



CUỘC THI

TOÁN MÔ HÌNH 2024

VÒNG 2

11 - 18 tháng 8, 2024

Mã đội thi: TMH 24031
Ngày thực hiện: 11-18/08/2024

Tóm tắt nội dung

Bài dự thi này trình bày quá trình xây dựng và cải thiện một mô hình toán học thể hiện diễn biến của dịch bệnh X lây lan trong quần thể thành phố để đáp ứng các yêu cầu của đề thi và mở rộng gần hơn với thực tế.

Đầu tiên, đội thi phân tích các yếu tố, đặc điểm dịch tễ của X và vi sinh vật gây bệnh là A để xác định một số tính chất của bệnh X như khả năng lây nhiễm, thời gian ủ bệnh, phát bệnh và hồi phục khi mắc bệnh. Đồng thời, nêu ra một số giả định để thống nhất áp dụng vào mô hình.

Sau đó, đội thi sử dụng mô hình toán học SEIR (*Susceptible - Exposed - Infectious - Recovered*) và các biến thể liên quan, cùng với các bộ thư viện có sẵn như Matplotlib (trực quan hóa dữ liệu), SciPy (giải hệ phương trình vi phân),... Từ đó xây dựng được một mô hình Toán học là hệ phương trình vi phân biểu diễn quá trình, tốc độ lây lan, ủ bệnh, phát bệnh và hồi phục của dịch bệnh trong quần thể thành phố với các tham số, đại lượng được điều chỉnh để phù hợp với thực tế và tính chất dịch bệnh.

Mô hình của đội thi đã đáp ứng đầy đủ các yêu cầu của đề thi về khả năng tiêm vaccine, suy giảm miễn dịch và khả năng ảnh hưởng của mùa thời tiết đối với sự hoạt động và lây lan của dịch bệnh. Song song với việc xây dựng mô hình, đội thi đã tạo các mô phỏng bằng các biểu đồ trực quan thể hiện sự lây lan theo thời gian, đồng thời chỉ ra được các viễn cảnh của dịch từ bùng phát, được kiểm soát, dập tắt hoàn toàn cũng như bùng phát theo mùa mỗi năm,...

Hơn nữa, đội thi còn mở rộng mô hình thêm một số yêu cầu, khả năng để gần với thực tế. Cụ thể, mô hình mở rộng với các yếu tố như mức độ sinh sản - tử vong tự nhiên, tác động của dịch bệnh đối với từng nhóm tuổi, hay ảnh hưởng của các tác nhân đột ngột.

Kết quả thu được đã đáp ứng các yêu cầu về tính trực quan, dễ hiểu và khả năng mở rộng cũng như phát triển lên những mô hình phức tạp hơn, nghiên cứu trên phạm vi lớn hơn. Tuy vậy, mô hình vẫn để lại nhiều thiếu sót về tính thực tế, mức độ chính xác trong các môi trường phức tạp và chứa nhiều biến động hay ảnh hưởng của các yếu tố ngẫu nhiên.

Trong bài thi, đội thi luôn hướng tới xây dựng mô hình một cách hoàn thiện nhất, có tính ứng dụng trong thực tế cao. Đội thi trình bày bài thi với phương châm đầy đủ, dễ hiểu và khoa học nên để diễn tả được hết các nghiên cứu, quy trình xây dựng nên đã trình bày vượt quá số trang yêu cầu, mong ban giám khảo thông cảm.

Mục lục

1	Giới thiệu	2
1.1	Mô hình SIR và biến thể liên quan	2
1.2	Thư viện SciPy - Giải hệ phương trình vi phân	2
2	Mô hình toán học	2
2.1	Phân tích các yếu tố dịch tễ	2
2.2	Xây dựng mô hình và mô phỏng	3
2.2.1	Mô hình SEIR cơ bản	3
2.2.2	Thêm khả năng tiêm Vaccine	5
2.2.3	Thêm khả năng suy giảm miễn dịch	7
2.2.4	Thêm khả năng ảnh hưởng của thời tiết	9
2.3	Mở rộng mô hình	11
2.3.1	Khả năng về sinh sản - tử vong tự nhiên	11
2.3.2	Khả năng ảnh hưởng của dịch bệnh với từng lứa tuổi là khác nhau	12
2.3.3	Khả năng bùng phát bệnh do tác nhân đột ngột	14
3	Kết quả	15
4	Kết luận	15
4.1	Ưu điểm của mô hình	15
4.2	Nhược điểm của mô hình	15
4.3	Hướng phát triển mô hình	16
	Lời cảm ơn	16
	PHỤ LỤC	
	Tài liệu tham khảo	

1 Giới thiệu

1.1 Mô hình SIR và biến thể liên quan

Mô hình SIR (*Susceptible-Infectious-Recovered*) là một mô hình toán học cơ bản về dịch bệnh, được giới thiệu trong bài báo kinh điển của Kermack và McKendrick. Trong mô hình này, dân số được chia thành 3 nhóm, dựa theo trạng thái đối với bệnh, sẽ được trình bày ở phần sau. Ngoài ra, để đáp ứng các yêu cầu phức tạp hơn, các biến thể phát triển từ mô hình SIR có thể kể đến là SEIR, SEIRV hay SEIRS,... sẽ được áp dụng trong bài thi này.

1.2 Thư viện SciPy - Giải hệ phương trình vi phân

Nhằm giải quyết các hệ phương trình vi phân trong mô hình Toán học ở bài thi này, hướng đến sự đơn giản và tiết kiệm thời gian, chúng ta sẽ sử dụng công cụ odeint trong thư viện SciPy với ngôn ngữ lập trình Python. Đây là một công cụ mạnh mẽ, dễ dàng sử dụng và chính xác cao trong việc giải hệ phương trình vi phân. Ngoài ra ta còn có thể sử dụng thêm thư viện Matplotlib để trực quan hóa mô hình bằng các biểu đồ nhằm mô phỏng sự thay đổi của dịch bệnh theo thời gian.

2 Mô hình toán học

2.1 Phân tích các yếu tố dịch tễ

Đầu tiên, ta sẽ phân tích các yếu tố dịch tễ liên quan đến bệnh X và vi sinh vật gây bệnh A để có thể chọn các tham số hợp lý nhằm mô hình bài toán một cách thực tế nhất.

Xét về xác suất lây nhiễm - xác suất trung bình một người nhiễm bệnh sẽ lây truyền cho người chưa nhiễm, giá trị này với các bệnh truyền nhiễm qua đường hô hấp trong thực tế thường nằm trong khoảng 0.3 đến 0.6. Để ý rằng, vi sinh vật A dễ dàng lây truyền chỉ qua giọt bắn li ti từ người bệnh và có thể tồn tại trong không khí trong một khoảng thời gian nên ta có thể giả định xác suất lây nhiễm của bệnh X ở một mức hợp lý là 0.5.

Tiếp theo là về thời gian ủ bệnh, theo đề bài là khoảng từ vài ngày đến 2 tuần. Để đơn giản cho việc xây dựng mô hình, ta sẽ giả định thời gian ủ bệnh trung bình là 7 ngày.

Xét đến thời gian hồi phục (tính từ lúc xuất hiện triệu chứng đến khi hết bệnh hoặc tử vong và không có khả năng lây nhiễm cho người khác), và cũng để đơn giản hóa mô hình, ta giả định thời gian hồi phục trung bình của bệnh X là 14 ngày.

Với việc thành phố triển khai tiêm vaccine phòng bệnh X, ta xét chỉ có những người chưa từng mắc bệnh được tiêm (Trường hợp ủ bệnh hay phát bệnh khi tiêm không có tác dụng) và sau khi được tiêm thì miễn dịch hoàn toàn với bệnh X, tương tự với nhóm đã phục hồi. Thêm nữa, ta giả định tốc độ tiêm vaccine $u(t)$ xác định bằng 20% dân số chưa mắc bệnh được tiêm tại mỗi ngày.

Trên thực tế, hầu hết các dịch bệnh có khả năng lây lan, điển hình như Covid-19, việc có được đề kháng vĩnh viễn sau khi đã từng nhiễm bệnh là không thể. Thay vào đó khả năng miễn dịch với bệnh X giảm dần theo thời gian, khi đó với việc lây truyền từ người mắc bệnh hoặc vi sinh vật A vẫn tồn tại trong cơ thể, người đã hồi phục có thể lại bị mắc bệnh. Ta sẽ giả định tỷ lệ giảm dần miễn dịch (tỷ lệ người hồi phục trở lại thành nhạy cảm) là 5% số người hồi phục.

