

武汉理工大学

数学建模暑期培训论文

第 1 题

基于 xxxxxxxx 模型

第 10 组

姓名

刘子川

程宇

祁成

方向

编程

建模

写作

2020 年 8 月 19 日

摘要

控制高压油管的压力变化对减小燃油量偏差，提高发动机工作效率具有重要意义。本文建立了基于质量守恒定理的微分方程稳压模型，采用二分法、试探法以及自适应权重的蝙蝠算法对模型进行求解。

针对问题一，建立基于质量守恒定律的燃油流动模型

针对问题二，建立基于质量守恒定律的泵-管-嘴系统动态稳压模型，将燃油进入和喷出的过程动态化处理。考虑柱塞和针阀升程的动态变动，建立喷油嘴流量方程和质量守恒方程。为提高角速度求解精度，以凸轮转动角度为固定步长，转动时间变动步长，采用试探法粗略搜索与二分法精细搜索的方法求解，求得凸轮最优转动角速度 **0.0283rad/ms** (转速 **270.382 转/分钟**)，并得到该角速度下高压油管的密度、压力周期性变化图。对求解结果进行误差分析与灵敏度分析，考察柱塞腔残余容积变动对高压油管压力稳态的影响。

针对问题三，对于增加一个喷油嘴的情况，改变质量守恒方程并沿用问题二的模型调整供、喷油策略，得到最优凸轮转动角速度为 **0.0522rad/ms** (**498.726 转/分钟**)；对于既增加喷油嘴又增加减压阀的情况，建立基于自适应权重的蝙蝠算法的多变量优化模型，以凸轮转动角速度、减压阀开启时长和关闭时长为参数，平均绝对偏差 MAD 为目标，在泵-管-嘴系统动态稳压模型的基础上进行求解，得到最优参数：**角速度 0.0648rad/ms** (**619.109 转/分钟**)、减压阀的开启时长 **2.4ms** 和减压阀的关闭时长 **97.6ms**。

本文的优点为：1. 采用试探法粗略搜索与二分法精细搜索结合的方法，降低了问题的求解难度。2. 以凸轮转动角度为固定步长，对不同角速度按照不同精度的时间步长求解，大大提高了求解的精确度。3. 针对智能算法求解精度方面，采用改进的蝙蝠算法，使速度权重系数自适应调整，兼顾局部搜索与全局搜索能力。

关键词： 微分方程 微分方程 微分方程 微分方程

目录

| | |
|----------------------|-----------|
| 1 问题重述 | 1 |
| 1.1 问题背景 | 1 |
| 1.2 问题概述 | 2 |
| 2 模型假设 | 2 |
| 3 符号说明 | 2 |
| 4 问题一模型的建立与求解 | 2 |
| 4.1 问题描述与分析 | 2 |
| 4.2 传染病动力学模型 | 3 |
| 4.3 免疫差分进化算法 | 5 |
| 4.4 实验结果及分析 | 8 |
| 5 问题二模型的建立与求解 | 8 |
| 5.1 问题描述与分析 | 8 |
| 5.2 模型的建立 | 8 |
| 5.3 模型的求解 | 8 |
| 5.4 实验结果及分析 | 8 |
| 6 问题三模型的建立与求解 | 10 |
| 6.1 结果分析 | 10 |
| 7 灵敏度分析 | 10 |
| 8 模型的评价 | 10 |
| 8.1 模型的优点 | 10 |
| 8.2 模型的缺点 | 10 |
| 8.3 模型改进 | 10 |
| 附录 A 数据可视化的实现 | 12 |

1 问题重述

1.1 问题背景

新型冠状病毒肺炎（Corona Virus Disease 2019, COVID-19），简称“新冠肺炎”，世界卫生组织命名为“COVID-19”，是指 2019 新型冠状病毒感染导致的肺炎。2020 年 3 月 11 日，世界卫生组织总干事谭德塞宣布，世卫组织认为当前新冠肺炎疫情可被称为全球大流行（pandemic）。目前，COVID-19 疫情仍在世界各地蔓延，已超过 1630 万人感染，65 万余人死亡，给世界各国的经济发展和人民生活带来了极大影响，甚至从一定程度上改变了人类的工作生活方式。

