

2020 年高教社杯全国大学生数学建模竞赛

我们仔细阅读了《全国大学生数学建模竞赛章程》和《全国大学生数学建模竞赛参赛规则》（2019 年修订稿，以下简称为“竞赛章程和参赛规则”，可从全国大学生数学建模竞赛网站下载）。

我们完全清楚，在竞赛开始后参赛队员不能以任何方式，包括电话、电子邮件、“贴吧”、QQ 群、微信群等，与队外的任何人（包括指导教师）交流、讨论与赛题有关的问题；无论主动参与讨论还是被动接收讨论信息都是严重违反竞赛纪律的行为。

我们完全清楚，抄袭别人的成果是违反竞赛章程和参赛规则的行为；如果引用别人的成果或资料（包括网上资料），必须按照规定的参考文献的表述方式列出，并在正文引用处予以标注。

我们以中国大学生名誉和诚信郑重承诺，严格遵守竞赛章程和参赛规则，以保证竞赛的公正、公平性。如有违反竞赛章程和参赛规则的行为，我们将受到严肃处理。

我们授权全国大学生数学建模竞赛组委会，可将我们的论文以任何形式进行公开展示（包括进行网上公示，在书籍、期刊和其他媒体进行正式或非正式发表等）。

3. 金珂

(指导教师签名意味着对参赛队的行为和论文的真实性负责)

(请勿改动此页内容和格式。此承诺书打印签名后作为纸质论文的封面,注意电子版论文中不得出现此页。以上内容请仔细核对,如填写错误,论文可能被取消评奖资格。)

赛区评阅编号（由赛区组委会填写）：

2019 年高教社杯全国大学生数学建模竞赛

编 号 专 用 页

赛区评阅记录（可供赛区评阅时使用）：

评 阅 人						
备 注						

送全国评阅统一编号（赛区组委会填写）：

全国评阅随机编号（全国组委会填写）：

（请勿改动此页内容和格式。此编号专用页仅供赛区和全国评阅使用，参赛队打印后装订到纸质论文的第二页上。注意电子版论文中不得出现此页。）

埃博拉病毒传播问题

摘要

本文就是主要研究了病毒在不同情况下的传播，首先是无防护措施和采取隔离措施情况下的疫情的变化，接下来是有治疗措施与没有治疗措施情况下疫情的变化。通过建立模型，分析埃博拉病毒的传播规律以及采取的措施对于病毒的影响，得到最高效的防护计划，减少病毒的传播。

针对问题一：主要是让我们根据猩猩的发病数量和死亡数量，建立一个病毒传播模型，动态描述病毒在“虚拟猩猩种群”中的传播，并预测接下来的在猩猩中的疫情变化，我们通过建立 SEIR 模型，然后通过 SEIR 模型建立微分方程，借助 matlab 对结果进行预测。然后建立灰色关联度模型求得死亡者与自愈者之间的相关度，最后求解得到猩猩第 80 周、第 120 周、第 200 周的潜伏者、发病者、隔离者、自愈者、死亡者的数据，第 80 周分别为 4、8、257、515；第 120 周分别为 1、2、272、545；第 200 周分别为 0、0、275、551。

针对问题二：问题二主要是让我们建立“虚拟种群”相互感染的疾病传播模型，预测接下来疫情在人和猩猩这两个群体中的发展情况，所以我们可以对问题一中的 SEIR 模型进行改进，加上猩猩会传染病毒给人这一因素，建立微分方程组，用 Matlab 求解微分方程组。再建立灰色关联度模型求得每周死亡人数、每周自愈人数、每周隔离人数的相关度，然后建立灰色关联度模型求得死亡者与自愈者之间的相关度，最后求解得到猩猩第 80 周、第 120 周、第 200 周的潜伏者、发病者、自愈者、死亡者的数据，第 80 周分别为 105、18、13、1164、2986；第 120 周分别为 95、30、21、2197、848；第 200 周分别为 101、1、1、1397、3621。

针对问题三：因为外界的专家严格控制了人类与猩猩的接触，所以我们就不用考虑猩猩对于人的影响，且通过某种特效药物将隔离治疗人群的治愈率提高到了 80%，所以我们可以用第一题中的单物种之间的 SEIR 模型，建立微分方程对结果进行预测。根据题目二可以知道自愈者、隔离者、死亡者之间的关系，进而求得猩猩第 45 周、第 50 周、第 55 周的潜伏者、发病者、自愈者、死亡者的数据，第 80 周分别为 108、36、26、1994、169；第 120 周分别为 102、5、4、1331、3449；第 200 周分别为 82、24、17、2412、930。。

针对问题四：根据问题一和问题二，然后我们分析各种疫情控制措施的严格执行和药物（包括防疫药物、检疫药物和治疗药物等）效果的提高等措施对控制疫情的作用，然后采取相应的措施来有效控制疫情。

关键字： SEIR 模型 matlab 微分方程

一、问题重述

1.1 背景知识

埃博拉病毒（又译作伊波拉病毒）于 1976 年在苏丹南部和刚果的埃博拉河地区被发现后，引起了医学界的广泛关注和重视。该病毒是能引起人类和灵长类动物产生埃博拉出血热的烈性传染病病毒，其生物安全等级为 4 级（艾滋病为 3 级，SARS 为 3 级，级数越大防护越严格）。

埃博拉病毒有传染性，主要是通过病人的血液、唾液、汗水和分泌物等途径传播。各种非人类灵长类动物普遍易感，经肠道、非胃肠道或鼻内途径均可造成感染，病毒的潜伏期通常只有 5 天至 10 天，感染后 2~5 天出现高热，6~9 天死亡。发病后 1~4 天直至死亡，血液都含有病毒。埃博拉病毒感染者有很高的死亡率（在 50%至 90%之间），致死原因主要为中风、心肌梗塞、低血容量休克或多发性器官衰竭。

当前主流的认知是，埃博拉病毒主要通过接触传播，而非通过空气传播；只有病人在出现埃博拉症状以后才具有传染性。在疾病的早期阶段，埃博拉病毒可能不具有高度的传染性，在此期间接触病人甚至可能不会受感染，随着疾病的进展，病人的因腹泻、呕吐和出血所排出的体液将具有高度的生物危险性；存在似乎天生就对埃博拉免疫的人，痊愈之后的人也会对入侵他们的那种埃博拉病毒有了免疫能力。

埃博拉病毒很难根除，迄今为止已有多次疫情爆发的记录。据百度百科，最近的一次在 2014 年。截至 2014 年 9 月 25 日，此次在西非爆发的埃博拉疫情已经导致逾 3000 人死亡，另有 6500 被确诊感染。更为可怕的是，埃博拉病毒可能经过变异后可以通过呼吸传播！

假设某地区有 20 万居民和 3000 只猩猩。人能以一定的概率接触到所有的猩猩，当接到有传播能力的猩猩后有一定概率感染病毒，而人发病之后与猩猩的接触可以忽略。人与猩猩的潜伏期都为 2 周。研究人员统计了前 40 周人类和猩猩的发病数量和死亡数量等信息，研究回答以下问题：

1.2 问题提出

- 1、 根据猩猩的发病数量和死亡数量，建立一个病毒传播模型，动态描述病毒在“虚拟猩猩种群”中的传播，并预测接下来的在猩猩中的疫情变化，并以下述格式给出“虚拟猩猩种群”在第 80 周、第 120 周、第 200 周的相关数据：

“虚拟猩猩种群”群体数量预测结果（单位：只）

	潜伏群体	处于发病状态	累计自愈	累计因病死亡
--	------	--------	------	--------

第 80 周				
第 120 周				
第 200 周				

- 2、建立“虚拟种群”相互感染的疾病传播模型，综合描述人和猩猩疫情的发展，并预测接下来疫情在这两个群体中的发展情况，并以下述格式给出“虚拟人类种群”在第 80 周、第 120 周、第 200 周的相关数据：

“虚拟人类种群”群体数量预测结果（单位：个）

	潜伏人群	处于发病状态	隔离治疗	累计治愈	累计因病死亡
第 80 周					
第 120 周					
第 200 周					

- 3、假设在第 41 周，外界的专家开始介入，并立即严格控制了人类与猩猩的接触，且通过某种特效药物将隔离治疗人群的治愈率提高到了 80%。请预测接下来疫情在“虚拟人类种群”的发展情况，对比第 2 问的预测结果说明其作用和影响，给出“虚拟人类种群”在第 45 周、第 50 周、第 55 周的相关数据，数据格式同问题 2；
- 4、请依据前述数学模型，分析各种疫情控制措施的严格执行和药物（包括防疫药物、检疫药物和治疗药物等）效果的提高等措施对控制疫情的作用。

1.3 相关数据

1. “虚拟种群猩猩”（表 1）
2. “虚拟种群人类”（表 2）

二、问题分析

1. 对问题一的分析

问题一主要是让我们根据猩猩的发病数量和死亡数量，建立一个病毒传播模型，动态描述病毒在“虚拟猩猩种群”中的传播，并预测接下来的在猩猩中的疫情变化，一般我们会想到预测方法，但是针对病毒传播这类问题，我们有专门的模型可以去进行求解，因为里面有潜伏者的存在，我们就自然想到了去建立 SEIR 模型，然后通过 SEIR 模型建立微分方程，借助 matlab 对结果进行预测。

通过分析我们可以发现，自愈和死亡之间是存在关系的，所以我们可以以死亡这作为参考，建立灰色预测模型，采用灰色关联分析方法求得死亡者与自愈者之间的相关度，最后求出所需要的答案。

