

Uniwersytet Mikołaja Kopernika
Wydział Matematyki i Informatyki

Klaudia Matyjasek
nr albumu 219863

praca zaliczeniowa
na kierunku matematyka

Wybrane zastosowania równań
różniczkowych zwyczajnych w biologii

*Praca zaliczeniowa
z seminarium dyplomowego
prowadzący — dr Krzysztof Leśniak*

TORUŃ 2010

Wstęp

Równania różniczkowe są ważną częścią matematyki. Wykorzystuje się je do rozwiązywania wielu zagadnień i mają wiele praktycznych zastosowań. Większość modeli matematycznych jest opisywanych właśnie dzięki nim. Są obecne w fizyce, chemii, biologii, czy medycynie.

Modelowanie polega na opisanu pewnego zjawiska najczęściej układem równań, przy pewnych założeniach. W celu weryfikacji modelu, sprawdza się rozwiązania układu dla konkretnych danych eksperymentalnych. Oczywiście, aby model był poprawny musimy mieć do czynienia z jednoznacznością rozwiązania. Wykorzystując modele matematyczne, możemy na podstawie danych wielkości początkowych przewidzieć dalszy przebieg badanego zjawiska.

Wyróżnia się dwa zasadnicze podejścia do modelowania: *dyskretne* i *ciągłe*. Dyskretne, wtedy gdy posiadamy wiedzę na temat badanych wielkości w zadanym odstępnie czasu - np. co 5 minut i w celu zbadania kolejnego wyniku bierzemy pod uwagę poprzedni lub wszystkie poprzednie. Nie interesuje nas, co działo się między kolejnymi jednostkami czasu. Model ciągły różni się od dyskretnego właśnie tym, że wiemy, jak zachowuje się dana zmienna w sposób ciągły. W każdej chwili jesteśmy w stanie odpowiedzieć na pytanie, co się stanie w dowolnym czasie. Z reguły, nasza wiedza wynikająca z doświadczeń ma charakter dyskretny. Istnieją jednak sposoby przechodzenia od jednego podejścia do drugiego.

W dalszej części omówię dwa modele populacyjne i dwa modele epidemiologiczne opisane równaniami różniczkowymi zwyczajnymi.

Rozdział 1

Jednowymiarowe modele wzrostu populacji

1.1 Równanie Malthusa

Malthus zaproponował w 1798 roku model wzrostu populacji, zauważając, że liczba ludności na świecie rośnie geometrycznie, a zasoby żywności arytmetycznie. W takiej sytuacji, jak można się domyślić, łatwo rozpatrywać nasz model w podejściu dyskretnym, jednak zajmiemy się podejściem ciągłym. Dla uproszczenia przyjmujemy założenia:¹

- rozpatrujemy tylko jeden gatunek, który ma nieograniczone możliwości żywieniowe, ponadto populacja jest jednorodna
- obserwujemy tylko wzrost populacji, więc osobniki nie umierają

Po przejściu od modelu dyskretnego do ciągłego otrzymujemy równanie:

$$x'(t) = ux(t) \tag{1.1}$$

gdzie u jest współczynnikiem rozrodczości (oczywiście $u > 0$).

Rozwiązaniem tego równania jest:

$$x(t) = x_0 e^{ut} \tag{1.2}$$

¹Na podstawie [2, U. Foryś, str. 28–36]

gdzie x_0 jest początkową wielkością populacji. Rozwiązanie, jak widać, biegnie do nieskończoności w czasie, czyli wielkość populacji musiałaby wzrastać do nieskończoności, a to, jak wiadomo, jest niemożliwe. Istnieją populacje, które w pewnych okresach wykazują wzrost, który można opisać równaniem 1.1.

Możemy lekko zmodyfikować nasz model uwzględniając śmiertelność. Nadal populacja jest jednorodna. Przyjmując oznaczenia:

- u — wskaźnik urodzeń,
- z — wskaźnik zgonów

dostajemy równanie:

$$x'(t) = kx(t) \quad (1.3)$$

gdzie k jest współczynnikiem wzrostu określonym jako $k = u - z$. Rozwiązując to równanie, otrzymujemy wykładnicze prawo wzrostu:

$$x(t) = ce^{kt} \quad (1.4)$$

gdzie c jest stałą. Otrzymaliśmy bardzo podobne rozwiązanie jak poprzednio. Jego zachowanie zależy od wielkości k .

Wielkość k	Opis
$k > 0$	Rozrodczość przewyższa śmiertelność. Wielkość populacji wzrasta wykładniczo, podobnie jak w modelu Malthusa. Nastąpią tylko zmiany ilościowe w porównaniu z wyjściowym modelem.
$k = 0$	Śmiertelność równoważy rozrodczość. Populacja nie zmienia swych rozmiarów.
$k < 0$	Śmiertelność przekracza rozrodczość. Wielkość populacji maleje wykładniczo do zera.

Taki rodzaj modelu nie jest jednak zbyt poprawny, bowiem zauważmy, że gdyby był on prawdziwy i współczynnik urodzeń byłby stale wyższy od współczynnika zgonów, to doprowadziłoby to do katastrofy. Wzrost jest wykładniczy, a zatem w krótkim czasie populacja rozrosłaby się do gigantycznych rozmiarów, a to doprowadziłoby do przepełnienia obszaru. Jak widzimy, model ten trzeba zmodyfikować do nowego tzw. *modelu logistycznego*.

