

# CUỘC THI TOÁN MÔ HÌNH 2024 VÒNG 2



**11 - 18 tháng 08,2024**

**Mã đội thi: TMH24046**  
**Ngày thực hiện: 12/08/2024**

## Tóm tắt nội dung

Báo cáo này trình bày mô hình toán học SEIR được sử dụng để mô phỏng và phân tích sự lây lan của bệnh X trong một quần thể dân cư. Mô hình SEIR chia quần thể thành bốn nhóm chính: Susceptible (S) - người có thể nhiễm bệnh, Exposed (E) - người nhiễm bệnh nhưng chưa có khả năng lây lan, Infected (I) - người đang mắc bệnh và có khả năng lây lan, Recovered (R) - người đã hồi phục hoặc tử vong, ngoài ra bổ sung nhóm Vaccinated (V) - người đã được tiêm vaccine cùng với nhiều khía cạnh khác để mô hình được hoàn thiện hơn.

Bằng cách áp dụng mô hình này với các tham số cụ thể, nhóm đã mô phỏng quá trình dịch bệnh lan truyền qua thời gian trong một quần thể giả định có số lượng dân cư nhất định. Các kết quả mô phỏng cho thấy sự thay đổi của các nhóm dân số (S, I, E, R) theo thời gian, từ đó đánh giá được hiệu quả của việc tiêm vaccine và các biện pháp kiểm soát dịch bệnh khác.

Kết quả của mô hình giúp đưa ra những dự đoán quan trọng về xu hướng lây nhiễm và hồi phục trong quần thể, mô tả chi tiết diễn biến quá trình dịch bệnh lây lan, cung cấp thông tin hỗ trợ các nhà quản lý y tế trong việc xây dựng chiến lược kiểm soát dịch bệnh. Báo cáo cũng nêu bật tầm quan trọng của việc tiêm vaccine trong việc giảm thiểu số lượng người mắc bệnh và bảo vệ sức khỏe cộng đồng.

	Mục lục	Trang
<b>1</b>	<b>Giới thiệu</b>	<b>4</b>
1.1	Tổng quan về bệnh X . . . . .	4
1.1.1	Bệnh X là gì? . . . . .	4
1.1.2	Cơ chế gây bệnh X . . . . .	4
1.2	Dữ liệu về khu vực kiểm soát dịch bệnh - Thông tin dân cư và phân loại . .	4
<b>2</b>	<b>Mô hình toán học</b>	<b>5</b>
2.1	Các giả định . . . . .	5
2.2	Các yêu cầu của bài toán . . . . .	5
2.3	Mô hình ban đầu . . . . .	6
2.4	Bổ sung các khía cạnh và hoàn thiện mô hình . . . . .	7
2.4.1	Bổ sung các khía cạnh . . . . .	7
2.4.2	Hoàn thiện mô hình . . . . .	10
<b>3</b>	<b>Kết quả và mô phỏng</b>	<b>11</b>
3.1	TH1: Dịch bệnh bùng phát mạnh mẽ . . . . .	12
3.2	TH2: Dịch bệnh được giữ ổn định . . . . .	13
3.3	TH3: Dịch bệnh được xóa sổ hoàn toàn . . . . .	13
3.4	TH4: Dịch bệnh tại những thời điểm khác nhau trong năm . . . . .	14
<b>4</b>	<b>Kết luận</b>	<b>15</b>
4.1	Đánh giá mô hình . . . . .	15
4.1.1	Ưu điểm của mô hình . . . . .	15
4.1.2	Nhược điểm của mô hình . . . . .	15
4.2	Hướng phát triển mô hình . . . . .	16
<b>5</b>	<b>Tài liệu tham khảo và Phụ lục</b>	<b>17</b>
5.1	Tài liệu tham khảo . . . . .	17
5.2	Phụ lục . . . . .	17
<b>6</b>	<b>Lời cảm ơn</b>	<b>17</b>

# 1 Giới thiệu

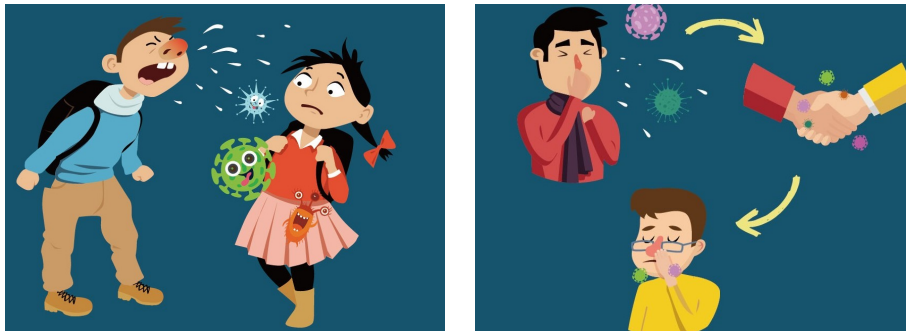
## 1.1 Tổng quan về bệnh X

### 1.1.1 Bệnh X là gì?

Bệnh X là bệnh truyền nhiễm về đường hô hấp do vi sinh vật A gây nên. Một khi vi sinh vật A xâm nhập vào cơ thể và bắt đầu hoạt động, người bệnh có thể xuất hiện các triệu chứng như ho kéo dài, ho khan, ho ra máu, tức ngực, chán ăn, cơ thể mệt mỏi,...

