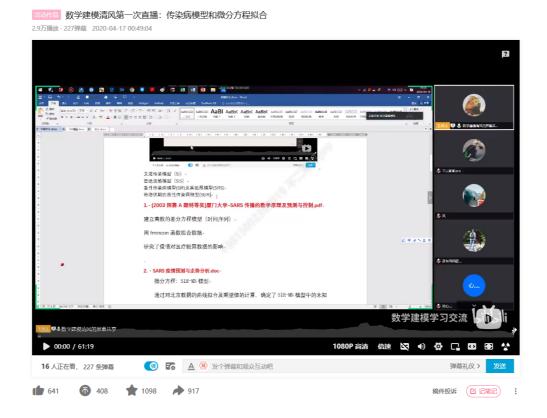
清风"数学建模算法讲解"全套视频,单人购买观看仅需58元

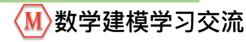
注:本课件配套的视频可在bilibili网站上面免费观看,这是数学建模清风老师讲解的公开课系列。

视频观看地址: https://www.bilibili.com/video/BV1Hi4y1t7uu



由于作者水平所限,课件中存在的不妥之处,敬请读者不吝赐教。 如需在博客或者论坛中**引用**本课件中的内容,**请注明来源**,格式如下:

参考资料:数学建模清风第一次直播:传染病模型和微分方程拟合 https://www.bilibili.com/video/BV1Hi4y1t7uu



遗传病模型的估计

https://www.bilibili.com/video/BV1E7411z79B

视频中介绍了常见的遗传病模型 (这里面介绍的模型最为基础)



艾滋传染模型 (SI)

普通流感模型 (SIS)

急性传染病模型(SIR)及其拓展模型(SIRS)

带潜伏期的恶性传染病模型(SEIR)

1. [2003 国赛 A 题特等奖]厦门大学-SARS 传播的数学原理及预测与控制.pdf

建立离散的差分方程模型(时间序列)

用 matlab 函数拟合数据

研究了疫情对医疗股票数据的影响

2. SARS 疫情预测与走势分析.doc

微分方程: SIR-MN 模型

通过对北京数据的曲线拟合及期望值的计算,确定了 SIR-MN 模型中的未知参数。(没有优化的

思想)

3. 非典数学模型的建立与分析.pdf (不是比赛论文,是比赛前就发表的)

SARS 爆发初期,政府和公众对其重视程度远远不够;当被感染者大幅度增加时,政府才开始采取多种措施以控制 SARS 的进一步蔓延。所以 SARS 的传播可以分为三个阶段:

- a) 控制前,接近于自然传播时的传播模式。
- b) 过渡期, 在公众开始意识到 SARS 的严重性到政府采取得力措施前的一段时间内。
- c) 控制后, 在介入人为因素之后的传播模式。

我们统一将所有地区的 SARS 传播规律用"控制前"和"控制后"两个时期来分析。

根据两个时期建立了两个不同的微分方程模型。

参数估计方法:

先通过采集到的实际数据算出每一天的 S, I, R, Y, M 做出它们与时间的函数图象,然后画出通过模型解出的数值解的图象。对比两组图,可以发现实际和理论存在着一定的差异。这必然是因为参数估计不合理造成的。必须通过不断调整那些非计算得到的参数(λ_2 , ε , α)来使实际图象和理论图象趋于一致。

如:经过多次调试,发现求解北京模型时,取 $\lambda_2 = 0.71$ 人, $\epsilon = 0.2$, $\alpha = 0.8$ 时,实际图象和理论图象有最好的符合。而这三个值均在估计的范围内,即认为这三个值合理。

4. 考虑自愈的 SARS 的传播模型.pdf(不是比赛论文,是比赛后发表的)

摘要:本文根据对 SARS 传播的分析,把人群分为 5 类:易感类、潜伏期类、患病未被发现类、患病已被发现类和治愈及死亡组成的免疫类,并考虑自愈因素,提出了两个模型:微分方程模型和基于 Small-World Network 的模拟模型。对微分方程模型,以香港为例讨论了自愈的影响,在一定意义下说明自愈现象在 SARS 传播中是普遍存在的。模拟模型利用 Small-World Network^[1]模拟现实中人们之间的接触;借鉴 Sznajd 模型^[2]观念传播的基本思想"考察区域内每个成员如何影响与其有联系的其他成员",用影响类比传染、从患病者去传染与其有接触的健康人的角度,模拟 SARS 的传播过程;然后吸收元胞自动机模型^[3]同步更新的思想,最终建立了一个患病者传染邻居,且一个成员同时受所有邻居影响的基于 Small-WorldNetwork 的模拟模型。对此模型,我们讨论了一些主要参数及接种疫苗的影响,最后拟合北京数据,讨论了提前或推迟 5 天采取措施的影响。

