

# Investigation of graph SIR+ model and lockdown's restrictions effects

Сёмкин К.

Бишук А.

## Аннотация

Задача создания и обоснования математических моделей распространения эпидемий всегда являлась и будет являться актуальной в наше время. Существуют оправданные и реалистичные модели распространения, такие как SIR и SIER, основанные на дифференциальных уравнениях динамики количества больных и здоровых жителей, но их область применимости ограничивается большими масштабами наблюдения. В данной работе рассматривается аналог SIR, основанный на графе контактов, для анализа заболеваемости на малых масштабах (предприятие, небольшая коммуна), исследуется вероятностная динамика распространения эпидемии в зависимости от параметров модели, а также влияние разных ограничительных мер. В частности интересно обоснование противоречивого эффекта, связанного с ростом заболевших при введении локдауна. Все теоретические результаты демонстрируются проведением численных экспериментов посредством сэмплирования эпидемии на графе контактов, а также на основе реальных данных.

## 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 поставлен-

ной 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 [8], [9]. 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 [7] 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 [10], где, в частности, введена модель болезни на графе и где в её рамках исследован эффект локдауна.

В работе ставится задача обобщить модель из [10], 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.

## Problem statement

Формально задача состоит в выявлении зависимости роста заболеваемости при введении локдауна от графа контактов и параметров динамики развития болезни.

Пусть  $G = (V, E)$  — исходный граф контактов,  $G^q = (V^q, E^q)$  — граф контактов при введении карантинного режима. Ребро этих графов соответствует контакту данных лиц, а вес ребра  $\beta_{ij}$  соответствует вероятности вершины заразиться, если её сосед сам находится в состоянии *Infected* ( $I$ ).

Будем понимать под  $G_t$  граф контактов на дискретном временном шаге  $t$ , т.е. его графовую структуру, а также состояния каждой вершины в данный момент. Под  $I(G)$  будем понимать множество больных вершин в графе (или кол-во больных в графе, в зависимости от контекста).

Т.о. задача состоит в поиске условий на  $t_0$ ,  $G$  и  $G_q$ , при которых  $\max_{t \geq t_0} I(G_t^q) \geq \max_{t \geq t_0} I(G_t)$ , где  $t_0$  момент введения локдауна. Другая возможная постановка: найти условия на те же параметры, при которых  $\beta_{ij}^q \geq \beta_{ij}$ .

## 1 Computational experiment

Главная задача вычислительного эксперимента — проиллюстрировать эффект локдауна, смулировав эпидемию на графах контактов, в которых такой эффект вообще возможен. Т.о. данная демонстрация служит подтверждением неголословности оговоренного ранее.

### Basic algorithm

Для начала были проведены симулирования заболеваемости с помощью библиотеки SEIRsplus [6], которая предоставляет богатые средства инициализации модели, а также

её тонкой настройки в любой момент развития эпидемии. Стандартный граф контактов генерировался на заданном наборе вершин  $V = \{1, \dots, N\}$  и содержал случайное количество рёбер, которое было точно больше половины числа рёбер в полносвязном графе. Граф карантина же собирался из клик случайного размера от 1 до 5 вершин. Чувствительность к заболеванию генерировалась случайно для каждой вершины, со средним вокруг значения 0.5, вероятность восстановления у заболевших вершин была одна для всех 0.3.

В итоге запускалось две симуляции, в одной из которых карантин не вводился, а в другой вводился на некоторое время. Результаты приведены на рис. 1. Здесь представлена динамика количества заражённых узлов для размера популяции 10, 100, 500 вершин в графе. Синяя линия — развитие болезни без локдауна, красная и розовая — развитие с локдауном, где розовая линия как раз отвечает периоду изоляции. Зелёными линиями обозначены точки входа и выхода из локдауна.

К сожалению, данная библиотека хоть и обладает огромным потенциалом, но всё же является технически недоработанной, а также скрывает в себе некоторые нежелательные методы ускорения сэмплирования, что не является приемлемым для текущего исследования.