### 1.1.2 Cơ chế gây bệnh X

Một người nhiễm bệnh X khi ho, hắt hơi, nói chuyện,... vi sinh vật A sẽ bị đẩy ra khỏi cơ thể dưới các hạt nhỏ li ti. Những giọt này có thể tồn tại trong không khí một thời gian và được hít vào phổi của người khác. Người hít phải các hạt nhỏ li ti có mang mầm bệnh sẽ bị nhiễm bệnh. Người nhiễm bệnh X có 2 trạng thái là phơi nhiễm và nhiễm hoạt động. Tức là trạng thái đầu của nhiễm bệnh - nhiễm tiềm ẩn, chưa có khả năng lây lan và trạng thái nhiễm bệnh có thể lây lan cho người khác.



## 1.2 Dữ liệu về khu vực kiểm soát dịch bệnh - Thông tin dân cư và phân loại

Để dễ dàng kiểm soát dịch bệnh, dân cư trong khu vực được chia làm 5 nhóm:

- Nhóm 1: Nhạy cảm (Susceptible) - Những người có nguy cơ, khả năng nhiễm bệnh: *S*
- Nhóm 2: Phơi nhiễm (Exposed) - Những người nhiễm bệnh tiềm ẩn, ở giai đoạn đầu, chưa có khả năng lây lan: *E*

- Nhóm 3: Nhiễm hoạt động (Infected) - Những người nhiễm bệnh và có khả năng lây lan:  $I$
- Nhóm 4: Không còn khả năng nhiễm bệnh, bao gồm những người hồi phục sau nhiễm bệnh và những người đã tử vong (Removed and Recovered):  $R$
- Nhóm 5: Những người đã được tiêm vaccine (Vaccinated):  $V$

Tại thời điểm bắt đầu khảo sát và thu thập dữ liệu, tức là thời điểm ban đầu ( $t = 0$ ) thì ta có:  $S_0 = 10000$ ,  $E_0 = 5000$ ,  $I_0 = 5000$ ,  $R_0 = 1000$ ,  $V_0 = 0$ .

$\Rightarrow$  Tổng dân cư tại khu vực khảo sát tại thời điểm  $t = 0$  là:

$$N_0 = S_0 + E_0 + I_0 + R_0 + V_0 = 10000 + 5000 + 5000 + 1000 + 0 = 21000 \text{ (người)}$$

## 2 Mô hình toán học

### 2.1 Các giả định

- Dân số của thành phố là không đổi.
- Mỗi người chỉ mắc bệnh X một lần trong đời (người đã mắc bệnh X không tái nhiễm).
- Những người chưa mắc bệnh sau khi tiêm vaccine cũng có miễn dịch 100% tương tự như người đã phục hồi.

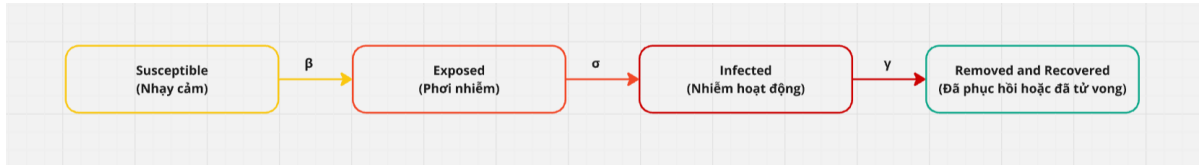
### 2.2 Các yêu cầu của bài toán

- Xây dựng mô hình thể hiện sự thay đổi của các đại lượng  $S, E, I, R$  theo thời gian.
- Điều chỉnh mô hình để có thể mô tả sự thay đổi của các đại lượng  $S, E, I, R, V$  theo thời gian với  $u(t)$  là tốc độ tiêm vaccine cho người dân.
- Điều chỉnh mô hình tích hợp suy giảm miễn dịch và khả năng tái phát bệnh X theo thời gian.
- Bổ sung: điều kiện hoạt động của vi sinh vật. Điều chỉnh mô hình có thể mô tả rõ nét hơn hoạt động của vi sinh vật A vào các thời điểm khác nhau trong năm.

$\Rightarrow$  **Vấn đề đặt ra:** Xây dựng mô hình mô phỏng sự thay đổi thực tế của các đại lượng  $S, I, E, R, V$  theo thời gian và xác suất một người dân bị nhiễm bệnh theo thời gian.

## 2.3 Mô hình ban đầu

Để tiếp cận bài toán, giải quyết yêu cầu cơ bản và mô phỏng diễn biến dịch bệnh, ta sử dụng mô hình mở rộng của mô hình SIR là mô hình SEIR:



Trong mô hình SEIR, dân số trong vùng sẽ được chia thành 4 nhóm, bao gồm: S (Susceptible - Nhạy cảm), E (Exposed - Phơi nhiễm), I (Infected - Nhiễm hoạt động) và R (Removed and Recoverd - Không còn khả năng nhiễm bệnh). [Các nhóm này đã được định nghĩa ở mục 1.2]

Tại một thời điểm  $t$ , số người thuộc mỗi nhóm được kí hiệu lần lượt là  $S(t)$ ,  $E(t)$ ,  $I(t)$ ,  $R(t)$ .