1.2 Równanie logistyczne

Zauważmy, iż każda populacja żyje na jakimś określonym terenie. A życie na nim wiąże się z ograniczonymi zasobami, które możemy wspólnie określić jako ograniczenia środowiska. Przy założeniu ograniczoności środowiska otrzymujemy nowy model opisany równaniem:²

$$x'(t) = kx(t)(M - x(t)) \quad (1.5)$$

gdzie M jest pojemnością środowiska. Jest to przykład równania o rozdzielonych zmiennych, zatem możemy je w prosty sposób scałkować. W wyniku otrzymujemy:

$$x(t) = \frac{M}{1 + e^{-kMt} Mc} \quad (1.6)$$

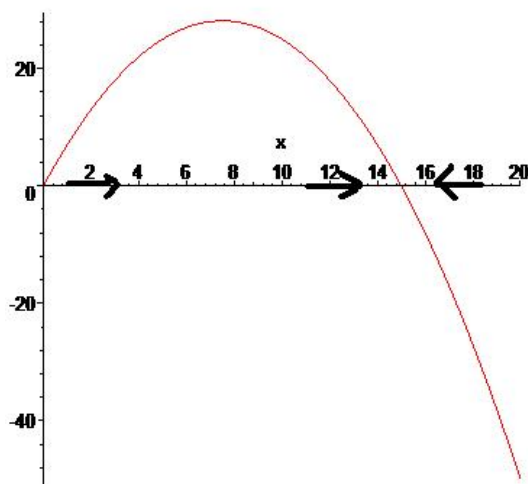
gdzie c jest stałą.

Dla tego modelu mamy dwa punkty równowagi. Jeden to $x=0$, który odpowiada sytuacji gdy populacja wyginie oraz $x=M$, który z kolei odpowiada sytuacji gdy populacja osiąga graniczną pojemność środowiska. Ten drugi punkt jest asymptotycznie stabilny i każda populacja dąży do jego osiągnięcia.

Oto krótkie rozumowanie, jak pokazać stabilność punktu M graficznie.³ Robimy to przy pomocy portretu fazowego. Aby pokazać, że punkt jest stabilny, rozważamy prawą stronę równania. Traktujemy ją jako funkcję kwadratową x . Wyznaczamy miejsca zerowe. Jak już wiemy, są to 0 i M . Rysujemy wykres. Tam, gdzie wartości funkcji są większe od zera, rysujemy na osi x strzałkę w prawo (pochodna jest większa od zera, czyli rozwiązania są rosnące), a tam, gdzie mniejsze od zero, w lewo (pochodna mniejsza od zera czyli rozwiązania maleją). Jeżeli strzałki z obu stron wskazują na dane rozwiązanie, to jest ono stabilne, jeśli nie, to nie jest ono stabilne. W naszym przypadku otrzymujemy, że punkt M jest stabilny. Spójrzmy na rysunek poniżej.

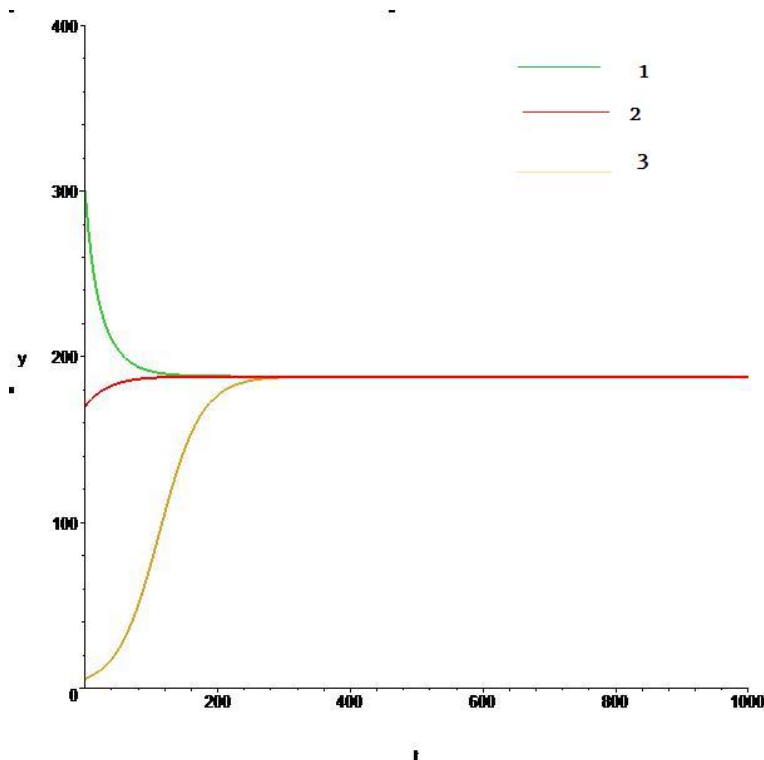
²Na podstawie [2, U. Foryś, 46–50]

³Na podstawie [2, U. Foryś, str. 50]



Rysunek 1.1: Portret fazowy modelu jednowymiarowego (Dla $k = \frac{1}{2}$ i $M = 15$).

To, jak zachowuje się rozwiązanie, zależy od początkowej wielkości populacji. Oznaczmy ją przez x_0 . Gdy przekracza ona graniczną pojemność środowiska, to część populacji musi wymrzeć. Wielkość populacji maleje aż do osiągnięcia pojemności M (zobacz 1 na rysunku poniżej). Gdy x_0 jest mniejsze od M , to oczywiście wielkość populacji wzrasta do M (zobacz 2 i 3 na rysunku). Z tym, że gdy x_0 jest mniejsze, ale bliskie M , to wielkość populacji wolno rośnie do M (zobacz 2 na rysunku). Natomiast, gdy x_0 jest dużo mniejsze od M , to początkowo wielkość populacji rośnie wykładniczo, czyli szybko, a później maleje (zobacz 3 na rysunku). Powoduje to, że wykres rozwiązania ma kształt zbliżony do litery S. Jest to krzywa logistyczna. Gdy x_0 jest równe M , to oczywiście populacja pozostaje na stałym poziomie. Spójrzmy na wykres.



