Содержание

Изм.

Лист

№ докум.

Подпись

Дата

Лист

6

ПП.350000.000

Разраб.

Волкова Э.Ю.

Провер.

Попова О.А..

Программная реализация математического моделирования развития эпидемиологической ситуации

Лист.

Листов

42

ДГТУ

Кафедра «ПОВТиАС»

[Введение 8](#_Toc198219402)

[1 Математическое моделирование инфекционных заболеваний 10](#_Toc198219403)

[1.1 Типы эпидемических моделей 10](#_Toc198219404)

[1.1.1 Стохастические 10](#_Toc198219405)

[1.1.2 Детерминированные 11](#_Toc198219406)

[1.2 Детерминистские популяционные модели 11](#_Toc198219407)

[1.2.1 Классическая SIR-модель 13](#_Toc198219408)

[1.2.2 SI-модель 14](#_Toc198219409)

[1.2.3 SIRS-модель 15](#_Toc198219410)

[1.2.4 SIQR-модель 15](#_Toc198219411)

[1.2.5 SEIR-модель 16](#_Toc198219412)

[1.2.6 MSEIR-модель 17](#_Toc198219413)

[1.2.7 M-модель (Multi-stage) 18](#_Toc198219414)

[1.3 Постановка задачи 19](#_Toc198219415)

[1.4 Выводы по главе 21](#_Toc198219416)

[2 Алгоритмическое конструирование программного средства 22](#_Toc198219417)

[2.1 Структура программного средства 22](#_Toc198219418)

[2.1.1 Метод Эйлера 23](#_Toc198219419)

[2.1.1 Метод Рунге-Кутта 4-го порядка 24](#_Toc198219420)

[2.2 Выводы по главе 25](#_Toc198219421)

[3 Программное конструирование 26](#_Toc198219422)

[3.1 Выбор языка программирования и среды разработки 26](#_Toc198219423)

[3.2 Основные классы программного средства 26](#_Toc198219424)

[3.3 Выводы по главе 28](#_Toc198219425)

[4 Тестирование программного средства 29](#_Toc198219426)

[4.1 Инструкция по использованию программного средства 29](#_Toc198219427)

[4.2 Описание загрузки данных из файла 31](#_Toc198219428)

[4.3 Тестирование математических моделей 35](#_Toc198219429)

[4.3.1 SIR-модель 35](#_Toc198219430)

[4.3.2 SI-модель 37](#_Toc198219431)

[4.3.3 SIRS-модель 37](#_Toc198219432)

[4.3.4 SIQR-модель 38](#_Toc198219433)

[4.3.5 SEIR-модель 38](#_Toc198219434)

[4.3.6 MSEIR-модель 38](#_Toc198219435)

[4.3.7 M-модель 38](#_Toc198219436)

[4.4 Анализ результатов моделирования 38](#_Toc198219437)

[4.5 Выводы по главе 38](#_Toc198219438)

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 данном разделе 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.

1.2 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.

1.2.1 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.

Схема модели SIR показана рисунке 1.



Рисунок 1 – SIR-модель

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. [2]

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

, (1)

где – скорость передачи инфекции;

– скорость выздоровления.

1.2.2 SI-модель

SI-модель является упрощенной версией классической SIR-модели, где отсутствует стадия выздоровления, то есть все, кто заражается, остаются инфицированными. Схема данной модели показана на рисунке 2.



Рисунок 2 – SI-модель

Появилась данная модель в начале XX века. Основана на работах У. Х. Хаммерса (1920) и Нильса Кристиана Бергера (1932), но как часть общего подхода к эпидемиологическому моделированию. Она может использоваться для описания хронических инфекций, таких как ВИЧ. Данной модели соответствует система (2).

, (2)

где – скорость передачи инфекции;

– скорость выздоровления.

1.2.3 SIRS-модель

Разработана как расширение SIR-модели для инфекций, при которых иммунитет не является постоянным (например, грипп). Схема данной модели показана на рисунке 3.

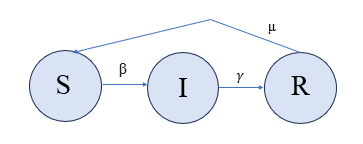


Рисунок 3 – SIRS-модель

Применялась активно в 1950–1970-х годах. В этой модели индивиды, выздоровевшие и перешедшие в группу 𝑅, могут потерять иммунитет и снова стать восприимчивыми. Данной модели соответствует система (3).

, (3)

где – скорость передачи инфекции;

– скорость выздоровления;

– скорость потери иммунитета.

1.2.4 SIQR-модель

SIQR-модель разработана в конце XX — начале XXI века на фоне необходимости учитывать карантинные меры в условиях эпидемий. Схема данной модели представлена на рисунке 4.



Рисунок 4 – SIQR-модель

Наиболее эффективна при моделировании таких инфекций как COVID-19, SARS, туберкулез, холера и другие заболевания, при которых карантин влияет на распространение. Данной модели соответствует система (4).

, (4)

где – скорость передачи инфекции;

– скорость выздоровления;

– скорость изоляции инфицированных людей (помещения на карантин);

– скорость выздоровления людей, находящихся на карантине.

1.2.5 SEIR-модель

Эта модель включает дополнительное состояние – E (Exposed), или «латентную» фазу, когда человек инфицирован, но еще не заразен. Схема данной модели представлена на рисунке 5.



Рисунок 5 – SEIR-модель

Модель SEIR полезна для описания инфекций с инкубационным периодом, таких как COVID-19. Предложена в 1930-х–1950-х годах как усовершенствование модели SIR. Активно применялась во второй половине XX века для анализа заболеваний с инкубационным периодом. Данной модели соответствует система (5).

, (5)

где – скорость передачи инфекции;

– скорость выздоровления;

– обратная величина инкубационного периода.

1.2.6 MSEIR-модель

Данная модель является расширение SEIR-модели, в которой добавляется группа M (Maternal immunity), представляющая новорожденных с пассивным иммунитетом, получивших антитела от матери. Схема данной модели показана на рисунке 6.



Рисунок 6 – MSEIR-модель

MSEIR-модель наиболее эффективна при моделировании таких инфекций как корь, краснуха, коклюш и другие детские заболевания, при которых материнский иммунитет играет важную роль в первые месяцы жизни младенца. Данной модели соответствует система (6).

, (6)

где – скорость передачи инфекции;

– скорость выздоровления;

– скорость перехода из инкубационного периода в инфекционный;

– естественная смертность/рождаемость;

– скорость потери материнского иммунитета;

– общее количество населения.

1.3 Постановка задачи

В связи со стремительным распространением инфекционных заболеваний и повышенной мобильности населения приобретает особую актуальность разработка и анализ математических моделей, отражающих динамику эпидемических процессов. Данные модели не только позволяют прогнозировать развитие эпидемиологической ситуации, но и оценивать эффективность различных мер общественного здравоохранения – таких как вакцинация, карантинные мероприятия и ограничения на передвижение.