Do tổng dân cư được giả định không thay đổi nên ta có:  $N(t) = N_0 = 21000$  (người).

Sự thay đổi của hệ SEIR có thể được biểu diễn bằng hệ phương trình vi phân sau:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \sigma E$$

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Trong đó:

Hàm / Tham số	Định nghĩa
$\frac{dS}{dt}$	Tốc độ thay đổi của số lượng người thuộc nhóm S (Susceptible - Nhạy cảm) theo thời gian.
$\frac{dE}{dt}$	Tốc độ thay đổi của số lượng người thuộc nhóm E (Exposed - Phơi nhiễm) theo thời gian.
$\frac{dI}{dt}$	Tốc độ thay đổi của số lượng người thuộc nhóm I (Infected - Nhiễm hoạt động) theo thời gian.
$\frac{dR}{dt}$	Tốc độ thay đổi của số lượng người thuộc nhóm R (Removed/ Recovered - Đã phục hồi hoặc tử vong) theo thời gian.
$\beta$	Tham số đặc trưng cho tỷ lệ lây nhiễm. (điều kiện: $0 \leq \beta \leq 1$ )
$\gamma$	Tham số đặc trưng cho tỷ lệ phục hồi. (điều kiện: $0 \leq \gamma \leq 1$ )
$\sigma$	Tham số đặc trưng cho tốc độ chuyển từ trạng thái phơi nhiễm sang nhiễm hoạt động ( $E \rightarrow I$ ). (điều kiện: $\sigma \geq 0$ )

Hình 1: Định nghĩa Hàm và Tham số của mô hình ban đầu.

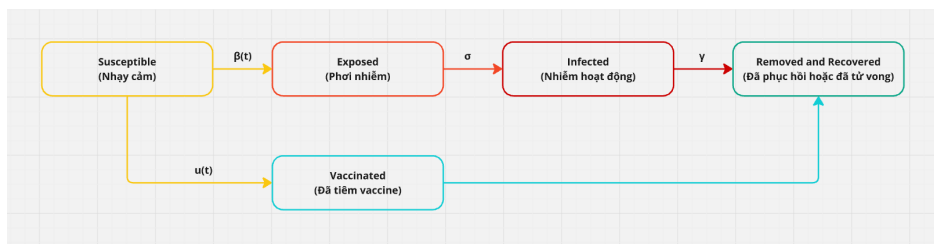
## 2.4 Bổ sung các khía cạnh và hoàn thiện mô hình

### 2.4.1 Bổ sung các khía cạnh

- Thêm đại lượng vaccine ( $V$ ) biết tốc độ tiêm vaccine là  $u(t)$ .

Ta có hàm vi phân biểu diễn tốc độ thay đổi của số lượng người đã tiêm vaccine (Vaccinated - V) theo thời gian là:  $\frac{dV}{dt} = u(t) \cdot S$

Do sau khi tiêm vaccine, người từ nhóm  $S$  trực tiếp chuyển sang trạng thái đã có miễn dịch 100% hay lập tức chuyển sang nhóm  $R$ , nên ta có sơ đồ sau:



**Giải thích:** Các nhóm  $S, E, I, R$  là chuỗi các trạng thái liên tiếp của một người chuyển từ trạng thái nhạy cảm sang phơi nhiễm, nhiễm hoạt động và khỏi bệnh hoặc tử vong. Ngoài việc chuyển từ trạng thái nhạy cảm sang bị bệnh, người trong nhóm  $S$  có thể

được tiêm vaccine và trực tiếp chuyển sang nhóm không còn khả năng nhiễm bệnh.

Để thêm dữ kiện về trường hợp có sử dụng vaccine để kiểm soát dịch bệnh, ta cải tiến hệ phương trình vi phân ban đầu như sau:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} - u(t).S$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \sigma E$$

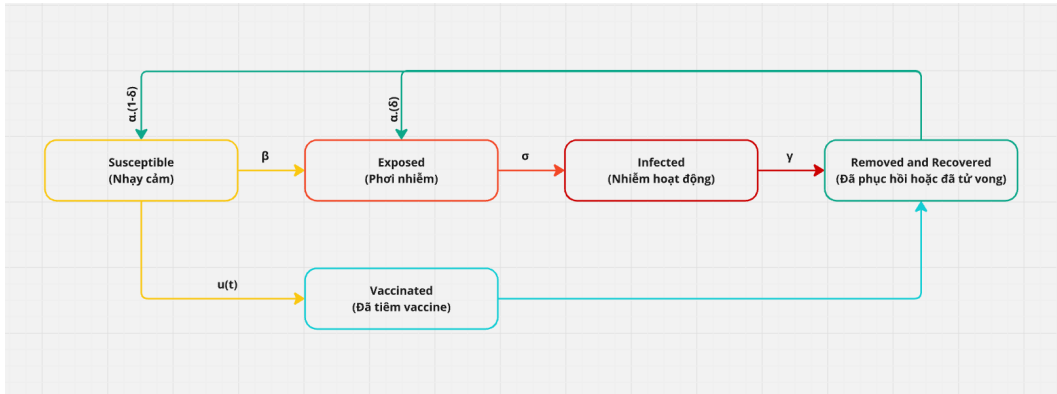
$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + u(t).S$$

• **Thêm trường hợp về suy giảm miễn dịch và tái phát sau phục hồi:**

Do người đã phục hồi không có miễn dịch trọn đời, có tốc độ giảm miễn dịch là  $\alpha$ . Sau khi giảm miễn dịch, người từ trạng thái đã phục hồi có thể chuyển sang trạng thái S (nhạy cảm) hoặc trạng thái E (ủ bệnh) do còn tồn đọng vi sinh vật A trong cơ thể. Gọi  $\delta$  là xác suất một người từ trạng thái phục hồi chuyển sang trạng thái phơi nhiễm. (hay từ nhóm  $R \rightarrow E$ ).