在当前信息快速传播的社会中，在传染病传播周期内，人群一般都会经历“不重视-自我保护”2 个阶段：在第一阶段，由于群众对疾病具体情况不知情，对疫情的认知程度有限，对疾病传播缺乏有效的防备措施。在此阶段中的疾病传播过程可认为符合基本再生数为常数的经典 (Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered, SEIR) 模型^[1]。在第二阶段，由于政府和群众高度重视，各种防治措施与资源被相继引入^[2]，加上对疾病传播途径已有较为准确的认知，人群会逐渐采取有效且科学的防控措施，使得基本再生数不断下降，直到其下降到小于 1，并持续一段时间，最终达到对疾病的根除。

共确诊：80980

湖北：67781

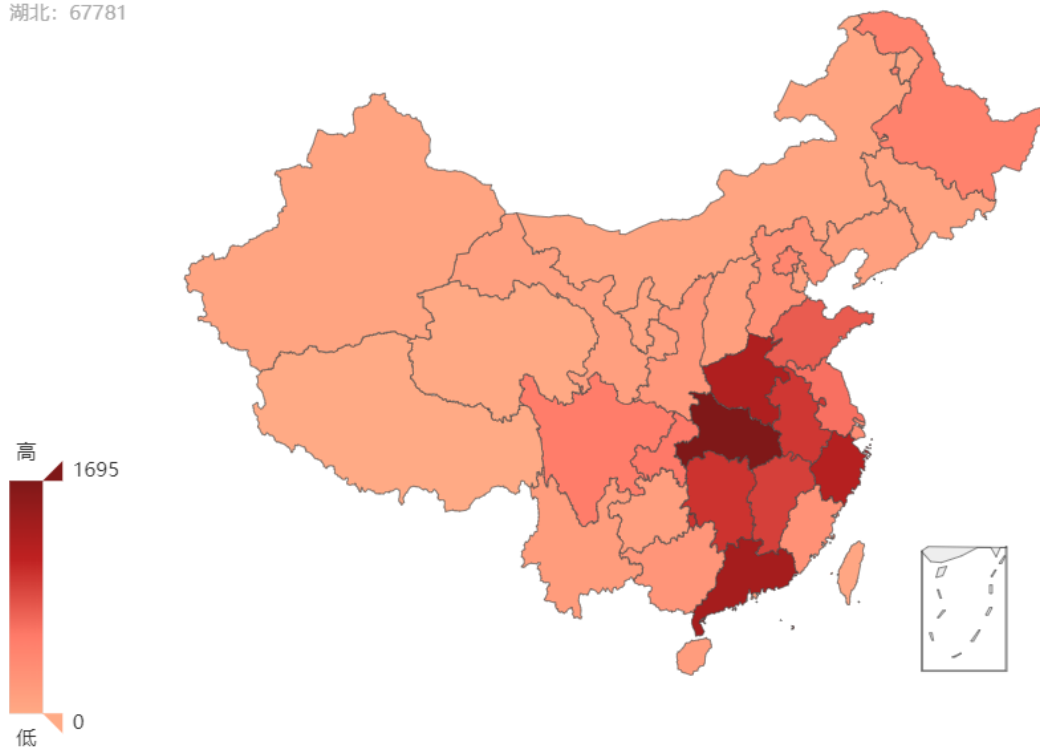


图 1 新型冠状病毒肺炎在中国蔓延情况

1.2 问题概述

围绕相关附件和条件要求，定量地研究传染病的传播规律，利用所给（不限于）资料和数据，作出预测并给出控制传染病蔓延的对策建议，具体要求如下：

问题一：建立模型，预测不同国家或地区（至少预测两个国家或地区）确诊病例和死亡病例数的变化。

问题二：收集 COVID-19 对经济某个方面影响的数据（须说明数据获取方式或来源），建立相应的数学模型并进行预测。

问题三：结合你们模型和预测数据，给相关国家或地区的卫生部门写一篇短文，对该国或该地区的疾病防控给出对策建议。

2 模型假设

- (1)
- (2)
- (3)
- (4)

