

*Мендель Василий Викторович,*

*преподаватель кафедры математики и ИТ,*

*ФГБОУ ВО ТОГУ,*

*г. Хабаровск*

**ПРИМЕНЕНИЕ ИМИТАЦИОННОГО МОДЕЛИРОВАНИЯ  
ДЛЯ УТОЧНЕНИЯ КОЭФФИЦИЕНТОВ ДИНАМИЧЕСКОЙ  
SEIR МОДЕЛИ (МОДЕЛИ ЭПИДЕМИИ)**

**Аннотация.** В статье рассмотрена имитационная модель распространения инфекции и описан общий подход применения результатов моделирования для уточнения коэффициентов более точной динамической SEIR модели и улучшения прогнозов развития эпидемии на ранних стадиях.

**Ключевые слова:** математическое моделирование, имитационное моделирование, SEIR, распространения инфекции.

Модели распространения инфекционных заболеваний исследуются с начала XX века (Росс в 1904 [7]). Значительно позже появились SIR-модель: «восприимчивые-инфицированные-выздоровевшие» (в 1982 году) и SEIR- модель: добавлены Exposed – зараженные, но еще не заразные (в 1992 году [6]). Указанные модели относятся к динамическим, они представляют из себя системы обыкновенных дифференциальных уравнений, количество которых зависит от количества исследуемых параметров. При моделировании реальных процессов распространения инфекции на основе динамических моделей возникает проблема с подбором адекватных коэффициентов. Она связана с тем, что эти коэффициенты эмпирические, а статистиках о распространении болезни, особенно на начальном этапе, является приблизительной. Надежность статистических подсчетов повышается со временем, по мере того как совершенствуются методы диагностики и расширяется охват исследуемых лиц. Кроме этого, подсчет статистики в реальных обстоятельствах производится существенно различными способами в зависимости от государств и интенсивности эпидемии. Таким об-

## НАУКА И ОБРАЗОВАНИЕ: ВЕКТОРЫ РАЗВИТИЯ

разом актуальной становится проблема определения эмпирических коэффициентов на основе локальных характеристик эпидемии, которые могут быть довольно точно выявлены уже на первых её этапах. В статье рассматривается метод уточнения коэффициентов динамической модели эпидемии с помощью вспомогательной дискретной имитационной модели, созданной на основе локальных характеристик эпидемии.

На основе объективных характеристик, таких как «заразность», «продолжительность», «смертельность», строится дискретная модель распространения заболевания в небольшой популяции, полученные данные об изменении параметров применяются для вычисления необходимых коэффициентов динамической модели.

Ниже описывается динамическая модель.

**Динамическая модель.** В качестве характеристик эпидемии выделим следующие:

$p_i$  – вероятность заражения при контакте;

$p_d$  – вероятность смерти агента;

$s$  – количество социальных контактов за единицу времени;

$\lambda$  – продолжительность инкубационного периода;

$\tau$  – продолжительность активной стадии болезни;

$n$  – общее количество агентов.

В качестве числовых параметров будем исследовать значения следующих функций от времени:

$H(t)$  – Количество здоровых агентов, которые могут заразиться;

$E(t)$  – Количество агентов зараженных, но еще не заразных (латентных);

$I(t)$  – Количество зараженных (в активной стадии);

$D(t)$  – Количество умерших агентов.

Для простоты будем считать, что выздоровевший агент не может заразиться повторно, то есть имеет устойчивый продолжительный иммунитет.

## НАУКА И ОБРАЗОВАНИЕ: ВЕКТОРЫ РАЗВИТИЯ

Для введенных обозначениях динамическая модель описывается следующей системой обыкновенных дифференциальных уравнений:

$$\begin{cases} \frac{dE(t)}{dt} = \frac{dE_+}{dt} - \frac{dE_-}{dt}, \\ \frac{dH(t)}{dt} = -\frac{dE_+}{dt}, \\ \frac{dI(t)}{dt} = \frac{dI_+}{dt} - \frac{dI_-}{dt}, \\ \frac{dD(t)}{dt} = p_d \frac{dI_-}{dt}, \end{cases}$$