Từ đó ta có sơ đồ sau:



Để tích hợp thêm trường hợp về suy giảm miễn dịch và tái phát sau phục hồi, các phương trình vi phân được cải tiến như sau:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} - u(t)S + \alpha(1 - \delta)R$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \sigma E + \alpha\delta R$$

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + u(t)S - \alpha R$$



• **Bổ sung điều kiện hoạt động thuật lợi của vi sinh vật A:**

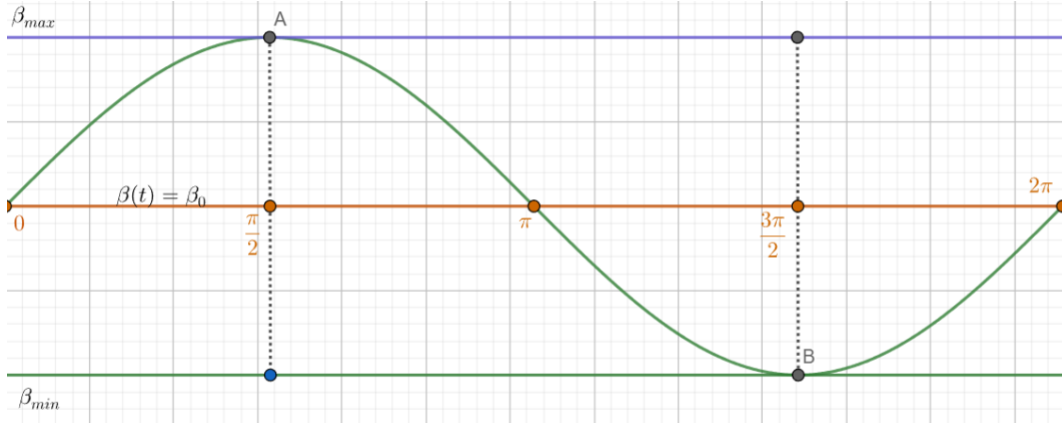
- Vi sinh vật A hoạt động mạnh trong thời tiết lạnh và khô.
- Vi sinh vật A hoạt động yếu trong thời tiết nắng nóng

→ Vi sinh vật A hoạt động tốt vào mùa đông dẫn đến bệnh X cũng sẽ lây nhiễm nhanh chóng vào mùa này.

→ Tham số đặc trưng cho tỷ lệ lây nhiễm  $\beta$  trong hệ phương trình vi phân của mô hình SEIR có sự thay đổi theo mùa, tăng cao vào mùa đông và giảm vào mùa hè.

⇒ Tham số  $\beta$  có sự thay đổi theo chu kỳ trong 1 năm.

Sự thay đổi của  $\beta$  theo  $t$  trong 1 năm có thể được biểu diễn dưới dạng đồ thị sau:



**Giải thích:** Sự thay đổi của  $\beta(t)$  - tỷ lệ lây nhiễm thể hiện rõ rệt tại 2 điểm cực trị A và B. Tại điểm A là thời điểm lạnh nhất và khô nhất trong năm (giữa mùa đông), dẫn tới việc tỷ lệ lây nhiễm tăng cao và đạt tới giá trị lớn nhất. Ngược lại, tại điểm B là thời điểm nóng nhất trong năm (giữa mùa hạ), lúc này, tỷ lệ lây nhiễm giảm hẳn và đạt giá trị nhỏ nhất. Đối với trường hợp của các mùa còn lại, ta xem xét mùa xuân có tính chất gần giống mùa hè, nên từ tỷ lệ lây nhiễm sẽ bắt đầu giảm dần. Đối với mùa thu, có tính se lạnh tương tự mùa đông nên khi mùa thu bắt đầu thì tỷ lệ lây nhiễm bắt đầu tăng).

Từ suy luận và đồ thị, ta có thể biểu diễn công thức toán học của  $\beta(t)$  như sau:

$$\beta(t) = \beta_0[1 + A \cdot \sin(\frac{2\pi \cdot t}{T} + \phi)]$$

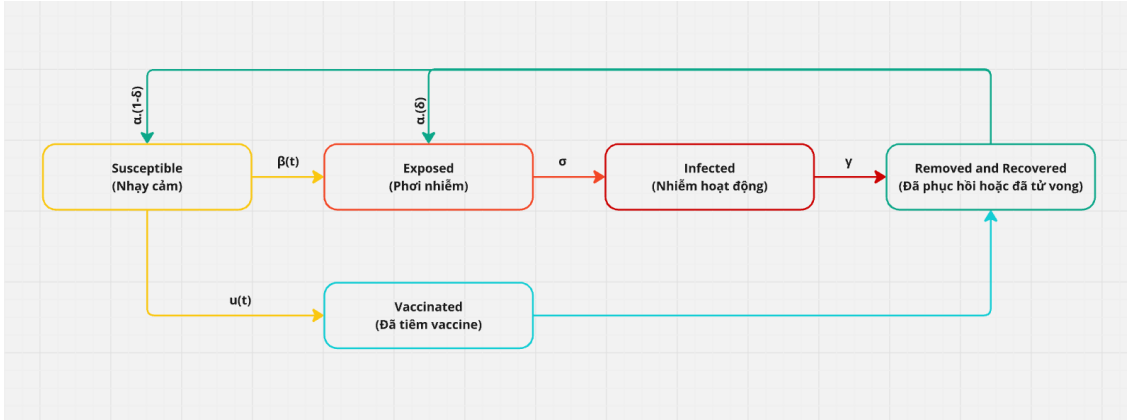
Trong đó:

- $\beta(t)$ : Giá trị của  $\beta$  tại thời điểm  $t$ .

- $\beta_0$ : Giá trị trung bình của  $\beta$ .
- $A$ : Biên độ dao động của  $\beta$ . ( $0 \leq A \leq 1$ )
- $T$ : Tổng chu kỳ (Do  $\beta(t)$  thay đổi theo ngày nên  $T = 365$ ).
- $\phi$ : Pha ban đầu, nếu:
  - \*  $\phi = 0$ : Thời gian bắt đầu là mùa thu.
  - \*  $\phi = \frac{\pi}{2}$ : Thời gian bắt đầu là mùa đông.
  - \*  $\phi = \pi$ : Thời gian bắt đầu là mùa xuân.
  - \*  $\phi = 2\pi$ : Thời gian bắt đầu là mùa hạ.

### 2.4.2 Hoàn thiện mô hình

Sau khi bổ sung các khía cạnh bao gồm tốc độ tiêm vaccine  $u(t)$ , khả năng suy giảm miễn dịch và tái nhiễm  $\alpha$ , sự thay đổi của tỷ lệ lây nhiễm theo mùa, ta có thể biểu diễn mô hình SEIR đã cải tiến như sau:



Hệ phương trình vi phân của mô hình SEIR đã hoàn thiện là:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta(t)\frac{SI}{N} - u(t)S + \alpha(1-\delta)R$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta(t)\frac{SI}{N} - \sigma E + \alpha\delta R$$

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + u(t)S - \alpha R$$

### 3 Kết quả và mô phỏng

Để mô phỏng sự thay đổi giữa các đại lượng  $S, E, I, R, V$  theo thời gian, nhóm đã sử dụng hàm *"odeint"* của thư viện *scipy* trong *python* nhằm giải hệ phương trình vi phân của mô hình SEIR đã hoàn thiện.

*"Odeint"* được sử dụng để giải các hệ phương trình vi phân thông thường (ODEs - Ordinary Differential Equations). Nó dựa trên thuật toán tích hợp số để tìm nghiệm của các phương trình vi phân này theo thời gian. *"Odeint"* sử dụng thuật toán gọi là LSODA (Livermore Solver for Ordinary Differential Equations with Automatic method switching for stiff and non-stiff problems).

LSODA có khả năng tự động chuyển đổi giữa hai phương pháp tích hợp khác nhau tùy thuộc vào tính chất của hệ phương trình vi phân (cứng - stiff, hoặc không cứng - non-stiff):

- Adams-Bashforth-Moulton method: Được sử dụng cho các phương trình không cứng. Đây là một phương pháp đa bước (multi-step method) có độ chính xác cao.
- Backward Differentiation Formula (BDF): Được sử dụng cho các phương trình cứng. BDF cũng là một phương pháp đa bước, nhưng nó có độ ổn định cao hơn, phù hợp cho các vấn đề cứng.

LSODA sử dụng phương pháp đa bước để dự đoán giá trị của nghiệm tại một bước thời gian tiếp theo dựa trên các giá trị của các bước thời gian trước đó, đồng thời tự động điều chỉnh bước thời gian  $\Delta t$  để đảm bảo độ chính xác cần thiết và tránh việc tích hợp sai số lớn.

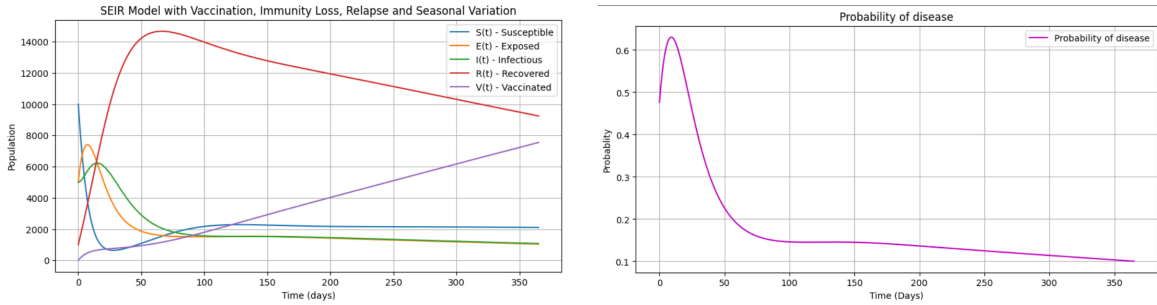
Dựa dữ liệu đầu vào là số lượng người thuộc từng nhóm ở thời điểm ban đầu ( $t = 0$ ) lần lượt là:  $S_0 = 10000$ ,  $E_0 = 5000$ ,  $I_0 = 5000$ ,  $R_0 = 1000$  và  $V_0 = 0$ , nhóm sử dụng chương trình *Python* giải quyết mô hình SEIR và một số thư viện khác nhằm mô phỏng kết quả của bài toán với các tình huống với sự thay đổi của các biến đầu vào theo bảng sau:

Số ngày	Tham số	Ước lượng			TH4	
		TH1	TH2	TH3	Đông	Hạ
365	$\beta$	0.5	0.2	0.3	0.3	0.3
	$\gamma$	1/14	1/10	1/14	1/14	1/14
	$u$	0.01	0.2	0.7	1/14	1/14
	$\alpha$	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
	$\sigma$	1/14	1/14	1/14	1/14	1/14
	$\delta$	0.2	0.2	0.2	0.2	0.2
	$A$	0	0	0	0.3	0.3
	$\varphi$	0	0	0	$\pi/2$	$3\pi/2$

Để mô phỏng sự thay đổi của xác suất 1 người bị nhiễm bệnh theo thời gian, ta có công thức tính xác suất một người bị nhiễm bệnh theo thời gian:

$$P_{infected}(t) = \frac{E(t)+I(t)}{N}$$

### 3.1 TH1: Dịch bệnh bùng phát mạnh mẽ

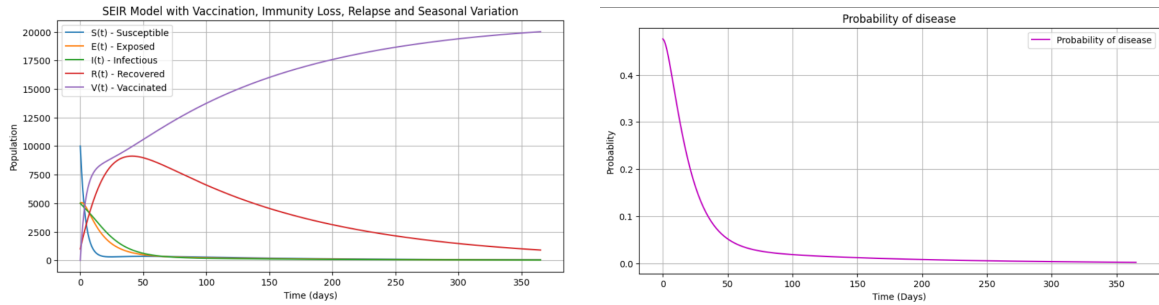


Trong trường hợp này, tham số lây nhiễm  $\beta$  được giả định là cao cùng với tốc độ tiêm vaccine  $u(t)$  được giả định là thấp. Mô phỏng cho thấy:

- Xác suất một người bị nhiễm bệnh tăng cao và nhanh đột ngột và giảm rất nhanh dẫn đến độ dốc của đồ thị lớn.
- Số lượng của nhóm người nhạy cảm  $S$  giảm nhanh chóng theo thời gian do nhiều người bị nhiễm bệnh.
- Số người bị nhiễm ở trạng thái hoạt động  $I$  tăng đột ngột theo thời gian, dẫn đến dịch bệnh lan rộng trong toàn bộ cộng đồng dân cư.
- Số người hồi phục hoặc tử vong  $R$  tăng theo thời gian nhưng không đủ để ngăn chặn sự lây lan.

⇒ Dịch bệnh trong trường hợp này lan truyền nhanh và không kiểm soát được, có khả năng gây ra thiệt hại lớn cho cộng đồng.

### 3.2 TH2: Dịch bệnh được giữ ổn định

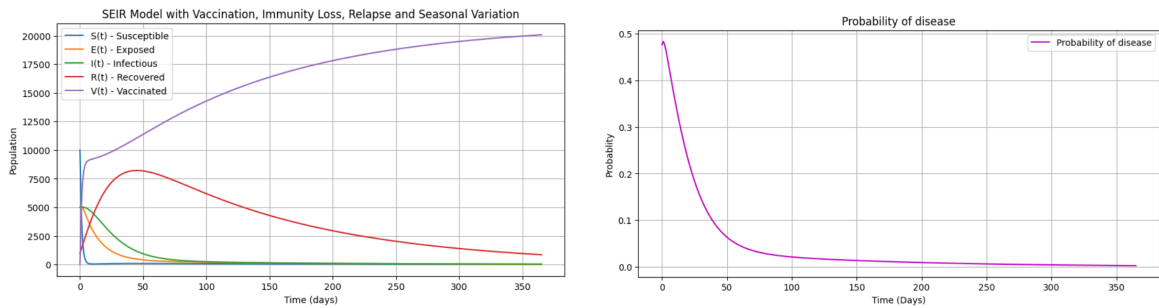


Trong trường hợp này, các tham số  $\beta, \gamma, \sigma$  gần đạt trạng thái cân bằng, cùng với tốc độ tiêm vaccine vừa phải. Kết quả mô phỏng cho thấy:

- Số người bị nhiễm ở cả 2 trạng thái  $E$  và  $I$  đều không có sự tăng đột ngột, 2 nhóm này có số lượng giảm dần theo độ dốc trung bình.
- Số người nhạy cảm  $S$  giảm dần và khá nhanh, số lượng người phục hồi tăng cao rồi giảm dần.
- Xác suất một người bị nhiễm bệnh không tăng cao đột ngột mà giảm dần và ổn định.

