

ЛИТЕРАТУРА

1. *Bishop, C.M. Neural Networks for Pattern Recognition*/C.M. Bishop – Oxford University Press, 1995. 485 p.
2. *Mc Culloch W.C. H. A Logical Calculus of Ideas Immanent in Nervous Activity.* / W. C. Mc Culloch, W. H. Pitts. // Bulletin of Mathematical Biophysics. – 1943. – Vol. 5. – p. 115–119.

РАЗРАБОТКА МОДИФИЦИРОВАННОЙ МОДЕЛИ SEIR ДЛЯ МОДЕЛИРОВАНИЯ ДИНАМИКИ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ЭПИДЕМИЙ ИНФЕКЦИОННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ

DEVELOPMENT OF A MODIFIED SEIR MODEL FOR MODELING THE DYNAMICS OF THE SPREAD OF EPIDEMICS OF INFECTIOUS DISEASES

И. В. Лефанова^{1,2}, Т. В. Смирнова^{1,2}

I. V. Lefanova^{1,2}, T. V. Smirnova^{1,2}

¹Белорусский государственный университет, БГУ, г. Минск, Республика Беларусь

²Учреждение образования «Международный государственный экологический институт имени А. Д. Сахарова» Белорусского государственного университета, МГЭИ им. А. Д. Сахарова БГУ, г. Минск, Республика Беларусь
irina.lefanova@mail.ru

¹Belarusian State University, BSU, Minsk, the Republic of Belarus

²International Sakharov Environmental Institute of Belarusian State University, ISEI BSU, Minsk, the Republic of Belarus

В статье описывается разработка модифицированной модели SEIR для математического и компьютерного моделирования динамики распространения эпидемий инфекционных заболеваний. Передаточные коэффициенты модели рассчитываются на основе клинических данных из открытых источников.

The article describes the development of a modified SEIR model for mathematical and computer modeling of the dynamics of the spread of epidemics of infectious diseases. The transfer coefficients of the model are calculated based on clinical data from open sources.

Ключевые слова: компартментные модели, модель SEIR, эпидемиология, эпидемия, математическое моделирование, компьютерное моделирование

Keywords: compartment models, SEIR model, epidemiology, epidemic, mathematical modeling, computer modeling.

<https://doi.org/10.46646/SAKH-2023-2-294-297>

Компартментные модели основаны на законе сохранения масс и особенностях передачи инфекции. Математическое моделирование в эпидемиологии фактически началось с работы D. Bernoulli в 1760 году, обосновывающей эффективность проведения вакцинации населения против ветряной оспы. Впоследствии появилась математическая модель, основанная на законе баланса масс, которые в итоге дали основу для создания компартментной SIR-модели W.O. Kermack и A.G. McKendrick.

В рамках математического моделирования было построена следующая схема распространения эпидемии:

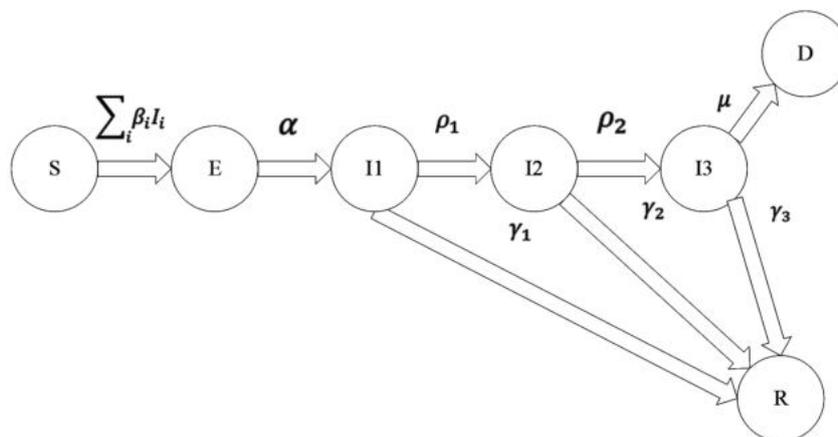


Рисунок 1 – Диаграмма передачи для модифицированной модели SEIR

Построена система дифференциальных уравнений

$$\begin{aligned}\dot{S} &= -(\beta_1 I_1 - \beta_2 I_2 - \beta_3 I_3)S \\ \dot{E} &= (\beta_1 I_1 + \beta_2 I_2 + \beta_3 I_3)S - \alpha E \\ \dot{I}_1 &= \alpha E - (\gamma_1 + \rho_1)I_1 \\ \dot{I}_2 &= \rho_1 I_1 - (\gamma_2 + \rho_2)I_2 \\ \dot{I}_3 &= \rho_2 I_2 - (\gamma_3 + \mu)I_3 \\ \dot{R} &= \gamma_1 I_1 + \gamma_2 I_2 + \gamma_3 I_3 \\ \dot{D} &= \mu I_3 \\ N &= S + E + I_1 + I_2 + I_3 + R + D\end{aligned}$$

В данной модели

S – восприимчивая часть популяции

E – инфицированные в латентном периоде (бессимптомные и незаразные)

I₁ – зараженные по классам тяжести

I₁ – легкие (слабая симптоматика, госпитализация не требуется)

I₂ – средней тяжести (ярко выраженная симптоматика, рекомендуется госпитализация)

I₃ – тяжелая (ярко выраженная симптоматика, дыхательная недостаточность, полиорганная дисфункция, требуется госпитализация в отделение интенсивной терапии и искусственная вентиляция легких)

R – выздоровевшие люди с временным иммунитетом

D – умершие

β₁ – скорость, с которой инфицированные люди из класса I₁ могут контактировать с восприимчивыми и заражать их

α – скорость перехода заболевания из латентного периода в инфекционный

γ₁ – скорость, с которой индивиды из компартмент I₁ вылечиваются и переходят в состояние невосприимчивых

ρ₁ – скорость, с которой индивиды из компартменты I₁ переходят в компартменту I₁₊₁

μ – смертность для индивидов из компартменты I₃

Общая численность популяции является постоянной

$$N = S + E + I_1 + I_2 + I_3 + R + D$$

Параметры определяются на основании усредненных клинических наблюдений из открытых источников:

IP=5 #Инкубационный период, дни (IP)

LI=10 #Средняя продолжительность легких инфекций, дни (LI)

FLI=0.8 #Доля легких инфекций (FLI)

FHI=0.15 #Доля инфекций средней тяжести (FHI)

FCI=0.05 #Доля тяжелых (критических) инфекций (FCI)

FR=0.02 #Коэффициент летальности, доля инфекций, приведших к смерти (FR)

TD=7 #Время от поступления в отделение интенсивной терапии до смерти или выздоровления (TD)

DH=11 #Продолжительность пребывания в стационаре, дни (DH)

Передаточные коэффициенты рассчитываются по формулам

$$\alpha = 1/IP$$

$$\gamma_1 = (1/LI) * FLI$$

$$\rho_1 = (1/LI) - \gamma_1$$

$$\rho_2 = (1/TD) * (FCI / (FHI + FCI))$$

$$\gamma_2 = (1/TD) - \rho_2$$

$$\mu = (1/DH) * (FR / FCI)$$

$$\gamma_3 = (1/DH) - \mu$$

Предположительно индекс репродукции можно представить как сумму следующих компонентов:

- среднее количество вторичных инфекций, полученных от человека на стадии I₁
- вероятность того, что инфицированный человек прогрессирует до I₂, умноженная на среднее количество вторичных инфекций, полученных от человека на стадии I₂
- вероятность того, что инфицированный человек прогрессирует до I₃, умноженная на среднее количество вторичных инфекций, полученных от человека на стадии I₃

$$\begin{aligned}R_0 &= N \frac{\beta_1}{\rho_1 + \gamma_1} + \frac{\rho_1}{\rho_1 + \gamma_1} \left(\frac{N\beta_2}{\rho_2 + \gamma_2} + \frac{\rho_2}{\rho_2 + \gamma_2 \mu + \gamma_3} \frac{N\beta_3}{\mu + \gamma_3} \right) \\ &= N \frac{1}{\rho_1 + \gamma_1} \left(\beta_1 + \frac{\rho_1}{\rho_2 + \gamma_2} \left(\beta_2 + \beta_3 \frac{\rho_2}{\mu + \gamma_3} \right) \right)\end{aligned}$$

Разработка компьютерных моделей распространения эпидемий выполнялась в IDE Spyder на языке программирования Python 3.9

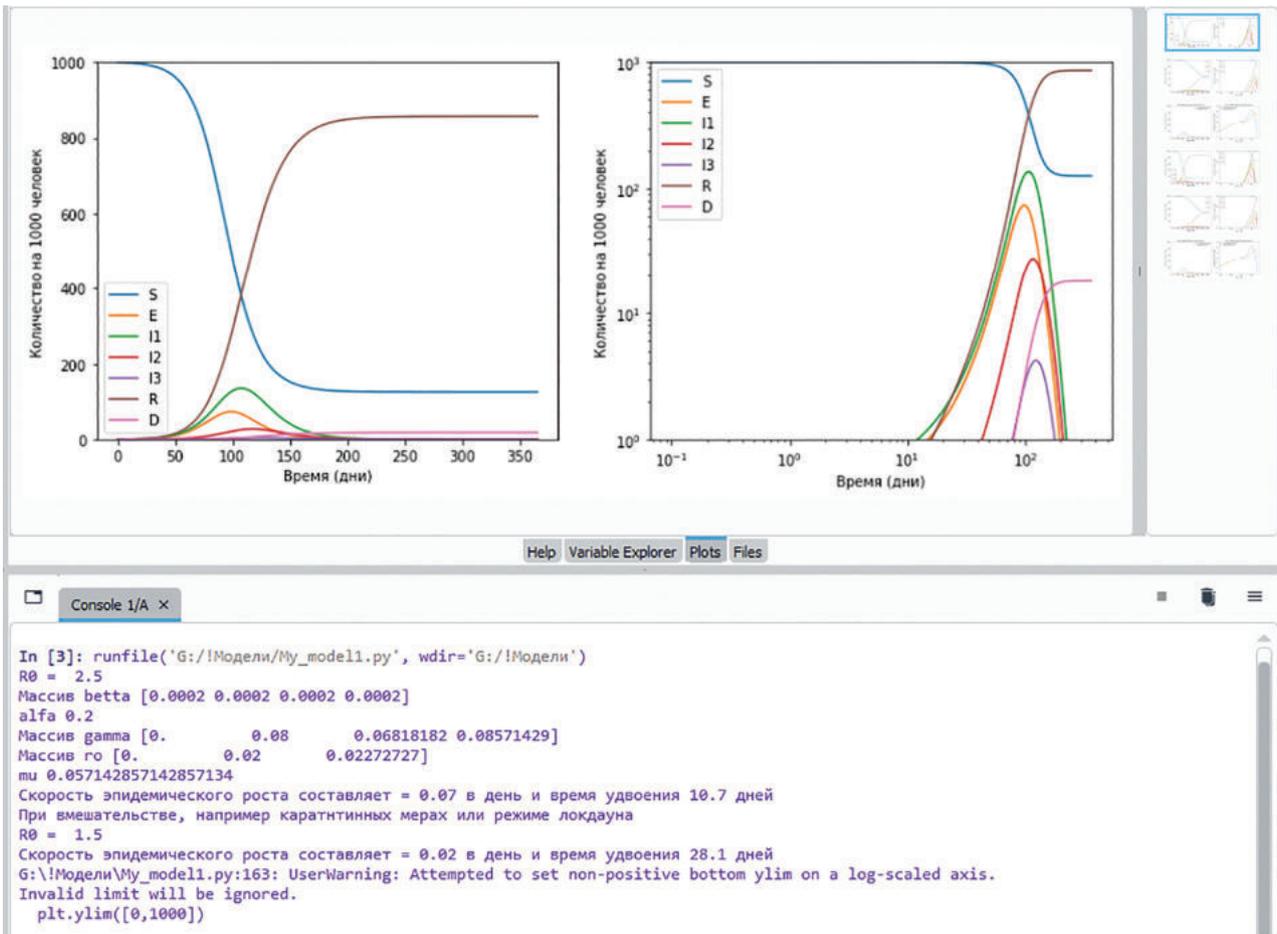


Рисунок 2 – Результат работы приложения

В результате работы приложения получены следующие данные

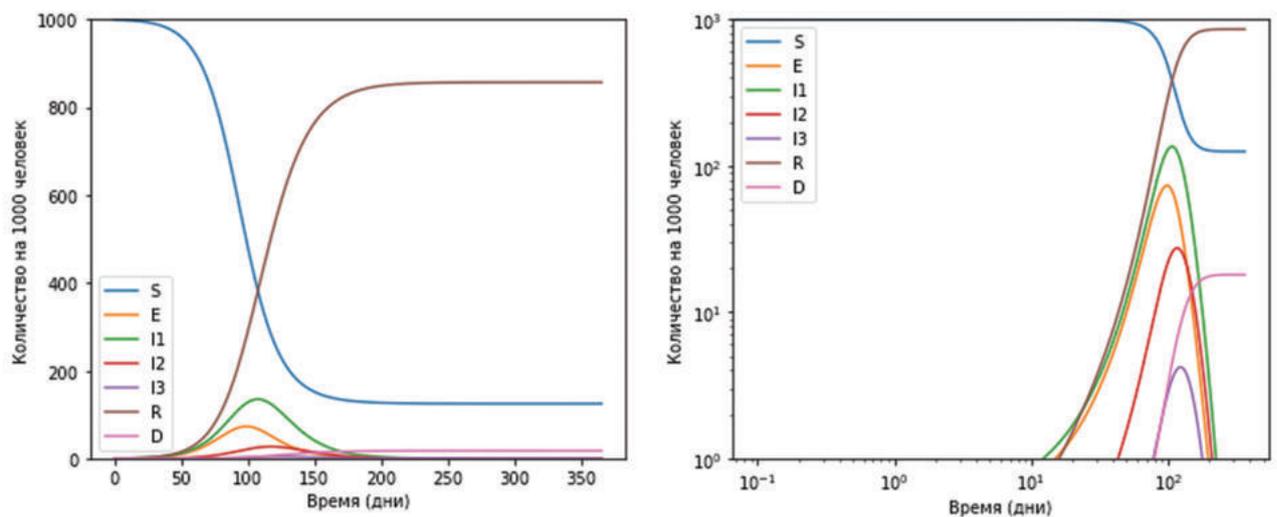


Рисунок 3 – Динамика компартмент

Результаты расчетов

```
R0 = 2.5
Массив beta [0.0002 0.0002 0.0002 0.0002]
alfa 0.2
Массив gamma [0.    0.08    0.06818182 0.08571429]
Массив ro [0.    0.02    0.02272727]
```

ми 0.057142857142857134

Скорость эпидемического роста составляет $= 0.07$ в день и время удвоения 10.7 дней

При вмешательстве, например, карантинных мерах или режиме локдауна

$R_0 = 1.5$

Скорость эпидемического роста составляет $= 0.02$ в день и время удвоения 28.1 дней

