

Dokumentacja

COVID-19 Outbreak Simulation

Vyacheslav Trushkov

Mikita Karabeinikau

Andrei Zhyunou

Model

Zaproponowano deterministyczny model SEIR oparty na klinicznym postępie choroby, statusie epidemiologicznym osób i środkach interwencyjnych (ryc. 1). Stratyfikujemy populację jako podatne (S), narażone (E), zakażone (I), hospitalizowane (H) i wyleczone (R) przedziały, a następnie stratyfikujemy populację do podatnych na kwarantannę (S_q) i poddanych kwarantannie osób podejrzanych (B). Rozszerzamy naszą strukturę modelową, w tym przedział podejrzany poddany kwarantannie, który składa się z narażonych osób zakaźnych wynikających ze śledzenia kontaktów oraz osób ze wspólną gorączką potrzebujących leków klinicznych.

Wymuszając śledzenie kontaktów, część osób narażonych na wirusa q jest poddawana kwarantannie i może albo przenieść się do przedziału B lub S_q , w zależności od tego, czy są one skutecznie zainfekowane, czy nie, podczas gdy druga część, $1 - q$, która składa się z osób narażonych na wirusa, którego brak jest w śledzeniu kontaktu, i przenosi się do narażonego przedziału E po skutecznym zakażeniu lub pozostania w przedziale S w inny sposób.

Niech prawdopodobieństwo transmisji wynosi β , a szybkość kontaktu wynosi c . Następnie osoby poddane kwarantannie, jeśli są zarażone (lub niezakażone), przenoszą się do przedziału B (lub S_q) w tempie $\beta c q$ (lub $(1 - \beta) c q$). Ci, którzy nie zostali poddani kwarantannie, jeśli zostaną zainfekowani, przeniosą się do przedziału E w tempie $\beta c (1 - q)$. Niech stała m będzie szybkością przejścia z klasy podatnej do podejrzanego przedziału za pomocą ogólnych leków klinicznych z powodu gorączki lub objawów podobnych do choroby.

Dane dotyczące podejrzanych osób, a także większości potwierdzonych przypadków pochodzą z tego przedziału. Podejrzane osoby opuszczają ten przedział w tempie b , z proporcją f , jeżeli było potwierdzone, że jest zakażony COVID-19, idąc do przedziału hospitalizowanego, podczas gdy udowodniono, że inna proporcja, $1 - f$ nie była zainfekowana przez COVID-19 i wraca do podatnej klasy po wyleczeniu.

$$\begin{cases} S' = -\frac{(\beta c(t) + c(t)q(t)(1 - \beta))SI}{N} - mS + \lambda S_q + b(1 - f)B, \\ E' = \frac{\beta c(t)(1 - q(t))SI}{N} - \sigma E, \\ I' = \sigma E - (\delta_I(t) + \alpha + \gamma_I)I, \\ B' = \frac{\beta c(t)q(t)SI}{N} + mS - bB, \\ S_q' = \frac{(1 - \beta)c(t)q(t)SI}{N} - \lambda S_q, \\ H' = \delta_I(t)I + bfB - (\alpha + \gamma_H)H, \\ R' = \gamma_I I + \gamma_H H. \end{cases}$$

Szybkość kontaktu $c(t)$ jest funkcją malejącą w stosunku do czasu t :

$$c(t) = (c_0 - c_b)e^{-r_1 t} + c_b,$$

gdzie c_0 oznacza częstość kontaktu w dniu 23 stycznia 2020 r. gdzie $c(0) = c_0$, c_b oznacza minimalną częstość kontaktu w ramach obecnych strategii kontroli z $\lim_{t \rightarrow \infty} c(t) = c_b$, gdzie $c_b < c_0$, r_1 oznacza wskaźnik kontaktu modelowany jako wykładniczy wskaźnik malejący, przy założeniu, że kontakty zmniejszają się stopniowo, biorąc pod uwagę realizację interwencji.

