

# СТАТИСТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ЗАБОЛЕВАНИЙ

Гут Валерия Александровна

Научный руководитель: С.В. Лобач

# Цели и задачи работы

1. Рассмотрение различных математических моделей по распознаванию заболеваний
2. Получение основного дифференциального уравнения базовой модели SIR, получение приближительных аналитического и численного решений. Исследование модификаций базовой модели SIR.
3. Исследование расширений базовой модели SIR.
4. Моделирование распространения гриппа на основе моделей SEIR.

# Математические модели распространения заболеваний

- классическая модель SI (Susceptible-Infectious);
- базовая модель SIR (Susceptible-Infectious-Recovered);
- SIS
- SIRD
- SIRS
- с учетом рождаемости и смертности особей
- SEIR
- MSIR
- MSEIR

# Модель SI

Классическая модель SI разбивает предполагается, что все население делится на две группы:

- $S(t) = \{\text{люди, подверженные заболеванию (susceptible) в момент времени } t\}$ ;
- $I(t) = \{\text{инфицированные люди (infectious) в момент времени } t\}$ .

Введем также обозначение  $N = \text{const}$  — общая численность населения. Ввиду этих обозначений имеет место запись  $S(t) + I(t) = N$ . Скорость изменения числа здоровых и больных людей задается системой ОДУ

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta \cdot S(t) \cdot I(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta \cdot S(t) \cdot I(t), \end{cases} \quad (1)$$

где  $\beta$  — вероятность заражения здорового человека при контакте с больным.

# Базовая модель SIR

Модель SIR основана на разделении населения на три группы:

- $S(t) = \{\text{люди, подверженные заболеванию (susceptible) в момент времени } t\}$ ;
- $I(t) = \{\text{инфицированные люди (infectious) в момент времени } t\}$ ;
- $R(t) = \{\text{люди, имеющие иммунитет к болезни (recovered)}\}$ .

Тогда  $S + I + R = N$ , где  $N = \text{const}$  – общая численность населения.  
Модель SIR задается в общем виде системой ОДУ

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

где  $\gamma$  – интенсивность выздоровления.

# Модель SIRS

Модель SIRS (Susceptible-Infected-Recovered-Susceptible) является вариацией модели SIR, которая учитывает возможность повторного заражения после выздоровления (потери иммунитета). В модели SIRS существует циклическое движение между состояниями подверженных ( $S$ ), инфицированных ( $I$ ) и восстановленных ( $R$ ). Эта модель задается системой обыкновенных дифференциальных уравнений

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta \cdot S(t) \cdot I(t) + \lambda \cdot R(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \gamma \cdot I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) - \lambda \cdot R(t), \end{cases} \quad (3)$$

где число  $\lambda$  определяет вероятность потери иммунитета и перехода из группы  $R(t)$  в группу  $I(t)$ .

## SEIR-модель

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

$$S + E + I + R = N = \text{const}.$$

Модель SEIR задается в общем виде системой ОДУ

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta \cdot I(t) \cdot S(t), \\ \frac{dE(t)}{dt} = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \sigma \cdot E(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \sigma \cdot E(t) - \gamma \cdot I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t). \end{cases} \quad (4)$$

параметр  $\sigma^{-1}$  представляет собой среднюю продолжительность инкубационного периода.

## Модели SIR с учетом смертности и рождаемости

Пусть  $\lambda > 0$  и  $\mu > 0$  коэффициенты рождаемости и смертности популяции соответственно. Система ОДУ для SIR-модели в предположении, что все рожденные являются здоровыми людьми, имеет вид

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta \cdot S(t) \cdot I(t) + \lambda \cdot N(t) - \mu \cdot S(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \gamma \cdot I(t) - \mu \cdot I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) - \mu \cdot R(t), \end{cases} \quad (5)$$

где  $S(t) + I(t) + R(t) = N(t)$ .

Складывая все уравнения системы, мы получаем уравнение Мальтуса для численности популяции

$$\frac{dN(t)}{dt} = (\lambda - \mu) \cdot N(t). \quad (6)$$



## Модель MSIR

Модель MSIR (M – «maternally derived immunity») включает класс  $M(t)$  (для материнского иммунитета) в начало модели. Модель MSIR с учетом смертности и рождаемости описывается следующими дифференциальными уравнениями:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dM(t)}{dt} = \lambda \cdot N(t) - \delta \cdot M(t) - \mu \cdot M(t), \\ \frac{dS(t)}{dt} = \delta \cdot M(t) - \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \mu \cdot S(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \gamma \cdot I(t) - \mu \cdot I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) - \mu \cdot R(t), \end{array} \right. \quad (7)$$

где  $S(t) + I(t) + R(t) + M(t) = N(t)$ .

## Модель MSEIR

Модель MSEIR ( $M$  – наделенные иммунитетом от рождения,  $S$  – восприимчивые,  $E$  – контактные,  $I$  – инфицированные,  $R$  – выздоровевшие) – одна из самых сложных для анализа в силу наличия большого числа независимых параметров. Система уравнений для нее имеет вид:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dM(t)}{dt} = \lambda \cdot N(t) - \delta \cdot M(t) - \mu \cdot M(t), \\ \frac{dS(t)}{dt} = \delta \cdot M(t) - \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \mu \cdot S(t), \\ \frac{dE(t)}{dt} = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - (\sigma + \mu) \cdot E(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \sigma \cdot E(t) - (\gamma + \mu) \cdot I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) - \mu \cdot R(t). \end{array} \right. \quad (8)$$

где  $M(t)$  – численность индивидов с приобретенным внутриутробно иммунитетом.