Với yêu cầu bổ sung là sự hoạt động của vi sinh vật A thay đổi theo mùa (yếu vào mùa hè nóng ẩm, mạnh vào mùa đông lạnh khô) nên ta giả định một năm có 2 mùa đông (từ ngày 1 đến ngày 182) và mùa hè (từ ngày 183 đến ngày 365) và khả năng hoạt động của vi sinh vật A được thể hiện với hàm tuần hoàn: $M(t) = 1 + \sin(\frac{2\pi}{365} \cdot t)$. Dễ thấy, hàm này cho các giá trị lớn hơn 1 với các ngày mùa đông và nhỏ hơn 1 với những ngày mùa hè. Hơn nữa, hàm $M(t)$ lớn nhất vào ngày 92 và nhỏ nhất vào ngày 274, tức thể hiện vi sinh vật A hoạt động mạnh nhất vào giữa mùa đông và yếu nhất vào giữa mùa hè, cũng khá hợp lý theo thực tế rằng ngày lạnh (nóng) nhất của mùa đông (hè) thường rơi vào giữa mùa.

Cuối cùng, ta giả định trong suốt thời gian ta xét, dân số thành phố không thay đổi, nói cách khác, người tử vong do X coi như thuộc nhóm phục hồi, không có khả năng lây nhiễm, ngoài ra không có trẻ được sinh mới, không có người nào tử vong do các lý do khác.

2.2 Xây dựng mô hình và mô phỏng

2.2.1 Mô hình SEIR cơ bản

Sau đây, đội thi sẽ xây dựng và mô phỏng mô hình Toán học thể hiện sự lây nhiễm của dịch bệnh X trong một quần thể dân cư của một thành phố.

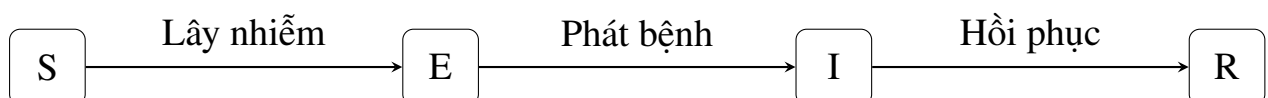
Trước hết, ta chia quần thể cư dân phố vào 4 nhóm sau:

- S: Những người nhạy cảm có khả năng mắc bệnh (Susceptible)
- E: Những người đang trong thời gian ủ bệnh (Exposed)
- I: Những người đang phát bệnh và đã có triệu chứng (Infected)
- R: Những người không còn khả năng mắc bệnh, bao gồm đã hồi phục hoặc đã tử vong (Recovered hay Removed)

Ta gọi số người thuộc mỗi nhóm tại một ngày $t \geq 0$ nào đó được ký hiệu lần lượt là $S(t)$, $E(t)$, $I(t)$, $R(t)$. Với cấu hình ban đầu của đề bài, ta xác định $S(0) = 10000$, $E(0) = 5000$, $I(0) = 5000$, $R(0) = 1000$.

Tổng dân số của thành phố là N hằng số không đổi, như vậy ta luôn có $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N$ không phụ thuộc vào biến t .

Trong mô hình SEIR, trạng thái của một người chỉ có thể chuyển từ S sang E (lây nhiễm), từ E sang I (phát bệnh) hoặc từ I sang R (hồi phục hoặc tử vong)



Để mô tả được sự thay đổi liên tục giữa các nhóm, đồng thời có thể diễn tả được tốc độ, mô hình hóa động lực học của dịch bệnh, ta sẽ sử dụng các phương trình vi phân biểu thị mối quan hệ giữa các nhóm với nhau để xây dựng mô hình cơ bản của SEIR đơn giản như sau:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t)}{N} \quad (1)$$

Phương trình (1) thể hiện tốc độ giảm của nhóm S theo thời gian (do về phải luôn nhỏ hơn 0), tốc độ này tỷ lệ thuận với xác suất lây nhiễm (β), số lượng người đang mắc bệnh (càng nhiều người mắc bệnh thì càng dễ lây nhiễm) và tỷ lệ người có thể nhiễm bệnh trong quần thể thành phố ($\frac{S}{N}$).

$$\frac{dE(t)}{dt} = \frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t)}{N} - \sigma \cdot E(t) \quad (2)$$

Phương trình (2) thể hiện tốc độ thay đổi của lượng người trong nhóm E theo thời gian. Nó ảnh hưởng bởi tốc độ lây nhiễm từ S sang E và tốc độ phát bệnh từ E sang I. Rõ hơn, tham số σ là tỷ lệ chuyển từ trạng thái ủ bệnh sang phát bệnh, và bằng nghịch đảo của thời gian ủ bệnh (thời gian ủ bệnh càng nhỏ thì càng nhanh chuyển sang trạng thái phát bệnh).

$$\frac{dI(t)}{dt} = \sigma \cdot E(t) - \gamma \cdot I(t) \quad (3)$$

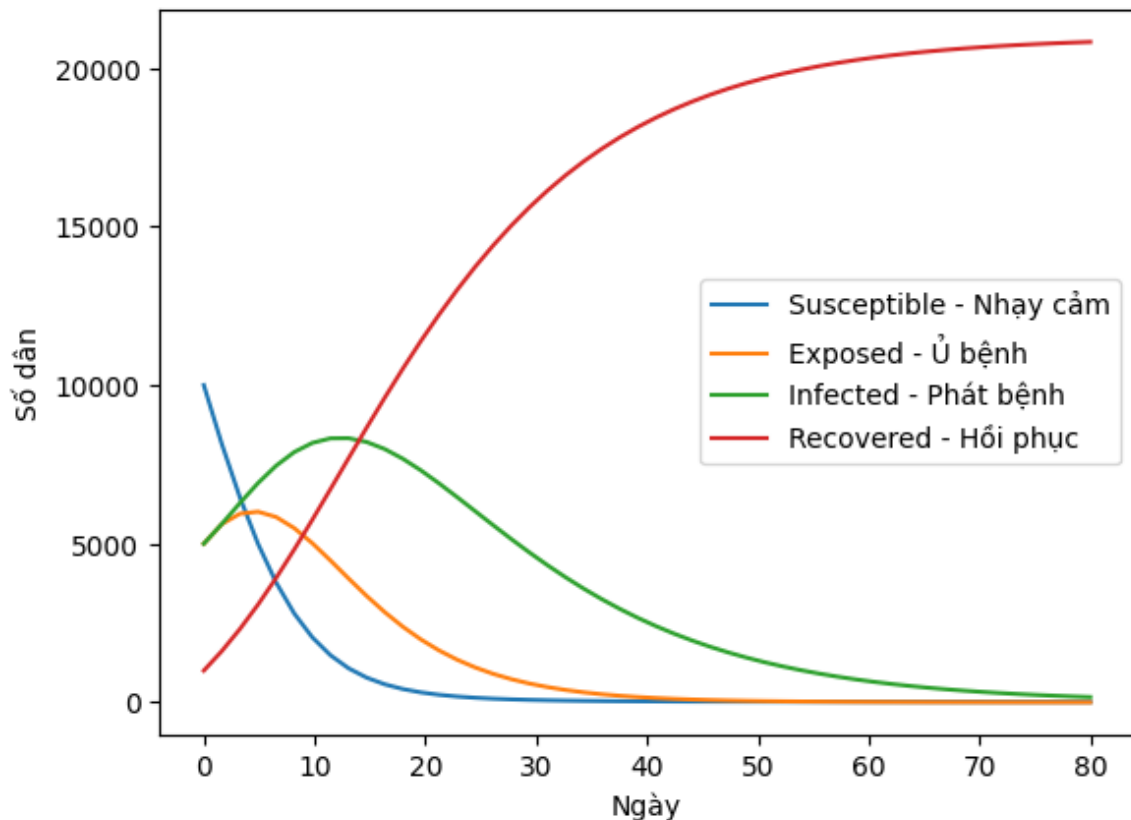
Tương tự, phương trình (3) thể hiện tốc độ thay đổi của nhóm I theo t , bị ảnh hưởng bởi tốc độ phát bệnh $E \rightarrow I$ và tốc độ hồi phục $I \rightarrow R$ với tham số γ là tỷ lệ hồi phục, tính bằng nghịch đảo của thời gian hồi phục (càng nhanh hồi phục thì càng nhanh chuyển sang R). Cuối cùng là phương trình thể hiện tốc độ tăng của nhóm R:

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) \quad (4)$$

Từ hệ phương trình vi phân (1), (2), (3), (4) với cấu hình ban đầu lấy từ đề bài và mục 2.1 (xác suất lây nhiễm 0.5, thời gian ủ bệnh và phục hồi là 7 và 14 ngày):

$$S(0) = 10000, E(0) = 5000, I(0) = 5000, R(0) = 1000, \beta = 0.5, \sigma = \frac{1}{7}, \gamma = \frac{1}{14} (*)$$

Sử dụng thư viện SciPy ta được kết quả mô phỏng sau:



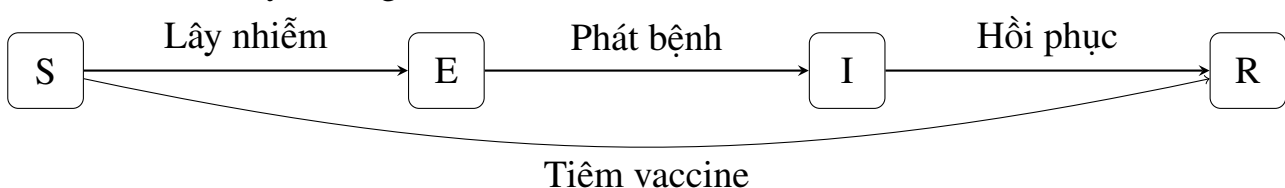
Hình 1: Mô phỏng mô hình SEIR cơ bản

Có thể thấy, trong khoảng từ ngày 10 đến ngày 20, dịch bệnh bùng phát, lan rộng trong quần thể, hầu hết dân nhóm S đều đã mắc bệnh, đỉnh điểm có khoảng hơn 8000 ca mắc cùng thời điểm. Sau đó, dịch bệnh giữ ổn định, giảm dần số ca mắc, số dân nhóm R được miễn dịch tiếp tục tăng đều. Đến ngày 40, trong quần thể chỉ còn một ít người mắc bệnh và đa số đã có miễn dịch. Đến ngày 80 thì dịch bệnh đã được dập tắt hoàn toàn, cả thành phố đã đều miễn dịch với bệnh X.

