

[Akceptuje](#)

W ramach naszej witryny stosujemy pliki cookies w celu świadczenia państwu usług na najwyższym poziomie, w tym w sposób dostosowany do indywidualnych potrzeb. Korzystanie z witryny bez zmiany ustawień dotyczących cookies oznacza, że będą one zamieszczone w Państwa urządzeniu końcowym. Możecie Państwo dokonać w każdym czasie zmiany ustawień dotyczących cookies. Więcej szczegółów w naszej [Polityce Prywatności](#)

[Portal](#) [Informacje](#) [Katalog firm](#) [Praca](#) [Szkolenia](#) [Wydarzenia](#) [Porównania międzylaboratoryjne](#)
[Kontakt](#)



[Laboratoria](#)
[.net](#)
[Innowacje](#)
[Nauka](#)
[Technologie](#)



[Logowanie](#) [Rejestracja](#) [pl](#)

Newsletter

zapisz się

Naukowy styl życia

Nauka i biznes

- [Nowe technologie](#)
- [Felieton](#)
- [Tygodnik "Nature"](#)
- [Edukacja](#)
- [Artykuły](#)
- [Przemysł](#)

[Strona główna](#) > [Informacje](#)

Trudno prognozować przebieg epidemii za pomocą symulacji komputerowych

Za pomocą symulacji komputerowych trudno jest dokładnie prognozować przebieg epidemii, a szczególnie szczyt kolejnej fali zakażeń; można natomiast pokazywać jakościowe różnice

między możliwymi scenariuszami - powiedziała w rozmowie z PAP dr hab. Anna Ochab-Marcinek z Instytutu Chemii Fizycznej PAN w Warszawie.

PAP: W Polsce, w prognozowaniu przebiegu pandemii COVID-19, wykorzystuje się najnowsze metody modelowania procesów losowych. Nie zawsze jednak są one dokładne, a raczej zbyt często okazują się zawodne. Pokazała to Pani w animacji na Facebooku, przedstawiającej prognozy i prawdziwy przebieg epidemii w okresie lata tego roku.

Dr hab. Anna Ochab-Marcinek: Wykonałam animację złożoną z wykresów, które publikuje portal European Covid-19 Forecast Hub. Nie jest to dowód, że „zbyt często” symulacje okazują się zawodne. Moja animacja dotyczyła tylko wycinka czasu pandemii od 15 maja do 16 października 2021. Ale – tak, trudno prognozować przebieg epidemii za pomocą symulacji komputerowych. Moja animacja dotyczyła prognoz czterotygodniowych dla Polski zespołu ICM Uniwersytetu Warszawskiego oraz wrocławskiej grupy MOCOS (MOdelling Coronavirus Spread). Odnosiła się ona do tygodniowej liczby nowych przypadków COVID-19, tych prognozowanych i rzeczywistych. Z każdym tygodniem prognozy na następne cztery tygodnie były inne, często nie zgadzały się z późniejszym rzeczywistym przebiegiem. Jednak to nie znaczy, że takie symulacje są bezużyteczne.

PAP: Jakich metod symulacji, modelowania zdarzeń, używa się w tych prognozach?

Dr. hab. A.O-M: Prognozy są rozwijane na różne sposoby. W ICM UW i w MOCOS wykorzystuje się tzw. modele agentowe, próbujące tworzyć symulacje naszego społeczeństwa. W tym modelu uwzględnia się pojedyncze osoby w liczbie około 38 mln (tzw. agenci). Te osoby stykają się ze sobą; bierze się też pod uwagę ile jest gospodarstw domowych, szkół i miejsc pracy, oraz – przynajmniej w przypadku modelu ICM UW – geografii. Potem analizuje się, jak w tym układzie mogą się rozprzestrzeniać zakażenia w okresie czterech tygodni. Możliwe są też dłuższe okresy obserwacji, jednak wtedy mniejsza jest ich dokładność w przewidywaniu konkretnych trendów, za to służą do bardziej ogólnego porównywania wariantów wydarzeń, np. efektów obostrzeń.