3 符号说明

| 符号 | 说明 |
|-------|--------|
| P_n | 20 个站点 |
| P_n | 20 个站点 |
| P_n | 20 个站点 |

注：表中未说明的符号以首次出现处为准

4 问题一模型的建立与求解

4.1 问题描述与分析

问题一要求建立确诊和死亡病例数的预测模型，并对具体防控措施进行评价，分析其对疫情传播造成的影响。

此次疫情中，不同群体相互转化方式相近。目前对传染病的模型建立方法主要有面向网络的方法和基于人群的方法。面向网络的方法强调个体的异质性、个体间的相互作用和网络结构 [13]。利用特定网络模型的传播动力学来调查新出现的传染病的传播 [16]。近期研究发现，社交网络的拓扑特征对传染病的传播动力学和临界阈值有很大的

影响，从而支持了面向网络的模型无法进行的细微分析 [17]。相反，基于人群的方法通过微分方程比较他们的各种动力学机制，确定流行病学阶段之间的转换。根据被移除的个体是否会再次变得易感，疾病可以被模拟成 SLIR 或 SLIR 周期。

经典 SEIR 模型将人群分为易感者 (*susceptible, S*)、感染者 (*infected, I*)、潜伏者 (*exposed, E*) 和康复人群 (*recovered, R*)。模型假设所有易感者都有概率转变为感染者；潜伏者是具有时滞效应的感染者，在经过无症状的潜伏期后转变为感染者；部分感染者可被治愈，成为痊愈者。考虑政府干预，为便于进一步分析政府宏观措施带来的防疫效应，在经典 SEIR 模型的基础上增加人群种类：隔离易感者 (*quarantined susceptible, S_q*)，隔离潜伏者 (*quarantined exposed, E_q*) 和住院患者 (*hospitalized, H*)。隔离易感者解除隔离后重新转变为易感者，感染者和潜伏者均有不同程度的能力感染易感者，使易感者成为潜伏者或感染者。人群的转化关系如图所示：

