

УДК 517.928

ИССЛЕДОВАНИЕ МОДЕЛИ РАСПРОСТРАНЕНИЯ МАЛЯРИИ

© Кирпичев М.Д., Тропкина Е.А.

Самарский национальный исследовательский университет
имени академика С.П. Королева, г. Самара, Российская Федерация

e-mail: mdkirpichev@yandex.ru

Малярия является опасной болезнью, так как она может привести к серьезным осложнениям, включая смерть. Болезнь вызывается паразитом, который передается от человека к человеку через укус комара.

Исследование малярии необходимо, чтобы понять механизмы ее распространения и развития, а также для разработки эффективных методов профилактики и лечения.

В данной работе рассматривалась нелинейная динамическая модель, позволяющая исследовать изменения в распространении малярии:

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{u}_i = P_i b(N)N - m_i u_i - a \theta_i c z u_i + \gamma_i v_i, \\ \dot{v}_i = \theta_i a c z u_i - (m_i + \gamma_i + \alpha_i) v_i, \\ \dot{z} = (1 - z) \left(a \varphi_1 \frac{v_1}{N} + a \varphi_2 \frac{v_2}{N} \right) - \delta z, \end{array} \right.$$

где $i = 1$ соответствует генотипу AA; $i = 2$ соответствует генотипу AS; u_i – количество неинфицированных людей генотипа i ; v_i – количество зараженных людей генотипа i ; z – это доля комаров с плазмодием; m_i – уровень естественной смертности населения; a – доля укусов комаров из расчета количества комаров на человека; θ_i – вероятность человека генотипа i заразиться малярией после укуса комара; c – количество комаров на человека; γ_i – скорость восстановления после малярии людей генотипа i ; α_i – уровень смертности людей генотипа i , вызванный малярией; φ_i – вероятность приобретения комарами плазмодия после укуса человека генотипа i ; $b(N)$ – это уровень рождаемости людей; P_i – доля людей, рожденных с генотипом i .

При анализе системы (1) следует учитывать важные допущения, которые делают модель более реалистичной, такие как учет времени изменения переменных. Установлено, что динамическая система имеет несколько временных масштабов и, следовательно, может быть приведена к сингулярно возмущенной форме [1–2].

В данной работе задача определения оптимальной стратегии лечения малярии на основе анализа динамической модели (1) решалась качественными методами теории сингулярно возмущенных дифференциальных уравнений. Результаты данного исследования были подтверждены численными экспериментами.

Библиографический список

1. Соболев В.А., Тропкина Е.А. Асимптотические разложения медленных инвариантных многообразий и редукция моделей химической кинетики // Жур. выч. матем. и мат. физики. 2012. Т. 52, № 1. С. 81–96. URL: <https://www.mathnet.ru/php/archive.phtml> (дата обращения: 02.02.2023).
2. Feng Z., Smith D.L., McKenzie F.E, Levin S.A. Coupling ecology and evolution: malaria and the S-gene across time scales // Mathematical Biosciences. 2004. № 189. URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15051411> (дата обращения: 17.03.2023).