

АНАЛИЗ ПРИМЕНИМОСТИ КОМПАРТМЕНТАЛЬНЫХ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИХ МОДЕЛЕЙ В СООТНЕСЕНИИ СО СТОХАСТИЧЕСКИМ ПОДХОДОМ

Аннотация. В статье рассматриваются проблемы моделирования распространения инфекционных заболеваний. Анализируются ограничения компартментальных эпидемиологических моделей. Представлена разработанная дважды стохастическая модель, основанная на SIR модели. Проводится сравнение результатов работы стохастической и SIR моделей. Выявлены ограничения применимости SIR модели как частного представителя класса компартментальных моделей.

Ключевые слова: эпидемиологическое моделирование, SIR, стохастическая модель, компартментальная эпидемиологическая модель.

Введение. Одной из основных общественно значимых задач, решаемых методами математического и компьютерного моделирования, является исследование процессов распространения инфекционных заболеваний. Прогнозирование развития эпидемиологической обстановки в конкретной ситуации с последующей корректировкой мер защиты населения возможно благодаря построению модели, учитывающей значимые факторы [1].

Среди подходов к эпидемиологическому моделированию наиболее часто упоминается и применяется класс компартментальных моделей, включающий SIR модель как частного представителя [2]. В моделях данного класса популяция подразделяется на непересекающиеся группы индивидов (компарменты). В частности, в SIR модели выделяют группы восприимчивых (susceptible), инфицированных (infected) и выздоровевших (recovered). Интенсивность переходов индивидов между группами во времени определяется системой дифференциальных уравнений.

Использование SIR модели и ее производных производится исходя следующих предположений. Предполагается, что популяция гомогенна, то есть вероятности контактов между двумя индивидами

равны для всех пар индивидов. Предполагается также, что вероятность инфицирования при контакте не зависит от участников процесса, то есть от конкретного инфицированного и восприимчивого. Вероятность выздоровления принимается постоянной величиной, не зависящей от индивида.

Компартментальный подход к моделированию в широком смысле, может уменьшить значимость ограничений, вносимых данными предположениями. Например, усложнение схемы модели путем увеличения количества групп индивидов позволяет внести частичную гетерогенность в популяцию. При таком подходе моделируемая популяция разбивается на гомогенные подмножества, в пределах каждого из которых модель работает в рамках описанных предположений, но интенсивность контактов между индивидами разных подмножеств может отличаться [3, 4].

Однако помимо описанных предположений, в пределах которых осмысленно использование компартментального подхода, стоит иметь в виду, что данный подход не учитывает стохастические факторы распространения патогена [5].

Учитывая широкое применение компартментального подхода, необходимо проанализировать ограничения, которые возникают при его использовании в контексте моделирования сложных стохастических систем, таких как сообщество людей или популяция животных.

Проблемой настоящего исследования является наличие ограничений в использовании компартментальных эпидемиологических моделей, обусловленных стохастическим характером процесса распространения заболевания. Основной задачей исследования является анализ этих ограничений.

Материалы и методы. Для анализа ограничений компартментального моделирования, обусловленных детерминированным характером модели, необходимо провести сравнение результатов работы компартментальной (SIR) и стохастической моделей, реализованных в аналогичных предположениях.

Система дифференциальных уравнений SIR модели имеет следующий вид:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta \cdot S \cdot I}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta \cdot S \cdot I}{N} - \gamma \cdot I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I \cdot (1 - \delta) \end{cases} \quad (1)$$

где S , I и R — количество восприимчивых, инфицированных (болеющих) и выздоровевших в момент времени t соответственно, β — коэффициент скорости передачи инфекции, γ — коэффициент скорости завершения заболевания.

Коэффициент β можно интерпретировать как среднее количество людей, которые будут заражены от одного инфицированного за единицу времени. Тогда $\frac{\beta}{N}$ — это доля популяции, которую заразит один инфицированный индивид за единицу времени [6].