Целью данной работы является разработка программной реализации классических и модифицированных моделей математической эпидемиологиис последующим численным решением соответствующих систем дифференциальных уравнений и сравнительным анализом полученных результатов.

Для достижения поставленной цели решены следующие задачи:

1. Проведен теоретический анализ существующих моделей распространения инфекционных заболеваний.
2. Сформулированы математические модели (в виде систем обыкновенных дифференциальных уравнений) для каждой рассматриваемой схемы.
3. Реализовано программное решение моделей с использованием численного метода Рунге-Кутты 4-го порядка и метода Эйлера.
4. Разработан пользовательский интерфейс, обеспечивающий ввод параметров и визуализацию результатов моделирования.
5. Проведен сравнительный анализ поведения различных моделей при идентичных начальных условиях.
6. Исследованы влияние ключевых параметров (скорость заражения, инкубационный период, миграция и т.п.) на динамику эпидемии.

Таким образом, данная работа представляет собой синтез теоретических и практических аспектов, направленных на создание инструмента для анализа эпидемических ситуаций и поддержки принятия решений в сфере общественного здравоохранения.

1.4 Выводы по главе

В данной главе рассмотрены типы математических моделей, проведен теоретический обзор классической SIR-модели и её модификаций. Данный обзор позволяет алгоритмически сконструировать программное средство для моделирования развития эпидемиологической ситуации. Поскольку представленные в данной главе системы дифференциальных уравнений нельзя решить аналитически, то необходимо прибегнуть к использованию численных методов, таких как методы Эйлера и Рунге-Кутты 4-го порядка.

2 Алгоритмическое конструирование программного средства

В данном разделе приводятся схемы программного средства и используемых численных методов для решения СДУ.

2.1 Структура программного средства

Для удобного моделирования развития эпидемиологической ситуации необходимо разработать графический интерфейс, в котором можно выбрать одну или несколько моделей, ввести для каждой начальные данные и реализовать вывод результата в удобном для пользователя формате и должно включать в себя численные методы для решения СДУ. Описанная логика программного средства показана на рисунке 8.

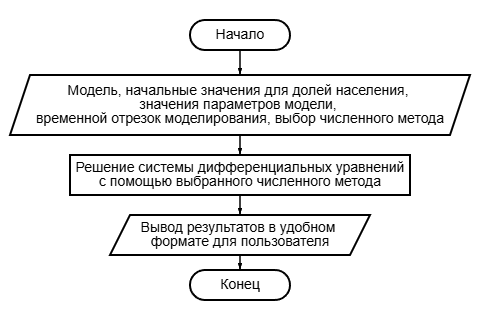


Рисунок 8 – Схема программного средства

2.1.1 Метод Эйлера

Для метода Эйлера необходимы следующие входные данные: математическая модель, временной диапазон, начальные значения, параметры модели. Реализация метода Эйлера под данную задачу представлена на рисунке 9.



Рисунок 9 – Схема метода Эйлера

2.1.1 Метод Рунге-Кутта 4-го порядка

Для более точного численного метода Рунге-Кутта 4-го порядка необходимы следующие входные данные: выбранная модель, начальные значения, временной отрезок, параметры модели. Реализация метода Рунге-Кутта 4-го порядка под данную задачу представлена на рисунке 10.



Рисунок 10 – Схема метода Рунге-Кутта 4-го порядка

2.2 Выводы по главе

В данной главе рассмотрен общая схема программного средства, а также схемы численных методов, используемых для решения систем дифференциальных уравнений. Данные схемы используются для дальнейшего решения поставленной задачи.

3 Программное конструирование

В данном разделе обоснованы выбор языка программирования, используемый для реализации программы, и используемых дополнительных библиотек. Описаны основные классы и методы для выполнения поставленной задачи.

* 1. Выбор языка программирования и среды разработки

Для разработки программного средства был взят за основу язык программирования Python версии 3.13.1.  Были выделены следующие достоинства выбранного языка: динамическая типизация данных, автоматическое управление памятью, читаемость кода, минималистичность синтаксиса языка, богатая стандартная библиотека и большое количество дополнительных библиотек. [3]

Средой разработки был выбран Visual Studio Code, т.к. включает в себя отладчик, инструменты для работы с Git, подсветку синтаксиса и средства для факторинга. Распространяется бесплатно и позиционируется как «лёгкий» редактор кода. [4]

3.2 Основные классы программного средства

Для реализации программного средства была выбрана объектно-ориентированная парадигма. В процессе программного конструирования были выделены следующие классы: класс численных методов NumericalMethods, класс математических моделей EpidemicModels и главный класс программного средства EpidemicApp.

NumericalMethods представляет собой класс, содержащий численные методы Эйлера и Рунге-Кутта 4-го порядка для решения систем дифференциальных уравнений. Данный класс содержит методы, приведенные в таблице 1.

Таблица 1 **–** Методы класса NumericalMethods

|  |  |
| --- | --- |
| Название метода | Функциональное назначение метода |
| euler\_method | метод для нахождения решения системы дифференциальных уравнений с помощью метода Эйлера |
| runge\_kutta\_4 | метод для нахождения решения системы дифференциальных уравнений с помощью метода Рунге-Кутта 4-го порядка |

Класс EpidemicModels содержит методы, реализующие математические модели развития эпидемиологических ситуаций, представленные в данной работе. Содержит методы, приведенные в таблице 2.

Таблица 2 **–** Методы класса EpidemicModels

|  |  |
| --- | --- |
| Название метода | Функциональное назначение метода |
| sir\_model | метод, реализующий логику SIR-модели |
| si\_model | метод, реализующий логику SI-модели |
| sirs\_model | метод, реализующий логику SIRS-модели |
| siqr\_model | метод, реализующий логику SIQR-модели |
| seir\_model | метод, реализующий логику SEIR-модели |
| mseir\_model | метод, реализующий логику MSEIR-модели |
| multi\_stage\_model | метод, реализующий логику M-модели |
| run\_si\_model | метод, запускающий SI-модель на указанном диапазоне времени |
| run\_sir\_model | метод, запускающий SIR-модель на указанном диапазоне времени |
| run\_sirs\_model | метод, запускающий SIRS-модель на указанном диапазоне времени |
| run\_seir\_model | метод, запускающий SEIR-модель на указанном диапазоне времени |
| run\_mseir\_model | метод, запускающий MSEIR-модель на указанном диапазоне времени |
| run\_siqr\_model | метод, запускающий SIQR-модель на указанном диапазоне времени |
| run\_m\_model | метод, запускающий M-модель на указанном диапазоне времени |

Класс EpidemicApp содержит методы, реализующие логику работы всей программы, а также загрузку и данных из файла в программу и экспорт результатов в Excel файл. Методы данного класса создают главное окно программного средства, осуществляют ввод данных и запуск моделирования. Содержит методы, приведенные в таблице 3.

