v jednotlivých kompartmentech S, I a R do času $T = 100$ pro různé počty sousedů jedinců populace.

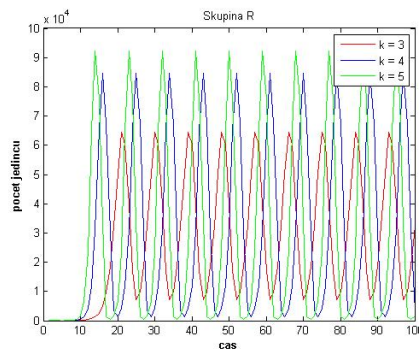
Příklad 10. Na následujících Obrázcích je znázorněné porovnání počtu jedinců v jednotlivých kompartmentech pro různé k . Pro všechny tři simulace platí: $N = 100.000, a = 5, g = 3,$
 $E(0) \in \{S, I_4\}$.



Obrázek 4.1.5: stavy S



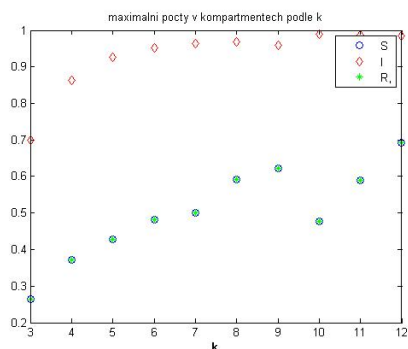
Obrázek 4.1.6: stavy I



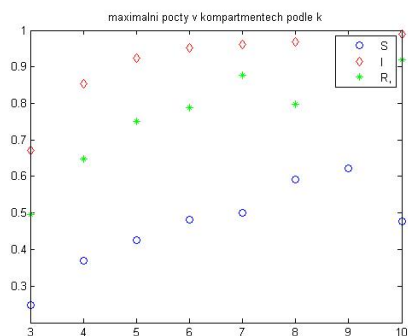
Obrázek 4.1.7: stavy R

V Příkladě 10 na Obrázcích 4.1.5, 4.1.6 a 4.1.7 vidíme, jak se liší průběh modelu s narůstajícím počtem sousedů k v k -regulárních grafech. Čím více má jedinec sousedů, tím rychleji se rozšíří nákaza v populaci. Z grafů jde také vidět, že u modelování s větším počtem sousedů se může stát, že v určitém čase $t \in T$, budou téměř všichni jedinci populace nakaženi.

Příklad 11. Na Obrázcích 4.1.8 a 4.1.9 jsou zobrazeny maximální počty jedinců v kompartmentech během simulací do času $T = 50$ pro různé k -regulární grafy, kde $k \geq 3$. Model je sestaven pro populaci se 100 tisíci jedinci. Simulace byly provedeny pro modely, které se zacyklí.



Obrázek 4.1.8: počty v kompartmentech, $g = 1, a = 3$



Obrázek 4.1.9: počty v kompartmentech, $g = 2, a = 4$

Všimněme si, že hodnoty maximálního počtu jedinců v kompartmentech I a R závisí na velikosti parametrů g a a .

Kapitola 5

Porovnání modelů

V této kapitole bychom chtěli zkusit porovnat spojité a diskrétní modely, které jsme si představili v kapitolách 2, 3 a 4. Případně se pokusíme najít určitou souvislost, nebo společné znaky těchto modelů.

5.1 Srovnání Greensberg-Hastings celulárního automatu s SIRS modelem

Jako první porovnáme Greensberg-Hastingsův celulární automat a SIRS model. [2] Tyto dva modely předpokládají stejný sled průchodu danými kompartmenty, který je vyznačen v rovnici (3.2.1).

U SIRS modelu víme, že čas, který stráví jedinec v infekčním stavu odpovídá hodnotě $1/\alpha$ a čas, který stráví v imunním stádiu je roven hodnotě $1/\gamma$ (podkapitola 2.2). V případě GH modelu jsou tyto hodnoty vyjádřeny parametry a a g (podkapitola 3.2). Z toho vyplývá, že parametr a odpovídá hodnotě $1/\alpha$ a parametr g odpovídá hodnotě $1/\gamma$.