где функции из правых частей имеют вид:

$$\frac{dE_+}{dt} = 2ksp_i \frac{I}{n} \frac{H}{n} \Delta t_0 = F(t) \text{ – прирост новых латентных агентов за время}$$

$\Delta t_0$ .

$$\frac{dE_-}{dt} = F(t - \lambda) \text{ – уменьшение количества латентных агентов за время } \Delta t_0.$$

$$\frac{dI_+}{dt} = F(t - \lambda) \text{ – увеличение количества инфицированных агентов за время}$$

$\Delta t_0$ .

$$\frac{dI_-}{dt} = F(t - \lambda - \tau) \text{ – уменьшение количества инфицированных агентов за}$$

время  $\Delta t_0$ .

Здесь  $k$  – некоторый коэффициент, зависящий от параметров болезни и социальной активности, который и нужно будет уточнять.

Таким образом имеем систему дифференциальных уравнений:

$$\begin{cases} \frac{dE(t)}{dt} = F(t) - F(t - \lambda), \\ \frac{dH(t)}{dt} = -F(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = F(t - \lambda) - F(t - \lambda - \tau), \\ \frac{dD(t)}{dt} = p_d F(t - \lambda - \tau), \end{cases}$$

$$\text{где } F(t) = \begin{cases} 2ksp_i \frac{I(t)}{n} \frac{H(t)}{n} \Delta t_0, & t > 0, \\ E(0), & t = 0, \\ 0, & t < 0. \end{cases}$$

## НАУКА И ОБРАЗОВАНИЕ: ВЕКТОРЫ РАЗВИТИЯ

Пусть болезнь начинается с нулевого пациента и передается только от человека к человеку, то есть в нулевой момент времени имеется один агент с латентной стадией заражения, а все остальные здоровы и потенциально могут заразиться. Тогда начальные условия имеют вид:

$$\begin{cases} E(0) = 1, \\ H(0) = n - 1, \\ I(0) = D(0) = 0. \end{cases}$$

**Имитационная модель.** Будем рассматривать задачу в ограниченной области. Реализация состоит из следующих шагов.

- 1) Случайным образом расставим в ограниченной области  $n$  точек (агентов).
- 2) Выберем (так же случайным образом) нулевого пациента и назначим ему статус «латентный».
- 3) Выберем скорость  $v$  движения точек такую, чтобы за единицу времени происходило в среднем  $s$  социальных контактов.
- 4) Зададим всем агентам случайное направление движения (со скоростью  $v$ ) и будем менять направления движения случайным образом, через небольшие промежутки времени, чтобы имитировать хаотическое движение.
- 5) Будем обрабатывать каждый контакт между агентами если контакт происходит между носителем и здоровым, то здоровый заражается с вероятностью  $p_i$ .

Модель реализована на языке kotlin с использованием библиотеки Box2d от libgdx (<https://github.com/libgdx/libgdx/wiki/Box2d>). Ссылка на репозиторий с реализацией имитационной модели:

<https://github.com/MendelVV/ImitationModel>.

**Уточнение коэффициентов.** Рассмотрим модель эпидемии, которая характеризуется следующими параметрами:  $p_i=0.2$ ,  $p_d=0.1$ ,  $\lambda=5$ ,  $\tau=15$ ,  $n=250$ ,  $s=100$ . Пусть  $k=1$  тогда график распространения болезни имеет вид:

## НАУКА И ОБРАЗОВАНИЕ: ВЕКТОРЫ РАЗВИТИЯ

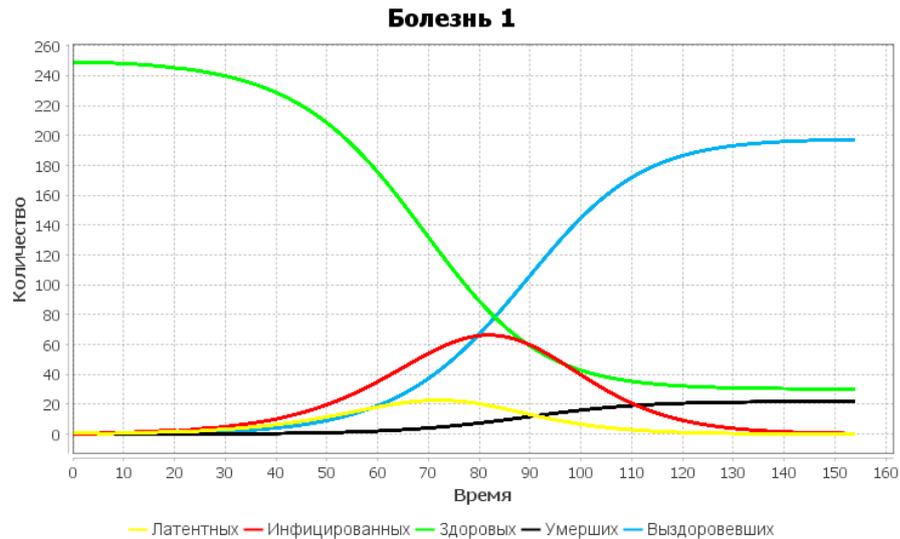


Рисунок 1. Динамическая модель распространения болезни

Сравним с результатами имитационного моделирования с аналогичными параметрами.

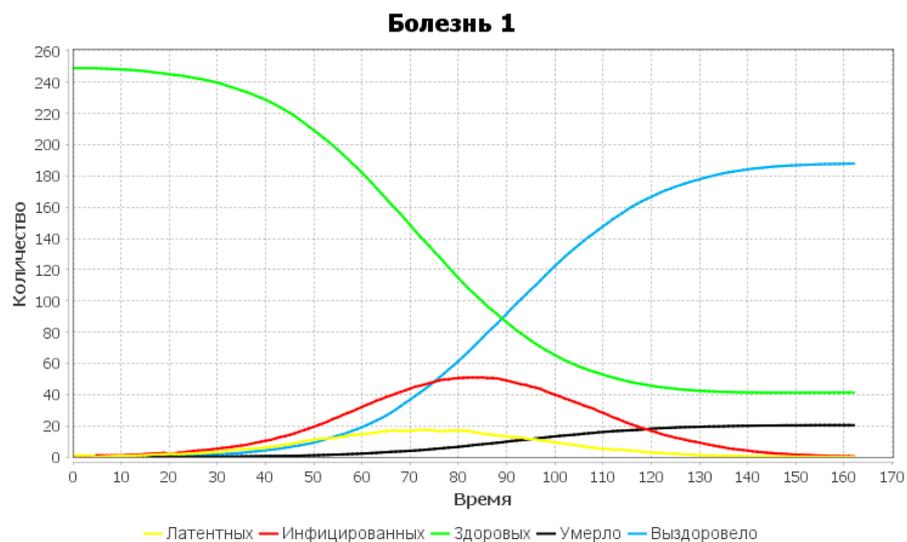


Рисунок 2. Дискретная модель распространения болезни

Не смотря на схожее поведение искомым функций, видно, что в случае динамической модели пик наступает немного раньше, его значение выше и соответственно продолжительность эпидемии меньше. Различие хода развития эпидемии хорошо заметно на графике общего числа случаев заражения (сумма всех латентных, инфицированных, выздоровевших и умерших на момент времени  $t$ ).