Tuy vậy, trong thực tế khó có thể xảy ra trường hợp lý tưởng và đơn giản như vậy. Ta sẽ phân tích và bổ sung thêm các điều kiện và khả năng có thể xảy ra trong thực tế cho mô hình này.

2.2.2 Thêm khả năng tiêm Vaccine

Đầu tiên, sau đợt dịch đầu, chính quyền sẽ triển khai tiêm vaccine cho người dân. Như đã nói ở mục 2.1, ta chỉ xét tiêm cho những người thuộc nhóm S (Nếu nhóm E hay I tiêm thì coi như không tác dụng). Sau khi tiêm, người ở nhóm S có miễn dịch hoàn toàn và chuyển sang nhóm R:



Ta bổ sung vào hai phương trình (1) và (4):

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t)}{N} - u(t) = -\frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t)}{N} - \mu \cdot S(t) \quad (5)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) + u(t) = \gamma \cdot I(t) + \mu \cdot S(t) \quad (6)$$

Ở đây $u(t) = \mu \cdot S(t)$ là tốc độ tiêm vaccine cho người dân. Cụ thể, ta xác định μ là tỷ lệ tiêm vaccine trong số dân nhóm S, khi đó, càng nhiều dân số trong nhóm S thì giá trị của $u(t)$ càng lớn (do trên thực tế, càng nhiều người chưa có miễn dịch với bệnh thì thành phố càng cần tăng tốc độ tiêm chủng). Tóm lại, ta được hệ phương trình vi phân mới như sau:

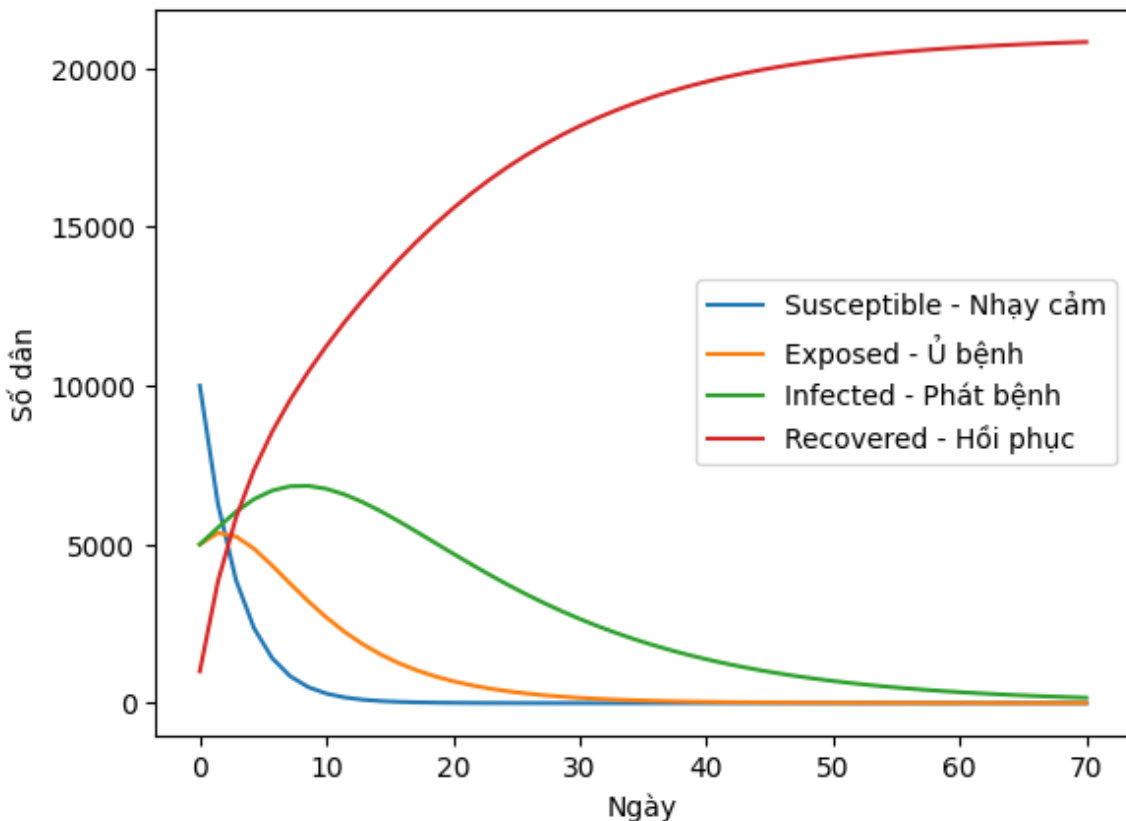
$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t)}{N} - \mu \cdot S(t) \quad (5)$$

$$\frac{dE(t)}{dt} = \frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t)}{N} - \sigma \cdot E(t) \quad (2)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \sigma \cdot E(t) - \gamma \cdot I(t) \quad (3)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) + \mu \cdot S(t) \quad (6)$$

Từ hệ phương trình vi phân trên với cấu hình ban đầu (*) và tham số μ theo giả định mục 2.1 sẽ có giá trị bằng 0.2, ta có được mô phỏng mô hình như sau:

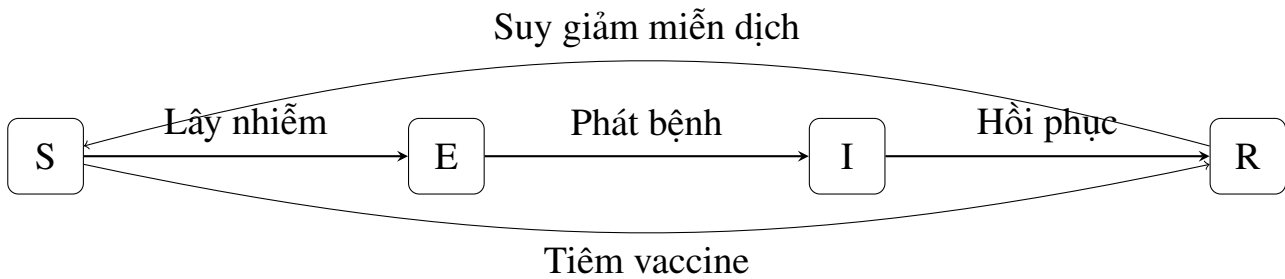


Hình 2: Mô hình SEIR với khả năng tiêm vaccine

So với mô phỏng mô hình SEIR cơ bản ở trên, mô hình có thêm khả năng tiêm vaccine thể hiện đợt bùng dịch không quá mạnh mẽ. Cụ thể hơn, đỉnh điểm của dịch vào ngày 9-10 với số ca mắc cùng thời điểm chỉ khoảng 6000 ca (ít hơn khoảng 2000 ca so với không tiêm). Hơn nữa lượng người được miễn dịch là nhóm R được tăng mạnh hơn, sau đỉnh điểm thì dịch được giữ ổn định và kết thúc vào khoảng ngày thứ 70 (sớm hơn 10 ngày so với không tiêm).