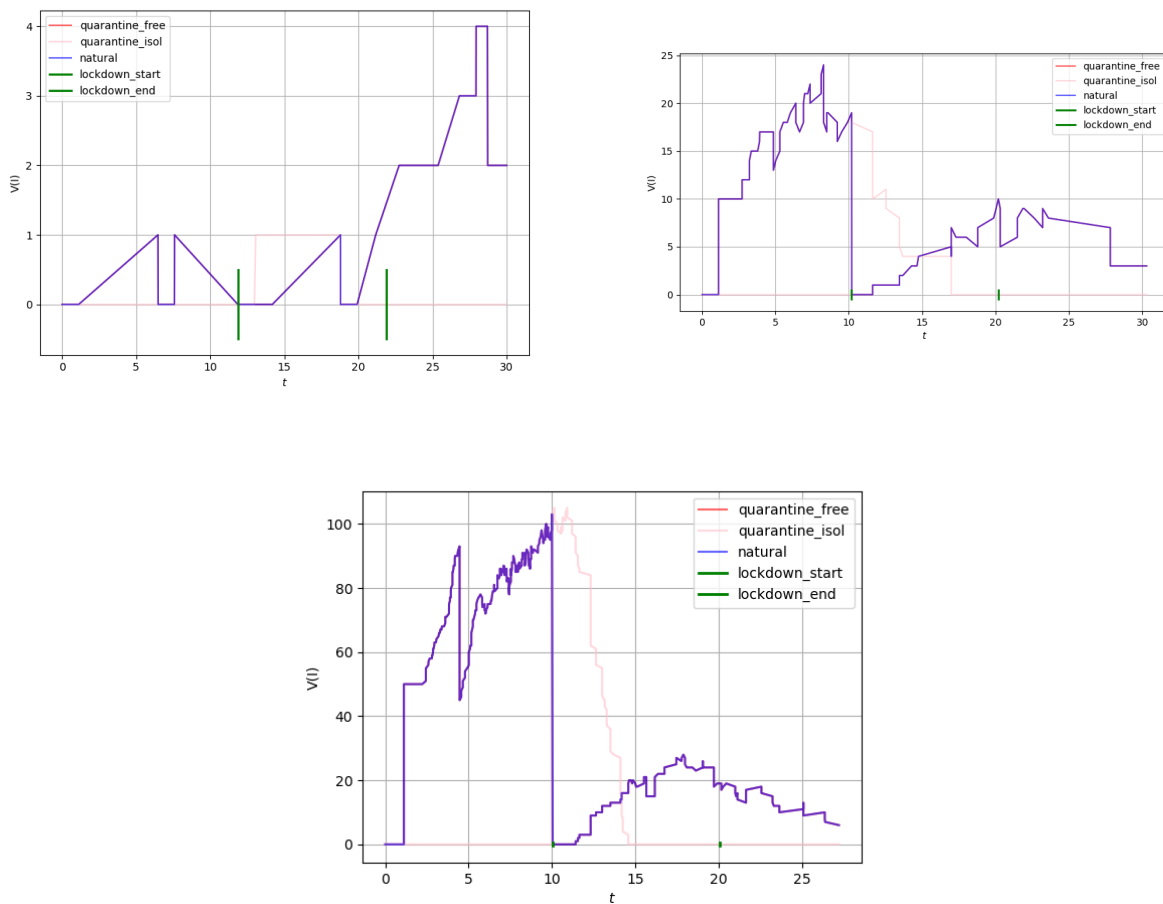


Рис. 1: Графики количества заражённых в двух режимах протекания эпидемии от времени

## 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] <https://github.com/ryansmcgee/seirsplus>, ред. *SEIRS+ library*.
- [7] 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.
- [8] 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.
- [9] Romualdo Pastor-Satorras и др. «Epidemic processes in complex networks». В: *Reviews of modern physics* 87.3 (2015), с. 925.
- [10] Бишук А.Ю. «Применение активного обучения к графовым моделям на примере оценки рисков распространения эпидемии». Диплом бакалавра. МФТИ, 2021.