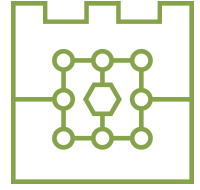




Politechnika Krakowska
im. Tadeusza Kościuszki
Wydział Informatyki i Telekomunikacji



Damian Forma

numer albumu: 143204

Matematyczne modelowanie epidemii grypy
Mathematical modeling of influenza epidemics

praca inżynierska
na kierunku Matematyka stosowana
specjalność Analityka Danych

Praca przygotowana pod kierunkiem:
Dr inż. Krzysztof Król

Kraków, 2025

Spis treści

| | |
|--|----|
| Wstęp | 2 |
| 1. Metody numeryczne w rozwiązywaniu równań różniczkowych | 3 |
| 1.1. Równania różniczkowe i układy równań różniczkowych | 3 |
| 1.2. Numeryczne rozwiązanie zagadnienia początkowego | 7 |
| 1.3. Metoda Eulera | 8 |
| 1.4. Metody Adamsa | 9 |
| 1.5. Metody Rungego-Kutty | 14 |
| 1.6. Metody typu predyktor-korektor | 15 |
| 2. Modele epidemii grypy | 18 |
| 2.1. Podstawowy model grypy | 18 |
| 2.2. Model grypy ze szczepieniami | 19 |
| 2.3. Model grypy z leczeniem przeciwwirusowym | 21 |
| 2.4. Model SIQR | 22 |
| 3. Symulacja i prognozowanie przebiegu epidemii | 24 |
| Podsumowanie | 32 |
| Spis kodów źródłowych | 33 |
| Spis rysunków | 34 |
| Spis tabel | 35 |
| Bibliografia | 36 |

Wstęp

Epidemie grypy stanowią poważne zagrożenie dla zdrowia publicznego na całym świecie. W ostatnich latach zaobserwowano wzrost częstotliwości i intensywności występowania tych infekcji, co stawia przed naukowcami i epidemiologami nowe wyzwania związane z monitorowaniem, przewidywaniem oraz kontrolowaniem ich rozprzestrzeniania. W kontekście tych problemów, matematyczne modelowanie epidemii grypy staje się niezbędnym narzędziem, które pozwala na zrozumienie dynamiki rozprzestrzeniania się wirusa oraz ocenę skuteczności różnych strategii interwencji.

Matematyczne modelowanie polega na tworzeniu abstrakcyjnych reprezentacji zjawisk rzeczywistych za pomocą równań matematycznych. W przypadku epidemii, modele te umożliwiają analizy i prognozy, które są nie tylko pomocne w nauce, ale także w podejmowaniu decyzji zdrowotnych. Dzięki matematycznym modelom można identyfikować kluczowe czynniki wpływające na rozprzestrzenianie się choroby, oceniać skutki wprowadzenia różnych środków zapobiegawczych oraz przewidywać przyszłe scenariusze epidemiologiczne.

W niniejszej pracy inżynierskiej skupimy się na trzech kluczowych aspektach związanych z matematycznym modelowaniem epidemii grypy. Pierwszy rozdział poświęcony będzie podstawowym definicjom oraz twierdzeniom z teorii równań różniczkowych, a także metodom numerycznym stosowanym do ich rozwiązywania. Równania różniczkowe stanowią fundament, na którym opierają się modele epidemiologiczne, dlatego zrozumienie ich właściwości jest kluczowe dla skutecznego modelowania.

W drugim rozdziale przedstawimy najczęściej stosowane modele epidemiologiczne, w tym podstawowy model grypy, model grypy ze szczepieniami, a także model z leczeniem przeciwiwirusowym oraz model *SIQR*, które umożliwiają analizę dynamiki infekcji w populacjach. Zostaną omówione założenia każdego z modeli oraz ich wzory i schematy matematyczne.

Ostatni rozdział będzie koncentrować się na symulacji przebiegu epidemii dla modeli opisanych w rozdziale drugim. Dzięki wizualizacji wyników na wykresach, zostanie zaprezentowana dynamika rozprzestrzeniania się grypy oraz wpływ różnych scenariuszy na przebieg epidemii. Analiza ta ma na celu dostarczenie praktycznych informacji w przebiegu epidemii, które mogą być wykorzystane w planowaniu działań zapobiegawczych i strategii leczenia w przyszłości.

1. Metody numeryczne w rozwiązywaniu równań różniczkowych

1.1. Równania różniczkowe i układy równań różniczkowych

Definicja 1.1. ([12]) Niech $y = f(x)$ będzie funkcją rzeczywistą zmiennej $x \in \mathbb{R}$ określoną w otoczeniu punktu $x_0 \in \mathbb{R}$. Pochodna funkcji w punkcie x_0 nazywamy granicę (o ile istnieje):

$$\lim_{\Delta x \rightarrow 0} \frac{f(x_0 + \Delta x) - f(x_0)}{\Delta x},$$

gdzie Δx jest przyrostem zmiennej x . Jeśli funkcja f ma pochodną dla każdego elementu swej dziedziny, to można rozważać odwzorowanie przypisujące każdemu argumentowi, jego pochodną dla tego elementu. Przekształcenie to nazywa się funkcją pochodną funkcji f i oznacza krótko f' .

Jeżeli pochodna funkcji $f : (a, b) \rightarrow \mathbb{R}$ istnieje w każdym punkcie przedziału otwartego (a, b) to otrzymujemy funkcję $f' : (a, b) \rightarrow \mathbb{R}$, taką że

$$x \mapsto f'(x) \text{ dla } x \in (a, b).$$

Funkcję tę nazywamy pierwszą pochodną funkcji. f . Ta funkcja może być również różniczkowalna w każdym punkcie przedziału (a, b) . Różniczkując ją, otrzymujemy drugą pochodną funkcji f :

$$x \mapsto f''(x) \text{ dla } x \in (a, b).$$

Ogólnie pochodną rzędu n określamy rekurencyjnie $f^{(n)}$.

Definicja 1.2. ([13]) Funkcje y określoną na przedziale (a, b) nazywa się funkcją klasy C^n , gdzie $n = 1, 2, \dots$, jeżeli w przedziale (a, b) ma n ciągłych pochodnych.

Funkcja klasy $C^1(\mathbb{R})$ jest funkcją ciągłą, której pochodna też jest ciągła.

Równania różniczkowe to pewnego rodzaju równania funkcyjne, czyli takie równania, w których niewiadomą jest funkcja. W równaniu różniczkowym niewiadoma funkcja występuje pod znakiem pochodnej. Jeżeli niewiadoma jest funkcją jednej zmiennej to równanie nazywa się równaniem różniczkowym zwyczajnym. Pojęcie równania różniczkowego z [2] wyrażone jest poniżej. Niech dana będzie funkcja $F : D \rightarrow \mathbb{R}$, gdzie $D \in \mathbb{R}^{n+2}$. Równanie

$$F(x, y, y', y'', \dots, y^{(n)}) = 0, \quad (1.1)$$

gdzie $n \in \mathbb{N}$, $x \in \mathbb{R}$ jest zmienną niezależną, $y : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ szukaną funkcją, $y^{(n)}$ pochodną rzędu n funkcji y , nazywamy równaniem różniczkowym zwyczajnym rzędu n w postaci ogólnej. Jeżeli z równania (1.1) można wyznaczyć $y^{(n)}$ przy pomocy pozostałych zmiennych, to otrzymamy związek

$$y^{(n)} = f(x, y, y', \dots, y^{(n-1)}), \quad (1.2)$$

który nazywamy równaniem różniczkowym zwyczajnym rzędu n w postaci normalnej oraz rozwikłanym względem pochodnej, gdzie $f : \mathbb{R}^{n+1} \rightarrow \mathbb{R}$.

Definicja 1.3. Rzędem równania różniczkowego nazywamy rząd najwyższej pochodnej funkcji niewiadomej, która występuje w równaniu.

Równanie różniczkowe pierwszego rzędu w [1] wygląda następująco:
przypuśćmy, że $f : (a, b) \times G \rightarrow \mathbb{R}^n$, gdzie $-\infty \leq a < b \leq +\infty$ oraz $G \subset \mathbb{R}^n$ jest niepustym zbiorem otwartym. Równanie

$$y' = f(x, y)$$

nazywamy równaniem różniczkowym zwyczajnym rzędu pierwszego, gdzie $x \in \mathbb{R}$ jest zmienną niezależną, $y : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ szukaną funkcją klasy co najmniej $C^1(\mathbb{R})$, a y' pochodną funkcji y .

Definicja 1.4. ([2]) Rozwiązaniem równania $y' = f(x, y)$ na przedziale $I \subseteq \mathbb{R}$, gdzie $x \in \mathbb{R}$ jest zmienną niezależną, $f : \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$ nazywamy funkcję $y : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ określoną i różniczkowalną w I taką, że

- 1) $\forall x \in I (x, y(x)) \in D, \quad D \subseteq \mathbb{R}^2$,
- 2) $\forall x \in I y'(x) = f(x, y(x))$.

Pierwszy z tych warunków oznacza, że wykres funkcji $y = y(x)$ zawarty jest w obszarze D , a drugi, że funkcja $y(x)$ spełnia równanie $y' = f(x, y)$ na przedziale I .

Definicja 1.5. ([2]) Zagadnieniem początkowym Cauchy'ego dla równania rzędu pierwszego, nazywamy zagadnienie polegające na tym, żeby spośród wszystkich rozwiązań danego równania wyznaczyć to rozwiązanie, którego wykres przechodzi przez dany punkt $(x_0, y_0) \in D \subseteq \mathbb{R}^2$. Zapisujemy to zagadnienie następująco:

$$\begin{cases} y' = f(x, y) \\ y(x_0) = y_0, \quad (x_0, y_0) \in D. \end{cases} \quad (1.3)$$

Złożone ono jest z równania różniczkowego $y' = f(x, y)$ oraz warunku początkowego $y(x_0) = y_0$, gdzie $x \in \mathbb{R}$ jest zmienną niezależną, $f : D \rightarrow \mathbb{R}$, $y : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ szukaną funkcją klasy co najmniej $C^1(\mathbb{R})$.

Definicja 1.6. Rozwiązaniem równania $y' = f(x, y)$ z zagadnieniem początkowym $y(x_0) = y_0$, gdzie $x \in \mathbb{R}$ jest zmienną niezależną, $D \subseteq \mathbb{R}^2$, $f : D \rightarrow \mathbb{R}$, $y : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ szukaną funkcją klasy co najmniej $C^1(\mathbb{R})$, y' jest pochodną funkcji y oraz $I \subseteq \mathbb{R}$ jest funkcją ciągłą taka, że

- 1) $x_0 \in I, y(x_0) = y_0$,
- 2) $(x, y(x)) \in D$ oraz $y'(x) = f(x, y(x))$ dla wszystkich $x \in I$.

Definicja 1.7. ([3]) Funkcję $y = \varphi(x, C)$ określoną w pewnym obszarze zmienności zmiennych $x, C \in \mathbb{R}$ mającą ciągłą pochodną cząstkową względem x , nazywamy rozwiązaniem ogólnym równania $y' = f(x, y)$ w obszarze $D \subseteq \mathbb{R}^2$, jeżeli:

- 1) równość $y = \varphi(x, C)$ jest rozwiązalna względem stałej C w obszarze D ,
- 2) funkcja $y = \varphi(x, C)$ jest rozwiązaniem równania $y' = f(x, y)$ dla wszystkich wartości stałej dowolnej C , gdy punkt (x, y) przebiega obszar D .

Twierdzenie 1.1. ([3]) (Picarda) Niech dane będzie równanie $y' = f(x, y)$ i warunek początkowy $y = y_0$ dla $x = x_0$, gdzie $x \in \mathbb{R}$ jest zmienną niezależną, $f : \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$ oraz $y : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$. Jeżeli

- 1) funkcja $f(x, y)$ określona i ciągła w obszarze domkniętym i ograniczonym

$$D = \left\{ \begin{array}{l} |x - x_0| \leq a \\ |y - y_0| \leq b \end{array} \right. ,$$

- 2) funkcja $f(x, y)$ ma ograniczoną pochodną cząstkową względem y , tj. istnieje stała $K > 0$, że dla każdego punktu $P(x, y), (x, y) \in D$

$$\left| \frac{\partial f(x, y)}{\partial y} \right| \leq K,$$

to równanie $y' = f(x, y)$ posiada dokładnie jedno rozwiązanie $y = y(x)$ spełniające warunek początkowy $y(x_0) = y_0$. Rozwiązanie to jest różniczkowalne w sposób ciągły w przedziale $|x - x_0| \leq h$, gdzie $h = \min(a, \frac{b}{M})$, $0 < M$ - stała ograniczająca funkcję w D .

Definicja 1.8. Niech $v \in \mathbb{R}^n$ taki, że $v = [v_1, v_2, \dots, v_{n-1}, v_n]$. Norma euklidesowa wektora v zdefiniowana jest wzorem

$$\|v\| = \sqrt{\sum_{i=1}^n v_i^2}.$$

Definicja 1.9. ([20]) Funkcja $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ spełnia w zbiorze $S \subset \mathbb{R}^n$ lokalnie warunek Lipschitza (jest lokalnie lipschitzowska), jeśli dla każdego punktu $y \in S$ istnieje otoczenie $S_y \subset S$, w którym

$$\forall_{z \in S_y} \|f(y) - f(z)\| \leq K \|y - z\| \quad (1.4)$$

dla pewnej stałej K nazywanej stałą Lipschitza. Funkcja $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ spełnia na zbiorze $S \subset \mathbb{R}^n$ warunek Lipschitza jeśli warunek (1.4) jest spełniony dla wszystkich $y, z \in S$ z tą samą stałą K . Jeżeli $S = \mathbb{R}^n$, to funkcja f spełnia warunek Lipschitza globalnie.

Twierdzenie 1.2. ([20]) (o lokalnym istnieniu i jednoznaczności rozwiązania równania różniczkowego) Jeżeli funkcja $f(y, x)$ jest odcinkowo ciągła względem x i spełnia warunek Lipschitza lokalnie w punkcie y_0 jednostajnie względem $x \in [x_0, x_k]$, to znaczy:

$$\forall_{z, y \in S_{y_0}} \forall_{x \in [x_0, x_k]} \|f(y, x) - f(z, x)\| \leq K \|y - z\|,$$

to istnieje $\epsilon > 0$, takie że równanie $y'(x) = f(x, y)$, $y(x_0) = y_0$ ma jedyne rozwiązanie na przedziale $[x_0, x_0 + \epsilon]$.

Definicja 1.10. Wykres rozwiązania równania $y' = f(x, y)$ w przestrzeni \mathbb{R}^2 , gdzie $x \in \mathbb{R}$ jest zmienną niezależną, $f : D \subseteq \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$, $y : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ szukaną funkcją klasy co najmniej $C^1(\mathbb{R})$, y' jest pochodną funkcji y , nazywamy krzywą całkową. Wykres rozwiązania równania różniczkowego nazywamy czasami krzywą rozwiązania.

Zbiór zależności postaci:

$$\begin{cases} F_1(x, y_1, \dots, y_n, y'_1, \dots, y'_n) = 0 \\ \vdots \\ F_n(x, y_1, \dots, y_n, y'_1, \dots, y'_n) = 0, \end{cases} \quad (1.5)$$

gdzie y_i dla $i = 1, \dots, n$ są szukanymi funkcjami zmiennej $x \in \mathbb{R}$, nosi nazwę układu równań różniczkowych zwyczajnych rzędu pierwszego. Będziemy zakładali, że funkcje F_i dla $i = 1, \dots, n$ są takie, że układ (1.4) jest rozwiązywalny względem pochodnych szukaney funkcji, tj. :

$$\begin{cases} y'_1 = f_1(x, y_1, \dots, y_n) \\ \vdots \\ y'_n = f_n(x, y_1, \dots, y_n) \end{cases} \quad (1.6)$$

gdzie f_i dla $i = 1, \dots, n$ są danymi funkcjami rzeczywistymi określonymi w zbiorze otwartym $D \subset \mathbb{R}^{n+1}$. Układ (1.5) nazywamy układem normalnym równań różniczkowych. Liczbę równań tego układu nazywamy rzędem układu (1.5). Dalej rozważać będziemy układ (1.5) wraz z warunkami początkowymi postaci

$$y_i(x_0) = y_{0i}, \quad i = 1, \dots, n, \quad (1.7)$$

gdzie $(x_0, y_{01}, \dots, y_{0n}) \in D$ jest danym punktem.