Příklad 12. Uvažujme následující počáteční nastavení modelů:

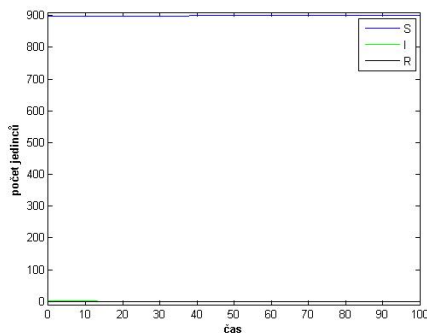
- $a = 5, \alpha = \frac{1}{5}$ - čas strávený v infekčním stádiu,
- $g = 3, \gamma = \frac{1}{3}$ - čas strávený v imunním stádiu,
- $N = 900$ - velikost populace,
- $T = 100$ - celkový čas simulace,
- $max = 3$ - hodnota potřebná pro GH model, viz. Věta 3.1.

Máme populaci, do které vložíme v čase $t = 0$ jednoho nakaženého jedince $I_0(0) = 1$. Budeme pracovat s výše uvedeným počátečním nastavením modelů. Takže většinu podstatných parametrů máme určenou. U SIRS modelu nám zbývá určit parametr β . K modelování GH celulárního automatu je potřebné ještě zadat v jaké fázi nemoci je nakažený jedinec. Tady nacházíme první odlišnosti mezi těmito dvěma modely.

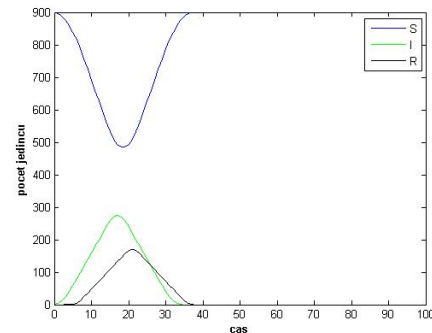
- Jestliže máme GH model s nakaženým jedincem, který je ve stavu I_m , kde $m \leq max$, potom nákaza zanikne. U SIRS modelu nákaza zanikne, když je $R_0 < 1$ (podkapitola

2.2). I když uděláme simulace pro různé hodnoty, určitou podobnost v dynamice modelů nenalezneme. Simulace některých konkrétních hodnot z těchto intervalů jsou na Obrázcích 5.1.1 a 5.1.2.

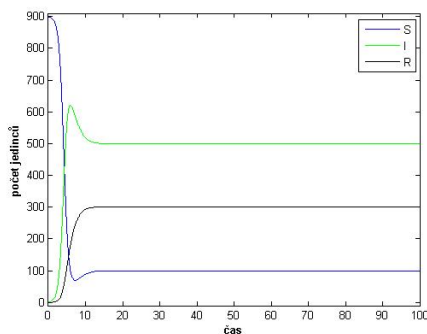
- V druhém případě se nám v populaci objeví epidemie. Aby vznikla, potřebujeme mít v GH modelu jedince se stavem I_m , pro $m > max$. Pro SIRS model platí, že $R_0 > 1$. Dynamika modelů se sobě už podobá více než v prvním případě, což je viditelné na Obrázcích 5.1.3 a 5.1.4.



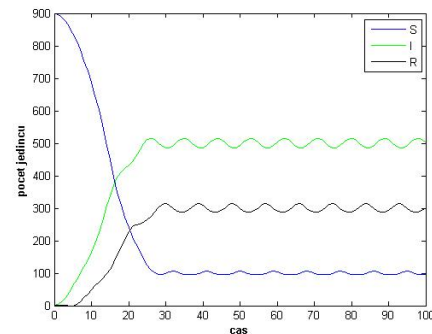
Obrázek 5.1.1: SIRS model, $\beta = 0,002$



Obrázek 5.1.2: GH, $E(0) \in \{S, I_2\}$



Obrázek 5.1.3: SIRS model, $\beta = 0,002$



Obrázek 5.1.4: GH, $E(0) \in \{S, I_4\}$

Musíme si uvědomit, že v SIRS modelu se nepředpokládá nějaké specifické okolí jedinců. U všech je stejná pravděpodobnost, že se nakazí od jednoho infekčního jedince. Kdežto u Greensberg-Hastingsovo celulárního automatu se jedinec může nakazit pouze od jednoho ze svých čtyř sousedů, navíc jsou tito sousedi přesně nadefinováni von Neumannovo okolím (podkapitola 3.1). Z tohoto důvodu se také nákaza u SIRS modelu z počátku šíří mnohem rychleji. Jeden jedinec může nakazit nespočet jiných jedinců v populaci.

Klíčovou věcí u modelování je nastavení správných parametrů. Zjistili jsme, že ve většině případů se dynamika těchto dvou modelů liší. Našli jsme ale také případ, kdy je dynamika šíření nákazy od určitého času podobná. V tomto čase je hodnota jedinců v daných kompartmentech u SIRS modelu konstantní. Jak jde vidět na Obrázcích 5.1.3 a 5.1.4 v GH modelu se od určitého času průměrné počty jedinců v kompartmentech k této hodnotě blíží.