2. 对问题二的分析

问题二主要是让我们建立“虚拟种群”相互感染的疾病传播模型，预测接下来疫情在人和猩猩这两个群体中的发展情况，而且病毒只能由猩猩传染给人，人是不能传染给猩猩的。所以我们可以将问题一中的 SEIR 模型推广到问题二中，对 SEIR 模型进行改进，加上猩猩会传染病毒给人这一因素，建立微分方程组，用 Matlab 求解微分方程组。再建立灰色预测模型，采用灰色关联分析求得每周死亡人数、每周自愈人数、每周隔离人数的相关度，进而对结果进行预测

3. 对问题三的分析

因为外界的专家在 41 周开始介入，并立即严格控制了人类与猩猩的接触，所以我们就不用考虑猩猩对于人的影响，且通过某种特效药物将隔离治疗人群的治愈率提高到了 80%，所以我们可以用第一题中的单物种之间的 SEIR 模型，建立微分方程对结果进行预测。而我们在第二题中我们通过灰色关联分析方法已经知道每周死亡人数和每周自愈人数相关度很高，我们就可以认为他们的变化的态势是一致的，同时，也知道了每周隔离人数与每周发病人数相关度很高，然后我们就可以用每周发病的人数来预测每周隔离治疗的人数，然后再求解死亡人数和自愈人数。

4. 对问题四的分析

问题四主要是让我们依据前面三个问题的数学模型，分析各种疫情控制措施的严格执行和药物（包括防疫药物、检疫药物和治疗药物等）效果的提高等措施对控制疫情的作用。我们就可以对问题一和问题二对比，问题一和问题三对比，然后我们对比无防护措施和采取隔离措施的疫情变化情况以及有治疗措施与没有治疗措施的疫情变化情况。分析每种措施对于控制疫情的作用，然后采取相应的措施来有效控制疫情。

三、模型假设

1. 假设猩猩与人的数量保持不变（即出生率、死亡率、迁入率、迁出率忽略不计）。
2. 所有的数据都是真实有效的。
3. 假设易感者一旦和感染者进行有效接触就会被感染成为潜伏者；
4. 假设问题三中的前 40 周不考虑猩猩对人的影响。

四、符号说明及名词解释

4.1 符号说明

符号	意义
S	猩猩或人中的健康者数量
E	猩猩或人中的潜伏者数量
I	猩猩或人中的发病者数量
R	猩猩或人中的退出者数量
$R1$	猩猩或人中死亡者的数量
$R2$	猩猩或人中自愈者的数量
α	发病者接触健康者变成潜伏着的概率
β	发病者接触健康者变成发病者的概率
γ	猩猩或人自愈和死亡的概率
λ	潜伏者的发病率
w	G 物种与 P 物种接触的日增长率
p	P 物种接触到的潜伏者比率
q	P 物种接触到发病者的发病率
r	退出者中的死亡者和自愈者的相关度

4.2 名词解释

灰色关联分析方法：对于两个系统之间的因素，其随时间或不同对象而变化的关联性大小的量度，称为灰色关联度。灰色关联分析方法是根据因素之间发展趋势的相似或相异程度，即“灰色关联度”，作为衡量因素间关联程度的一种方法。

五、模型建立与求解

5.1 问题一模型的建立与求解

5.1.1 模型的分析

问题一主要是让我们建立一个病毒传播模型，动态描述病毒在“虚拟猩猩种群”中的传播，并预测接下来的在猩猩中的疫情变化，一般我们会想到预测方法，但是针对对病毒传播这类问题，我

们有专门的模型可以去进行求解，因为里面有潜伏者的存在，我们就自然想到了去建立 SEIR 模型，然后通过 SEIR 模型建立微分方程，借助 matlab 对结果进行预测。但是由于我们的 SEIR 模型中的退出者中包含了死亡者和自愈者，直接用 SEIR 模型无法得到我们想要的结果，通过分析我们可以发现，自愈和死亡之间是存在关系的，所以我们可以以死亡这作为参考，建立灰色预测模型，采用灰色关联分析方法求得死亡者与自愈者之间的相关度，最后求出所需要的答案。

5.1.2 模型的建立

SEIR 模型的建立

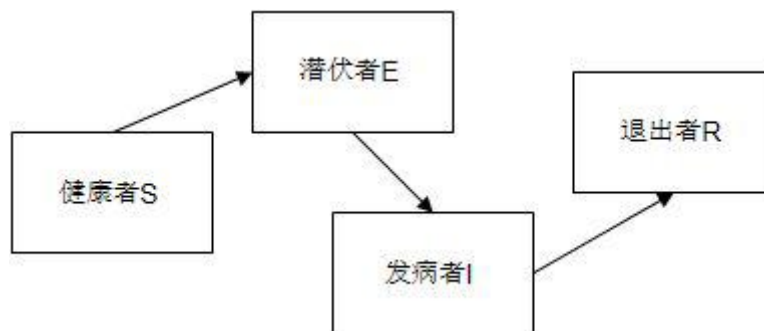


图 1.1 猩猩之间的 SEIR 图

在本题中把健康的猩猩作为健康者，发病者和健康者接触之后不会立马变成发病者，而是有一定概率变成潜伏者，而且潜伏者都在两周后再开始发病成为发病者，死亡和治愈的猩猩都可记入退出者，他们不会影响健康的猩猩。根据以上情况，我们可以建立一个微分方程组

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha IS - \beta IS \\ \frac{dE}{dt} = \alpha IS - \lambda E \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS + \lambda E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \\ S(0) = S_0, E(0) = E_0, I(0) = I_0, R(0) = R_0 \end{cases} \quad (5.1.1)$$

另外，因为我们题目中要求的是自愈和死亡的人数分别是多少，但是我们的 SEIR 模型中求的是两者之和，通过分析我们可以发现，自愈和死亡之间是存在关系的，所以我们可以以死亡这作为参考，建立灰色预测模型，采用灰色关联分析方法进而去求解死亡者与自愈者之间的关系。

灰色关联分析方法是对于两个系统之间的因素，其随时间或不同对象而变化的关联性大小的量度，称为灰色关联度。灰色关联分析方法是根据因素之间发展趋势的相似或相异程度，作为衡量因

素间关联程度的一种方法。它的主要计算步骤如下：

第一步：原始数据预处理。

第二步：确定母序列 X_0 和子序列 X_s 。

第三步：计算每个时刻点上母序列与各子序列的绝对值 $A_{0i}(t_j)$ ， $A_{0i}(t_j) = |X_0(t_j) - X_i(t_j)|$

第四步：从表中取差值中最大值与最小值。

第五步：求在各时刻点上母序列 x_0 与各子序列 x_j 的关联系数。

第六步：求关联度。

第七步：排关联序。

所以我们可以得到以下方程组

$$\begin{cases} x_0 = \{x_0(1), x_0(2), \dots, x_0(n)\} \\ x_1 = \{x_1(1), x_1(2), \dots, x_1(n)\} \\ \xi(t) = \frac{\min_t |x_1(t) - x_0(t)| + k \max_t |x_s(t) - x_0(t)|}{|x_1(t) - x_0(t)| + k \max_t |x_s(t) - x_0(t)|} \\ r = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \xi(t) \end{cases} \quad (5.1.2)$$

其中为 $\xi(t)$ 灰色关联函数， $k \in [0, 1]$ 称为分辨率系数， k 越大，分辨率越大； k 越小，分辨率越小。

5.1.3 模型求解

现在我们根据建立的模型和已知的数据进行求解

1. 发病者接触健康者成为潜伏者的概率 α

$$\alpha = \frac{\Delta E / \Delta t}{I * S} \quad (5.1.3)$$

2. 发病者接触健康者变成发病者的概率 β

$$\beta = \frac{\Delta I / \Delta t}{I * S} \quad (5.1.4)$$

3. 发病者自愈和死亡的概率 γ

$$\gamma = \frac{R}{I} \quad (5.1.5)$$

4. 潜伏着的发病率

$$\lambda = \frac{\text{每日新确诊病例}}{\text{每日疑似病例}} \quad (5.1.6)$$

把数据带入以上公式得：

$$\bar{\alpha}=1.085\text{E-}4, \bar{\beta}=0, \bar{\lambda}=0.3018, \bar{\gamma}=0.5121$$

