

ĐẠI HỌC QUỐC GIA HÀ NỘI
TRƯỜNG ĐẠI HỌC KHOA HỌC TỰ NHIÊN



PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU KHOA HỌC

Tiểu luận kết thúc học phần

**Đề tài: Phương trình vi phân và một số mô hình
dự báo nổi tiếng**

Giảng viên hướng dẫn : TS. Nguyễn Ngọc Phan

Sinh viên thực hiện : Vũ Nhật Tân

Nguyễn Xuân Trường

Lưu Văn Việt

Lớp : K65A2 – Toán Tin

Hà Nội, ngày 21 tháng 12 năm 2022

LỜI CẢM ƠN

Lời đầu tiên của bài tiểu luận, chúng em xin gửi lời cảm ơn sâu sắc tới giảng viên hướng dẫn TS. Nguyễn Ngọc Phan. Thầy đã tận tình hướng dẫn các phương pháp, nhận xét góp ý để chúng em thực hiện và hoàn thành bài thuyết trình và bài tiểu luận này. Trong quá trình tìm hiểu cũng như hoàn thiện báo cáo tiểu luận, chúng em có thể chưa trình bày được sâu sắc vấn đề cũng như không thể tránh khỏi những sai sót trong cách trình bày. Chúng em mong nhận được sự góp ý xây dựng của thầy để bài làm của chúng em được hoàn thiện hơn.

Một lần nữa chúng em xin chân thành cảm ơn!

Hà nội, ngày 21 tháng 12 năm 2022

Sinh viên

Vũ Nhật Tân

Nguyễn Xuân Trường

Lưu Văn Việt

Mục lục

LỜI MỞ ĐẦU	3
Chương 1. Khái quát về phương trình vi phân	4
1.1. Khái niệm và ý nghĩa của phương trình vi phân	4
1.2. Một số ứng dụng của phương trình vi phân	5
Chương 2. Mô hình Logistic trong dự báo dân số	6
2.1. Giới thiệu mô hình Logistic	6
2.2. Xây dựng mô hình Logistic	7
2.3. Tiểu kết	12
Chương 3. Mô hình SIR trong dự báo tình hình dịch bệnh	13
3.1. Giới thiệu mô hình SIR	13
3.2. Xây dựng mô hình SIR	14
3.3. Ước lượng tổng số người bị nhiễm bệnh trong quá trình xảy ra dịch bệnh	17
3.4. Ước lượng đỉnh dịch	18
3.5. Áp dụng mô hình SIR dự đoán tình hình dịch bệnh tại thành phố Hà Nội	20
3.6. Một số mô hình cải tiến mô hình SIR	23
3.7. Tiểu kết	25
KẾT LUẬN	26
Tài liệu tham khảo	27

LỜI MỞ ĐẦU

Phương trình vi phân là một trong những lĩnh vực quan trọng nhất của cả Toán học lý thuyết và Toán ứng dụng. Phương trình vi phân sinh ra từ việc mô hình hóa các quan niệm của con người về thế giới xung quanh. Có thể nói, ở đâu có sự chuyển động, ở đó có phương trình vi phân. Chính vì vậy, phương trình vi phân có rất nhiều ứng dụng trong thực tế. Trong bài tiểu luận này, chúng em xin phép được trình bày về một số mô hình Toán học được xây dựng dựa trên nền tảng của phương trình vi phân để từ đó làm rõ ý nghĩa và ứng dụng của phương trình vi phân. Bài tiểu luận của chúng em gồm 3 chương:

Chương 1: Giới thiệu khái quát về phương trình vi phân thông qua định nghĩa và ý nghĩa, từ đó đưa ra được những ứng dụng cơ bản của phương trình vi phân trong cuộc sống.

Chương 2: Trình bày về mô hình Logistic, một trong những mô hình cơ bản và quan trọng nhất trong công tác dự báo dân số. Xây dựng mô hình Logistic từ mô hình tăng trưởng mũ. Áp dụng được mô hình Logistic để dự báo xu hướng tăng trưởng dân số ở Việt Nam. Đánh giá được điểm mạnh và điểm yếu của mô hình Logistic trong công tác dự báo dân số.

Chương 3: Trình bày về mô hình SIR, một mô hình kinh điển về dịch bệnh. Xây dựng và áp dụng được mô hình SIR để dự báo tình hình dịch bệnh COVID-19 tại thành phố Hà Nội. Đánh giá được điểm mạnh, điểm yếu của mô hình SIR trong công tác dự báo dịch bệnh và giới thiệu được một số mô hình phát triển từ mô hình SIR.

Chương 1

Khái quát về phương trình vi phân

1.1. Khái niệm và ý nghĩa của phương trình vi phân

Trong thực tế, khi nghiên cứu, mô tả về các sự vật, hiện tượng trong thế giới tự nhiên, chúng ta thường không thể thiết lập một mô hình trực tiếp giữa các đối tượng đó, mà chỉ có thể thiết lập một hệ thức thể hiện mối quan hệ giữa sự thay đổi theo thời gian cùng với bản thân sự vật hiện tượng đó. Các hệ thức này có dạng một phương trình chứa y - đại lượng cần nghiên cứu, cùng với các đạo hàm của nó - mô tả tốc độ thay đổi của đối tượng, theo một biến số - thường là theo biến thời gian t . Các phương trình này được gọi là phương trình vi phân. Từ đó, chúng ta có thể định nghĩa một phương trình vi phân như sau:

Định nghĩa: Phương trình vi phân là phương trình bao gồm biến số (một hay nhiều biến), hàm số cần tìm và các đạo hàm (vi phân) các cấp của hàm số đó.

Dưới dạng công thức, một phương trình vi phân có thể được mô tả như sau:

$$F(x, y, y', y'', \dots, y^{(n)}) = 0$$

Phương trình vi phân mô tả mối quan hệ giữa hàm số đang xét cùng với các đạo hàm của nó, hay nói cách khác là mối quan hệ giữa sự vật hiện tượng cùng với sự

thay đổi của nó theo thời gian. Mỗi quan hệ này rất phổ biến trong tự nhiên và đời sống nên phương trình vi phân đã trở thành công cụ mạnh mẽ để mô hình hóa các sự kiện thực tế. Một số ví dụ có thể kể đến như:

- Phương trình dự báo dân số: $y' = r(1 - \frac{y}{K})y$
- Phương trình hệ thống giảm xóc lò xo: $my'' + \gamma y' + ky = 0$
- Phương trình dao động: $\theta'' + \frac{g}{l} \sin(\theta) = 0$

1.2. Một số ứng dụng của phương trình vi phân

Kể từ khi được ra đời từ thế kỉ 17, phương trình vi phân đã trở thành một lĩnh vực nghiên cứu quan trọng trong cả toán học thuần túy và toán học ứng dụng bởi khả năng mô hình hóa mạnh mẽ. Ngày nay, các nhà khoa học, các nhà kinh tế và các kỹ sư sử dụng phương trình vi phân để nghiên cứu và ứng dụng trong rất nhiều lĩnh vực:

Trong kỹ thuật, phương trình vi phân được ứng dụng trong thiết kế và mô tả hành trình của tàu thuyền, máy bay và tên lửa.