$q(t)$ jest funkcją rosnącą w odniesieniu do czasu t :

$$q(t) = (q_0 - q_m)e^{-r_2 t} + q_m,$$

gdzie q_0 to początkowa część poddana kwarantannie osób narażonych przy $q(0) = q_0$, q_m to maksymalna część poddana kwarantannie w ramach obecnych strategii kontroli z $\lim_{t \rightarrow \infty} q(t) = q_m$ i $q_m > q_0$, a r_2 to stawka poddana kwarantannie modelowana jako stawka wykładnicza rosnąca. Ta funkcja stopniowo ulepsza śledzenie kontaktów.

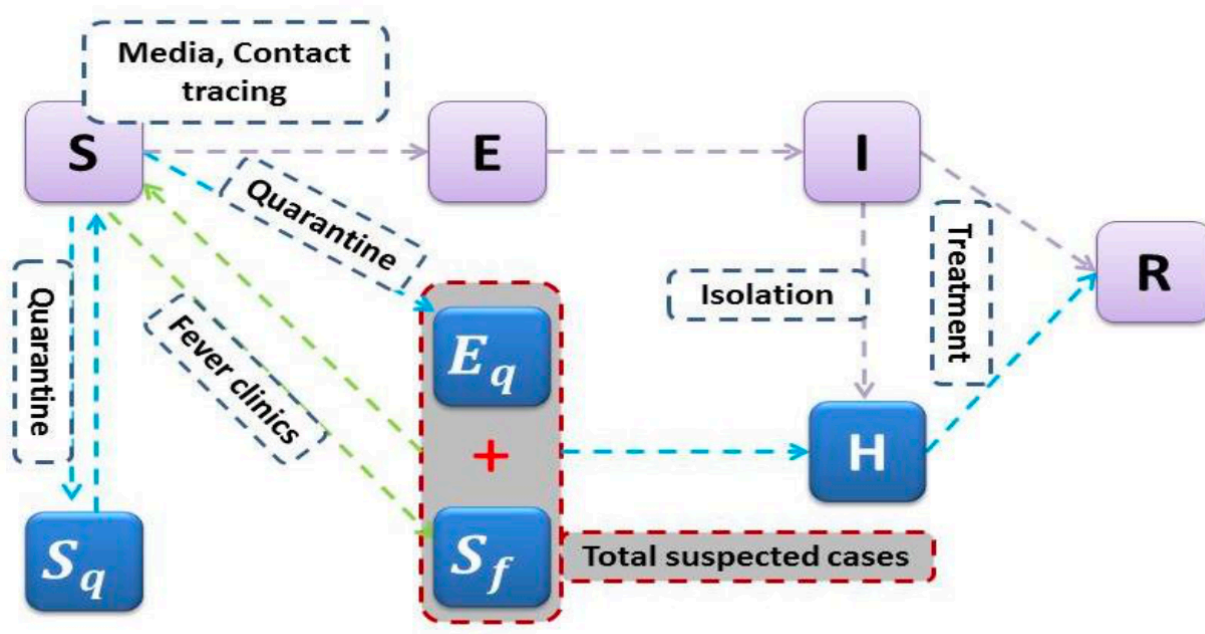
Szybkość przejścia $\delta_I(t)$ jest funkcją rosnącą w stosunku do czasu t , okres diagnozy $1/\delta_I(t)$ jest funkcją malejącą w stosunku do czasu t :

$$\frac{1}{\delta_I(t)} = \left(\frac{1}{\delta_{I0}} - \frac{1}{\delta_{If}} \right) e^{-r_3 t} + \frac{1}{\delta_{If}},$$

gdzie δ_{I0} jest początkową częstością diagnozowania, δ_{If} jest najszybszą częstością diagnozowania, a r_3 jest wykładniczą malejącą szybkością okresu wykrywania. $\delta_I(0) = \delta_{I0}$ i $\lim_{t \rightarrow \infty} \delta_I(t) = \delta_{If}$ gdzie $\delta_{If} > \delta_{I0}$. Następnie definiujemy efektywny numer reprodukcji jako:

$$R(t) = \frac{\beta c(t)(1 - q(t))}{\delta_I(t) + \alpha + \gamma_I}.$$

Rysunek 1



Źródło:

<https://www.researchgate.net/publication/339984251>