

A járványok az élővilág kialakulásával egyidősek. Az ilyen típusú populációbiológia rendszerek legtöbb átalakulása több egymás után következő lépésben megy végbe. Ezek a lépések tipikusan sorozatot alkotnak.

A járványterjedés modellezéséhez több-kevesebb paramétert vesznek figyelembe. Az egyik legegyszerűbb modellt, az SEIR-t vizsgáljuk meg táblázatkezelővel. Ebben a modellben a járványterjedés szempontjából négy csoportra osztjuk a populációt:

- S susceptible, azaz fogékonyak, még nem estek át a betegségen;
- E exposed, azaz lappangó, de még nem fertőző egyedek;
- I infectious, azaz fertőzöttek, betegek;
- R recovered, azaz gyógyultak.

Az osztályok közötti átalakulás: $S \rightarrow E \rightarrow I \rightarrow R$.

Az emberek megfertőződnek és maguk is fertőzővé válnak, majd meggyógyulnak, vagy sajnos meghalnak. Az utóbbi tragédiával ez az egyszerű modell nem foglalkozik.

A betűk jelölik, hogy hány egyed tartozik az egyes osztályokba. Vizsgáljuk meg, hogy az osztályok létszáma hogyan változik az időben néhány kezdeti paraméter mellett. Legyen a teljes populáció száma N , így ekkor minden időpontban teljesül, hogy $N = S + E + I + R$.

Egy új kórokozó esetén feltételezhetjük, hogy kezdetben a teljes populáció fogékony rá, azaz $S \approx N$. Legyen

- β a kórokozó átadási valószínűsége egy fertőző és egy fogékony egyed között;
- σ a lappangók fertőzővé válásának sebessége;
- γ a betegek meggyógyulásának sebessége.

Ekkor a fogékony egyedek számának változása $\Delta S = -\beta \cdot \frac{I}{N} \cdot S$, ahol az $\frac{I}{N}$ hányados a fertőzöttek aránya a teljes populációhoz képest. Minél nagyobb ez az érték, annál gyorsabb a járvány terjedése.

A lappangó esetek száma éppen ennyivel növekszik, miközben egy részük betegé válik:

$$\Delta E = \beta \cdot \frac{I}{N} \cdot S - \sigma \cdot E.$$

A fertőzöttek száma $\sigma \cdot E$ -vel növekszik, és a meggyógyulókkal csökken:

$$\Delta I = \sigma \cdot E - \gamma \cdot I.$$

A gyógyultak számának változása

$$\Delta R = \gamma \cdot I.$$

Szimuláljuk a járvány kialakulását időegységenként (naponta). Minden lépésben számítsuk ki a jelenlegi adatok alapján a változásokat, majd a következő napon a megváltozott értékekkel dolgozzunk:

$$\begin{array}{l} S(n+1) \leftarrow S(n) + \Delta S(n), \\ I(n+1) \leftarrow I(n) + \Delta I(n) \end{array} \quad \text{és} \quad \begin{array}{l} E(n+1) \leftarrow E(n) + \Delta E(n), \\ R(n+1) \leftarrow R(n) + \Delta R(n). \end{array}$$

A szimulációt legalább 150 napra végezzük el az alábbiak szerint:

- Az induló paramétereket a táblázat első néhány sorában lehessen megadni, helyüket feliratokkal jelezzük. Példaként $N = 10\,000\,000$; $\beta = 0,9$; $\sigma = 0,1$; $\gamma = 0,2$.
- Határozzuk meg a táblázat két cellájában, hogy hányadik nap lesz a fertőző betegek száma maximális és mekkora ez az érték.
- Ábrázoljuk az S , E , I , R osztályok létszámát az idő függvényében. A diagram értelmezését feliratokkal segítsük.

Beküldendő egy tömörített i512.zip állományban a munkafüzet, valamint egy rövid dokumentáció, amelyből kiderül az alkalmazott táblázatkezelő neve és verziószáma.