Trong các ngành khoa học Trái Đất, phương trình vi phân được dùng để dự báo thời tiết, phát hiện và dự báo động đất, mô tả hành vi của dòng chảy chất lỏng và khí trong tự nhiên. Một phương trình kinh điển trong lĩnh vực này là phương trình Navier-Stokes.

Trong sinh học, phương trình vi phân giúp xây dựng các hệ động lực mô tả hành vi của quần thể sinh học, mô hình hóa và quản lý nguồn thủy sản.

Trong dịch tễ học, phương trình vi phân đưa ra các mô hình dự báo dịch bệnh, phác đồ điều trị và thiết kế chính sách tiêm phòng vaccine nhằm ngăn chặn sự lây lan của dịch bệnh. Điển hình phải kể đến là mô hình SIR và các mô hình phát triển từ mô hình SIR nhằm dự báo tình hình dịch bệnh.

Trong vật lý học, phương trình vi phân mô tả quá trình truyền sóng và truyền nhiệt qua các phương trình truyền sóng và phương trình truyền nhiệt.

Trong kinh tế, phương trình vi phân giúp định giá tài chính. Một trong những phương trình vi phân quan trọng nhất trong lĩnh vực tài chính là phương trình Black-Scholes trong định giá quyền chọn mua và bán kiểu Châu Âu trên chứng khoán không trả cổ tức.

Chương 2

Mô hình Logistic trong dự báo dân số

2.1. Giới thiệu mô hình Logistic

Con người vừa là mục tiêu, vừa là động lực cho sự phát triển của mỗi quốc gia. Số liệu về dân số được cung cấp đầy đủ, kịp thời và chính xác là một điều rất cần thiết để có thể đưa ra được các chiến lược phát triển kinh tế - xã hội, đảm bảo an ninh trật tự và điều kiện sống cho người dân tại mỗi quốc gia. Trong việc phân tích và đưa ra kế hoạch phát triển đất nước, chúng ta không chỉ cần những số liệu dân số trong quá khứ và hiện tại mà còn cần cả những số liệu dân số trong tương lai. Từ đó, công tác dự báo dân số được đặt ra. Với khả năng dự báo và mô hình hóa mạnh mẽ của Toán học nói chung và phương trình vi phân nói riêng, các mô hình dự báo dân số đã được ra đời và thể hiện ưu điểm trong việc dự báo xu hướng tăng trưởng dân số trong tương lai từ những dữ liệu sẵn có. Một trong số các mô hình tăng trưởng dân số cơ bản và quan trọng nhất là mô hình Logistic (hay mô hình Verhulst) được Pierre Francois Verhulst xây dựng vào năm 1838. Mô hình này mô tả sự tăng trưởng dân số theo đường cong Sigmoid: Ban đầu dân số tăng trưởng xấp xỉ theo hàm mũ, sau đó giảm dần tốc độ tăng trưởng và cuối cùng bị chặn bởi một hằng số được gọi là khả năng chịu đựng của môi trường (Carrying capacity), một con số cho biết quy

mô dân số tối đa mà môi trường có thể đáp ứng (về nơi ở, thức ăn, nước uống) để dân số tiếp tục sinh trưởng và phát triển ổn định.

2.2. Xây dựng mô hình Logistic

Trước khi đi vào xây dựng và phân tích mô hình Logistic, chúng ta sẽ cùng tìm hiểu một trong những mô hình đầu tiên được ứng dụng trong dự báo dân số - mô hình tăng trưởng mũ. Mô hình này dựa trên ý tưởng dân số tăng trưởng theo hàm mũ được Thomas Robert Malthus giới thiệu trong cuốn sách "*An Essay on the Principle of Population*" vào năm 1798. Cụ thể, với giả định môi trường có thể cung cấp lượng tài nguyên không giới hạn và quy mô dân số không chịu tác động của yếu tố bên ngoài (như thiên tai, dịch bệnh, chiến tranh,...) thì sự tăng trưởng dân số tỉ lệ với quy mô của dân số tại từng thời điểm theo một hằng số r được gọi là tốc độ tăng trưởng dân số (per capita growth rate). Điều này được biểu diễn bằng phương trình vi phân sau:

$$\frac{dP}{dt} = rP$$

trong đó:

- $P(t)$ là quy mô dân số tại từng thời điểm
- r là tốc độ tăng trưởng dân số

Chọn gốc thời gian $t = 0$ là thời điểm bắt đầu xem xét mô hình và đặt điều kiện biên $P(0) = P_0$ thì ta có thể giải phương trình trên một cách dễ dàng:

$$\begin{aligned}\frac{dP}{dt} &= rP \\ \Leftrightarrow \frac{dP}{P} &= rdt \\ \Rightarrow \ln|P| &= rt + C \\ \Rightarrow P(t) &= Ae^{rt}\end{aligned}$$

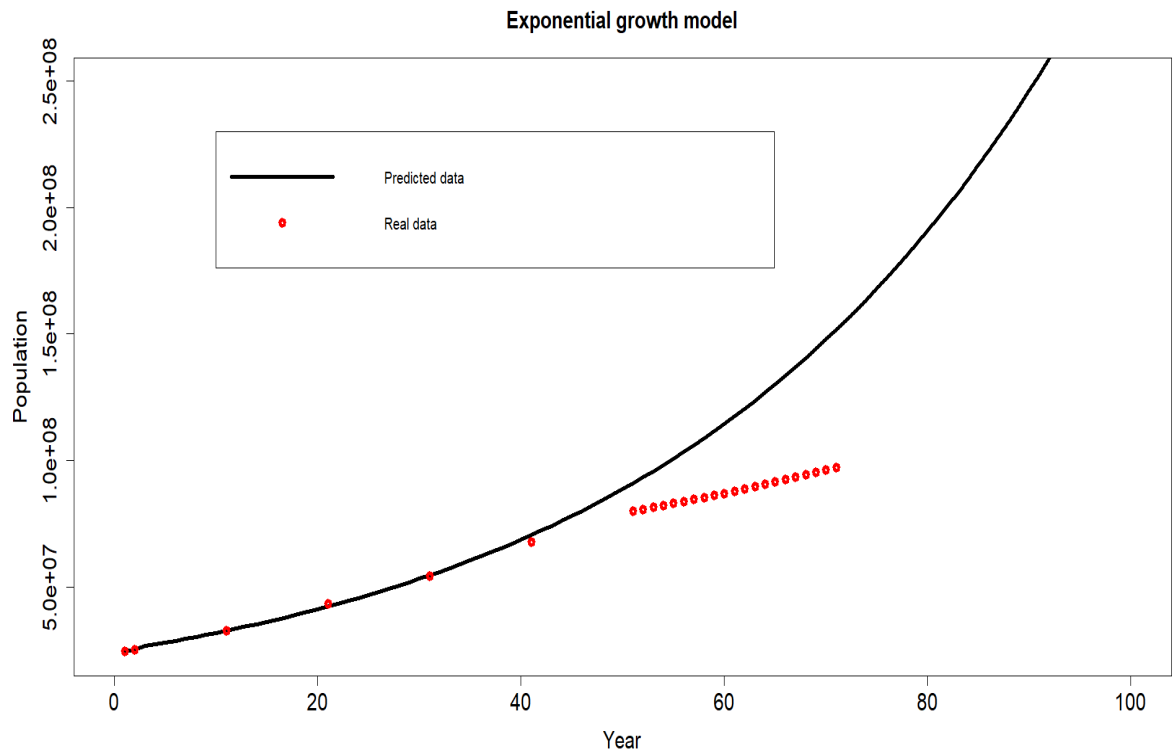
Do $P(0) = P_0 \Rightarrow A = P_0$ và ta thu được hàm tăng trưởng mũ:

$$P(t) = P_0 e^{rt}$$

Chúng ta sẽ sử dụng mô hình tăng trưởng mũ để dự báo và so sánh với số liệu thực tế dân số Việt Nam từ năm 1950 đến năm 2020 với các dữ liệu đầu vào như sau:

- Gốc thời gian $t = 0$ là tại năm 1950.
- Dân số Việt Nam năm 1950 ước tính là: $P_0 = 24809902$ người.
- Tốc độ tăng trưởng được ước tính: $r = 0,0255$

Sử dụng phần mềm R, chúng ta có biểu đồ tăng trưởng dân số như sau:



Hình 2.1: Mô hình tăng trưởng mũ

Nhận xét:

- Mô hình tăng trưởng mũ dự báo khá chính xác sự tăng trưởng dân số trong 40 năm đầu kể từ năm 1950.

- Từ năm 1990 trở đi, dân số dự báo vẫn có xu hướng tăng nhanh trong khi dân số thực tế tăng chậm dần dẫn đến sai số lớn dần theo các năm. Cụ thể tại năm 1990 sai số là 813828 người, tại năm 2000 sai số là 8876819 người, tại năm 2010 sai số là 26608863 người và tại năm 2020 sai số lên tới 50518015 người.

Như vậy, mô hình tăng trưởng mũ chỉ có thể dùng để dự báo trong khoảng thời gian ngắn, trong khoảng thời gian dài, sai số dự báo sẽ lớn dần theo thời gian. Điều này xảy ra là do trong thực tế, bất kì một quần thể nào cũng không thể phát triển với một tốc độ ổn định mãi do tài nguyên trong môi trường như nơi ở, thức ăn, nước uống không còn có thể đáp ứng cho mọi cá thể trong quần thể. Sự tăng trưởng của quần thể sẽ phải có giai đoạn bão hòa, sau đó là giảm dần tốc độ tăng trưởng và khi quần thể đạt tới ngưỡng mà môi trường sống có thể đáp ứng tối đa, quy mô quần thể sẽ được giữ ổn định theo thời gian. Ý tưởng này được áp dụng để xây dựng một mô hình hiệu quả và thực tiễn hơn từ mô hình tăng trưởng mũ, đó chính là mô hình tăng trưởng Logistic được biểu diễn bằng phương trình vi phân sau:

$$\frac{dP}{dt} = rP\left(1 - \frac{P}{K}\right)$$

trong đó:

- $P(t)$ là quy mô dân số tại từng thời điểm
- r là tốc độ tăng trưởng dân số
- K là khả năng chịu đựng của môi trường, cho biết quy mô dân số tối đa mà môi trường có thể đáp ứng.

Nhìn vào phương trình, ta thấy được rằng khi quy mô dân số P khá nhỏ so với mức chịu đựng K , đại lượng $\frac{P}{K}$ sẽ xấp xỉ 0, từ đó $\left(1 - \frac{P}{K}\right) \approx 1$ và mô hình tăng trưởng Logistic sẽ xấp xỉ mô hình tăng trưởng mũ:

$$\frac{dP}{dt} \approx rP$$

Điều này nói rằng tại thời điểm ban đầu, sự tăng trưởng dân số sẽ xấp xỉ sự tăng trưởng của hàm mũ. Ngược lại, khi P càng gần K thì đại lượng $r\left(1 - \frac{P}{K}\right)$ sẽ giảm dần

dẫn đến tốc độ tăng trưởng dân số chậm lại. Cuối cùng khi $P = K$ thì $r(1 - \frac{P}{K}) = 0$ và $\frac{dP}{dt} = 0$, nói cách khác dân số đạt đến khả năng chịu đựng của môi trường, quy mô dân số sẽ được giữ ổn định không còn thay đổi theo thời gian. Trong trường hợp có sự tác động từ các yếu tố bên ngoài như sự di dân, nhập cư dẫn đến $P > K$ thì khi đó $r(1 - \frac{P}{K}) < 0$ dẫn đến quy dân số giảm dần cho đến khi trở lại và giữ ổn định ở ngưỡng K . Như vậy, mô hình Logistic phù hợp với những ý tưởng được đưa ra để khắc phục những nhược điểm của mô hình tăng trưởng mũ.

Chọn gốc thời gian $t = 0$ là thời điểm bắt đầu xem xét mô hình và đặt điều kiện biên $P(0) = P_0$, nghiệm $P(t)$ của phương trình tăng trưởng Logistic được xác định như sau:

$$\begin{aligned}
 \frac{dP}{dt} &= rP(1 - \frac{P}{K}) \\
 \Leftrightarrow \frac{dP}{P(1 - \frac{P}{K})} &= rdt \\
 \Leftrightarrow \frac{KdP}{P(K - P)} &= rdt \\
 \Leftrightarrow (\frac{1}{P} - \frac{1}{K - P})dP &= rdt \\
 \Rightarrow \ln P - \ln(K - P) &= rt + C \\
 \Leftrightarrow \ln(\frac{P}{K - P}) &= rt + C \\
 \Rightarrow \frac{P}{K - P} &= De^{rt} \\
 \Rightarrow \frac{K}{P} &= Ee^{-rt} + 1 \\
 \Rightarrow P(t) &= \frac{K}{1 + Ee^{-rt}}
 \end{aligned}$$