Таблица 3 **–** Методы класса EpidemicApp

|  |  |
| --- | --- |
| Название метода | Функциональное назначение метода |
| create\_widgets | метод создания основного интерфейса |
| create\_models\_tab | метод создания вкладки выбора моделей |
| create\_params\_tab | метод создания вкладки для ввода параметров и начальных условий |
| create\_data\_tab | метод создания вкладки для загрузки и экспорта данных |
| create\_graphs | метод настройки графиков для отображения результатов |
| create\_validate\_func | метод для валидации вводимых данных |
| set\_default\_values | метод, устанавливающий значения по умолчанию |
| update\_model\_selection | метод, ограничивающий и проверяющие количество выбранных моделей |
| run\_simulation | метод, запускающий прогнозирование на основе выбранных моделей |
| load\_csv\_data | метод, загружающие начальные данные из CSV файла |
| process\_csv\_data | метод, обрабатывающий загруженные данные |
| export\_results | метод, экспортирующий результаты моделирование в Excel файл(ы) |

Полный листинг программы приведён в Приложении Б. UML-диаграмма классов программного средства приведено в приложении В.

3.3 Выводы по главе

В данной главе обоснован выбор языка и среды программирования для реализации программного средства. Разработаны основные классы и методы программы.

4 Тестирование программного средства

В данном разделе описаны и протестированы контрольные примеры с подробным описанием входных данных и подтверждающими работу программного средства изображениями. Приводится инструкция по использованию программного средства. Проведен анализ результатов моделирования.

4.1 Инструкция по использованию программного средства

Разработанное программное средство предназначено для моделирования развития эпидемиологической ситуации с помощью представленных в данной работе математических моделей: SIR, SI, SIRS, SIQR, SEIR, MSEIR и M-модель. Для начала работы с программой пользователю необходимо выбрать 1-4 модели, выбрать начальную и конечную дату моделирования, а также ввести начальные значения долей населения и значение параметров выбранных моделей. Интерфейс пользователя поддерживает вариант, при котором пользователь может загрузить в программу файл со своими данными.

Запуск моделирования осуществляется через нажатие кнопки «Запустить моделирование». После нажатия в окне программного средства появятся графики выбранных моделей на указанном отрезке времени. Пользователь может сохранить результат моделирования в формате Excel файла, нажав на кнопку «Экспорт в файл». Создаться архив, в котором будут сохранены по отдельности результаты каждой модели. В сохраненных Excel файлах будет 4 листа:

* «Параметры» - лист, в котором сохранены введенные пользователем значения для параметров модели;
* «Начальные условия» - лист, в котором сохранены введенные пользователем начальные значения для долей населения;
* «Решение» - лист, в котором сохранено по дням решение математической модели с помощью численного метода;
* «График» - лист, содержащий результирующий график моделирования развития эпидемиологической ситуации.

Начальное состояние интерфейс программного средства представлен на рисунке 11.

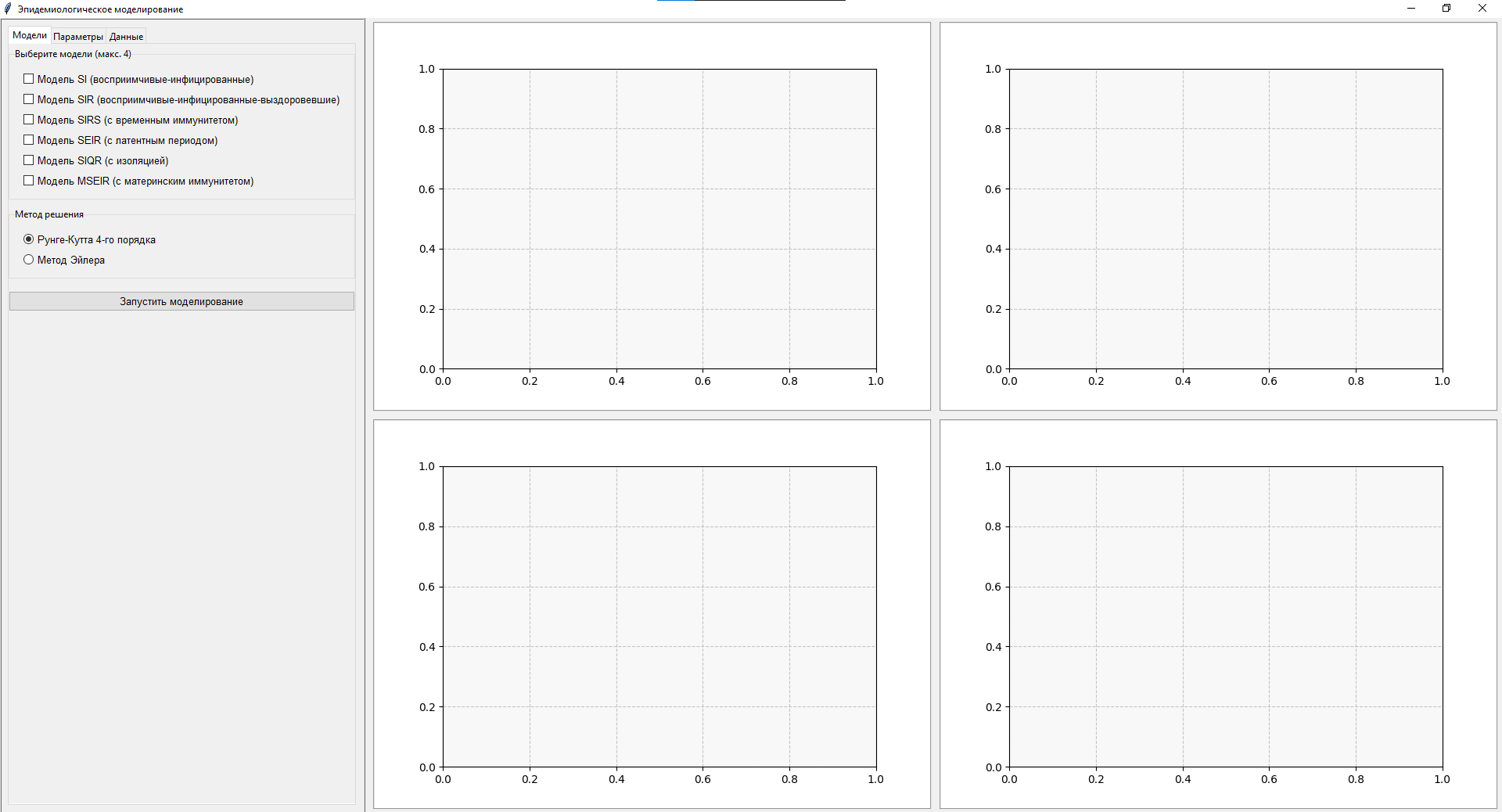


Рисунок 11 – Начальное состояние

Конечное состояние интерфейса программного средства показано на рисунке 12.

