

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования

**«Дальневосточный федеральный университет»**

**(ДВФУ)**

|  |
| --- |
| **ИНСТИТУТ МАТЕМАТИКИ И КОМПЬЮТЕРНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ**  **Департамент математического и компьютерного моделирования** |

**Реферат**

по дисциплине

«Уравнения математической физики»

по теме:

«Математическая модель переноса вирусов в виде ОДУ»

направление подготовки 02.03.01 «Математика и компьютерные науки»

направление образовательной программы

«Сквозные цифровые технологии»

|  |  |
| --- | --- |
|  | Выполнил студент  гр. Б9119-02.03.01сцт  Петров С.Д.  \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ |
|  | *(Ф.И.О.) (подпись)*  Проверил  Алексеев Г. В.  \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_  *(Ф.И.О.) (подпись)*  «01»\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_2023г. |
|  | февраля |

г. Владивосток

2023

**Оглавление**

[**1. Введение 3**](#_Toc125566243)

[**2. Модель “SIR” 3**](#_Toc125566244)

[**2.1. Введение 3**](#_Toc125566245)

[**2.2. Описание процесса 3**](#_Toc125566246)

[**2.3. Обозначение переменных 4**](#_Toc125566247)

[**2.4. Построение математической модели 4**](#_Toc125566248)

[**2.5. Программная реализация 5**](#_Toc125566249)

[**2.5.1. Код реализации 6**](#_Toc125566250)

[**2.5.2. Графики 7**](#_Toc125566251)

[**2.5.3. Анализ графиков 8**](#_Toc125566252)

[**2.6. Вывод 8**](#_Toc125566253)

[**3. Модель “WIRiv” 8**](#_Toc125566254)

[**3.1. Введение 8**](#_Toc125566255)

[**3.2. Описание процесса 9**](#_Toc125566256)

[**3.3. Обозначение переменных 9**](#_Toc125566257)

[**3.4. Построение математической модели 10**](#_Toc125566258)

[**3.5. Программная реализация 10**](#_Toc125566259)

[**3.5.1. Код реализации 11**](#_Toc125566260)

[**3.5.2. Графики 14**](#_Toc125566261)

[**3.5.3. Анализ графиков 14**](#_Toc125566262)

[**3.6. Вывод 15**](#_Toc125566263)

[**4. Заключение 15**](#_Toc125566264)

1. Введение

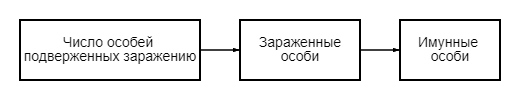
Эпидемии издавна угрожали человечеству, и только в ХХ веке были разработаны эффективные средства борьбы с инфекциями.

Проблема вирусной заболеваемости и возникновение эпидемий требует оперативного решения и активно исследуется во всем мире, в том числе – и с использованием математического аппарата и компьютеров. Математическое компьютерное моделирование используется для исследования механизмов распространения болезни. Такие модели позволяют прогнозировать и оценивать динамики передачи заболеваний. Это позволяет анализировать и контролировать ситуацию, связанную с распространением вируса, а также предугадывать серьёзные последствия и принимать соответствующие меры по их устранению.

1. Модель “SIR”
   1. Введение

Данная модель была разработана в 1927 году и показывает распространение вируса в популяции особей. В модели заболевание передается при контакте здоровой особи с зараженной.

* 1. Описание процесса



Пусть в момент времени 0 имеются:

Восприимчивые особи из множества инфицируются при контакте с особями из множества со скоростью .

Инфицированные особи получают иммунитет со скоростью .

* 1. Обозначение переменных

Обозначим переменные, необходимые для данной модели:

* *с* – скорость заражения
* *w* – скорость иммунизации
* *S(t)* – число особей, подверженных заражению
* *I(t)* – число зараженных особей
* *R(t)* – число особей, получивших иммунитет
  1. Построение математической модели

Для начала определим, как меняется число особей, подверженных заражению. Оно может измениться от контакта с инфицированными.