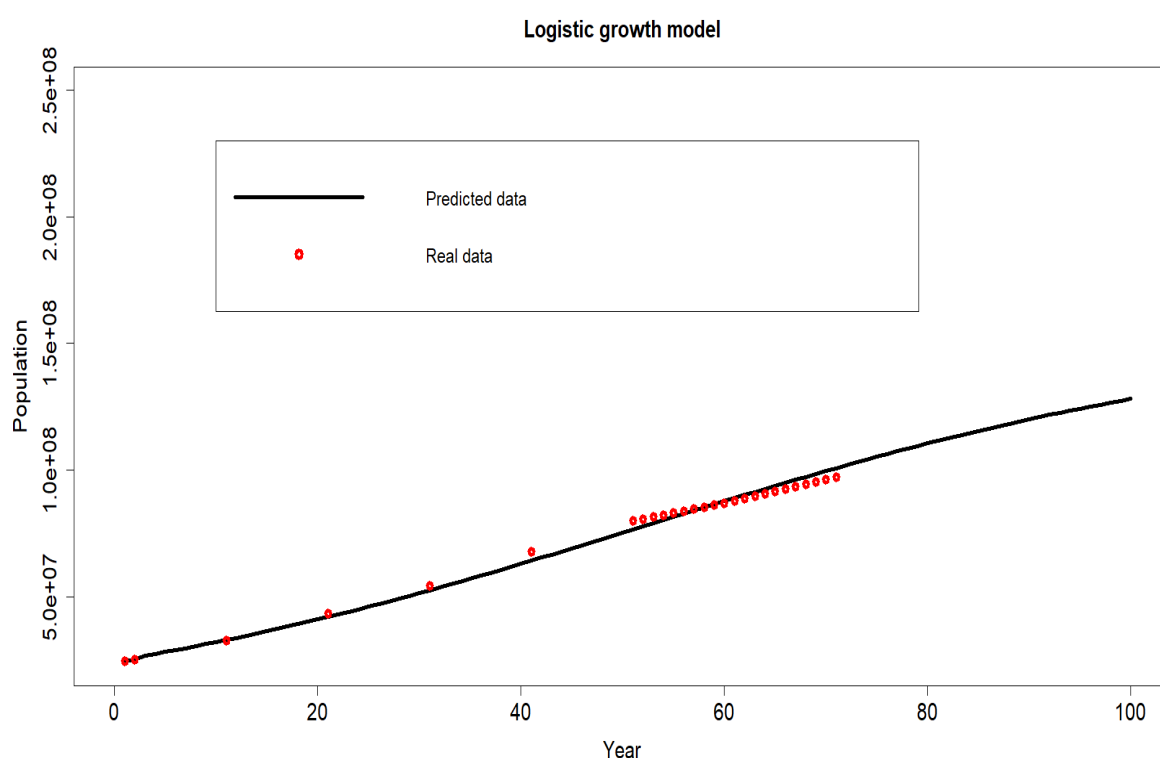
Do $P(0) = P_0 \Rightarrow E = \frac{K - P_0}{P_0}$ và ta thu được hàm tăng trưởng Logistic:

$$P(t) = \frac{K}{1 + \frac{K - P_0}{P_0}e^{-rt}}$$

Sau đây chúng ta sẽ sử dụng phần mềm R để mô phỏng mô hình tăng trưởng

Logistic và so sánh với dữ liệu thực tế. Các tham số đầu vào được xác định như sau:

- Gốc thời gian $t = 0$ là tại năm 1950.
- Dân số Việt Nam năm 1950 ước tính là: $P_0 = 24809902$ người.
- Tốc độ tăng trưởng được ước tính: $r = 0,032$
- Khả năng chịu đựng của môi trường được ước tính: $K = 155691203$



Hình 2.2: Mô hình tăng trưởng logistic

Nhận xét:

- Mô hình tăng trưởng logistic đã khắc phục được nhược điểm của mô hình tăng trưởng mũ và dự đoán chính xác xu hướng tăng trưởng dân số trong thời gian dài. Tuy nhiên vẫn còn sai số xảy ra, sai số này có thể đến từ độ phù hợp của việc khớp dữ liệu ban đầu để xác định các tham số r và K , yêu cầu độ chính xác cao với điều kiện biên. Ngoài ra, trong thời gian dài, các tác nhân bên ngoài hệ như thiên tai, dịch bệnh, chiến tranh có thể làm ảnh hưởng tới tốc độ tăng trưởng dân số.

2.3. Tiểu kết

Mô hình Logistic là một trong số các mô hình tăng trưởng dân số cơ bản và quan trọng nhất. Mô hình này đã khắc phục được những nhược điểm của mô hình tăng trưởng mũ trong dự báo xu hướng tăng trưởng dân số và có đóng góp ý nghĩa trong công tác dự báo dân số. Tuy vậy, các mô hình dự báo dân số vẫn còn hạn chế khi chưa xem xét kĩ càng các yếu tố từ bên ngoài có thể ảnh hưởng tới sự tăng trưởng dân số. Trong phần tiếp theo, chúng ta sẽ tìm hiểu một trong những yếu tố ảnh hưởng sâu sắc nhất tới sự tăng trưởng dân số - yếu tố dịch bệnh, kèm theo đó là các mô hình dự báo giúp đánh giá và đương đầu với dịch bệnh.

Chương 3

Mô hình SIR trong dự báo tình hình dịch bệnh

3.1. Giới thiệu mô hình SIR

Trong suốt chiều dài lịch sử, các dịch bệnh truyền nhiễm đã có tác động to lớn đến sự tồn tại và phát triển của xã hội loài người. Những năm gần đây, chúng ta phải đối mặt với đại dịch COVID-19 - một đại dịch có quy mô toàn cầu đã gây ra hậu quả nặng nề về cả kinh tế, xã hội và dân số tại mỗi quốc gia; làm thay đổi hoàn toàn cách chúng ta sinh hoạt, giao tiếp và làm việc.

Để ứng phó với sự lây lan của dịch bệnh, nhiều mô hình toán học đã được nghiên cứu và xây dựng để dự báo tình hình dịch bệnh, với mục tiêu giúp chúng ta có cái nhìn bao quát về diễn biến và quy mô của dịch bệnh từ đó đưa ra được các biện pháp để kiểm soát dịch bệnh. Trong đó không thể không đề cập đến mô hình SIR - một mô hình dịch bệnh kinh điển, đồng thời cũng là một trong những mô hình quan trọng nhất, được dùng làm cơ sở để phát triển thành các mô hình dự báo dịch bệnh phức tạp và chính xác hơn.

Mô hình SIR lần đầu được W.O. Kermack và A.G McKendrick giới thiệu trong bài báo "*A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics*" vào năm 1927. Trong đại dịch COVID-19, mô hình SIR và các mô hình phát triển từ nó như mô

hình SEIR và mô hình SIRS đã được đưa ra thảo luận và áp dụng để dự báo tình hình dịch bệnh tại nhiều quốc gia trên thế giới. Tại Việt Nam, tháng 1 năm 2021, GS. Nguyễn Tuấn đã đưa ra mô hình SIR phân tích về dịch bệnh tại thành phố Hồ Chí Minh khi dịch bệnh COVID-19 bùng phát mạnh. Từ ngày 12 đến ngày 14 tháng 12 năm 2020, Viện Nghiên cứu cao cấp về Toán tổ chức hội thảo quốc tế về “Hệ SIR: Từ lý thuyết đến ứng dụng” tại Tuần Châu, Hạ Long.



Hình 3.1: Hội thảo quốc tế về “Hệ SIR: Từ lý thuyết đến ứng dụng”

3.2. Xây dựng mô hình SIR

Mô hình SIR dùng để mô tả sự lây lan của một bệnh truyền nhiễm từ người sang người sao cho những người sau khi bị nhiễm và khỏi bệnh sẽ đạt được miễn dịch và không thể bị nhiễm bệnh lại (ít nhất là cho đến khi dịch bệnh kết thúc). Cụ thể, trong mô hình SIR, với giả định tổng dân số không đổi trong suốt quá trình diễn ra dịch bệnh thì dân số được chia thành 3 nhóm:

- Những người có khả năng mắc bệnh (Susceptible): $S(t)$
- Những người đang nhiễm bệnh và có thể lây bệnh cho người khác (Infec-

tious): $I(t)$

- Những người không còn khả năng mắc bệnh, bao gồm những người khỏi bệnh hoặc đã chết (Removed hoặc Recovered): $R(t)$



Hình 3.2: Mô hình SIR

Một người bất kì chỉ có thể chuyển từ nhóm có khả năng bị mắc bệnh (nhóm S) sang nhóm những người nhiễm bệnh và có thể đi lây bệnh (nhóm I), hoặc từ nhóm I sang nhóm những người không còn khả năng mắc bệnh (nhóm R). Tương tự, nếu xem xét khả năng những người sau khi khỏi bệnh vẫn có thể bị tái nhiễm, ta có thêm trường hợp những người từ nhóm R chuyển sang nhóm S, tương ứng với mô hình SIRS. Một số mô hình phức tạp hơn như SEIR và SEIS có thêm nhóm những người trong thời kì phơi nhiễm $E(t)$ (Exposed) - là những người bị nhiễm bệnh nhưng chưa khởi phát triệu chứng và có khả năng lây bệnh cho người khác.