Если интерпретировать $\frac{\beta}{N}$ как вероятность заразиться от одного конкретного инфицированного индивида, то вероятность заразиться от любого из инфицированных индивидов может быть выражена через вероятность обратного события. В таком случае (1) приобретают следующий вид:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -S \cdot \left(1 - \left(1 - \frac{\beta}{N}\right)^I\right) \\ \frac{dI}{dt} = S \cdot \left(1 - \left(1 - \frac{\beta}{N}\right)^I\right) - \gamma \cdot I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I \end{cases} \quad (2)$$

Таким образом, классическая система уравнений, описывающая SIR модель, была модифицирована с учетом вероятностного подхода.

Для построения стохастической модели система (2) была приведена к разностному виду с включением в нее случайных величин, распределенных по закону Пуассона:

$$\begin{cases} S_{i+t} = S_i - q \\ I_{i+t} = I_i + q - w \\ R_{i+t} = R_i + w \end{cases} \quad (3)$$

где q — случайная величина потока из группы восприимчивых в группу инфицированных, w — случайная величина потока из группы инфицированных в группу выздоровевших, t — случайная величина смещения момента моделирования.

Если $P(x)$ — случайная величина, распределенная по закону Пуассона с математическим ожиданием x , то в системе (3) параметры t , q и w вычисляются следующим образом:

$$\begin{aligned} t &= P(1) \\ q &= P(S_i \cdot \left(1 - \left(1 - \frac{\beta}{N}\right)^{I_i}\right)) \\ w &= P(\gamma) \end{aligned} \quad (4)$$

Таким образом, была разработана схема дважды стохастической модели, где значение каждого показателя изменяется на случайную величину с математическим ожиданием, соответствующим модельному, за случайное время с математическим ожиданием равным 1.

Для сравнения результатов компартментальной и стохастической моделей были рассмотрены две эпидемиологические ситуации, отличающиеся по коэффициенту β (0.7, и 0.3). Значения остальные параметров моделей установлены следующими: $N = 100$, $I_0 = 1$, $\gamma = 0.1$.

С данными параметрами были построены две SIR модели на основе системы (2), результаты которых сравнивались с шестью запусками стохастических моделей, построенных на основе системы (3) и уравнений (4) с теми же параметрами.

Результаты. Сравнение результатов стохастической и компартментальной (SIR) моделей производилось при разных значениях β . Результаты моделирования при относительно большой скорости передачи инфекции ($\beta = 0.7$) представлены на рис. 1.

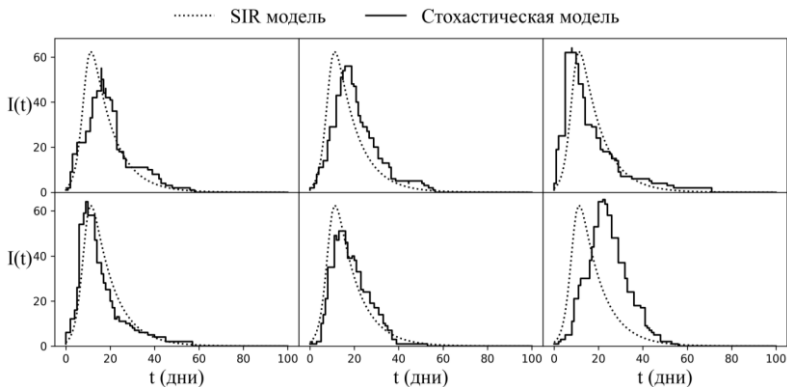


Рис. 1. Графики количества инфицированных в стохастической и SIR моделях (шесть симуляций при $\beta = 0,7$)

Из рис. 1 видно, что компартментальная модель в целом качественно верно описывает стохастическое распространение инфекционного патогена. Однако могут наблюдаться временные сдвиги пика эпидемии и различия в его высоте.

Далее было проведено сравнение результатов моделирования при более низкой интенсивности передачи патогена ($\beta = 0,3$), которые представлены на рис. 2.