2.2.3 Thêm khả năng suy giảm miễn dịch

Giả thiết rằng người đã từng mắc bệnh hoặc đã tiêm vaccine không còn miễn dịch trọn đời mà giảm dần theo thời gian. Khi đó, người trong nhóm R có khả năng sẽ quay lại nhóm S:



Ta đặt α là tốc độ suy giảm miễn dịch của bệnh X, khi đó cần điều chỉnh các phương trình (5) và (6) để đáp ứng với giả thiết đã nêu:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t)}{N} - \mu \cdot S(t) + \alpha \cdot R(t) \quad (7)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) + \mu \cdot S(t) - \alpha \cdot R(t) \quad (8)$$

Sau khi điều chỉnh, ta nhận được hệ phương trình vi phân của mô hình SEIR với khả năng suy giảm miễn dịch như sau:

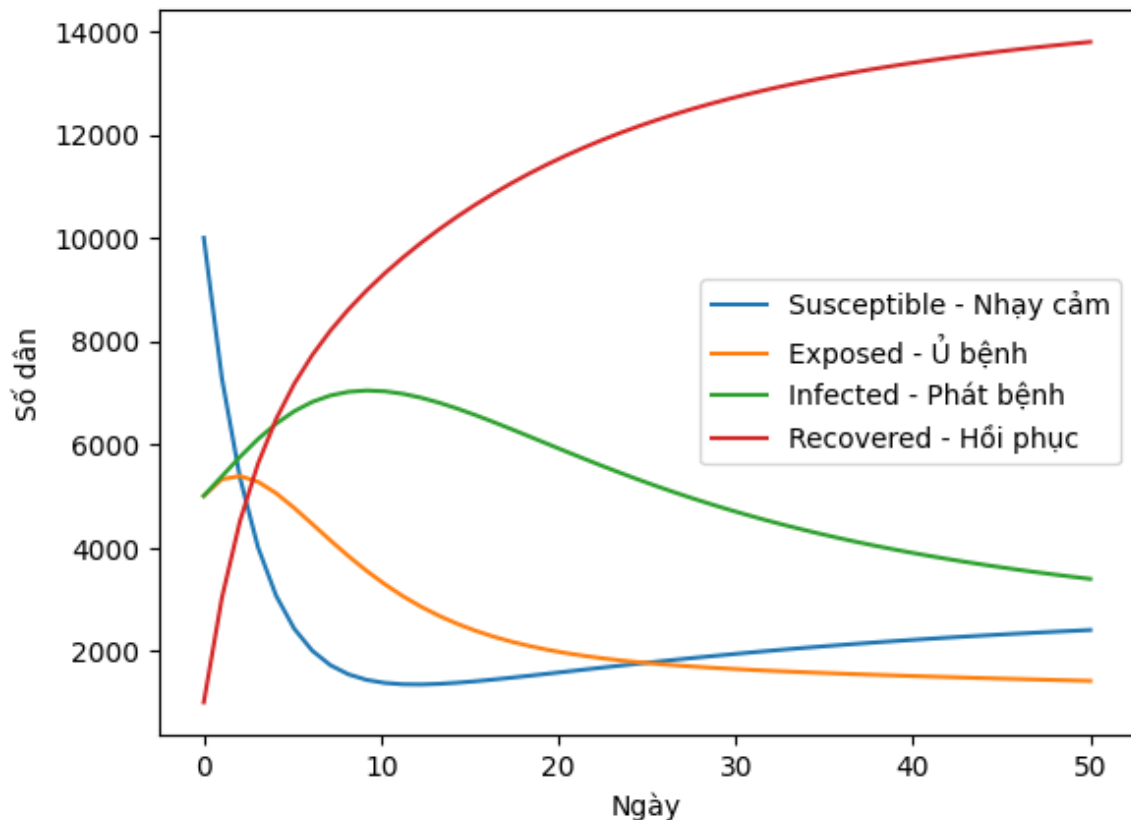
$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t)}{N} - \mu \cdot S(t) + \alpha \cdot R(t) \quad (7)$$

$$\frac{dE(t)}{dt} = \frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t)}{N} - \sigma \cdot E(t) \quad (2)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \sigma \cdot E(t) - \gamma \cdot I(t) \quad (3)$$

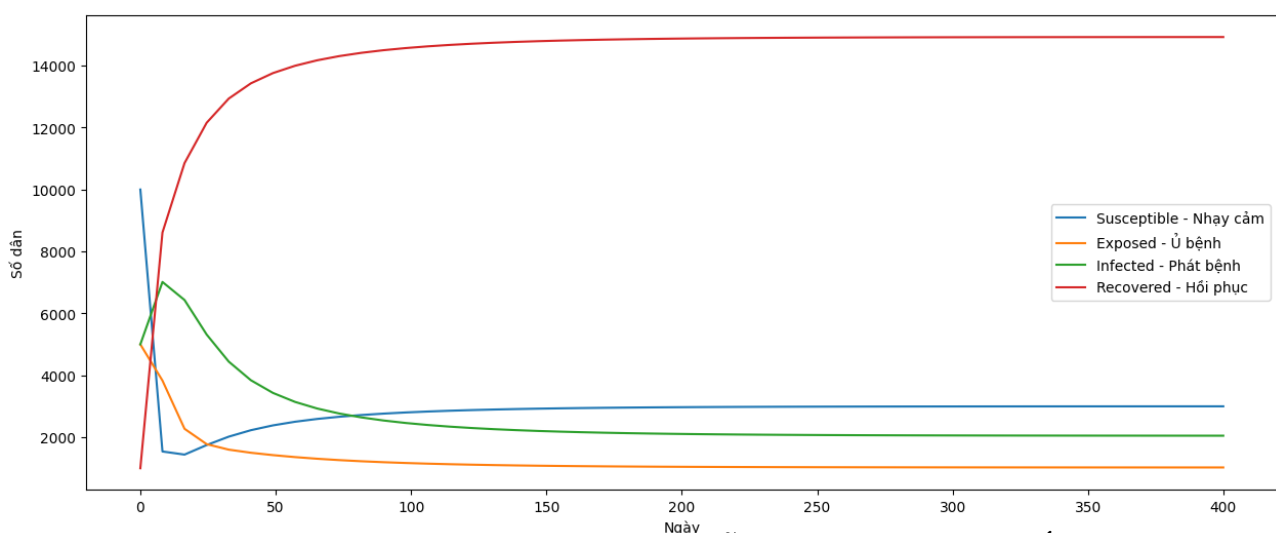
$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) + \mu \cdot S(t) - \alpha \cdot R(t) \quad (8)$$

Với hệ phương trình vi phân này với điều kiện đầu vào (*) và tham số α ta xác định trong mục 2.1 là 0.05, ta có được mô phỏng như sau:



Hình 3: Mô hình SEIR-V thêm khả năng suy giảm miễn dịch

Có thể thấy tại thời điểm đầu, khi dịch bệnh bùng phát, kết quả khá giống với các mô phỏng trước đó, đỉnh điểm của dịch vào khoảng ngày thứ 10 với 7000 ca mắc cùng thời điểm. Sau đó dịch bệnh giữ ổn định, tuy nhiên sẽ không được dập tắt hoàn toàn. Cụ thể, trong suốt giai đoạn về sau, các ca mắc trong thành phố luôn ổn định ở mức khoảng 2000 ca, các nhóm đều có lượng người không đổi (Xem mô phỏng bên dưới). Giải thích đơn giản là bởi lúc này về phải của các phương trình vi phân tiến dần về 0. Cụ thể, trong các nhóm, lượng người bị chuyển sang các nhóm khác sẽ cân bằng với lượng người được chuyển vào. Ví dụ ở nhóm S, lượng người được tiêm vaccine ($S \rightarrow R$) và bị lây nhiễm ($S \rightarrow E$) cân bằng với những người bị suy giảm miễn dịch ($R \rightarrow S$).



Hình 4: Mô hình SEIR-V suy giảm miễn dịch ở 400 ngày tiếp theo

2.2.4 Thêm khả năng ảnh hưởng của thời tiết

Trong hầu hết trường hợp, các dịch bệnh có khả năng lây truyền, hay cụ thể hơn qua đường hô hấp, yếu tố thời tiết và khí hậu có ảnh hưởng đặc biệt quan trọng đến khả năng lây lan của dịch.

Để thể hiện được yếu tố này, như đã nói ở mục 2.1, ta sẽ thêm vào mô hình một hàm số tuần hoàn theo thời gian $M(t) = 1 + \sin(\frac{2\pi}{365} \cdot t)$. Nhắc lại rằng, giả định của chúng ta là trong một năm chỉ có 2 mùa: mùa đông diễn ra trong nửa năm đầu và mùa hè diễn ra vào nửa sau năm. Để ý rằng, vi sinh vật A hoạt động mạnh hơn vào mùa đông, yếu hơn vào mùa hè. Ngoài ra, sự hoạt động của vi sinh vật ta có thể hiểu là sự lây nhiễm và sự tồn tại trong cơ thể người. Dễ hiểu hơn, vi sinh vật A hoạt động càng mạnh thì càng dễ lây lan đồng thời người mắc bệnh càng khó hồi phục hơn.

