

Краевой конкурс творческих работ учащихся
«Прикладные и фундаментальные вопросы математики»

Математическое моделирование

**Моделирование распространения заболевания без возможности
повторного заражения**

Арисов Ильнур Азатович,
11, МБОУ «Лицей №1» г. Перми,

Шабрыкина Наталья Сергеевна,
доцент ПНИПУ, к.ф.-м. н.

Пермь. 2012.

Оглавление

Концептуальная постановка задачи	4
Математическая постановка задачи	5
Решение и результаты	7
Заключение	11
Приложение	12

Введение

В наше время есть множество заболеваний, таких как ветрянка и свинка – заболевания, которые после выздоровления оставляют после себя иммунитет к этой болезни. Также есть и такие заболевания, которые вызывают летальный исход. Например птичий и свиной грипп, также ученые предполагают, что если птичий и свиной грипп как-нибудь мутируют (например один человек одновременно заболеет и тем и другим заболеванием), то человечество будет не готово к этому новому заболеванию, и большинство подверженных заражению, как это ни прискорбно, погибнут.

Чтобы исследовать такие ситуации и предсказать их развитие необходимо создать модель развития данной ситуации.

Концептуальная постановка задачи

Целью данной работы являлось построение модели распространения заболевания без возможности повторного заражения изолированной группы людей фиксированного размера (за время распространения болезни дети не рождаются и из-за причин, не связанных с болезнью, люди не умирают), фиксированный размер является допущением. Считается, что болезнь может передаваться только при непосредственном контакте с инфицированным человеком, это второе допущение. Тогда каждый человек из рассматриваемой группы может быть отнесен к одной из следующих категорий, численность которых зависит от времени: подверженные инфекции (могут быть инфицированы), инфицированные, перенесшие заболевание (либо выработавшие иммунитет, либо умершие от болезни).

Математическая постановка задачи

В данной работе изменение числа инфицированных увеличивается пропорционально количеству подверженных и инфицированных с коэффициентом передачи болезни и уменьшается пропорционально количеству инфицированных с коэффициентом «излечения». Количество подверженных заболеванию и перенесших болезнь изменяются таким образом, чтобы общая численность группы сохранялась.

Используя написанные выше допущения, и рассматривая параметры от которых зависит процесс, можно составить дифференциальные уравнения:

$$S'(t) = -\alpha S(t)Y(t), \quad (1)$$

$$Y'(t) = \alpha Y(t)S(t) - \beta Y(t), \quad (2)$$

$$R'(t) = \beta Y(t), \quad (3)$$

где $S'(t)$ зависимость числа подверженных заражению от времени, $Y'(t)$ зависимость числа инфицированных от времени, $R'(t)$ зависимость числа «излеченных» от времени, α – коэффициент заражения, β – коэффициент «излечения», Y_0 – численность группы зараженных, S_0 – численность группы подверженной заражению, R_0 – численность группы «излечившихся».

Первая формула показывает количество человек, подверженных заражению, в момент времени t . Вторая число инфицированных человек в момент времени t . Третья показывает число излечившихся человек в тот же момент времени.

Для решения уравнений (1)-(3) использовались данные начальные условия на численности групп в начальный момент времени:

$$Y(0) = Y_0, \quad (4)$$

$$R(0) = R_0, \tag{5}$$

$$S(0) = S_0. \tag{6}$$

Решение и результаты

Методом решения был выбран метод численного решения дифференциальных уравнений первого порядка, аналитический метод к данной задаче применить нельзя. Так как решение вручную слишком трудоемкое, решение производилось с помощью математического пакета Maple. Текст данной программы находится в приложении к отчету.

Из решений, проделанных в математическом пакете, были получены графики зависимости численности всех трех групп от времени. В различных ситуациях были взяты различные коэффициенты и начальные условия.