⇒ Dịch bệnh được kiểm soát, nhưng không hoàn toàn xóa sổ; vẫn tồn tại một tỷ lệ nhiễm bệnh thấp trong cộng đồng.

### 3.3 TH3: Dịch bệnh được xóa sổ hoàn toàn



Trong trường hợp này, tốc độ tiêm vaccine  $u(t)$  cao, việc tiêm vaccine trong cộng đồng được triển khai nhanh chóng. Từ kết quả mô phỏng, ta thấy:

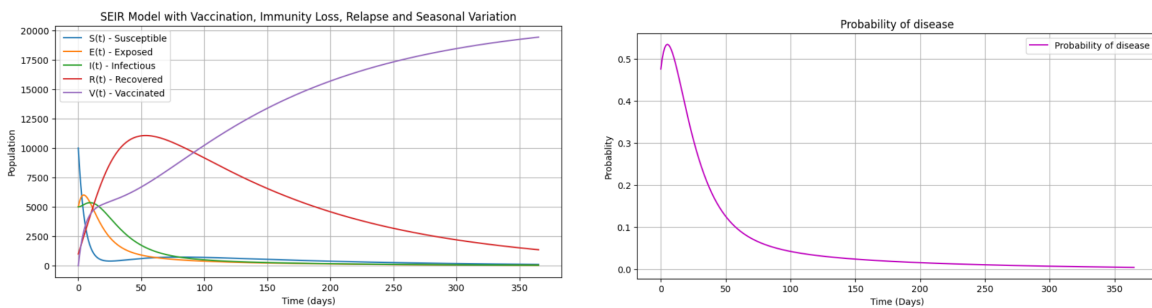
- Số lượng người nhiễm bệnh  $E, I$  không tăng đột ngột và không bùng phát nhanh chóng trong cộng đồng.

- Số lượng người được tiêm vaccine  $V$  nhanh chóng, khiến dịch bệnh được kiểm soát tốt.
- Sau một khoảng thời gian nhất định, ta thấy lượng người nhiễm bệnh và xác suất một người nhiễm bệnh có thể đạt giá trị 0.

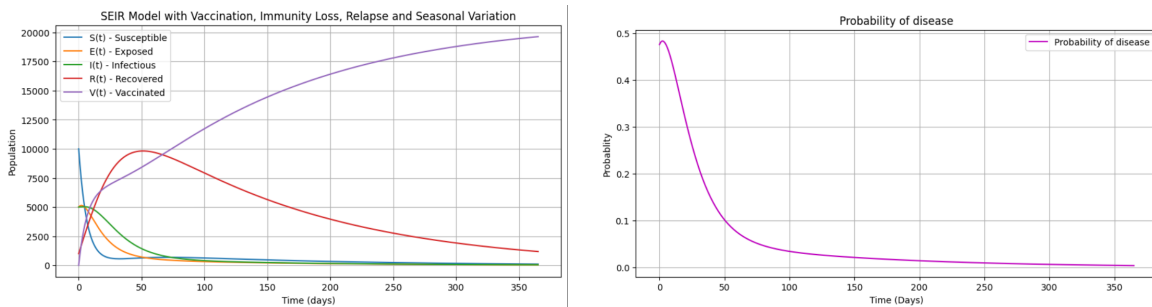
⇒ Với biện pháp tiêm vaccine hiệu quả, tốc độ được đẩy nhanh hơn nhiều lần so với tốc độ lây nhiễm thì dịch bệnh có thể được xóa sổ.

### 3.4 TH4: Dịch bệnh tại những thời điểm khác nhau trong năm

**TH4.1:** Tình trạng dịch bệnh bắt đầu diễn ra vào giữa mùa đông:



**TH4.2:** Tình trạng dịch bệnh bắt đầu diễn ra vào giữa mùa hè:



Dựa trên kết quả mô phỏng, ta thấy:

- Nếu dịch bệnh diễn ra vào mùa đông thì xác suất một người bị nhiễm bệnh sẽ đột ngột tăng rất cao rồi giảm dần, trong vào mùa hè thì xác suất một người bị nhiễm bệnh tăng không đáng kể rồi bắt đầu giảm nhanh.
- Đường biểu diễn của nhóm người nhiễm bệnh  $E, I$  vào mùa đông đều có đỉnh nhọn cao, trong khi mùa hè thì không tăng cao, mà giữ trạng thái tương tự nhau trong một khoảng thời gian ngắn rồi giảm dần.

$\Rightarrow$  Thời tiết có ảnh hưởng đáng kể đến sự lây lan của dịch bệnh, với mùa đông có nguy cơ bùng phát cao hơn so với mùa hè. Vì thế nếu dịch bệnh diễn ra vào mùa hè thì sẽ dễ dàng kiểm soát hơn so với mùa đông.