根据结果，我们选取了 11 周的 S, E, I, R 值作为初值

$$S_0 = 2752, E_0 = 30, I_0 = 52, R_0 = 166$$

最后根据 Matlab，将所得的数据代入方程组（5.1.1）中进行求解，预测 S、E、I、R 四个种类中数量的变化如下：

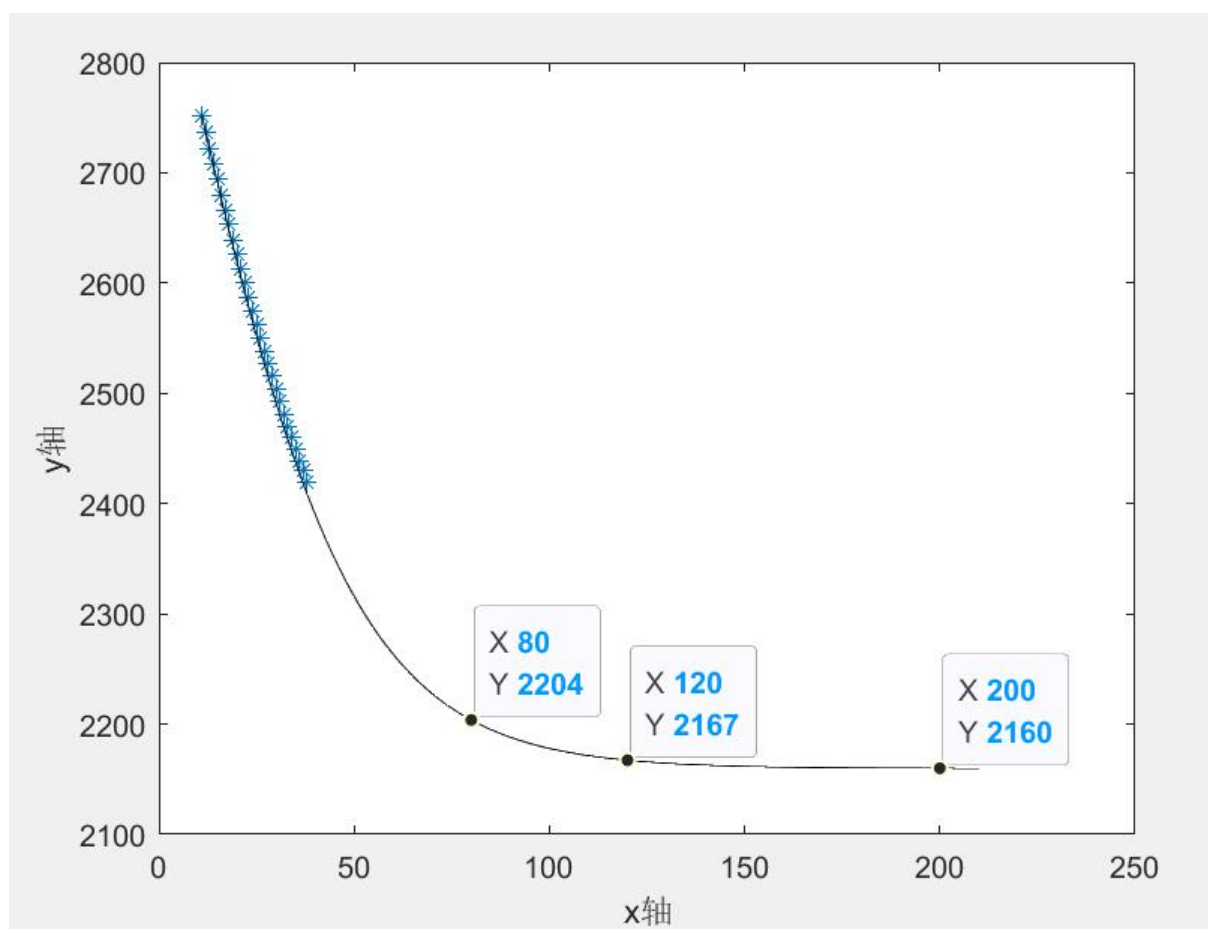


图 1.2 猩猩健康者的实际值与预测值比较

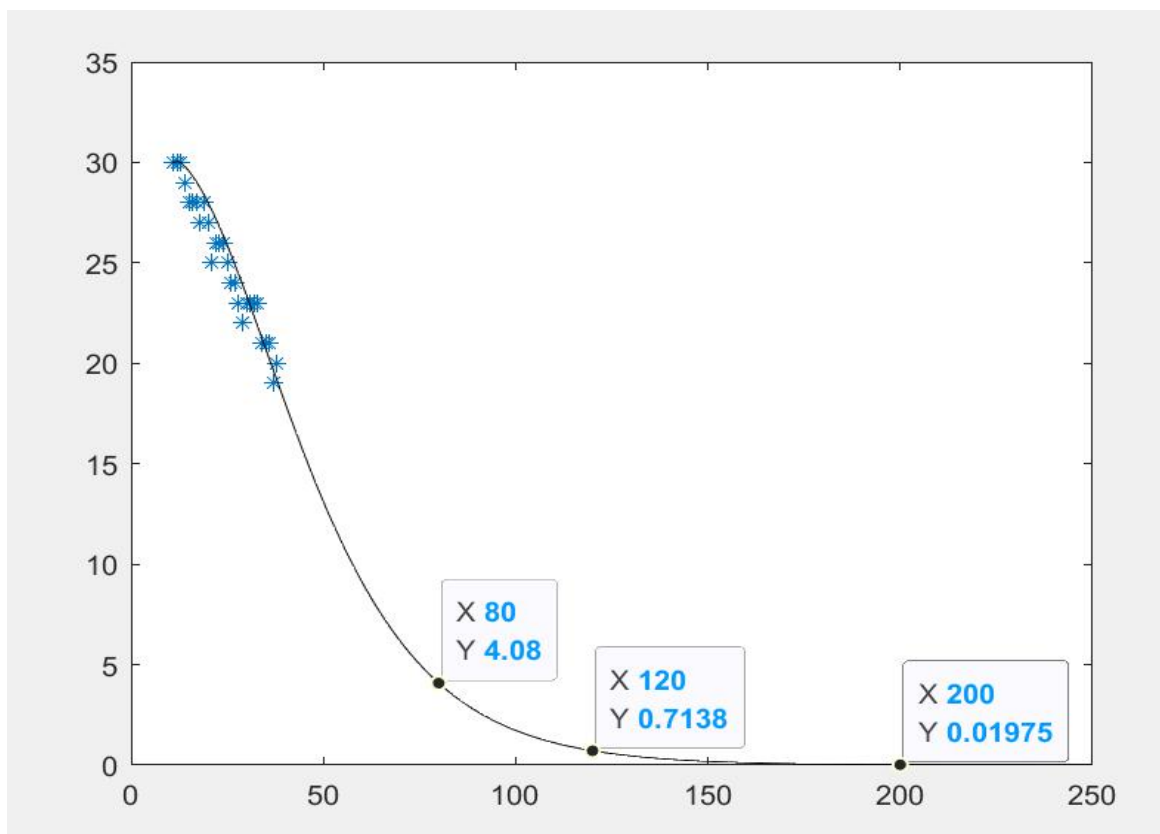


图 1.3 猩猩潜伏者的实际值与预测值比较

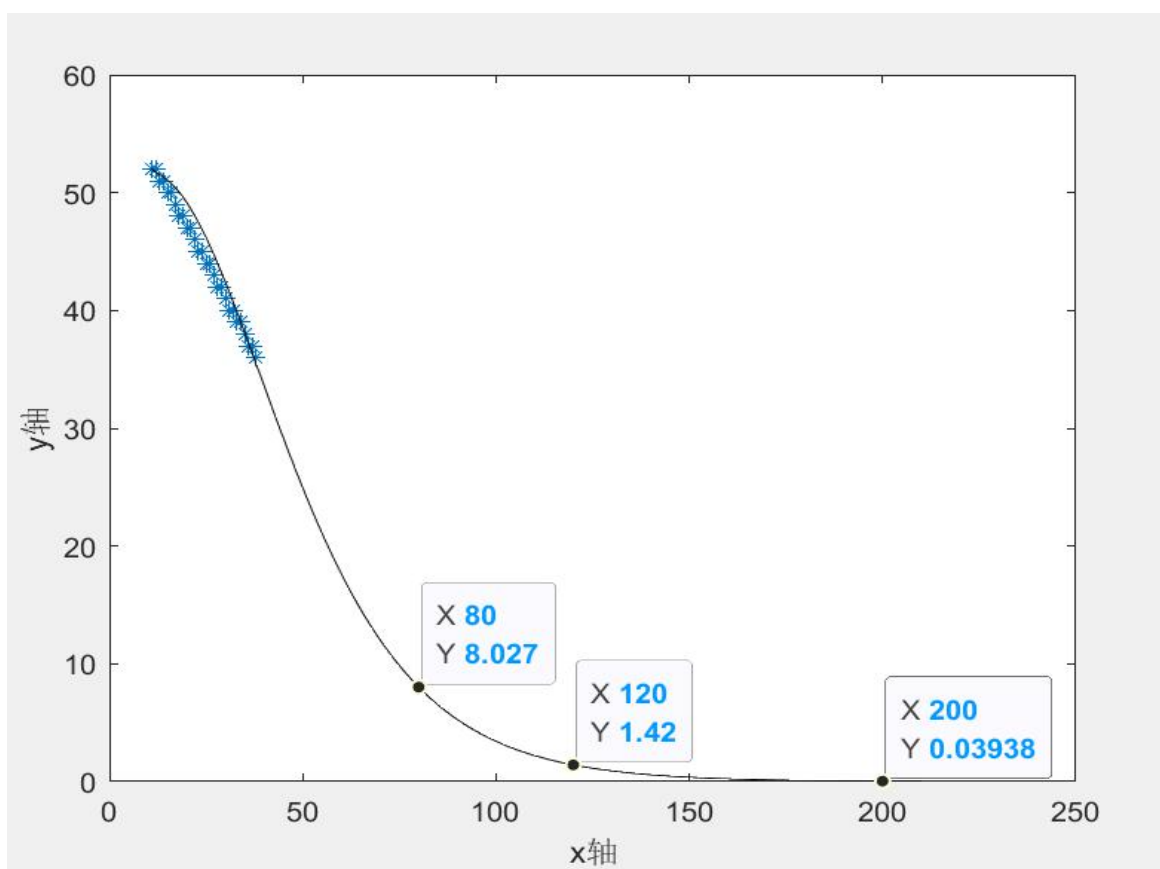


图 1.4 猩猩发病者数量的实际值与预测值比较

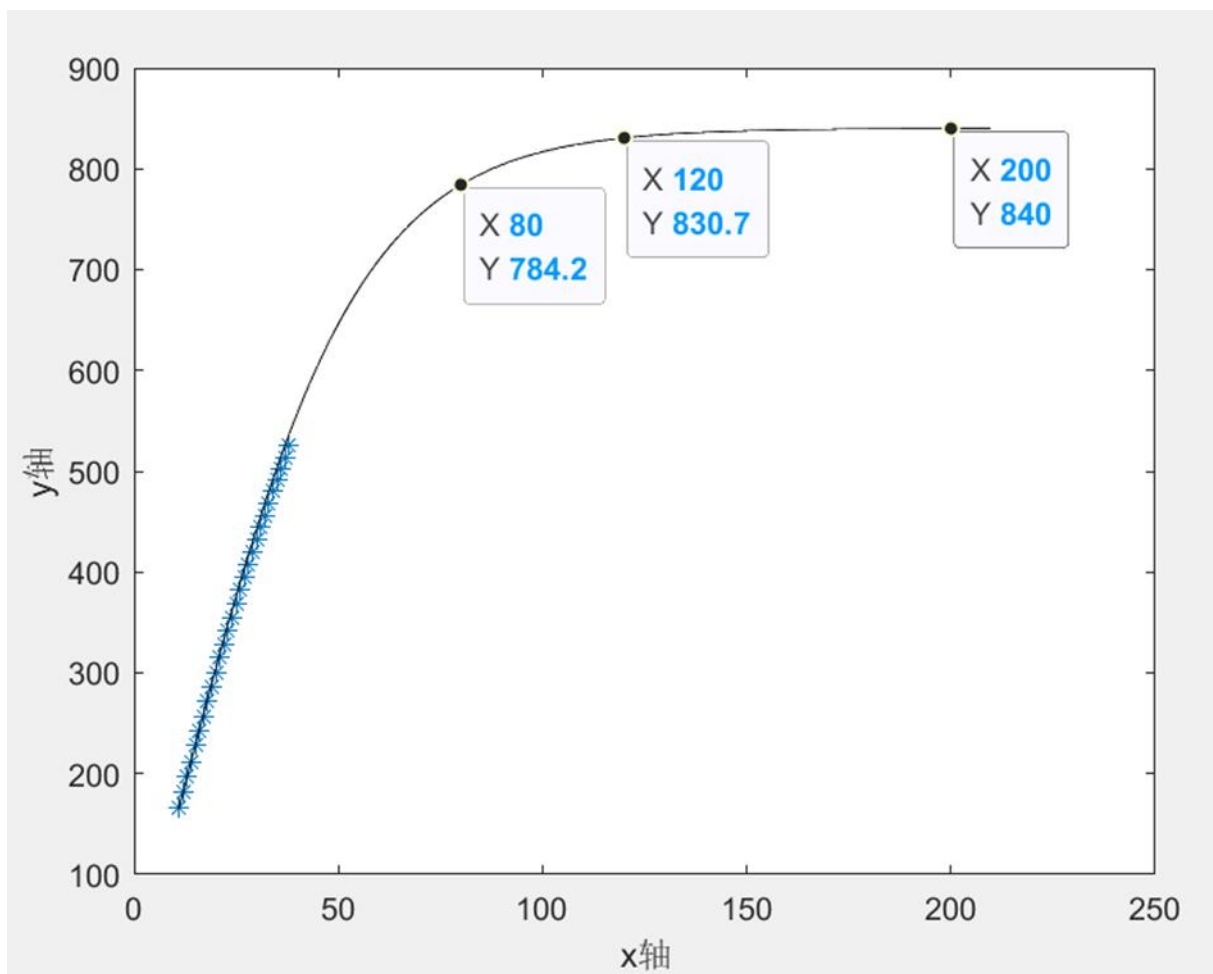


图 1.5 猩猩退出者数量的实际值与预测值比较

以上我们对 S、E、I、R 这四个种类的数量进行了预测，然后我们接下来对死亡猩猩和自愈猩猩的数量进行预测，首先我们做出了死亡猩猩与自愈猩猩的图像。