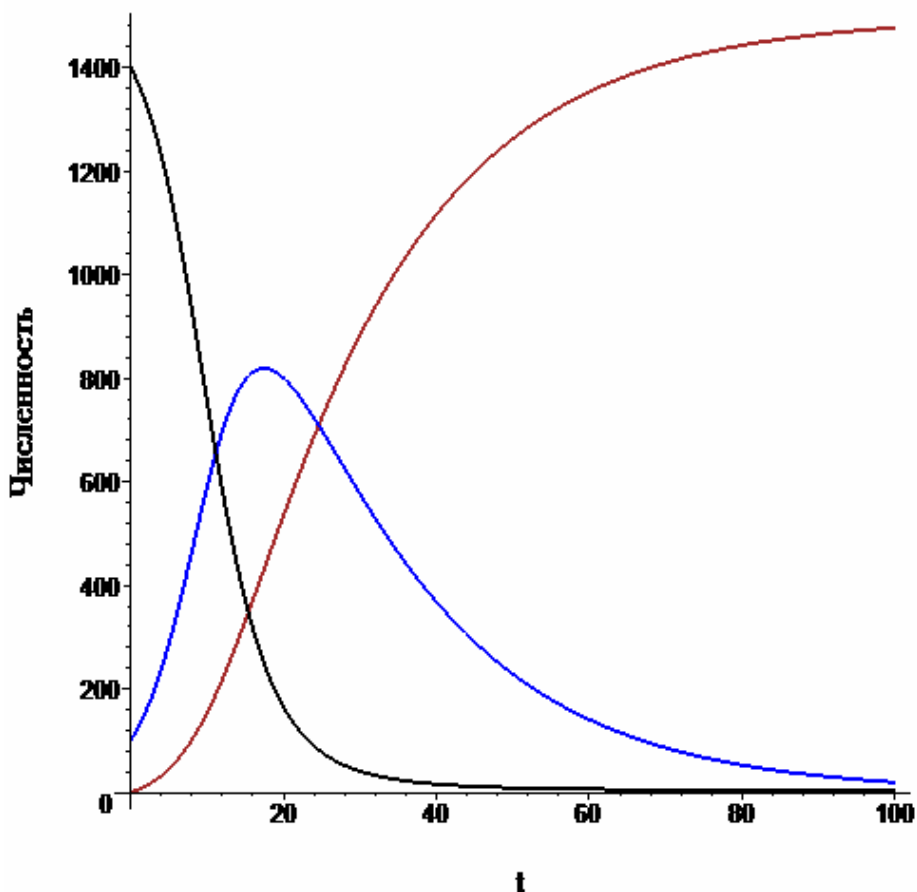


Рис.1. Зависимость трех групп от времени. Коэффициенты: $\alpha = 0.0002$, $\beta = 0.05$, начальные условия: $S_0 = 1400$, $Y_0 = 100$, $R_0 = 0$.

Рис. 1. показывает, что к моменту времени 80 количество подверженных заражению стало равняться нулю. Группа инфицированных

имела максимальное количество человек в момент времени 20, но, так как их количество зависит от количества подверженных заражению и от количества «излечившихся», численность группы начала падать до момента 115. Группа «излечившихся» к конечному моменту стала равняться общей численности группы.

Во второй ситуации, имея другие коэффициенты, получилась зависимость, изображенная на рис. 2.