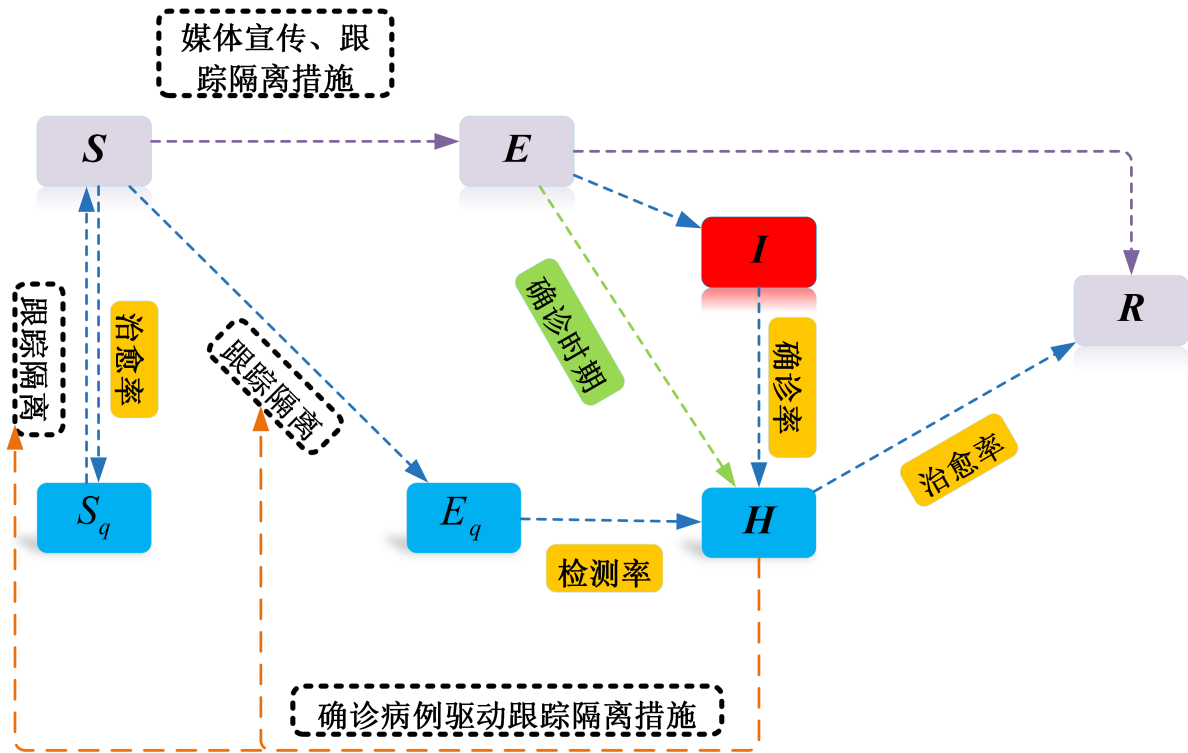


图 2 问题一人群转化关系图

4.2 传染病动力学模型

本节介绍改进的 SEIR 模型. 研究对象是感染者、潜伏者、易感者、痊愈者等，我们使用如下记号来代表每个人群的人数：

- $S(t)$: t 时刻易感者的累计总数；
- $E(t)$: t 时刻潜伏者的累计总数；
- $I(t)$: t 时刻感染者的累计总数；
- $S_q(t)$: t 时刻隔离易感者的累计总数；

- $E_q(t)$: t 时刻隔离潜伏者的累计总数;
- $H(t)$: t 时刻住院患者的累计总数;
- $R(t)$: t 时刻痊愈者的累计总数。

模型有以下前提:

1. 潜伏者在出现明显症状前会经历 7 天的潜伏期, 一旦出现症状, 潜伏者将寻求治疗, 从而转为确诊的感染者;
2. 由于政府干预控制措施, 部分感染者在潜伏期内尚未出现症状已被隔离, 成为隔离潜伏者, 在被隔离了平均 14 天后出现症状, 成为确诊的感染者。

可建立模型如下:

定义有效接触率 α 、传染率 β 和有效接触系数 ρ , α 是易感人群在随机混合人群中的占比; β 是有效接触。分析可知易感者 S 有三种转化途径: 向隔离易感者 S_q 、隔离潜伏者 E_q 和潜伏者 E 的转化速率 (单位时间 Δt 内, 转化数量 Δn 与同类群体的个数 n 的比值) 分别为 $\rho(1-\beta)q$, $\rho\beta q$ 和 $\rho\beta(1-q)$ 。此外, 确认隔离期 t_d 无症状后, 隔离易感者 S_q 也可向易感者 S 以 λS_q 的速率转化。由以上分析可建立易感者 S 转化方程:

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha\rho[\beta + q(1-\beta)]S(I + \theta E) + \lambda S_q, \quad (1)$$

其中, θ 是潜伏者相对于感染者传播能力的比值。 $\lambda = 1/14$ 是隔离解除速率, 数值取隔离期的倒数。

潜伏者可以向感染者转化, 易感者可向潜伏者转化, 可列出潜伏者 S 的转化方程:

$$\frac{dE}{dt} = \alpha\rho\beta(1-q)(I + \theta E) - \sigma E, \quad (2)$$

其中, σ 为潜伏者向感染者的转化速率。

潜伏者可以转化为感染者, 感染者的流向有死亡、被治愈和被隔离。定义病死率 d 、感染者恢复率 ς_I 和隔离速率 σ_I , 对感染者有:

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - (\sigma_I + d + \varsigma_I)I. \quad (3)$$

对于被隔离的群体, 隔离易感者 S_q 与易感者相互转化; 隔离潜伏者 E_q 来源于易感者, 可转化为隔离感染者。定义 δ_q 是隔离潜伏者向隔离感染者的转化速率, 则有

$$\frac{dS_q}{dt} = \alpha\rho q(1-\beta)(I + \theta E) - \lambda S_q, \quad (4)$$

