Лабораторная работа №6

Задача об эпидемии

Федорина Эрнест Васильевич

Содержание

1	Цель работы	4	
2	Задание	5	
3	Теоретическое введение	6	
4	Выполнение лабораторной работы 4.1 Строим модели	10 12 13 15 16	
5	Выводы	17	
Сп	Список литературы		

Список иллюстраций

4.1	Динамика популяции группы S(те, кто может заболеть), julia	12
4.2	Динамика популяции особей групп R, I(те, кто имеет иммунитет и	
	инфицированные), julia	13
4.3	Динамика популяции особей групп R, I, S(те, кто имеет иммунитет,	
	инфицированные и подверженные заражению), julia	14
4.4	Динамика популяции группы S(те, кто может заболеть), OpenModelica	15
4.5	Динамика популяции особей групп R, I, S(те, кто имеет иммунитет,	
	инфицированные и подверженные заражению), OpenModelica	16
4.6	Динамика популяции особей групп R, I, S(те, кто имеет иммунитет,	
	инфицированные и подверженные заражению), OpenModelica	16

1 Цель работы

Научиться строить базовую модель распространения эпидемии в Julia, OpenModelica

2 Задание

Вариант 4

На одном острове вспыхнула эпидемия. Известно, что из всех проживающих на острове (N=9000) в момент начала эпидемии (t=0) число заболевших людей (являющихся распространителями инфекции) I(0)=70, А число здоровых людей с иммунитетом к болезни R(0)=10. Таким образом, число людей восприимчивых к болезни, но пока здоровых, в начальный момент времени S(0)=N-I(0)- R(0). Постройте графики изменения числа особей в каждой из трех групп. Рассмотрите, как будет протекать эпидемия в случае:

- 1) если I(0) <= I*
- 2) если I(0) > I*

3 Теоретическое введение

Самой простейшей является SIR-модель (Susceptible–Infected–Removed model), в которой каждый из индивидуумов, входящих в исследуемую популяцию, может находиться в одном из трех возможных состояний: Susceptible (потенциально восприимчивый к заражению), Infected (инфицированный), Removed (выздоровевший и невосприимчивый к заражению). Предполагается, что индивидуумы могут стать невосприимчивыми к заражению только после полного извлечения от инфекции, т.е. в какие-то моменты времени для каждого возможна последовательность переходов Susceptible ® Infected ® Removed.

Основными базовыми предположениями при использовании данной модели является следующие:

- каждый из восприимчивых индивидуумов, контактирующий с инфицированным, имеет определенную вероятность заражения, независящую от времени;
- скорость заражения пропорциональная количеству инфицированных индивидуумов, а также количеству восприимчивых (действительно, чем больше у инфицированных среди всех их контактов людей восприимчивых к заражению, тем будет выше скорость заражения, но конечно при неизменном среднем количестве контактов среди всей исследуемой популяции).
- каждый инфицированный, в свою очередь, имеет постоянную вероятность выздоровления в единицу времени;
 - скорость выздоровлений пропорциональна количеству инфицированных.

Если в какой-то период времени скорость заражения оказывается выше скорости выздоровлений, это означает, что данный период характеризуется распро-

странением эпидемии. В противном случае, можно будет говорить о том, что эпидемия затухает.

В целом, SIR-модель может позволить, по крайней мере, в первом приближении оценить примерную динамику распространения эпидемии. Но реальный процесс протекания болезней несколько сложнее, необходимо учитывать при моделировании еще ряд факторов. В первую очередь это касается того, что процесс заболевания может состоять как минимум из двух стадий: инкубационный период (без внешних признаков заболевания) и непосредственно период болезни (с наличием внешних признаков заболевания и возможной при этом изоляции инфицированного индивидуума). Кроме того могут заболевание каждого индивидуума может протекать в различных формах: в легкой (когда индивидуум может переносить болезнь в домашних условиях), в средней (с возможной необходимостью госпитализации) и в тяжелой (на примере COVID-19 болезнь может перейти в коронавирусную пневмонию с необходимостью перевода пациентов в реанимационное отделение и применения аппаратов искусственной вентиляции легких).

Учесть первый из данных факторов позволяет SEIR-модель (Susceptible—Exposed—Infected—Remodel), являющаяся некоторой модификацией SIR-модели. В данной модели каждый индивидуум может находиться уже в одном из четырех возможных состояний. К трем рассмотренным состояниям в SIR-модели добавляется еще одно Exposed (зараженный, находящийся в инкубационном периоде). В какие-то моменты времени для каждого возможна последовательность переходов.