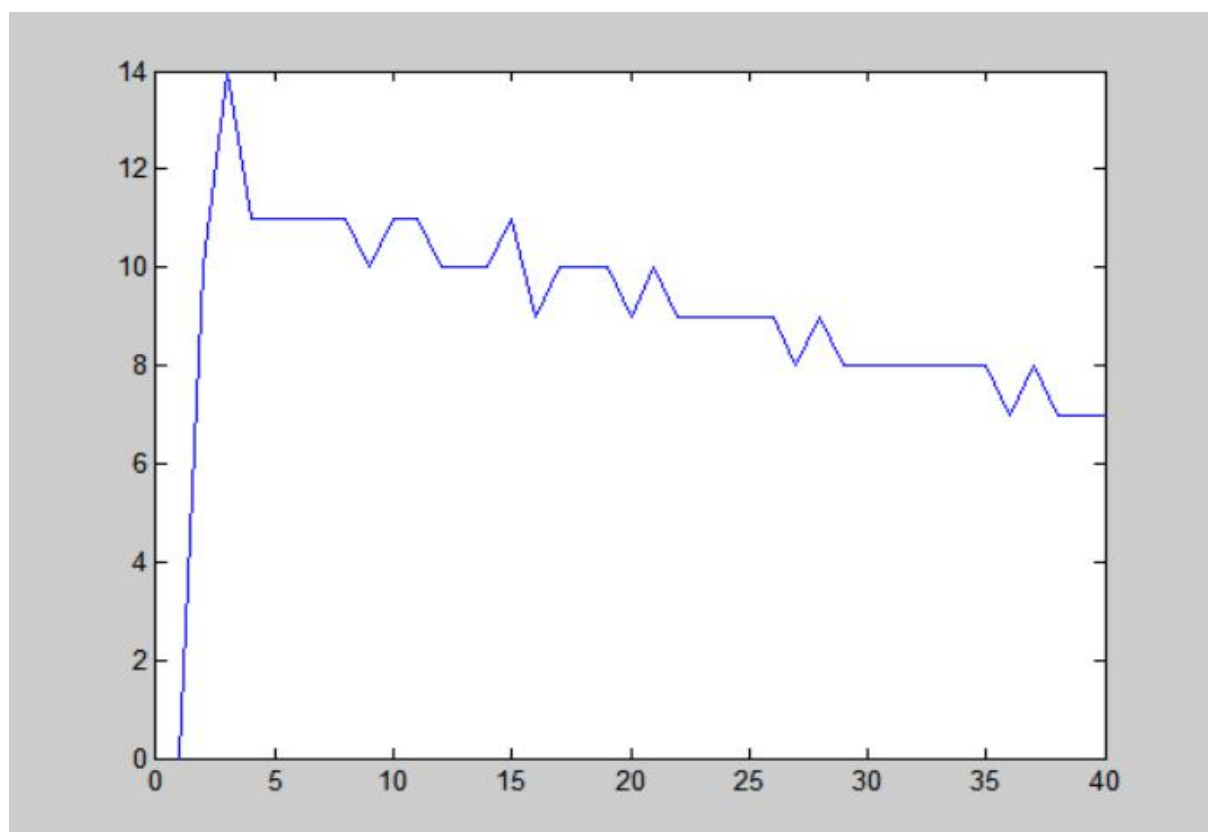


图 1.6 猩猩每周死亡的数量

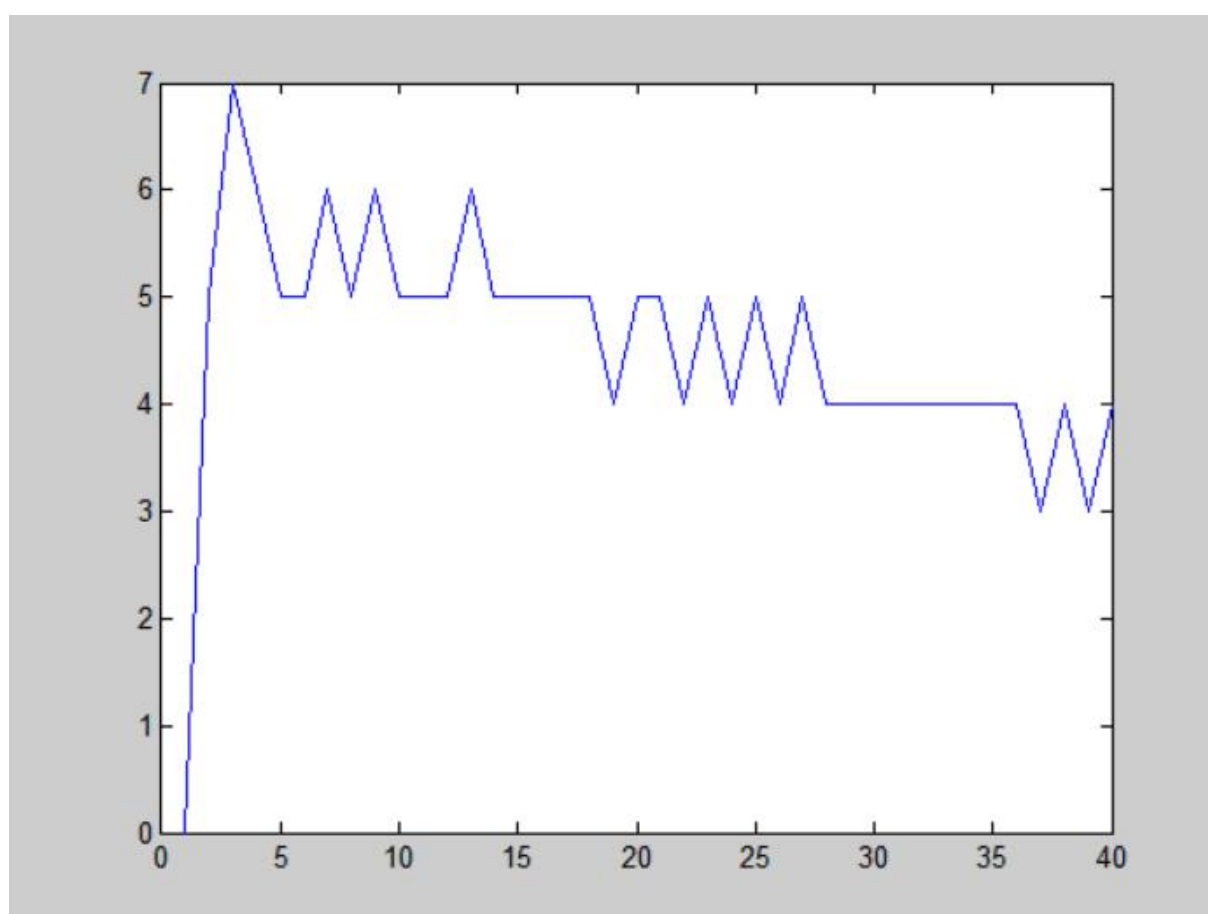


图 1.7 猩猩每周自愈的数量

然后将我们的数据代入方程组 (5.1.2) 中，可以求出猩猩死亡数量与猩猩自愈数量的相关度

$$r = 0.869$$

根据灰色关联度的意义分析可以知道，若是相关度很高，则两个因素变化的态势是一致的，即同步变化程度较高。所以他们所占比例可以认为保持不变。

$$R_1 = k_1 * R, R_2 = k_2 * R, k_1 = 0.6668, k_2 = 1 - k_1 = 0.3332$$

通过计算我们可以得出第一题的结果

“虚拟猩猩种群”群体数量预测结果（单位：只）

	潜伏群体	处于发病状态	累计自愈	累计因病死亡
第 80 周	4	8	257	515
第 120 周	1	2	272	545
第 200 周	0	0	275	551