5.2 Srovnání modelu na k -regulárním grafu s SIRS modelem

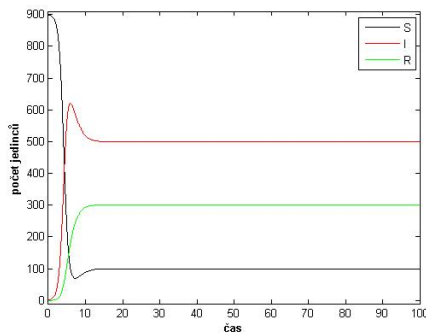
V předchozí podkapitole jsme si ukázali, že lze nalézt určité nastavení parametrů pro SIRS model a Greensberg-Hastingsův celulární automat, tak aby byla dynamika šíření nákazy v populaci podobná. Otázkou nyní je, zda-li se nám to podaří i v porovnání SIRS modelu a k -regulárního grafu.

Začneme s 4-regulárním grafem, který je podobný GH modelu. Modelování šíření nákazy funguje na stejném principu, jako u GH modelu. Počet sousedů je stejný, jen se změní sousedi jedince, tedy neuvažujeme von Neumannovo okolí.

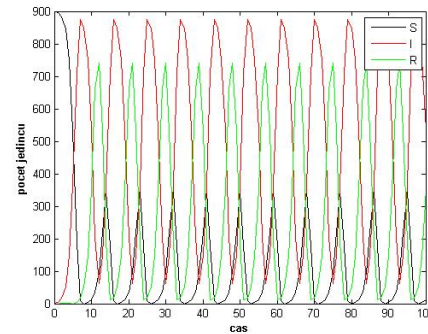
Budeme porovnávat pouze modely, u kterých díky počátečnímu nastavení parametrů a koeficientů vznikne epidemie. Modely, v nichž nákaza zanikne nevykazovaly žádnou podobnost v dynamice šíření nákazy.

Příklad 13. Uvažujme tedy stejné počáteční nastavení jako v Příkladu 12 (podkapitola 5.1). V SIRS modelu nastavíme koeficient $\beta = 0,002$ a do populace v modelu na grafu vložíme jedince se stavem I_4 .

Na Obrázcích 5.2.1 a 5.2.2 je vykreslena dynamika obou modelů. Vidíme, že se dynamika zcela liší. Počty jedinců v kompartmentech u 4-regulárního grafu se neustále rapidně mění.

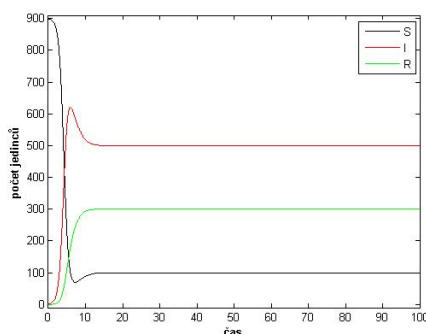


Obrázek 5.2.1: SIRS model, $\beta = 0,002$

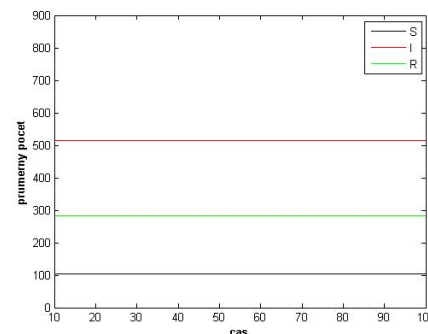


Obrázek 5.2.2: graf, $E(0) \in \{S, I_4\}$

Zkusme si nyní vykreslit průměrné počty jedinců v kompartmentech u modelu na 4-regulárním grafu, viz. Obrázek 5.2.4.



