



Дипломная работа  
СТАТИСТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ МОДЕЛЕЙ  
РАСПРОСТРАНЕНИЯ ЗАБОЛЕВАНИЙ

Гут Валерия Александровна

Научный руководитель: С.В. Лобач

## Цели и задачи работы

**Объект исследования** – распространение гриппа в Беларуси.

**Цели исследования:**

- 1) подготовка обзора по дифференциальным моделям распространения заболеваний;
- 2) подготовка обзора вероятностных, пространственных и мультиагентных популяционных моделей распространения заболеваний;
- 3) компьютерная реализация численных алгоритмов; сравнительный анализ построенных алгоритмов;
- 4) построение математических моделей распространения заболеваний с целью последующего применения этих моделей на данных Беларуси.

**Методы исследования** – дифференциальные модели, вероятностные и пространственные методы, численные методы.

## Базовая модель SIR

В задачах моделирования процессов распространения заболеваний классической моделью является «**Susceptible-Infected-Recovered**» (**SIR**). Эта модель формулируется в виде системы обыкновенных дифференциальных уравнений, и она отражает количество восприимчивых к заболеванию  $S(t)$ , инфицированных  $I(t)$  и переболевших  $R(t)$  людей в момент времени  $t$  с учетом того, что общая популяция остается постоянной

$$S + I + R = N = \text{const} . \quad (1)$$

## Задача Коши для модели SIR

Формально, математическая модель процесса распространения заболеваний записывается в виде задачи Коши

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta \cdot I(t) \cdot S(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \gamma \cdot I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t), \\ S(0) = S_0, I(0) = I_0, R(0) = 0. \end{cases} \quad (2)$$

Эта задача Коши описывает, как количество людей в каждой группе изменяется с течением времени.

Данная задача Коши является корректно поставленной, а ее решение предпочтительнее строить с помощью численных методов, поскольку аналитическое решение для нее записать достаточно проблематично. Путем добавления новых переменных или новых слагаемых в систему (2) можно строить модификации для базовой модели SIR, которые расширяют возможности этой модели.

# Модификации модели SIR

Например:

- если после выздоровления человек не получил иммунитет к заболеванию, то этот процесс описывает модель

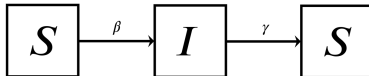


Рис.: Модель Susceptible-Infected-Susceptible

- если человек в процессе инфицирования может умереть, то этот процесс описывает модель

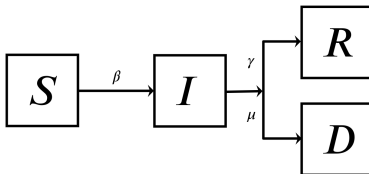


Рис.: Susceptible-Infected-Recovered-Dead

# Модификации модели SIR

- если после выздоровления человек может потерять иммунитет к заболеванию, то этот процесс описывает модель

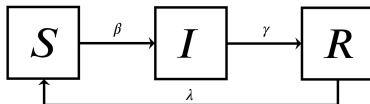


Рис.: Модель Susceptible-Infected-Recovered-Susceptible

- инфекция имеет инкубационный период, в течение которого люди инфицированы, но не заразны, то этот процесс описывает модель

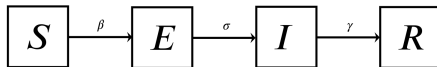


Рис.: Модель Susceptible-Exposed-Infected-Recovered

## SEIR-модель

В SEIR модели предполагается, что инфекция имеет инкубационный период, в течение которого люди инфицированы, но еще не заразны. Эта группа людей обозначается через  $E$  (exposed). С учетом нового класса получаем следующую структуру популяции:

$$S + E + I + R = N,$$

где

- $S(t)$  – это количество не инфицированных людей,  $\beta$  – это скорость передачи заболевания;
- $E(t)$  – это число инфицированных, но еще не заразных людей. Параметр  $\sigma^{-1}$  представляет собой среднюю продолжительность инкубационного периода;
- $I(t)$  – это количество инфицированных людей. Параметр  $\gamma$  – это скорость восстановления;
- $R(t)$  – это группа выздоровевших лиц, а именно людей, которые восстановились.

# SEIR-модель

Классическая SEIR-модель описывается задачей Коши  
Модель SEIR описывается задачей Коши

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta \cdot I(t) \cdot S(t), \\ \frac{dE(t)}{dt} = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \sigma \cdot E(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \sigma \cdot E(t) - \gamma \cdot I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t), \\ S(0) = S_0, I(0) = I_0, E(0) = 0, R(0) = 0. \end{cases}$$

Эту SEIR-модель мы будем называть *детерминированной* и на ее основе будет производиться решение прикладной задачи.