Mô hình SIR là một hệ động lực theo thời gian. Trạng thái của hệ tại mỗi thời điểm t được xác định bởi các giá trị $S(t), I(t), R(t)$; cho biết số người có thể bị nhiễm bệnh, đã nhiễm bệnh và đã khỏi bệnh tại mỗi thời điểm. Khi tổng dân số N là đủ lớn, cùng với giả thiết tổng dân số không thay đổi trong suốt quá trình diễn ra dịch bệnh, tức là:

$$S(t) + I(t) + R(t) = N$$

Khi đó, ta có thể coi các hàm $S(t), I(t), R(t)$ là các hàm thực khả vi theo thời gian và sự vận động của hệ SIR được xấp xỉ bởi hệ các phương trình vi phân sau đây:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases}$$

trong đó:

- β là tốc độ lan truyền của dịch bệnh (Transmission rate).
- γ là tốc độ hồi phục (Recovery rate), hay nói cách khác khoảng thời gian mắc bệnh trung bình là $\frac{1}{\gamma}$.

Với gốc thời gian $t = 0$ là thời điểm dịch bệnh bắt đầu, điều kiện biên của hệ như

$$\text{sau: } \begin{cases} S(0) = S_0 \\ I(0) = I_0 \\ R(0) = 0 \end{cases}$$

Trước khi đi vào phân tích và ứng dụng, chúng ta sẽ xem xét ý nghĩa của từng thành phần trong mô hình:

Giả sử trong mỗi một đơn vị thời gian, một người trong nhóm I tiếp xúc với trung bình m người trong tổng dân số. Khi mỗi một tiếp xúc xảy ra, người bị nhiễm bệnh có thể lây bệnh cho người bị tiếp xúc với xác suất là p , xác suất này phụ thuộc vào khoảng cách tiếp xúc và các biện pháp phòng chống dịch như đeo khẩu trang, tiêm phòng vaccine, v.v. Tuy nhiên, theo mô hình SIR, chỉ có những người trong nhóm S mới có thể bị nhiễm bệnh và chuyển sang nhóm I . Tại mỗi thời điểm, số người thuộc nhóm S là $S(t)$ nên một người bất kì trong tổng dân số thuộc nhóm S với xác suất là $\frac{S}{N}$. Do đó trong m người có trung bình $m\frac{S}{N}$ người thuộc nhóm S và mỗi người thuộc nhóm I có thể lây bệnh cho trung bình $mp\frac{S}{N}$ người tại mỗi một đơn vị thời gian. Với $I(t)$ người bị nhiễm bệnh thì tại mỗi thời điểm có trung bình $mp\frac{S}{N}I$ người bị lây bệnh. Đặt $\beta = mp$ thì β được gọi là tốc độ lan truyền của dịch bệnh, thể hiện số lây nhiễm trung bình mà một người thuộc nhóm I có thể gây ra trong một đơn vị thời gian. Lượng $\beta\frac{SI}{N}$ được chuyển từ nhóm S sang I , hay nói cách khác, nhóm S sẽ giảm đi $\beta\frac{SI}{N}$ người tại mỗi thời điểm và từ đó, ta thu được phương trình đầu tiên.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta\frac{SI}{N}$$

Tại mỗi thời điểm có trung bình $\beta\frac{SI}{N}$ người bị nhiễm bệnh được thêm vào nhóm I , đồng thời cũng có một số người khỏi bệnh chuyển từ nhóm I sang nhóm R . Giả sử thời gian mắc bệnh trung bình là $\frac{1}{\gamma}$ thì γ được gọi là tốc độ hồi phục, đặc trưng

cho tỉ lệ khỏi bệnh tại mỗi thời điểm. Do đó, trung bình số người khỏi bệnh chuyển từ nhóm I sang nhóm R tại mỗi thời điểm là γI , và từ đó ta thu được phương trình thứ hai.

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I$$

Cuối cùng, lượng người khỏi bệnh γI được thêm vào nhóm R từ nhóm I nên nhóm R sẽ tăng thêm một lượng γI người tại mỗi thời điểm và ta thu được phương trình cuối cùng.

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Như vậy, chúng ta đã tìm hiểu được cách xây dựng mô hình SIR cũng như ý nghĩa của các thành phần trong mô hình. Sau đây, chúng ta sẽ đi vào phân tích một vài kết quả thu được từ mô hình SIR.

3.3. Ước lượng tổng số người bị nhiễm bệnh trong quá trình xảy ra dịch bệnh

Dựa vào mô hình SIR cũng như là ý nghĩa của các đại lượng S và R, ta có nhận xét rằng $S(t)$ là hàm đơn điệu giảm, $R(t)$ là đơn điệu tăng và cả hai hàm số đều bị chặn giữa 0 và N. Khi đó, tồn tại giới hạn:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R_{\infty} \Rightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} \frac{dR}{dt} = \lim_{t \rightarrow \infty} \gamma I = 0$$

Do $I \rightarrow 0$ nên trong một hệ kín, dịch sẽ luôn chấm dứt, và R_{∞} chính là tổng số người bị nhiễm bệnh trong suốt quá trình xảy ra dịch bệnh, đây là con số mà chúng ta quan tâm và cần ước lượng.

Từ phương trình: $\frac{dR}{dt} = \gamma I \Rightarrow I(t) = \frac{dR}{\gamma dt}$

Thay vào phương trình $\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}$ ta được:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} + \frac{\beta}{N\gamma} \frac{dR}{dt} S &= 0 \\ \Leftrightarrow \frac{dS}{dt} e^{\frac{\beta}{N\gamma} R} + \frac{\beta}{N\gamma} \frac{dR}{dt} S e^{\frac{\beta}{N\gamma} R} &= 0 \\ \Leftrightarrow \int \left(\frac{dS}{dt} e^{\frac{\beta}{N\gamma} R} + \frac{\beta}{N\gamma} \frac{dR}{dt} S e^{\frac{\beta}{N\gamma} R} \right) dt &= C \\ \Leftrightarrow S e^{\frac{\beta}{N\gamma} R} &= C \end{aligned}$$

Do $S(0) = S_0, R(0) = 0$ nên $C = S_0 \Rightarrow S(t) e^{\frac{\beta}{N\gamma} R(t)} = S_0$

Cho $t \rightarrow \infty$, ta được:

$$S_{\infty} e^{\frac{\beta}{N\gamma} R_{\infty}} = S_0$$

Do $S(t) + I(t) + R(t) = N$ và $I \rightarrow 0 \Rightarrow S_{\infty} + R_{\infty} = N$

Do đó: $S_{\infty} = N - R_{\infty}$ và ta thu được:

$$(N - R_{\infty}) e^{\frac{\beta}{N\gamma} R_{\infty}} = S_0$$

Đặt: $F(s) = (N - s) e^{\frac{\beta}{N\gamma} s}$ thì $F(s)$ đơn điệu giảm trong $[0, N]$.