Jeżeli prawe strony układu (1.5) zależą w sposób liniowy od szukanych funkcji y_1, \dots, y_n , tj. jeżeli układ (1.5) ma postać:

$$\begin{cases} y_1' &= a_{11}(x)y_1 + \dots + a_{1n}(x)y_n + h_1(x) \\ &\vdots \\ y_n' &= a_{n1}(x)y_1 + \dots + a_{nn}(x)y_n + h_n(x) \end{cases} \quad (1.8)$$

gdzie a_{ij} dla $i, j = 1, \dots, n$, h_i dla $i = 1, \dots, n$ są danymi funkcjami zmiennej x , to układ ten nazywamy układem liniowym równań różniczkowych.

Definicja 1.11. ([16]) Rozwiązaniem szczególnym układu równań różniczkowych nazywamy ciąg funkcji $(y_1(x), y_2(x), \dots, y_n(x))$, takich że $y_i : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ dla $i = 1, 2, \dots, n$ oraz $x \in \mathbb{R}$, określonych i różniczkowalnych na przedziale (a, b) , które zamieniają wszystkie równania tego modelu w tożsamości

$$\begin{cases} y_1'(x) &\equiv f_1(x, y_1(x), y_2(x), \dots, y_n(x)) \\ y_2'(x) &\equiv f_2(x, y_1(x), y_2(x), \dots, y_n(x)) \\ &\vdots \\ y_n'(x) &\equiv f_n(x, y_1(x), y_2(x), \dots, y_n(x)) \end{cases}$$

na przedziale (a, b) , gdzie $f_i : \mathbb{R}^{n+1} \rightarrow \mathbb{R}$ dla $i = 1, 2, \dots, n$.

Definicja 1.12. ([16]) Układ równań różniczkowych

$$\begin{cases} y_1' &= f_1(x, y_1, y_2, \dots, y_n) \\ y_2' &= f_2(x, y_1, y_2, \dots, y_n) \\ &\vdots \\ y_n' &= f_n(x, y_1, y_2, \dots, y_n), \end{cases}$$

gdzie $y_i : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ dla $i = 1, 2, \dots, n$, $f_i : \mathbb{R}^{n+1} \rightarrow \mathbb{R}$ dla $i = 1, 2, \dots, n$, $x \in \mathbb{R}$, oraz układ warunków

$$y_1(x_0) = y_1^0, y_2(x_0) = y_2^0, \dots, y_n(x_0) = y_n^0$$

nazywamy zagadnieniem Cauchy'ego (zagadnieniem początkowym).

Liczby $y_1^0, y_2^0, \dots, y_n^0$ nazywamy wartościami początkowymi.

Ciąg funkcji $(y_1(x), y_2(x), \dots, y_n(x))$ jest rozwiązaniem zagadnienia Cauchy'ego jeżeli jest rozwiązaniem układu równań na pewnym przedziale zawierającym punkt x_0 i spełnia warunki początkowe.

1.2. Numeryczne rozwiązanie zagadnienia początkowego

Szukamy różniczkowalnej funkcji $y(x)$ spełniającej warunki:

$$y'(x) = f(x, y), \quad y(x_0) = y_0$$

dla zadanych x_0 i y_0 .

Numeryczne rozwiązanie zagadnienia początkowego opiera się na wyznaczeniu kolejnych wartości y_n dla $n = 0, 1, 2, \dots$, które w wybranych punktach zmiennej niezależnej x_n , $n = 0, 1, 2, \dots$ mają przybliżać wartości dokładnego rozwiązania $y(x_n)$, $n = 0, 1, 2, \dots$. Część algorytmu rozwiązującego zagadnienie początkowe, która jest odpowiedzialna za generowanie kolejnych wartości y_n , $n = 0, 1, 2, \dots$ nazywamy schematem różnicowym. Przejście do kolejnej wartości x_n, y_n to krok schematu różnicowego, a odległość między kolejnymi dwiema wartościami x_n to długość kroku schematu różnicowego (inaczej długość korku całkowania), najczęściej oznaczana przez $h \in \mathbb{R}_+$. Na ogół w praktyce rozwiązywania numerycznego poszukujemy zawsze na ograniczonym przedziale $[x_0, x_k]$ przy $k \in \mathbb{N}_+$ i trzeba je uzyskać po skończonej liczbie operacji arytmetycznych z czego wynika, że liczba kroków i otrzymanych wartości przybliżonych y_n musi być skończona.

Schematy różnicowe dzieli się na grupy posługując się różnymi kryteriami:

- Ze względu na przyrost zmiennej niezależnej stosowany na poszczególnych etapach obliczeń:
 - schemat różnicowy stałokrokowy, w którym przyrost zmiennej niezależnej jest taki sam w każdym kroku,
 - schemat różnicowy zmiennokrokowy, w którym stosujemy sterowanie długością kroku (przyrostem zmiennej niezależnej), dostosowując ją w każdym kroku do wymagań dotyczących dokładności otrzymanego rozwiązania
- Ze względu na ilość informacji wykorzystywanej do wykonania jednego kroku:
 - schemat różnicowy jednokrokowy - do obliczenia y_{n+1} wykorzystuje informację o y_n ,
 - schemat różnicowy k -krokowy (wielokrokowy) - do obliczenia y_{n+1} wykorzystuje informację o $y_n, y_{n-1}, \dots, y_{n-k+1}$.
- Ze względu na postać równań wykorzystywanych na pojedynczym etapie obliczeń:
 - schemat różnicowy jawny (otwarty) podaje jawną zależność, z której można obliczyć y_{n+1} ,
 - schemat różnicowy niejawny (zamknięty) podaje równanie, które trzeba rozwiązać, żeby obliczyć y_{n+1} .

Po zastosowaniu schematu różnicowego otrzymujemy dyskretny ciąg wartości, które przybliżają rozwiązanie dokładne w wybranych punktach. Przy zastosowaniu schematu różnicowego do obliczenia przybliżonych wartości rozwiązania, konieczna jest analiza błędu otrzymywanego rozwiązania.

Rozważmy schemat jednokrokowy, z krokiem h , na przedziale $[x_0, x_0 + Nh]$. Niech $x_n = x_0 + nh$, a y_n niech będzie rozwiązaniem przybliżonym odpowiadającym dokładnemu rozwiązaniu $y(x_n)$. Na całkowity błąd, jakim obarczone jest rozwiązanie przybliżone składają się błąd zaokrągleń i błąd metody. Błąd metody definiujemy jak poniżej.

Definicja 1.13. ([20]) Będem schematu różnicowego nazwiemy ciąg

$$\varepsilon_h(x_n) = y(x_n) - y_n, n = 1, 2, \dots, N.$$

Będem globalnym liczbę:

$$\varepsilon_h = \max_n \|y(x_n) - y_n\|.$$

Błąd globalny jest zbieżny, jeśli $\lim_{h \rightarrow 0} \varepsilon_h = 0$, a zbieżny z rzędem p jeśli dodatkowo

$$\varepsilon_h < Ch^p$$

dla pewnej stałej C . Jeżeli oznaczmy \bar{y}_{n+1} rozwiązanie otrzymane po wykonaniu kroku o długości h z punktu początkowego $(y(x_n), x_n)$, to błędem lokalnym nazwiemy

$$r_{n+1}(h) = y(x_{n+1}) - \bar{y}_{n+1}.$$

Jeżeli błąd lokalny metody można przedstawić w postaci rozwinięcia w szereg

$$r_{n+1}(h) = \varphi(y(x_n), x_n)h^{p+1} + O(h^{p+2}),$$

gdzie $\varphi(y(x_n), x_n)$ jest współczynnikiem, który charakteryzuje wpływ błędu lokalnego na dokładność metody, to mówimy, że metoda jest rzędu p .

Jeżeli błąd lokalny można przedstawić w postaci

$$r_{n+1}(h) = h\tau_{n+1}(h),$$

gdzie $\tau_{n+1}(h)$ nazywamy lokalnym błędem odcięcia.

Błąd lokalny obrazuje zachowanie schematu różnicowego w tym jednym kroku. Im wyższy rząd metody tym metoda jest dokładniejsza, a błąd popełniany w jednym kroku mniejszy. Chcąc ograniczyć błąd przy wyborze metody kierujemy się m.in. rzędem błędu lokalnego metody.

1.3. Metoda Eulera

Metoda Eulera jest podstawową techniką, która przybliża rozwiązanie równania różniczkowego w zadanym przedziale czasowym, zakładając, że znana jest nam wartość początkowa funkcji. Jest podstawowym schematem różnicowym, na którym bazuje wiele innych metod. Na początku mamy równanie różniczkowe postaci:

$$y' = f(x, y), \quad y(x_0) = y_0$$

gdzie $x \in \mathbb{R}$ jest zmienną niezależną, $y : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ szukaną funkcją co najmniej klasy $C^1(\mathbb{R})$, y' pochodną funkcji y , $y(x_0) = y_0$ warunkiem początkowym pozwalającym jednoznacznie rozwiązać równanie różniczkowe. Po wprowadzeniu dyskretyzacji i podstawieniu za pochodną funkcji w punkcie ilorazu różnicowego otrzymujemy równanie różnicowe w postaci

$$\frac{y_{n+1} - y_n}{h} = f(x_n, y_n)$$

W powyższym równaniu wartości dla parametrów oznaczonych indeksem $n \in \mathbb{N}$ są nam znane. Jediną wartością której nie znamy jest y_{n+1} . W związku z tym przekształcamy to równanie do postaci

$$y_{n+1} = y_n + hf(x_n, y_n)$$

i w ten sposób otrzymujemy zależność na metodę Eulera w postaci jawnej, gdzie y_n , y_{n+1} są przybliżeniami wartości dokładnych odpowiednio $y(x_n)$, $y(x_{n+1})$, h oznacza długość kroku całkowania i $h \in \mathbb{R}_+$, natomiast x_n są punktami, które można zdefiniować następująco

$$x_n = x_0 + nh, \quad n = 0, 1, 2, \dots$$

Metoda ma charakter iteracyjny i kolejne wartości y_{n+1} będą wyznaczane na podstawie wartości y_n obliczonych w kroku poprzednim. Z [20] wiemy że błąd lokalny metody Eulera jest rzędu $O(h^2)$ co oznacza, że w jednym kroku przybliżenie ma błąd proporcjonalny do h^2 . Metoda Eulera jest najprostszą metodą aproksymacji numerycznej równania różniczkowego oraz układów równań różniczkowych. W celu uzyskania dokładniejszych wyników dobieramy odpowiednio mały krok całkowania.

Metodę Eulera stosujemy gdy potrzebna jest prosta, szybka i zgrubna aproksymacja lub analiza początkowa. Stosowana do wstępnych symulacji, prostych systemów dynamicznych. Jej największą zaletą jest łatwość implementacji oraz minimalne wymagania obliczeniowe. Metoda ta ma również swoje ulepszenia i modyfikacje do których należą :

- Metoda Eulera-Cauchy'ego (metoda punktu środkowego) którą możemy zapisać wzorem

$$y_{n+1} = y_n + hf(x_n + \frac{1}{2}h, y_n + \frac{1}{2}hf(x_n, y_n)).$$

- Metoda Heuna opisana wzorem

$$y_{n+1} = y_n + \frac{1}{2}h(f(x_n, y_n) + f(x_n + h, y_n + hf(x_n, y_n))).$$

W przypadku, gdy w równaniu różniczkowym $y' = f(x, y)$, $y(x_0) = y_0$ zastąpimy pochodną ilorazem różnicowym, zastosowawszy różnicę punktu wstecznego (x_{n+1}, y_{n+1}) :

$$y' = f(y, x) \implies \frac{y_n - y_{n+1}}{-h} \approx f(x_{n+1}, y_{n+1})$$

to dostaniemy schemat różnicowy

$$y_{n+1} = y_n + hf(x_{n+1}, y_{n+1})$$

który nazywamy niejawną metodą Eulera.

1.4. Metody Adamsa

Twierdzenie 1.3. Niech $F(x)$ jest funkcją pierwotną dla $f(x)$ (czyli $F'(x) = f(x)$), to całka oznaczona funkcji $f(x)$ na przedziale $[a, b]$ jest równa różnicy wartości funkcji pierwotnej na końcach tego przedziału:

$$\int_a^b f(x)dx = F(b) - F(a).$$

Definicja 1.14. Całka nieoznaczona funkcji f jest zbiorem wszystkich funkcji pierwotnych F dla funkcji f , a więc można ją zapisać jako:

$$\int f(x) = F(x) + C,$$

gdzie

- $F(x)$ to funkcja pierwotna funkcji f ,
- C dowolna stała należąca do zbioru \mathbb{R} .

Zależność między całką a pochodną możemy zapisać następująco: całka nieoznaczona funkcji $f(x)$, oznaczana jako $\int f(x)dx$, jest rodziną wszystkich funkcji $F(x)$, których pochodna jest równa $f(x)$. To znaczy, że:

$$F'(x) = f(x) \implies \int f(x)dx = F(x) + c,$$

gdzie $F(x)$ jest funkcją pierwotną dla $f(x)$, C to stała całkowania, ponieważ pochodna stałej jest zerowa, więc dowolna stała dodana do $F(x)$ nie zmienia pochodnej.

Definicja 1.15. Wielomian interpolacyjny to wielomian, który przechodzi przez zadane punkty (węzły) (x_i, y_i) w przestrzeni współrzędnych. Jeśli mamy $n + 1$ punktów, to wielomian interpolacyjny stopnia co najwyżej n można zapisać jako:

$$W(x) = \sum_{i=0}^n a_i x_i,$$

gdzie a_i to współczynniki wielomianu.

Wielomiany interpolacyjne są używane w numerycznej analizie, w tym w przybliżaniu funkcji, wygładzaniu danych i estymacji wartości funkcji w punktach, w których nie są znane.

Twierdzenie 1.4. ([17]) (*O wartości średniej*)

Jeżeli funkcja f jest ograniczona: $m \leq f(x) \leq M$, i całkowalna, to istnieje taka liczba $\mu \leq M$, że:

$$\int_a^b f(x)dx = \mu(b-a).$$

W przypadku gdy funkcja f jest ciągła, istnieje punkt $c \in [a, b]$ taki, że

$$\int_a^b f(x)dx = f(c)(b-a).$$

Wartość $f(c)$ jest „średnią” wartością funkcji f w przedziale $[a, b]$.

Niech będzie dane zagadnienie początkowe

$$y'(x) = f(x, y(x)), \quad x > x_0, \quad (1.9)$$

$$y(x_0) = y_0 \quad (1.10)$$

którego całkowanie możemy wykonać za pomocą metody numerycznej wielokrokowej, której rozwiązanie zagadnienia początkowego (1.9), (1.10) jest przybliżeniem nieznanej wartości y_n rozwiązania dokładnego $y(x_n)$ dla ciągu punktów x_n dla $n = 1, 2, \dots$ takich, że $x_n < x_{n+1}$. W najprostszym przypadku punkty x_n definiujemy następująco: dla pewnego $h > 0$ przyjmujemy

$$x_n = x_0 + nh, \quad n = 0, 1, 2, \dots$$

Oznacza to, że punkty x_n są równoległe, czyli że w obliczeniach krok całkowania jest stały.