5.1.4 结果分析

从图像我们可以发现，健康者、潜伏者、发病者的变化趋势基本上都是一致的，而且健康者、潜伏者、发病者的数量在逐渐变小，而退出者的数量逐渐增加。在第 100 周之前，潜伏者和发病者的人数在快速减少，而且退出者在快速增加，说明这段时间的疫情特别严重。而在 120 周之后，健康者、潜伏者、发病者、退出者数量趋近于平缓，说明这个时候疫情已经得到了控制。

5.2 问题二模型的建立与求解

5.2.1 模型分析

问题二主要是让我们建立“虚拟种群”相互感染的疾病传播模型，预测接下来疫情在人和猩猩这两个群体中的发展情况，而且病毒只能由猩猩传染给人，人是不能传染给猩猩的。所以我们可以将问题一中的 SEIR 模型推广到问题二中，对 SEIR 模型进行改进，加上猩猩会传染病毒给人这一因素，建立微分方程组，用 Matlab 求解微分方程组。再建立灰色预测模型，采用灰色关联分析求得每周死亡人数、每周自愈人数、每周隔离人数的相关度，进而对结果进行预测

5.2.2 模型建立

SEIR 模型的建立

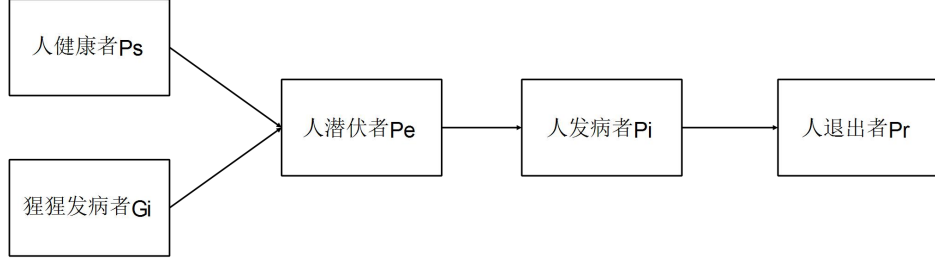


图 2.1 猩猩与人的 S、I、E、R 图

由第一题的 SEIR 模型的改进，我们可以得出建立如下微分方程组

$$\begin{cases} \frac{dGs}{dt} = -\alpha GiGs - \beta GiGs \\ \frac{dGe}{dt} = \alpha GiGs - \lambda Ge \\ \frac{dGi}{dt} = \beta GiGs + \lambda Ge - \gamma Gi \\ \frac{dGr}{dt} = \beta GiGs + \lambda Ge - \gamma Gi \end{cases} \quad (5.2.1)$$

$$\begin{cases} \frac{dPt}{dt} = wGiPs - pPt - qPt \\ \frac{dPs}{dt} = -\alpha_1 PiPs - \beta_1 PiPs - w \\ \frac{dPe}{dt} = \alpha_1 PiPs + pPt - \lambda_1 Pe \\ \frac{dPi}{dt} = \beta_1 PiPs + \lambda_1 Pe + qPt \\ \frac{dPr}{dt} = \gamma Pi \\ w = p + q \end{cases} \quad (5.1.2)$$

同样，我们需要建立灰色关联度模型分别求出死亡人数、自愈人数已经隔离治疗的人数，所以我们以死亡者作为参考建立灰色关联度模型求解他们三者之间的关系。

$$\begin{cases} x_0 = \{x_0(1), x_0(2), \dots, x_0(n)\} \\ x_1 = \{x_1(1), x_1(2), \dots, x_1(n)\} \\ \xi_1(t) = \frac{\min_t |x_1(t) - x_0(t)| + k \max_t |x_s(t) - x_0(t)|}{|x_1(t) - x_0(t)| + k \max_t |x_s(t) - x_0(t)|} \\ r = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \xi_i(t) \end{cases} \quad (5.2.3)$$

5.2.3 模型求解

现在我们根据建立的模型和已知的数据进行求解

1. 发病者接触健康者成为潜伏者的概率 α_1

$$\alpha_1 = \frac{\Delta Pe / \Delta t}{Pi * Ps} \quad (5.2.4)$$

2. 发病者接触健康者变成发病者的概率 β_1

$$\beta_1 = \frac{\Delta Pi / \Delta t}{Pi * Ps} \quad (5.2.5)$$

3. 发病者自愈和死亡的概率 γ_1

$$\gamma_1 = \frac{Pr}{Pi} \quad (5.2.6)$$

4. 潜伏者的发病率 λ_1

$$\lambda_1 = \frac{\text{每日新增确认病例数}}{\text{每日疑似病例数}} \quad (5.2.7)$$

5. G 物种与 P 物种接触的日增长率 w

$$\omega = \frac{P \text{物种接触增长数量}}{Ps * Gi} \quad (5.2.8)$$

6. P 物种接触到的潜伏者比率 p

$$p = \frac{p \text{物种变成潜伏者的日增长量}}{P \text{物种日接触总数}} \quad (5.2.9)$$

7. P 物种接触到发病者的发病率

$$q = \frac{p \text{物种变成发病者的日增长量}}{P \text{物种日接触总数}} \quad (5.2.10)$$

把数据带入以上公式得：

$$\bar{\alpha}_1 = -1.2391, \bar{\beta}_1 = 7.5195, \bar{\gamma}_1 = 1.4993, \bar{\lambda}_1 = -1.2391, p = -1.2391, \omega = -1.2391, q = -1.2391$$