**Комментарий:** *из этого уравнения видно, что число подверженных заражению особей уменьшается в зависимости от числа инфицированных, не инфицированных и скорости заражения. Таким образом, моделируется заражение особей при контакте.*

Скорость изменения количества особей с иммунитетом имеет следующий вид:

**Комментарий*:*** *отсюда видно – число выздоровевших особей меняется в зависимости от числа инфицированных особей и скорости выздоровления.*

Составим уравнение, выражающее скорость изменения количества инфицированных особей:

**Комментарий:** *можно заметить, что число инфицированных особей увеличивается на количество только что зараженных особей и одновременно уменьшается на число только что выздоровевших особей.*

* 1. Программная реализация

Для реализации будем использовать язык программирования Python

* + 1. Код реализации

class SIR:

def \_\_init\_\_(self, S, I, R, c, w, h):

self.sum = S + I + R

self.S, self.I, self.R = S / self.sum, I / self.sum, R / self.sum

self.c, self.w = c / self.sum, w / self.sum

self.h = h

def create\_time\_line(self, max\_timer, step=1):

S\_line = []

I\_line = []

R\_line = []

S, I, R = self.S, self.I, self.R

for t in range(int(max\_timer / self.h) + 1):

if t % step == 0:

S\_line += [S]

I\_line += [I]

R\_line += [R]

S, I, R = (

S - self.c \* self.h \* I \* S,

I + self.c \* self.h \* I \* S - self.w \* self.h \* I,

R + self.w \* self.h \* I,

)

return (

np.array(S\_line) \* self.sum,

np.array(I\_line) \* self.sum,

np.array(R\_line) \* self.sum,

)

def create\_plot(self, max\_timer, step):

S\_list, I\_list, R\_list = self.create\_time\_line(max\_timer, step)

steps = S\_list.shape[0]

x = range(steps)

plt.fill\_between(x, [0] \* steps, S\_list, label="Подверженные заражению")

plt.fill\_between(x, S\_list, I\_list + S\_list, label="Зараженные")

plt.fill\_between(

x, S\_list + I\_list, S\_list + I\_list + R\_list, label="Выздоровевшие"

)

plt.xlabel("Часы")

plt.ylabel("Особи")

plt.legend()

plt.show()

