使用 SRID 模型预测"X 疾病"在人群中的传播 摘要

关键字: Typst 模板 数学建模

一、问题重述

1.1 问题背景

2024年2月,世界卫生组织(WHO)总干事谭德塞博士对"X疾病"的潜在暴发发出了警告,引起了全球的广泛关注。"X疾病"并不指特定的某种疾病,而是由未知病原体引发的,可能导致全球大流行的传染病。由于这种疾病的病因和传播途径尚不明确,因此被称为"X疾病"。这种病理现象可能会导致比新冠大流行还要高 20 倍的死亡率,具有极高的致病性、快速传播的特性,以及易于变异的特征,使得其发生和发展充满了不确定性。

"X疾病"可能源自多种途径,包括化学武器泄漏导致的病毒,以及人类与动物频繁接触引发的新型传染病。在全球化的背景下,人员流动频繁,病原体传播的速度和范围也因此增加,进一步加剧了"X疾病"大流行的风险。随着宿主行为和环境因素的变化,新的传染病可能会更容易大规模传播。

为了更好地理解"X疾病"在人群中的传播规律,科学家和公共卫生专家们需要进行数学建模分析。这些模型可以帮助预测疾病的传播轨迹,评估不同干预措施的效果,并为公共卫生决策提供科学依据。

1.2 需要解决的问题

任务 1: 设计传染病传播模型

首先,我们需要设计一个包括易感者(S)、患者(I)、康复者(R)和死亡者(D)四个群体的传染病传播模型。这个模型将使用传染病传播动力学方程描述各群体之间的转变情况,以准确描述"X疾病"在人群中的传播。具体来说,我们将使用一组微分方程来表征易感者感染为患者、患者康复或死亡的动态过程。

任务 2: 分析传播速度和规模的影响因素

基于我们建立的模型,我们将分析"X疾病"爆发后的传播速度和规模受到哪些因素的影响。这些因素可能包括病毒的传播速率、病死率、康复率、人口密度等。我们还将探讨如何通过调整这些因素来有效控制疾病的传播,从而提出科学合理的公共卫生干预措施。

任务 3: 预测干预措施的效果

假设"X疾病"爆发后,采取了一系列的干预措施,例如隔离、佩戴口罩、接种疫苗等,我们将通过构建数学模型来预测"X疾病"的发展趋势。这些模型将帮助我们评估不同干预措施的效果,从而为制定应对策略提供依据。我们将考虑不同的干预强度和时机,以找到最佳的控制方案。

任务 4: 提出预防和应对建议

基于我们的研究成果,我们将提出关于"X疾病"到来前的几条相关建议。这些建议 将涵盖国际合作、公共卫生教育、医疗资源优化、研究与开发以及环境保护等方面。我 们的目标是通过这些措施,降低"X疾病"暴发的风险,提高全球应对新型传染病的能力。

二、问题分析

2.1 对问题一的分析

为了描述"X疾病"在人群中的传播情况,我们需要完成以下任务:

- 1、**模型的定义与选择**: 采用 SIRD 模型,将人群分为易感者(S)、感染者(I)、康复者(R) 和死亡者(D)四个群体。
- 2、**定义变量和参数**: 包括各群体数量(S,I,R,D)及感染率率(β)康复率(γ)和病死率(μ)。
- 3、建立动力学方程:使用微分方程描述各群体之间的转变情况。
- 4、设置初始条件:设定初始时刻的各群体数量。
- 5、求解模型: 采用数值法求解微分方程组,模拟疾病的传播过程。
- **6、分析和解释结果**:观察和分析各群体数量随时间的变化趋势,评估疫情传播特点和影响因素。

2.2 对问题二的分析

我们需要分析"X疾病"爆发后的传播速度和规模受到哪些因素的影响,并探讨如何通过调控这些因素来有效控制疫情的传播。

- 1、**确定关键参数**: β 传播速率、γ 康复速率、μ 病死率、N 总人口数。
- 2、**分析各参数对疫情传播速度和规模的影响**: 改变单个参数,观察模型输出的变化,评估对疫情传播速度和规模。
- 3、提出控制策略:优先控制对疫情影响最大的参数;结合多个因素提出控制策略。
- **4、模拟和验证:** 引入控制措施后的新参数,进行数值模拟,验证控制措施的有效性。

2.3 对问题三的分析

为了更准确地预测"X疾病"在采取干预措施后的发展趋势,我们可以建立一个带有干预措施的 SEIR 模型。SEIR 模型通过增加暴露者(E)群体,更细致地描述了疾病传播的过程。我们将考虑隔离、佩戴口罩和接种疫苗等干预措施的影响。

