

Cvičení 2 – Matlab

Modelování systémů a procesů

Mgr. Lucie Kárná, PhD

karna@fd.cvut.cz

February 26, 2020

1 Začínáme programovat v Matlabu

- m-files
- Větvení
- Cykly

2 Model epidemie

- Kermack-McKendrickův SIR model
- Model v Matlabu
- Grafický výstup

m-files

= příkazy uložené v textovém souboru s příponou `.m`

Typy m-souborů

`scripty` sekvence příkazů

- všechny proměnné globální
- volají se jménem souboru

`m-funkce` funkce

- všechny proměnné lokální
- vstupní a výstupní parametry
- volají se jménem funkce a parametry
- jméno souboru **musí být totožné se jménem funkce**

Větvení

```
if <podmínka> <příkazy> end
```

```
if <podmínka> <příkazy1> else <příkazy2> end
```

Příklad 1

```
if a>0 disp('a je kladne') end
```

Příklad 2

```
if a==b disp('cisla se rovnaji')  
else disp('cisla se nerovnaji') end
```

while-cyklus

```
while <podmínka> <příkazy> end
```

cyklus, kde není předem známý počet opakování

Příklad 3

Naprogramujte script, který pro dvě přirozená čísla *velke* a *male* najde zbytek po dělení prvního čísla druhým.

Řešení

```
zbytek = velke;  
while zbytek >= male  
zbytek = zbytek - male;  
end
```

for-cyklus

```
for i=1:n <příkazy> end
```

cyklus, u kterého je předem známý počet opakování

Příklad 4

Naprogramujte výpočet faktoriálu $n!$.

Řešení

```
factorial = 1;  
for i = 1:n  
    factorial = factorial * i;  
end
```

Kermack-McKendrickův SIR model

$S(t)$ vnímaví jedinci (**S**usceptible)

$I(t)$ nakažení jedinci (**I**nfected)

$R(t)$ jedinci mimo hru (**R**emoved)



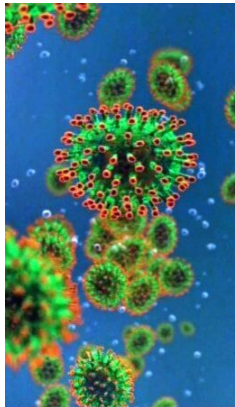
Předpoklady

- uzavřená homogenní populace
- velikost populace $S(t) + I(t) + R(t) = \text{const.}$
- nulová inkubační doba
- infekční po celou dobu nemoci

http:

[//mathworld.wolfram.com/Kermack-McKendrickModel.html](http://mathworld.wolfram.com/Kermack-McKendrickModel.html)

Kermack-McKendrickův SIR model



Rovnice modelu

$$S'(t) = -\alpha I(t)S(t)$$

$$I'(t) = \alpha I(t)S(t) - \beta I(t)$$

$$R'(t) = \beta I(t)$$

α koeficient nakažlivosti

β koeficient uzdravení ($1/\beta$ je doba trvání nemoci)

Epidemiologický práh

Z druhé rovnice vyjádříme:

$$I'(t) = I(t)(\alpha S(t) - \beta)$$

počet infikovaných roste, pokud $\alpha S(t) - \beta > 0$

Základní reprodukční číslo

$R_0 = \frac{\alpha S(t)}{\beta}$... počet lidí, které nakazí jeden nemocný

- $R_0 > 1$: počet nemocných roste \Rightarrow epidemie
- $R_0 < 1$: počet nemocných klesá

- spalničky asi 15
- koronavirus SARS-CoV-2 cca 2,2 (interval 1,4–3,8)

Proměnné a konstanty

```
% alpha ... koef. nakazlivosti
% beta ... koeficient uzdraveni
% n ... pocet iteraci

% S ... vnimavi jedinci
% S0 ... pocatecni hodnota
% I ... infekcni jedinci
% I0 ... pocatecni hodnota
% R ... uzdraveni jedinci
% R0 = 0
```

Zkusíme:

```
alpha = 0.0001
beta = 0.01
n = 20 až 100
S0 = 10000
I0 = 10
```

Vlastní script

```
S = zeros(1,n+1); % pocatecni hodnota + n iteraci
S(1) = S0;
I = zeros(1,n+1);
I(1) = I0;
R = zeros(1,n+1); % R0 = 0

for j = 1:n
S(j+1) = S(j) - alpha*I(j)*S(j);
I(j+1) = I(j) + alpha*I(j)*S(j) - beta*I(j);
R(j+1) = R(j) - beta*I(j);
end
```

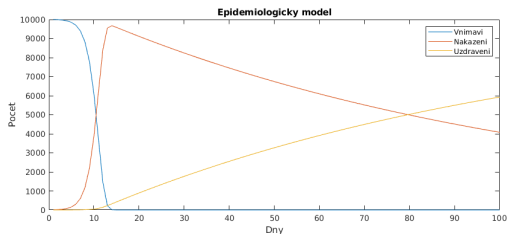
Jednoduchý graf

Základní příkaz: `plot`

- `plot(v)`, v je vektor:
 - na vodorovné ose index i
 - na svislé ose hodnoty $v(i)$
- `plot(A)`, A je matice (= tabulka):
 - na vodorovné ose řádkový index i
 - na svislé ose hodnoty $A(i, j)$
 - tj. pro každý **sloupec** j jeden graf
- `plot(x,y)`, x a y vektory stejné délky: XY-graf
 - na vodorovné ose hodnoty $x(i)$
 - na svislé ose hodnoty $y(i)$

Výsledek naší simulace

```
» A = [ S' I' R' ];  
» plot(A);  
» title('Epidemiologicky model');  
» xlabel('Dny');  
» ylabel('Pocet');  
» legend('Vnimavi' , 'Nakazeni' , 'Uzdraveni');
```





That's all Folks!