* + 1. Графики

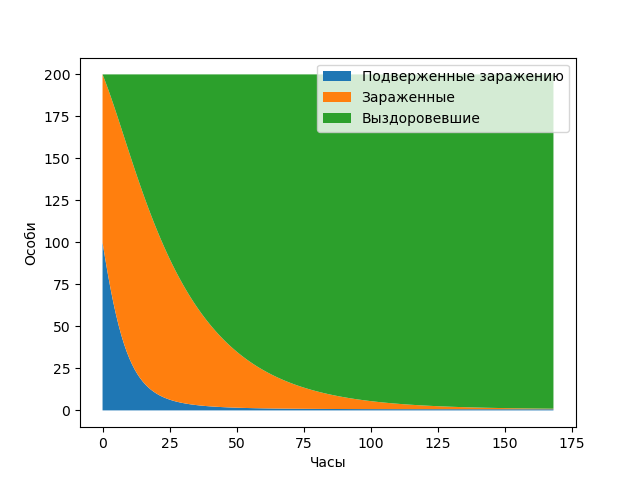


Рис. 1 График модели SIR с и средней

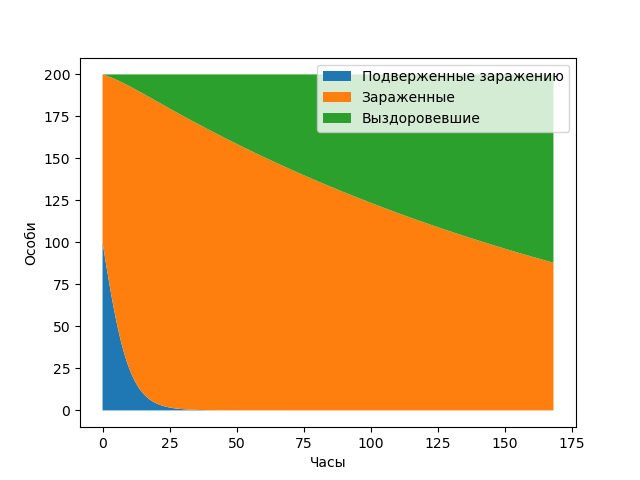


Рис. 2 График модели SIR c и

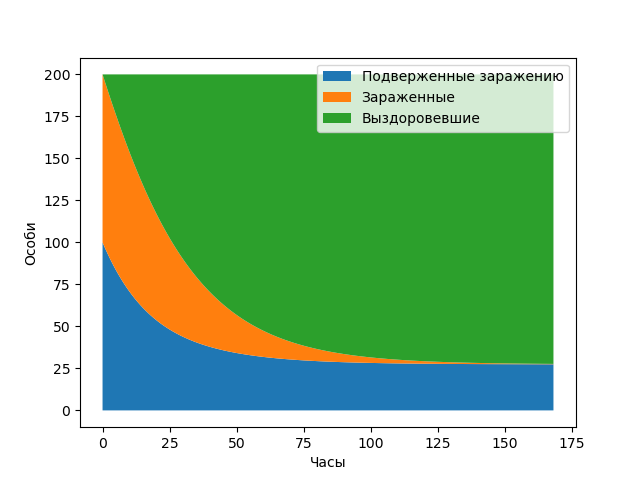


Рис. 3 График модели SIR с и

* + 1. Анализ графиков

На всех графиках отображен период в неделю с начала моделирования. Количество зараженных и незараженных особей равны 100. Шаг по времени для моделирования – 1 минута.

На Рис. 1 изображен случай, в котором из-за скорости заражения и выздоровления вся эпидемия заканчивается через 5 дней и не остается не переболевших особей.

На Рис. 2 - из-за медленной скорости выздоровления эпидемия продолжается слишком долго и ее завершение не влезает в смоделированный промежуток.

На Рис. 3 – из-за достаточно большой скорости выздоровления эпидемия заканчивается до того момента, когда все особи переболели.

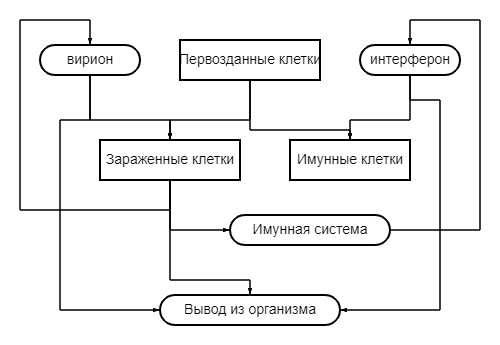
* 1. Вывод

Данная модель учитывает основные отношения между изменениями количества особей в разных группах(S, I, R). Однако модель не учитывает распределение особей по территории, способ передачи заболевания, а также период, после которого особь не восприимчива к вирусу.

1. Модель “WIRiv”
   1. Введение

Данная модель описывает процессы, происходящие внутри организма, а именно распространение вируса внутри организма на клеточном уровне.

* 1. Описание процесса



Пусть

Клетки, которые были в организме изначально(), под воздействием вирионов или молекул интерферона могут стать зараженными или иммунными соответственно. Через определенный промежуток времени определенная доля интерферонов, вирионов и инфицированных клеток удаляется. Также инфицированные клетки производят вирионы, и на каждую инфицированную клетку организм производит интерферон.

* 1. Обозначение переменных

Обозначим переменные, необходимые для данной модели:

* *W(t)* – количество первозданных клеток
* *I(t)* – количество инфицированных клеток
* *R(t)* – количество клеток, получивших иммунитет
* *i(t)* – количество молекул интерферона
* *v(t)* – количество вирионов
* – количество интерферонов и вирионов на инфицированную клетку
* – доля удаляемого интерферона, вириона, инфицированных клеток за единицу времени
* – доля первозданных клеток, вступивших в контакт с интерфероном или вирионом
* – доля интерферонов или вирионов, которые уходят на взаимодействие с первозданным клетками
  1. Построение математической модели

Запишем уравнение изменения числа первозданных клеток:

Уравнение, отображающее скорость изменения зараженных особей:

Уравнение скорости изменения количества резистентных клеток:

Уравнение, выражающее скорость изменения числа вирионов:

Уравнение, отображающее скорость изменения числа молекул интерферона:

**Комментарий:** *заметим, что в последних двух уравнениях производная может иметь как отрицательный, так и положительный знак. Что значит, число вирионов и интерферонов может увеличиваться или уменьшаться.*

* 1. Программная реализация

Для вычислений необходимо перевести число клеток в проценты от общего числа клеток. Так же необходимо поступить и с числом вирионов и интерферонов. В таком случает произведение параметров в уравнениях не будет «взрываться».