# Вероятностные популяционные модели

Существует другой класс расширений базовых моделей, который также увеличивает моделируемые возможности:

- замена постоянных переходов  $\beta, \gamma, \sigma$  на переходы с некоторым вероятностями образует класс **вероятностных моделей**; в зависимости от распределения вероятностные модели могут быть как **дискретными**, так и **непрерывными**;

# Вероятностные популяционные модели

Таблица: Сравнение дискретной и непрерывной SEIR-моделей

Характеристика	Дискретное время	Непрерывное время
Обновление состояния	Состояние обновляется на каждом шаге $t$	Состояние меняется как процесс Пуассона
Применение	Удобна для численного моделирования	Более точна для моделирования реального времени
Интенсивности переходов	Вероятности событий за шаг времени	Скорости событий (интенсивности)

# Моделирование процесса распространения гриппа.

## Постановка задачи

**Сформулирована задача моделирования процесса распространения гриппа в Беларуси.** Симптомы гриппа появляются на **1—4-й день** после заражения и включают в себя лихорадку, кашель, головную боль, боль в мышцах и суставах, слабость, боль в горле и насморк. При этом кашель может длиться две и более недели. Наиболее заразен больной на **3—4-й день** с момента появления симптомов. Реконвалесцентный период составляет **7—15 дней**. После выздоровления формируется иммунитет к конкретному штамму вируса, но он не защищает от других штаммов. Иммунитет носит временный характер (обычно до **1-2 лет**).

## Входные данные

На основе приведенной информации о распространении можем сформулировать математическую модель следующим образом. Так как симптомы появляются через 1-4 дня, то возьмем средний инкубационный период для модели  $T_{\text{инкубац}} = 2$  дня. Тогда коэффициент перехода из  $E$  в  $I$  равна

$$\sigma = \frac{1}{T_{\text{инкубац}}} = \frac{1}{2} = 0.5.$$

Средний инфекционный период выберем  $T_{\text{инфекц}} = 5$  дней. Тогда коэффициент выздоровления равен

$$\gamma = \frac{1}{T_{\text{инфекц}}} = \frac{1}{5} = 0.2.$$

Коэффициент передачи инфекции  $\beta$  мы можем получить из базового репродуктивного числа через следующее соотношение

$$\beta = R_0 \cdot \gamma = 1.5 \cdot 0.2 = 0.3.$$

В качестве числа населения возьмем  $N = 1000$ , а число инфицированных зададим равное  $I_0 = 20$ . Отсюда  $S_0 = N - I_0 = 980$ . Данный процесс будем рассматривать в течение  $T = 100$  дней.

## Применение детерминированной SEIR модели для моделирования

Ввиду входных условий, получаем систему дифференциальных уравнений модели SEIR

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -0.3 \cdot I(t) \cdot S(t), \\ \frac{dE(t)}{dt} = 0.3 \cdot S(t) \cdot I(t) - 0.5 \cdot E(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = 0.5 \cdot E(t) - 0.2 \cdot I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = 0.2 \cdot I(t), \\ S(0) = 980, I(0) = 20, E(0) = 0, R(0) = 0. \end{cases}$$

Ее решение вычисляется с помощью численных методов.

# Применение детерминированной SEIR модели для моделирования

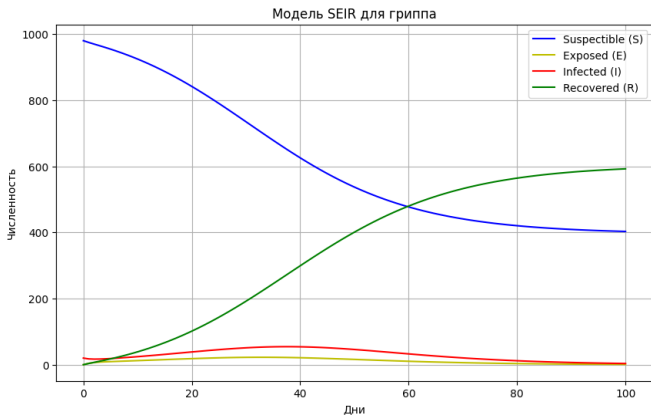


Рис.: График численного решения задачи Коши для детерминированной SEIR модели

## Вероятностные популяционные модели

Построим вероятностную модель с дискретным временем, поскольку для нее легко привести численную реализацию. Вероятностная SEIR-модель для гриппа имеет следующий вид

$$\begin{cases} S_{t+1} = S_t - \Delta E_t, \\ E_{t+1} = E_t + \Delta E_t - \Delta I_t, \\ I_{t+1} = I_t + \Delta I_t - \Delta R_t, \\ R_{t+1} = R_t + \Delta R_t, \end{cases} \quad t = 0, 1, 2, \dots, \quad (3)$$