## Расширение методы моделирования заболеваний на основе базовых моделей

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

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

В контексте данной главы эту SEIR-модель мы будем называть *детерминированной*.

# Вероятностные популяционные модели

## 1 Вероятностная модель с дискретным временем

$$\begin{cases} S_{t+1} = S_t - \Delta E_t, \\ E_{t+1} = E_t + \Delta E_t - \Delta I_t, \\ I_{t+1} = I_t + \Delta I_t - \Delta R_t, \\ R_{t+1} = R_t + \Delta R_t, \end{cases} \quad t = 0, 1, 2, \dots, \quad (9)$$

## 2 Вероятностная модель с непрерывным временем

$$\begin{cases} S(t + \Delta t) = S(t) - \Delta E, \\ E(t + \Delta t) = E(t) + \Delta E - \Delta I, \\ I(t + \Delta t) = I(t) + \Delta I - \Delta R, \\ R(t + \Delta t) = R(t) + \Delta R. \end{cases} \quad (10)$$

# Имитационные модели с пространственной структурой

- ① клеточные автоматы
- ② сетевые модели

# 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.

# 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.

# Моделирования процесса распространения гриппа.

## Постановка задачи

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.[7] После выздоровления формируется иммунитет к конкретному штамму вируса, но он не защищает от других штаммов. Иммунитет носит временный характер (обычно до 1-2 лет).



# Применение детерминированной SEIR модели для моделирования

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

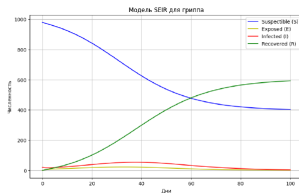


Рис. 3.1: График численного решения задачи Коши для детерминированной SEIR модели

## Применение вероятностной SEIR модели для моделирования

$$\begin{cases} S_{t+1} = S_t - \Delta E_t, \\ E_{t+1} = E_t + \Delta E_t - \Delta I_t, \\ I_{t+1} = I_t + \Delta I_t - \Delta R_t, \\ R_{t+1} = R_t + \Delta R_t, \end{cases} \quad t = 0, 1, 2, \dots, \quad (11)$$

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

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 (Приложение 2)

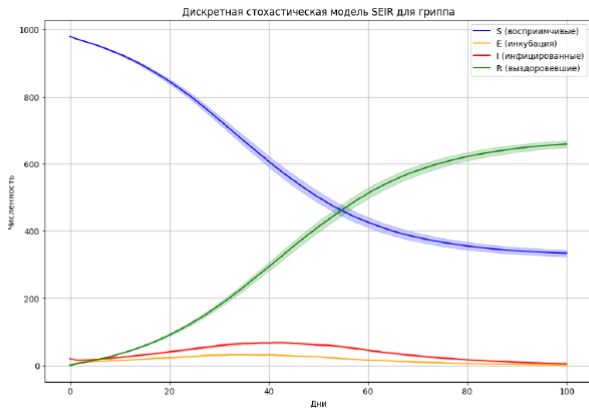


Рис. 3.2: График численной реализации вероятностной SEIR для гриппа с доверительными интервалами

Рис.:

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.

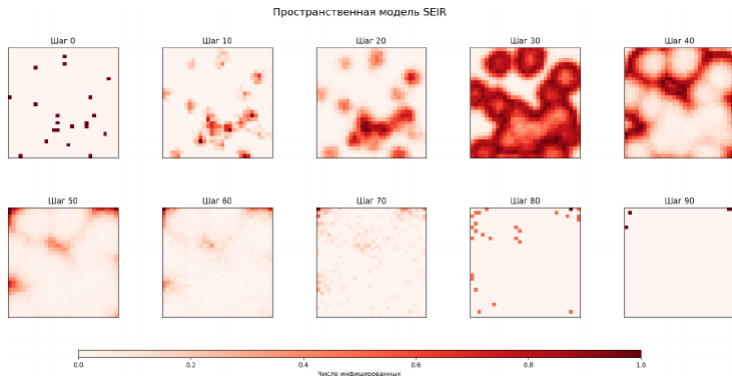


Рис.:

# Применение мультиагентной SEIR модели для моделирования

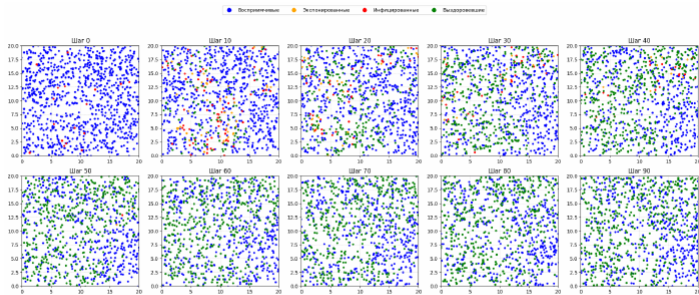


Рис. 3.4: Графическое представление реализации мультиагентной SEIR модели

Рис.:

# 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 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
- 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 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