Содержание

Изм.

Лист

№ докум.

Подпись

Дата

Лист

6

УП.350000.000

Разраб.

Волкова Э.Ю.

Провер.

Медведева Т.А..

.

Программная реализация математического моделирования развития эпидемиологической ситуации

Лист.

Листов

42

ДГТУ

Кафедра «ПОВТиАС»

[Введение 7](#_Toc197451898)

[1 Математическое моделирование инфекционных заболеваний 9](#_Toc197451899)

[1.1 Типы эпидемических моделей 9](#_Toc197451900)

[1.1.1 Стохастические 9](#_Toc197451901)

[1.1.2 Детерминированные 10](#_Toc197451902)

[1.3 Детерминистские популяционные модели 10](#_Toc197451903)

[1.3.1 Классическая SIR-модель 12](#_Toc197451904)

Введение

Математические методы впервые были применены к изучению заболеваний в 1760 году Даниэлем Бернулли, который использовал их для оценки эффективности различных методов вакцинации от оспы.

В 1840 году Уильям Фарр успешно описал данные по смертности от оспы в Англии и Уэльсе за период с 1837 по 1839 год, используя нормальное распределение. Этот метод был развит Джоном Браунли, который в своей статье «Статистический подход к иммунной защите: теория эпидемий» (1906) сравнил ряды эпидемиологических данных на основе распределения Пирсона.

Хамер и Росс, используя математическое описание распространения заболеваний, смогли решить задачи по выяснению механизмов регулярного повторения эпидемии кори и установлению связи между количеством комаров и возникновением малярии. Их работы, наряду с исследованиями Росса и Хадсона, Сопера, а также Кермака и Маккендрика (1927), стали основой для дальнейших исследований в области математического моделирования эпидемий.

В этих работах впервые был применен "закон действующих масс", согласно которому количество вновь инфицированных прямо пропорционально произведению числа восприимчивых и инфицированных особей. Модель Кермака и Маккендрика положила начало широкому использованию детерминированных SIR-моделей ("Susceptible — Infected — Recovered"), в которых с помощью систем дифференциальных или разностных уравнений описывается динамика групп восприимчивых, инфицированных и выздоровевших.

Рассматриваемые в данной работе модели могут спрогнозировать, как прогрессируют инфекционные заболевания. Модели используют базовые допущения или собранные статистические данные для нахождения параметров для различных инфекционных заболеваний, используя их для расчета эффекта различных вмешательств, таких как ввод карантина. [1]

Программная реализация рассматриваемых математических моделей позволяет провести численный анализ различных сценариев, влияние карантинных мер и других факторов. В данной работе рассматриваются и реализуются основные детерминированные модели развития эпидемий: SI, SIR, SIRS, SEIR, SIQR, MSEIR и M-модель. Эти модели отличаются уровнем детализации и применяются в зависимости от характеристик конкретного заболевания и целей анализа.

# **1 Математическое моделирование инфекционных заболеваний**

В данной главе дается понятие математической модели. Рассматриваются конкретные модели для прогнозирования развития эпидемиологической ситуации.

* 1. Типы эпидемических моделей

1.1.1 Стохастические

Стохастическая модель — это инструмент для оценки распределения вероятностей потенциальных результатов с учётом случайных изменений одного или нескольких входных параметров с течением времени. [1]

В начале XX века ученые-эпидемиологи пришли к выводу, что для описания распространения инфекционных заболеваний в ограниченных популяциях (например, семьях) применительно к болезням, таким как корь, более целесообразным является вероятностный подход, нежели детерминированный.

В 1926 году Маккендрик сформулировал стохастический вариант модели SIR с непрерывным временем для вывода уравнений, описывающих продолжительность эпидемии, применительно к гриппу и малярии. Однако работа Маккендрика не получила широкого признания.

Значительный вклад в развитие моделей с вероятностным описанием внесла работа Гринвуда 1931 года, посвященная изучению вспышки кори. Также важную роль сыграла модель Рида и Фроста, разработанная ими в период с 1928 по 1930 годы, но опубликованная лишь в 1952 году.

В моделях Гринвуда и Рида-Фроста описание количества инфицированных на каждом временном интервале привело к использованию цепи биномиальных распределений, что обусловило появление термина «цепочечно-биномиальные модели».

1.1.2 Детерминированные

Детерминированная модель (противоположна модели стохастической) — математическая модель, параметры и переменные которой зависят друг от друга функционально, т.е. не подчинены случайным колебаниям процесса, в связи с чем характер системы в любое время полностью определяется первоначально выбранными условиями.

При работе с большими группами населения, как в случае с туберкулёзом, часто используются детерминированные или компартментальные математические модели. В детерминированной модели люди в популяции распределяются по разным подгруппам или компартментам, каждый из которых представляет собой определённую стадию эпидемии.

Скорости перехода из одного класса в другой математически выражаются как производные, поэтому модель формулируется с помощью дифференциальных уравнений. При построении таких моделей необходимо предполагать, что численность населения в группе дифференцируема по времени и что процесс эпидемии является детерминированным. Другими словами, изменения численности населения в группе можно рассчитать, используя только историю, которая использовалась для разработки модели.

1.3 Детерминистские популяционные модели

В популяционных моделях, применяемых для анализа динамики населения в определенном регионе, последнее представляется как совокупность групп. Формирование этих групп обусловлено различным статусом индивидов относительно рассматриваемого заболевания (например, восприимчивые к заболеванию, инфицированные, больные на различных стадиях болезни, лица в состоянии ремиссии).

Важно отметить, что внутри каждой группы индивиды считаются идентичными по своим характеристикам. Изменения численности групп во времени обусловлены рядом следующих процессов:

* переходы индивидов из одной группы в другую вследствие инфицирования, развития заболевания, выявления и лечения заболевших индивидов;
* пополнение групп за счёт иммиграции и рождения индивидов;
* убыль в результате естественной смертности индивидуумов, гибели из–заболезни и эмиграции в другие регионы.

Среди моделей, используемых для описания динамики распространения инфекционных заболеваний в популяциях, наиболее распространены модели SIR. В этих моделях население подразделяется на три группы:

* S (Susceptible) - восприимчивые к заболеванию;
* I (Infected) - инфицированные;
* R (Recovered/Removed) - переболевшие или удалённые из популяции.

Передача инфекции происходит от инфицированных к восприимчивым. Индивиды, переболевшие болезнью, приобретают иммунитет и не могут быть инфицированы повторно.

Математически модели SIR описываются системами дифференциальных уравнений (для непрерывного времени) или разностными уравнениями (для дискретного времени). Эти уравнения отражают изменение численности каждой группы с течением времени.

1.3.1 Классическая SIR-модель

SIR-модель - одна из самых базовых и популярных моделей. Она делит популяцию на три группы:

* S (Susceptible) - восприимчивые к заболеванию;
* I (Infected) - инфицированные;
* R (Recovered/Removed) - переболевшие или удалённые из популяции.

Данная модель была предложена в 1927 году Уильямом Огильви Кермаком и Эндерсоном Грейем МакКендриком. Эта модель стала классическим фундаментом математической эпидемиологии, на основе которой были разработаны и предложены модифицированные модели, рассматривающие дополнительные группы популяции.

Модель описывает изменение численности этих групп во времени с помощью системы дифференциальных уравнений. Например, стандартной SIR-модели соответствует система (1):