Sau đây, ta sẽ triển khai $M(t)$ trong hệ phương trình vi phân SEIR:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t) \cdot M(t)}{N} - \mu \cdot S(t) + \alpha \cdot R(t) \quad (9)$$

$$\frac{dE(t)}{dt} = \frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t) \cdot M(t)}{N} - \sigma \cdot E(t) \quad (10)$$

Để ý rằng với t là ngày trong mùa đông ($1 \leq t \leq 182$) thì $M(t) \geq 1$ do đó tốc độ lây lan sẽ tăng lên. Ngược lại, vào những ngày mùa hè ($183 \leq t \leq 356$) thì $0 \leq M(t) \leq 1$ nên tốc độ lây lan sẽ giảm đi. Hơn thế nữa, tốc độ lây lan sẽ đạt đỉnh tại ngày giữa mùa đông (ngày 92) khi $M(t) \approx 2$. Vào giữa mùa hè (ngày 274), $M(t) \approx 0$ khiến dịch bệnh dường như tạm ngừng lây lan, điều này khá sát với thực tế (những ngày giữa mùa thường có thời tiết nóng hoặc lạnh nhất). Còn sự điều chỉnh với tốc độ hồi phục của người mắc bệnh:

$$\frac{dI(t)}{dt} = \sigma \cdot E(t) - \gamma \cdot I(t) \cdot M'(t) = \sigma \cdot E(t) - \gamma \cdot I(t) \cdot (2 - M(t)) \quad (11)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) \cdot M'(t) + \mu \cdot S(t) - \alpha \cdot R(t) = \gamma \cdot I(t) \cdot (2 - M(t)) + \mu \cdot S(t) - \alpha \cdot R(t) \quad (12)$$

Để hàm $M(t)$ tác động đến tốc độ hồi phục, ta cần điều chỉnh để tác động ngược lại so với tốc độ lây nhiễm. Cụ thể, vào những ngày mùa đông, nếu ta cần tốc độ lây nhiễm tăng thì tốc độ người bệnh hồi phục phải giảm và ngược lại. Do đó, ta nghĩ đến ý tưởng sử dụng hàm $M'(t) = 2 - M(t) = 1 - \sin(\frac{2\pi}{365} \cdot t)$. Đặc điểm hàm này ngược lại so với $M(t)$ khiến trong những ngày mùa đông thì tốc độ hồi phục giảm, và tăng nhanh vào ngày mùa hè. Tóm lại, ta thu được hệ phương trình vi phân của mô hình SEIR sau khi điều chỉnh như sau:

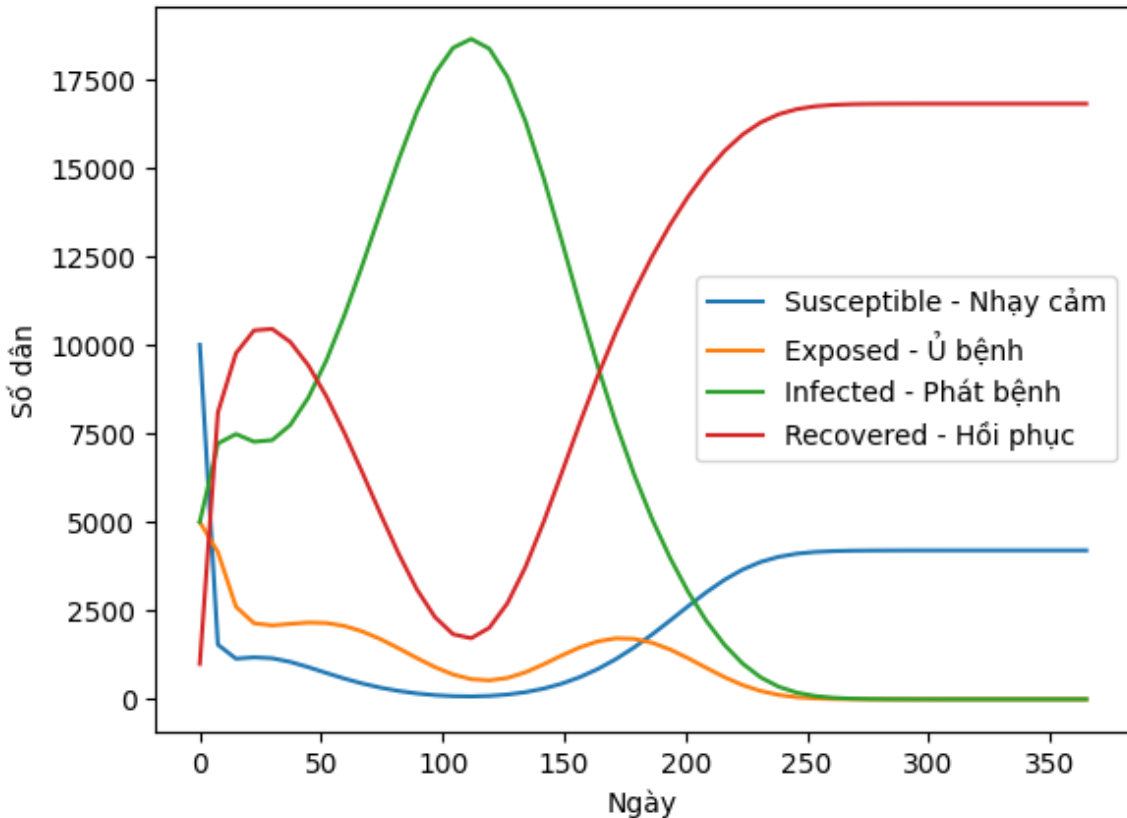
$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t) \cdot M(t)}{N} - \mu \cdot S(t) + \alpha \cdot R(t) \quad (9)$$

$$\frac{dE(t)}{dt} = \frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t) \cdot M(t)}{N} - \sigma \cdot E(t) \quad (10)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \sigma \cdot E(t) - \gamma \cdot I(t) \cdot (2 - M(t)) \quad (11)$$

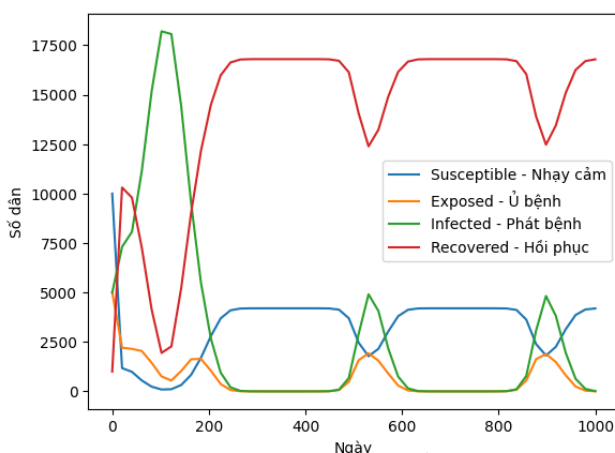
$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) \cdot (2 - M(t)) + \mu \cdot S(t) - \alpha \cdot R(t) \quad (12)$$

Áp dụng hệ 4 phương trình trên với các cấu hình đầu vào không đổi, ta thu được mô phỏng dịch bệnh trong 1 năm đầu tiên như sau:

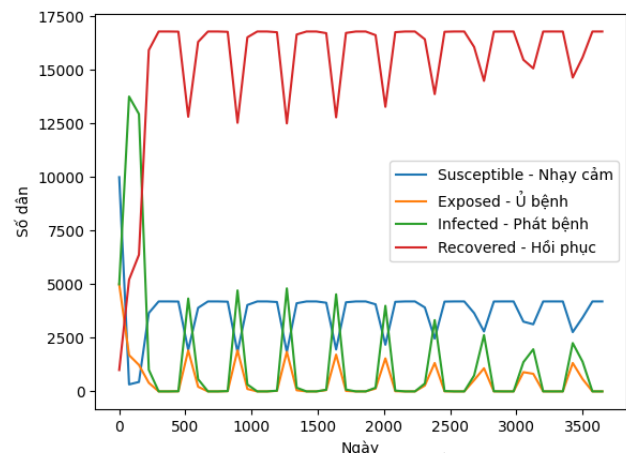


Hình 5: Mô phỏng mô hình SEIR với ảnh hưởng của thời tiết trong 1 năm đầu

Qua biểu đồ, ta đã thấy rõ tác động của các mùa đến với sự lây lan của dịch bệnh. Như dự đoán, dịch bệnh bùng mạnh mẽ với đỉnh điểm có hơn 19.000 ca mắc cùng lúc ($\geq 90\%$ dân số) vào ngày thứ 92 giữa mùa đông. Mức tăng đáng kể này có thể được giải thích rằng lúc này không những tốc độ lây nhiễm tăng gấp đôi mà người bệnh còn rất khó hồi phục. Nhưng khi vào mùa hè thì kết quả lại thay đổi rõ rệt, dịch bệnh nhanh chóng bị dập tắt và từ những ngày 250 đến hết năm thì không còn ca mắc mới. Tuy nhiên, đó chưa phải kết thúc của dịch, hãy xem mô phỏng những năm sắp tới:



Hình 6: 3 năm đầu



Hình 7: 10 năm đầu

Có thể thấy rõ, trong các năm tiếp theo, X trở thành một bệnh theo mùa, bùng phát vào thời điểm giữa mùa đông và sẽ được dập tắt khi thời tiết trở nên ấm hơn. Tuy nhiên, sự bùng phát sẽ không mạnh mẽ như năm đầu với khoảng 5000 ca mắc cùng lúc vào đỉnh điểm mỗi năm. Giải thích cho vấn đề lặp lại này chính là tính chất tuần hoàn của hàm số $M(t)$ với chu kỳ 365 ngày. Thêm vào đó, tuy dịch bệnh vào mùa hè đã được dập tắt hoàn toàn nhưng vẫn còn 1 số rất ít người vẫn mang bệnh, đó là nguy cơ cho đợt bùng phát vào mùa đông tiếp theo.