根据结果，我们选取了 11 周的 S, E, I, R 值作为初值

$$Ps_0 = 199370, Pe_0 = 148, Pi_0 = 45, Pr_0 = 437$$

根据 Matlab，将所得的数据代入方程组（5.2.2）中进行求解，预测 S、E、I、R 四个种类中数量的变化如下：

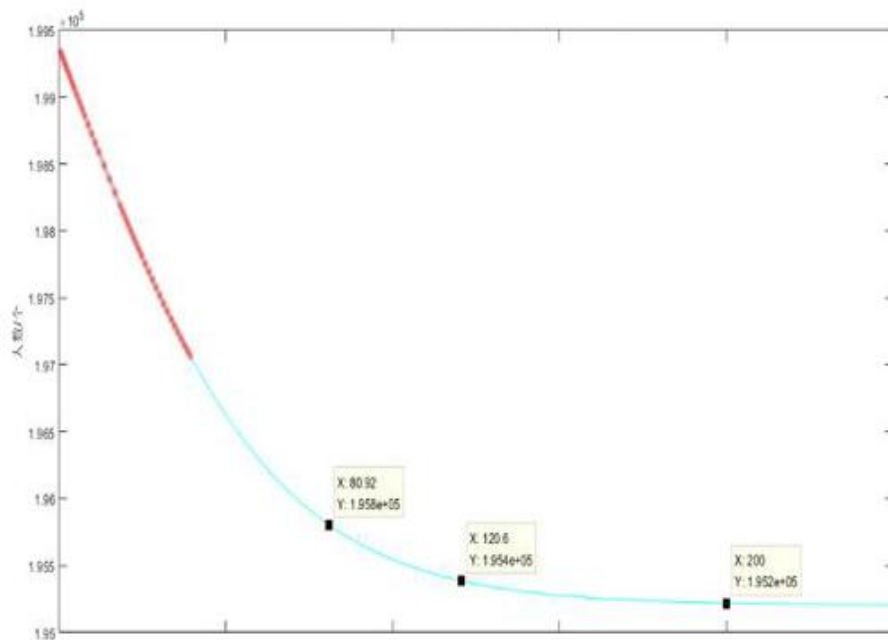


图 2.2 人健康者数量的实测值与预测值

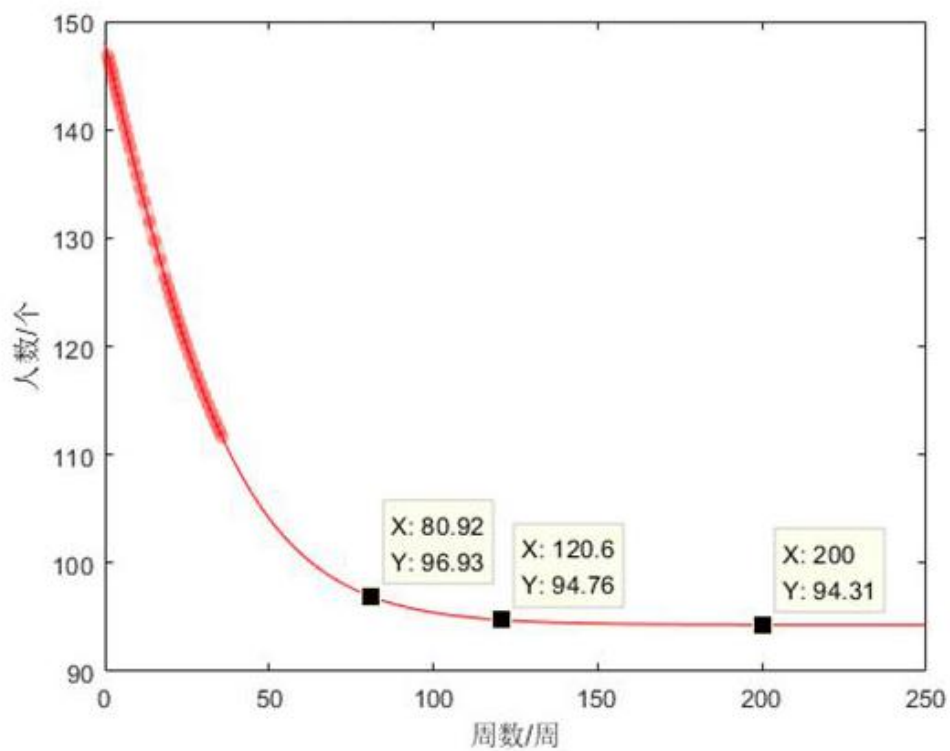


图 2.3 人潜伏者数量的实测值与预测值

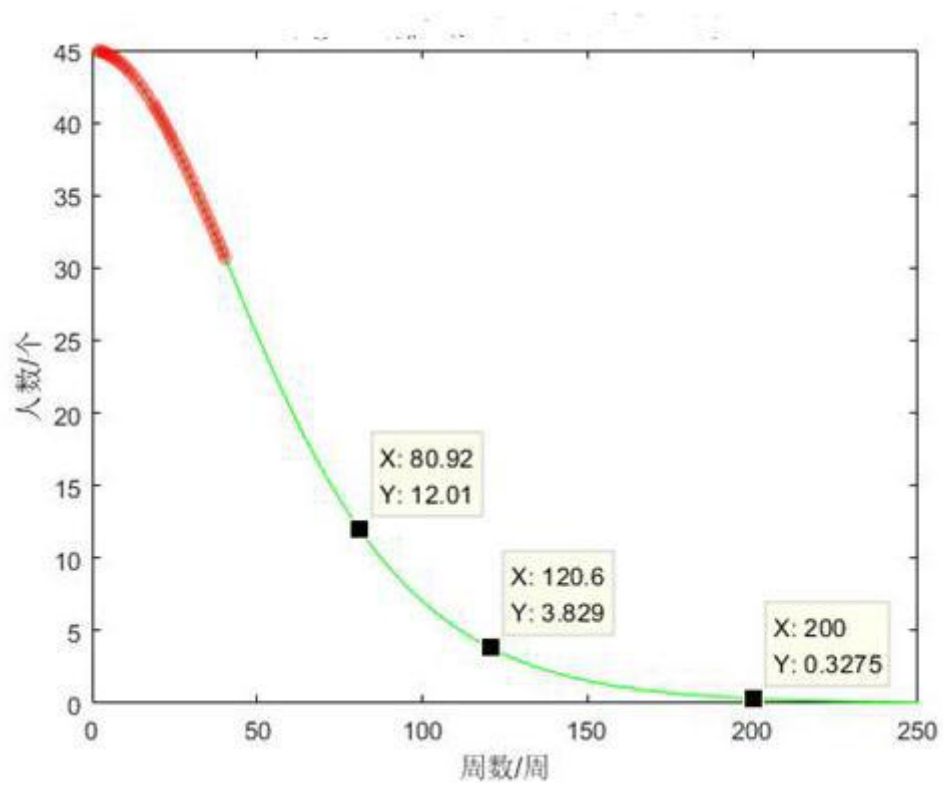


图 2.4 人发病者数量的实测值与预测值

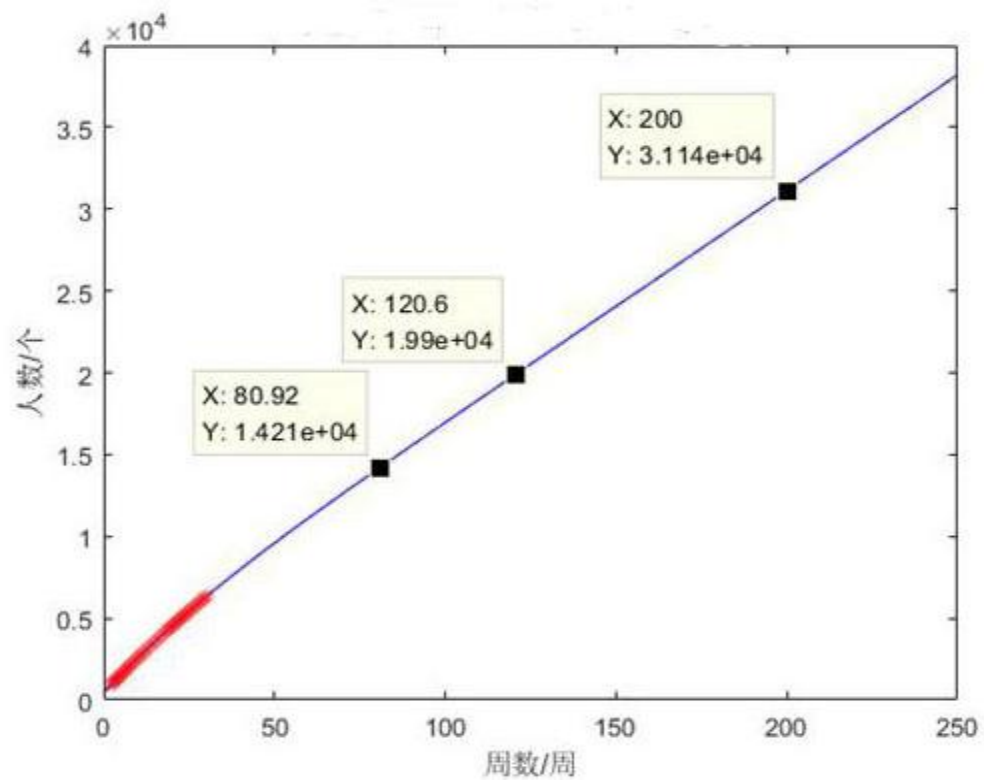


图 2.5 人退出者数量的实测值与预测值

接下来把数据带入到方程组 (5.2.3) 中可以求出每周死亡人数与每周自愈人数的相关度 r_1 以及每周死亡人数与每周隔离治疗人数之间的相关度 r_2 。

$$r_1 = 0.832, \quad r_2 = 0.256$$

从相关度可以看出，每周死亡人数和每周自愈人数相关度很高，即可以认为他们的变化的态势是一致的，但是每周死亡人数与每周隔离治疗人数相关度很低，就可以大致认为每周死亡人数与每周隔离人数无关，但是经过计算，每周隔离人数与每周发病人数相关度很高，于是我们就可以用每周发病的人数来估计每周隔离的人数，最后用退出者的总人数减去隔离治疗的人数，预测出死亡人数和自愈人数。

$$\begin{aligned} Br_3 &= kI, & Br_1 &= k_1 * (R - Br_3), & Br_2 &= k_2 * (R - Br_3) \\ k &= 0.7105, & k_1 &= 0.7216, & k_2 &= 1 - k_1 = 0.2784 \end{aligned}$$

最后根据计算得出结果

“虚拟人类种群”群体数量预测结果（单位：个）

	潜伏人群	处于发病状态	隔离治疗	累计治愈	累计因病死亡
第 80 周	105	18	13	1164	2986
第 120 周	102	5	4	1331	3449
第 200 周	101	1	1	1397	3621

5.2.4 结果分析

通过图像我们可以发现，埃博拉病毒在两个物种之间的传播和在单个物种之间的传播的变化趋势基本相同，在第 100 周之前，潜伏者和发病者的人数在快速减少，而且隔离者、自愈者、死亡者数量在快速增加，说明这段时间的疫情特别严重。而在 120 周之后，健康者、潜伏者、发病者、隔离者、自愈者、死亡者都基本趋近于平缓，说明这个时候疫情已经得到了控制。

5.3 问题三模型的建立与求解

5.3.1 模型分析

因为外界的专家在 41 周开始介入，并立即严格控制了人类与猩猩的接触，所以我们就不用考虑猩猩对于人的影响，且通过某种特效药物将隔离治疗人群的治愈率提高到了 80%，所以我们可以用第一题中的单物种之间的 SEIR 模型，建立微分方程对结果进行预测。而我们在第二题中我们通过灰色关联分析方法已经知道每周死亡人数和每周自愈人数相关度很高，我们就可以认为他们的变化的

态势是一致的，同时，也知道了每周隔离人数与每周发病人数相关度很高，然后我们就可以用每周发病的人数来预测每周隔离治疗的人数，然后再求解死亡人数和自愈人数。

5.3.2 模型建立

SEIR 模型

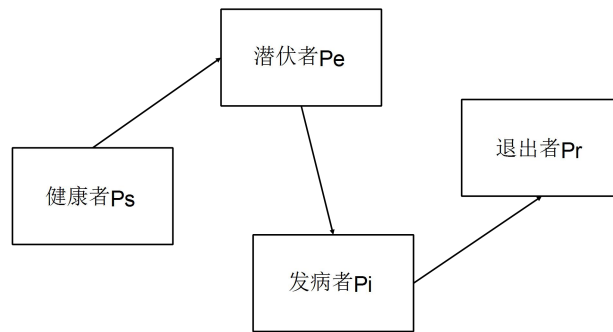


图 3.1 人的 S、E、I、R 图

根据模型列出微分方程

$$\begin{cases} \frac{dPs}{dt} = -\alpha_2 PiPs - \beta_1 PiPs \\ \frac{dPe}{dt} = \alpha_2 PiPs - \lambda_2 Pe \\ \frac{dPi}{dt} = \beta_2 PiPs + \lambda_2 Pe - \gamma_2 Pi \\ \frac{dPr}{dt} = \gamma_2 Pi \end{cases} \quad (5.3.1)$$

