

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ РОССИЙСКОЙ
ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение
высшего образования
**«Крымский федеральный университет имени В. И.
Вернадского»**
(ФГАОУ ВО «КФУ им. В. И. Вернадского»)
Таврическая академия (структурное подразделение)
Факультет математики и информатики
Кафедра прикладной математики

Консманов Алексей Витальевич

Моделирование распространения инфекционных заболеваний

Выпускная квалификационная работа

Обучающегося	<u>4</u> курса
Направления подготовки	<u>01.03.04. Прикладная математика</u>
Форма обучения	<u>очная</u>

Научный руководитель
доцент кафедры прикладной математики,
кандидат физико-математических наук Ю.Ю. Дюlicheва

Симферополь 2019

Оглавление

Введение	3
1 Подходы к моделированию процесса распространения ин- фекционных заболеваний	5

Введение

Несмотря на значительные достижения в области борьбы с инфекционными заболеваниями и порождаемыми ими эпидемиями, данная проблема и связанные с ней задачи все ещё актуальны. Одной из задач, возникающих в связи с борьбой с инфекционными заболеваниями, является исследование путей и способов передачи инфекций. В данной области возникает задача прогнозирования распространения конкретного инфекционного заболевания в некоторой заданной среде, то есть задача построения математической модели, описывающей скорость и масштабы распространения заболевания и его последствия: количество инфицированных и умерших, пространственные масштабы заражения, затраты средств и ресурсов, необходимые для изоляции больных и последующего излечения.

Математическое моделирование является мощным и гибким инструментом для исследования реальных процессов и объектов, а также связей между ними. Математическое моделирование удобно применять в тех ситуациях, когда проведение эксперимента с реальными субъектами затруднено по любой причине, что делает его подходящим способом исследования распространения инфекционных заболеваний. Заметим, что учитывая специфическую природу заболеваний и путей их передачи, которые будут изучены и исследованы далее, важным фактором для проверки адекватности построенной модели является наличие статистической информации, позволяющей тестировать соответствие модели реальным прецедентам.

Важно заметить, что модели, разработанные в данной области, не являются идеальными и универсальными. Основные допущения, принимаемые при построении модели, и недостатки этих моделей будут подробно рассмотрены далее.

Целью данной работы является анализ существующих моделей распространения инфекционных заболеваний и создание нескольких различных собственных моделей, позволяющих прогнозировать распространение конкретных заболеваний на основе существующих статистических данных, реализовать полноценное приложение для использования специалистами-эпидемиологами. Для этого необходимо решить нижеизложенный ком-

плекс задач:

- Проанализировать существующие подходы к моделированию, изучить сильные и слабые стороны этих подходов, принимаемые допущения. На основании этого анализа выбрать подход, который будет использоваться при построении собственной модели.
- выбрать заболевание для тестирования, подробно изучить его и собрать статистические данные о нем, найти статистику, позволяющую сравнить результаты моделирования с реальными;
- выбрать среду моделирования;
- разработать и реализовать базовую модель;
- на основе базовой модели создать модель повышенной точности и детализации;
- итеративно тестировать и улучшать результаты модели повышенной точности;
- разработать отдельное приложение для ввода данных в модель и визуализации полученных моделированием результатов для конечного пользователя – специалиста-медика или эпидемиолога.

Для решения поставленного комплекса задач использовались методы математической статистики и теории вероятности, дискретной математики, математического анализа. Разработанные модели основываются на методах агентного / мультиагентного моделирования, их реализации опираются на объектно-ориентированное программирование и современные средства программного анализа и визуализации данных.

Практическая ценность результатов работы: проведено исследование существующих подходов к моделированию, разработана модель и программный продукт, реализующий эту модель, также разработан программный продукт для ввода данных в модель специалистом и динамической визуализации результатов моделирования. Разработанные приложения позволяют дать количественный и качественный прогноз распространения инфекционного заболевания для любых достаточно точно и полно описанных популяции и заболевания.

1 Подходы к моделированию процесса распространения инфекционных заболеваний

Эпидемии всегда являлись одной из наиболее острых проблем медицины. Внезапно возникающие эпидемии формируют сложную ситуацию, динамически изменяющуюся во времени. В таких условиях медики и связанные чрезвычайные службы зачастую не могут принять адекватного решения и только порождают дополнительный хаос, неэффективно расходуют ресурсы, не способны в целом положительно повлиять на ход эпидемии или реализовать меры по борьбе с заболеванием.

Логично предположить, что одним из способов снижения угрозы для населения и уменьшения хаоса среди медиков и прочих ответственных служб являются меры предупредительного характера. Предупредительные меры могут иметь двойственный характер:

- 1 Во-первых, на основании регулярно обновляемых статистических данных, описывающих эпидемиологическую обстановку, возможно создавать кратковременную прогнозирующую модель, что позволит обнаружить эпидемию ещё до её начала;
- 2 Во-вторых, учет данных о прошлых подобных вспышках заболеваемости позволит составить прогноз для ответственных служб, описывающий характер необходимых ресурсов, их количество и область применения, что в свою очередь позволит уменьшить порождаемый вспышкой хаос.

Подобная идея не является революционно новой и к моделированию распространения заболеваний существует достаточно много подходов, основанных на разных принципах: полигамные модели, цепи Маркова, агентный подход, стохастические эксперименты, дифференциальные уравнения на графах, различные алгоритмы на графах. Далее будут подробно рассмотрены некоторые из этих подходов.

Некоторые общие допущения для всех моделей:

- Равномерность и стационарность в смысле неизменяемости во времени распределения возрастов, то есть все в популяции живут до

некоторого возраста L и затем умирают и для каждого возраста (включительно до L) количество людей в этой возрастной группе примерно или строго равно. Этот подход хорошо подходит для экономически развитых стран и стран, находящихся на постиндустриальном этапе экономического развития, где детская смертность мала и большинство людей доживают до ожидаемого возраста. Данное предположение может быть отвергнуто для стран, не подходящих под условия выше, например, при моделировании распространения лихорадки Эбола в странах Центральной и Южной Африки;

- Гомогенность или однородность перемещений внутри популяции, то есть индивидуумы в популяции *under scrutiny assort* и контактируют случайно, не замыкаясь в более мелких подгруппах. Данное допущение является спорным, т.к. социальная структура широко-масштабная и сложная, то есть индивидуумы внутри одной большой группы могут находиться в таких социальных отношениях, что большинство контактов будет приходиться на их собственную подгруппу, в то время как количество контактов вне группы будет предельно малым. Однако, такое допущение имеет место быть для упрощения построения модели и понимания результатов моделирования.

Также опишем один общий принцип разделения моделей по признаку случайности. По такому признаку модели можно разделить на стохастические и детерминистические. Стохастические модели предполагают наличие случайных величин и являются инструментом для оценки распределения вероятности потенциальных исходов посредством допущения случайных изменений в одной или нескольких переменных с ходом времени. Такие модели зависят от случайных изменений рисков, связанных с продолжительностью экспозиции, вероятности заболевания и прочих динамических изменяющихся параметров заболевания. Для описания различных этапов заболевания часто используют буквы M(maternally-derived immunity), S(suspicious), E(exposed), I(infected), R(recovered).