$S_0 = 980, E_0 = 0, I_0 = 20, R_0 = 0$

при этом

$$\begin{aligned} \Delta E_t &\sim \text{Binom} \left( S_t, 1 - \exp \left( -\beta \cdot \frac{I}{N} \cdot \Delta t \right) \right), \\ \Delta I_t &\sim \text{Binom} (E_t, 1 - \exp (-\sigma \cdot \Delta t)), \\ \Delta R_t &\sim \text{Binom} (I_t, 1 - \exp (-\gamma \cdot \Delta t)). \end{aligned}$$

Таким образом, мы можем описать процесс распространения гриппа с помощью вероятностной SEIR модели. Приведем 100 реализаций этой модели, а в качестве результирующего графика выберем средние значения для каждой группы, а также приведем 95%-доверительные интервалы для каждой переменной

# Вероятностные популяционные модели

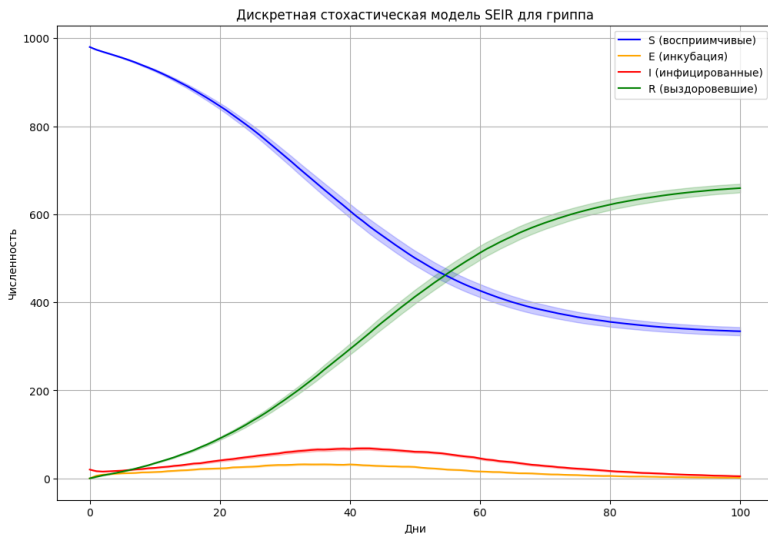


Рис.: График численной реализации вероятностной SEIR для гриппа с доверительными интервалами



# Постановка задачи для пространственной модели

Клеточные автоматы – это удобный инструмент для моделирования пространственных процессов, таких как распространение инфекции. В такой модели

- пространство делится на дискретные ячейки (регион, квартал, город и т.д.);
- каждая ячейка имеет состояние (например,  $S$ ,  $E$ ,  $I$ ,  $R$ );
- состояние каждой ячейки обновляется во времени в зависимости от её текущего состояния и состояния соседей.

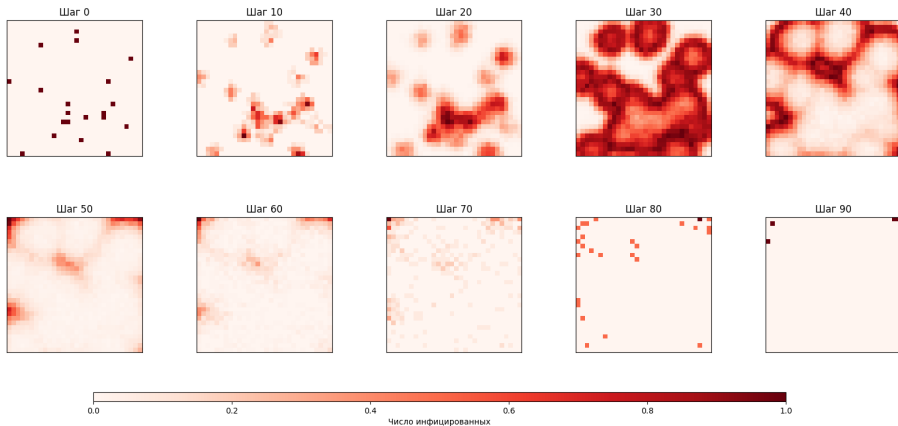
Клеточные автоматы хорошо подходят для моделирования локальных взаимодействий и пространственного распространения инфекции.