* + 1. Код реализации

import numpy as np

import matplotlib.pyplot as plt

class WIRiv:

def \_\_init\_\_(self, W, I, R, i, v, g, mu, alpha, beta, h, max\_interferon=1000):

self.ceil\_sum = W + I + R

self.W = W / self.ceil\_sum

self.I = I / self.ceil\_sum

self.R = R / self.ceil\_sum

self.molec = max\_interferon

self.i = i / self.molec

self.v = v / self.molec

self.g\_i = g["i"]

self.g\_v = g["v"]

self.m\_i = mu["i"]

self.m\_I = mu["I"]

self.m\_v = mu["v"]

self.a\_i = alpha["i"]

self.a\_v = alpha["v"]

self.b\_i = beta["i"]

self.b\_v = beta["v"]

self.h = h

def create\_time\_line(self, max\_timer, step=1):

W\_line = []

I\_line = []

R\_line = []

i\_line = []

v\_line = []

W = self.W

I = self.I

R = self.R

i = self.i

v = self.v

for t in range(int(max\_timer / self.h) + 1):

if t % step == 0:

W\_line += [W]

I\_line += [I]

R\_line += [R]

i\_line += [i]

v\_line += [v]

W, I, R, i, v = (

W - self.a\_i \* i \* W - self.a\_v \* v \* W,

I + self.a\_v \* v \* W - self.m\_I \* I,

R + self.a\_i \* i \* W,

i + self.g\_i \* I - self.b\_i \* i \* W - self.m\_i \* i,

v + self.g\_v \* I - self.b\_v \* v \* W - self.m\_v \* v,

)

return (

np.array(W\_line) \* self.ceil\_sum,

np.array(I\_line) \* self.ceil\_sum,

np.array(R\_line) \* self.ceil\_sum,

np.array(i\_line) \* self.molec,

np.array(v\_line) \* self.molec,

)

def create\_plot(self, max\_timer, step):

W\_line, I\_line, R\_line, i\_line, v\_line = self.create\_time\_line(max\_timer, step)

steps = W\_line.shape[0]

x = range(steps)

fig, (ax1, ax2) = plt.subplots(1, 2, figsize=(16, 6))

ax1.fill\_between(x, [0] \* steps, W\_line, label="Подверженные заражению")

ax1.fill\_between(x, W\_line, I\_line + W\_line, label="Зараженные")

ax1.fill\_between(

x, W\_line + I\_line, W\_line + I\_line + R\_line, label="Выздоровевшие"

)

ax1.legend()

ax2.plot(x, i\_line, label="Интерферон")

ax2.plot(x, v\_line, label="Вирион")

ax2.legend()

plt.show()

