

DOI 10.54596/2309-6977-2022-1-18-22

УДК 517.6

МРНТИ 27.41.19

**ПРИМЕНЕНИЕ SIRS И SEIR-HCD МОДЕЛЕЙ В МОДЕЛИРОВАНИИ
ЭПИДЕМИЙ****Жумартова Б.О., Ысмагул Р.С.***КРУ имени А. Байтұрсынова, Костанай, Казахстан***Аннотация**

В данной статье рассмотрено математическое моделирование, на примере компартментных моделей, которые были предложены в 1920-х годах Кермком и МакКендриком. В частности, в качестве примера приведена модели SIRS и SEIR-HCD, которые являются базовыми для других более сложных моделей. Особенности этих моделей в том, что они строятся на системе дифференциальных уравнений. В статье перечислены, как преимущества данных моделей, так и недостатки. По итогу нами была представлена система уравнений.

Ключевые слова: SIRS и SEIR-HCD модели, моделирование, эпидемия.

**ЭПИДЕМИЯНЫ МОДЕЛЬДЕУДЕ SIRS ЖӘНЕ SEIR-HCD МОДЕЛЬДЕРІН
ҚОЛДАНУ****Жумартова Б.О., Ысмағұл Р.С.***А. Байтұрсынов атындағы ҚӨУ, Костанай, Қазақстан***Аннотация**

Бұл мақалада 1920 жылдары Кермак пен Маккендрик ұсынған бірлескен модельдер мысалында математикалық модельдеу қарастырылған. Мысал ретінде SIRS және SEIR-HCD модельдері келтірілген, олар басқа күрделі модельдер үшін негіз болып табылады. Бұл модельдердің ерекшеліктері-олар дифференциалдық теңдеулер жүйесіне негізделген. Мақалада осы модельдердің артықшылықтары да, кемшіліктері де келтірілген. Нәтижесінде біз теңдеулер жүйесін ұсындық.

Түйінді сөздер: SIRS және SEIR-HCD модельдері, модельдеу, эпидемия.

APPLICATION OF SIRS AND SEIR-HCD MODELS IN EPIDEMIC MODELING**Zhumartova B.O., Ysmagul R.S.***KRU named after A. Baitursynov, Kostanai, Kazakhstan***Annotation**

In this article, mathematical modeling is considered, using the example of compartment models that were proposed in the 1920s by Kermak and McKendrick. In particular, the SIRS and SEIR-HCD models, which are basic for other more complex models, are given as an example. The features of these models are that they are based on a system of differential equations. The article lists both the advantages of these models and the disadvantages. As a result, we presented a system of equations.

Keywords: SIRS and SEIR-HCD models, modeling, epidemic.

Введение

SIRS модель является «производной» от модели SIR. Она одна из самых простых компартментных моделей, в которых с помощью систем дифференциальных уравнений описывается динамика групп населения, опираясь на предположение о случайном и равномерном распределении особей в популяции. Модель состоит из

четырёх «ячеек». S: количество лиц, восприимчивые к инфекции, то есть, те люди, которые не имеют иммунитета к данному вирусу и потенциально могут заразиться. I: число инфицированных в некоторый момент времени. Это инфицированные люди, способные заразить восприимчивых людей. R: количество людей, которые переболели, имеют иммунитет. Но спустя время иммунитет утрачивается, индивид снова оказывается в «ячейке» S. На рисунке 1 представлена наглядная схематическая связь модели SIRS.