Dla ustalonego $k \in \mathbb{N}$, $k > 0$, zastosowanie metody k -krokowej wymaga znajomości wielkości

$$y_0, y_1, \dots, y_{k-1} \quad (1.11)$$

które są przybliżeniami wartości dokładnych

$$y(x_0), y(x_1), \dots, y(x_{k-1}) \quad (1.12)$$

gdzie $x_0 = a, y_0 = y(a)$. Przyjmujemy trochę ogólniej, że dla pewnego n , $n \geq k$ znane są wielkości

$$y_{n-k}, y_{n-k+1}, \dots, y_{n-2}, y_{n-1} \quad (1.13)$$

które są przybliżeniami wartości dokładnych

$$y(x_{n-k}), y(x_{n-k+1}), \dots, y(x_{n-2}), y(x_{n-1}). \quad (1.14)$$

Algorytm metody k -krokowej możemy określić jest następująco

$$y_n = \sum_{j=1}^k \alpha_j y_{n-j} + h \sum_{j=0}^k \beta_j f_{n-j}, \quad n = k, k+1, \dots, \quad (1.15)$$

gdzie $f_{n-j} = f(x_{n-j}, y_{n-j})$ i współczynniki α_j oraz β_j są odpowiednio dobranymi liczbami. Prowadzenie obliczeń za pomocą metody k -krokowej dokonuje się następująco: dane przybliżenia początkowe (1.11) wstawiamy do prawej strony wzoru (1.15) i obliczamy y_k będące przybliżeniem $y(x_k)$. I ogólnie, jeżeli dla pewnego n , $n \geq k$ obliczone są już przybliżenia (1.13) to wstawiając te przybliżenia do prawej strony (1.15) obliczamy y_n będące przybliżeniem $y(x_n)$.

Do metod wielokrokowych zaliczamy m.in. metody Adamsa. W przypadku metod Adamsa wyróżniamy dwa typy metod: metodę Adamsa-Bashfortha oraz metodę Adamsa-Moultona. Jak się za chwilę przekonamy, metoda Adamsa-Bashfortha jest metodą jawną, a metoda Adamsa-Moultona jest metodą niejawną. Zagadnienie początkowe (1.9), (1.10) przepisujemy w równoważnej postaci całkowej

$$y(t) = y(t_{n-1}) + \int_{t_{n-1}}^{t_n} f(x, y(x)) dx, \quad t_n > t_{n-1},$$

skąd otrzymujemy

$$y(t_n) = y(t_{n-1}) + \int_{t_{n-1}}^{t_n} f(x, y(x)) dx. \quad (1.16)$$

Funkcję podcałkową przybliżamy za pomocą odpowiedniego wielomianu interpolacyjnego, a następnie całkujemy ten wielomian.

Metodę Adamsa-Bashfortha możemy uzyskać poniższym schematem z [6]. Zakładamy, że $n \in \mathbb{N}$ i $n > 0$ oraz $h \in \mathbb{R}_+$. Niech $W(x)$ będzie wielomianem interpolacyjnym stopnia $k-1$ takim, że

$$W(t_{n-j}) = f(t_{n-j}, y(t_{n-j})), \quad j = 1, \dots, k.$$

Oznaczając

$$f(t_{n-j}) = f(t_{n-j}, y(t_{n-j})), \quad j = 1, \dots, k,$$

oraz dokonując zamiany zmiennych $x = t_{n-1} + th$, wielomian $W(x)$ zapisujemy w postaci Newtona wstecz

$$W(t_{n-1} + th) = f(t_{n-1}) + t \nabla f(t_{n-1}) + \dots + \frac{t(t+1)\dots(t+k-2)}{(k-1)!} \nabla^{k-1} f(t_{n-1})$$

Funkcję podcałkową w (1.16) przybliżamy wielomianem $W(x)$:

$$f(x, y(x)) = W(x) + r(x),$$

gdzie $r(x)$ jest błędem interpolacji, który wyraża się wzorem

$$r(t_{n-1} + th) = f^{(k)}(\zeta(t)) h^k \frac{t(t+1)\dots(t+k-1)}{k!},$$

gdzie $\zeta(t)$ jest pewnym punktem pośrednim z przedziału $[t_n, t_{n+1}]$, zależnym od t , który jest używany do wyrażania błędu interpolacji. Wynik całkowania błędu interpolacji uzyskujemy na podstawie twierdzenia 1.4, wykorzystując to, że funkcja $t(t+1)\dots(t+k-1)$ jest stałego znaku(dodatnia) na przedziale $(0, 1)$. Wprowadzając oznaczenie

$$\gamma_0 = 1, \gamma_j = \frac{1}{j!} \int_0^1 t(t+1)\dots(t+j-1) dt, \quad j \geq 1, \quad (1.17)$$

dostajemy

$$y(t_n) = y(t_{n-1}) + h \sum_{j=0}^{k-1} \gamma_j \nabla^j f(t_{n-1}) + h^{k+1} \gamma_k y^{(k+1)}(\xi_n), \quad (1.18)$$

gdzie ξ_n jest pewnym punktem pośrednim. Zależność ta jest równoważna z zależnością całkową (1.16), która z kolei jest równoważna z zagadnieniem początkowym na przedziale $[t_{n-1}, t_n]$. Wykorzystując równość

$$\nabla^j f(t_{n-1}) = \sum_{m=0}^j (-1)^m \binom{j}{m} f(t_{n-1-m}),$$

dostajemy zależność dokładną

$$y(t_n) = y(t_{n-1}) + h \sum_{j=1}^k \beta_{kj} f(t_{n-j}) + h^{k+1} \gamma_k y^{(k+1)}(\xi_n), \quad (1.19)$$

gdzie

$$\beta_{kj} = (-1)^{j-1} \sum_{m=j-1}^{k-1} \binom{m}{j-1} \gamma_m, \quad j = 1, \dots, k. \quad (1.20)$$

W zależnościach (1.18) i (1.19) występują nieznane wartości dokładne $y(t_{n-j})$, $f(t_{n-j}, y(t_{n-j}))$ oraz $(k+1)$ -sza pochodna rozwiązania w pewnym punkcie pośrednim ξ_n . Powyższe zależności dokładne służą do określenia algorytmu metody Adamsa-Bashfortha; zaniedbuje błąd interpolacji, a zamiast nieznananych wartości dokładnych $y(t_{n-j})$, $f(t_{n-j})$ przyjmujemy wartości przybliżone odpowiednio y_{n-j} , $f_{n-j} = f(t_{n-j}, y_{n-j})$. W ten sposób dostajemy algorytm metody Adamsa-Bashfortha w postaci

$$y_n = y_{n-1} + h \sum_{j=0}^{k-1} \gamma_j \nabla^j f_{n-1}, \quad (1.21)$$

oraz postaci

$$y_n = y_{n-1} + h \sum_{j=1}^k \beta_{kj} f_{n-j}, \quad (1.22)$$

gdzie $f_{n-j} = f(t_{n-j}, y_{n-j})$, $h \in \mathbb{R}_+$, $n \in \mathbb{N}$, $n > 0$.

Jednokrokową metodę Adamsa-Bashfortha

$$y_n = y_{n-1} + h f_{n-1}$$

nazywa się metodą Eulera. Wraz ze zwiększeniem liczby kroków zwiększa się dokładność i złożoność obliczeń co widać we wzorach z [14] dla metody dwukrokowej

$$y_n = y_{n-1} + \frac{3}{2} h f_{n-1} - \frac{1}{2} h f_{n-2}$$

oraz metody czterokrokowej

$$y_n = y_{n-1} + \frac{h}{24} (55 f_{n-1} - 59 f_{n-2} + 37 f_{n-3} - 9 f_{n-4}).$$

Metoda Adamsa-Bashfortha dobrze sprawdza się w dłuższych symulacjach z dostępnymi wcześniejszymi wartościami oraz systemach dynamicznych, gdy kroki są duże. Jej główną zaletą jest wyższa efektywność dzięki wielokrokowemu charakterowi. Błąd lokalny metody jest rzędu $O(h^2)$, $O(h^3)$, $O(h^5)$ odpowiednio dla metody jednokrokowej, dwukrokowej oraz czterokrokowej. Metodę Adamsa-Moultona uszykujemy w podobny sposób jak metodę Adamsa-Bashfortha, co jest zapisane dokładniej w [6]. Niech $W^*(x)$ będzie wielomianem interpolacyjnym stopnia k takim, że

$$W^*(t_{n-j}) = f(t_{n-j}, y(t_{n-j})), \quad j = 0, 1, \dots, k.$$

Oznaczając

$$f(t_{n-j}) = f(t_{n-j}, y(t_{n-j})), \quad j = 0, 1, \dots, k,$$

oraz dokonując zamiany zmiennych $x = t_n + th$, wielomian $W^*(x)$ zapisujemy w postaci Newtona wstecz

$$W^*(t_n + th) = f(t_n) + t\nabla f(t_n) + \dots + \frac{t(t+1)\dots(t+k-1)}{k!} \nabla^k f(t_n).$$

Funkcje podcałkową (1.16) przybliżamy wielomianem $W^*(x)$:

$$f(x, y(x)) = W^*(x) + r^*(x),$$

gdzie $r^*(x)$ jest błędem interpolacji, który wyraża się wzorem

$$r^*(t_n + th) = f^{(k+1)}(\zeta(t)) h^{k+1} \frac{t(t+1)\dots(t+k)}{(k+1)!},$$

gdzie $\zeta(t)$ jest pewnym punktem pośrednim z przedziału $[t_n, t_{n+1}]$, zależnym od t , który jest używany do wyrażania błędu interpolacji. Podobnie jak w przypadku metody Adamsa-Bashfortha, wykonując całkowanie błędu interpolacji korzystamy z twierdzenia o wartości średniej dla całek. W tym przypadku funkcja $t(t+1)\dots(t+k)$ jest stałego znaku (ujemna) na przedziale $(-1, 0)$. Oznaczając

$$\gamma_0^* = 1, \quad \gamma_j^* = \frac{1}{j!} \int_{-1}^0 t(t+1)\dots(t+j-1)dt, \quad j \geq 1, \quad (1.23)$$

dostajemy

$$y(t_n) = y(t_{n-1}) + h \sum_{j=0}^k \gamma_j^* \nabla^j f(t_n) + h^{k+2} \gamma_{k+1}^* y^{(k+2)}(\xi_n). \quad (1.24)$$

Zależność ta jest dokładna i jest ona równoważna z zależnością całkową (1.16), która z kolei jest równoważna z zagadnieniem początkowym na przedziale $[t_{n-1}, t_n]$. Wykorzystując równość

$$\nabla^j f(t_n) = \sum_{m=0}^j (-1)^m \binom{j}{m} f(t_{n-m}),$$

dostajemy równość dokładną

$$y(t_n) = y(t_{n-1}) + h \sum_{j=0}^k \beta_{kj}^* f(t_{n-j}) + h^{k+2} \gamma_{k+1}^* y^{(k+2)}(\xi_n), \quad (1.25)$$

gdzie

$$\beta_{kj}^* = (-1)^j \sum_{m=j}^k \binom{m}{j} \gamma_m^*, \quad j = 0, 1, \dots, k. \quad (1.26)$$

W zależnościach (1.24) i (1.25) występują nieznanne wartości dokładne występują nieznanne wartości dokładne $y(t_{n-j})$, $f(t_{n-j}, y(t_{n-j}))$ oraz $(k+2)$ -ga pochodna rozwiązania w pewnym punkcie pośrednim ξ_n . Powyższe zależności dokładne służą do określenia algorytmu metody Adamsa-Moultona; zaniedbujemy błąd interpolacji, a zamiast nieznananych wartości dokładnych $y(t_{n-j})$, $f(t_{n-j}, y(t_{n-j}))$ przyjmujemy wartości przybliżone odpowiednio y_{n-j} , $f_{n-j} = f(t_{n-j}, y_{n-j})$. W ten sposób dostajemy algorytm metody Adamsa-Moultona w postaci

$$y_n = y_{n-1} + h \sum_{j=0}^k \gamma_j^* \nabla^j f_n, \quad (1.27)$$

oraz w postaci

$$y_n = y_{n-1} + h \sum_{j=0}^k \beta_{kj}^* f_{n-j}, \quad (1.28)$$

gdzie $f_{n-j} = f(t_{n-j}, y_{n-j})$, $h \in \mathbb{R}_+$, $n \in \mathbb{N}$, $n > 0$.

Jednokrokowa metoda Adamsa-Moultona jaką uzyskano w powyższych rozważaniach dla $k = 1$ jest postaci

$$y_n = y_{n-1} + \frac{1}{2}h(f_{n-1} + f_n)$$

i nosi nazwę metody trapezów. Metoda trapezów została uzyskana za pomocą wielomianu interpolacyjnego stopnia pierwszego. Gdyby zastosować wielomian interpolacyjny stopnia zerowego $W(x) = f(t_n, y(t_n))$, to dostaniemy jeszcze metodę jednokrokową Adamsa-Moultona:

$$y_n = y_{n-1} + hf_n,$$

która nazywa się wsteczną metodą Eulera. Wraz ze zwiększeniem liczby kroków zwiększa się dokładność i złożoność obliczeń co widać we wzorach z [14] dla metody dwukrokowej

$$y_n = y_{n-1} + \frac{h}{12}(5f_n + 8f_{n-1} - f_{n-2})$$

oraz trzykrokowej

$$y_n = y_{n-1} + \frac{h}{24}(9f_n + 19f_{n-1} - 5f_{n-2} + f_{n-3}).$$

Metodę Adamsa-Moultona stosuje się do równań wrażliwych na błędy numeryczne, gdzie niejawnosc daje lepszą stabilność. Zaletą metody jest korekta na bieżąco dla dokładniejszych wyników. Błąd lokalny metody Adamsa-Moultona jest rzędu $O(h^3)$, $O(h^4)$, $O(h^5)$ odpowiednio dla metody jednokrokowej, dwukrokowej oraz trzykrokowej.

1.5. Metody Rungego-Kutty

Metody Rungego-Kutty to techniki numeryczne wykorzystywane do rozwiązywania równań różniczkowych zwyczajnych. Działają na zasadzie iteracyjnego przybliżania wartości funkcji, wykorzystując informacje o jej pochodnych. Metody Rungego-Kutty dzielimy według rzędów. Metoda Rungego-Kutty pierwszego rzędu opisana wzorem

$$y_{n+1} = y_n + hf(x_n, y_n)$$

to szczególny przypadek, który opisano w podrozdziale 1.3 jako Metodę Eulera. Metody Rungego-Kutty możemy zdefiniować następującym wzorem [8]:

$$y_{n+1} = y_n + h \sum_{i=1}^m w_i k_i, \quad n \in \mathbb{N}, n > 0, h \in \mathbb{R}_+,$$

gdzie

$$k_1 = f(x_n, y_n),$$

$$k_i = f(x_n, c_i h, y_n + h \sum_{j=1}^{i-1} a_{ij} k_j), \quad i = 2, 3, \dots, m,$$

przy czym

$$\sum_{j=1}^{i-1} a_{ij} = c_i, \quad i = 2, 3, \dots, m.$$

Do wykonania jednego kroku metody należy obliczyć wartości prawych stron równań różniczkowych dokładnie m razy, dlatego będziemy mówić o m -etapowym kroku(iteracji) metody. Parametry w_i, a_{ij}, c_i dobiera się tak, aby przy ustalonym m rząd metody był możliwie wysoki. Jeśli przez $p(m)$ oznaczymy maksymalny możliwy do uzyskania rząd metody, wtedy

$$\begin{aligned} p(m) &= m \text{ dla } m = 1, 2, 3, 4, \\ p(m) &= m - 1 \text{ dla } m = 5, 6, 7, \\ p(m) &\leq m - 2 \text{ dla } m \geq 8, \end{aligned}$$

największe znaczenie praktyczne mają metody z $m = 4$, gdzie mamy zadowalający kompromis między dokładnością (rząd metody) a nakładem obliczeń na jedną iterację i związanym z tym wpływem błędów zaokrągleń.