Oczywiście były takie okresy, że prawdziwy przebieg epidemii był mniej więcej podobny do tego, co przewidywano, tzn. mieścił się w pewnych widełkach, wyznaczanych przez np. 95 proc. prawdopodobieństwa (przy czym widełki też bywały węższe lub szersze). Ale zdarzało się, że prognozy obydwu zespołów rozjeżdżały się z rzeczywistością. Od dr. Franciszka Rakowskiego z ICM UW dowiedziałam się, że w czerwcu rzeczywiście przebieg epidemii zrobił im pewną niespodziankę, być może z powodu braku bezpośredniego uwzględnienia sezonowości, tj. pogody. Z kolei w końcu sierpnia i na początku września niedokładności wynikały z upgrade’u modelu, który jeszcze nie był dobrze skalibrowany.

PAP: Dlaczego tak zawodne są metody symulacji komputerowych? Zbyt mało jeszcze wiemy o dość złożonym zjawisku, jakim jest pandemia?

Dr. hab. A. O.-M.: Trzeba pamiętać, że w symulacjach otrzymuje się jedynie to, co do nich wcześniej włożyliśmy. Jestem fizykiem teoretykiem i w tych zespołach często są fizycy. Fizykami są zarówno dr Franciszek Rakowski z ICM UW, jak i prof. Tyll Krüger z Politechniki Wrocławskiej, lider wrocławskiej grupy MOCOS. A fizycy i inni specjaliści od symulacji doskonale zdają sobie sprawę, że w komputerze nie ma niczego więcej, niż my sami wiemy.

Na przykład kiedy poziom zakażeń spada - bo więcej osób zaczęło się szczepić - to symulacje pokazują, że będzie on spadał nadal. Jednak trudno jest określić minimum zakażeń, albo kiedy nastąpi szczyt kolejnej fali pandemii. O to wszyscy pytają najczęściej, ale symulacje mogą być w tym słabe: wiadomo, że zmiana trendu może nastąpić wtedy, gdy wiemy co się stanie, np. że po

wakacjach zostaną otwarte szkoły i częstsze będą kontakty między ludźmi. Wtedy musi być więcej infekcji. Inna możliwa zmiana to wprowadzenie planowych obostrzeń – w takiej sytuacji oczekuje się spadku liczby zachorowań. Natomiast jeśli nastąpi niespodziewane, lecz ważne wydarzenie, np. pojawi się zjadliwsza mutacja wirusa, to zmiana trendu jest nie do przewidzenia w symulacji.

PAP: Najlepiej zatem tworzyć symulacje pokazujące różne wersje wydarzeń w zależności od poszczególnych możliwych zdarzeń, na przykład jak będzie się rozwijała pandemia w zależności od tego, ile osób zostanie zaszczepionych.

Dr. hab. A. O.-M.: Tak, obydwie zespoły wykonują takie symulacje w różnych wariantach i dla mnie to jest najciekawsze, zresztą wiem, że taka jest intencja twórców modelu ICM UW – ma on przede wszystkim przewidywać skutki obostrzeń w dłuższej skali czasowej. Można wtedy badać, jaka będzie skala efektu. Na przykład zespół MOCOS prof. Tylla Krügera testował wpływ wielkości gospodarstw domowych w Polsce i Niemczech. U naszych sąsiadów zwykle pod jednym dachem żyje mniej osób, niż w naszym kraju. Gdy założono dla celów symulacji, że w Polsce gospodarstwa domowe są mniejsze – takie jak w Niemczech, to okazało się, że częstość występowania zakażeń zmniejszyłaby się aż o połowę, co prawdopodobnie zasadniczo zmieniłoby przebieg epidemii w Polsce. Z kolei gdyby w Niemczech gospodarstwa domowe były tak duże, jak w naszym kraju – to wykazano, że zakażeń byłoby tam aż trzy razy więcej. Takie porównanie pokazuje, że dużą rolę w epidemii COVID-19 grają zakażenia w ramach jednego gospodarstwa domowego.

PAP: W przewidywaniu innych zjawisk społecznych i gospodarczych symulacje komputerowe też są mało wiarygodne?

Dr. hab. A. O.-M.: Najbardziej znam się na symulowaniu zjawisk biofizycznych, na przykład procesów zachodzących w żywych komórkach. Bo żywa komórka też jest takim skomplikowanym układem, występują w nich różnego typu cząsteczki, w określonych ilościach, które oddziałują ze sobą. A to już jest dostatecznie skomplikowane.