Hơn nữa: $(F(0) - S_0)(F(N) - S_0) < 0$, với $0 < S_0 < N$ nên phương trình $F(s) = S_0$ có duy nhất nghiệm trong $[0, N]$, nghiệm này chính là tổng số người nhiễm bệnh trong quá trình xảy ra dịch bệnh và có thể được ước lượng bằng các phương pháp số.

3.4. Ước lượng đỉnh dịch

Bên cạnh tổng số người bị nhiễm bệnh trong dịch bệnh, số người bị nhiễm bệnh nhiều nhất tại một thời điểm - hay đỉnh dịch I_{\max} cũng là một thông tin quan trọng cho chúng ta biết về cường độ của dịch bệnh. Trước khi ước lượng I_{\max} , chúng ta sẽ tìm hiểu về hệ số lây nhiễm cơ bản λ .

Hệ số lây nhiễm cơ bản λ được định nghĩa bằng tỉ số:

$$\lambda = \frac{\beta}{\gamma}$$

Do β biểu hiện cho số người bị lây bệnh trung bình bởi 1 người nhiễm bệnh tại một đơn vị thời gian, và $\frac{1}{\gamma}$ là thời gian nhiễm bệnh trung bình nên λ biểu hiện cho tổng số người bị lây bệnh bởi 1 người nhiễm bệnh ban đầu trong suốt quá trình người đó bị bệnh. Hệ số lây nhiễm cơ bản λ có vai trò quan trọng khi nghiên cứu về dịch bệnh. Nếu $\lambda < 1$, một người nhiễm bệnh ban đầu không thể lây bệnh cho quá một người khác trong suốt quá trình bị bệnh nên số người bị bệnh sẽ luôn giảm và dịch bệnh không bùng phát trong cộng đồng. Ngược lại nếu $\lambda > 1$, một người nhiễm bệnh ban đầu lây bệnh cho nhiều hơn một người khác trong suốt quá trình bị bệnh nên số người bị bệnh sẽ luôn tăng và dịch bệnh sẽ bùng phát trong cộng đồng. Từ đó khi muốn kiểm soát dịch bệnh bùng phát, chúng ta sẽ cố gắng kiểm soát con số λ về ngưỡng 1. Phương án đầu tiên là làm giảm β bằng cách giảm m - số tiếp xúc trung bình của một người nhiễm bệnh hoặc giảm p - khả năng lây nhiễm khi tiếp xúc xảy ra. Trong đại dịch COVID-19, chúng ta đã thực hiện việc giãn cách xã hội và cách li tập trung để giảm khả năng tiếp xúc, thực hiện đeo khẩu trang để giảm tỉ lệ lây nhiễm. Phương án thứ hai là làm giảm $\frac{1}{\gamma}$ - giảm thời gian điều trị bằng cách tích cực điều trị cho bệnh nhân và đẩy mạnh việc tiêm phòng vaccine tạo miễn dịch cộng đồng.

Quay trở lại với việc ước lượng đỉnh dịch, trước tiên ta có nhận xét như sau:
Từ phương trình:

$$\begin{aligned}\frac{dI}{dt} &= \beta \frac{SI}{N} - \gamma I \\ \Rightarrow \frac{dI}{dt} &< 0 \\ \Leftrightarrow \beta \frac{SI}{N} - \gamma I &< 0 \\ \Leftrightarrow S &< \frac{N\gamma}{\beta} = \frac{N}{\lambda}\end{aligned}$$

Do đó, I sẽ giảm khi $S < \frac{N}{\lambda}$ và tăng khi $S > \frac{N}{\lambda}$

Nếu $\lambda < 1 \Rightarrow \frac{N}{\lambda} > N > S$ nên I luôn giảm. Khi đó, $I_{\max} = I_0$

Nếu $\lambda > 1$ và $S_0 > \frac{N}{\lambda}$ thì I sẽ tăng đến thời điểm t_{\max} sao cho $S(t_{\max}) = \frac{N}{\lambda}$ và sau đó giảm dần.

Từ phương trình:

$$S(t)e^{\frac{\beta}{N\gamma}R(t)} = S_0$$

Với $S(t_{\max}) = \frac{N}{\lambda}$, ta được:

$$\begin{aligned}\frac{N}{\lambda}e^{\frac{\beta}{N\gamma}R(t_{\max})} &= S_0 \\ \Leftrightarrow R(t_{\max}) &= \frac{N}{\lambda} \ln\left(\frac{S_0\lambda}{N}\right) \\ \Rightarrow I_{\max} &= N - S(t_{\max}) - R(t_{\max}) \\ \Leftrightarrow I_{\max} &= N \left[1 - \frac{1}{\lambda} - \frac{1}{\lambda} \ln\left(\frac{S_0\lambda}{N}\right)\right]\end{aligned}$$

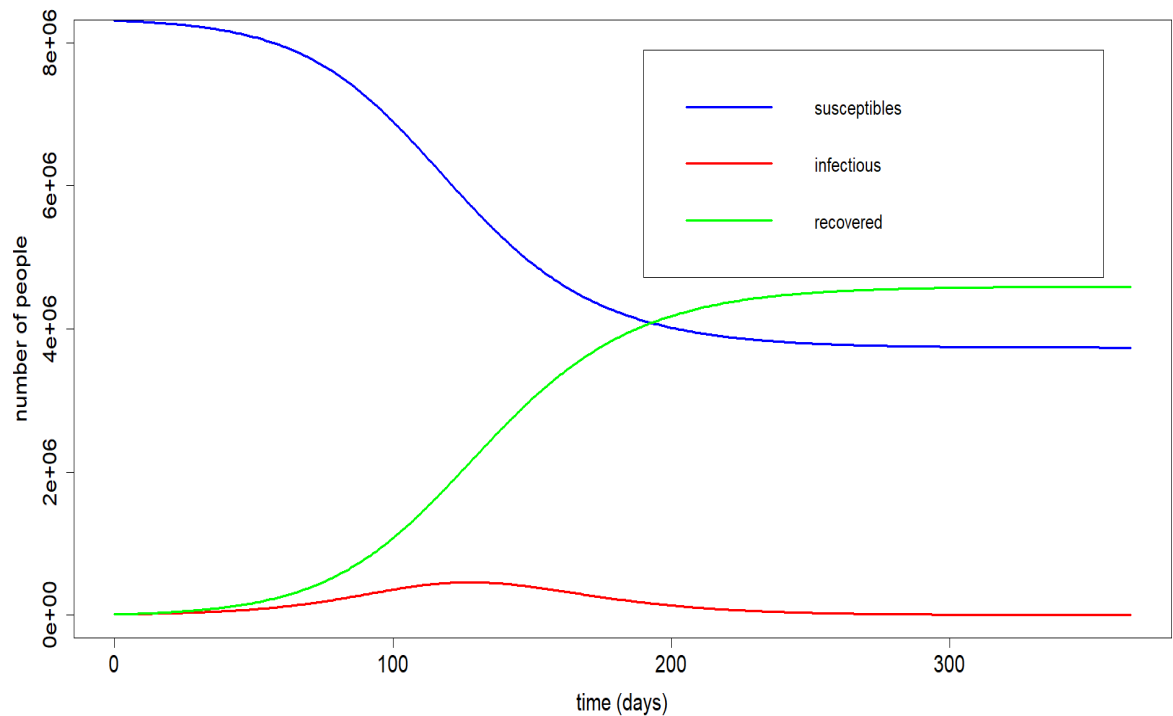
3.5. Áp dụng mô hình SIR dự đoán tình hình dịch bệnh tại thành phố Hà Nội

Áp dụng mô hình SIR để dự báo tình hình dịch COVID-19 ở thành phố Hà Nội Hà Nội trong khoảng thời gian từ ngày 01/12/2021 đến ngày 28/02/2022.