Metoda Rungego-Kutty 4.rzędu („klasyczna”) [8]:

$$\begin{aligned} y_{n+1} &= y_n + \frac{1}{6}h(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4) \\ k_1 &= f(x_n, y_n), \\ k_2 &= f(x_n + \frac{1}{2}h, y_n + \frac{1}{2}hk_1), \\ k_3 &= f(x_n + \frac{1}{2}h, y_n + \frac{1}{2}hk_2), \\ k_4 &= f(x_n + h, y_n + hk_3). \end{aligned}$$

W metodach Rungego-Kutty litery k_i są używane do oznaczania poszczególnych przybliżeń wartości pochodnych funkcji w danym kroku całkowania. Oznaczenie k_i pozwala na szybkie odniesienie się do różnych wartości pochodnych oraz dodaje przejrzystości w implemetacji i we wzorze, który bez tych oznaczeń wyglądał by następująco

$$\begin{aligned} y_{n+1} &= y_n + \frac{1}{6}h(f(x_n, y_n) + 2f(x_n + \frac{1}{2}h, y_n + \frac{1}{2}hf(x_n, y_n)) \\ &\quad + 2f(x_n + \frac{1}{2}h, y_n + \frac{1}{2}hf(x_n + \frac{1}{2}h, y_n + \frac{1}{2}hf(x_n, y_n))) \\ &\quad + f(x_n + h, y_n + hf(x_n + \frac{1}{2}h, y_n + \frac{1}{2}hf(x_n + \frac{1}{2}h, y_n + \frac{1}{2}hf(x_n, y_n))))). \end{aligned}$$

Metody Rungego-Kutty są stosowane dla uzyskania wyższej dokładności niż przy metodzie Eulera, szczególnie przy braku danych do metod wielokrokowych. Zaletą metody jest duża dokładność bez potrzeby małego kroku oraz jednokrokowy charakter. Błąd lokalny klasycznej metody Rungego-Kutty 4.rzędu jest rzędu $O(h^5)$.

1.6. Metody typu predyktor-korektor

Metody typu predyktor-korektor w rozwiązywaniu równań różniczkowych łączą zalety metod jawnych i niejawnych, takich jak metoda Eulera, Rungego-Kutty oraz metody Adamsa-Bashfortha i Adamsa-Moultona. Metody predyktor-korektor opierają się na iteracyjnym procesie obliczeń, gdzie pierwszy krok (predyktor) stanowi przybliżenie rozwiązania, a drugi krok (korektor) poprawia wynik, korzystając z nowo uzyskanych wartości. Metody skupiają się na dwóch podstawowych etapach:

1. W każdym kroku pierwszym etapem jest tzw. predykcja, czyli obliczanie przybliżenia początkowego za pomocą metody jawnej.
2. Drugim etapem obliczeń jest tzw. korekcja, za pomocą metody niejawnej, która ma na celu skorygowanie wartości obliczonego przybliżenia początkowego.

W metodach tych często stosuje się wzory metod Adamsa: jawny predyktor Adamsa-Bashfortha oraz niejawny korektor Adamsa-Moultona.

Dla równania różniczkowego $y' = f(x, y)$, przy kroku całkowania h oraz wartości y_n i y_{n+1} , przykładowy schemat wygląda następująco:

1. Krok predykcji (Metoda Adamsa-Bashfortha):

Metoda jawna Adamsa-Bashfortha dwukrokowa pozwala wyznaczyć wartość przewidywaną y_{n+1}^P :

$$y_{n+1}^P = y_n + h\left(\frac{3}{2}f(x_n, y_n) - \frac{1}{2}f(x_{n-1}, y_{n-1})\right)$$

Iteracyjnie: Użycie wartości z poprzednich kroków do przewidzenia y_{n+1}^P .

2. Krok korekcji (Metoda Adamsa-Moultona):

Wartość y_{n+1} jest korygowana jednokrokową metodą Adamsa-Moultona:

$$y_{n+1} = y_n + h\left(\frac{1}{2}f(x_{n+1}, y_{n+1}^P) + \frac{1}{2}f(x_n, y_n)\right)$$

Iteracyjnie: Aktualizacja y_{n+1} na podstawie wartości pochodnej w przewidzianym punkcie.

Metody predyktor-korektor stosowane są szczególnie w rozwiązaniach równań różniczkowych w symulacjach długoterminowych. Podstawową zaletą tej metody jest wyższa dokładność, ponieważ podwójne przybliżenie (predykcja i korekta) pozwala osiągnąć bardziej precyzyjne wyniki niż w pojedynczej metodzie. Ważną cechą metod predyktor-korektor jest ich charakter iteracyjny, gdyż często po zastosowaniu korektora można wielokrotnie korygować wynik, dopóki nie osiągnie się pożądanej dokładności. Iteracyjne zastosowanie kroku korekcyjnego umożliwia znaczące zmniejszenie błędu, zwłaszcza w przypadkach, gdy konieczne jest dokładne rozwiązywanie równań różniczkowych na dużych przedziałach czasu.

W metodach predyktor-korektor wyróżniamy dwa główne typy błędów:

- Błąd predykcyjny: jest to błąd wprowadzony w wyniku zastosowania kroku predyktora, wynikający z przybliżonego oszacowania wartości funkcji w punkcie t_{n+1} . Błąd ten zależy od rzędu metody predyktora.
- Błąd korekcyjny: jest to błąd związany z etapem korekcji, w którym obliczana jest ostateczna wartość y_{n+1} przy użyciu kroku korektora. Korektor zazwyczaj ma wyższy rząd dokładności niż predyktor, co pozwala znacząco zmniejszyć błąd w finalnym rozwiązaniu.

Sumaryczny błąd metody predyktor-korektor jest wynikiem obu tych źródeł błędu i zależy od wybranych metod w roli predyktora oraz korektora. W praktyce można stosować kilka iteracji kroku korekcyjnego, aby zminimalizować ten błąd. Jednakże, metody predyktor-korektor mają również pewne ograniczenia:

- Większa złożoność obliczeniowa: wymagają obliczenia wartości predyktora i kolejnych iteracji korektora, co zwiększa czas wykonania algorytmu.
- Zależność od wartości początkowych: metody predyktor-korektor wymagają wartości początkowych uzyskanych na podstawie wcześniejszych kroków, co może wymagać dodatkowych metod jednokrokowych w początkowej fazie obliczeń.
- Potrzeba iteracyjnej korekcji: uzyskanie stabilnych i dokładnych wyników często wymaga wielokrotnych iteracji kroku korektora, co może prowadzić do wzrostu liczby operacji.

Metody predyktor-korektor są szeroko stosowane w obliczeniach inżynierskich, fizyce oraz modelowaniu procesów dynamicznych, gdzie występuje potrzeba rozwiązania złożonych układów

równań różniczkowych z zachowaniem stabilności i wysokiej dokładności. W roli predyktora, czyli metody używanej do wstępnego oszacowania wartości y_{n+1}^P , najczęściej stosuje się metody eksplcytne (jawne), ponieważ są szybsze obliczeniowo i umożliwiają efektywne uzyskanie początkowego przybliżenia. Do najpopularniejszych metod predyktora należą:

- Metoda Adamsa-Bashfortha: jest to metoda wielokrokowa jawna, w której przybliżenie wyznaczane jest na podstawie wartości funkcji z kilku poprzednich kroków. Dwukrokowa i trzykrokowa metoda Adamsa-Bashfortha są szczególnie często stosowane ze względu na dobrą równowagę między dokładnością a kosztami obliczeniowymi.
- Metoda Eulera: chociaż metoda Eulera jest mniej dokładna, może być używana jako szybki predyktor dla pierwszego kroku w metodach wielokrokowych lub gdy wymagane są minimalne obliczenia.
- Metody Rungego-Kutty niższych rzędów: czasami stosuje się metody Rungego-Kutty niższego rzędu (np. 2. lub 3. rzędu), aby uzyskać bardziej dokładne przybliżenie y_{n+1}^P niż przy użyciu metody Eulera, przy czym nie stosuje się tu pełnej metody Rungego-Kutty 4.rzędu ze względu na większy koszt obliczeniowy.

W roli korektora najczęściej używa się metod zaawansowanych, które są bardziej dokładne i stabilne, co pozwala na znaczne zmniejszenie błędu. Do najczęściej stosowanych metod korektora należą:

- Metoda Adamsa-Moultona: jest to metoda wielokrokowa niejawna, która jako korektor używa zarówno wartości funkcji f w bieżącym kroku, jak i w poprzednich krokach. Korektor ten wymaga iteracyjnego rozwiązania, dlatego zapewnia większą stabilność i dokładność.
- Metoda trapezów (Cranka-Nicolsona): metoda ta jest dwuetapową metodą z rzędu 2, wykorzystującą średnią wartość funkcji f między punktem początkowym i końcowym kroku. Ma ona postać:

$$y_{n+1} = y_n + \frac{h}{2} (f(t_n, y_n) + f(t_{n+1}, y_{n+1})).$$

- Metody Rungego-Kutty wyższego rzędu: w niektórych przypadkach można stosować metodę Rungego-Kutty 4 rzędu jako korektor, szczególnie gdy wymagana jest wysoka dokładność przy ograniczonej liczbie kroków.

W przypadku zastosowania do metody predyktor-korektor metody dwukrokowej Adamsa-Bashfortha jako predyktor i metody jednokrokowej Adamsa-Moultona jako korektor, gdzie ich błędy lokalne są rzędu $O(h^3)$, błąd lokalny metody również jest rzędu $O(h^3)$.

2. Modele epidemii grypy

2.1. Podstawowy model grypy

Epidemie grypy zwykle pojawiają się i znikają w okresie kilku miesięcy, w naszym modelu nie uwzględniamy efektów demograficznych (urodzeń i zgonów naturalnych). Naszym punktem wyjścia jest prosty model SIR . Dwa aspekty grypy, które można łatwo dodać, to okres wylegania się choroby między zakażeniem a pojawieniem się objawów oraz fakt, że znaczna część osób zakażonych nigdy nie rozwija objawów, ale przechodzi przez okres bezobjawowy, podczas którego mają pewną zakaźność, a następnie wracają do zdrowia i przechodzą do usuniętego przedziału. Tak więc model zawiera grupy S (liczba osób podatnych), L (liczba osób utajonych), I (liczba osób zakażonych), A (liczba osób bezobjawowych) i R (liczba osób, które wyzdrowiały), Liczba osób w każdej grupie należy do zbioru \mathbb{N} . Konkretnie przyjmujemy następujące założenia:

1. W populacji o stałej całkowitej wielkości N znajduje się niewielka liczba osobników pierwotnie zakaźnych I_0 .
2. Liczba kontaktów w jednostce czasu na osobę jest stałą wielokrotnością $\beta \in [0, 1]$ całkowitej wielkości populacji N .
3. Osoby z grupy L nie są zakażeni.
4. Część $p \in [0, 1]$ członków utajonych przemieszcza się do przedziału zakaźnego z szybkością $\kappa \in [0, 1]$, podczas gdy pozostała część przemieszcza się bezpośrednio do bezobjawowego przedziału A , również z szybkością κ .
5. Nie ma zgonów z powodu choroby, osoby zakaźne I zdrowieją i opuszczają przedział zakaźny z szybkością $\alpha \in [0, 1]$ i przechodzą do grupy ozdrowieńców R .
6. U osób bezobjawowych zakaźność spada o współczynnik $\delta \in [0, 1]$, a szybkość migracji do usuniętego przedziału wynosi $\eta \in [0, 1]$.

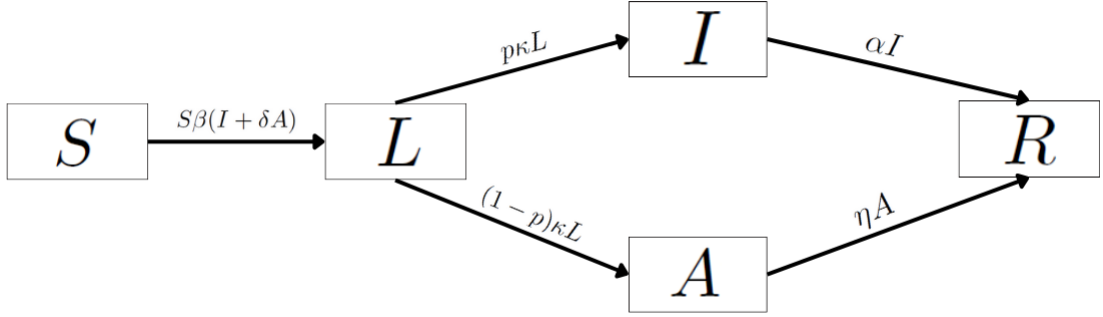
Założenia te prowadzą do następującego modelu [11]:

$$\begin{cases} S' &= -S\beta(I + \delta A) \\ L' &= S\beta(I + \delta A) - \kappa L \\ I' &= p\kappa L - \alpha I \\ A' &= (1 - p)\kappa L - \eta A \\ R' &= \alpha I + \eta A \end{cases} \quad (2.1)$$

z warunkami początkowymi

$$S(0) = S_0, L(0) = 0, I(0) = I_0, A(0) = 0, R(0) = 0, N = S_0 + I_0.$$

Schemat modelu wygląda następująco



Rysunek 2.1: Podstawowy model grypy. Źródło: opracowanie własne.

Nasz model jest poprawnie postawiony w sensie, że wszystkie nasze zmienne pozostają nieujemne dla czasu $t \in [0, \infty)$. Model (2.1) jest najprostszym możliwym opisem, mającym właściwość, że istnieją bezobjawowe infekcje. Model (2.1) podobnie jak inne modele, które przedstawimy później, składa się z układu równań różniczkowych zwyczajnych. W ocenie rozwoju epidemii pomaga współczynnik reprodukcji. Jeżeli jego wartość jest wyższa od 1, znaczy to, że epidemia się rozwija – jedna osoba zaraża średnio tyle kolejnych osób, na ile wskazuje współczynnik reprodukcji. Jeśli wartość spada poniżej 1, epidemia zaczyna hamować. Gdy współczynnik reprodukcji wirusa utrzymuje się na odpowiednio niskim poziomie przez dłuższy czas, epidemia w końcu wygaśnie. Do obliczenia podstawowego współczynnika reprodukcji możemy zastosować wzór z [11]

$$\mathcal{R}_0 = \beta N \left[\frac{p}{\alpha} + \frac{\delta(1-p)}{\eta} \right].$$

Biologiczna interpretacja podstawowego współczynnika reprodukcji polega na tym, że utajony członek wprowadzony do populacji N podatnych członków staje się zakażony z prawdopodobieństwem p , w którym to przypadku powoduje zakażenia $\frac{\beta N}{\alpha}$ w okresie zakaźności o długości $\frac{1}{\alpha}$, lub staje się bezobjawowy z prawdopodobieństwem $1-p$, w którym to przypadku powoduje zakażenia $\frac{\delta \beta N}{\eta}$ w okresie bezobjawowym o długości $\frac{1}{\eta}$.

2.2. Model grypy ze szczepieniami

W poradzeniu sobie z corocznymi sezonowymi epidemiami grypy, istnieje program szczepień przed rozpoczęciem sezonu „grypowego”. Każdego roku produkuje się szczepionkę mającą na celu ochronę przed trzema szczepami grypy uważanymi za najgroźniejsze w nadchodzącym sezonie. Formułujemy model, aby dodać szczepienie do podstawowego modelu grypy przy założeniu, że szczepienie zmniejsza podatność (prawdopodobieństwo zakażenia w przypadku kontaktu z zakażonym członkiem populacji). Ponadto, zakładamy, że zaszczepieni członkowie, u których rozwinie się zakażenie, mają mniejsze prawdopodobieństwo przenoszenia zakażenia, większe prawdopodobieństwo braku objawów i większe prawdopodobieństwo szybszego powrotu do zdrowia niż niezaszczepieni członkowie.

Te założenia wymagają wprowadzenia do modelu dodatkowych przedziałów, aby śledzić zaszczepionych członków populacji przez etapy zakażenia. Używamy przedziałów S, L, I, A, R jak poprzednio i wprowadzamy liczbę osób podatnych zaszczepionych S_T , liczbę osób utajonych zaszczepionych L_T , liczbę osób zakażonych zaszczepionych I_T , liczbę osób bezobjawowych zaszczepionych A_T , $S_T, L_T, I_T, A_T \in \mathbb{N}$. Oprócz założeń przyjętych przy formułowaniu poprzedniego modelu przyjmujemy również

- Ułamek $\gamma \in [0, 1]$ populacji zostaje zaszczepiony przed wybuchem choroby, a zaszczepieni członkowie mają podatność na zakażenie zmniejszoną o współczynnik $\sigma_s \in [0, 1]$.