Реализовать данную модель можно как с применением аналитического (с составлением системы дифференциальных уравнений), так и имитационного моделирования. С учетом того, что требуется рассмотрение различных сценариев, в которых могут учитываться определенные внешние воздействия на систему, отражающие какие-то профилактические или ограничительные мероприятия, некоторые из параметров данной системы (например, частота социальных контактов) будут нестационарными. Кроме того, анализ распространения и тяжести

протекания болезни при COVID-19 за прошедший период, предполагает необходимость разделения всей исследуемой популяции на некоторые возрастные категории, т.к. по большей части у молодого населения болезнь протекала в легкой стадии. В то же время, у старшего населения очень часто болезнь протекала в тяжелой форме и заканчивалась зачастую летальным исходом. [1]

Наша популяция, состоящая из N особей, делится на три группы.

- S(t) те, кто может заболеть
- I(t) те, кто заболел и представляют опасность для остальных
- R(t) выздоровившие особи с иммунитетом

До того, как число заболевших не превышает I считаем, что все больные были изолированы и не больше заражают здоровых. Когда I(0)>I*, тогда инфицирование способны заражать подверженных заболеванию особей.

Скорость изменения числа S(t) меняется по следующему закону:

$$\frac{\partial S}{\partial t} = \begin{cases} -\alpha S, \ I(t) > I^* \\ 0, \ I(t) \le I^* \end{cases}$$

Скорость изменения числа больных особей представляет разность за единицу времени между заразившимися и теми, кто уже болеет и лечится, т.е.:

$$\frac{\partial I}{\partial t} = \begin{cases} \alpha S - \beta I, \ I(t) > I^* \\ -\beta I, \ I(t) \le I^* \end{cases}$$

Скорость изменения выздоравливающих особей (при этом приобретающие иммунитет к болезни)

$$\frac{\partial R}{\partial t} = \beta I$$

Постоянные пропорциональности:

•

 α

— коэффициент заболеваемости

•

 β

— коэффициент выздоровления

Для того, чтобы решения соответствующих уравнений определялось однозначно, необходимо задать начальные условия. Считаем, что на начало эпидемии в момент времени t=0 нет особей с иммунитетом к болезни R(0)=0, а число инфицированных и восприимчивых к болезни особей I(0) и S(0) соответственно. Для анализа картины протекания эпидемии необходимо рассмотреть два случая: $I(0) > I^*$ и $I(0) <= I^*$.

4 Выполнение лабораторной работы

4.1 Строим модели

Для начала построим эту модель на Julia:

```
using Plots
using DifferentialEquations
using OrdinaryDiffEq

const N = 9000
const I0 = 70
const R0 = 10
S0 = N - I0 - R0
const alpha = 0.07
const beta = 0.1

u0 = [S0, I0, R0]

P0 = (beta)

T = (0, 80)

function F0(du, u, p, t)
   beta = p
```

```
du[1] = 0
    du[2] = -beta*u[2]
    du[3] = beta*u[2]
end
problem0 = ODEProblem(F0, u0, T, P0)
solution0 = solve(problem0, Tsit5(), dtmax=0.01)
plt0 = plot(solution0, vars=(0,1), color=:brown, label="S(t)", title="Динамика из
plt1 = plot(solution0, vars=(0,2), color=:red, label="I(t)", title="Динамика изме
plot!(plt1, solution0, vars=(0,3), color=:green, label="R(t)")
savefig(plt0, "j11.png")
savefig(plt1, "j12.png")
P1 = (alpha, beta)
function F1(du, u, p, t)
    alpha, beta = p
    du[1] = -alpha*u[1]
    du[2] = alpha*u[1]-beta*u[2]
    du[3] = beta*u[2]
end
problem1 = ODEProblem(F1, u0, T, P1)
solution1 = solve(problem1, Tsit5(), dtmax=0.01)
plt2 = plot(solution1, vars=(0,1), color=:purple, label="S(t)", title="Динамика и
```

```
plot!(plt2, solution1, vars=(0,2), color=:blue, label="I(t)")
plot!(plt2, solution1, vars=(0,3), color=:orange, label="R(t)")
savefig(plt2, "j2.png")
```

4.1.1 1 случай Julia - I(0) <= I*

Случай, в котором все инфицированные изолированы от тех, кто может заболеть и никто новый не заражается:

Здесь всё достаточно просто: мы завели все нужные коэффициенты, начальные условия, составили систему дифф. уравнений, решили её с помощью DifferentialEquations, а потом построили графики изменения популяций групп S, I, R(рис. [4.1],[4.2].