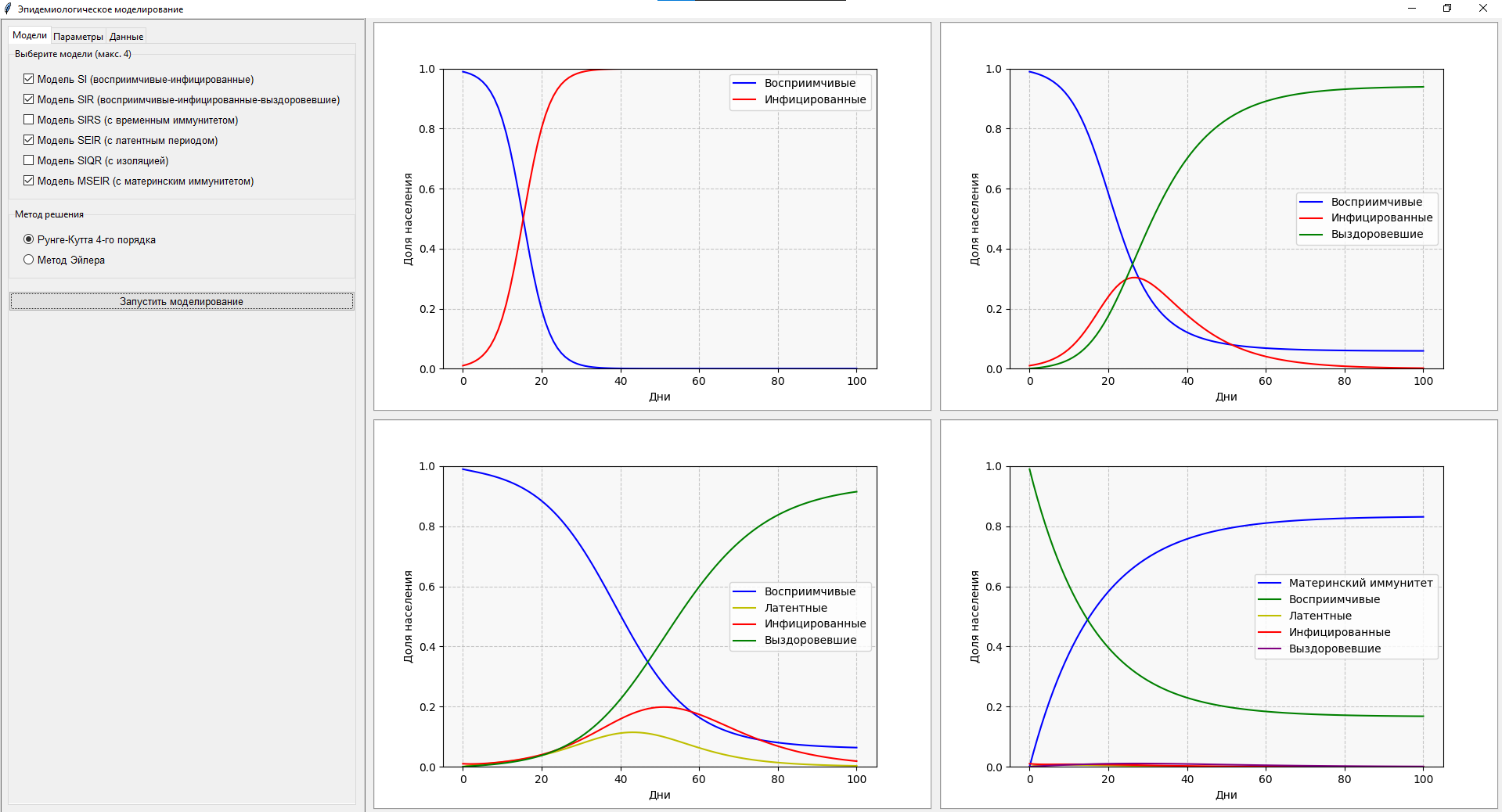


Рисунок 12 – Конечное состояние

4.2 Описание загрузки данных из файла

Для загрузки заранее составленных данных для моделирования необходимо перейти на вкладку «Данные» и нажать на кнопку «Загрузить данные из CSV», что показано на рисунке 13.



Рисунок 13 – Раздел загрузки данных из файла

После этого программа попытается выгрузить необходимые данные из файла: даты, количество населения, восприимчивые, инфицированные и выздоровевшие. Если данные из файла не были успешно выгружены, то на экран пользователя будет выведено уведомление об ошибке с указанием отсутствующего столбца в файле, представленное на рисунке 14.



Рисунок 14 – Ошибка загрузки данных

Если данные загружены успешно, то программное средство выведен на экран пользователя окно выбора страны, если в файле находятся несколько стран, а также диапазон дат, информация за которые будет считаться начальными данными для моделирования. Данное окно показано на рисунке 15.



Рисунок 15 – Окно выбора страны и дат

После нажатия на кнопку «Загрузить данные» на экране пользователя появиться уведомление об успехе операции с указанием страны и периода, выбранных пользователем. Данное уведомление показано на рисунке 16.



Рисунок 16 – Уведомление об успехе загрузки данных

Загруженные данные по долям населения нормализуются в диапазоне от нуля до единицы и распределяются на S (восприимчивых), I (инфицированных) и R (выздоровевших). Данное распределение показано на рисунке 17.

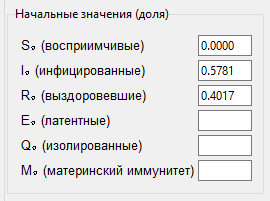


Рисунок 17 – Распределение долей населения

Дата начала прогнозирования автоматически определяется как конечная дата выбора начальных данных из файла. Конечная дата прогнозирования отличается от начальной на 3 месяца, что показано на рисунке 18.

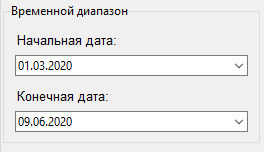


Рисунок 18 – Временной диапазон прогнозирования

Пользователь может заранее или после загрузки данных из CSV файла выбрать начальную и конечную дату прогнозирования, что показано на рисунках 19 и 20.

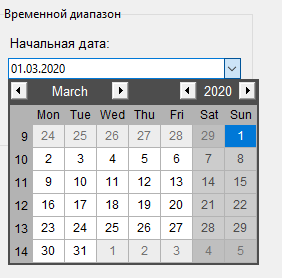


Рисунок 19 – Выбор начальной даты

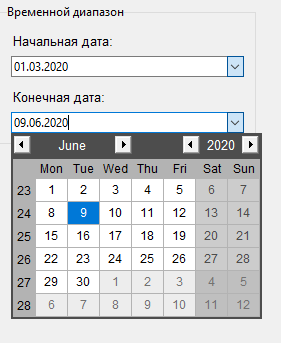


Рисунок 20 – Выбор конечной даты

Пользователь может заранее или после загрузки данных из CSV файла ввести значения параметров модели, либо оставить значения по умолчанию, что показаны на рисунке 21.

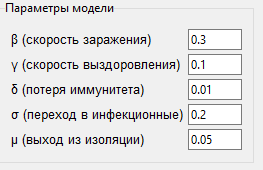


Рисунок 21 – Значения параметров по умолчанию

Пользователь может заранее или после загрузки данных из CSV файла выбрать от одной до четырех математических моделей. Если этот выбор превышает ограничение, то на экран будет выведено сообщение о превышении лимита, что показано на рисунке 22.