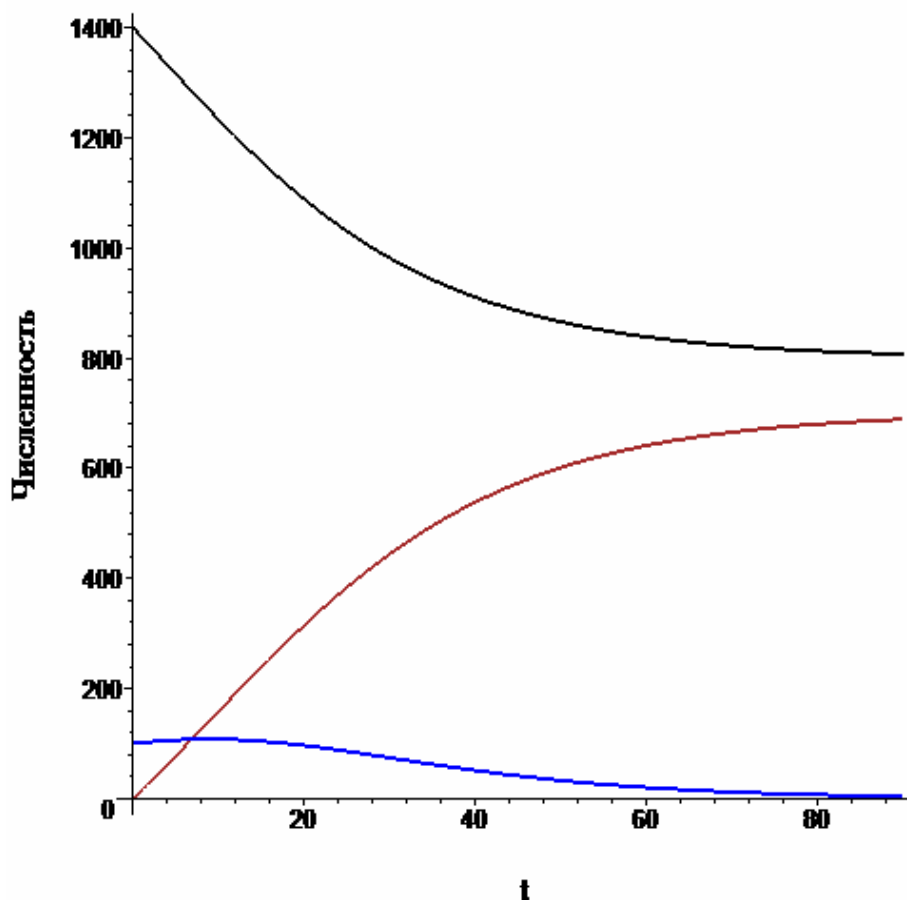


Рис.2. Зависимость численности всех групп от времени. Коэффициенты $\alpha = 0.00012$, $\beta = 0.15$, начальные условия: $S_0 = 1400$, $Y_0 = 100$, $R_0 = 0$.

В этой ситуации численность групп имела другой характер. На рис. 2. показано, что к моменту времени 60 численности групп «излечившихся» и подверженных заражению стали практически одинаковыми, а численность инфицированных начала падать, это вызвано маленьким коэффициентом заражения и большим коэффициентом излечения. Нетрудно заметить, что к конечному моменту времени группа зараженных

будет равна нулю, а численность «излечившихся» будет больше численности не заболевших человек.

Третья ситуация, также как и вторая с теми же начальными условиями, но с другими коэффициентами показана на рис. 3.

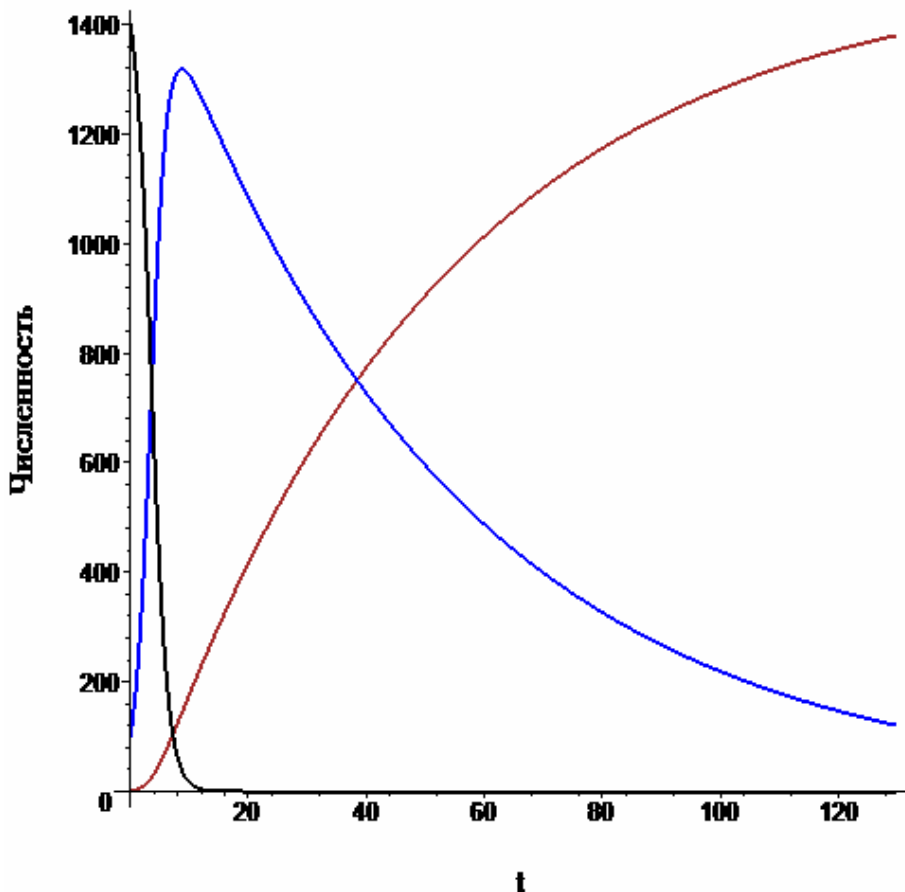


Рис. 3. Зависимость численности всех групп от времени. Коэффициенты: $\alpha = 0.0005$, $\beta = 0.02$,
начальные условия: $S_0 = 1400$, $Y_0 = 100$, $R_0 = 0$.

На рис. 3 показано, как быстро идет заражение, это вызвано большим коэффициентом заражения. Позднее, с момента 10, подверженных заражению уже нет, и заразить больше некого, поэтому количество зараженных понижается до нуля, а количество «излечившихся» становится максимальным, то есть становится равным числу всей группы.