Rysunek 1.2: Wykresy rozwiązań równania logistycznego dla przykładowych wielkości.

1.3 Przykład zastosowania równania Malthusa i równania logistycznego.

Założmy, że wielkość populacji pewnego kraju w roku 1800 wynosiła 5 milionów. Pięćdziesiąt lat później równała się 22 milionom, a sto lat później równała się już 70 milionom. Oszacować na podstawie tych danych, jak liczna była populacja tego kraju w roku 1950. Porównać model Malthusa i model logistyczny.

Rozwiązanie dla modelu Malthusa.

Wiemy, że początkowa wielkość populacji to 5 milionów. Oznaczmy $x(0) = 5$. Rozwiązaniem równania Malthusa jest $x(t) = x(0)e^{kt}$. Podstawiając za $x(0) = 5$, otrzymujemy $x(t) = 5e^{5t}$. Z tego, że $x(100) = 70$ mamy $k = 0.02639057330$. Czyli $x(t) = 5e^{0.02639057330t}$. Zatem $x(150) = 261.9160172$. Stąd wielkość populacji tego kraju w roku 1950 wynosiła około 261 916 017.

Rozwiązanie dla modelu logistycznego.

Musimy wyznaczyć M i k występujące we wzorze. W tym celu przyjmijmy $x(0) = 5$. Wtedy $x(t) = \frac{5M}{5 + e^{-kMt}M - 5e^{-kMt}}$. Dla takiego równania rozwiążmy układ:

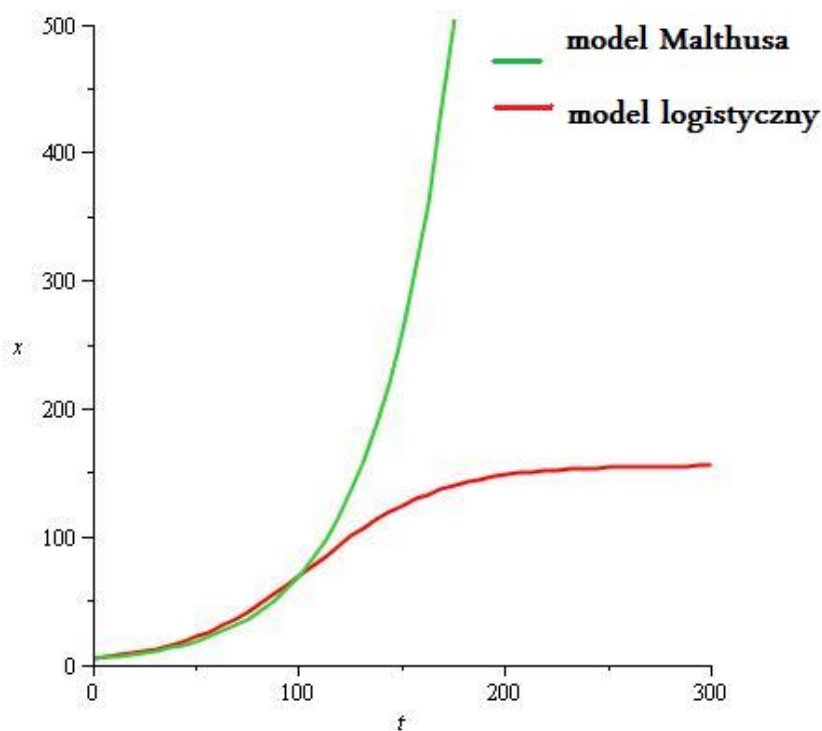
$$\begin{cases} x(100) = \frac{5M}{5 + e^{-100kM}M - 5e^{-100kM}} \\ x(50) = \frac{5M}{5 + e^{-50kM}M - 5e^{-50kM}} \end{cases} \quad (1.7)$$

Otrzymujemy, że $M = \frac{10450}{67}$ i $k = -\frac{67}{522500} \ln\left(\frac{24}{119}\right)$. Wstawiamy te wielkości do wyjściowego równania:

$$x(t) = \frac{52250}{67\left(5 + \frac{10115}{67}e^{\frac{1}{50}\ln\left(\frac{24}{119}t\right)}\right)}.$$

Stąd $x(150) = \frac{91630}{733}$. Czyli wielkość populacji tego kraju w roku 1950 wynosiła około 125 006 821.

Jak widzimy wielkości te w obu przypadkach znacznie się różnią.



Rysunek 1.3: Wykresy rozwiązań w przypadku dwóch modeli dla powyższych danych.

Rozdział 2

Dwuwymiarowe modele wzrostu populacji

Modele populacji wykorzystuje się także gdy zmienia się liczba osobników dwóch populacji, które mogą np. żyć ze sobą w symbiozie albo konkurować, albo jeden jest drapieżnikiem a drugi ofiarą.