Рисунок 22 – Предупреждение об превышении лимита

Пользователь также может заранее или после выгрузки данных выбрать численный метод: Рунге-Кутта 4-го порядка или Эйлера. Чтобы начать моделирование пользователю необходимо нажать на кнопку «Запустить моделирование».

4.3 Тестирование математических моделей

Поскольку представленные в данной работе модели отличаются друг от друга как параметрами, так и начальными условиями, то каждую из них необходимо тестировать отдельно.

4.3.1 SIR-модель

SIR-модель состоит из трех начальных значений (восприимчивые, инфицированные и выздоровевшие) и двух параметров (скорость заражения и скорость выздоровления). Для первого контрольного примера возьмем следующие начальные данные: , , , , . Начальная дата моделирования 15.05.2025, конечная дата моделирования 14.07.2025, что составляет 60 дней. СДУ решается с помощью численного метода Рунге-Кутта 4-го порядка. Результат прогнозирования показан на рисунке 23.

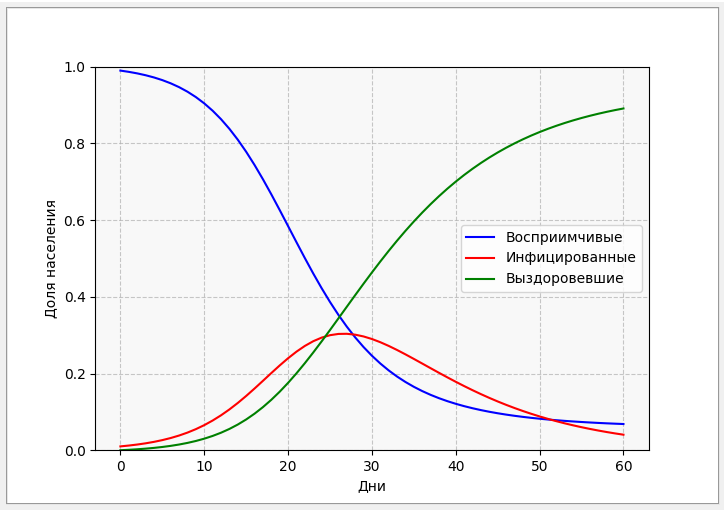


Рисунок 23 – Результат SIR-модели для первого контрольного примера с помощью метода Рунге-Кутта 4-го порядка

Для второго контрольного примера возьмем следующие начальные данные: , , , , . Начальная дата моделирования 15.05.2025, конечная дата моделирования 14.07.2025, что составляет 60 дней. СДУ решается с помощью численного метода Эйлера. Результат прогнозирования показан на рисунке 24.

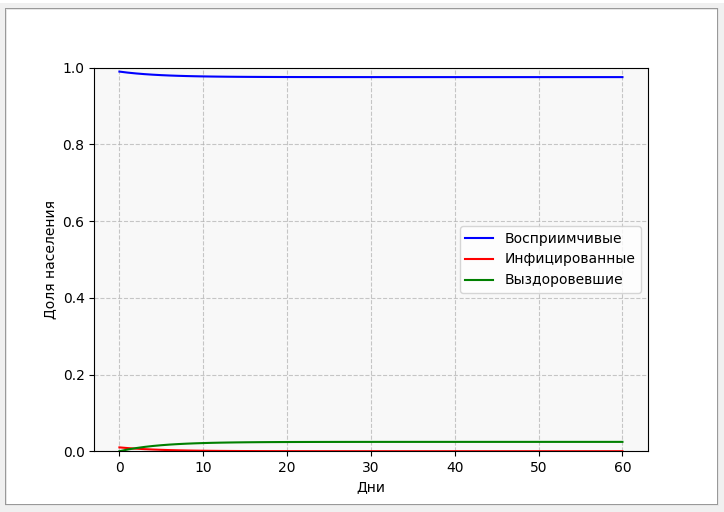


Рисунок 24 – Результат SIR-модели для второго контрольного примера с помощью метода Рунге-Кутта 4-го порядка

На графике видно, что инфицированные выздоравливают быстрее, а так как начальное количество данной доли население мало, то эпидемия заканчивается в первые же дни своего появления. Увеличим долю инфицированных до 0.25, а восприимчивых уменьшим до 0.75, оставив остальные параметры без изменения. Результат прогнозирования с измененными данными показан на рисунке 25.

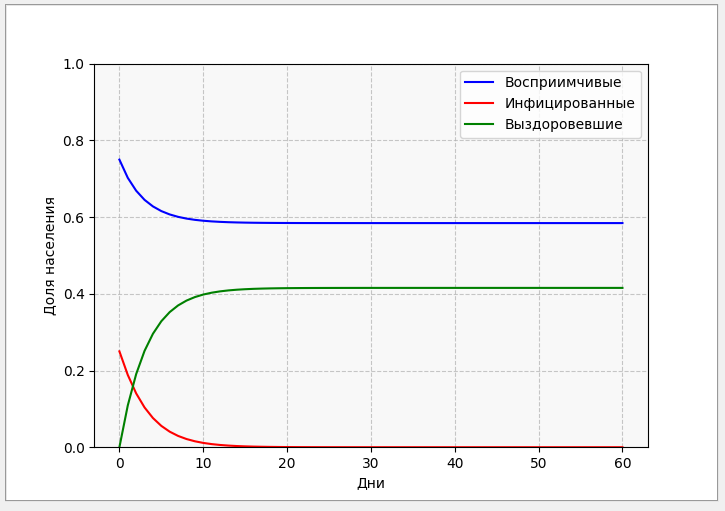


Рисунок 25 – Результат прогнозирования с измененными начальными данными для второго контрольного примера

На графике можно увидеть, что несмотря на увеличение количества восприимчивых, эпидемия все равно заканчивается в первый десяток дней. Пересечение графиков выздоровевших и инфицированных примерно похоже на пересечение этих же графиков в предыдущем варианте второго контрольного примера.

4.3.2 SI-модель

SI-модель состоит из двух начальных условий (восприимчивые и инфицированные) и одного параметра (скорость заражения). Для первого контрольного примера возьмем следующие начальные данные: , , . Начальная дата моделирования 15.05.2025, конечная дата моделирования 14.07.2025, что составляет 60 дней. СДУ решается с помощью численного метода Рунге-Кутта 4-го порядка. Результат прогнозирования показан на рисунке 26.

