

"Представяне на математическия модел SIR с помощта на софтуера Mathematica"

Тихомир Божков, Деси Йорданова, Златина Джанаварова

Септември 2018

Съдържание

| | | |
|----------|--|----------|
| 1 | Въведение | 2 |
| 1.1 | Цел на проекта | 2 |
| 2 | SIR модела | 3 |
| 2.1 | Какво представлява SIR модела? | 3 |
| 2.2 | Анализ на данните и на самия математически модел | 4 |

Глава 1

Въведение

1.1 Цел на проекта

Историята на епидемиите е една забележителна тема. Болести като Черната смърт, голямата чума в Лондон от 1665г. и дори обикновена настинка са смятани за нелечими в миналото, а сега се лекуват за дни, дори за часове. Това е възможно благодарение на развитието на технологиите. Съвременни машини ни помагат да предвидим и ограничим появата и разрастването на такива болести. Машини работещи със сложни софтуери, които работят на принципа на математически модели ни помагат да изчислим с много голяма точност резултата от един такъв процес. Точно такъв математически модел ще използваме и ние.

SIR моделът е прост модел на епидемия причинена от инфекциозна болест при голяма популация. Считаме, че популацията се състои от три типа индивиди, които ще означим с латинските букви S, I и R (ето защо и се нарича SIR модел). Трите типа са функции на времето (което ще бележим с латинското t) и се променят в зависимост от система диференциални уравнения.

Глава 2

SIR модела

2.1 Какво представлява SIR модела?



Фигура 2.1: Графично представяне на SIR модела

S е променливата на податливите, които не са инфектирани, но могат да бъдат.

I е променливата на инфектираните. Тези субекти са заразени и могат да предадат болестта на податливите.

R е променливата на преминали от болни към оздравели. Те може да са или да не са заразени, но не могат да станат инфектирани и не могат да предават болестта. Те може да имат натурален имунитет или да са се излекували от болестта и да имат имунитет да не се заразят отново, или може да са заразени, но да са неспособни да я предават на друг (например, защото са били под карантина), или са починали. Математическият модел не разграничава тези възможности.

Моделът, който ще разгледаме предполага времева скала, достатъчно малка, така че разликата между раждаемост и смъртност (смъртност различна от тази причинена от болестта) може да бъде пренебрегната.

2.2 Анализ на данните и на самия математически модел

Нова инфекция възниква в резултат на контакт между инфектирани и податливи. В този прост модел изменението на податливите във времето, с която се появява новата инфекция се изразява с aSI за позитивен константен коефициент a . Този коефициент показва какъв е шансът при среща между податлив и инфектиран, някой от тях да се зарази. Когато се появи нова инфекция заразените индивиди се преместват от групата на податливите в групата на инфектираните. В нашия модел, няма друг начин индивидите влязат или напуснат групата на податливите, затова и имаме нашето първо диференциално уравнение:

$$\frac{\partial S}{\partial t} = -aSI$$

Другият процес, който може да настъпи е инфектираните индивиди да влязат в групата на преминалите от болни към оздравели. Считаме, че това става със изменението на инфектираните във времето rI за позитивен константен коефициент r , които показва шансът инфектираният да е оздравял. По този начин получаваме останалите две диференциални уравнения:

$$\frac{\partial I}{\partial t} = aSI - rI$$

$$\frac{\partial R}{\partial t} = rI$$

Някои неща, които трябва да отбележим:

-Общото население е константа $S+I+R=N$, където N е популацията, защото

$$\frac{\partial S}{\partial t} + \frac{\partial I}{\partial t} + \frac{\partial R}{\partial t} = -aSI + (aSI - rI) + rI = 0$$

За удобство можем да изберем единиците за население, така че популацията да е равна на 1.

-За $I=0$, т.е. няма инфектирани дясната част и на трите уравнения е 0, така че нищо не се изменя. За да го направим интересно трябва да започнем с някакъв брой инфектирани.