2.1 Model Lotki - Volterry

Model drapieżnik - ofiara¹ nazywany jest modelem Lotki- Volterry od Vito Volterry oraz Lotki, którzy zaobserwowali te zależności niezależnie od siebie. Pierwszy na podstawie obserwacji zwiększającej się populacji ryb drapieżnych po I wojnie światowej, a drugi na podstawie obserwacji reakcji chemicznych. W modelu drapieżnik - ofiara przyjmijmy:

- $x(t)$ liczebność ofiar w chwili t ,
- $y(t)$ liczebność drapieżników w chwili t ,
- innych gatunków nie ma lub ich populacja jest tak mała, że można nie brać jej pod uwagę.
- jeśli jest mało drapieżników, to oczywiście populacja ofiar rośnie i to rośnie wykładniczo,
- gdy zaś jest mało ofiar, to liczebność drapieżników maleje wykładniczo,

¹Na podstawie [2, U. Foryś, str. 66–72], [3, J. D. Murray, str. 84–86], [5, A. Palczewski, str. 319–322] i [6, P. N. V Tu, str. 285]

- gdy mamy wystarczającą ilość obu populacji, to populacja drapieżników rośnie kosztem ofiar, których to populacja maleje.
- model wykładniczego wzrostu populacji ofiar modyfikujemy o założenie, że współczynnik zgonów jest proporcjonalny do liczby populacji drapieżników. Dla drapieżników zaś trzeba założyć, że ich ilość zależy od liczebności ofiar.

Przy powyższych założeniach otrzymujemy układ równań:

$$\begin{cases} x'(t) = (u - ay(t))x(t) \\ y'(t) = (bx(t) - d)y(t) \end{cases} \quad (2.1)$$

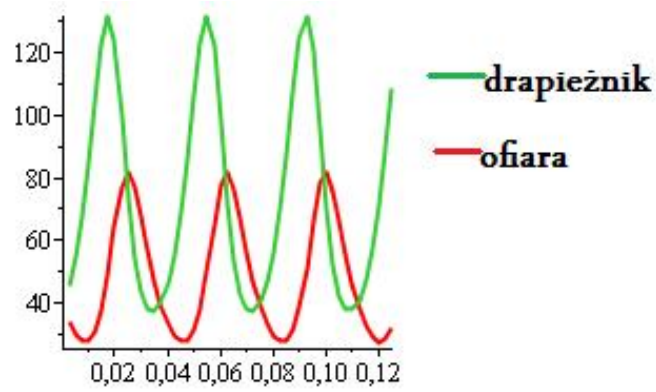
gdzie:

1. **u** jest współczynnikiem urodzeń,
2. **a** współczynnik skuteczności polowań,
3. **d** współczynnik śmiertelności,
4. **b** współczynnik zdobytego pożywienia

Współczynnik **-d** negatywnie wpływa na wzrost populacji drapieżników, bowiem przy braku pożywienia liczba zgonów przewyższa liczbę urodzeń. Z kolei pozytywny wpływ ma współczynnik **bx(t)**, gdyż jest proporcjonalny do liczby ofiar, czyli duża liczba ofiar wpłynie na szybkie rozmnażanie drapieżników. W przypadku równania opisującego wzrost populacji ofiar negatywny wpływ ma czynnik **-ay(t)**, bowiem im mniej łowią drapieżniki, tym szybciej rozmnażają się ofiary. Natomiast współczynnik **u** ma wpływ pozytywny, bo przy mniejszej łowności drapieżników liczba urodzeń ofiar przewyższa liczbę zgonów.

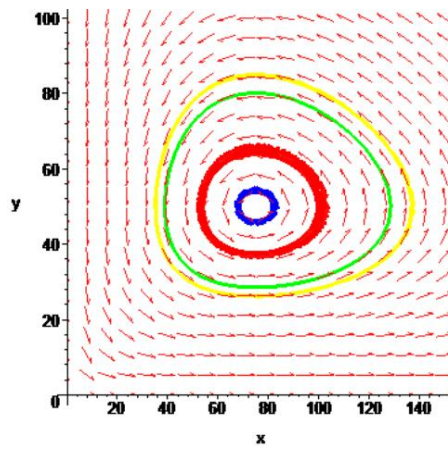
Poniższy wykres obrazuje jak przedstawia się współżycie obu gatunków dla przykładowych współczynników:

- warunek początkowy $x(0)=40, y(0)=40$
- $u = 200,$
- $a = 4,$
- $b = 2,$
- $d = 150$



Rysunek 2.1: Zależności między gatunkami w modelu Lotki-Volterry.

Z kolei zależności jakie zachodzą podczas zmiany liczebności obu populacji łatwo odczytać z portretu fazowego dla współczynników o wartościach takich jak wcześniej.



Rysunek 2.2: Portret fazowy modelu dwuwymiarowego.