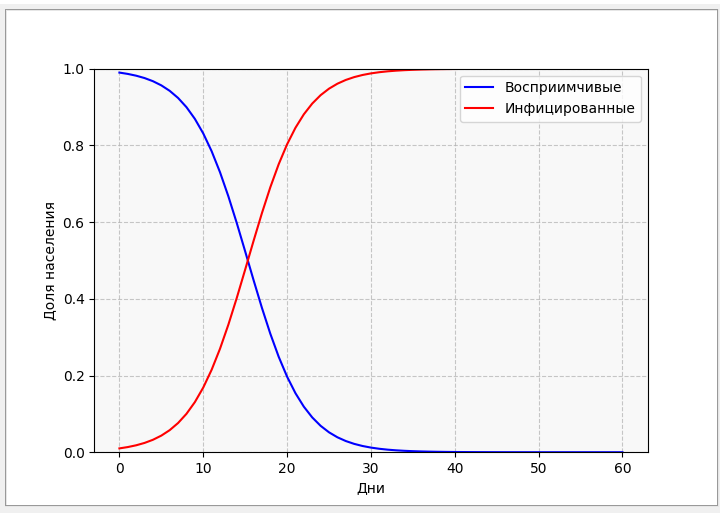


Рисунок 26 – Результат SI-модели для первого контрольного примера с помощью метода Рунге-Кутта 4-го порядка

Для второго контрольного примера возьмем следующие начальные данные: , , . Начальная дата моделирования 15.05.2025, конечная дата моделирования 14.07.2025, что составляет 60 дней. СДУ решается с помощью численного метода Эйлера. Результат прогнозирования показан на рисунке 27.

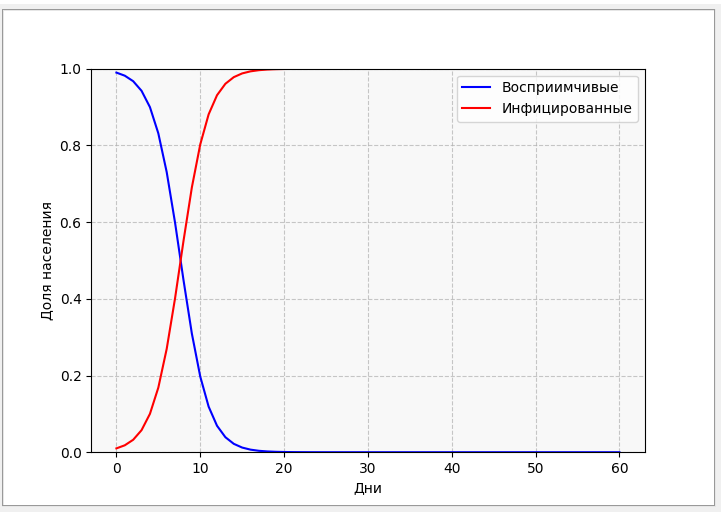


Рисунок 27 - Результат SI-модели для второго контрольного примера с помощью метода Рунге-Кутта 4-го порядка

На графике видно, что с увеличением скорости заражения рост инфицированных ускоряется. Количество инфицированных и восприимчивых к болезни наступает в первый десяток дней, когда в предыдущем примере это происходило только во второй десяток.

4.3.3 SIRS-модель

SIRS-модель состоит из трех начальных значений (восприимчивые, инфицированные и выздоровевшие) и трех параметров (скорость заражения, скорость выздоровления и скорость потери иммунитета). Для первого контрольного примера возьмем следующие начальные данные: , , , , , = 0.01. Начальная дата моделирования 15.05.2025, конечная дата моделирования 14.07.2025, что составляет 60 дней. СДУ решается с помощью численного метода Рунге-Кутта 4-го порядка. Результат прогнозирования показан на рисунке 28.

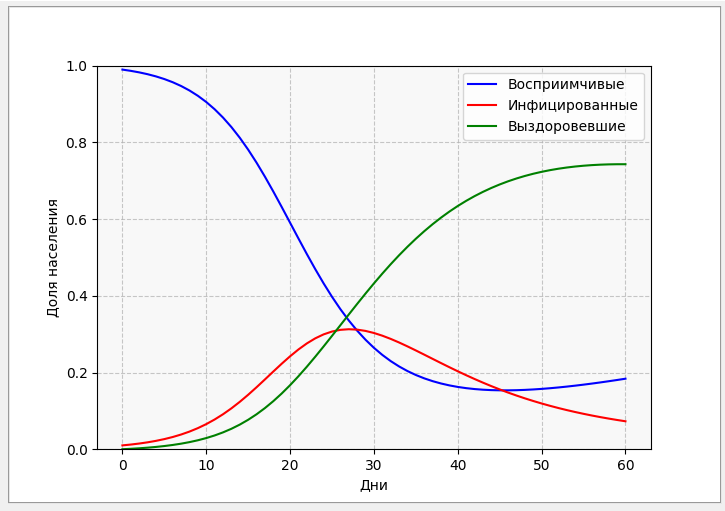


Рисунок 28 – Результат SIRS-модели для первого контрольного примера с помощью метода Рунге-Кутта 4-го порядка

Для второго контрольного примера возьмем следующие начальные данные: , , , , , = 0.5. Начальная дата моделирования 15.05.2025, конечная дата моделирования 14.07.2025, что составляет 60 дней. СДУ решается с помощью численного метода Эйлера. Результат прогнозирования показан на рисунке 29.

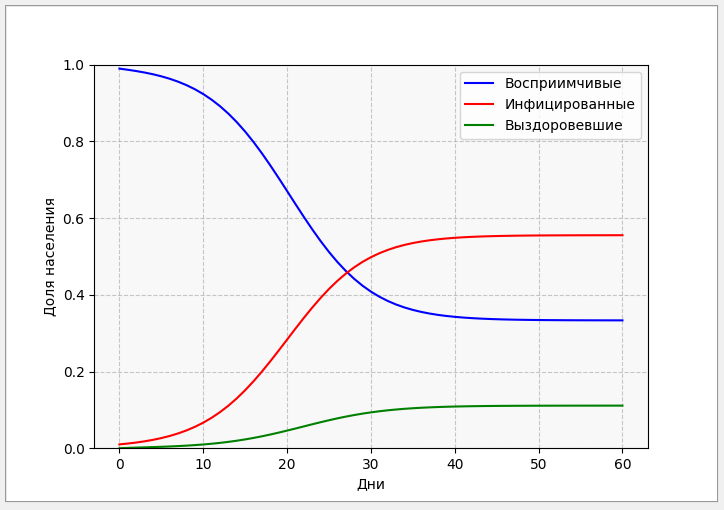


Рисунок 29 – Результат SIRS-модели для второго контрольного примера с помощью метода Рунге-Кутта 4-го порядка

На графике видно, что увеличение параметра скорости потери иммунитета изменяет динамику течения эпидемии. Выздоровевшая доля населения быстрее теряет иммунитет, а значит быстрее заболевает повторно. Если в первом контрольном примере инфицированных к 60 дню было около 0.1, то во втором контрольном примере их почти 0.6 и их количество практически не изменяется.

4.3.4 SIQR-модель

SIQR-модель состоит из четырех начальных значений (восприимчивые, инфицированные, изолированные и выздоровевшие) и четырех параметров (скорость заражения, скорость выздоровления, скорость перехода на карантин и скорость выздоровления изолированных). Для первого контрольного примера возьмем следующие начальные данные: , ,, , , , = 0.05, = 0.05. Начальная дата моделирования 15.05.2025, конечная дата моделирования 14.07.2025, что составляет 60 дней. СДУ решается с помощью численного метода Рунге-Кутта 4-го порядка. Результат прогнозирования показан на рисунке 30.