## 4 Kết luận

### 4.1 Đánh giá mô hình

#### 4.1.1 Ưu điểm của mô hình

- Mô hình SEIR có thể mô tả chi tiết quá trình lây nhiễm.
- Mô hình dễ ứng dụng và dễ mở rộng: Có thể tích hợp thêm nhiều yếu tố, khía cạnh khác ngoài vaccine, khả năng tái nhiễm, yếu tố sinh sản và phát triển của vi sinh vật,...
- Mô hình có thể áp dụng cho các loại bệnh truyền nhiễm khác nhau, không chỉ riêng bệnh X.
- Mô hình dễ hiểu, dễ triển khai.
- Việc sử dụng phương pháp giải hệ phương trình LSODA của "odient" trong Python mang lại hiệu quả cao hơn so với một số phương pháp số khác như Euler, Runge-Kutta,... do chương trình được tự động hóa để nhận biết và phân loại phương trình vi phân, đồng thời đảm bảo sai số tổng cộng của bước nhảy về thời gian nằm trong giới hạn đã định trước.

#### 4.1.2 Nhược điểm của mô hình

- Còn quá nhiều giả định để đơn giản hóa mô hình (như: Tổng dân số của dân cư là không thay đổi, Sau khi tiêm vaccine thì người nhạy cảm sẽ có miễn dịch 100 %,...)
- Mô hình chủ yếu tập trung vào chi tiết của diễn biến dịch bệnh mà không theo sát được sự biến đổi của vi sinh vật nếu vi sinh vật có những biến chủng khác nhau hoặc có những biến đổi trong môi trường nhất định.
- Trong thực tế, sự lây lan của dịch bệnh luôn có nhiều yếu tố ngẫu nhiên mà mô hình SEIR không thể theo sát được.
- Khó khăn trong việc xác định các tham số đầu vào, chưa có công thức tổng quát mà phải dựa trên đo đạc, hoặc nghiên cứu thực tế, hoặc các tham số luôn linh hoạt và được cập nhật thường xuyên thay vì giữ nguyên một giá trị,...

## 4.2 Hướng phát triển mô hình

Để mô hình có thể ứng dụng rộng và hiệu quả hơn, chúng ta có thể bớt đi một số giả định như dân số không đổi trong thời gian dịch bệnh diễn ra hay sau khi tiêm vaccine thì người nhạy cảm sẽ có miễn dịch 100%,... Việc này sẽ cần thiết phải cải tiến các phương trình vi phân với nhiều tham số đầu vào cũng như sẽ trở nên phức tạp và khó giải quyết hơn, đồng thời sẽ khiến sơ đồ mối quan hệ giữa các nhóm người được phân chia trở nên rắc rối hơn.

Bên cạnh đó, chúng ta cũng có thể phát triển mô hình bằng việc tạo ra các hàm dự đoán cho các tham số đầu vào dựa trên việc thu thập và cập nhật dữ liệu hằng ngày hoặc tích hợp thêm những mô hình có yếu tố ngẫu nhiên. Điều này sẽ khiến mô hình ban đầu trở nên sát với thực tế hơn nhưng cũng khiến nó trở nên khó khăn hơn.



## 5 Tài liệu tham khảo và Phụ lục

### 5.1 Tài liệu tham khảo

- Taiwan Centers for Disease Control, Hình ảnh về cơ chế lây nhiễm của các bệnh lây nhiễm qua đường hô hấp.
- Lê Thị Hương Giang, Áp dụng mô hình SIR để dự đoán và đánh giá quá trình truyền nhiễm bệnh Covid-19 tại Hà Nội, Tạp chí Khoa học Công nghệ, Tập 58 - Số 2 (4/2022)
- VinUni, Mô phỏng mô hình SIR về sự lây lan của đại dịch COVID-19
- Scipy.integrate
- How does odeint() from scipy python module work?

### 5.2 Phụ lục

- Google Collab | Code mô hình SEIR mô phỏng các trường hợp khác nhau của dịch bệnh

## 6 Lời cảm ơn

Đội thi xin gửi lời cảm ơn chân thành đến Ban Tổ Chức vì đã tổ chức một cuộc thi đầy ý nghĩa và bổ ích. Cuộc thi không chỉ mang lại cho các bạn học sinh, sinh viên có cơ hội thử thách bản thân, mở rộng kiến thức và kỹ năng trong lĩnh vực toán học mà còn giúp mọi người kết nối với những người có chung đam mê và sở thích.

Sự chuyên nghiệp trong cách thức tổ chức, cũng như sự nhiệt tình và tâm huyết của các thầy cô, các anh chị hướng dẫn, đã tạo nên một môi trường thi đấu công bằng và đáng nhớ. Đội thi vô cùng trân trọng những nỗ lực và cống hiến của Ban Tổ Chức để cuộc thi diễn ra thành công tốt đẹp.

Mặc dù trong quá trình làm bài thi, đội thi đã cố gắng tận dụng hết sức có thể, song những việc còn tồn tại những sai sót là không thể tránh khỏi. Vì vậy, chúng em rất mong nhận được sự góp ý và mong mọi người có thể bỏ qua những lỗi sai nhỏ.

Một lần nữa, xin chân thành cảm ơn Ban Tổ Chức và hy vọng sẽ tiếp tục được đồng hành cùng cuộc thi trong chặng đua tiếp theo.