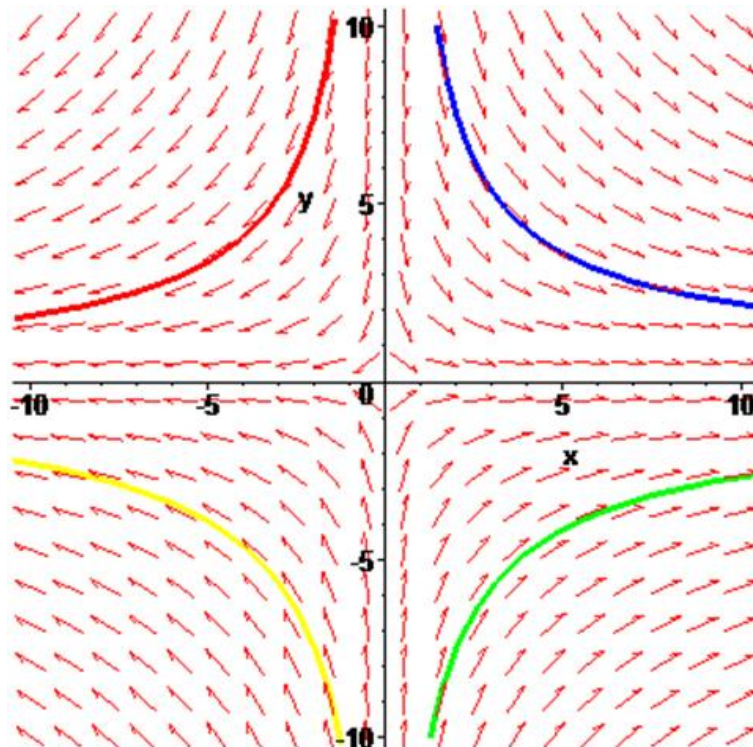
Układ ten ma dwa punkty krytyczne . Są to $(0,0)$ oraz $(d/b,u/a)$. Ich stabilność badamy korzystając z twierdzenia Hartmana - Grobmana, dokonując linearyzacji układu. Macierz pochodnych tego układu jest równa:

$$G = \begin{bmatrix} u - ay & -ax \\ by & bx - d \end{bmatrix}$$

W punkcie $(0,0)$ mamy:

$$\begin{bmatrix} u & 0 \\ 0 & -d \end{bmatrix}$$

Wartości własne tej macierzy są równe u i $-d$, zatem nie ma wartości czysto urojonych, czyli na mocy twierdzenia Hartmana-Grobmana układ jest topologicznie sprzężony z układem po linearyzacji i punkt ten nie jest stabilny, jest on siodłem. Na wykresie widzimy, że punkt ten nie może być stabilny. Wychodząc z punktów bliskich $(0,0)$ coraz bardziej oddalamy się od rozwiązania.



Rysunek 2.3: Portret fazowy modelu dwuwymiarowego.

Drugi punkt jest stabilny, ale niestety nie jest asymptotycznie stabilny. Dla niego macierz wygląda następująco:

$$\begin{bmatrix} 0 & -\frac{ad}{b} \\ \frac{bu}{a} & 0 \end{bmatrix}$$

A jej wartości własne to $\sqrt{-du}$, $-\sqrt{-du}$. W tym przypadku nie możemy korzystać z twierdzenia Hartmana- Grobmana, bowiem części rzeczywiste są równe zero. Stabilność tego punktu możemy sprawdzić znajdując funkcję Lapunowa.²

Założmy, że jest ona postaci $V(x, y) = P(y) + Q(x)$. Różniczkując dostajemy:

$$V'(x, y) = \frac{dP}{dy}(bx - d)y + \frac{dQ}{dx}(u - ay)x$$

Chcemy aby $V'(x, y) \leq 0$. Gdy mamy równość to:

$$\frac{dP}{dy}(bx - d)y = -\frac{dQ}{dx}(u - ay)x.$$

I dalej:

$$\frac{\frac{dP}{dy}y}{u-ay} = \frac{\frac{dQ}{dx}x}{d-bx}$$

Aby to była prawda, funkcje po lewej i prawej stronie muszą być stałe, np. równe 1 wtedy $\frac{dP}{dy} = \frac{u}{y} - a$ i $\frac{dQ}{dx} = \frac{d}{x} - b$. Rozważmy więc $V(x, y) = ulny - ay + dlnx - bx$. W punkcie $(\frac{d}{b}, \frac{u}{a})$ V się zeruje i w tym punkcie V ma maksimum tzn. jeśli przyjmiemy $W(x, y) = V(\frac{d}{b}, \frac{u}{a}) - V(x, y) > 0$, to $W'(x, y) \leq 0$ oraz W jest funkcją Lapunowa i $(\frac{d}{b}, \frac{u}{a})$ jest stabilny. Stabilność możemy też odczytać z portretu fazowego 2.2.

To, że punkt ten nie jest asymptotycznie stabilny powoduje, że choćby mała zmiana modelu może doprowadzić do zmiany charakteru tego punktu. Łatwo to zauważyć, jeśli do równań wzrostu populacji ofiar i drapieżników wprowadzimy ograniczoną pojemność środowiska, wyrażoną związaną z nią umieralnością. Wtedy równania przyjmują postać:

$$\begin{cases} x'(t) = (u - ay(t))x(t) - ex^2(t) \\ y'(t) = (bx(t) - d)y(t) - fy^2(t) \end{cases} \quad (2.2)$$

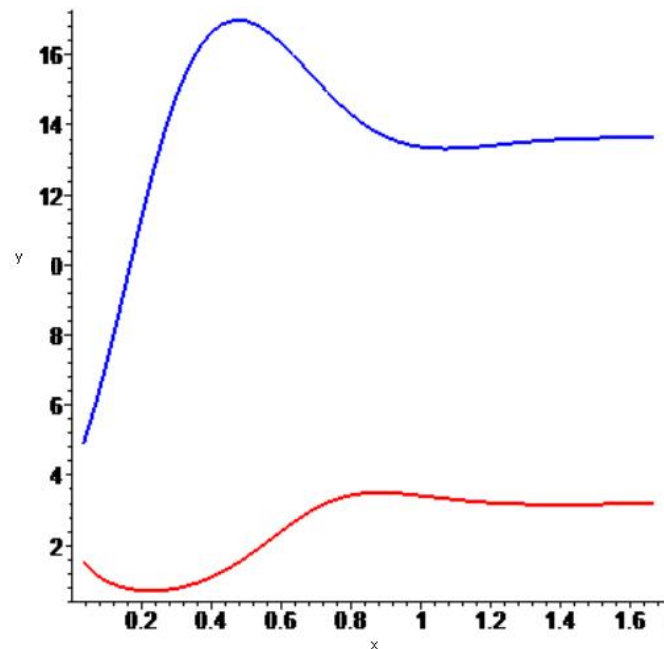
Wzrost liczebności obu gatunków jest teraz ograniczony przez pojemność środowiska, co oznacza, że gdy będzie rosła liczba ofiar, to również będzie