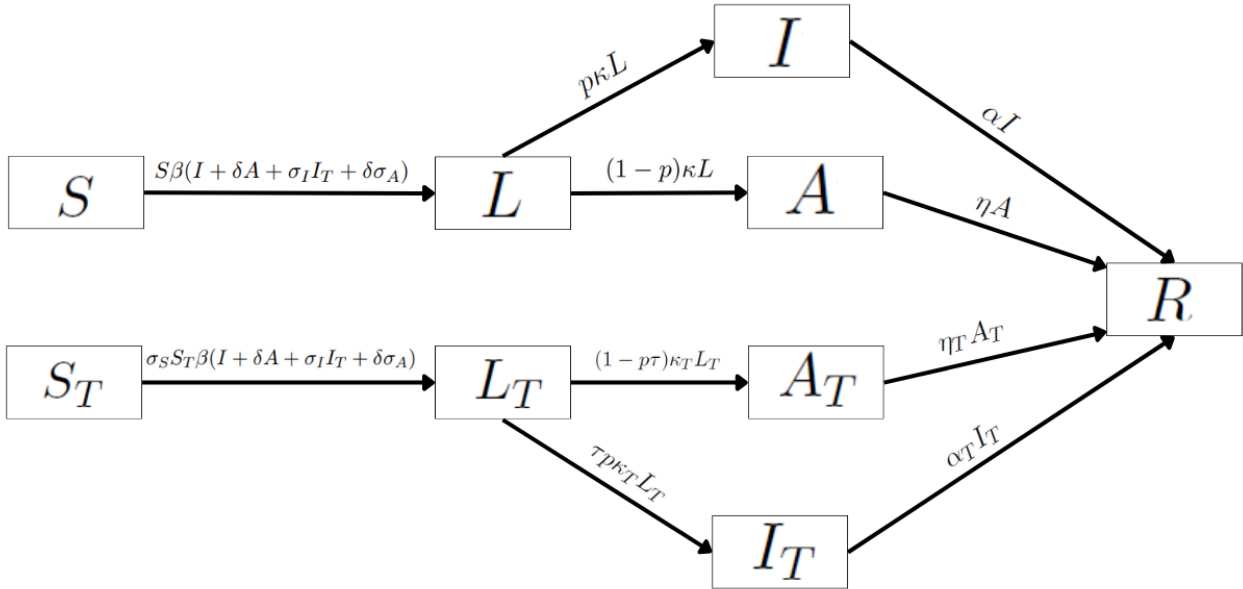
- W przypadku I_T i A_T obserwuje się zmniejszenie zakaźności o odpowiednio σ_I i σ_A ; można założyć, że $0 < \sigma_I < 1, 0 < \sigma_A < 1$.
- Współczynniki odejścia od L_T, I_T i A_T wynoszą odpowiednio $\kappa_T, \alpha_T, \eta_T \in [0, 1]$. Można założyć, że $\alpha \leq \alpha_T, \kappa \leq \kappa_T, \eta \leq \eta_T$.
- Ułamki członków powracających do zdrowia po opuszczeniu I i I_T wynoszą odpowiednio f i f_T . Można założyć, że $f \leq f_T$. W naszej analizie przyjmujemy $f = f_T = 1$ (brak zgonów z powodu choroby).
- Szczepienie zmniejsza odsetek osób utajonych, u których rozwiną się objawy, o współczynnik τ , gdzie $0 \leq \tau \leq 1$.

Wynikowy model jest następujący [11]:

$$\begin{cases} S' &= -S\beta(I + \delta A + \sigma_I I_T + \delta \sigma_A), \\ S'_T &= -\sigma_S S_T \beta(I + \delta A + \sigma_I I_T + \delta \sigma_A), \\ L' &= S\beta(I + \delta A + \sigma_I I_T + \delta \sigma_A) - \kappa L, \\ L'_T &= \sigma_S S_T \beta(I + \delta A + \sigma_I I_T + \delta \sigma_A) - \kappa_T L_T, \\ I' &= p\kappa L - \alpha I, \\ I'_T &= \tau p\kappa_T L_T - \alpha_T I_T, \\ A' &= (1 - p)\kappa L - \eta A, \\ A'_T &= (1 - p\tau)\kappa_T L_T - \eta_T A_T, \\ R' &= \alpha I + \alpha_T I_T + \eta A + \eta_T A_T. \end{cases} \quad (2.2)$$

z warunkami początkowymi $S(0) = (1 - \gamma)S_0, \quad S_T(0) = \gamma S_0, \quad I(0) = I_0, \quad N = S_0 + I_0,$
 $L(0) = L_T(0) = I_T(0) = A(0) = A_T(0) = 0.$

Schemat modelu wygląda tak



Rysunek 2.2: Model grypy ze szczepieniami. Źródło: opracowanie własne.

Ponieważ infekcja zaczyna się teraz w populacji, która nie jest w pełni podatna, mówimy o współczynniku reprodukcji kontrolnej zamiast podstawowym współczynniku reprodukcji, którego wzór mamy z [11]

$$\mathcal{R}_0 = (1 - \gamma)\mathcal{R}_u + \gamma\mathcal{R}_v,$$

w którym

$$\mathcal{R}_u = N\beta \left[\frac{p}{\alpha} + \frac{\delta(1-p)}{\eta} \right] = \mathcal{R}_0,$$

$$\mathcal{R}_v = \sigma_S N\beta \left[\frac{p\tau\sigma_I}{\alpha_T} + \frac{\delta(1-p\tau)\sigma_A}{\eta_T} \right],$$

gdzie \mathcal{R}_u jest współczynnikiem reprodukcji dla osób niezaszczepionych i \mathcal{R}_v współczynnikiem reprodukcji dla osób zaszczepionych.

2.3. Model grypy z leczeniem przeciwwirusowym

Jeśli nie ma szczepionki na szczep grypy, można by zastosować leczenie przeciwwirusowe. Jednak leczenie przeciwwirusowe zapewnia ochronę tylko wtedy, gdy leczenie jest kontynuowane i jest droższe. Ponadto leki przeciwwirusowe są trudno dostępne i drogie, a leczenie wystarczającej liczby populacji, aby kontrolować przewidywaną epidemię, może nie być wykonalne. Polityka leczenia skierowana w szczególności do osób, które zostały zakażone lub miały kontakt z osobami zakaźnymi po rozpoczęciu wybuchu choroby, może być bardziej odpowiednim podejściem. Wymaga to modelu ze wskaźnikami leczenia dla utajonych, zakaźnych i bezobjawowo zakażonych członków populacji, który konstruujemy w oparciu o strukturę stosowaną do szczepień w poprzednim modelu.

Leki przeciwwirusowe mają podobne działanie do szczepionek, zmniejszając podatność na infekcję i zmniejszając zakaźność, prawdopodobieństwo wystąpienia objawów i długość okresu zakaźnego w przypadku infekcji. Jednak prawdopodobnie będą mniej skuteczne niż dobrze dopasowana szczepionka, szczególnie w zmniejszaniu podatności. W modelu mamy liczbę osób podatnych S , liczbę osób utajonych L , liczbę osób utajonych leczonych L_T , liczbę osób zakażonych I , liczbę osób zakażonych I_T , liczbę osób bezobjawowych A , liczbę osób bezobjawowych leczonych A_T oraz liczbę osób, które wyzdrowiały R , wszystkie przedziały osób $S, L, L_T, I, I_T, A, A_T, R \in \mathbb{N}$.

Leczenie może być stosowane u zdiagnozowanych osób zakażonych. Ponadto można leczyć kontakty osób zakażonych, o których podejrzewa się zakażenie. Jest to modelowane poprzez leczenie członków utajonych. W praktyce niektórzy z tych zidentyfikowanych przez śledzenie kontaktów i leczonych byłiby faktycznie podatni, ale pomijamy to w modelu. Chociaż dopuściliśmy leczenie osób bezobjawowych w modelu, jest mało prawdopodobne, aby tak się stało jednak dla ogólności zachowujemy możliwość leczenia przeciwwirusowego osób bezobjawowych w modelu. Jeśli leczenie jest stosowane tylko u osób zakażonych, przedziały L_T, A_T są puste i mogą zostać pominięte w modelu.

Do modelu ze szczepieniami dodajemy leczenie przeciwwirusowe utajonych, zakażonych i bezobjawowo zakażonych członków populacji, ale nie zakładamy początkowo leczonej klasy. Oprócz założeń poczynionych wcześniej zakładamy również, że istnieje wskaźnik leczenia φ_L w L i wskaźnik θ_L nawrotu z L_T do L , wskaźnik leczenia φ_I w I i wskaźnik θ_I nawrotu z I_T do I , a także wskaźnik leczenia φ_A w A i wskaźnik θ_A nawrotu z A_T do A .

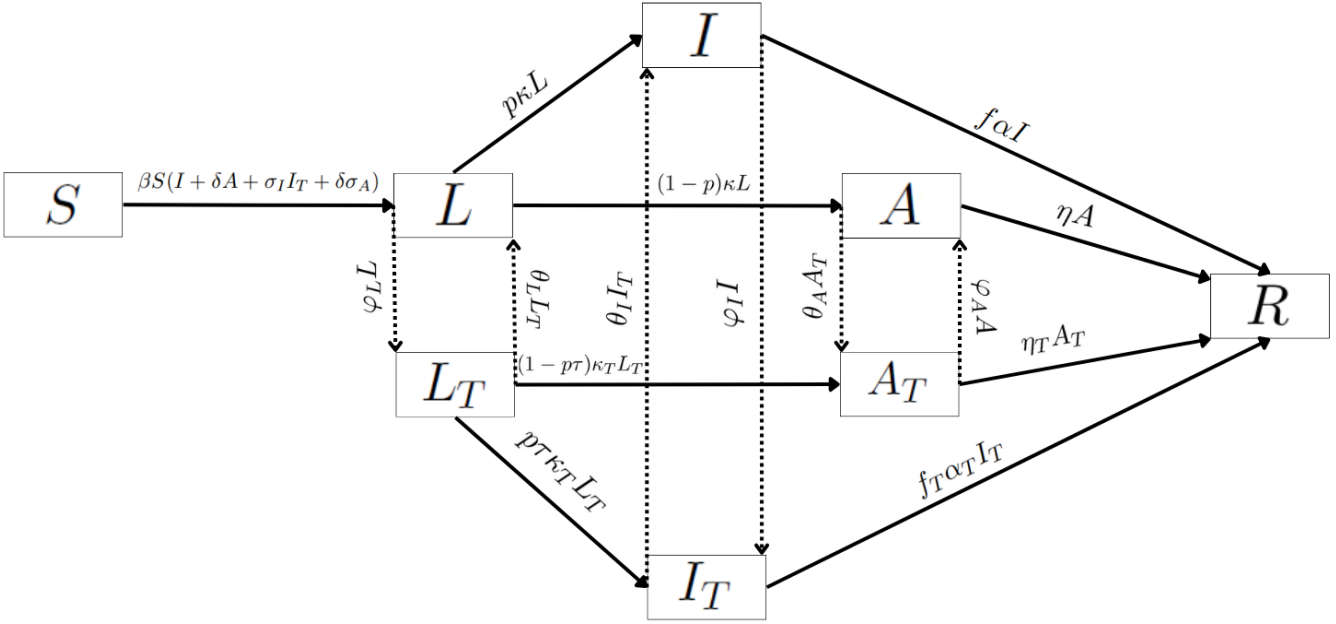
Wynikowy model wygląda następująco [11]:

$$\begin{cases} S' &= -\beta S(I + \delta A + \sigma_I I_T + \delta \sigma_A), \\ L' &= \beta S(I + \delta A + \sigma_I I_T + \delta \sigma_A) - \kappa L - \varphi_L L + \theta_L L_T, \\ L_T' &= -\kappa L_T + \varphi_L L - \theta_L L_T, \\ I' &= p\kappa L - \alpha I - \varphi_I I + \theta_I I_T, \\ I_T' &= p\tau\kappa_T L_T - \alpha_T I_T + \varphi_I I - \theta_I I_T, \\ A' &= (1-p)\kappa L - \eta A - \varphi_A A + \theta_A A_T, \\ A_T' &= (1-p\tau)\kappa_T L_T - \eta_T A_T + \varphi_A A - \theta_A A_T, \\ R' &= f\alpha I + f_T\alpha_T I_T + \eta A + \eta_T A_T. \end{cases} \quad (2.3)$$

Warunki początkowe są następujące

$$S(0) = S_0, I(0) = I_0, L(0) = L_T(0) = I_T(0) = A(0) = A_T(0) = 0, N = S_0 + I_0.$$

Model możemy przedstawić poniższym schematem



Rysunek 2.3: Model grypy z leczeniem przeciwwirusowym. Źródło: opracowanie własne.

W przypadku modelu (2.3) obliczenie współczynnika reprodukcji jest bardziej skomplikowane niż w przypadku dwóch wcześniejszych modeli, co pokazuje nam wzór z [11]

$$\mathcal{R}_0 = \mathcal{R}_I + \mathcal{R}_A$$

w którym

$$\begin{aligned} \mathcal{R}_I &= \frac{N\beta}{\Delta_I\Delta_L} [(\alpha_T + \theta_I\sigma_I\varphi_I)p\kappa(\kappa_T + \theta_L) + (\theta_I + \sigma_I(\alpha + \varphi_I)p\tau\kappa_T)], \\ \mathcal{R}_A &= \frac{\delta N\beta}{\Delta_L} \left[\frac{(1-p)\kappa(\kappa_T + \theta_L)}{\eta} + \frac{\sigma_A(1-p\tau)\kappa_T\varphi_L}{\eta_T} \right], \\ \Delta_L &= (\kappa + \varphi_L)(\kappa_T + \theta_L) - \theta_L\varphi_L, \\ \Delta_I &= (\alpha + \varphi_I)(\alpha_T + \theta_I) - \theta_I\varphi_I, \end{aligned}$$

gdzie \mathcal{R}_I to współczynnik reprodukcji dla osób nieleczonych, \mathcal{R}_A jest współczynnikiem reprodukcji dla osób leczonych. W szczególnym przypadku, gdy leczenie stosuje się wyłącznie w przypadku zakażeń, \mathcal{R}_0 jest podany przez prostsze wyrażenie

$$\mathcal{R}_0 = N\beta \left[\frac{p(\alpha_T + \theta_I + \sigma_I\varphi_I)}{\Delta_I} + \frac{\delta(1-p)}{\eta} \right].$$

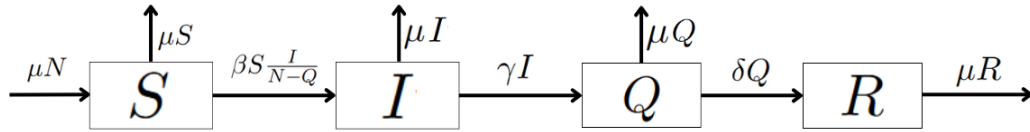
2.4. Model SIQR

W prognozowaniu epidemii grypy oprócz modeli wymienionych powyżej, czyli modelu (2.1), (2.2), (2.3) używa się także modeli nawiązujących do podstawowego modelu epidemii *SIR*, który jest stosowany przez wzgląd na swoją prostotę oraz łatwość w analizie i implemetacji. Model SIQR rozwija ideę modelu *SIR*, dodając grupę osób na kwarantannie *Q* do grup osób podatnych

S , zakażonych I oraz osób, które wyzdrowiały R . Dzięki temu możemy lepiej analizować, jak izolacja zakażonych wpływa na dynamikę rozprzestrzeniania się wirusa. Kwarantanna stanowi istotny element strategii zdrowia publicznego, mający na celu zminimalizowanie liczby nowych zakażeń poprzez ograniczenie kontaktu zakażonych z osobami zdrowymi. Model SIQR, w którym zakażni są podzieleni na dwie kategorie: osoby aktywnie zakażne oraz osoby w kwarantannie, oferuje nową perspektywę na zarządzanie epidemią. Wprowadzenie klasy kwarantanny pozwala na uwzględnienie działań prewencyjnych, które mają na celu ograniczenie transmisji wirusa poprzez izolację osób zakażonych. To podejście jest szczególnie istotne w kontekście zdrowia publicznego, gdzie szybka reakcja na wzrost liczby zakażeń jest kluczowa dla ograniczenia skutków epidemii. Niech S , I , Q i R oznaczają odpowiednio liczbę osób podatnych, zakażonych, odbywających kwarantannę i ozdrowiałych i niech $S, I, Q, R \in \mathbb{N}$ oraz $N = S + I + Q + R$ oznacza całkowitą wielkość populacji. Parametry modelu to: wskaźniki urodzeń i zgonów μ , wskaźnik, w jakim zakażone osoby są izolowane (poddawane kwarantannie) γ , wskaźnik wyzdrowienia δ oraz wskaźnik zakażenia β . Model SIQR można sformułować w następujący sposób [11]:

$$\begin{cases} S' &= \mu N - \beta S \frac{I}{N-Q} - \mu S, \\ I' &= \beta S \frac{I}{N-Q} - (\mu + \gamma)I, \\ Q' &= \gamma I - (\mu + \delta)Q, \\ R' &= \delta Q - \mu R, \end{cases} \quad (2.4)$$

Warunki początkowe są następujące $S(0) = S_0$, $I(0) = I_0$, $Q(0) = R(0) = 0$. Schemat modelu wygląda tak



Rysunek 2.4: Model SIQR. Źródło: opracowanie własne.