Dữ liệu được chúng em tham khảo từ nguồn: <https://covid19.ncsc.gov.vn/dulieu/graph> và <https://www.gso.gov.vn>

- Dân số trung bình của Hà Nội năm 2021 là: $N = 8330083$ người
- Số người nhiễm bệnh tại 01/12/2021 là: $I_0 = 11087$
- Số người khỏi bệnh tại 01/12/2021 là: $R_0 = 8869$
- Số người thuộc nhóm nguy cơ bị lây nhiễm là: $S_0 = N - I_0 - R_0 = 8310127$
- Các tham số của mô hình được ước tính như sau: $\beta = 0.132, \gamma = 0.0909$

Cho đến nay, chúng ta vẫn chưa thể tìm được nghiệm tường minh của hệ SIR, chúng ta sẽ sử dụng các phương pháp số để ước lượng giá trị tại từng thời điểm của mô hình. Sử dụng phần mềm R có hỗ trợ thuật toán tính xấp xỉ giá trị nghiệm của phương trình vi phân, ta thu được biểu đồ mô tả quá trình dịch bệnh như sau:

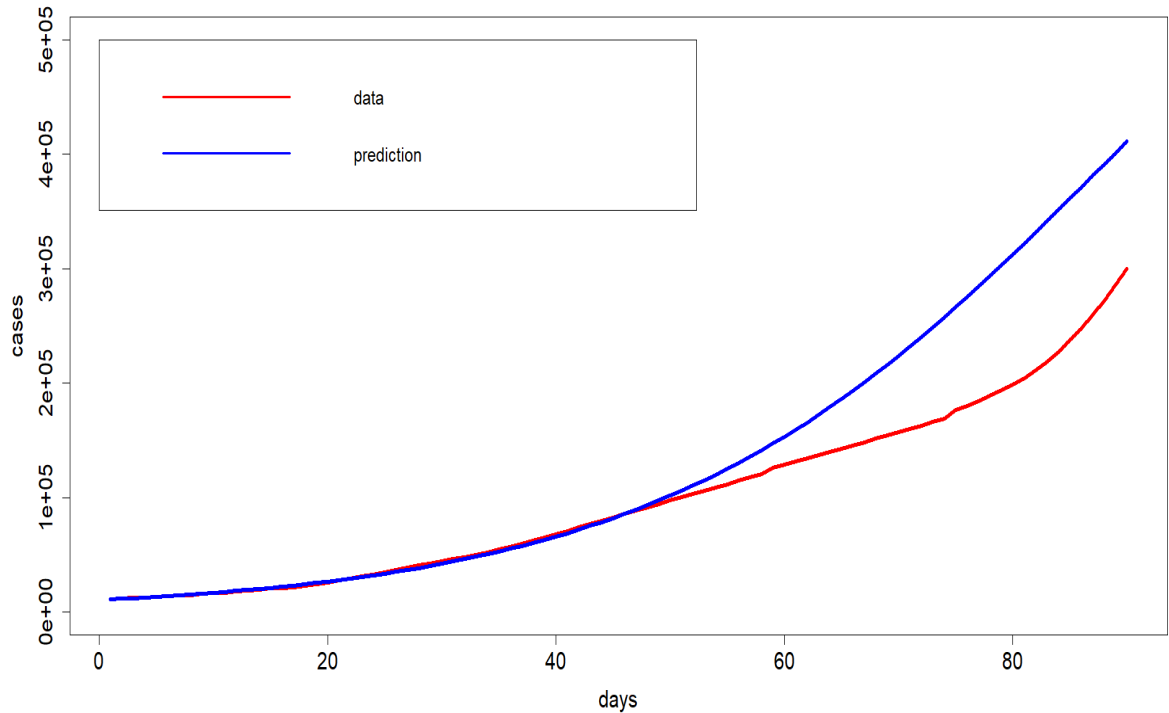


Hình 3.3: Mô hình SIR dự báo tình hình dịch bệnh tại thành phố Hà Nội

Nhận xét:

- Mô hình SIR dự báo dịch bệnh tại Hà Nội sẽ đạt đỉnh vào ngày thứ 120 tính từ ngày 01/12/2021 - khoảng vào khoảng cuối tháng 3/2022.
- Từ đầu tháng 4, dịch có xu hướng giảm dần và vào ngày thứ 366, số ca nhiễm bệnh sẽ vào khoảng 826 ca, so với thực tế ngày 01/12/2022, thành phố Hà Nội ghi nhận 469 ca.

Tiếp theo, chúng ta sẽ so sánh số ca được dự báo với số ca thực tế trên địa bàn thành phố Hà Nội từ ngày 01/12/2021 đến ngày 28/02/2022.



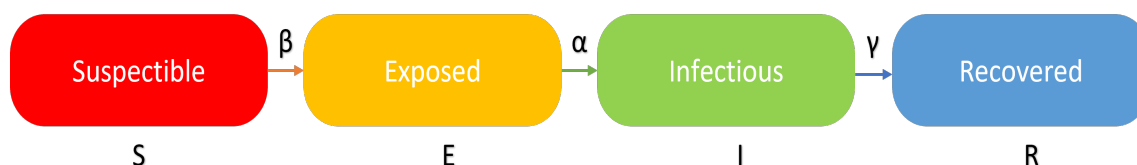
Hình 3.4: So sánh mô hình với dữ liệu thực tế

Nhận xét:

- Trong 50 ngày đầu tiên, mô hình SIR đã dự báo khá chính xác số ca nhiễm bệnh trong thực tế. Trong đó đường màu xanh biểu diễn cho số ca dự đoán, đường màu đỏ biểu diễn cho số ca nhiễm bệnh trong thực tế.
- Từ ngày thứ 50 trở đi, số ca nhiễm bệnh dự báo có xu hướng vượt qua số ca nhiễm bệnh thực tế. Cụ thể nếu gọi Δ_n là số ca chênh lệch giữa dự đoán và thực tế ở ngày thứ n thì: $\Delta_{50} = 4256, \Delta_{60} = 24116, \Delta_{80} = 113822, \Delta_{90} = 111183$
- Mô hình SIR phù hợp để dự báo tình hình dịch bệnh trong một khoảng thời gian ngắn. Trong khoảng thời gian dài, chúng ta sẽ cần các mô hình khác được phát triển từ mô hình SIR giúp cải thiện độ chính xác của dự báo.