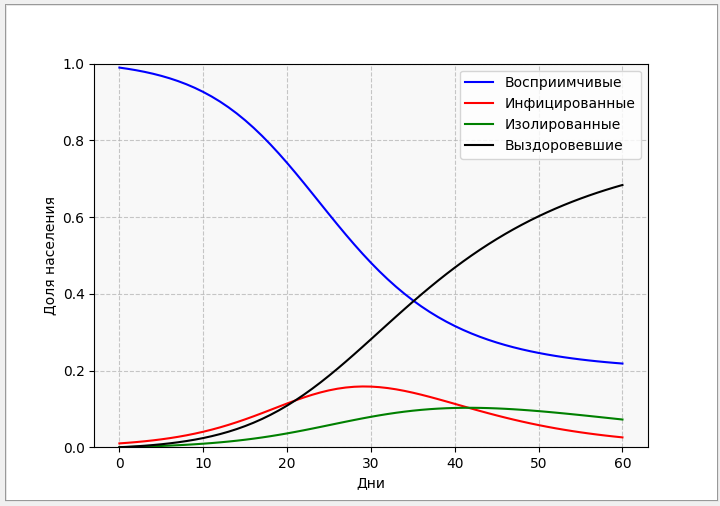


Рисунок 30 – Результат SIQR-модели для первого контрольного примера с помощью метода Рунге-Кутта 4-го порядка

Для второго контрольного примера возьмем следующие начальные данные: , ,, , , , = 0.1, = 0.05. Начальная дата моделирования 15.05.2025, конечная дата моделирования 14.07.2025, что составляет 60 дней. СДУ решается с помощью численного метода Эйлера. Результат прогнозирования показан на рисунке 31.

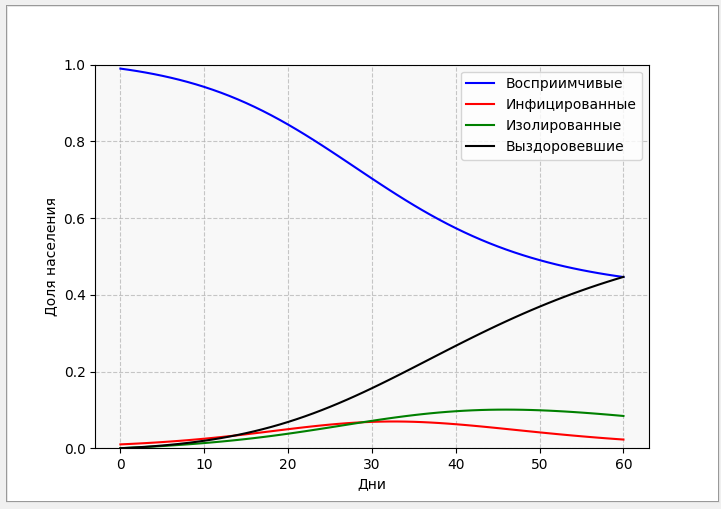


Рисунок 31 – Результат SIQR-модели для второго контрольного примера с помощью метода Рунге-Кутта 4-го порядка

На графике видно, что увеличение параметра скорости изоляции инфицированных сильно влияет на течение эпидемии. В первом случае количество инфицированных начинало снижаться с увеличением роста изолированных, но их пик наступил позже и находится в пределах 0.1 доли населения, когда пик инфицированных был примерно 0.7-0.8. Во втором случае наблюдается ситуация, когда изолированных намного больше, чем инфицированных. Количество выздоровевших и восприимчивых совпадает ровно на 60 день, а рост инфицированных снижается до 0.05-0.1.

4.3.5 SEIR-модель

SEIR-модель состоит из четырех начальных значений (восприимчивые, инфицированные, латентные и выздоровевшие) и трех параметров (скорость заражения, скорость выздоровления и скорость выхода из латентного периода). Для первого контрольного примера возьмем следующие начальные данные: , , , , , , . Начальная дата моделирования 15.05.2025, конечная дата моделирования 14.07.2025, что составляет 60 дней. СДУ решается с помощью численного метода Рунге-Кутта 4-го порядка. Результат прогнозирования показан на рисунке 32.

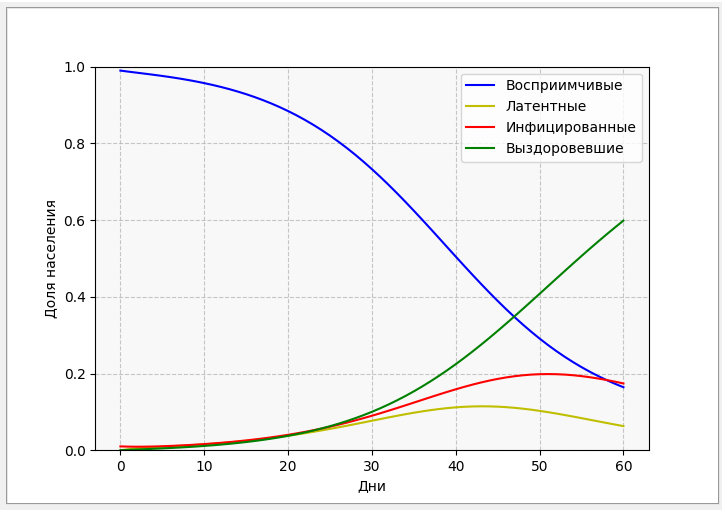


Рисунок 32 – Результат SEIR-модели для первого контрольного примера с помощью метода Рунге-Кутта 4-го порядка

Для второго контрольного примера возьмем следующие начальные данные: , , ,, , , . Начальная дата моделирования 15.05.2025, конечная дата моделирования 14.07.2025, что составляет 60 дней. СДУ решается с помощью численного метода Эйлера. Результат прогнозирования показан на рисунке 33.

