

Introduction

В связи с известными событиями интерес к эпидемиологии и её методам сильно вырос. Для понимания динамики протекания коронавирусной инфекции в 2020 году в разных местах Земли и на разных масштабах, а также для подготовки к будущим вспышкам заболеваемости, как никогда актуально построение адекватных математических моделей развития болезней в людских популяциях. Классические техники моделирования эпидемий опираются на параметризованные автономные системы дифференциальных уравнений, описывающие динамику изменения количества болеющих и здоровых людей. Эти модели дают хорошее понимание протекания болезни на больших масштабах (города, страны), но не способны описывать заболевание в небольших общественных структурах, например, промышленное предприятие, небольшую деревню или студенческое общежитие. В данной работе исследуется графовый подход к моделированию распространения инфекции, а именно вводится *граф контактов*, по которому болезнь может "кочевать". В качестве представления болезни используется стандартная для эпидемиологии модель SIR/SEIR, в которой каждому человеку (вершине в графе) сопоставляется некоторое состояние (больной, здоровый и т.д.), после чего в дискретном времени происходят смены этих состояний с некоторыми вероятностями и система эволюционирует.

Также исследуются различные эффекты от мер по борьбе с инфекцией, таких как тестирование, изоляция и, самое интересное, *локдаун*. Именно он представляет основной интерес, так как его введение может привести к необычному последствию — росту заболеваемости среди населения. Но обнаружить такое поведение в стандартных моделях не представляется возможным, поэтому цель данной работы — найти условия возникновения такого эффекта в модели и продемонстрировать его на численных экспериментах.

Изучение эпидемий на больших популяциях позволяет моделировать этот процесс в среднем, и даже получать точные аналитические решения [5]. В зависимости от поставленной прикладной задачи возникает необходимость моделировать процесс эпидемии с разной степенью подробности. Так, например, простейшая модель SI [1] рассматривает всего два состояния: больной и здоровый. В этой модели не рассматривается формирование иммунитета: здоровый всегда может заразиться при контакте с инфекцией. Существуют модели, рассматривающие дополнительно формирование иммунитета, инкубационный период, летальные исходы и многие другие возможные состояния. Одной из таких моделей является SEIR(S) [2]. Моделирование в среднем не подходит для небольших или слишком разнородных популяций. Эту проблему позволяют решить модели распространения эпидемии на графах [7], [8]. Распространение эпидемии на графе контактов можно рассматривать, например, при помощи цепи Маркова [4]. Однако моделирование распространения болезни на больших графах со сложной структурой имеет высокую алгоритмическую сложность. Наиболее распространенной является задача прогнозирования течения эпидемии [6] и оценка индивидуальных рисков. Результаты изучения распространения эпидемии на графах могут быть использованы не только для анализа заболеваний. Например, распространение слухов или автомобильного трафика можно описать схожим математическим аппаратом [3]. Базой для данной статьи является [9], где, в частности, введена модель болезни на графе и где в её рамках исследован эффект локдауна.

В работе ставится задача обобщить модель из [9], сформулировать новые условия возникновения роста заболеваемости при введении карантина и явно показать этот эффект в численном эксперименте. Т.о. появится возможность испытывать обновлённую модель в более широком спектре реальных ситуаций, а также пересмотреть локдаун как однозначно позитивную меру противодействия эпидемии.

Список литературы

- [1] Linda JS Allen. «Some discrete-time SI, SIR, and SIS epidemic models». В: *Mathematical biosciences* 124.1 (1994), с. 83—105.
- [2] Vincenzo Capasso. *Mathematical structures of epidemic systems*. Т. 97. Springer Science & Business Media, 2008.
- [3] Manlio De Domenico и др. «The anatomy of a scientific rumor». В: *Scientific reports* 3.1 (2013), с. 1—9.
- [4] Sergio Gómez и др. «Discrete-time Markov chain approach to contact-based disease spreading in complex networks». В: *Europhysics Letters* 89.3 (2010), с. 38009.
- [5] Tiberiu Harko, Francisco SN Lobo и MK3197716 Mak. «Exact analytical solutions of the Susceptible-Infected-Recovered (SIR) epidemic model and of the SIR model with equal death and birth rates». В: *Applied Mathematics and Computation* 236 (2014), с. 184—194.
- [6] Jack Leitch, Kathleen A Alexander и Srijan Sengupta. «Toward epidemic thresholds on temporal networks: a review and open questions». В: *Applied Network Science* 4 (2019), с. 1—21.
- [7] Yamir Moreno, Romualdo Pastor-Satorras и Alessandro Vespignani. «Epidemic outbreaks in complex heterogeneous networks». В: *The European Physical Journal B-Condensed Matter and Complex Systems* 26 (2002), с. 521—529.
- [8] Romualdo Pastor-Satorras и др. «Epidemic processes in complex networks». В: *Reviews of modern physics* 87.3 (2015), с. 925.
- [9] Бишук А.Ю. «Применение активного обучения к графовым моделям на примере оценки рисков распространения эпидемии». Диплом бакалавра. МФТИ, 2021.