3.6. Một số mô hình cải tiến mô hình SIR

Trong mô hình SIR, chúng ta chưa đề cập đến sự kiện những người phơi nhiễm - những người bị bệnh nhưng chưa biểu hiện triệu chứng. Đây cũng là nguyên nhân khiến cho việc kiểm soát dịch bệnh COVID-19 trở lên khó khăn hơn rất nhiều. Để mô tả sự kiện này, mô hình SEIR là cải tiến của mô hình SIR đưa ra thêm một đại lượng biểu diễn nhóm những người phơi nhiễm $E(t)$ (Exposed).



Hình 3.5: Mô hình SEIR

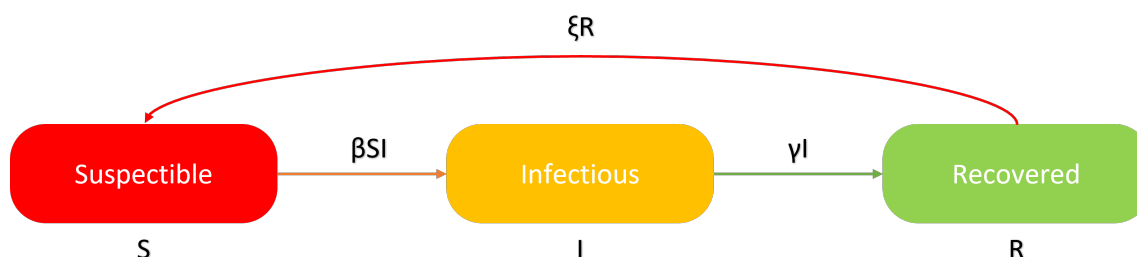
Lúc này, những người thuộc nhóm S chỉ có thể chuyển sang nhóm E, những người thuộc nhóm E chỉ có thể chuyển sang nhóm I và những người thuộc nhóm I chỉ có thể chuyển sang nhóm R. Bằng cách xây dựng tương tự như mô hình SIR, sự vận động của hệ SEIR được biểu diễn bởi hệ các phương trình vi phân sau:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \alpha E \\ \frac{dI}{dt} = \alpha E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases}$$

trong đó:

- β là tốc độ lan truyền của dịch bệnh.
- α là tỉ lệ một người chuyển từ giai đoạn ủ bệnh sang khởi phát triệu chứng, do đó $\frac{1}{\alpha}$ là thời gian ủ bệnh.
- γ là tốc độ hồi phục.

Mặt khác, với những căn bệnh truyền nhiễm có miễn dịch tạm thời, tức là sau một khoảng thời gian sẽ có thể bị tái nhiễm, mô hình SIRS có thể được sử dụng để mô hình hóa tình hình dịch bệnh này bằng cách bổ sung thêm tham số ξ vào mô hình SIR.



Hình 3.6: Mô hình SIRS

Những người thuộc nhóm R lúc này có thể chuyển về nhóm S với tỉ lệ ξ - đại lượng đặc trưng cho tỉ lệ mất miễn dịch tạm thời tại mỗi thời điểm, nói cách khác $\frac{1}{\xi}$ là thời gian đạt được miễn dịch tạm thời. Sự vận động của hệ SIRS có thể được mô tả bởi hệ các phương trình vi phân như sau:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} + \xi R \\ \frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \xi R \end{cases}$$

trong đó:

- β là tốc độ lan truyền của dịch bệnh.
- γ là tốc độ hồi phục.
- ξ là tỉ lệ một người mất miễn dịch tạm thời tại một đơn vị thời gian.

3.7. Tiểu kết

Mô hình SIR là một trong những mô hình dự báo dịch bệnh cổ điển, tuy đơn giản nhưng nó đóng một vai trò rất quan trọng trong việc phát triển và xây dựng các mô hình phức tạp và chính xác hơn. Mô hình SIR có khả năng mô tả khá chính xác tình hình dịch bệnh trong khoảng thời gian ngắn, tuy nhiên trong khoảng thời gian dài không còn phù hợp do có thể gây ra sai số tăng dần theo thời gian. Điều này xảy ra do các phương trình được giả định trong các điều kiện lý tưởng; các chính sách, biện pháp nhằm kiểm soát tình hình dịch bệnh cũng như diễn biến khó lường đến từ các biến chủng mới. Tại Việt Nam, mô hình SIR đã được đưa ra để thảo luận và xem xét trong việc đánh giá và phân tích tình hình dịch COVID-19. Hi vọng trong tương lai, mô hình SIR cũng như các mô hình dự báo dịch bệnh khác sẽ được phát triển và sử dụng rộng rãi hơn trong việc đối phó với các dịch bệnh truyền nhiễm.

KẾT LUẬN

Thông qua việc tìm hiểu một số mô hình Toán học được xây dựng trên nền tảng của phương trình vi phân, chúng ta có thể thấy được khả năng mô hình hóa mạnh mẽ và vai trò to lớn của phương trình vi phân trong lĩnh vực Toán ứng dụng. Nhờ có phương trình vi phân, các quan niệm của con người về thế giới xung quanh và các quy luật tự nhiên được tiếp cận một cách trực quan, rõ ràng thông qua công cụ Toán học. Từ đó chúng ta có thể đánh giá, dự báo và đưa ra các giải pháp, kịch bản có lợi cho sự phát triển của con người. Mong rằng trong tương lai, lĩnh vực phương trình vi phân sẽ tiếp tục được nghiên cứu, phát triển để đưa ra thêm các mô hình mạnh mẽ đóng góp cho sự phát triển của Toán học nói riêng và sự phát triển của nhân loại nói chung.

Tài liệu tham khảo

- [1] Lê Thị Hương Giang, "Áp dụng mô hình toán học SIR để dự đoán và đánh giá quá trình truyền nhiễm bệnh COVID-19 tại Hà Nội", *Tạp chí KHOA HỌC VÀ CÔNG NGHỆ*, Tập 58 - Số 2, tháng 4 năm 2022.
- [2] Nguyễn Hoàng Thạch, "Mô hình SIR về sự lan truyền của dịch bệnh", *Tạp chí Pi*, tập 5 - số 4, tháng 4 năm 2021.
- [3] J.R Brannan, W.E Boyce, *DIFFERENTIAL EQUATIONS, An Introduction to Modern Methods and Applications*, 2015.
- [4] J.S Cramer, *The origins of logistic regression*, 2002.
- [5] T.R Malthus, *An Essay on the Principle of Population*, 1798.
- [6] W.O Kermack, A.G McKendrick, *A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics*, 1927.
- [7] <https://covid19.ncsc.gov.vn/dulieu/graph>
- [8] <https://danso.org/viet-nam>
- [9] <https://rpubs.com/choisy/sir>
- [10] <https://viasm.edu.vn/hoat-dong-khoa-hoc/tin-tuc/chi-tiet/hoi-thao-quoc-te-ve-he-sir-tu-ly-thuyet-den-ung-dung>
- [11] <https://www.gso.gov.vn>