В четвертой ситуации коэффициенты были взяты такие же как и в третьей ситуации, но начальные условия поменялись.

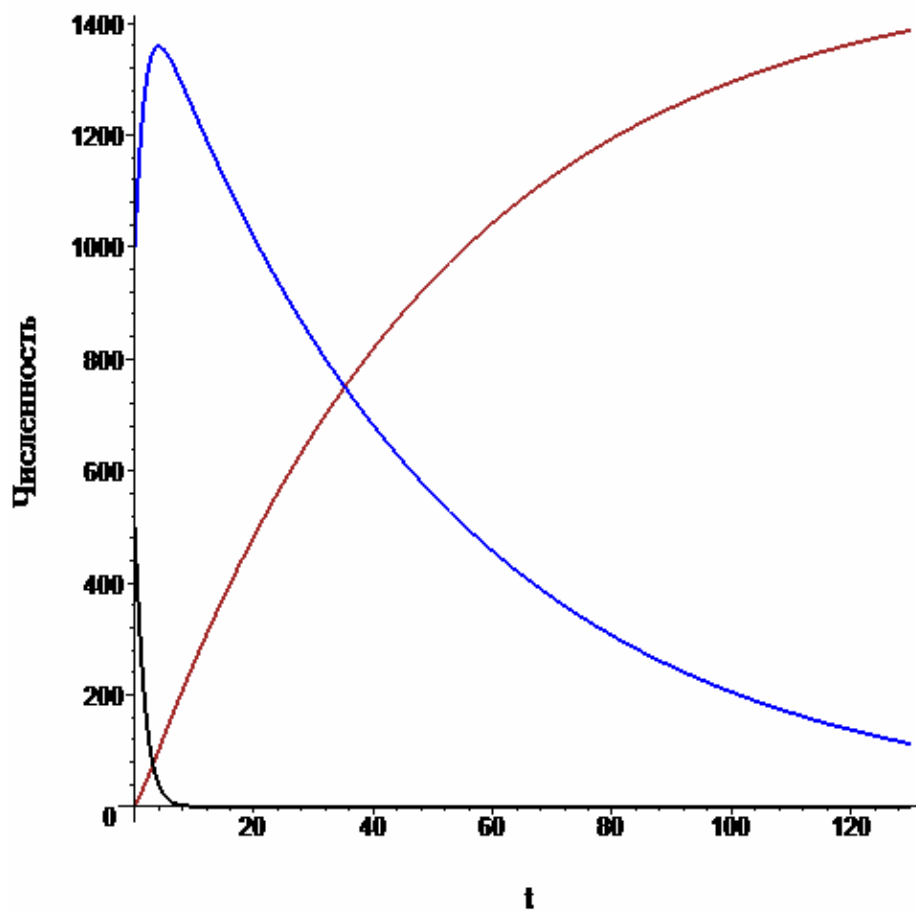


Рис.4. Зависимость численности всех групп от времени. Коэффициенты: $\alpha = 0.0005$, $\beta = 0.02$,
 начальные условия: $S_0 = 500$, $Y_0 = 1000$.

По полученным графикам видно, что практически все ситуации приводят в конечном итоге к одному результату: образованию одной большой группы и исчезновению двух других, но не исключен и тот конец, когда останутся две группы, и численность их не будет изменяться.

Заключение

В данной работе была построена математическая модель такого процесса, как распространение заболевания без возможности повторного заражения. При построении модели были получены дифференциальные уравнения, которые были решены с помощью математического пакета Maple. Во время решения данной задачи удалось выявить зависимость развития любой болезни без возможности повторного заражения, при известных начальных условиях и коэффициентах заражения и «излечения». Также были построены графики этих зависимостей с помощью.

Приложение

Текст программы:

```
> restart:
> So:=1400:Yo:=100:Ro:=0:alpha:=0.00012:beta:=0.15:
> Qip:=diff(Y(t),t)=alpha*S(t)*Y(t)-beta*Y(t),diff(S(t),t)=-
alpha*S(t)*Y(t),diff(R(t),t)=beta*Y(t):
> numsol:=dsolve({Qip,S(0)=So,Y(0)=Yo,R(0)=Ro},{S(t),Y(t),R(t)},
type=numeric,output=listprocedure):
> with(plots):
> display(odeplot(numsol,[[t,S(t)],[t,Y(t)],[t,R(t)]],0..90,thic
kness=2,numpoints=1000,labels=["t",Численность],labeldirection
s=[horizontal,vertical],labelfont=[TIMES,ROMAN,14],color=[blac
k,blue,brown]));
```