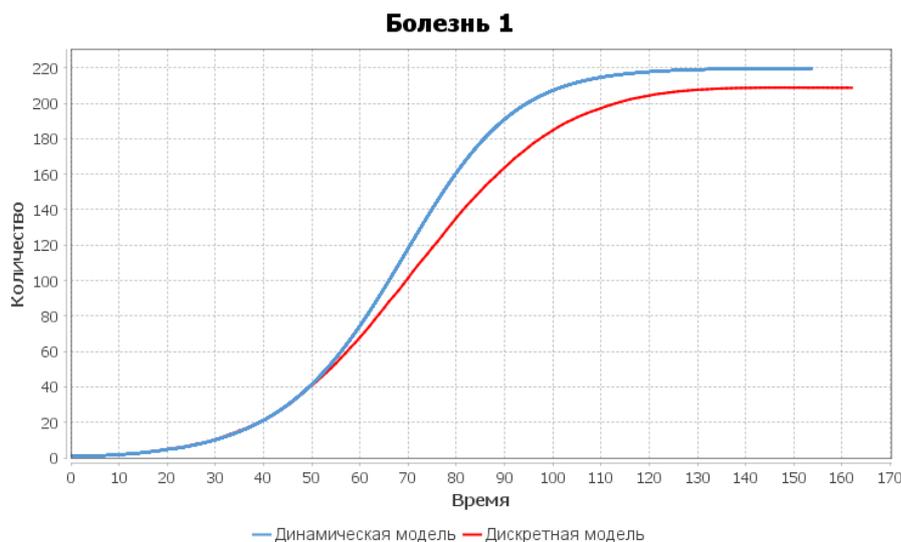


Рисунок 3. Сравнение динамической и дискретной моделей

Приведем три способа подсчета коэффициента  $k$ .

*Способ 1.* Будем находить коэффициент по формуле:  $k = \frac{\sum_{i=1}^m T_{1i}/T_{2i}}{m}$

*Способ 2.* Будем искать  $k$  из отрезка  $[0, 2]$  такое, что  $\Delta T = \sum_{i=0}^m |T_{1i} - T_{2i}|$  минимально.

*Способ 3.* Для  $n \in \overline{2,10}$ , точек, выбранных с промежутком  $\frac{m}{n-1}$  будем строить интерполяционный полином Лагранжа ( $n-1$  степени) для значений  $f(i) = \frac{T_{1i}}{T_{2i}}$ .

Для всех способов  $m$  – среднее число шагов имитационной модели,  $T_{1i}$  – среднее значение имитационной модели в точке  $t=i$ ,  $T_{2i}$  – значение динамической модели в точке  $t=i$ .

В первом случае получим  $k=0.94$ , во втором  $k=0.92$ , а в третьем  $n=6$ . Сравним результаты