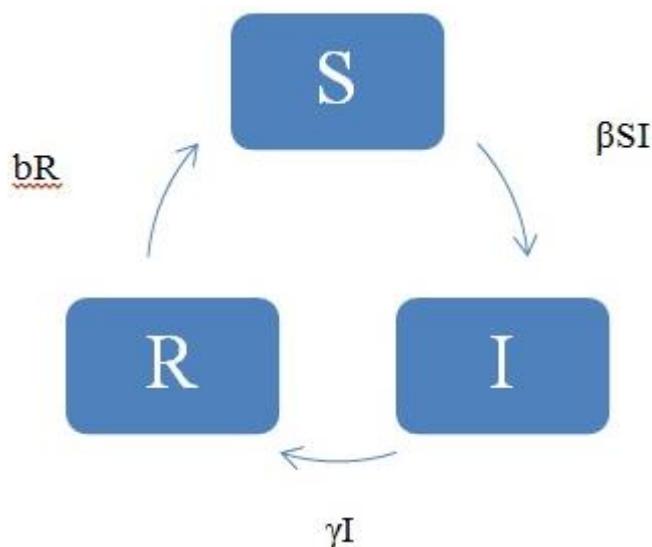


Рисунок 1 Общая схема модели SIRS

Такой моделью можно пользоваться для расчета таких показателей, как распространение болезни, общее число инфицированных или продолжительность эпидемии, а также оценить различные эпидемиологические параметры, такие как репродуктивное число. Такие модели могут показать, как различные меры общественного здравоохранения могут повлиять на исход эпидемии, к примеру, какой метод является наиболее эффективным для выпуска ограниченного количества вакцин для данной группы населения или то, как влияют меры предосторожности на скорость распространения инфекции. Эта модель достаточно предсказуема для инфекционных заболеваний, которые передаются от человека к человеку, таких как корь, эпидемический паротит и краснуха. Но минус этой в том, что популяция рассматривается как постоянное число, без учета смертности, рождаемости, и заражение считается случайной и одинаковой величиной для всех особей. Хотя в реальной жизни дела обстоят по-другому, некоторые люди имеют большую вероятность заразиться в зависимости от профессии, возраста или других факторов.

Итак, мы имеем три изменяющиеся во времени величины: $S(t)$, $I(t)$, $R(t)$. Для любого момента времени сумма этих трех значений равно общей численности популяции: $S(t) + I(t) + R(t) = N$.

Описанную выше модель можно представить в виде системы дифференциальных уравнений:

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta * S(t) * I(t) + bR(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta * S(t) * I(t) - \gamma * I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma * I(t) - bR(t) \\ S(t) + I(t) + R(t) = N = const \end{cases}$$

где β – характеризует вероятность передачи болезни при контакте агентов, γ – частота выздоровления, b – характеризует скорость потери иммунитета.

Еще одним не маловажным параметром модели является базовое репродуктивное число, которое считается пороговым показателем распространения инфекции $R_0 = \frac{\beta N}{\gamma}$. Критерием, необходимым для начала эпидемии, является условие

$$R_0 > 1$$

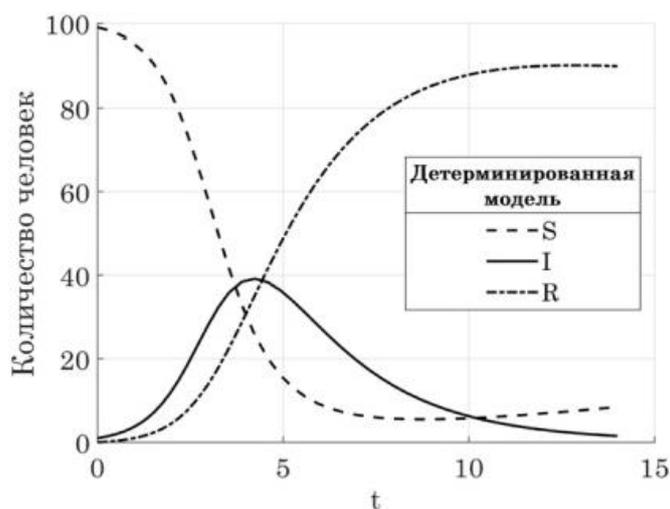


Рисунок 2 Эпидемия, описанная SIRS моделью

На рисунке 2 представлен процесс протекания эпидемии для популяции из $N = 100$ человек на протяжении 14 дней с параметрами: $\beta = 0,01853$, $\gamma = 0,485$, $b = 0,012$ и начальными условиями: $I(0) = 1$, $S(0) = N - I(0)$ [1]. Мы получили задачу Коши. Таким образом, мы при помощи математической модели упрощенно рассмотрели распространение эпидемии.

Результаты исследования

Следующая модель, которую мы рассмотрим – это SEIR-HCD- модель, в которой группа людей делится на семь «ячеек». Расшифруем ее, S – восприимчивые, E – контактировавшие с инфекцией, I – инфицированные, R – выздоровевшие, H – госпитализированные, C – критические (подключенные к аппарату вентиляции легких), D – умершие. Выбор модели SEIR-HCD неслучайный, потому что с помощью данной модели проще смоделировать распространение коронавируса, у которого длительный инкубационным периодом (5-14 дней), когда носители не проявляют симптомов заболевания, но являются инфицированными. Математическая модель SEIR-HCD

распространения COVID-19 основана на системе из 7 нелинейных обыкновенных дифференциальных уравнений на отрезке $t \in [t_0, T]$ [2. 2].