²Zaczerpnięto z [4, J. Ombach, str. 234-235]

rosła liczba drapieżników ze względu na dużą ilość pożywienia. Zmniejszenie liczby osobników obu gatunków nastąpi w momencie przepełnienia. Wtedy ponownie nastąpi wzrost. Sytuacja taka będzie miała miejsce aż model się ustabilizuje. Mamy cztery punkty krytyczne:

$$(0, 0), \left(\frac{u}{e}, 0\right), \left(\frac{uf + ad}{uf + ba}, \frac{-ed + bu}{ef - ba}\right), \left(0, \frac{-d}{f}\right)$$

Współzycie obu gatunków w takiej sytuacji przedstawia poniższy wykres:

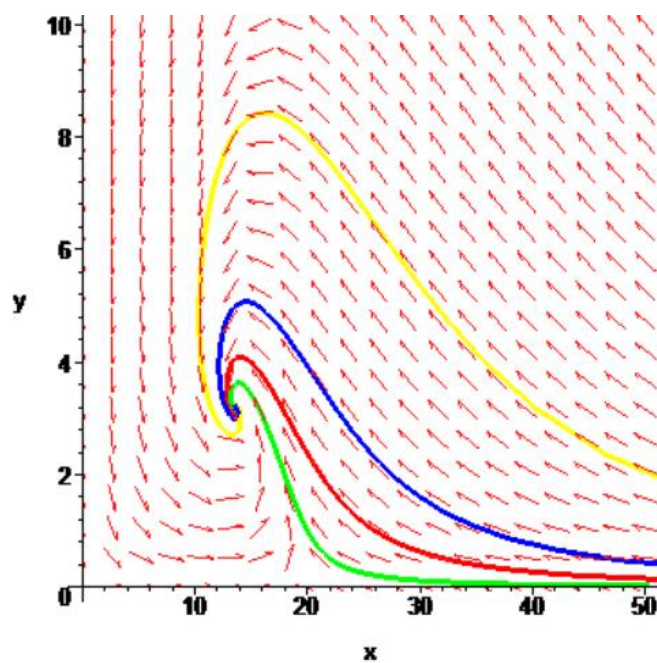


Rysunek 2.4: Zależności między gatunkami dla zmodyfikowanego układu Lotki-Volterry.

Widzimy, że oscylacje są gasnące. Wiąże się to z faktem, że układ ustabilizuje się na poziomie punktu asymptotycznie stabilnego, którym jest $\left(\frac{uf+ad}{uf+ba}, \frac{-ed+bu}{ef-ba}\right)$. Asymptotyczną stabilność tego punktu widzimy na portrecie fazowym wykonanym dla danych:

- warunki początkowe: $[x(0) = 18, y(0) = 4.5]$, $[x(0) = 20, y(0) = 1]$, $[x(0) = 15, y(0) = 4]$, $[x(0) = 20, y(0) = 8]$
- $u = 10$,
- $a = 1$,

- $e = \frac{1}{2}$
- $b = 1,$
- $d = 12$
- $f = \frac{1}{2}$



Rysunek 2.5: Portret fazowy dla zmodyfikowanego układu Lotki-Volterra.

Rozdział 3

Modele epidemiologiczne

Na tym zakończyliśmy proste modele populacyjne. Zastanowimy się teraz nad innym zjawiskiem. Mianowicie nad epidemią. Rozważymy dwa proste modele epidemiologiczne. Za nim to jednak uczynimy, zastanówmy się przez chwilę, czym właściwie jest epidemia i jakie są jej cechy.

Otóż słowo to pochodzi z języka greckiego (epi-nawiedzający, demos-ludzi).[1, epidemia] Jest to występowanie na danym terenie zachorowań lub innych zjawisk związanych ze zdrowiem w liczbie, która przekracza oczekiwania. Epidemia może zostać ugaszona albo może ustabilizować się na pewnym poziomie, na którym otrzymuje już miano pandemii[1, pandemia], czyli epidemii, która obejmuje rozległe obszary, np. kontynent. Chory, jak wiadomo, nabywa odporność na dane infekcje po ich przezwyciężeniu. Wpływa to oczywiście na liczbę zachorowań na tę chorobę w przyszłości.

3.1 Model epidemiologiczny nie uwzględniający uodpornienia

W pierwszym modelu epidemiologicznym nie będziemy brać pod uwagę uodpornienia. Populację dzielimy na dwie grupy: grupę zdrowych, ale podatnych na zachorowania i grupę chorych.