W przypadku epidemii najprostsze do przewidzenia byłyby sytuacje, w których zależności pomiędzy ludźmi są „mechaniczne”, jak pomiędzy cząsteczkami. Na przykład gdyby do opisu społeczeństwa wystarczyło określić, ile innych osób może średnio zakazić chory na COVID-19, z jakim prawdopodobieństwem chory uodporni się na zakażenie, a z jakim umrze. W życiu społecznym nie potrafimy jednak całkowicie przewidzieć, jak ludzie się zachowują w konkretnych sytuacjach. Co robią, gdy będą już zmęczeni obostrzeniami – czy całkowicie przestaną ich przestrzegać? Oczywiście można próbować tworzyć bardziej skomplikowane modele, wykorzystując dane ilościowe z socjologii, jeśli takie w ogóle istnieją. Ale nawet w przypadku szczepień przeciwko COVID-19 trudno było dokładnie przewidzieć, ilu Polaków się im podda.

PAP: Pandemia wciąż będzie uciekać przed symulacjami komputerowymi, czy wreszcie uda się nam ją dogonić?

Dr. hab. A. O.-M.: Algorytmy mogą być coraz doskonalsze, gdy będzie się do nich dodawać coraz więcej danych dotyczących pewnych właściwości społeczeństw. Na przykład mamy już w symulacjach strukturę gospodarstw domowych, bo jest łatwa do zbadania. Gdyby udało się to zmierzyć, można by uwzględnić w symulacjach np. jak często występują niekorzystne zachowania spowodowane psychicznym obciążeniem pandemią. Wciąż jednak nie będzie można przewidzieć wszystkiego, choćby niektórych zjawisk w gospodarce, które zawsze mogą nas zaskoczyć.

Źródło: pap.pl

<http://laboratoria.net/aktualnosci/30916.html>



14-03-2025

[4,7 mln Polaków cierpi na przewlekłą chorobę nerek](#)

Tylko 5 proc. z nich jest tego świadomych.



14-03-2025

[Polacy o alternatywnych źródłach białka](#)

Mięso komórkowe - tak, owady - niekoniecznie.



14-03-2025

[Po raz pierwszy pacjent z tytanowym sercem przeżył 100 dni](#)

To kolejne całkowicie wszczepialne sztuczne serce.



14-03-2025

Po raz pierwszy pacjent z tytanowym sercem przeżył 100 dni

Poinformował CNN.

π

14-03-2025

Dzień Liczby Pi

Piękna okazja, by pielęgnować podziw do matematyki.



14-03-2025

Dwie kolejne osoby potencjalnie wyleczone z HIV

Ogłoszono podczas konferencji na temat retrowirusów.



14-03-2025

[Tatuaze mogą sprzyjać nowotworom](#)

Informuje pismo "BMC Public Health".



14-03-2025

[Wypalanie traw](#)

Prowadzi do degradacji gleby i niszczy bioróżnorodność.

Informacje dnia: [4,7 mln Polaków cierpi na przewlekłą chorobę nerek](#) [Polacy o alternatywnych źródłach białka](#) [Po raz pierwszy pacjent z tytanowym sercem przeżył 100 dni](#) [Po raz pierwszy pacjent z tytanowym sercem przeżył 100 dni](#) [Dzień Liczby Pi](#) [Dwie kolejne osoby potencjalnie wyleczone z HIV](#) [4,7 mln Polaków cierpi na przewlekłą chorobę nerek](#) [Polacy o alternatywnych źródłach białka](#) [Po raz pierwszy pacjent z tytanowym sercem przeżył 100 dni](#) [Po raz pierwszy pacjent z tytanowym sercem przeżył 100 dni](#) [Dzień Liczby Pi](#) [Dwie kolejne osoby potencjalnie wyleczone z HIV](#) [4,7 mln Polaków cierpi na przewlekłą chorobę nerek](#) [Polacy o alternatywnych źródłach białka](#) [Po raz pierwszy pacjent z tytanowym sercem przeżył 100 dni](#) [Po raz pierwszy pacjent z tytanowym sercem przeżył 100 dni](#) [Dzień Liczby Pi](#) [Dwie kolejne osoby potencjalnie wyleczone z HIV](#)

Partnerzy