Trên đây, chúng ta đã hoàn thiện xây dựng mô hình với các yêu cầu của đề bài với các yêu cầu về thể hiện được sự thay đổi của các nhóm người S, E, I, R theo thời gian, thêm các khả năng tiêm vaccine, suy giảm miễn dịch và ảnh hưởng của mùa đến mô hình và mô phỏng các kết quả qua các biểu đồ trực quan. Qua các biểu đồ, ta đã phân tích được các giai đoạn của dịch, từ bùng phát, giữ ổn định, bị dập tắt và tái bùng phát vào thời điểm cụ thể trong năm,...

2.3 Mở rộng mô hình

Nhằm hoàn thiện và thực tế hóa mô hình, ta sẽ thêm một số các yêu cầu, khả năng mở rộng hơn. Trong thực tế, dịch bệnh tại một thành phố có thể bị tác động bởi rất nhiều yếu tố, chủ quan hay khách quan, con người hay tự nhiên, gây nên những đợt suy giảm hay bùng phát đột ngột của bệnh tật.

Để tránh sự phức tạp, sau đây, ta sẽ chỉ áp dụng mỗi điều kiện mở rộng đối với mô hình SEIR cơ bản.

2.3.1 Khả năng về sinh sản - tử vong tự nhiên

Trong thực tế, không dịch bệnh nào diễn ra trong một quần thể kín với số lượng cá thể không đổi như trong mô hình ta đang xây dựng. Do đó, ta sẽ đi vào xây dựng thêm các yếu tố về sinh mới và tử vong tự nhiên trong quần thể. Để ý rằng, khi trẻ mới sinh ra thì hiển nhiên chưa có miễn dịch với X, vì vậy sẽ thuộc nhóm S với tỷ lệ sinh tự nhiên là λ . Giả định khả năng tử vong tự nhiên (không do dịch bệnh) của mỗi nhóm là như nhau với tốc độ ϕ . Khi đó điều chỉnh các hệ phương trình vi phân như sau:

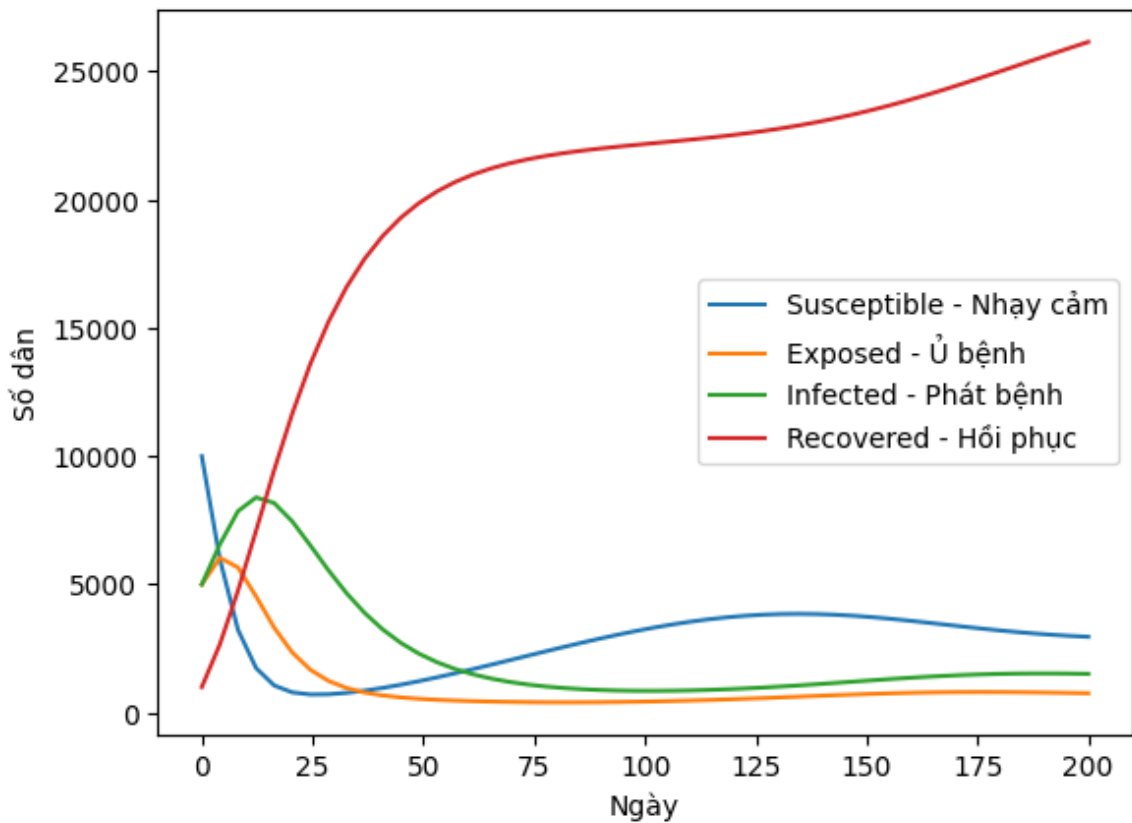
$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t)}{N} + \lambda N - \phi S(t) \quad (13)$$

$$\frac{dE(t)}{dt} = \frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t)}{N} - \sigma \cdot E(t) - \phi E(t) \quad (14)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \sigma \cdot E(t) - \gamma \cdot I(t) - \phi I(t) \quad (15)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) - \phi R(t) \quad (16)$$

Mô phỏng mô hình trên với tham số $\lambda = 0.01$ và $\phi = 0.005$ ta được:



Hình 8: Mô phỏng mô hình SEIR với sinh - tử tự nhiên

So với mô phỏng mô hình cơ bản, thì sự lây nhiễm của dịch bệnh không có gì thay đổi đáng kể, tuy nhiên ta có thể thấy rõ nhất ở dân số thành phố liên tục tăng, khiến số lượng người nhóm R sẽ vượt trội hơn các nhóm khác trở về sau, số dân nhóm S giữ ổn định vì luôn có dân số sinh ra chuyển vào nhóm này. Trong tương lai, khi dân số có miễn dịch chiếm đến mức nhất định nào đó (khoảng 80%) dân số thành phố thì thành phố sẽ đạt được miễn dịch cộng đồng.

2.3.2 Khả năng ảnh hưởng của dịch bệnh với từng lứa tuổi là khác nhau

Trong mô hình đã xây dựng, ảnh hưởng của dịch bệnh và tác động của vi sinh vật A tới mỗi người trong quần thể là như nhau, tuy nhiên điều này lại không xảy ra trong thực tế. Nhóm những người già, trẻ em thường dễ mắc bệnh và khó hồi phục hơn so với lứa tuổi trưởng thành. Vì vậy, ta suy nghĩ đến việc phân chia quần thể thành các nhóm tuổi và điều chỉnh các tham số phù hợp. Cụ thể như sau:

$$\frac{dS_i(t)}{dt} = \sum_j \frac{\beta_{ij} \cdot S_i(t) \cdot I_j(t)}{N_i} \quad (17)$$

$$\frac{dE_i(t)}{dt} = \sum_j \frac{\beta_{ij} \cdot S_i(t) \cdot I_j(t)}{N_i} - \sigma_i \cdot E_i(t) \quad (18)$$

$$\frac{dI_i(t)}{dt} = \sigma_i \cdot E_i(t) - \gamma_i \cdot I_i(t) \quad (19)$$