Założenia modelu są następujące:¹

- każdy zdrowy może zachorować, trafia wtedy do grupy chorych i w efekcie leczenia albo wyzdrowieje, albo umrze
- po wyzdrowieniu osobnik znów staje się podatny na zachorowanie, bowiem nie zakładamy uodpornienia

¹Na podstawie [2, U. Foryś, str. 106–111]

- stała wielkość populacji S
- $Z(t)$ proporcja zdrowych osobników
- $C(t)$ proporcja chorych osobników

Przy powyższych oznaczeniach $SZ(t)$ jest liczbą zdrowych osobników w chwili t , a $SC(t)$ jest liczbą chorych osobników w danej chwili. Musimy wprowadzić funkcję spotkań, bowiem zachorowania odbywają się przez kontakt z zarażonym. Liczba kontaktów jest proporcjonalna do $SZ(t)C(t)$, czyli liczba zachorowań wynosi $aSZ(t)C(t)$, a liczba wyzdrowień $bSZ(t)C(t)$, gdzie a jest współczynnikiem zachorowań, a b jest współczynnikiem wyzdrowień. Wprowadźmy jeszcze współczynnik śmiertelności (=rozrodczości, bo populacja ma stałą wielkość) i oznaczmy go przez d . Przy tych oznaczeniach model epidemiologiczny jest opisany równaniami:

$$\begin{cases} SZ'(t) = d - aSZ(t)C(t) + bSC(t) - dSZ(t) \\ SC'(t) = aSZ(t)C(t) - bSC(t) - dSC(t) \end{cases}$$

(d - urodzenia, $aSZ(t)C(t)$ - chorzy, $bSC(t)$ - zdrowiejący, $dSZ(t)$ - umierający zdrowi, $dSC(t)$ - umierający chorzy). Stąd

$$\begin{cases} Z'(t) = d - aZ(t)C(t) + bC(t) - dZ(t) \\ C'(t) = aZ(t)C(t) - bC(t) - dC(t) \end{cases}$$

Oczywiście $Z(t) + C(t) = 1$. Czyli: $Z(t) = 1 - C(t)$

I dalej:

$$\begin{cases} -C'(t) = d - a(1 - C(t))C(t) + bC(t) - d(1 - C(t)) \\ C'(t) = a(1 - C(t))C(t) - bC(t) - dC(t) \end{cases}$$

Dodając stronami, otrzymujemy jedno równanie:

$$2C'(t) = 2a(1 - C(t))C(t) - 2bC(t) - 2dC(t)$$

$$C'(t) = aC(t) - aC^2(t) - bC(t) - dC(t) = -aC^2(t) + (a - (b + d))C(t)$$

Ostatecznie mamy:

$$C'(t) = -aC^2(t) + (a - (b + d))C(t).$$

Niech teraz $x = \frac{a}{b+d}$. wtedy równanie zapiszemy jako:

$$C''(t) = -aC^2(t) + a\left(1 - \frac{1}{x}\right)C(t) \quad (3.1)$$

Punkty stacjonarne to 0 i $1 - \frac{1}{x}$. Oba są stabilne. Gdy $x < 1$, to punkt 0 jest stabilny, a gdy $x > 1$, to punkt $1 - \frac{1}{x}$ jest stabilny. W pierwszym epidemia wygasa, w drugim stabilizuje się na poziomie pandemii, gdy $x > 1$, to znaczy $a > b + d$ i liczba zachorowań jest większa niż łączna liczba wyleczonych i umarłych.

Model ten nie jest realistyczny. Założyliśmy, że nie ma uodparniania, populacja ma stałą wielkość, a funkcja spotkań jest proporcjonalna tylko do $SZ(t)C(t)$, podczas gdy w rzeczywistości zależy od wielu innych czynników.

3.2 Model epidemiologiczny uwzględniający uodpornienie

W tzw. Modelu Kermacka i McKendricka² uwzględnimy zdolność populacji do uodparniania się na chorobę po jej przejściu. Założenia modelu wynikające z uwzględnienia uodpornienia są podobne jak we wcześniejszym modelu:

- stała wielkość populacji S
- nie uwzględnia się śmiertelności(=rozrodności)
- $Z(t)$ liczba zdrowych osobników (podatnych)
- $C(t)$ liczba chorych osobników
- $U(t)$ liczba uodpornionych osobników (uodpornieniu podlegają osobniki, które były chore.)
- liczba chorych wzrasta proporcjonalnie do liczby chorych i zdrowych, czyli jest równa $aZ(t)C(t)$
- liczba osobników uodpornionych jest proporcjonalna do liczby chorych, czyli $bC(t)$

²Na podstawie [3, J.D. Murray, str. 339–341]

Model ten opisuje układ równań:

$$\begin{cases} SZ'(t) = -aZ(t)C(t) \\ SC'(t) = aZ(t)C(t) - bC(t) \\ SU'(t) = bC(t) \end{cases}$$

Warunki początkowe przyjmijmy: $Z(0) = Z_0 > 0$, $C(0) = C_0 > 0$, $U(0) = 0$. Kiedy epidemia może wybuchnąć?

Zauważmy, że rozpatrując drugie równanie układu w obcięciu do $t = 0$, otrzymujemy:

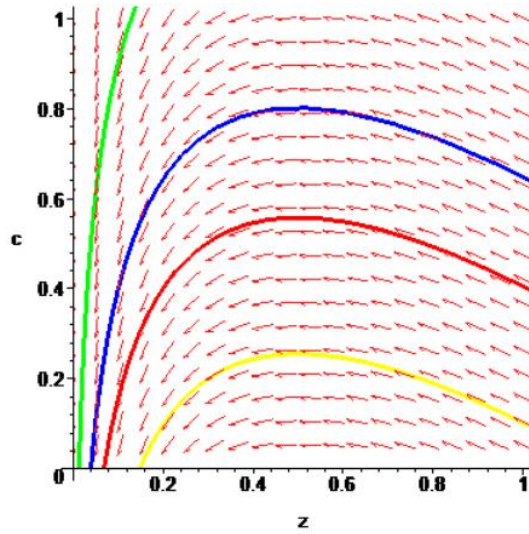
$$C'(0) = C_0(aZ_0 - b)$$

A to jest większe od zera, gdy $Z_0 > \frac{b}{a}$ oraz mniejsze od zera, gdy $Z_0 < \frac{b}{a}$. Z kolei z pierwszego równania otrzymujemy $Z'(t) \leq 0$. Zatem $Z < Z_0$. Spójrzmy, co dzieje się w zależności od tego jakie jest Z_0 .

