

ОБЗОР МОДЕЛЕЙ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ЭПИДЕМИЙ

А.Д. Ларькин

Научный руководитель – Тонкович И.Н., канд. хим. наук, доцент
**Белорусский государственный университет информатики
и радиоэлектроники**

При распространении эпидемии важно спрогнозировать, сколько людей может заразиться в ближайшем будущем. Эти знания помогут принимать решения и распределять ресурсы на борьбу с заболеваниями, например, количество отделений интенсивной терапии или аппаратов искусственной вентиляции легких, необходимых в регионе. Для составления прогнозов исследователи все чаще обращаются к математическим моделям эпидемиологии [1].

Математические модели позволяют делать прогнозы более точными. При эпидемиях использование математических моделей помогает определить, где болезнь будет наиболее вероятна распространена, а более сложные математические модели, такие как ARIMA, используют временные ряды для повышения точности прогноза [2].

Каждое инфекционное заболевание имеет уникальный способ передачи, который образуется в результате его развития. В зависимости от того, где и как размножается возбудитель в организме и от факторов передачи, можно выделить четыре основных механизма: аэрозольный, фекально-оральный, трансмиссивный, контактный. Эти четыре механизма являются основными способами передачи инфекционных заболеваний и играют важную роль в их эпидемиологии [3].

Для детального анализа необходимо выявить, какие математические модели распространения эпидемий уже известны. Существуют разные математические модели распространения инфекций, использование которых зависит исключительно от назначения их применения. Однако чаще всего выделяют следующие разновидности математических моделей [4]:

- модели для идентификации вспышек эпидемий по данным в режиме реального времени;
- методы машинного обучения для прогнозирования распространения инфекции;
- модели для анализа и прогнозирования распространения инфекции при различных противоэпидемических мерах.

Наиболее подходящими для данного исследования являются математические модели для анализа и прогнозирования распространения инфекции при различных противоэпидемических мерах. Их еще принято называть компартментальными моделями. К ним относятся модели SIR (Susceptible-Infected-Recovered, «Восприимчивые-Зараженные-Выздоровевшие») и SIS (Susceptible-Infectious-Susceptible, «Восприимчивые-Зараженные-Восприимчивые») [5]. В обеих моделях восприимчивые индивидуумы могут заболеть передающимся им заболеванием, стать инфекционными и в конечном итоге выздороветь.

С помощью SIR-модели люди приобретают долгосрочный иммунитет при восстановлении и начинают относиться к категории выздоровевшие (не подверженные повторному заболеванию).

С помощью SIS-модели при восстановлении не достигается долговременного иммунитета, и люди становятся восприимчивыми к повторному заражению.

Уравнение, описывающее изменение числа здоровых (и при этом восприимчивых к заболеванию) индивидуумов, которое уменьшается со временем пропорционально числу контактов с инфицированными, имеет вид [4]:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta IS}{N},$$

где S – число лиц, восприимчивых к заражению в момент t , I – число зараженных, β – коэффициент интенсивности контактов лиц с последующим заражением, N – это количество контактов с инфицированными.

С течением времени модель SIR получила несколько ответвлений, таких как [4,5]:

- SIRS – «Восприимчивые-Зараженные-Выздоровевшие-Восприимчивые». Это модель распространения заболеваний с временным иммунитетом (выздоровевшие люди могут снова стать восприимчивыми к инфекции);

- SEIR – «Восприимчивые-Подвергшиеся заражению-Зараженные-Выздоровевшие». Это модель распространения заболеваний в инкубационном периоде;

- MSEIR – «Имеющие иммунитет с рождения-Восприимчивые-Контактировавшие-Зараженные-Выздоровевшие». Это модель, которая учитывает иммунитет детей, приобретенный ими внутри утроба матери;

- SuEIR – это эпидемическая модель для прогнозирования активных случаев и смертей от COVID-19 с учетом незарегистрированных случаев;

- MSIR (M – «maternally derived immunity») включает аналитический блок M (для материнского иммунитета).

Рассмотренные математические модели использовались во время эпидемии COVID-19 и получили широкое признание при прогнозировании распространения инфекции.

Библиографический список

1. Explaining models of epidemic spreading [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <https://researchmatters.in>. – Дата доступа: 27.10.2023.
2. Ларькин, А.Д. Анализ и оценка распространения Covid-19 на основе модели ARIMA – Сборник материалов 59-й научной конференции аспирантов, магистрантов и студентов БГУИР, 2023. – 215-218 с.
3. Сергевнин, В.И. Механизмы передачи возбудителей и эколого-эпидемиологическая классификация инфекционных и паразитарных

болезней человека. – Эпидемиология и Вакцинопрофилактика №2 (63), 2012. – 4–10 с.

4. Акимов, В.А., Бедило, М.В., Иванова, Е.О. Математические модели эпидемий и пандемий как источников чрезвычайных ситуаций биологосоциального характера. – «Civil SecurityTechnology» №3 (73), 2022. – 10-14 с.

5. Network Models of Epidemic Spread: Applications and Analysis [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <https://escholarship.org/uc/item/0x5914wg#main>. – Дата доступа: 27.10.2023.