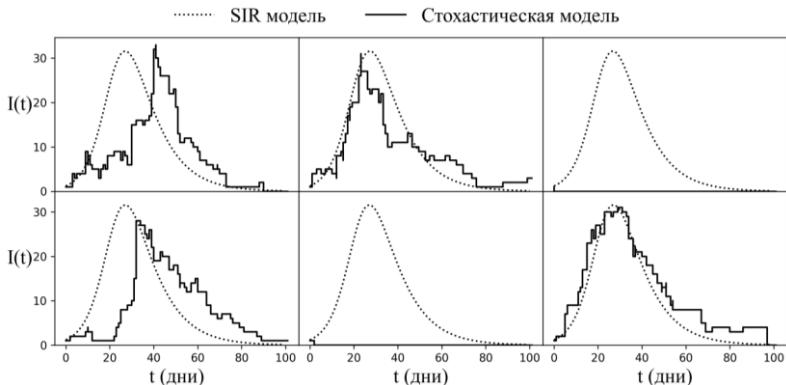


Рис. 2. Графики количества инфицированных в стохастической и SIR моделях (шесть симуляций при $\beta = 0,3$)

Из рис. 2 видно, что при заданных параметрах по результатам стохастического моделирования эпидемия может не возникнуть, в то время как SIR модель ее прогнозирует. Таким образом, при снижении коэффициента скорости передачи инфекции увеличивается спектр возможных сценариев стохастического распространения заболевания и как следствие увеличивается вероятность неверного прогноза компартментальной модели.

Заключение. Была разработана стохастическая модель, работающая в предположениях компартментальных эпидемиологических моделей. Построенная стохастическая модель демонстрирует различные сценарии развития эпидемии возможные при заданных параметрах.

Классические компартментальные модели не учитывают стохастический характер распространения патогена. При уменьшении вероятности инфицирования увеличивается вероятность качественно значимых отличий в результатах работы стохастической и компартментальной моделей. Таким образом, сравнение со стохастическим подходом показало, что точность компартментального моделирования зависит от параметров модели. Возникает необходимость оценить пороговые значения, в пределах которых использование компартментального подхода осмыслено.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Яковлев С. А. Инфекционные заболевания как глобальная проблема современности / С. А. Яковлев — Текст : электронный // Территория науки. — 2017. — № 1. — С. 20-23. — URL: <https://cyberleninka.ru/> (дата обращения: 25.05.2023).
2. Кондратьев М. А. Методы прогнозирования и модели распространения заболеваний / М. А. Кондратьев. — Текст : электронный // Компьютерные исследования и моделирование. — 2013. — Т. 5, № 5. — С. 863-882. — URL: <http://www.mathnet.ru/> (дата обращения: 25.05.2023).
3. Goel R., Sharma R. Mobility based sir model for pandemics-with case study of covid-19 / R. Goel, R. Sharma — Текст: электронный // 2020 IEEE/ACM International Conference on Advances in Social Networks Analysis and Mining (ASONAM). IEEE. — 2020. — Pp. 110-117. — URL: <https://ieeexplore.ieee.org/> (дата обращения: 25.05.2023).

4. Muroya Y., Enatsu Y., Kuniya T. Global stability of extended multi-group sir epidemic models with patches through migration and cross patch infection / Y. Muroya, Y. Enatsu, T. Kuniya — Текст: электронный // Acta Mathematica Scientia. — 2013. — Vol. 33, No. 2. P. 341-361. — URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S025296021360003X> (дата обращения: 25.05.2023).
5. Овсянникова Н. И. Стохастическая модель динамики эпидемии / Н. И. Овсянникова. — Текст : электронный // Научный вестник МГТУ ГА. — 2016. — № 224. — С. 107-115. — URL: <https://avia.mstuca.ru/jour/article/view/859#> (дата обращения: 25.05.2023).
6. Weiss, H. H. The SIR model and the foundations of public health / H. H. Weiss. — Текст : электронный // Materials matematics. — 2013. — No. 3 (17). — Pp. 1-17. — URL: <https://ddd.uab.cat/record/108432> (дата обращения: 25.05.2023).