两个模型

(1) 微分方程的参数估计

我们先做出公布的实际数据与时间的函数图象,然后调用 Matlab 软件中的 ode45 函数得到方程的解。对比这两组图,可以发现实际和理论存在着一定的差异。所以,我们必须通过不断调整非确定性参数 (σ,g,μ,z) 来使实际图象和理论图象趋于一致。需要注意的是,公布的 SARS 日累计患病人数是 $I_i(t)+R(t)-\mu E(t)$ 的值,不包括未被发现的 SARS 患病者 $I_v(t)$ 的值。

(2) 基于小世界网络的元胞自动机来模拟病毒传播模拟过程中体现了控制变量的思想(灵敏度分析?)

取 J=0, V=0(即暂不考虑人员流动性及自愈), 固定 Q, L 中的一个, 讨论另一个取不同值时对结果的影响。图 4(1)、(2)为分别改变 Q, L 的情形。

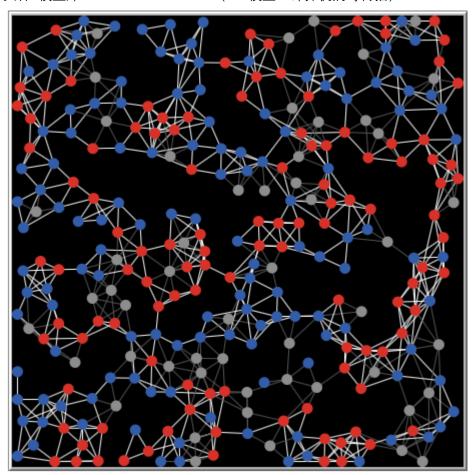
从图 3(1)可以看出,当 L 一定的时候,随着 Q 的增加,患病高峰期逐渐提前,患病人数的峰值逐渐增大。也就是说,如果病毒实际传播性较强,Q 值较大,该区域内一旦有人患病,病毒很快地就传播开来。值得注意的是,Q 有一个阀值 Q_c ,只有 $Q > Q_c$ 时该传染病才会在该区域内开始流行,否则该传染病就不能流行。如图,在 L=10 时,我们得到 $Q_c=0$.

从图 3(2)可以看出,当 Q 一定的时候,随着 L 的增加,患病人数的峰值缓慢增大。也就是说,SARS 患者传染期 L 的增加将加剧 SARS 的传播。我们发现 L 也有一个阀值 L_ϵ ,如果 $L>L_\epsilon$,则 SARS 将大规模流行,否则就不能流行。如图,当 Q=0.1 时, $L_\epsilon=7$ 。

Netlogo 仿真软件的介绍:

Netlogo 是一个用来对自然和社会现象进行仿真的可编程建模环境。它可以在建模中控制成千上万的个体,因此,NetLogo 建模能很好地模拟微观个体的行为和宏观模式的涌现及其两者之间的联系。NetLogo 是用于模拟自然和社会现象的编程语言和建模平台,特别适合于模拟随时间发展的复杂系统。(免费、简单、帮助文档很详细;但是国内使用的人较少,中文资料不够详细)

文件-模型库-virus on a network (SIR 模型: 计算机病毒传播)



传染病微分方程模型

- (1) 收集疫情数据(微信公众号: 狗熊会)
 https://github.com/BlankerL/DXY-COVID-19-Data
- (2) 根据你的数据选择合适的传染病模型(是否分时间段建模?)
- (3) 根据真实的数据初步确定模型中的<mark>未知参数的范围</mark>,并给定一组初始值(确定优化的约束条件)
- (4) 使用 ode45 函数得到数值解,并与真实数据一起构造<mark>残差平方和</mark>,这就是我们要优化的 的<mark>目标函数</mark>
- (5) 使用 fmincon 函数、Isqcurvefit 函数或粒子群等智能算法求解