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\frac{5 - a(t - \tau)}{5} \left(\frac{\alpha_I S(t) I(t)}{N(t)} + \frac{\alpha_E S(t) E(t)}{N(t)} \right) + \xi R(t) \\ \frac{dE}{dt} = \frac{5 - a(t - \tau)}{5} \left(\frac{\alpha_I S(t) I(t)}{N(t)} + \frac{\alpha_E S(t) E(t)}{N(t)} \right) - (k + \rho) E(t) \\ \frac{dI}{dt} = k E(t) - (\xi - \nu) I(t) \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I(t) + \rho E(t) - \xi R(t) + \varepsilon_{HR} H(t) \\ \frac{dH}{dt} = \nu I(t) + \varepsilon_{CH} C(t) - (\varepsilon_{HC} + \varepsilon_{HR}) H(t) \\ \frac{dC}{dt} = \varepsilon_{HC} H(t) - (\varepsilon_{CH} + \mu) C(t) \\ \frac{dD}{dt} = \mu C(t) \end{array} \right.$$

с начальными условиями:

$$S(t_0) = S_0, E(t_0) = E_0, I(t_0) = I_0, R(t_0) = R_0, H(t_0) = H_0, C(t_0) = C_0, D(t_0) = D_0. \quad N = S + E + I + R + H + C + D.$$

Цифра 5 указывает на то, что при COVID-19 минимальный инкубационный период равен 5 дням; при $a(t)$ - индекс самоизоляции; τ - латентный период (характеризует запаздывание выделения вирионов или заразности); α_I - параметр заражения между инфицированным и восприимчивым населением, который связан с контагиозностью вируса и социальными факторами; α_E - параметр заражения между бессимптомной и восприимчивой группами населения ($\alpha_E \gg \alpha_I$); k - частота появления симптомов в открытых случаях, что приводит к переходу от бессимптомной к инфицированной популяции; ρ - скорость восстановления выявленных случаев (случаи, которые выявлены, но выздоравливают без каких-либо симптомов); γ - скорость выздоровления зараженных случаев; ξ - скорость повторного заражения; ν - доля госпитализированных случаев с тяжелым протеканием заболевания; ε_{HR} - вероятность выздоровления индивидуумов, находящихся в тяжелом состоянии; ε_{CH} - доля госпитализированных случаев, находящихся в критическом состоянии и требующих подключения аппарата ИВЛ; ε_{HC} - вероятность отключения аппарата ИВЛ у пациента; μ - смертность в результате COVID-19; E_0 - начальное количество бессимптомных инфицированных [3.6].

На рисунке 3 представлена наглядная схематическая связь модели SEIR-HCD .



Рисунок 3 Общая схема модели SEIR-HCD

Заключение

Рассмотренные нами модели служат отправной точкой для разработки более сложных моделей, включающих такие характеристики, как демографические группы с различными рисками для здоровья, влияние мер общественного здравоохранения, естественные показатели рождаемости и смертности и влияние стохастичности (случайности).

В мире появляются новые возбудители болезней, которые могут привести к эпидемии, есть также множество инфекционных заболеваний, которые человечеству еще предстоит победить, но и наука не стоит на месте, развивается, появляются новые методы выявления и борьбы с инфекционными заболеваниями, здесь велика роль математики и математического моделирования. Данная тема является очень обширной и актуальной, особенно в контексте нашего времени, когда вот уже два года мир, человечество страдает от коронавирусной инфекции.

Литература:

1. Зув В.С., Шишмакова Н.С., Петрова И.С. Стохастическая и детерминированная модели распространения эпидемий типа SIRS. http://dnevniknauki.ru/images/publications/2020/1/physics/Zuev_Shishmakova_Petrova.pdf. 2020г.
2. Винницкий, Э., Уайт Р. Введение в моделирование инфекционных заболеваний: учебное пособие. – Оксфорд: Изд-во Оксфордского университета, 2010г. – 369 с.
3. Леоненко В.Н. МАТЕМАТИЧЕСКАЯ ЭПИДЕМИОЛОГИЯ. Учебно–методическое пособие по выполнению лабораторных работ. Университет ИТМО. Санкт–Петербург, 2018г. – С.39

Literatura:

1. Zuev V.S., Shishmakova N.S., Petrova I.S. Stokhasticheskaya i determinirovannaya modeli rasprostraneniya epidemij tipa SIRS. http://dnevniknauki.ru/images/publications/2020/1/physics/Zuev_Shishmakova_Petrova.pdf. 2020g.
2. Vinnickij, E., Uajt R. Vvedenie v modelirovanie infekcionnyh zabolevanij: uchebnoe posobie. – Oksford: Izd-vo Oksfordskogo universiteta, 2010g. – 369 s.
3. Leonenko V.N. MATEMATICHESKAYA EPIDEMIOLOGIYA. Uchebno–metodicheskoe posobie po vypolneniyu laboratornyh rabot. Universitet ITMO. Sankt–Peterburg, 2018g. – С.39