$$\frac{dE_q}{dt} = \rho\alpha\beta q(I + \theta E) - \delta_q E_q. \quad (5)$$

对住院患者，感染者和隔离的潜伏者向住院患者的转化速率分别是 δ_I 和 δ_q ，住院患者流向为死亡和康复，对应系数为死亡率 d 和住院患者恢复率 ς_H 。

$$\frac{dH}{dt} = \delta_I I + \delta_q E_q - (d + \varsigma_H)H. \quad (6)$$

对死亡病例，有

$$\frac{dD}{dt} = D + d(H + I). \quad (7)$$

最后，痊愈者来源有感染者和住院患者，故对痊愈者有

$$\frac{dR}{dt} = \varsigma_I I + \varsigma_H H. \quad (8)$$

模型的总表达为：

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\alpha\rho[\beta + q(1 - \beta)]S(I + \theta E) + \lambda S_q, \\ \frac{dE}{dt} = \alpha\rho\beta(1 - q)(I + \theta E) - \sigma E, \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - (\sigma_I + d + \varsigma_I)I, \\ \frac{dS_q}{dt} = \alpha\rho q(1 - \beta)(I + \theta E) - \lambda S_q, \\ \frac{dE_q}{dt} = \rho\alpha\beta q(I + \theta E) - \delta_q E_q, \\ \frac{dH}{dt} = \delta_I I + \delta_q E_q - (d + \varsigma_H)H, \\ \frac{dR}{dt} = \varsigma_I I + \varsigma_H H, \\ \frac{dD}{dt} = D + d(H + I). \end{array} \right. \quad (9)$$

4.3 免疫差分进化算法

本文设计免疫差分进化算法估计微分方程组中的未知参数，定义决策向量为

$$X = [x_1, x_2, x_3, x_4], \quad (10)$$

其中 x_1 、 x_2 、 x_3 和 x_4 分别表示每个患者的日平均接触人数、传染概率、初始潜伏者与患者人数比例以及潜伏者相对于感染者传播能力的比值。将目标函数定义为损失函数如下

$$\min Loss(X) = \sum_{t=1}^T (|\frac{D_r(t) - D(t)}{D_r(t)}| + |\frac{R_r(t) - R(t)}{R_r(t)}| + |\frac{H_r(t) - H(t)}{H_r(t)}|), \quad (11)$$

其中 T 表示选取数据的终止节点，即表示选取用于估计参数的数据来自疫情发生的第 1 天到第 T 天。 $D_r(t)$ 、 $R_r(t)$ 与 $H_r(t)$ 分别表示疫情发生后第 t 天的死亡人数、治愈人数和医院患者人数的真实数据； $D(t)$ 、 $R(t)$ 与 $H(t)$ 分别表示其对应的由 SEIR 模型。损失函数 $Loss$ 表示预测结果与实际结果间的距离，即 $Loss$ 值越小，预测曲线就与真实曲线越接近。

种群初始化 在解空间中随机产 p 个初始个体 $X_i(0) = [x_1, x_2, x_3, x_4]$, ($i = 1, 2, 3, \dots, p$). 其中第 i 个个体的第 j 维取值方式如下

$$x_{i,j}(0) = x_{j,min} + rand(0, 1)(x_{j,max} - x_{j,min}), \\ i = 1, 2, 3, \dots, p, j = 1, 2, 3, 4,$$

其中 p 表示种群规模， $x_{j,max}$ 和 $x_{j,min}$ 分别表示决策变量 X 第 j 维的取值范围上界与下界。

变异 在第 g 次迭代中，生成变异个体 $H_i(g)$ ，从种群中随机选取三个个体 $X_{p1}(g)$, $X_{p2}(g)$ 和 $X_{p3}(g)$ ，且 $p_1 \neq p_2 \neq p_3 \neq i$ ，生成的变异向量为

$$H_i(g) = X_{p1}(g) + F(g) * (X_{p2}(g) - X_{p3}(g)),$$

$F(g) \in (0, 1)$ 是每一代中的放缩因子，其服从柯西分部如下

$$F(g) = cauchyrnd(uF, 0.1),$$

其中 uF 是 F 的期望值，本文取值为 $uF = 0.5$ 。

交叉 对第 g 代种群中第 i 个体进行交叉操作，生成交叉个体 $V_i(g)$ ，具体表达式如下：

$$v_{i,j} = \begin{cases} h_{i,j}(g), rand(0, 1) \leq cr_i, \\ x_{i,j}(g), rand(0, 1) > cr_i, \end{cases} \quad (12)$$