# НАУКА И ОБРАЗОВАНИЕ: ВЕКТОРЫ РАЗВИТИЯ

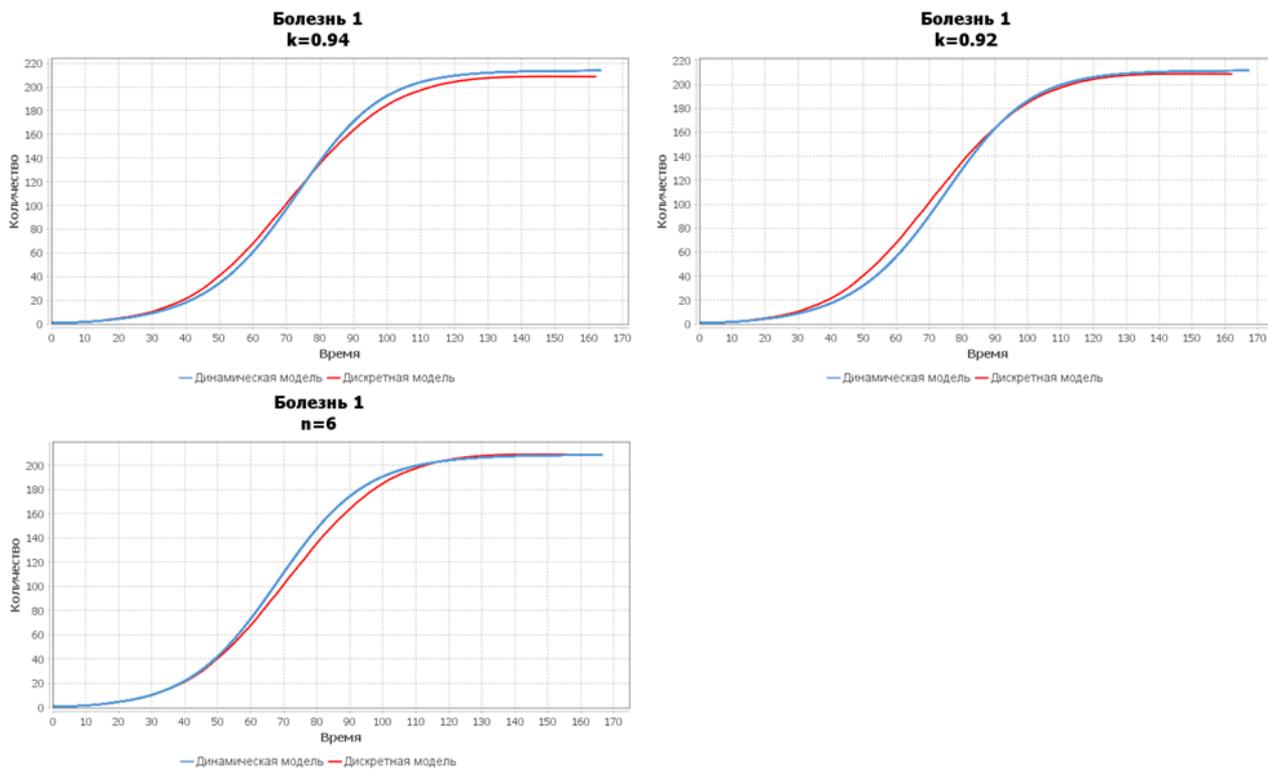


Рисунок 4. Болезнь 1, подбор коэффициентов

Общая картина заражения будет соответственно иметь вид:

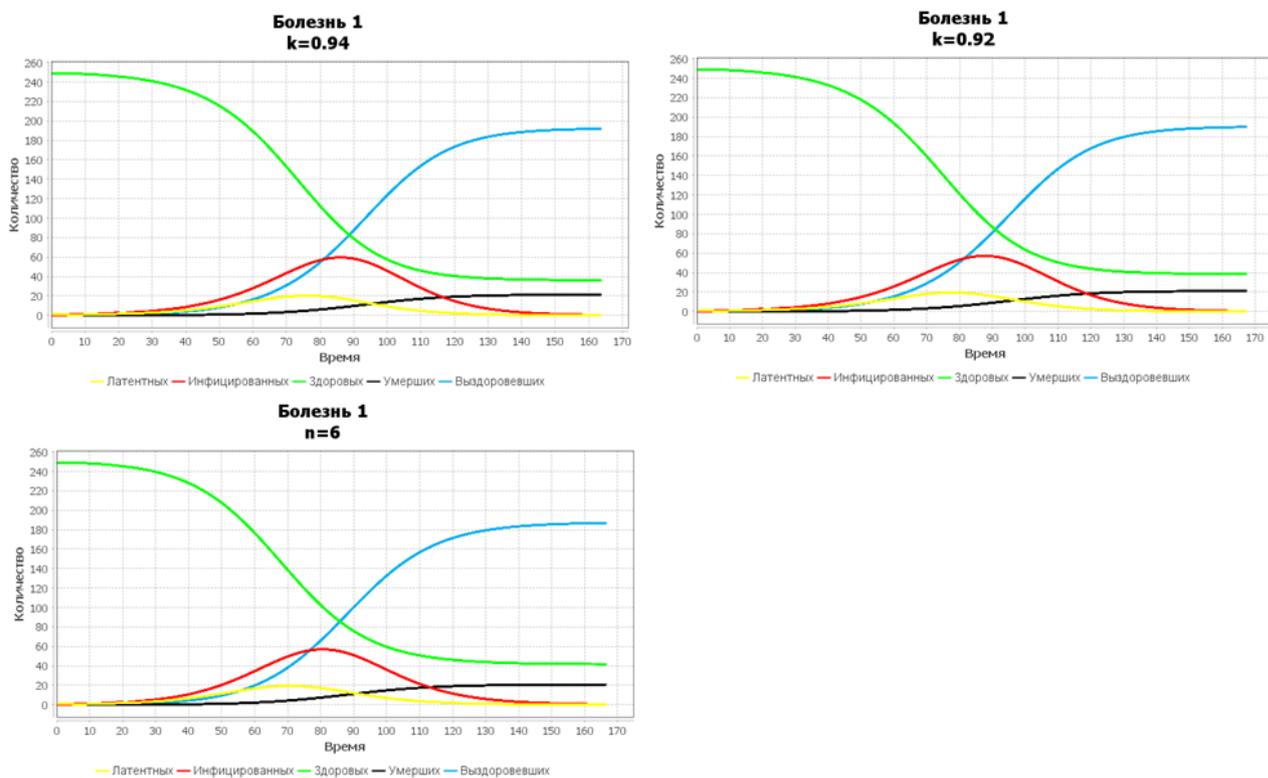


Рисунок 5. Болезнь 1, подбор коэффициентов

## НАУКА И ОБРАЗОВАНИЕ: ВЕКТОРЫ РАЗВИТИЯ

Сравним теперь абсолютные значения для полученных коэффициентов по следующим параметрам: продолжительность, здоровых на конец эпидемии, умерших на конец эпидемии и отклонение функции общего числа случаев заражения от результатов дискретной модели ( $\Delta T = \sum_{i=0}^m |T_{1i} - T_{2i}|$ )

Таблица 1.