# Применение пространственной SEIR модели для моделирования

Для пространственной модели построим сетку узлов  $30 \times 30$  на которой зададим вероятностную SEIR-модель для дискретного времени с сохранением всех параметров из предыдущего случая. Клетки, в которых будут находиться инфицированные люди, будут выбираться случайно.

# Применение пространственной SEIR модели для моделирования

Пространственная модель SEIR



**Рис.:** Пространственные графики численной реализации вероятностной SEIR модели для гриппа

# Индивидуум-ориентированные и мультиагентные методы моделирования

В модели, построенной на основе клеточных автоматов, используется решетка, где каждая ячейка представляет собой часть популяции. Однако в реальности индивиды имеют различные характеристики, например

- индивидуальная восприимчивость, то есть люди имеют разный иммунитет, что влияет на вероятность заражения;
- различные периоды инкубации и выздоровления, то есть у разных индивидов инкубационный и инфекционный периоды могут варьироваться;
- индивидуальные контакты, то есть люди взаимодействуют с разным числом других людей, что влияет на передачу болезни;
- мобильность, то есть люди перемещаются в пространстве (не фиксированы в одной ячейке).

Учет этих факторов может значительно повысить точность модели, так как она будет учитывать вариативность в поведении и характеристиках индивидов.

# Индивидуум-ориентированные и мультиагентные методы моделирования

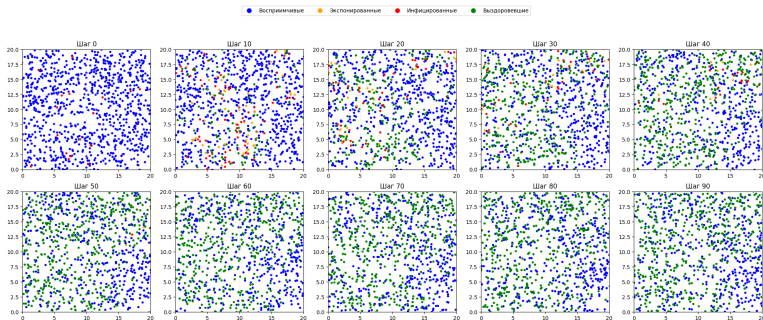


Рис.: Графическое представление реализации мультиагентной SEIR модели

# Заключение

В данной работе рассмотрена SEIR-модель и ее расширения, с помощью которых был смоделирован процесс распространения заболеваний. В ходе работы

- 1 рассмотрена классическая SI-модель и ее аналитическое решение;
- 2 рассмотрена классическая SIR-модель, вывод ее дифференциальных уравнений, исследование вопроса о корректной постановке задачи Коши, построение аналитического решения, описание методов построения приближенного решения;
- 3 рассмотрены основные базовые модификации SIR-модели: SIS, SIRS, SIRD, SEIR, MSIR, MSEIR;
- 4 рассмотрены расширения базовой SEIR модели: вероятностная модель, пространственная модель, мультиагентная модель;
- 5 на практике были рассмотрены способы построения расширений для модели SEIR для решения задачи о моделировании распространения гриппа и приведены результаты моделирования.

## Список используемых источников

- ❶ Детерминированные и стохастические модели распространения инфекции и тестирование в изолированном контингенте/ Чигарев, А. В., Журавков, М. А., Чигарев, В. А.// Журнал Белорусского государственного университета. Математика. Информатика - 2021. - № 3. - С. 57-67
- ❷ Methods of intellectual data analysis in COVID-19 research / O. V. Senko, A. V. Kuznetsova, E. M. Voronin, O. A. Kravtsova, L. R. Borisova, I. L. Kirilyuk, V. G. Akimkin// Journal of the Belarusian State University. Mathematics and Informatics. – 2022. – № 1. – С. 83-96
- ❸ Statistical forecasting of the dynamics of epidemiological indicators for COVID-19 incidence in the Republic of Belarus / Yu. S. Kharin, V. A. Valoshka, O. V. Dernakova, V. I. Malugin, A. Yu. Kharin// Journal of the Belarusian State University. Mathematics and Informatics. - 2020. - № 3. - С. 36-50

Спасибо за внимание!