其中 $cr_i \in [0.1, 0.6]$ 是个体 i 的交叉概率, 参数 cr_i 将进行自适应调整, 具体表达式如下:

$$cr_i = \begin{cases} cr_l + (cr_u - cr_l) \frac{Loss_i - Loss_{min}}{Loss_{max} - Loss_{min}}, & Loss_i > \overline{Loss}, \\ cr_l, & Loss_i \leq \overline{Loss}. \end{cases} \quad (13)$$

免疫选择 混合第 g 代的交叉个体 $V(g)$ 与原始个体 $X(g)$, 得到待选组 $\{X'(g+1)\}$ 如下

$$X'_i(g+1) = \begin{cases} X_i(g), & i \leq p, \\ V_{i-p}(g), & i > p. \end{cases}$$

个体 $X'_a(g+1)$ 和 $X'_b(g+1)$ 的亲密度 $S_{a,b}$ 可表示为

$$S_{a,b} = \sqrt{\sum_{i=1}^4 \left(\frac{x_{i,a} - x_{i,b}}{x_{i,max} - x_{i,min}} \right)^2}, \quad (14)$$

$S_{a,b}$ 为 $X'_a(g+1)$ 和 $X'_b(g+1)$ 的归一化距离, 表示个体 $X'_a(g+1)$ 和 $X'_b(g+1)$ 的相似性。定义个体 $X'_i(g+1)$ 的抗体浓度为 C_i , 即

$$C_i = \frac{1}{2p} \sum_{j=1}^{2p} N_{i,j},$$

$$N_{i,j} = \begin{cases} 1, & S_{i,j} \geq \mu, \\ 0, & S_{i,j} < \mu, \end{cases}$$

$\mu (\mu \in [0, 1])$ 为相似度阈值, 即当个体 i 和 j 的亲密度 $S_{i,j} \geq \mu$ 时认为个体 i 和 j 为相似个体。 C_i 即为 $\{X'(g+1)\}$ 中 $X'_i(g+1)$ 的相似个体所占比例, C_i 越大即表示 $X'_i(g+1)$ 所在区域的个体密度越大。我们优先将损失函数 $Loss$ 值最优的前 σ 个解放入下一代个体 $\{X(g+1)\}$ 中以防止最优解丢失。再计算剩余个体的复合适度函数, 即个体 i 的复合适度函数可表示为

$$minF(X'_i(g+1)) = \frac{Loss(X'_i(g+1)) - Loss_{min}}{Loss_{max} - loss_{min}} + C_i \quad (15)$$

即选取复合适度函数 F 较优的剩余 $p - \sigma$ 个个体放入下一代个体 $\{X(g+1)\}$ 中。重复迭代上述算法 G 次后终止算法并输出最优参数集 X_{best} 。

4.4 实验结果及分析

5 问题二模型的建立与求解

5.1 问题描述与分析

问题二要求

其思维流程图如图 3 所示：



图 3 问题二思维流程图

5.2 模型的建立

5.3 模型的求解

5.4 实验结果及分析

结果如下表??所示：

表 1 xxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxx

| xxxxxxx | xxxxxxx |
|---------|---------|
| xxxxxxx | 909.80 |
| xxxxxxx | 852.60 |

由表1可知

其各个小车的运输细节图下图所示：

武汉理工大学 武汉理工大学

武汉理工大学 武汉理工大学

图 4 xxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxx

6 问题三模型的建立与求解

6.1 结果分析

7 灵敏度分析

8 模型的评价

8.1 模型的优点

(1)

(2)

8.2 模型的缺点

8.3 模型改进

参考文献

- [1] Berger D W, Herkenhoff K F, Mongey S. An seir infectious disease model with testing and conditional quarantine[R]. National Bureau of Economic Research, 2020.
- [2] Pandey G, Chaudhary P, Gupta R, et al. SEIR and Regression Model based COVID-19 outbreak predictions in India[J]. arXiv preprint arXiv:2004.00958, 2020.

附录 A 数据可视化的实现

第一问画图-python 源代码

第二问画图-python 源代码