Wielkość Z_0	Opis
$Z_0 \leq \frac{b}{a}$	$C'(t) \leq 0$ dla wszystkich $t \geq 0$. Wtedy $C_0 > C$, które to C wraz ze wzrostem t do nieskończoności zbiega do 0, zatem nie ma wybuchu epidemii.
$Z_0 > \frac{b}{a}$	C początkowo rośnie i $C > C_0$, czyli epidemia wybucha.

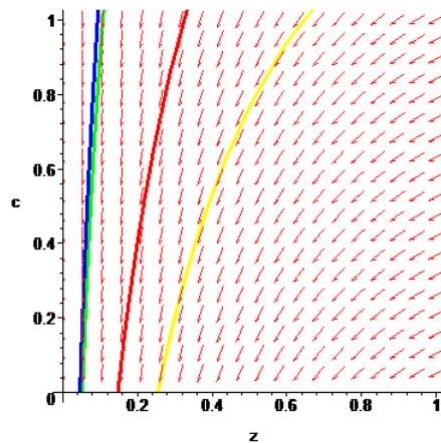
Oznaczmy przez U_0 wielkość $\frac{aZ_0}{b}$. Jest to tak zwany bazowy współczynnik reprodukcji, tzn. liczba osobników zarażonych przypadająca na tego chorego, od którego się zarazili. Jak nietrudno się domyślić, gdy $U_0 > 1$, to epidemia wybucha. Spójrzmy na wykresy fazowe układu dwóch równań w obu przypadkach.

Pierwszy rysunek wykonany dla danych: $a = 20$, $b = 10$. Warunki początkowe: $[Z_0 = 5, C_0 = 1]$, $[Z_0 = 1, C_0 = 9]$, $[Z_0 = 2, C_0 = 4]$, $[Z_0 = 3, C_0 = 2]$.



Rysunek 3.1: Portret fazowy dla przypadku -gdy $Z_0 > \frac{b}{a}$.

Rysunek drugi wykonany dla danych: $a = 20$, $b = 30$. Warunki początkowe: $[Z_0 = 0,05, C_0 = 0,1]$, $[Z_0 = 0,1, C_0 = 0,9]$, $[Z_0 = 0,2, C_0 = 0,4]$, $[Z_0 = 0,3, C_0 = 0,2]$.



Rysunek 3.2: Portret fazowy dla przypadku -gdy $Z_0 \leq \frac{b}{a}$.

Jak widzimy, gdy $Z_0 \leq \frac{b}{a}$, to nie ma wybuchu epidemii, sytuacja stabilizuje się, gdy zaś $Z_0 > \frac{b}{a}$, to epidemia wybucha, ale zawsze wygasa. Wynika to z uproszczeń przyjętych w modelu.

Bibliografia

- [1] Encyklopedia Multimedialna PWN, <http://encyklopedia.pwn.pl>
- [2] U. Foryś, *Matematyka w biologii*, Wydawnictwo Naukowo-Techniczne, Warszawa 2005
- [3] J. D. Murray, *Wprowadzenie do biomatematyki*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2006
- [4] J. Ombach, *Wykłady z równań różniczkowych*, Wydawnictwo Uniwersytetu Jagiellońskiego, Kraków 1999
- [5] A. Palczewski, *Równania różniczkowe zwyczajne*, Wydawnictwo Naukowo-Techniczne, Warszawa 1999
- [6] P. N. V. Tu, *Dynamical Systems*, Springer-Verlag, Berlin 1994

Spis rysunków

1.1	Portret fazowy modelu jednowymiarowego(Dla $k = \frac{1}{2}$ i $M = 15$).	5
1.2	Wykresy rozwiązań równania logistycznego dla przykładowych wielkości.	6
1.3	Wykresy rozwiązań w przypadku dwóch modeli dla powyższych danych.	7
2.1	Zależności między gatunkami w modelu Lotki-Volterry.	10
2.2	Portret fazowy modelu dwuwymiarowego.	10
2.3	Portret fazowy modelu dwuwymiarowego.	11
2.4	Zależności między gatunkami dla zmodyfikowanego układu Lotki-Volterry.	13
2.5	Portret fazowy dla zmodyfikowanego układu Lotki-Volterry.	14
3.1	Portret fazowy dla przypadku -gdy $Z_0 > \frac{b}{a}$	19
3.2	Portret fazowy dla przypadku -gdy $Z_0 \leq \frac{b}{a}$	19

Spis treści

Wstęp	1
1 Jednowymiarowe modele wzrostu populacji	2
1.1 Równanie Malthusa	2
1.2 Równanie logistyczne	4
1.3 Przykład zastosowania równania Malthusa i równania logistycznego.	6
2 Dwuwymiarowe modele wzrostu populacji	8
2.1 Model Lotki - Volterra	8
3 Modele epidemiologiczne	15
3.1 Model epidemiologiczny nie uwzględniający uodpornienia	15
3.2 Model epidemiologiczny uwzględniający uodpornienie	17
Bibliografia	20
Spis wykresów	21
Spis treści	22