5.3.3 模型求解

现在我们根据已知的数据用 Matlab 进行函数的拟合，得出所需要的参数

根据 Matlab，将所得的数据代入方程组（5.3.1）中进行求解，预测 S、E、I、R 四个种类中数量的

变化如下：

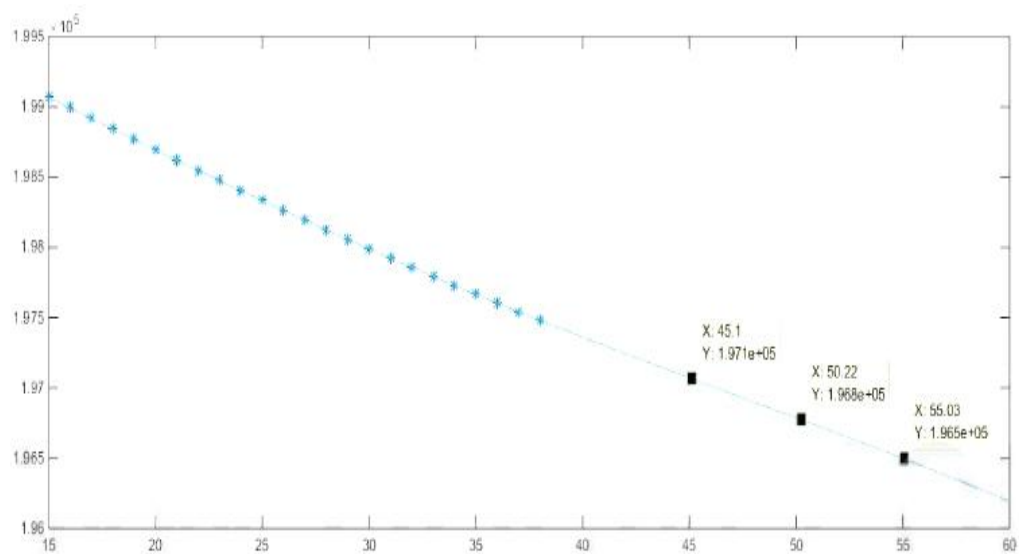


图 3.2 人健康者的实际值与预测值

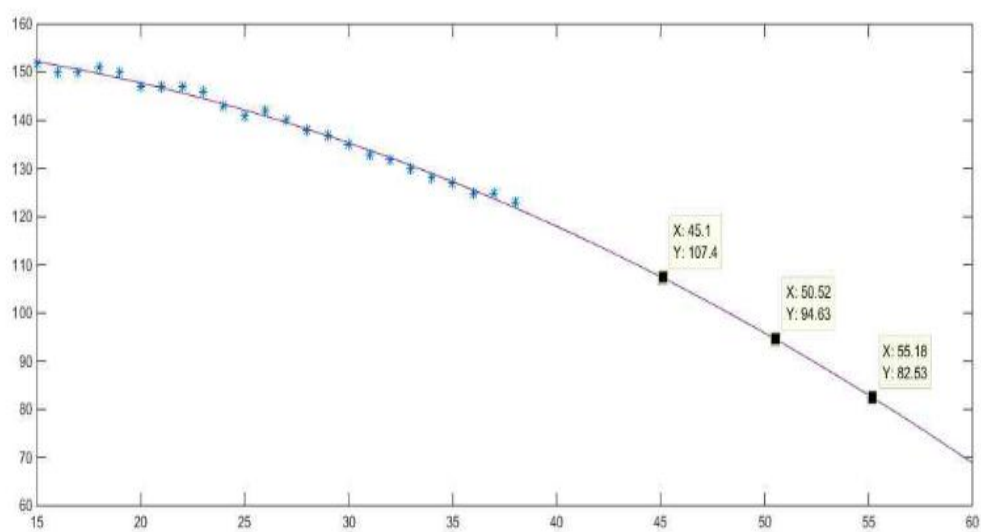


图 3.3 人潜伏者的实际值与预测值

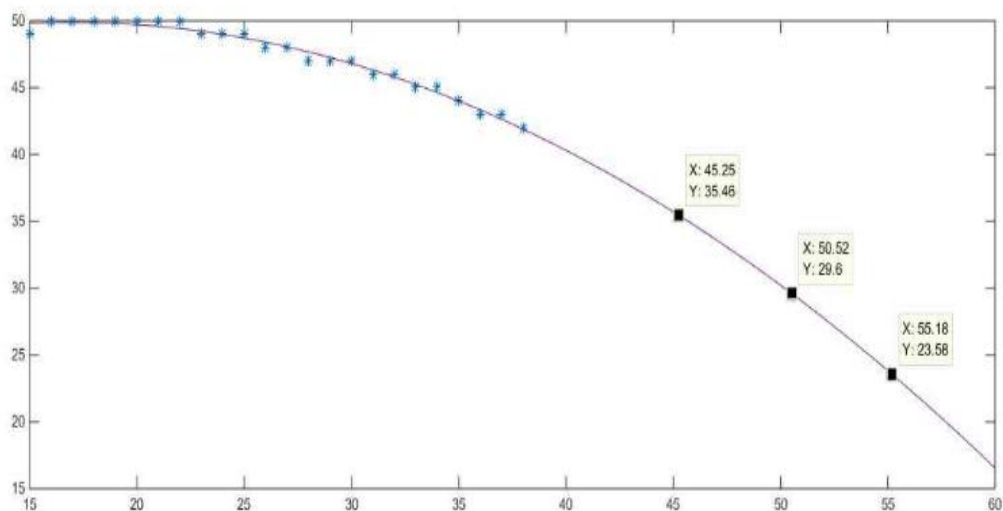


图 3.4 人发病者的实际值与预测值

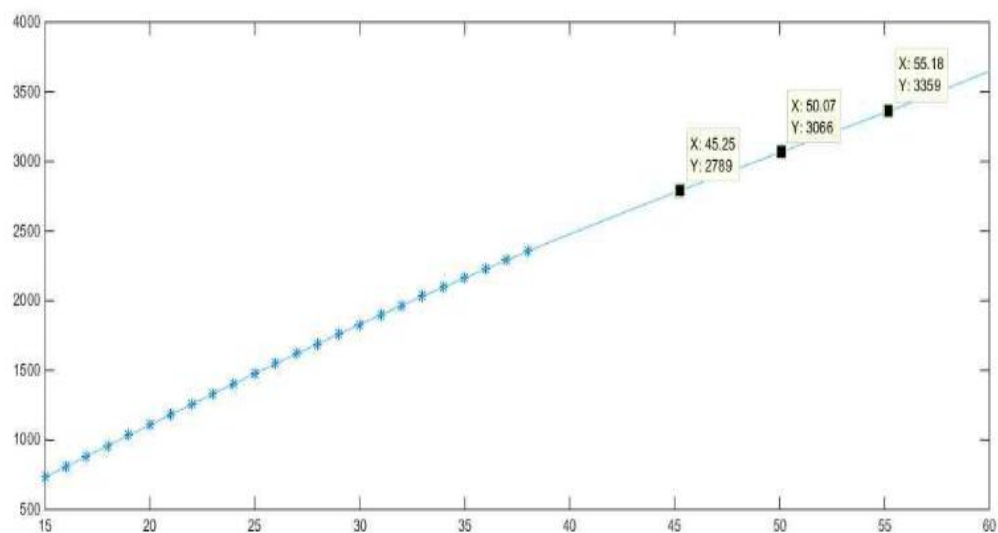


图 3.5 人退出者的实际值与预测值

根据题目二我们可以得出：

$$Br_3 = kI, \quad Br_1 = k_1 * (R - Br_3), \quad Br_2 = k_2 * (R - Br_3)$$

$$k = 0.7105, \quad k_1 = 0.7216, \quad k_2 = 1 - k_1 = 0.2784$$

最后根据计算得出结果

“虚拟人类种群” 群体数量预测结果（单位：个）

	潜伏人群	处于发病状态	隔离治疗	累计治愈	累计因病死亡
第 45 周	108	36	26	1994	169
第 50 周	95	30	21	2197	848

5.3.4 结果分析

根据图像我们可以看出，没有猩猩对人的影响的时候，人的健康者、潜伏者、发病者的变化趋势与在猩猩中的传播总体上也都是一致的，健康者、潜伏者、发病者的数量在逐渐变小，而退出者的数量逐渐增加。而且在 41 周采取隔离措施以及投放药物治疗后，潜伏者和发病者数量下降的更快，说明采取隔离措施以及投放药物治疗会抑制潜伏者和发病者的增长，对疫情防控有很大的作用；

5.4 问题四模型的建立与求解

通过比较问题一和问题二、问题一和问题三，分析各种疫情控制措施的严格执行和药物（包括防疫药物、检疫药物和治疗药物等）效果的提高等措施对控制疫情的作用。我们得到了以下结果：

1. 采取隔离措施的作用：猩猩发病者的退出使得人健康者与发病者的接触相对减少，这种情况将会抑制潜伏者和发病者的增长，从而使人类种群中潜伏者数量减少、能减少人的接触被感染率，对疫情的控制起到了决定性的作用。

2. 治疗药物的作用：问题三相较于问题二中的退出者有明显减缓，说明治疗药物直接作用于患病人群，能够降低其死亡率，能够减少疫情的扩散，人类种群的死亡群组数量的增长呈下降趋势；而检疫药物能非常快速且准确的找出潜伏者，并且进行隔离，减少了与健康者的接触，减少了潜伏者、发病者、死亡者的数量。

通过以上分析发现，采取隔离措施和投放药物治疗对于控制疫情有非常重要的作用。就比如今年的新冠肺炎，从刚开始我们国家就采取了隔离措施，很大程度控制了疫情的扩散，降低了传染率，接下来就是研究药物治疗，通过药物治疗，降低发病率与死亡率。所以相关措施的严格执行以及各类药物效果的提升，对于疫情的控制起到了决定性的作用。从而减少疫情的扩散，降低死亡人数。