Obrázek 5.2.3: SIRS model, $\beta = 0,002$

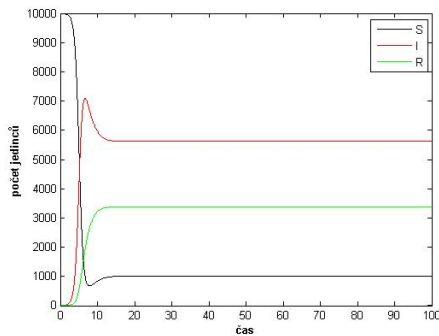


Obrázek 5.2.4: graf, průměrné počty

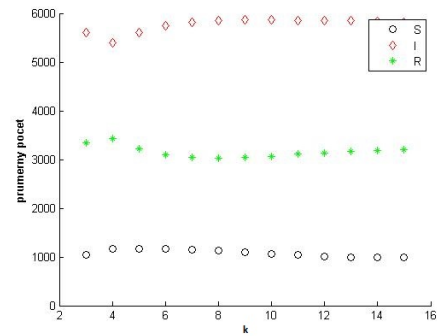
Průměrný počet jedinců jsme zjišťovali až od času $t = 10$, kdy už se v modelu objevují cykly. Přibližně od tohoto času se také ustálí počet jedinců v kompartmentech v SIRS modelu. Zjistili jsme, že průměrný počet jedinců v kompartmentech u 4-regulárního grafu se poměrně přibližuje k hodnotám počtu jedinců v SIRS modelu.

Dále bychom rádi zjistili, jestli nám nastane nějaká výrazná změna, když změním počet sousedů v modelu. Z kapitoly 4 víme, že pokud změním počet sousedů v modelech na k -regulárních grafech, dynamika modelu se nijak výrazně nezmění. Pouze je buď rychlejší, nebo pomalejší. Ale průběh bývá podobný jako na Obrázku 5.2.2.

Příklad 14. Simulace na Obrázcích 5.2.8 a 5.2.7 jsme udělali s větším počtem jedinců v populaci. Populace obsahuje celkem 10 tisíc jedinců. Na Obrázku 5.2.8 jsou zobrazeny průměrné počty jedinců v kompartmentech pro k -regulární grafy, kde $k \geq 3$. Vidíme, že hodnoty se nijak výrazně nemění a přibližují se k počtu jedinců v kompartmentech u SIRS modelu, který je na Obrázku 5.2.7.

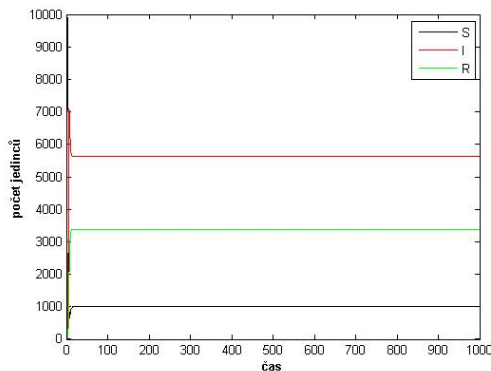


Obrázek 5.2.5: SIRS model, $\beta = 0,0002$

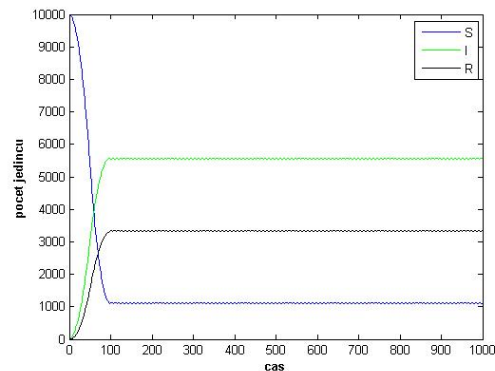


Obrázek 5.2.6: průměrné počty

Příklad 15. Na závěr této kapitoly bychom rádi ukázali, jak vypadá dynamika SIRS modelu a GH modelu pro 10 000 jedinců v populaci. Předpokládáme, že nastavení parametrů a koeficientů v modelech je stejné jako v Příkladu 12.



Obrázek 5.2.7: SIRS model, $\beta = 0,0002$



Obrázek 5.2.8: GH model

Dynamika modelů je výrazně odlišná ze začátku, kde rozšiřování nákazy u SIRS modelu je rychlejší. Jak již bylo zmíněno, důvodem je opět různé nadefinování sousedů jedinců populace. Je zřejmé, že při modelování na populaci, která má více jedinců se modely sobě více podobají.

5.3 Shrnutí

Pokusme se tedy shrnout určité souvislosti a rozdíly mezi diskretním a spojitým přístupem.