Параметр	Дискретная модель	Динамическая модель			
		k=1	k=0.94	k=0.92	n=6
Продолжительность	161	154	164	167	166
Здоровых	40.5	30.3	36.3	38.5	41.8
Умерших	20.5	21.9	21.3	21.1	20.8
$\Delta T$	-	1609	686	574	524

Рассмотрим несколько измененных вариантов болезни.

Увеличим заразность вдвое, а остальные параметры оставим прежними. То есть теперь:  $p_i=0.4$ ,  $p_d=0.1$ ,  $\lambda=5$ ,  $\tau=15$ ,  $n=250$ ,  $s=100$ .

Используя описанные выше способы получим три варианта коэффициента:  $k_1=0.95$ ,  $k_2=0.92$ ,  $n=7$ . Соответственно графики распространения инфекции будут иметь вид:

## НАУКА И ОБРАЗОВАНИЕ: ВЕКТОРЫ РАЗВИТИЯ

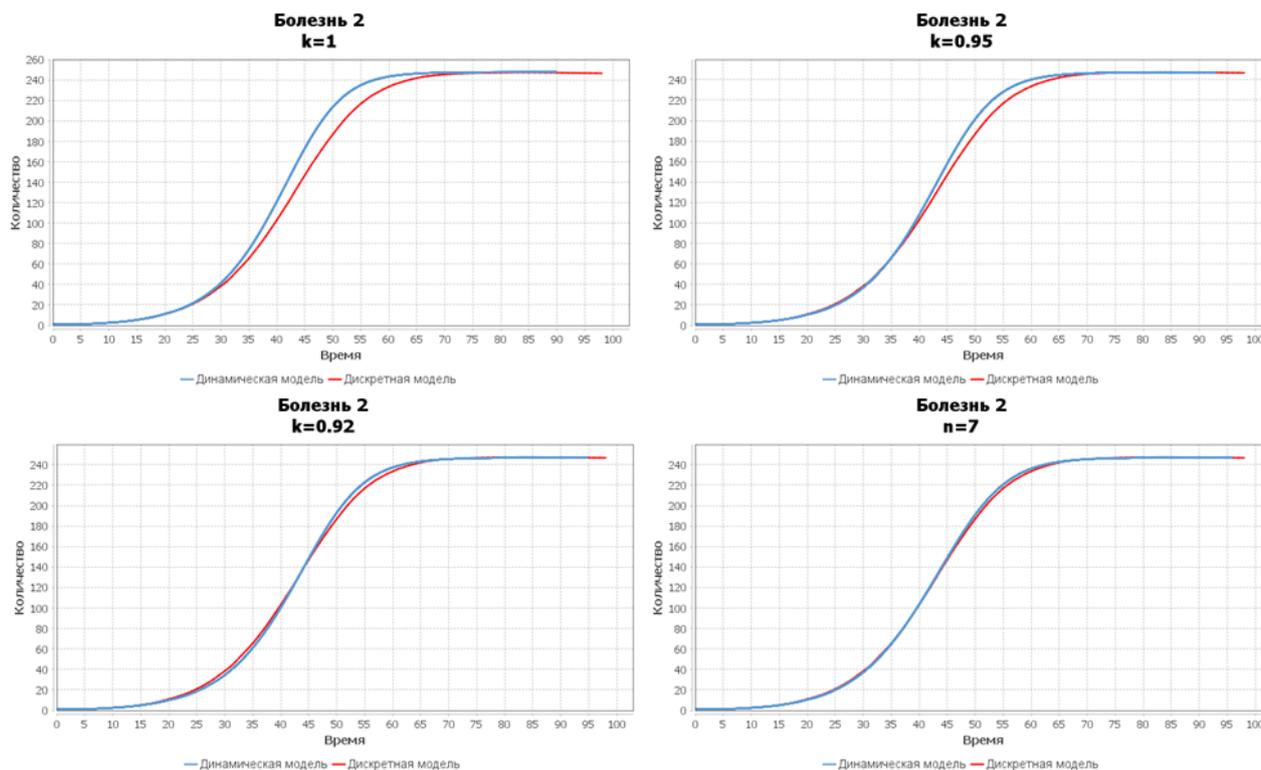


Рисунок 6. Болезнь 2, подбор коэффициентов

В абсолютных значениях получим:

Таблица 2.

Параметр	Дискретная модель	Динамическая модель			
		$k=1$	$k=0.95$	$k=0.92$	$n=7$
Продолжительность	97	90	93	95	96
Здоровых	2.5	2.1	2.7	3.1	3.1
Умерших	25.1	24.7	24.7	24.6	24.6
$\Delta T$	-	602	281	176	98

И приведем случай, когда активная стадия болезни увеличена вдвое. Параметры имеют вид:  $p_i=0.2$ ,  $p_d=0.1$ ,  $\lambda=5$ ,  $\tau=30$ ,  $n=250$ ,  $s=100$ .

Получим коэффициенты:  $k_1=0.95$ ,  $k_2=0.93$ ,  $n=10$ .