- 1、**模型选择与定义**: 采用 SEIR 模型,并引入干预措施。SEIR 模型包括四个群体: 易感者 (S)、潜伏期患者 (E)、感染者 (I) 和康复者 (R)。在该模型基础上,我们还考虑干预措施的影响。
- 2、定义变量和参数:新增参来表示干预措施的影响。
- 3、建立动力学方程:使用微分方程描述各群体之间的转变情况。
- 4、设置初始条件:设定初始时刻的各群体数量。
- 5、求解模型: 采用数值法求解微分方程组,模拟疾病的传播过程。
- **6、分析和解释结果**: 观察和分析各群体数量随时间的变化趋势,评估疫情传播特点和影响因素。

三、模型的假设

- 1、 总人口数N为常数: N = S + E + I + R + D
- 2、 无新生或移入人口。
- 3、 病死率和健康复率是常数,不会随时间变化。
- 4、 均匀混合:每个人有等同的机会接触到其他人。
- 5、 **潜伏期传播假设**: 假设暴露者*E*在潜伏期内不具传染性,只有在转变为感染者*I*后才具有传染性。
- 6、 **干预措施的即时实施和持续有效性**,假设所有干预措施(如隔离、佩戴口罩、接种疫苗)在模拟开始时就已全面实施并且持续有效,没有因为执行力或时间推移而衰减。
- 7、 **隔离效果假设**: 假设隔离措施有效且及时,能够完全隔离被识别的感染者,使他们不再具有传染性。
- 8、 **苗接种效果假设:**假设疫苗接种立即生效且完全有效,被接种者立刻获得免疫,不 会再被感染或传播病毒。
- 9、 **无二次感染假设**:假设康复者 R 和接种疫苗的免疫者不会再被感染,即免疫是永久性的。
- 10、**线性接种假设:** 假设疫苗接种率 ν 是常数,疫苗接种不会因时间或疫苗供应变化而波动。
- 11、疾病传播速率 β ,康复速率 γ ,病死率 μ 为常数

四、符号说明

符号	说明			
N	总人口数量			
S	易感者数量			
E	暴露者数量			
I	感染者数量			
R	康复者数量			
D	死亡者数量			
$oldsymbol{eta}$	传播率(易感者变为暴露者的速率)			
γ	康复率(感染者变为康复者的速率)			
μ	死亡率(感染者变为死亡者的速率)			
σ	潜伏率(暴露者变为感染者的速率)			
ν	疫苗接种率(易感者变为免疫者的速率)			
δ	隔离率 (感染者被隔离的速率)			

五、模型建立与求解

5.1 问题一的模型建立与求解

5.1.1 SIRD 模型

这个部分介绍用于研究"X疾病"传播的 SRID 模型,这个模型将人群分为易感者(S)、感染者(I)、康复者(R)和死亡者(D)四个群体。四个群体之间的转化关系如图 1 所示。

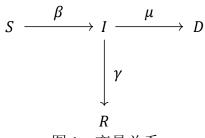


图 1 变量关系

其中,S表示易感者的数量,I表示感染者的数量,R表示康复者的数量,D表示死亡者的数量。易感者S接触到感染者I的概率为 β ,感染者I康复的概率为 γ ,感染者I死亡的概率为 μ 。

四个群体的数量随时间变化的微分方程组如下,公式1表示易感者的变化率,公式2 表示感染者的变化率,公式3表示康复者的变化率,公式4表示死亡者的变化率。

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N}SI\tag{1}$$

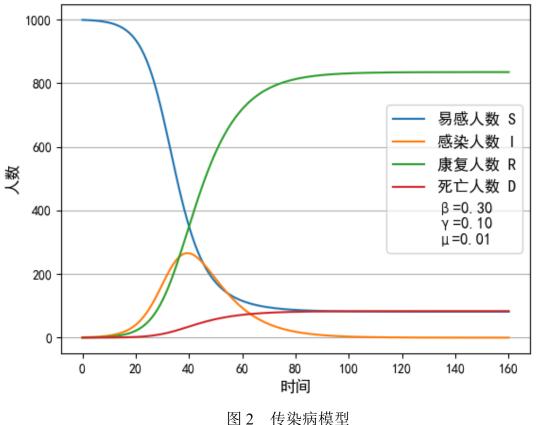
$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}SI - (\gamma + \mu)I \tag{2}$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \tag{3}$$

$$\frac{dD}{dt} = \mu I \tag{4}$$

5.1.2 模型的求解

为了求解上述微分方程组,我们可以采用数值方法,如 Runge-Kutta 方法。给定初始条件($S_0=999,I_0=1,R_0=0,D_0=0$)和参数($\beta=0.3,\gamma=0.1,\mu=0.01$),利用 python语言,我们可以用数值方法计算出各个群体数量随时间变化的曲线如 图 2 所示。



5.1.3 分析和解释结果

从图2中可以看出,整个疫情的传播过程大体可以分为三个阶段:

- 1、初期阶段: 易感者数量急剧增加,但感染者数量较少,随着时间的推移,感染者数 量逐渐增加,康复者数量逐渐减少,最终康复者数量和死亡者数量达到平稳状态。
- 5.2 问题二的模型建立与求解
- 5.3 问题三的模型建立与求解

六、优缺点分析 参考文献