* + 1. Графики

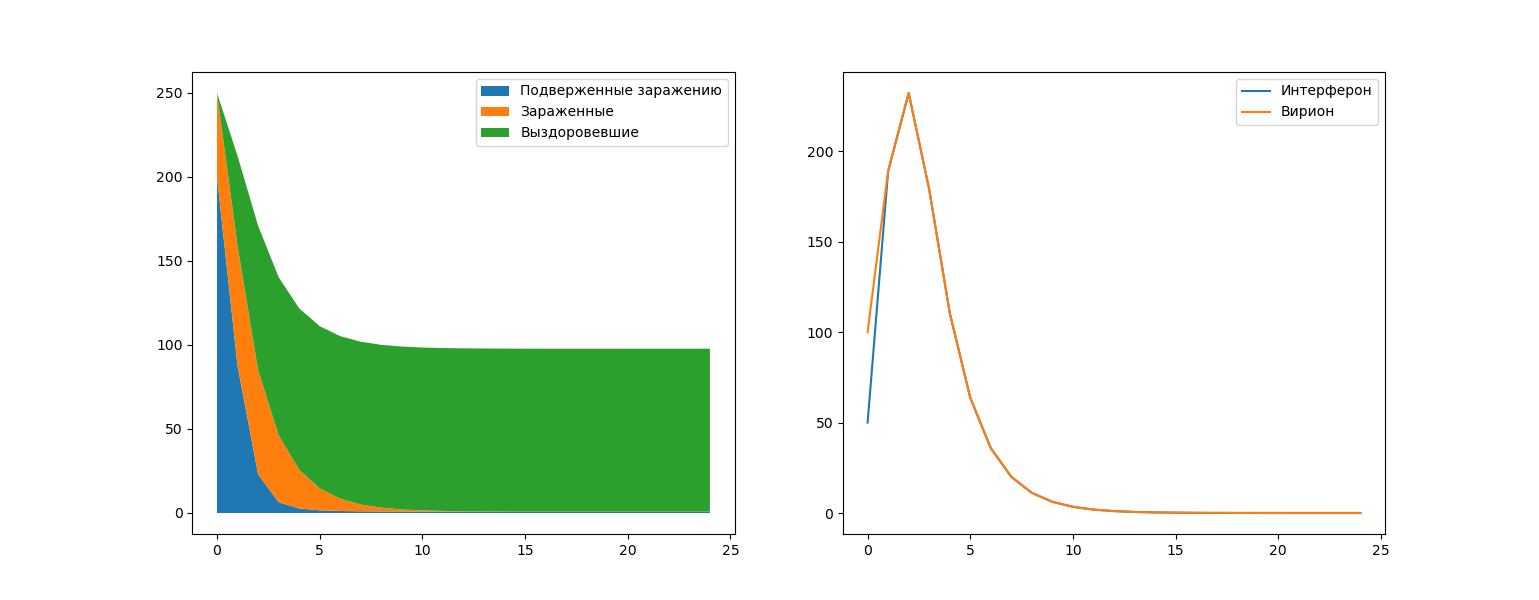


Рис. 4

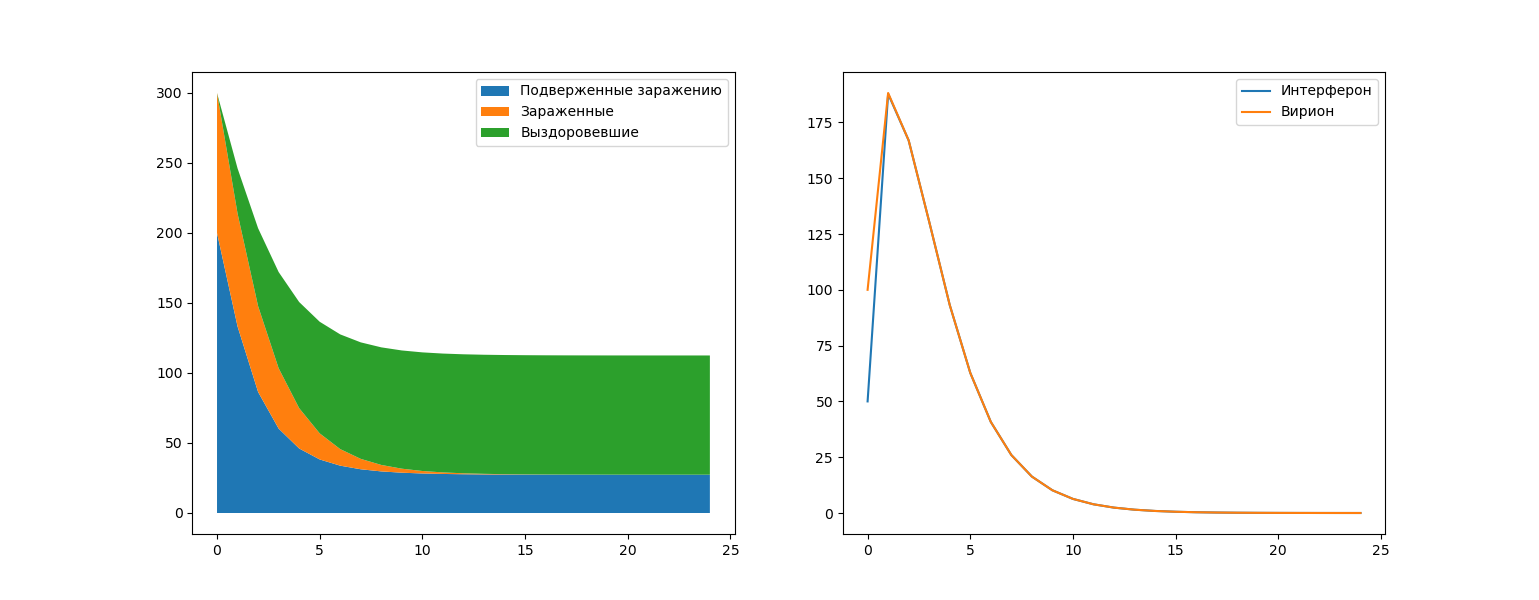


Рис. 5

* + 1. Анализ графиков

На графиках отображен промежуток в 24 часа с начала моделирования.

На Рис. 4 параметры подобранны таким образом, что за первые 6 часов все клетки заражаются и далее медленно вымирают. Удачно, что при увеличении числа зараженных клеток увеличивается число интерферона, а следственно, клетки получают иммунитет гораздо быстрее.

На Рис. 5 зараженные клетки слишком быстро вымирают, вследствие чего не все первозданные клетки получают иммунитет.

* 1. Вывод

Данная модель учитывает наличие интерферона и вирионов, а также скорости их выведения.

1. Заключение

В данной работе были рассмотрены математические модели по распространению вирусов и инфекций, описанные при помощи ОДУ. Были созданы реализации, помогающие познакомиться с результатами работы данных моделей.