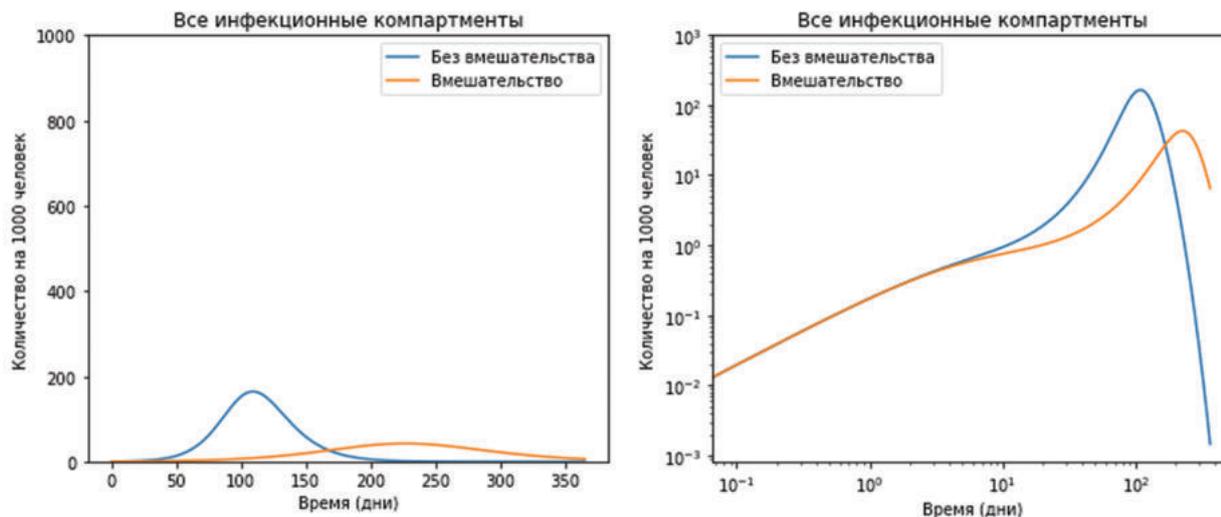


Рисунок 4 – Сравнение динамики компартмент без вмешательства в ход распространения эпидемии и при вмешательстве

Согласно таким расчетам $R_0 = 2.5$, что не противоречит заявленным данным. Индекс репродукции, по данным Китайского центра по контролю и профилактике заболеваний, оценивается между 2 и 3, что по определению индекса соответствует количеству людей, которые заражаются от одного инфицированного, одно из исследований оценило среднее значение по состоянию на 22 января 2020 года в 2,2.

Построенная компьютерная модель динамики распространения эпидемии SARS-CoV-2 является модифицированной моделью SEIR, передаточные коэффициенты которой определены на основании усредненных клинических наблюдений из открытых источников (подбор и расчет параметров производился на основании данных о количестве пациентов с инфекциями разной степени тяжести непосредственно в отделениях больниц и данных о сроках нахождения пациентов каждой компартменты I_n в отделениях за определенный промежуток времени, что предполагает заражение всех пациентов одним и тем же штаммом вируса SARS-CoV-2).

Важно отметить, что построить единую внутренне непротиворечивую модель распространения эпидемии SARS-CoV-2 сложно за счет постоянной мутации вируса и возникновения новых штаммов с другими качественными и количественными характеристиками. Также не смотря на единое семейство, данные по завершенным вспышкам эпидемий SARS-CoV (бетакоронавирус В) за 2002 г. и MERS-CoV (бетакоронавирус С) за 2015г. не могут в полной мере быть эталонными для обучения любого типа модели SARS-CoV-2.

ЛИТЕРАТУРА

1. Peng R., Dominici F. Statistical Methods for Environmental Epidemiology with R: A Case Study in Air Pollution and Health /R. Peng, F. Dominici– Springer-Verlag New York, 2008. – 151 p.
2. Kestenbaum B. Epidemiology and Biostatistics: An Introduction to Clinical Research /B. Kestenbaum – Springer Nature Switzerland, 2019. – 282 p.
3. Azar A., Hassanien A. Modeling, Control and Drug Development for COVID-19 Outbreak Prevention / A. Azar, A. Hassanien– New York: Springer, 2022. – 1122 p.