六、模型评价

模型优点：

1. 用 Matlab 软件可以画出每个群体的预测值以及实际值，我们可以比较直观的观察出各个群体随时间的变化情况以及预测结果的真实性。
2. SIER 模型对于虚拟疫情群体的考虑比较全面，建立的微分方程预测的值和实际的值也都很相符，对于预测的结果比较精确。
3. SEIR 模型不仅可以模拟病毒在单物种间的传播，通过改进也同样适用于两个物种之

间，而且预测的结果也比较精确。

模型缺点：

1. 为了使问题得到简化，我们方程中的参数（比如发病率、死亡率、接触率等等）都设置的是确定值，但是一般情况下这些值都是由多种因素决定，不是一个恒定的值。
2. 因为我们所采用的数据比较少，不能排除偶然情况。
3. SEIR 模型中退出者中的自愈者、死亡者是按照比例来算的，因为我们的数据较少，如果数据很多的话，所得比例不一定是准确的，误差较大。

七、参考文献

- [1]姜启源，谢金星，叶俊. 数学模型（第五版）[M]. 北京：，高等教育出版社，2019.
- [2]肖华勇. 实用数学建模与软件应用[M]. 西安:西北工业大学出版社，2014.
- [3]姚泽清，郑旭东，赵颖. 全国大学生数学建模竞赛赛题与优秀论文评析[M]. 北京：国防工业出版社，2012.
- [4]李丹. 随机切换 SIRS 传染病模型的渐进行为[J]. 传染病模型, 2018.
- [5]徐翔. 几类传染病动力学模型的研究[J]. 分析传染病模型, 2010.
- [6]周林. 玩一玩 SEIPR 传染病模型[J]. 抗击肺炎, 2020.
- [7]杨林. 埃博拉病毒的传播与预测[J]. 病毒传播问题的分析, 2017.
- [8]林和平，刘丁慧. 灰色相关分析及应用研究[D]. 长春：东北师范大学, 2007.
- [9]谭学瑞. 灰色关联分析：多因素统计分析新方法[J]. 统计研究, 1995.
- [10]刘思峰. 灰色关联分析模型研究进展[J]. 系统工程理论与实践, 2013.

附录

表 1: 猩猩的 S、E、I、R 数据

周	易感数	每周发病数	每周潜伏数	退出数	每周自愈数	每周死亡数
1		0		0	0	0
2		85	0	15	5	10
3	2875	63	26	36	7	14
4	2858	47	42	53	6	11
5	2844	56	31	69	5	11
6	2828	57	30	85	5	11
7	2812	54	32	102	6	11
8	2797	54	31	118	5	11
9	2782	54	30	134	6	10
10	2767	53	30	150	5	11
11	2752	52	30	166	5	11
12	2737	52	30	181	5	10
13	2722	51	30	197	6	10
14	2708	51	29	212	5	10
15	2694	50	28	228	5	11
16	2680	50	28	242	5	9
17	2666	49	28	257	5	10
18	2653	48	27	272	5	10
19	2638	48	28	286	4	10
20	2626	47	27	300	5	9
21	2613	47	25	315	5	10
22	2600	46	26	328	4	9
23	2587	45	26	342	5	9
24	2574	45	26	355	4	9
25	2562	44	25	369	5	9
26	2550	44	24	382	4	9

27	2538	43	24	395	5	8
28	2527	42	23	408	4	9
29	2516	42	22	420	4	8
30	2504	41	23	432	4	8
31	2493	40	23	444	4	8
32	2481	40	23	456	4	8
33	2470	39	23	468	4	8
34	2460	39	21	480	4	8
35	2449	38	21	492	4	8
36	2439	37	21	503	4	7
37	2430	37	19	514	3	8
38	2419	36	20	525	4	7
39		35		535	3	7
40		35		546	4	7

代码 1:

```
function dy=seir(t,y)
dy=zeros(4,1);
b=0;
a=1.085E-4;
c=0.30188;
e=0.5121;
dy(1)=-y(3)*y(1)*a-b*y(1)*y(3);
dy(2)=a*y(1)*y(3)-e*y(2);
dy(3)=b*y(1)*y(3)+e*y(2)-c*y(3);
dy(4)=c*y(3);
end
[t,y]=ode45('seir',11:1:210,[2752,30,52,166]);
figure,plot(t,y(:,1),'k');
figure,plot(t,y(:,2),'k');
```

```

figure,plot(t,y(:,1),'k');
xlabel('x 轴')
ylabel('y 轴')
figure,plot(t,y(:,3),'k');
figure,plot(t,y(:,4),'k');
xlabel('x 轴')
ylabel('y 轴')

```

表 2: 人的 S、E、I、R 数据

周	健康者 S	潜伏者 E	发病者 I	退出者 R
1	200000	0	0	0
2	200000	0	0	0
3	200000	0	0	0
4	200000	0	0	0
5	199800	113	22	65
6	199733	115	30	122
7	199660	140	31	169
8	199591	142	36	231
9	199518	142	41	299
10	199444	147	43	366
11	199370	148	45	437
12	199294	150	47	509
13	199220	150	48	582
14	199143	151	49	657
15	199068	152	49	731
16	198993	150	50	807
17	198918	150	50	882
18	198842	151	50	957
19	198768	150	50	1032

20	198695	147	50	1108
21	198621	147	50	1182
22	198548	147	50	1255
23	198475	146	49	1330
24	198405	143	49	1403
25	198334	141	49	1476
26	198263	142	48	1547
27	198194	140	48	1618
28	198125	138	47	1690
29	198057	137	47	1759
30	197990	135	47	1828
31	197924	133	46	1897
32	197858	132	46	1964
33	197794	130	45	2031
34	197730	128	45	2097
35	197667	127	44	2162
36	197605	125	43	2227
37	197542	125	43	2290
38	197482	123	42	2353
39	19482	0	42	2416
40	19482	0	41	2477

代码 2:

```
function dz=qq(t, z)
dz=zeros(8,1) ;
a=0.000107593196449557;
b=0;
w=0.301185431268702;
q=0.506343491;
b2=7.51950955852228E-6;
```

```

q2=-1.23907471853569E-7;
w2=1.49931331589255;
dz(1)=-q2*z(7)*z(1)-b2*z(1)*z(3);
dz(2)=q2*z(1)*z(7)-z(2)*q2;
dz(3)=b2*z(3)*z(1)+q2*z(2)-z(3)*w2;
dz(4)=z(2)*w2;
dz(5)=-a*z(7)*z(5)-b*z(5)*z(7);
dz(6)=a*z(5)*z(7)-z(6)*q;
dz(7)=b*z(5)*z(7)+q*z(6)-z(7)*w;
dz(8)=z(7)*w;
end
figure('OuterPosition',[759 139 576 514]);
axes1 = axes;
hold(axes1,'on');
plot(X1,Y1,'Color',[0 0 1]);
ylabel({'人数/个'});
xlabel({'周数/周'});
title({'人类退出群 (R) 的实际值与预测值'});
box(axes1,'on');
figure('OuterPosition',[31 -5 1366 744]);
axes1 = axes;
hold(axes1,'on');
plot(X1,Y1,'DisplayName','data1','Color',[0 1
1]);
ylabel({'人数/个'});
xlabel({'周数/周'});
title({'人类易感群 (S) 数量的实测值与预测值'});
box(axes1,'on');
legend(axes1,'show');
figure('OuterPosition',[679 122 576 514]);

```

```

axes1 = axes;
hold(axes1, &apos;on&apos;);
plot(X1, Y1, &apos;Color&apos;, [1 0 0]);
ylabel(&apos;人数/个&apos;);
xlabel(&apos;周数/周&apos;);
title(&apos;人类潜伏群（E）的实际值与预测值&apos;);
box(axes1, &apos;on&apos;);
figure(&apos;OuterPosition&apos;, [759 139 576 514]);
axes1 = axes;
hold(axes1, &apos;on&apos;);
plot(X1, Y1, &apos;Color&apos;, [0 1 0]);
ylabel(&apos;人数/个&apos;);
xlabel(&apos;周数/周&apos;);
title(&apos;人类感染群（I）的实际值与预测值&apos;);
box(axes1, &apos;on&apos;);

```

$$\begin{cases} \frac{dPs}{dt} = -\alpha_2 PiPs - \beta_1 PiPs \\ \frac{dPe}{dt} = \alpha_2 PiPs - \lambda_2 Pe \\ \frac{dPi}{dt} = \beta_2 PiPs + \lambda_2 Pe - \gamma_2 Pi \\ \frac{dPr}{dt} = \gamma_2 Pi \end{cases}$$

$$\overline{\alpha_1} = -1.2391, \quad \overline{\beta_1} = 7.5195, \quad \overline{\gamma_1} = 1.4993, \quad \overline{\lambda_1} = -1.2391$$

```
function dy=seir(t,y)
```

```
dy=zeros(4,1);
```

```

b=7.5195;
a=-1.2391;
c=1.4993;
e=-1.2391;
dy(1)=-y(3)*y(1)*a-b*y(1)*y(3);
dy(2)=a*y(1)*y(3)-e*y(2);
dy(3)=b*y(1)*y(3)+e*y(2)-c*y(3);
dy(4)=c*y(3);
end

[t,y]=ode45('seir',11:1:55,[199370,148,45,437]);

figure,plot(t,y(:,1),'k');
figure,plot(t,y(:,2),'k');
figure,plot(t,y(:,1),'k');
figure,plot(t,y(:,3),'k');
figure,plot(t,y(:,4),'k');

 $P_{S_0}=199370, P_{E_0}=148, P_{I_0}=45, P_{R_0}=437$ 

```