## НАУКА И ОБРАЗОВАНИЕ: ВЕКТОРЫ РАЗВИТИЯ

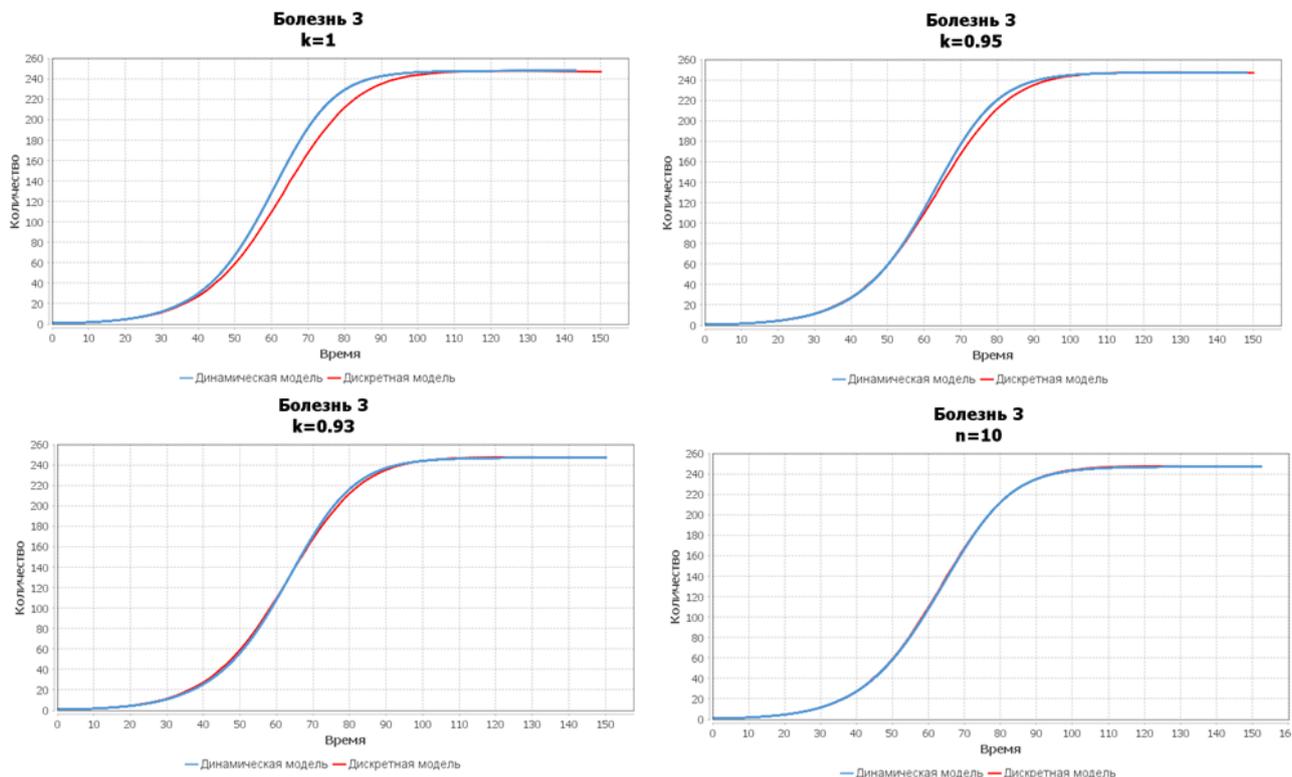


Рисунок 7. Болезнь 3, подбор коэффициентов

В абсолютных значениях:

Таблица 3.

Параметр	Дискретная модель	Динамическая модель			
		k=1	k=0.95	k=0.93	n=10
Продолжительность	149	143	148	150	153
Здоровых	2.3	2.1	2.7	3.0	3.0
Умерших	25.2	24.7	24.7	24.6	24.6
$\Delta T$	-	840	298	190	82

Параметр «смертельность», в случае, когда повторное заражение невозможно, не влияет на процесс заражения, поэтому его можно не рассматривать отдельно.

**Вывод.** В статье описан метод уточнения коэффициентов динамической SEIR модели при помощи имитационного моделирования. Такой метод может быть использован, в частности, для уточнения динамики заболеваемости на начальном этапе эпидемии. Ранние стадии распространения болезни характеризуются недостаточным развитием методик выявления зараженных, что приво-

## НАУКА И ОБРАЗОВАНИЕ: ВЕКТОРЫ РАЗВИТИЯ

дит к недостоверным статистическим данным за этот период и влияет на качество динамической модели. С ходом распространения эпидемии методы выявления новых случаев заболеваний становятся надежнее, тестирование на наличие патогена более массовым, а это повышает достоверность статистических данных. Таким образом появляется возможность выбора период эпидемии, в котором данные о новых случаях можно считать достаточно достоверными и построить имитационную модель, близкую к динамической на соответствующем временном отрезке. Эта имитационная модель далее используется описанным выше способом для уточнения коэффициентов динамической модели. Имея более точную динамическую модель, можно определить вероятную динамику заражения на ранних этапах и количество не зафиксированных официальной статистикой случаев.

В дальнейшем можно усложнять модель болезни добавляя новые значимые факторы, такие как медицинская помощь, изоляция инфицированных, повторные заражения, дополнительные источники инфекции и др.

### **Список литературы**

1. Баталин Р. М. *Оптимальное управление в моделях эпидемий трансмиссивных заболеваний с SEI-SEIR системами* / Р. М. Баталин, В. А. Терлецкий // *Известия Иркутского государственного университета. Серия Математика.* – 2015. – Т. 14. – С. 18-30.
2. Васильев Ф. П. *Методы оптимизации* / Ф. П. Васильев. – М.: Факториал Пресс, 2002. – 824 с.
3. Карпов Ю. *Имитационное моделирование систем. Введение в моделирование с AnyLogic 5.* – СПб.: БХВ-Петербург, 2006. – 400 с.
4. Радько Н.М. *Пиковая оценка для информационных эпидемий, распространяющихся по модели SEIR [Текст]* / Н.М. Радько, А.С. Авдеев // *Информация и безопасность.* – 2014. – Т. 17. – Вып. 7. – С. 74-79.
5. Allen, L.J.S & Burgin, A. (2000). *Comparison of deterministic and stochastic SIS and SIR models in discrete time. Mathematical Biosciences, 163, 1 - 33.*
6. Newton E. Reiter P. *A Model of the Transmission of Dengue Fever with an Evaluation of the Impact of Ultra-Low Volume (ULV) Insecticide Applications on Dengue Epidemics*/ E. Newton,

## НАУКА И ОБРАЗОВАНИЕ: ВЕКТОРЫ РАЗВИТИЯ

*P.Reiter – The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene, Volume 47, Issue 6, 1 Dec 1992, p. 709 – 720.*

*7. Ross R. Report on the prevention of malaria in Mauritius / R. Ross – N. Y.: E. P. Dutton & Company, 1908.*