To, co wyróżnia model (2.4), to fakt, że wskaźnik zapadalności uwzględnia obecnie możliwość, że duża liczba osób z grupy Q nie uczestniczy (na prośbę, z nakazu lub z osobistej decyzji) w procesie rozprzestrzeniania się wirusa. Stąd „losowe mieszanie się” proporcji osób zakażonych z innymi osobami to $\frac{I}{N-Q}$ a nie $\frac{I}{N}$.

Podstawowy współczynnik reprodukcji dla powyższego modelu $SIQR$ wynosi

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\mu + \gamma}.$$

3. Symulacja i prognozowanie przebiegu epidemii

W tym rozdziale korzystając z danych o zachorowaniach na gripę w Polsce od 1 września 2022 roku do 30 czerwca 2023 roku postaramy się dobrać współczynniki w modelach (2.1), (2.2), (2.3) oraz (2.4) tak aby liczba osób zakażonych jak najbardziej odzwierciedlała te rzeczywiste wartości i na tej podstawie przewidzieć liczbę zachorowań od grudnia 2024 roku. Na początek porównajmy jakiego rzędu błędy lokalne mają metody opisane w rozdziale 1, żeby wiedzieć którą metodę wybrać do naszych symulacji i prognoz.

| Metoda | Rząd błędu lokalnego |
|---|----------------------|
| Eulera | $O(h^2)$ |
| Rungego-Kutty 4.rzędu | $O(h^5)$ |
| Predyktor-korektor (dwukrokowa metoda Adamsa-Bashfortha, jednokrokowa metoda Adamsa-Moultona) | $O(h^3)$ |

Tabela 3.1: Porównanie rzędów błędów lokalnych dla różnych metod numerycznych stosowanych w rozwiązywaniu równań różniczkowych, gdzie $h \in \mathbb{R}_+$ oznacza długość kroku całkowania. Źródło: opracowanie własne.

Implementacja metod jest widoczna w poniższych fragmentach kodów źródłowych, gdzie za f przyjmujemy model do którego stosujemy metodę, y jest wartością w danym kroku t , natomiast h oznacza długość kroku całkowania, y_0 są wartościami początkowymi w naszym modelu, $params$ zawiera wartości współczynników w modelu, t_{max} oznacza krok na którym chcemy skończyć obliczanie przybliżeń w odniesieniu do naszych modeli oznacza to koniec symulacji. Na początek implementacja metody Rungego-Kutty 4 rzędu.

```
def rk4_krok(f, y, t, h):
    k1 = f(t, y)
    k2 = f(t + h / 2, y + h / 2 * k1)
    k3 = f(t + h / 2, y + h / 2 * k2)
    k4 = f(t + h, y + h * k3)

    return np.ceil(y + (h / 6) * (k1 + 2 * k2 + 2 * k3 + k4)).astype(int)

def metoda_rk4(model_func, y_0, params, t_max, h):
    t_wartosci = np.arange(0, t_max + h, h)
    y_wartosci = []

    y = np.array(y_0)

    for t in t_wartosci:
        y_wartosci.append(y)
        y = rk4_krok(lambda t, y: model_func(t, y, *params), y, t, h)
        y = np.maximum(y, 1)
    return t_wartosci, np.array(y_wartosci)
```

Fragment kodu źródłowego 3.1: Implementacja metody Rungego-Kutty 4.rzędu w postaci funkcji w języku Python. Źródło: opracowanie własne.

Kolejny fragment kodu źródłowego przedstawia implementację metody Eulera.

```
def euler_krok(f, y, t, h):
    return np.ceil(y + h * f(t, y)).astype(int)
def metoda_eulera(model_func, y_0, params, t_max, h):
    t_wartosci = np.arange(0, t_max + h, h)
    y_wartosci = []

    y = np.array(y_0)
    for t in t_wartosci:
        y_wartosci.append(y)
        y = euler_krok(lambda t, y: model_func(t, y, *params), y, t, h)
        y = np.maximum(y, 1)
    return t_wartosci, np.array(y_wartosci)
```

Fragment kodu źródłowego 3.2: Implementacja Eulera w postaci funkcji w języku Python. Źródło: opracowanie własne.

Ostatni fragment kodu źródłowego zawiera implementację metody predyktor-korektor, gdzie jako predyktor stosujemy dwukrokową metodę Adamsa-Bashfortha natomiast jako korektor jednokrokową metodę Adamsa-Moultona.

```
def predyktor_korektor(f, y_prev, y_curr, t_prev, t_curr, h):
    # Predyktor: metoda Adamsa-Bashfortha (dwukrokowa)
    t_next = t_curr + h
    y_pred = y_curr + h * (1.5 * f(t_curr, y_curr) - 0.5 * f(t_prev, y_prev))

    # Korektor: metoda Adamsa-Moultona (jednokrokowa)
    y_corr = y_curr + h * (0.5 * f(t_next, y_pred) + 0.5 * f(t_curr, y_curr))

    return y_corr
def metoda_predyktor_korektor(model_func, y_0, params, t_max, h, y_start):
    t_wartosci = np.arange(0, t_max + h, h)
    y_wartosci = [y_start[0], y_start[1]]
    y_prev = y_start[0]
    y_curr = y_start[1]

    for t in t_wartosci[2:]:
        y_next = predyktor_korektor(
            lambda t, y: model_func(t, y, *params),
            y_prev, y_curr,
            t - 2 * h, t - h, h)
        y_prev = y_curr
        y_curr = y_next
        y_wartosci.append(y_next)

    return t_wartosci, np.array(y_wartosci)
```

Fragment kodu źródłowego 3.3: Implementacja metody predyktor-korektor, gdzie jako predyktor stosujemy dwukrokową metodę Adamsa-Bashfortha natomiast jako korektor jednokrokowej metody Adamsa-Moultona, w postaci funkcji w języku Python. Źródło: opracowanie własne.

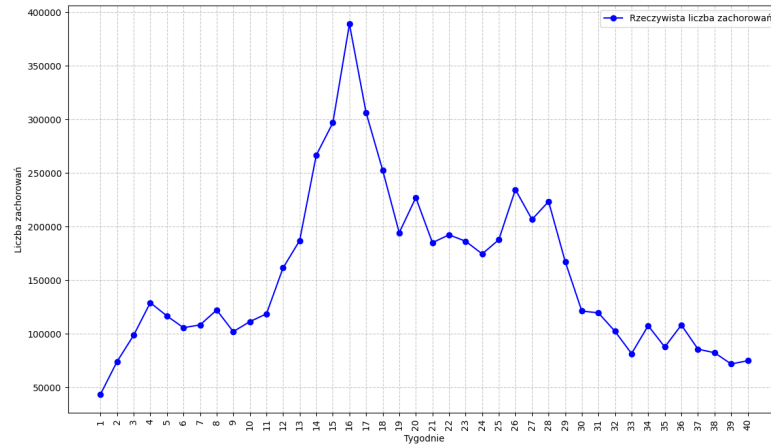
W każdym z powyższych kodów źródłowych wykorzystujemy bibliotekę *numpy*. Modele opisane w rozdziale 2 także możemy zaimplementować jako funkcje zależne od parametrów, czyli współczynników modelu, jako wynik takich funkcji dostajemy tablicę zawierającą liczbę osób w poszczególnych przedziałach osób, które występują w modelu. W naszej prognozie wykorzystamy metodę Rungego-Kutty 4.rzędu ze względu na rząd błędu lokalnego metody, który jak możemy

zobaczyć w tabeli 3.1 wynosi $O(h^5)$, czyli ze wraz ze zmniejszaniem długości kroku całkowania h błąd lokalny będzie malał w największym stopniu w porównaniu z pozostałymi metodami. Kolejną rzeczą której potrzebujemy są zachorowania na gripę z okresu wymienionego powyżej, które są przedstawione w tabeli 3.2.

| n | Zakres dat | Liczba zachorowań | n | Zakres dat | Liczba zachorowań |
|-----|-------------------------|-------------------|-----|-------------------------|-------------------|
| 1 | 01.09.2022 – 07.09.2022 | 43681 | 21 | 01.02.2023 – 07.02.2023 | 185089 |
| 2 | 08.09.2022 – 15.09.2022 | 74206 | 22 | 08.02.2023 – 15.02.2023 | 192396 |
| 3 | 16.09.2022 – 22.09.2022 | 98746 | 23 | 16.02.2023 – 22.02.2023 | 186436 |
| 4 | 23.09.2022 – 30.09.2022 | 129099 | 24 | 23.02.2023 – 28.02.2023 | 174583 |
| 5 | 01.10.2022 – 07.10.2022 | 116739 | 25 | 01.03.2023 – 07.03.2023 | 187835 |
| 6 | 08.10.2022 – 15.10.2022 | 105748 | 26 | 08.03.2023 – 15.03.2023 | 234596 |
| 7 | 16.10.2022 – 22.10.2022 | 108367 | 27 | 16.03.2023 – 22.03.2023 | 206754 |
| 8 | 23.10.2022 – 31.10.2022 | 122252 | 28 | 23.03.2023 – 31.03.2023 | 223486 |
| 9 | 01.11.2022 – 07.11.2022 | 102085 | 29 | 01.04.2023 – 07.04.2023 | 167543 |
| 10 | 08.11.2022 – 15.11.2022 | 111428 | 30 | 08.04.2023 – 15.04.2023 | 121274 |
| 11 | 16.11.2022 – 22.11.2022 | 118683 | 31 | 16.04.2023 – 22.04.2023 | 119617 |
| 12 | 23.11.2022 – 30.11.2022 | 161517 | 32 | 23.04.2023 – 30.04.2023 | 102379 |
| 13 | 01.12.2022 – 07.12.2022 | 187067 | 33 | 01.05.2023 – 07.05.2023 | 81573 |
| 14 | 08.12.2022 – 15.12.2022 | 266620 | 34 | 08.05.2023 – 15.05.2023 | 107637 |
| 15 | 16.12.2022 – 22.12.2022 | 296964 | 35 | 16.05.2023 – 22.05.2023 | 87730 |
| 16 | 23.12.2022 – 31.12.2022 | 389088 | 36 | 23.05.2023 – 31.05.2023 | 108279 |
| 17 | 01.01.2023 – 07.01.2023 | 306637 | 37 | 01.06.2023 – 07.06.2023 | 85773 |
| 18 | 08.01.2023 – 15.01.2023 | 252837 | 38 | 08.06.2023 – 15.06.2023 | 82366 |
| 19 | 16.01.2023 – 22.01.2023 | 194336 | 39 | 16.06.2023 – 22.06.2023 | 71908 |
| 20 | 23.01.2023 – 31.01.2023 | 227149 | 40 | 23.06.2023 – 30.06.2023 | 74915 |

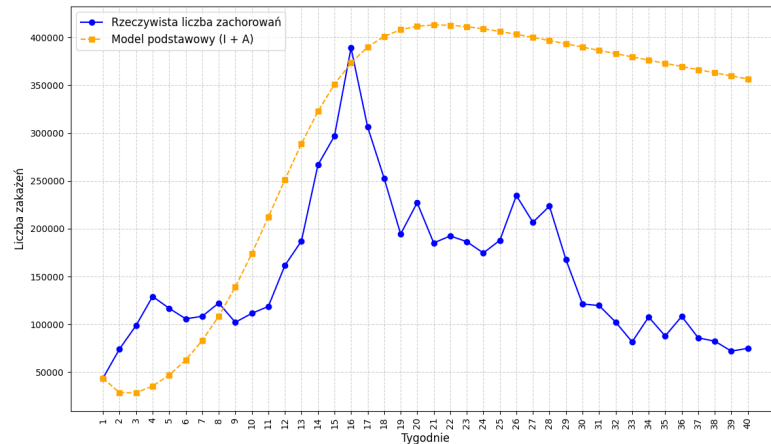
Tabela 3.2: Liczba zachorowań na gripę w sezonie od 1 września 2022 do 30 czerwca 2023, z podziałem na okresy, gdzie n oznacza numer tygodnia. Źródło: opracowanie własne na podstawie [21].

Dane z tabeli ukazują nam, że liczba zachorowań na gripę wykazywała się zmiennością po wzroście liczby osób chorych na początku mamy delikatny spadek po czy ta wartość zaczyna dość szybko wzrastać a po osiągnięciu maksymalnej zaczyna spadać mając jednocześnie pojedyncze wachania, czyli zaraz trochę rośnie i zaraz trochę maleje liczba zachorowań co będzie utrudniało dopasowanie modelu do danych. W łatwiejszym zrozumieniu jak zmieniała się liczba zachorowań w tym okresie pomoże nam pokazanie danych na wykresie liniowym.



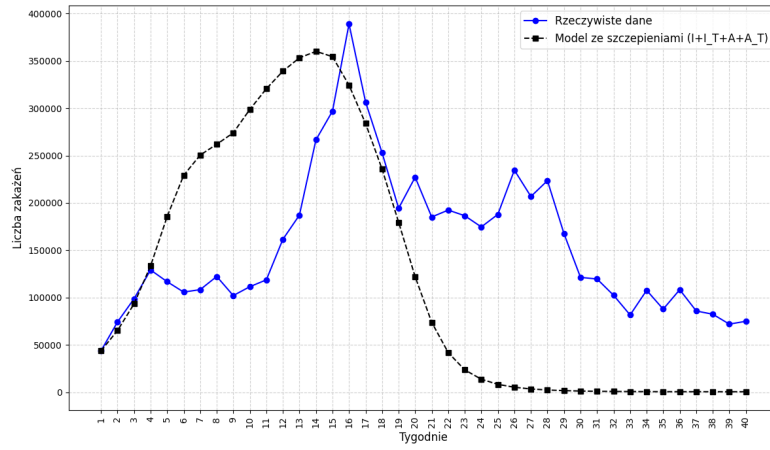
Rysunek 3.1: Przebieg liczby zachorowań na grype w Polsce od 1 września 2022 roku do 30 czerwca 2023 roku. Źródło: opracowanie własne.

Z [22] wiemy, że w stan ludności w Polsce w pierwszym półroczu 2022 roku wynosił 37827355 co przyjmujemy jako całkowitą liczbę populacji w naszych modelach. Pierwsze porównanie będzie dotyczyło podstawowego modelu grypy ze współczynnikami, które dobraliśmy tak aby nasz model w jak najlepszym stopniu odzwierciedlał rzeczywistą liczbę zachorowań.