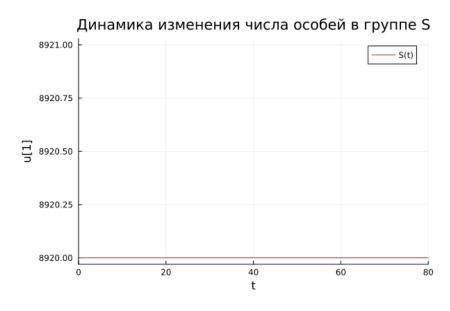


Рис. 4.1: Динамика популяции группы S(те, кто может заболеть), julia

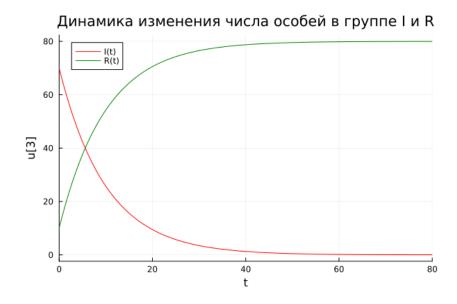


Рис. 4.2: Динамика популяции особей групп R, I(те, кто имеет иммунитет и инфицированные), julia

4.1.2 2 случай Julia - I(0) > I*

Случай, в котором все инфицированные уже не изолированы от тех, кто может заболеть и люди, подверженные заражению, постепенно заражаются:(рис. [4.6].)

Динамика изменения числа особей в группах S,I,F

Рис. 4.3: Динамика популяции особей групп R, I, S(те, кто имеет иммунитет, инфицированные и подверженные заражению), julia

Теперь давайте построим эту же модель с помощью OpenModelica.

Задаем параметры, начальные условия, определяем систему уравнений и выполняем симуляцию этой модели.

```
model lab6
constant Real alpha = 0.07;
constant Real beta = 0.1;
constant Real N = 9000;

Real R;
Real I;
Real S;

initial equation
R = 10;
I = 70;
S = N - I - R;
```

equation

```
der(S) = -alpha*S;
der(I) = alpha*S-beta*I;
der(R) = beta*I;
end lab6;
```

В коде представлен сразу второй случай, когда в первом достаточно просто поменять сами уравнения, по аналогии с тем, как мы это делали в Julia.

4.1.3 1 случай OpenModelica - I(0) <= I*

В данном ПО всё ещё проще: Задаём нач. условия, записываем два дифф. уравнения, настраиваем симуляцию и запускаем её, после чего получаем два графика(рис. [4.4],[4.5].)

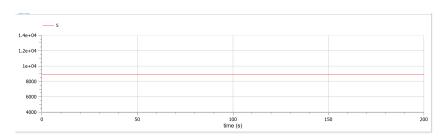


Рис. 4.4: Динамика популяции группы S(те, кто может заболеть), OpenModelica

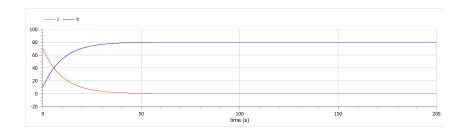


Рис. 4.5: Динамика популяции особей групп R, I, S(те, кто имеет иммунитет, инфицированные и подверженные заражению), OpenModelica

4.1.4 2 случай OpenModelica - I(0) > I*

Случай, в котором все инфицированные уже не изолированы от тех, кто может заболеть и люди, подверженные заражению, постепенно заражаются:(рис. [??].)

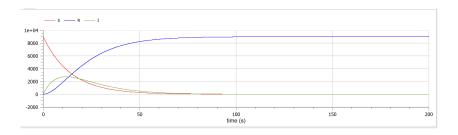


Рис. 4.6: Динамика популяции особей групп R, I, S(те, кто имеет иммунитет, инфицированные и подверженные заражению), OpenModelica

Сравнивая графики, полученные в Julia и OpenModelica, разницы особой незаметно(разве что масштаб), значит мы всё сделали правильно: Во втором случае, например, люди, подверженные заражению - в динамике они болеют и их число уменьшается, значит увеличивается число инфицированных, а число особей с иммунитетом тоже увеличивается(т.к люди выздоравливают и получают иммунитет).

5 Выводы

В процессе выполнения данной лабораторной работы я построил модель развития эпидемии на языке прогаммирования Julia и посредством ПО OpenModelica, а также провел сравнительный анализ их результатов.

Список литературы

1. Задача об эпидемии [Электронный ресурс]. URL: https://futurepubl.ru/ru/n auka/article/37206/view.