- V námi uvedených modelech se uvažuje konstantní velikost populace.
- Populace je rozdělena na tři části, kompartmenty.
- Průchod mezi kompartmenty je u všech modelů stejný.
- Pomocí parametrů a koeficientů můžeme nastavit přibližně stejné doby, které jedinci stráví v kompartmentech.
- Čas simulací je stejný.
- Základním rozdílem je vnímání času v modelech. V diskretním přístupu se stavy jedinců mění po krocích, což znamená že mezi dvěma časovými kroky jsou jedinci v určitém stavu a nemohou ho změnit. Zatímco u spojitého se stav jedinců mění v čase bez výraznějších skoků, tedy spojitě.
- Rozdílná je také struktura modelů. Naše diskretní modely jsou simulovány na mřížce, nebo grafu. U spojitého modelu nemáme žádnou specifitější strukturu.
- U spojitého modelu se nákaza může šířit mezi všemi jedinci, nemáme zde pevně nadefinované spojení mezi jedinci, jako u diskretního přístupu. U spojitých modelů je stejná pravděpodobnost kontaktu jedinců populace s nakaženými jedinci.
- Další věcí, která může ovlivnit dynamiku diskretního modelu, je rozmístění více jedinců v populaci. V tomto případě nastává další odlišnost, jelikož rozmístění jedinců u spojitého přístupu vůbec nemůžeme nadefinovat.
- To jestli budou modely podobné hodně ovlivňuje nastavení parametrů a koeficientů. Správné nastavení těchto hodnot je velmi těžké, obzvláště u spojitého modelu. Hodnoty těchto koeficientů vycházejí z různých biologických faktorů, které mohou být těžko měřitelné.
- V uvedených diskretních modelech uvažujeme více stádií, stavů v daných kompartmentech. Označovali jsme je například jako fáze nemoci. To se ve spojitém modelu vůbec neobjevuje.

V Tabulce 5.3.1 jsou shrnuty hlavní rozdílné vlastnosti modelů, které mají zásadní vliv na dynamiku.

	SIR	BUNĚČNÉ AUTOMATY
populace	konečná spojitá	konečná diskretní
čas	spojitý	diskretní
nakazitelnost	globální - nespecifická	lokální - nespecifická

Tabulka 5.3.1: Hlavní vlastnosti modelů

Kapitola 6

Závěr

V této práci jsme se snažili představit dva různé způsoby, jak modelovat rozšiřování určité nákazy mezi jedinci populace. U spojitých SIR modelů jsme uvedli základními typy těchto modelů. Ukázali jsme, jak vstupující koeficienty ovlivňují dynamiku modelu.

Ohledně diskrétních modelů, snažili jsme se čtenáře seznámit s Greensberg-Hastingsnovým celulárním automatem a vysvětlili jsme, jak tento model funguje. Pomocí simulací jsme ukázali určité vlastnosti a zákonitosti tohoto modelu.

Dále jsme se pokusili sestavit podobný model. Tento model funguje na stejném principu jako Greensberg-Hastingsnův celulární automat. Jediným rozdílem je to, že není modelován na mřížce, ale na k -regulárním grafu.

V poslední fázi jsme tyto diskrétní modely porovnali s SIRS modelem. I když jsme dokázali najít určité vstupující parametry a koeficienty modelů, pro které jsou modely podobné, ve většině případů se modely v mnohém liší. Příčinou odlišností je, že u námi představených diskrétních modelů, předpokládáme, že mají jedinci určené sousedy, které mohou nakazit. Zatímco u spojitých modelů, mohou jedinci nakazit všechny ostatní jedince se stejnou pravděpodobností.

Během práce nás napadlo spoustu dalších otázek a problémů v modelování rozšiřování nákazy. Dalším námětem by molo být modelování na neregulárních grafech, které by mohlo být více podobné SIRS modelu. U neregulárních grafů by měl totiž jedinec náhodný počet sousedů, tzv. průřez grafu by byl nižší a nákaza by se rychleji šířila. Další zajímavou úvahou by bylo porovnání modelů, pokud bychom nepředpokládali konstantní velikost populace, ale brali bychom v úvahu natalitu a mortalitu. Průběh určitých modelů by se také dal modifikovat.

Všechny tyto otázky by mohly být předmětem dalšího podrobnějšího zkoumání.

Literatura

- [1] R. Čada, Z. Ryjáček, and T. Kaiser, *Diskrétní matematika*, Západočeská univerzita, 2004.
- [2] G. de Vries, T. Hillen, M. Lewis, J. Müller, and B. Schönfisch, *A course in mathematical biology*, Society for Industrial and Applied Mathematics, 2006.
- [3] M. Husáková, *Celulární automaty: Znalostní technologie III. materiál pro podporu studia.*, <http://lide.uhk.cz/fim/ucitel/fshusam2/lekarnicky/zt3/zt3_dokumenty/CelularniAutomaty.pdf>, 2007, [Online; dostupné 6-4-2015].
- [4] Z. Ma and J. Li, *Dynamical modeling and analysis of epidemics*, World Scientific, 2009.
- [5] J.D. Murray, *Mathematical biology: I. An introduction*, Springer, 2002.