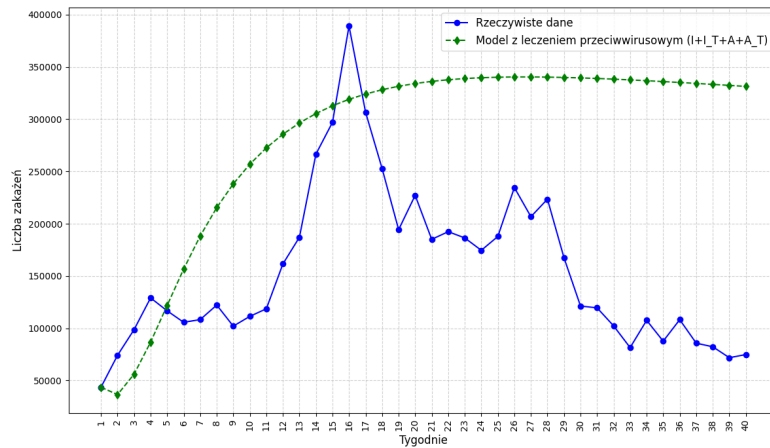
Rysunek 3.2: Porównanie liczby osób zakażonych oraz zakażonych bezobjawowych w podstawowym modelu grypy (kolor żółty) przy współczynnikach $\beta = 0.0000013$, $\delta = 0.0001$, $\kappa = 0.009$, $\alpha = 0.689$, $\eta = 1$, $p = 0.79$, przy $S_0 = 37783674$, $I_0 = 43681$, $L_0 = 0$, $A_0 = 0$, $R_0 = 0$, gdzie jako jeden krok przyjmujemy jeden tydzień, a długość kroku całkowania wynosi 1, z rzeczywistą liczbą zachorowań w okresie od 1 września 2022r. do 30 czerwca 2023r. (kolor niebieski). Źródło: opracowanie własne.

Na rysunku 3.2 obserwujemy że w podstawowym modelu grypy liczba osób zakażonych I oraz liczba osób zakażonych bezobjawowych A na samym początku trochę maleje po czym zaczyna wzrastać do stanu w którym przekracza rzeczywistą liczbę zachorowań jednak potem zmniejszanie się wartości symulowanej jest znacznie wolniejsze niż wartości danych rzeczywistych. Przejdźmy do następnego modelu w którym uwzględnimy szczepienia i zobaczymy jak w takim przypadku będzie wyglądał rozwój epidemii.



Rysunek 3.3: Porównanie liczby osób zakażonych oraz zakażonych bezobjawowych w modelu grypy ze szczepieniami (kolor czarny) przy współczynnikach $\beta = 0.0000695$, $\delta = 0.00999$, $\sigma_S = 0.002$, $\sigma_I = 0.005$, $\sigma_A = 0.06$, $\kappa = 0.00052$, $\alpha = 0.08$, $\eta = 0.075$, $\kappa_T = 0.00006$, $\alpha_T = 0.89$, $\eta_T = 0.89$, $\tau = 0.06$, $p = 0.087$, $\gamma = 0.057$, przy $S_0 = 37783674$, $I_0 = 43681$, gdzie jako jeden krok przyjmujemy jeden tydzień, a długość kroku całkowania wynosi 1, z rzeczywistą liczbą zachorowań w okresie od 1 września 2022r. do 30 czerwca 2023r.(kolor niebieski). Źródło: opracowanie własne.

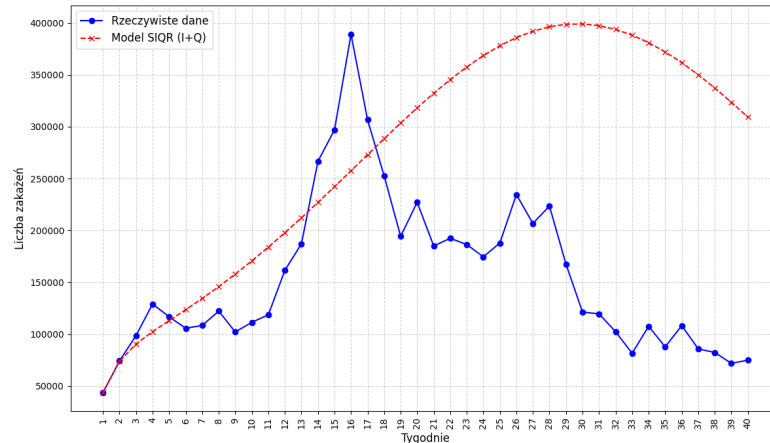
Rysunek 3.3 ukazuje nam inny przebieg epidemii niż w przypadku podstawowego modelu grypy widocznego na rysunku 3.2, pierwszą rzeczą która może rzuca się w oczy jest szybszy wzrost początkowy zakażeń oraz znacznie szybszy spadek osób, które zachorowały po osiągnięciu maksymalnej liczby zachorowań, która jest niższa niż w podstawowym modelu oraz niższa od najwyższej wartości z danych rzeczywistych. Kolejną symulację wykonamy dla modelu z leczeniem przeciwwirusowym, chcąc zobaczyć jak na przebieg zakażeń wpłynie leczenie przeciwwirusowe.



Rysunek 3.4: Porównanie liczby osób zakażonych oraz zakażonych bezobjawowych w modelu grypy z leczeniem przeciwwirusowym (kolor zielony) przy współczynnikach $\beta = 0.000012$, $\delta = 0.00999$, $\sigma_I = 0.07$, $\sigma_A = 0.01$, $\kappa = 0.00314$, $\kappa_T = 0.00092$, $\varphi_L = 0.005$, $\varphi_I = 0.002$, $\varphi_A = 0.004$, $\theta_L = 0.07$, $\theta_I = 0.8$, $\theta_A = 0.77$, $p = 0.6$, $\tau = 0.9$, $\alpha = 0.99$, $\alpha_T = 1$, $\eta = 0.15$, $\eta_T = 1$, $f = 0.1$, $f_T = 0.5$, przy $S_0 = 37783674$, $I_0 = 43681$, gdzie jako jeden krok przyjmujemy jeden tydzień, a długość kroku całkowania wynosi 1, z rzeczywistą liczbą zachorowań w okresie od 1 września 2022r. do 30 czerwca 2023r.(kolor niebieski). Źródło: opracowanie własne.

Na rysunku 3.4 obserwujemy wolniejszy wzrost liczby zakażeń niż w przypadku modelu ze szczepieniem, bardziej przypominający podstawowy model, ale maksymalna liczba zachorowań jest niższa niż w przypadku dwóch pozostałych modeli widocznych na rysunkach 3.2 i 3.3. W mo-

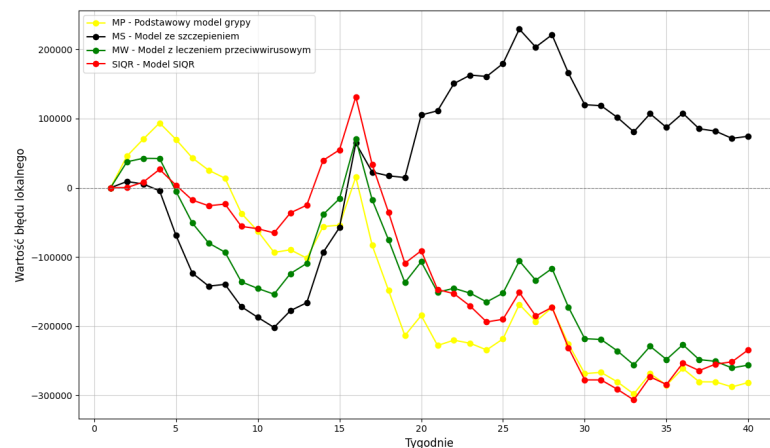
delu z leczeniem przeciwwirusowym widzimy, że po osiągnięciu maksymalnej liczby zachorowań spadek jest znacznie wolniejszy niż przypadku modelu ze szczepieniem, ale również wolniejszy niż w podstawowym modelu. Ostatnią symulację wykonamy dla modelu SIQR.



Rysunek 3.5: Porównanie liczby osób zakażonych oraz zakażonych na kwarantannie w modelu SIQR (kolor czerwony) przy współczynnikach $\beta = 1$, $\gamma = 0.91$, $\delta = 1$, $\mu = 0.00001$, przy $S_0 = 37783674$, $I_0 = 43681$, gdzie jako jeden krok przyjmujemy jeden tydzień, a długość kroku całkowania wynosi 1, z rzeczywistą liczbą zachorowań w okresie od 1 września 2022r. do 30 czerwca 2023r. (kolor niebieski). Źródło: opracowanie własne.

Przyglądając się rysunkowi 3.5 możemy zobaczyć, że model przebieg zachorowań w modelu SIQR znacznie różni się od pozostałych modeli, pierwszą rzeczą która na to wpływa jest znacznie powolniejszy wzrost zakażeń oraz osiągnięcie maksymalnej liczby zachorowań w późniejszym czasie niż we wcześniejszych symulacjach.

W celu porównania modeli spójrzmy na dwie rzeczy: wartość współczynnika \mathcal{R}_0 naszych modeli oraz różnice liczby zakażeń w naszych modelach i rzeczywistej liczby zachorowań od 1 września 2022 roku do 30 czerwca 2023 roku, które jak wiemy z definicji 1.13 są wartościami błędów lokalnych w danym kroku. Na początek wykres błędów lokalnych dla modeli.



Rysunek 3.6: Porównanie wartości błędów lokalnych metody dla symulacji poszczególnych modeli: model podstawowy (kolor żółty), model ze szczepieniami (kolor czarny), model z leczeniem przeciwwirusowym (kolor zielony), model SIQR (kolor czerwony). Źródło: opracowanie własne.

Następnie spójrzmy na tabelę z różnicami między rzeczywistą liczbą zachorowań a liczbą zakażeń z symulacji dla poszczególnych modeli.

| Tygodnie 0-19 | | | | | Tygodnie 20-39 | | | | |
|---------------|---------|---------|---------|---------|----------------|---------|--------|---------|---------|
| n | MP | MS | MW | SIQR | n | MP | MS | MW | SIQR |
| 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 21 | -227995 | 111253 | -151047 | -147132 |
| 2 | 45768 | 9037 | 37571 | 270 | 22 | -220346 | 150599 | -145301 | -153035 |
| 3 | 70300 | 5429 | 42588 | 8183 | 23 | -224828 | 162888 | -152404 | -171162 |
| 4 | 93743 | -4430 | 42313 | 26616 | 24 | -234448 | 160893 | -165046 | -193939 |
| 5 | 69905 | -68783 | -5107 | 3687 | 25 | -218475 | 179549 | -152282 | -190180 |
| 6 | 43150 | -123363 | -50946 | -17785 | 26 | -168683 | 229382 | -105755 | -151313 |
| 7 | 25355 | -142172 | -79923 | -26038 | 27 | -193304 | 203350 | -133616 | -185301 |
| 8 | 13788 | -139654 | -93155 | -23593 | 28 | -173240 | 221178 | -116721 | -172852 |
| 9 | -36911 | -171941 | -136006 | -55828 | 29 | -225790 | 165913 | -172349 | -231133 |
| 10 | -62582 | -187270 | -145491 | -59187 | 30 | -268638 | 120069 | -218176 | -277751 |
| 11 | -93430 | -201921 | -153867 | -65246 | 31 | -266868 | 118681 | -219283 | -277763 |
| 12 | -89678 | -177668 | -124030 | -36296 | 32 | -280687 | 101614 | -235882 | -291397 |
| 13 | -101724 | -166153 | -109296 | -25139 | 33 | -298088 | 80917 | -255974 | -306712 |
| 14 | -56001 | -93520 | -38736 | 39591 | 34 | -268641 | 107050 | -229133 | -273379 |
| 15 | -54113 | -57534 | -15850 | 54779 | 35 | -285189 | 87187 | -248214 | -284378 |
| 16 | 15632 | 64720 | 70117 | 131533 | 36 | -261306 | 107764 | -226796 | -253444 |
| 17 | -83258 | 22722 | -17387 | 33635 | 37 | -280506 | 85275 | -248400 | -264271 |
| 18 | -148267 | 17220 | -75300 | -35534 | 38 | -280634 | 81878 | -250876 | -254902 |
| 19 | -213723 | 14806 | -137114 | -109154 | 39 | -287841 | 71426 | -260382 | -251686 |
| 20 | -184610 | 105213 | -106934 | -91024 | 40 | -281613 | 74436 | -256406 | -234311 |

Tabela 3.3: Tabela z różnicami pomiędzy rzeczywistą liczbą zachorowań a liczbą zakażeń z symulacji modeli w danym tygodniu, które są wartościami błędów lokalnych metody w danym kroku, n - tydzień, MP - podstawowy model grypy, MS - model ze szczepnieniem, MW - model z leczeniem przeciwwirusowym, SIQR - model SIQR (opracowanie własne).

Patrząc na tabelę 3.3 widzimy, że różnice występujące między danymi otrzymanymi w symulacjach poszczególnych modeli a danymi o rzeczywistej liczbie zachorowań są dosyć znaczące, co pokazuje, że nie łatwo jest dopasować model do tych danych. Wartości tego współczynnika sugerują nam jak szybkie będzie tempo wzrostu na początku w naszych symulacjach.

| | MP | MS | MW | SIQR |
|-----------------|------|-------|-------|------|
| \mathcal{R}_0 | 1.49 | 71.96 | 17.06 | 0.52 |

Tabela 3.4: Współczynnik \mathcal{R}_0 dla poszczególnych modeli: MP - model podstawowy, MS - model ze szczepnieniami, MW - model z leczeniem przeciwwirusowym, SIQR - model SIQR. Źródło: opracowanie własne.

Współczynnik \mathcal{R}_0 ma największą wartość dla modelu ze szczepieniem, zatem w tym przypadku liczba zakażeń będzie rosła najszybciej, ale jak widzieliśmy na rysunku 3.3 po osiągnięciu maksymalnej wartości będzie również najszybciej spadać.

W wyborze modelu, którym będziemy chcieli przewidzieć przebieg liczby zachorowań na grypę w Polsce od 1 grudnia 2024 roku pomoże nam obliczenie $RMSE$, czyli pierwiasta błędu średniokwadratowego, którego wzór dla naszych modeli wygląda następująco

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y(x_i) - y_i)^2}.$$

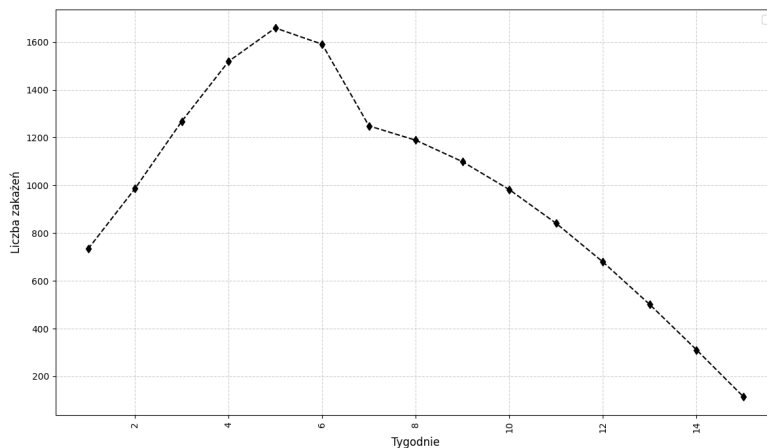
gdzie n oznacza liczbę kroków w naszych symulacjach, $y(x_i)$ jest dokładną wartością w i -tym kroku, a y_i symulowana wartością w tym kroku. Spójrzmy więc na zestawienie jak wyglądają wartości $RMSE$ dla modeli.

| | MP | MS | MW | SIQR |
|--------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| $RMSE$ | 188665,33 | 126838,21 | 157065,21 | 169889,02 |

Tabela 3.5: Współczynnik $RMSE$ z zaokrągleniem do dwóch miejsc po przecinku dla poszczególnych modeli: MP - model podstawowy, MS - model ze szczepieniami, MW - model z leczeniem przeciwwirusowym, SIQR - model SIQR. Źródło: opracowanie własne.