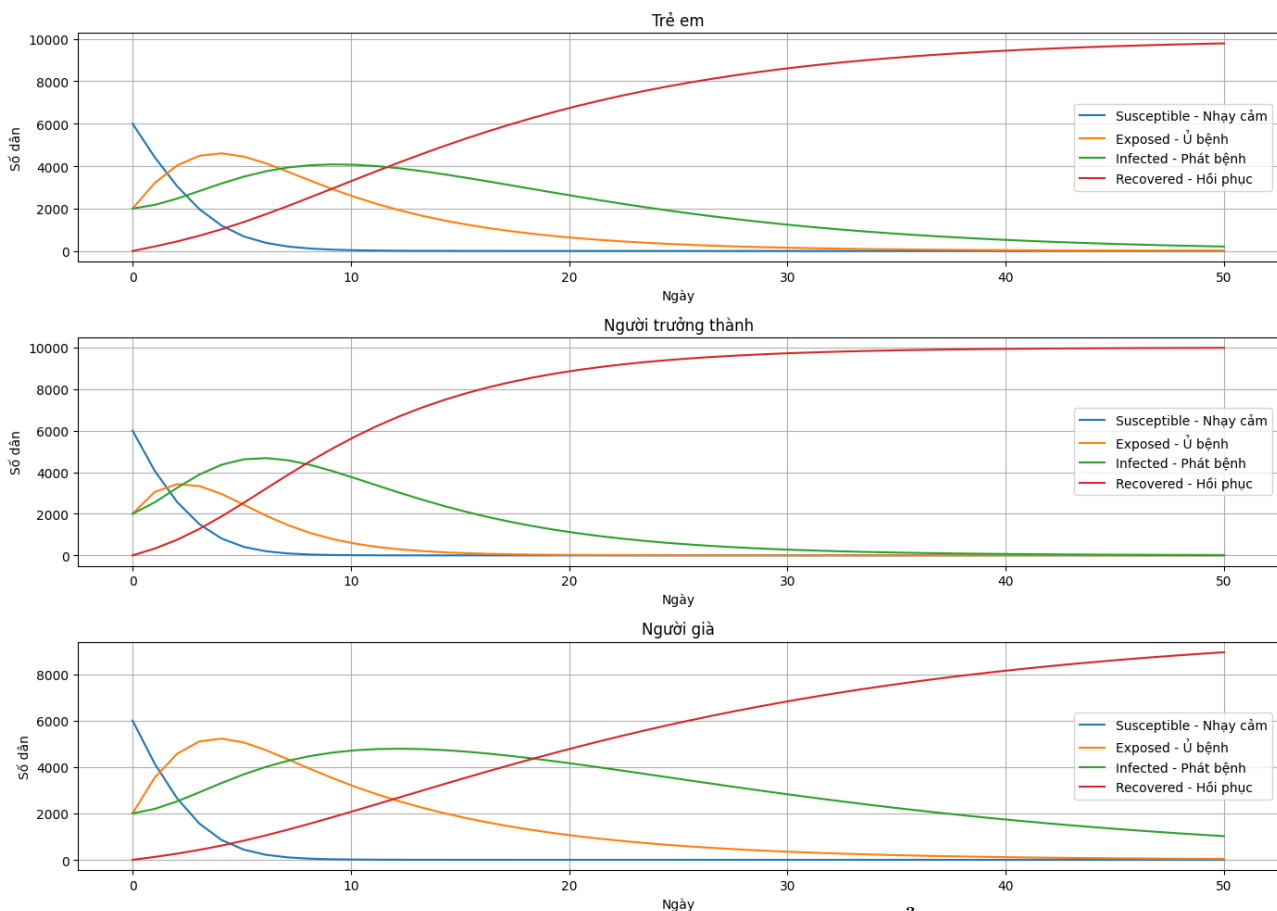
$$\frac{dR_i(t)}{dt} = \gamma_i \cdot I_i(t) \quad (20)$$

Ở đây, với giả sử, quần thể được chia làm n nhóm tuổi được đánh số từ 1 đến n , các đại lượng $N_i, S_i(t), E_i(t), I_i(t), R_i(t)$ lần lượt là số người ở nhóm tuổi thứ i và của mỗi nhóm S, E, I, R. Các tham số σ_i, γ_i là tỷ lệ về khả năng ủ bệnh, hồi phục của nhóm tuổi i và β_{ij} là xác suất lây nhiễm từ nhóm j nào đó đến nhóm i . Rõ hơn về tham số β_{ij} , cần có nó bởi các độ tuổi khác nhau có mức độ tiếp xúc khác nhau, ví dụ trẻ em có thể có mức độ tiếp xúc cao hơn với bạn bè, khiến ta cần phân biệt xác suất lây nhiễm với các nhóm tuổi với nhau. Ảnh hưởng tới khả năng lây nhiễm còn liên quan đến số lượng người nhóm tuổi j có thể lây nhiễm, tổng số lượng người và số lượng người nhạy cảm trong nhóm i , đó là lý do có các đại lượng này trong công thức.

Ví dụ, giả sử quần thể được chia làm 3 nhóm tuổi đánh số từ 1 đến 3 là: trẻ em, người trưởng thành và người già với các tham số như sau:

Nhóm tuổi	Chỉ số	σ_i	γ_i	β_{ij}
Trẻ em	1	$\sigma_1 = \frac{1}{7}$	$\gamma_1 = \frac{1}{10}$	$\beta_{11} = 0.4, \beta_{12} = 0.6, \beta_{13} = 0.4$
Người trưởng thành	2	$\sigma_2 = \frac{1}{3}$	$\gamma_2 = \frac{1}{7}$	$\beta_{22} = 0.5, \beta_{21} = 0.6, \beta_{23} = 0.7$
Người già	3	$\sigma_3 = \frac{1}{9}$	$\gamma_3 = \frac{1}{17}$	$\beta_{33} = 0.4, \beta_{32} = 0.7, \beta_{31} = 0.6$

Cho vào mô phỏng với số dân mỗi nhóm đều bằng 10.000 và số dân ủ bệnh, phát bệnh ban đầu là 2000 người mỗi nhóm, ta được kết quả như sau:



Hình 9: Tương quan giữa các độ tuổi

Để ý kỹ sẽ thấy sự khác biệt giữa các nhóm tuổi. Theo thứ tự từ người trưởng thành, trẻ em, người già thì dịch bệnh bùng phát lâu hơn, dai dẳng hơn. Cụ thể, trong

khi đến ngày 50 thì dịch đã không còn xuất hiện trong nhóm trẻ em và người trưởng thành thậm chí đã hết từ ngày 40 thì đến ngày 50, vẫn còn khoảng 1000 người già mắc bệnh. Do đó, mô hình đã thành công thể hiện rõ được tác động của dịch nặng nề hơn với nhóm cao tuổi và ít tuổi so với nhóm trưởng thành.

2.3.3 Khả năng bùng phát bệnh do tác nhân đột ngột

Trong thực tế, sự khó đoán, khó kiểm soát của dịch bệnh thường vì những tác nhân đột ngột, ví dụ như một lượng lớn cá thể nhiễm bệnh di nhập vào quần thể, quần thể tập trung dày đặc vào một thời điểm khiến xác suất lây nhiễm tăng đột ngột. Trong ví dụ sau, ta mô phỏng một đợt bùng phát đột ngột khi một lượng lớn du khách mang mầm bệnh di chuyển đến thành phố và lây lan trong vòng 5 ngày:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t)}{N} - 0.5 \cdot T \cdot S(t) \quad (21)$$

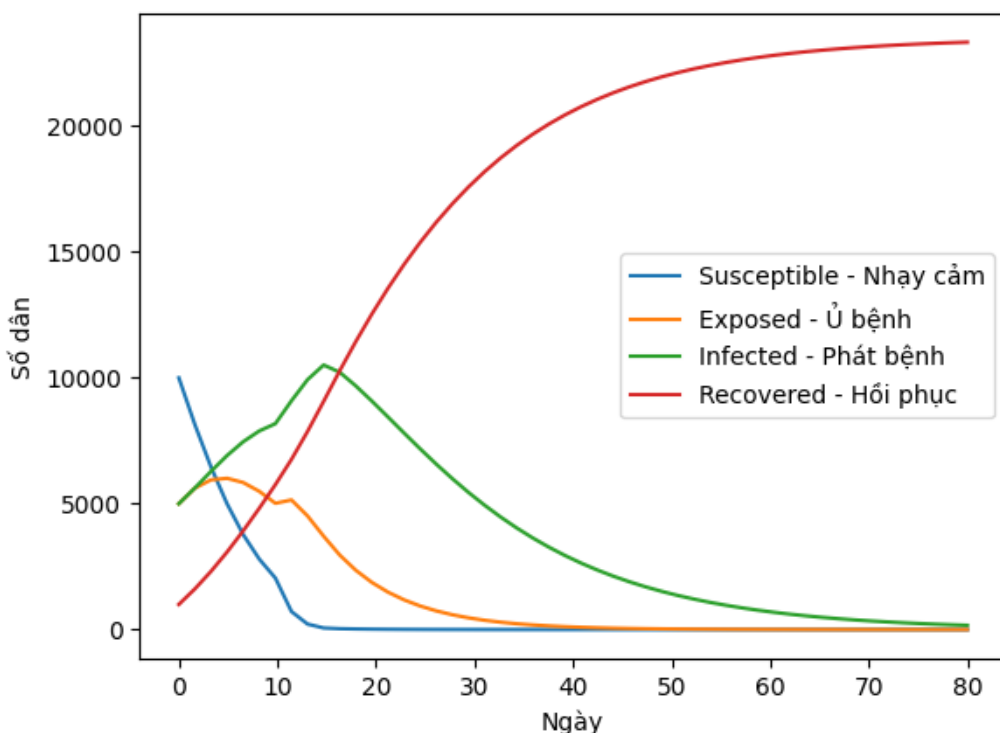
$$\frac{dE(t)}{dt} = \frac{\beta \cdot S(t) \cdot I(t)}{N} - \sigma \cdot E(t) + 0.5 \cdot T \cdot S \quad (22)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \sigma \cdot E(t) - \gamma \cdot I(t) + 500 \cdot T \quad (23)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) \quad (24)$$

$$\text{trong đó } T = \begin{cases} 0 & \text{nếu } t < 10 \text{ hoặc } t > 15, \\ 1 & \text{nếu } 10 \leq t \leq 15. \end{cases}$$

Ta thu được kết quả như sau :



Hình 10: Mô phỏng một đợt bùng phát dịch đột ngột

Trong phương trình, tham số T chỉ được kích hoạt (có giá trị là 1) trong những ngày 10-15, và ta đã thấy rõ kết quả của đợt bùng phát mạnh với tác nhân đột ngột.