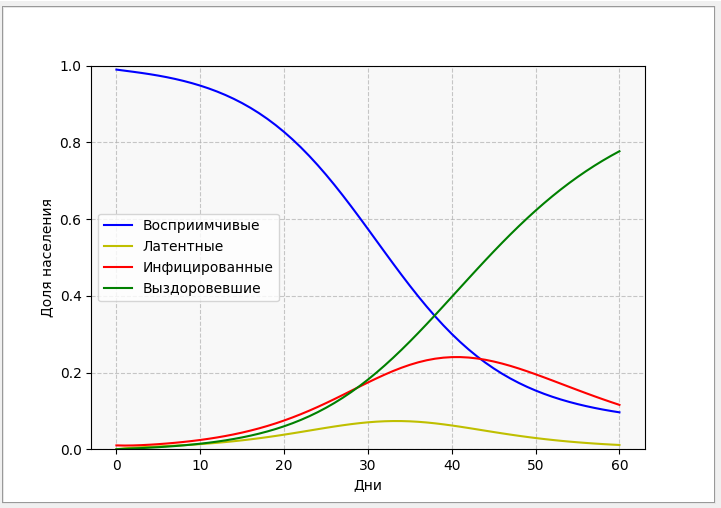


Рисунок 33 – Результат SEIR-модели для второго контрольного примера с помощью метода Рунге-Кутта 4-го порядка

На графике видно, что увеличение параметра выхода из латентного состояния способствует резкому росту количества инфицированных. Пик эпидемии наступает раньше, чем в первом случае. Количество инфицированных также становится большем. В первом случае в пике их было не больше 0.2, когда во втором случае их пик приходится на 0.25-0.3

4.3.6 MSEIR-модель

MSEIR-модель состоит из пяти начальных значений (младенцы с материнским иммунитетом, восприимчивые, инфицированные, латентные и выздоровевшие) и пяти параметров (скорость заражения, скорость выздоровления, скорость выхода из латентного периода, естественная смертность/рождаемость и скорость потери материнского иммунитета). Для первого контрольного примера возьмем следующие начальные данные: , , , , , , , , , . Начальная дата моделирования 15.05.2025, конечная дата моделирования 14.07.2025, что составляет 60 дней. СДУ решается с помощью численного метода Рунге-Кутта 4-го порядка. Результат прогнозирования показан на рисунке 34.

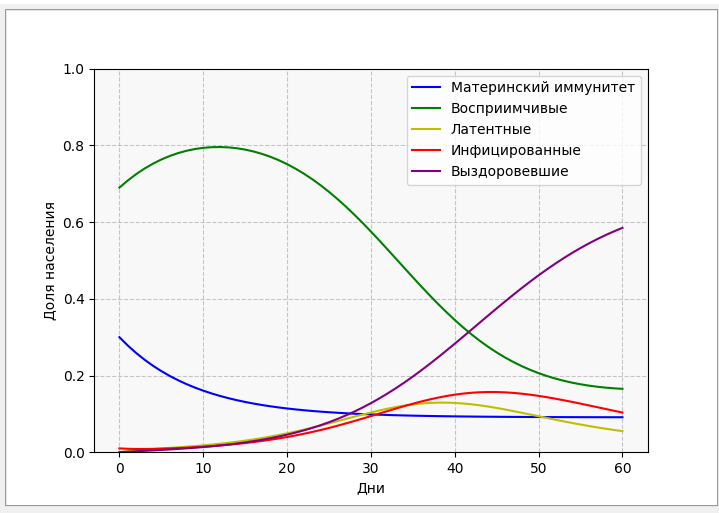


Рисунок 34 – Результат MSEIR-модели для первого контрольного примера с помощью метода Рунге-Кутта 4-го порядка

Для второго контрольного примера возьмем следующие начальные данные: , , , , , , , , , . Начальная дата моделирования 15.05.2025, конечная дата моделирования 14.07.2025, что составляет 60 дней. СДУ решается с помощью численного метода Эйлера. Результат прогнозирования показан на рисунке 35.

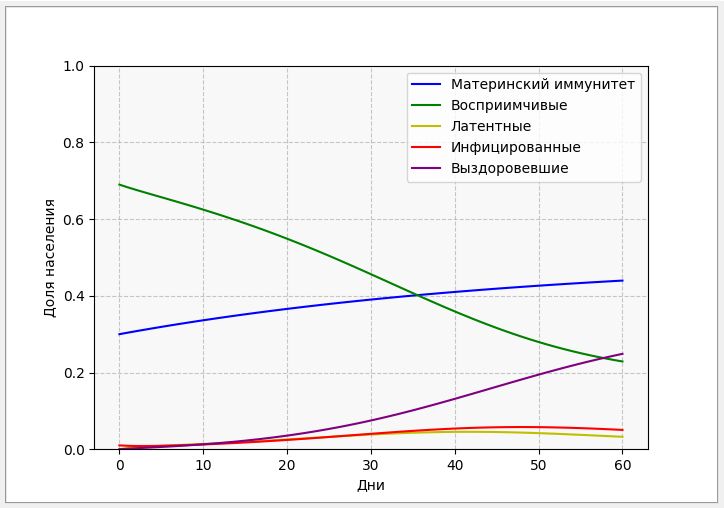


Рисунок 35 – Результат MSEIR-модели для второго контрольного примера с помощью метода Рунге-Кутта 4-го порядка

На графике видно, что уменьшение параметра потери материнского иммунитета снижает пик инфицированных, а также способствует сдерживанию эпидемии, так как к 60 дню количество заболевших снижается.

4.4 Анализ результатов моделирования

На основе представленных в данной работе математических моделей и их тестировании можно выделить следующие особенности:

* Модель SIR подходит для моделирования заболеваний, иммунитет для которых постоянен и сохраняется на всю жизнь. К таким заболеваниям относится ветряная оспа;
* Модель SI подходит для моделирования заболеваний, у которых отсутствует этап выздоровления. К таким заболеваниям относится гепатит B и C, а также ВИЧ/СПИД инфекции;
* Модель SIRS позволяет прогнозировать развитие эпидемиологической ситуации для более продолжительного срока, так как она учитывает потерю иммунитета у населения. Данная модель наиболее подходит для моделирования распространения ротавирусных и респираторных вирусов;
* Модель SEIR позволяет моделировать инфекции, у которых есть латентный (инкубационный) период. К таким инфекциям относится COVID-19;
* Модель SIQR подходит для моделирования развития эпидемиологической ситуации, при которой необходимо проанализировать воздействие карантинных мер. Данная модель наиболее полезна при моделировании развития эпидемии COVID-19 и других респираторных инфекций;
* Модель MSEIR подходит для моделирования распространения инфекций наиболее опасных для новорожденных. К таким заболеваниям относится корь.

Подводя итог анализа моделей, стоит отметить, что для каждой инфекции необходимо выбирать наиболее подходящий инструментарий, позволяющий представить полную картину возможного развития эпидемиологической ситуации. В таблице 4 приведены инфекции и модели, наиболее подходящие для их моделирования.

Таблица 4 **–** Инфекции и модели подходящие для их моделирования

|  |  |
| --- | --- |
| Название модели | Наиболее подходящие инфекции для моделирования |
| SIR | Грипп, ветряная оспа, корь, эпидемический паротит |
| SI | ВИЧ, гепатит B/C и другие хронические вирусные инфекции |
| SIRS | Риновирусы, ротавирусные инфекции, стрептококк группы A |
| SIQR | COVID-19, туберкулез, Эбола, другие инфекции с жесткими карантинными мерами |
| SEIR | COVID-19, туберкулез, корь, ветряная оспа |
| MSEIR | Краснуха, корь, ветряная оспа, инфекции с пассивным материнским иммунитетом |

4.5 Выводы по главе

В данной главе протестировано программное средство и реализованные математические модели на различных начальных данных. На основе анализа представленных в данной работе моделей выделены инфекции наиболее подходящие для моделирования развития эпидемиологической ситуации.

Заключение