W tabeli 3.5 możemy zobaczyć, że najmniejszą wartość $RMSE$ dla modelu grypy ze szczepieniami i tego modelu użyjemy do naszych prognoz. Wybrawszy już model możemy spróbować przewidzieć jak będzie wyglądała liczba zachorowań na grypę w Polsce w na przełomie 2024 i 2025 roku, czyli od 1 grudnia 2024 roku.

Z [22] mamy informację, że w Polsce w czerwcu żyło 37 563 071 co przyjmujemy jako S_0 , natomiast z [23] mamy informację, że w pierwszej połowie grudnia zanotowano 734 przypadków zachorowań na grypę i tą wartość przyjmujemy jako I_0 , współczynniki w modelu użyjemy takie same jak w symulacji.



Rysunek 3.7: Prognozowana przez model ze szczepieniem liczba zachorowań na grypę w Polsce od 1 grudnia 2024 na okres 15 tygodni z współczynnikami $\beta = 0.0000695$, $\delta = 0.00999$, $\sigma_S = 0.002$, $\sigma_I = 0.005$, $\sigma_A = 0.06$, $\kappa = 0.00052$, $\alpha = 0.08$, $\eta = 0.075$, $\kappa_T = 0.00006$, $\alpha_T = 0.89$, $\eta_T = 0.89$, $\tau = 0.06$, $p = 0.087$, $\gamma = 0.057$, przy $S_0 = 37563071$, $I_0 = 734$, gdzie jako jeden krok przyjmujemy jeden tydzień. Źródło: opracowanie własne.

Prognoza przebiegu epidemii widoczna na rysunku 3.6 sugeruje nam, że największej liczby zachorowań można spodziewać się w 5 tygodniu, gdzie chorych powinni być lekko ponad 1600, czyli na początku stycznia 2025 roku później ich liczba będzie już tylko spadać.

Podsumowanie

Tematem i celem pracy inżynierskiej było matematyczne modelowanie epidemii grypy. Przeprowadzona analiza miała na celu zarówno wybór odpowiedniego modelu matematycznego, jak i metody numerycznej, które pozwoliłyby możliwie najlepiej odwzorować rzeczywisty przebieg epidemii oraz prognozować jej rozwój w kolejnych latach.

W pierwszym rozdziale przedstawiono teoretyczne podstawy matematycznego modelowania, ze szczególnym uwzględnieniem równań różniczkowych oraz metod ich numerycznego rozwiązywania. Omówiono kluczowe metody, takie jak metoda Eulera, Rungego-Kutty, metody Adamsa oraz metoda predyktor-korektor, w tym ich podstawowe wzory oraz wymieniono ich rzędy błędów lokalnych.

Drugi rozdział pracy skupiał się na opisanu matematycznych modeli epidemii grypy, takich jak model podstawowy, model uwzględniający szczepienia, model z leczeniem przeciwwirusowym oraz model SIQR. Dla każdego z tych modeli zostały przedstawione współczynniki oraz równania, które, wchodzą w skład wynikowy modelu oraz ich schematy.

W trzecim rozdziale dokonano symulacji i prognozowania epidemii. Na podstawie rzędu błędu lokalnego wybrano najodpowiedniejszą metodę numeryczną do przeprowadzenia symulacji – metodę Rungego-Kutty 4.rzędu. Następnie wybrano parametry modeli do rzeczywistych danych dotyczących zachorowań na gripę w Polsce w okresie od września 2022 roku do końca czerwca 2023 roku. Pomimo starannego doboru współczynników, żaden z rozważanych modeli nie odwzorował dokładnie rzeczywistych danych, co może wynikać z ograniczeń modeli matematycznych w odzwierciedlaniu złożonych procesów epidemiologicznych, takich jak zmienność wirusa czy zachowania społeczne. Niemniej jednak na podstawie najlepiej dopasowanego modelu przeprowadzono prognozę liczby zachorowań w okresie od 1 grudnia 2024 na okres 15 tygodni.

Wyniki pracy wskazują na konieczność dalszego rozwijania modeli matematycznych, szczególnie w kontekście uwzględniania dodatkowych czynników, takich jak zmienność szczepów wirusa, sezonowość czy wpływ interwencji zdrowotnych. Pomimo ograniczeń, przedstawione modele i metody numeryczne mogą stanowić cenny punkt wyjścia do bardziej zaawansowanych modeli i analiz epidemiologicznych dotyczących wirusa grypy, które mogą wspierać planowanie działań w ochronie zdrowia publicznego.

Spis kodów źródłowych

| | | |
|-----|--|----|
| 3.1 | Implementacja metody Rungego-Kutty 4.rzędu w postaci funkcji w języku Python. Źródło: opracowanie własne. | 24 |
| 3.2 | Implementacja Eulera w postaci funkcji w języku Python. Źródło: opracowanie własne. | 25 |
| 3.3 | Implementacja metody predyktor-korektor, gdzie jako predyktor stosujemy dwukrokową metodę Adamsa-Bashfortha natomiast jako korektor jednokrokowej metody Adamsa-Moultona, w postaci funkcji w języku Python. Źródło: opracowanie własne. | 25 |

Spis rysunków

| | | |
|-----|--|----|
| 2.1 | Podstawowy model grypy. Źródło: opracowanie własne. | 19 |
| 2.2 | Model grypy ze szczepieniami. Źródło: opracowanie własne. | 20 |
| 2.3 | Model grypy z leczeniem przeciwwirusowym. Źródło: opracowanie własne. | 22 |
| 2.4 | Model SIQR. Źródło: opracowanie własne. | 23 |
| 3.1 | Przebieg liczby zachorowań na gripę w Polsce od 1 września 2022 roku do 30 czerwca 2023 roku. Źródło: opracowanie własne. | 27 |
| 3.2 | Porównanie liczby osób zakażonych oraz zakażonych bezobjawowych w podstawowym modelu grypy (kolor żółty) przy współczynnikach $\beta = 0.0000013$, $\delta = 0.0001$, $\kappa = 0.009$, $\alpha = 0.689$, $\eta = 1$, $p = 0.79$, przy $S_0 = 37783674$, $I_0 = 43681$, $L_0 = 0$, $A_0 = 0$, $R_0 = 0$, gdzie jako jeden krok przyjmujemy jeden tydzień, a długość kroku całkowania wynosi 1, z rzeczywistą liczbą zachorowań w okresie od 1 września 2022r. do 30 czerwca 2023r.(kolor niebieski). Źródło: opracowanie własne. | 27 |
| 3.3 | Porównanie liczby osób zakażonych oraz zakażonych bezobjawowych w modelu grypy ze szczepieniami (kolor czarny) przy współczynnikach $\beta = 0.0000695$, $\delta = 0.00999$, $\sigma_S = 0.002$, $\sigma_I = 0.005$, $\sigma_A = 0.06$, $\kappa = 0.00052$, $\alpha = 0.08$, $\eta = 0.075$, $\kappa_T = 0.00006$, $\alpha_T = 0.89$, $\eta_T = 0.89$, $\tau = 0.06$, $p = 0.087$, $\gamma = 0.057$, przy $S_0 = 37783674$, $I_0 = 43681$, gdzie jako jeden krok przyjmujemy jeden tydzień, a długość kroku całkowania wynosi 1, z rzeczywistą liczbą zachorowań w okresie od 1 września 2022r. do 30 czerwca 2023r.(kolor niebieski). Źródło: opracowanie własne. | 28 |
| 3.4 | Porównanie liczby osób zakażonych oraz zakażonych bezobjawowych w modelu grypy z leczeniem przeciwwirusowym (kolor zielony) przy współczynnikach $\beta = 0.000012$, $\delta = 0.00999$, $\sigma_I = 0.07$, $\sigma_A = 0.01$, $\kappa = 0.00314$, $\kappa_T = 0.00092$, $\varphi_L = 0.005$, $\varphi_I = 0.002$, $\varphi_A = 0.004$, $\theta_L = 0.07$, $\theta_I = 0.8$, $\theta_A = 0.77$, $p = 0.6$, $\tau = 0.9$, $\alpha = 0.99$, $\alpha_T = 1$, $\eta = 0.15$, $\eta_T = 1$, $f = 0.1$, $f_T = 0.5$, przy $S_0 = 37783674$, $I_0 = 43681$, gdzie jako jeden krok przyjmujemy jeden tydzień, a długość kroku całkowania wynosi 1, z rzeczywistą liczbą zachorowań w okresie od 1 września 2022r. do 30 czerwca 2023r.(kolor niebieski). Źródło: opracowanie własne. | 28 |
| 3.5 | Porównanie liczby osób zakażonych oraz zakażonych na kwarantannie w modelu SIQR (kolor czerwony) przy współczynnikach $\beta = 1$, $\gamma = 0.91$, $\delta = 1$, $\mu = 0.00001$, przy $S_0 = 37783674$, $I_0 = 43681$, gdzie jako jeden krok przyjmujemy jeden tydzień, a długość kroku całkowania wynosi 1, z rzeczywistą liczbą zachorowań w okresie od 1 września 2022r. do 30 czerwca 2023r.(kolor niebieski). Źródło: opracowanie własne. | 29 |
| 3.6 | Porównanie wartości błędów lokalnych metody dla symulacji poszczególnych modeli: model podstawowy (kolor żółty), model ze szczepieniami (kolor czarny), model z leczeniem przeciwwirusowym (kolor zielony), model SIQR (kolor czerwony). Źródło: opracowanie własne. | 29 |
| 3.7 | Prognozowana przez model ze szczepieniem liczba zachorowań na gripę w Polsce od 1 grudnia 2024 na okres 15 tygodni z współczynnikami $\beta = 0.0000695$, $\delta = 0.00999$, $\sigma_S = 0.002$, $\sigma_I = 0.005$, $\sigma_A = 0.06$, $\kappa = 0.00052$, $\alpha = 0.08$, $\eta = 0.075$, $\kappa_T = 0.00006$, $\alpha_T = 0.89$, $\eta_T = 0.89$, $\tau = 0.06$, $p = 0.087$, $\gamma = 0.057$, przy $S_0 = 37563071$, $I_0 = 734$, gdzie jako jeden krok przyjmujemy jeden tydzień. Źródło: opracowanie własne. | 31 |

Spis tabel

| | | |
|-----|--|----|
| 3.1 | Porównanie rzędów błędów lokalnych dla różnych metod numerycznych stosowanych w rozwiązywaniu równań różniczkowych, gdzie $h \in \mathbb{R}_+$ oznacza długość kroku całkowania. Źródło: opracowanie własne. | 24 |
| 3.2 | Liczba zachorowań na gripę w sezonie od 1 września 2022 do 30 czerwca 2023, z podziałem na okresy, gdzie n oznacza numer tygodnia. Źródło: opracowanie własne na podstawie [21]. . | 26 |
| 3.3 | Tabela z różnicami pomiędzy rzeczywistą liczbą zachorowań a liczbą zakażeń z symulacji modeli w danym tygodniu, które są wartościami błędów lokalnych metody w danym kroku, n - tydzień, MP - podstawowy model grypy, MS - model ze szczepieniem, MW - model z leczeniem przeciwwirusowym, SIQR - model SIQR (opracowanie własne). | 30 |
| 3.4 | Współczynnik \mathcal{R}_0 dla poszczególnych modeli: MP - model podstawowy, MS - model ze szczepieniami, MW - model z leczeniem przeciwwirusowym, SIQR - model SIQR. Źródło: opracowanie własne. | 30 |
| 3.5 | Współczynnik $RMSE$ z zaokrągleniem do dwóch miejsc po przecinku dla poszczególnych modeli: MP - model podstawowy, MS - model ze szczepieniami, MW - model z leczeniem przeciwwirusowym, SIQR - model SIQR. Źródło: opracowanie własne. | 31 |

Bibliografia

- [1] Góra M., *Równania różniczkowe zwyczajne Wykład dla studentów kierunku Automatyka i robotyka WEAiIB*, 2023, <https://home.agh.edu.pl/~gora/rownania/RRZ.pdf> (ostatni dostęp 05.10.2024)
- [2] Grażewicz W., *Równania różniczkowe, Materiały pomocnicze do wykładu z równań różniczkowych dla studentów Automatyki i Robotyki*, Centrum Nauczania Matematyki i Kształcenia na Odległość, Politechnika Gdańska, 2015, pg.edu.pl/files/cnm/2021-03/R%C3%B3wnania%20r%C3%B3zniczkowe%20-%20skrypt.pdf (ostatni dostęp 05.10.2024)
- [3] Morchadło J., Ratajczak Z., Werbowski J., *Matematyka Równania różniczkowe zwyczajne w zastosowaniach*, Wydawnictwo Politechniki Poznańskiej, 1987
- [4] Równania różniczkowe zwyczajne i cząstkowe, <https://winntbg.bg.agh.edu.pl/skrypty2/0065/niedoba.pdf> (dostęp 08.10.2024)
- [5] Metody numeryczne, https://home.agh.edu.pl/~kszopa/wp-content/uploads/2021/12/MN_lab5.pdf (ostatni dostęp 09.09.2024)
- [6] Krupowicz A., *Metody numeryczne zagadnień początkowych równań różniczkowych zwyczajnych*, Polskie Wydawnictwo Naukowe, 1986
- [7] Kincaid D., Cheney W., *Analiza numeryczna*, Wydawnictwo Naukowo-Techniczne, 2006
- [8] Tatjewski P., *Metody numeryczne*, Oficyna Wydawnicza Politechniki Warszawskiej, 2013
- [9] Lindfield G., Penny J., *Numerical methods using matlab fourth edition*, Academic Press is an imprint of Elsevier, 2019
- [10] Brauer F., van den Driessche, Pauline, Wu, J. (Eds.), *Mathematical Epidemiology*, New York: Springer, 2008
- [11] Brauer F., Castillo-Chavez C., Feng, Zhilan, *Mathematical Models in Epidemiology*, New York: Springer, 2018
- [12] Pochodna funkcji, https://pl.wikipedia.org/wiki/Pochodna_funkcji (dostęp 22.10.2024)
- [13] Funkcja różniczkowalna, https://pl.wikipedia.org/wiki/Funkcja_r%C3%B3zniczkowalna (dostęp 22.10.2024)
- [14] Metody Adamsa, <https://kft.umcs.lublin.pl/baran/epk/comp/multistep.pdf> (dostęp 09.10.2024)
- [15] Metody numeryczne, <https://www.cce.pk.edu.pl/~pplucin/ms/lib/exe/fetch.php?media=pl:wyciag1213.pdf> (dostęp 08.10.2024)
- [16] Układy równań różniczkowych, https://pages.mini.pw.edu.pl/~figurnyp/www/?download=SIMR_WRR_07.2013.pdf (dostęp 10.10.2024)
- [17] Twierdzenie o wartości średniej dla całek, [https://pl.wikipedia.org/wiki/Twierdzenie_o_wartości_średniej_\(rachunek_całkowy\)](https://pl.wikipedia.org/wiki/Twierdzenie_o_wartości_średniej_(rachunek_całkowy)) (dostęp 28.10.2024)
- [18] Całki, <https://pl.wikipedia.org/wiki/Ca%C5%82ka> (dostęp 29.10.2024)
- [19] Interpolacja wielomianowa, https://pl.wikipedia.org/wiki/Interpolacja_wielomianowa (dostęp 29.10.2024)
- [20] Kabziński J., Kacerka J., Krawiecki M., Marzjan K., Mosiołek P., Zawislak R., *Zwięzły kurs analizy numerycznej*, Wydawnictwo Politechniki Łódzkiej, 2018
- [21] Dane o zachorowaniach na grypę w Polsce, <https://wwwold.pzh.gov.pl/oldpage/epimeld/grypa/index.htm> (dostęp 08.12.2024)
- [22] Główny Urząd Statystyczny, <https://bdl.stat.gov.pl/bdl/dane/podgrup/temat> (dostęp 18.12.2024)
- [23] Informacja i zachorowania na grypę, <https://www.gov.pl/web/wsse-lodz/informacja-dotyczaca-zachorowan-na-grype-i-zakazen-wirusem-rsv-oraz-prowadzonego-nadzoru-sentinel-115122024-r> (ostatni dostęp 02.01.2025)