Trên đây, ta đã đi mở rộng với một số điều kiện, yêu cầu thực tế khác, nhằm hoàn thiện hơn và mang mô hình gần lại với thực tế.

3 Kết quả

Qua các nghiên cứu, tìm hiểu, chúng ta đã hoàn thành xây dựng một mô hình Toán học thể hiện rõ được sự lây lan và hoạt động của dịch bệnh X và vi sinh vật A , đồng thời minh họa được các mô phỏng với các biểu đồ trực quan về các nhóm S , E , I , R trong quần thể.

Mô hình và các mô phỏng đã hoàn toàn đáp ứng được các yêu cầu, điều kiện của đề bài về khả năng tiêm phòng vaccine, sự suy giảm miễn dịch và ảnh hưởng của thời tiết, các mùa trong năm đối với sự hoạt động của dịch bệnh.

Ngoài ra, trong các mô phỏng, ta đã phân tích, mô tả được sự lây lan của dịch bệnh với nhiều viễn cảnh xảy ra như dịch bệnh bùng phát mạnh mẽ, lan rộng trong quần thể; dịch bệnh được kiểm soát và giữ ổn định; dịch bệnh bị dập tắt hay dịch bệnh xảy ra, bùng nổ vào các mùa thời tiết nhất định mỗi năm,...

Hơn nữa, ta đã mở rộng mô hình thêm với những yêu cầu, điều kiện thực tế hơn như việc xảy ra các đợt bùng phát do các tác nhân đột ngột, xây dựng sự ảnh hưởng của dịch bệnh với các nhóm tuổi khác nhau cũng như thêm khả năng sinh sản - tử vong tự nhiên trong quần thể.

4 Kết luận

4.1 Ưu điểm của mô hình

Mô hình ta xây dựng với sự có mặt của hai yếu tố ủ bệnh và phát bệnh, đã thể hiện được đặc trưng quan trọng của hầu hết các dịch bệnh có khả năng lây lan. Vì vậy, mô hình này có thể được áp dụng với nhiều loại bệnh có cùng đặc trưng này như bệnh cúm, lao hay điển hình nhất là virus Corona.

Ngoài ra, mô hình còn cho ta sự linh hoạt trong việc sửa đổi, thêm bớt các yếu tố, đại lượng sao cho phù hợp với loại dịch bệnh đang nghiên cứu. Bên cạnh đó, các hàm số chạy theo biến thời gian cho ta một cái nhìn trực quan về diễn biến dịch bệnh qua các thời điểm khác nhau.

4.2 Nhược điểm của mô hình

Đi kèm với tính trực quan và đơn giản của mô hình, các hệ phương trình được trình bày đã đồng nhất hóa tất cả các cá nhân trong môi trường đang xem xét. Điều này dẫn đến việc mô hình không thể hiện được sự tác động của các yếu tố ngẫu nhiên và giảm đi tính thực tế của các dự đoán.

Bên cạnh đó, các hệ số trong mô hình đều là bất biến, trong khi trên thực tế, các

yếu tố được xem xét đều có sự biến đổi nhất định theo thời gian như độ mạnh hay yếu, tốc độ lây lan, hồi phục nhanh hay chậm của dịch bệnh. Với những dịch bệnh có diễn biến phức tạp và khó dự tính trước theo một tốc độ ổn định, việc áp dụng mô hình vào dự đoán sẽ không đạt được mức độ hiệu quả cần có.

4.3 Hướng phát triển mô hình

Ta có thể thêm vào mô hình các đại lượng, trạng thái bổ sung như trạng thái cách ly (Q - Quarantine) hay nhiễm bệnh nhưng không triệu chứng (A - Asymptomatic), hoặc điều chỉnh các hệ số cho chúng có thể thay đổi theo thời gian, giúp mô hình phù hợp hơn với thực tế.

Ngoài ra, ta còn có thể bổ sung các yếu tố xã hội như các chính sách và quy định cách ly của chính quyền, hoặc các biện pháp y tế cộng đồng. Hơn nữa, việc áp dụng Học Máy có thể giúp ta tìm được những tham số phù hợp nhất với thực tế bằng các công cụ hiệu chỉnh và tối ưu hóa.

Bên cạnh đó, mô hình hiện tại chỉ đang xét trong một hệ kín, hay tổng các đại lượng đã cho là không đổi. Ta có thể hướng đến xây dựng một mô hình SEIR động, khi mà các yếu tố động như sự di chuyển dân cư, thay đổi về mật độ dân cư và sự ảnh hưởng về mặt địa lý được thêm vào.

Lời cảm ơn

Trước tiên chúng tôi xin được cảm ơn ban tổ chức, ban giám khảo và quý bạn đọc đã dành thời gian để đọc bản báo cáo của nhóm chúng tôi. Bản báo cáo này là thành quả của một quá trình phân tích, tìm hiểu cũng như tham khảo các nguồn tài liệu, các kiến thức về toán học, lập trình cùng các vấn đề liên quan. Sau đó được nghiên cứu và sử dụng các kiến thức, công cụ đã nghiên cứu để xây dựng một mô hình toán học hiệu quả cho đề bài.

Xin cảm ơn ban tổ chức của cuộc thi vì đã tạo ra một sân chơi bổ ích cho chúng tôi được trải nghiệm, giao lưu và phát triển những kỹ năng quan trọng. Để diễn tả được hết các nghiên cứu, quy trình xây dựng, bài thi đã trình bày vượt quá số trang yêu cầu, cũng như có thể còn một số sai sót và hạn chế, mong ban giám khảo và quý bạn đọc có thể thông cảm.

Xin chân thành cảm ơn!

PHỤ LỤC 1: Danh sách các ký hiệu sử dụng trong bài

Ký hiệu	Ý nghĩa
t	biến số chỉ thời gian (ngày)
N	Số lượng cá thể người trong quần thể thành phố
$S(t)$	Số lượng cá nhân chưa nhiễm bệnh (Susceptible)
$E(t)$	Số lượng cá nhân đang trong giai đoạn ủ bệnh (Exposed)
$I(t)$	Số lượng cá nhân đã nhiễm bệnh và có khả năng lây lan (Infectious)
$R(t)$	Số lượng cá nhân đã phục hồi hoặc tử vong (Recovered hay Removed)
β	Xác suất lây nhiễm giữa các cá nhân
σ	Tỷ lệ chuyển từ giai đoạn ủ bệnh sang giai đoạn nhiễm bệnh
γ	Tỷ lệ khỏi bệnh hoặc tử vong
μ	Tỷ lệ tiêm vaccine
α	Tỷ lệ suy giảm miễn dịch
λ	Tỷ lệ sinh sản tự nhiên
ϕ	Tỷ lệ tử vong tự nhiên
$M(t)$	Hàm tuần hoàn trong 1 năm, thể hiện mức độ hoạt động theo mùa
$u(t)$	Tốc độ tiêm vaccine trong quần thể
T	Hàm kích hoạt một đợt bùng phát đột ngột
$\frac{dy}{dx}$	Hàm vi phân hàm số y theo biến số x

Bảng các ký hiệu sử dụng

PHỤ LỤC 2: Danh sách bảng biểu sử dụng trong bài

1	Mô phỏng mô hình SEIR cơ bản	5
2	Mô hình SEIR với khả năng tiêm vaccine	6
3	Mô hình SEIR-V thêm khả năng suy giảm miễn dịch	8
4	Mô hình SEIR-V suy giảm miễn dịch ở 400 ngày tiếp theo	8
5	Mô phỏng mô hình SEIR với ảnh hưởng của thời tiết trong 1 năm đầu	10
6	3 năm đầu	10
7	10 năm đầu	10
8	Mô phỏng mô hình SEIR với sinh - tử tự nhiên	12
9	Tương quan giữa các độ tuổi	13
10	Mô phỏng một đợt bùng phát dịch đột ngột	14

Tài liệu tham khảo

- [1] IDM. Model SEIR. Institute for Disease Modeling. Retrieved August 18, 2024, from docs.idmod.org
- [2] Omar, M. (2020). The SEIRV model is represented schematically. ResearchGate. Retrieved August 18, 2024, from www.researchgate.net
- [3] Le Thi Huong Giang. (4/2022). Áp dụng mô hình Toán học SIR để dự đoán và đánh giá quá trình truyền nhiễm bệnh COVID-19 tại Hà Nội. Tạp chí Khoa học và Công Nghệ, tập 58, số 2, tháng 4/2022. from vjol.info.vn
- [4] Miao, C., & Wang, X. (2017). Modeling the impact of community-based interventions on the dynamics of HIV/AIDS epidemic in sub-Saharan Africa. Mathematical and Computer Modelling, 57(7), 1701-1714.