

Моделирование распространения инфекционного заболевания в условиях вахтового метода работы

Павел Николаевич Подзолков , Ирина Гелиевна Захарова

Тюменский государственный университет, Тюмень, Россия
Контакт для переписки: p.n.podzolkov@utmn.ru 

Аннотация. В статье рассматриваются проблемы построения моделей распространения инфекционных заболеваний. Обсуждается актуальность эпидемиологического моделирования в контексте различных сфер общественной деятельности, в том числе с точки зрения влияния характера производственных процессов на распространение заболевания. Анализируются возможности эпидемиологического моделирования с учетом миграции населения и географии (в широком понимании) с использованием компартментальных эпидемиологических моделей. Рассмотрены методы построения компартментальных моделей, учитывающих смертность от заболевания. Предложен такой подход к построению компартментальных моделей, учитывающих неоднородность популяции, который основан на разделении популяции на непересекающиеся подмножества индивидов с установленными показателями интенсивности контактов между подмножествами. В рамках данного подхода описан метод моделирования мигрирующих подмножеств.

Демонстрируются результаты построенных эпидемиологических моделей распространения инфекции между населенными пунктами с учетом миграции групп работников вахтового метода. Проводится сравнение моделей, отличающихся по характеру взаимодействия между индивидами подмножеств. Показано, что порядок распространения инфекции между подмножествами влияет на динамику распространения эпидемии, но не на итоговое количество индивидов, затронутых инфекцией. Продемонстрировано ускорение передачи эпидемии между подмножествами индивидов при наличии прямых контактов относительно ситуации с передачей инфекции через мигрирующие группы индивидов.

На основе предложенного подхода возможна реализация системы имитационного моделирования эпидемий, в рамках которой будут учитываться миграционные и географические факторы, а также характер взаимодействия участников производственного процесса.

Ключевые слова: эпидемиология, математическое моделирование, компартментальные модели, SIRD, вахтовый режим работы, миграционная активность, географические факторы

Благодарности: работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (грант № 20-47-720005).

Цитирование: Подзолков П. Н., Захарова И. Г. 2023. Моделирование распространения инфекционного заболевания в условиях вахтового метода работы // Вестник Тюменского государственного университета. Физико-математическое моделирование. Нефть, газ, энергетика. Том 9. № 2 (34). С. 108–127. <https://doi.org/10.21684/2411-7978-2023-9-2-108-127>

Поступила 29.04.2023; одобрена 21.06.2023; принята 30.06.2023

Modeling the spread of an infectious disease with fly-in-fly-out work method

Pavel N. Podzolkov[✉], Irina G. Zakharova

University of Tyumen, Tyumen, Russia

Corresponding author: p.n.podzolkov@utmn.ru[✉]

Abstract. The article discusses problems related to building models for the spread of infectious diseases. It explores the relevance of epidemiological modeling in various public spheres, including how production processes can impact disease spread. The article analyzes the possibilities of using compartmental epidemiological models for epidemiological modeling, taking into account population migration and geography. It also considers methods for constructing compartmental models that account for mortality due to the disease. The article proposes an approach to constructing compartmental models that considers population heterogeneity, dividing it into non-overlapping subsets based on contact intensity indicators. Additionally, the article describes a method for modeling migrating subsets within this approach.

The article demonstrates the results of constructed epidemiological models for the spread of infection between localities, taking into account migration fly-in-fly-out worker groups. It compares models with different interactions between individuals of subsets and shows that the order of infection spread between subsets affects epidemic dynamics but not the total number of affected individuals. The article also demonstrates that direct contact can accelerate epidemic transmission between subsets compared to transmission through migrating groups.

The proposed approach can be used to implement an epidemic simulation system that accounts for migration, geographical factors, and the nature of participant interaction in the production process.

Keywords: epidemiology, mathematical modeling, compartmental models, SIRD, fly-in-fly-out work method, migratory activity, geographic factors

Acknowledgements: the research was supported by the Russian Foundation for Basic Research (grant No. 20-47-720005).

Citation: Podzolkov, P. N., & Zakharova, I. G. (2023). Modeling the spread of an infectious disease with fly-in-fly-out work method. *Tyumen State University Herald. Physical and Mathematical Modeling. Oil, Gas, Energy*, 9(2), 108–127. <https://doi.org/10.21684/2411-7978-2023-9-2-108-127>

Received April 29, 2023; Reviewed June 21, 2023; Accepted June 30, 2023

Введение

Одним из важнейших направлений исследований в области применения математического моделирования в здравоохранении является изучение вопросов прогнозирования распространения инфекционных заболеваний. Поскольку последствия подобных эпидемий затрагивают разнообразные сферы жизни человека, результаты моделирования эпидемиологических процессов актуальны во многих областях знаний, таких как экономика, образование, управление производственными процессами, экология и т. д. [Яковлев, 2017; Ханин, Фомин, 2020].

Среди моделей распространения инфекционных заболеваний наиболее широкое применение находят компартментальные эпидемиологические модели [Кондратьев, 2013]. Они представляют из себя аналитические модели, в рамках которых популяция подразделяется на непересекающиеся группы индивидов (компартменты). С помощью систем дифференциальных уравнений в подобных моделях описывается изменение численности каждой из групп в популяции за счет переходов индивидов между ними во времени.

Классическую компартментальную модель SIR (Susceptible-Infected-Recovered) разработали в 1927 г. Уильям Кермак и Андерсон Мак-Кендрик [Kermack, McKendrick, 1991]. В данной модели индивидов популяции разделяют на восприимчивых (S), инфицированных (I) и выздоровевших (тех, кто приобрел иммунитет) (R). Модель в таком случае представляет систему из трех дифференциальных уравнений, описывающих изменения численности каждой из групп индивидов во времени. В дальнейшем появились различные модификации данной модели, учитывающие особенности той или иной эпидемии ввиду добавления новых групп индивидов.

Устоявшиеся в применении эпидемиологические модели семейства SIR в своем классическом варианте не учитывают географическую неоднородность населения и миграционную активность. Однако компартментальные модели, как класс, основанный на общем принципе моделей семейства SIR, способны принимать во внимание характерные особенности моделируемой ситуации. Так, влияние демографических факторов может быть

определено в модели благодаря введению дополнительных компарментов. С их помощью возможно эпидемиологическое моделирование с учетом географии (в широком понимании), в том числе моделирование распространения заболевания между городами, областями или странами [Araz и др., 2009; Muroya и др., 2013; Goel, Sharma, 2020].

В контексте здравоохранения инфекционные эпидемии приводят к резкому увеличению проблем со здоровьем у разных слоев населения и, как следствие, к возрастанию нагрузки на здравоохранительную систему. Между тем с социально-экономической точки зрения эпидемиологические последствия заключаются в производственных и социальных изменениях, связанных с введением ограничительных мер.

Однако важно иметь в виду, помимо влияния эпидемии на различные сферы жизни человека, тот факт, что характер распространения заболевания, а также значимость последствий этого процесса во многом сами зависят от особенностей той или иной сферы жизни. В частности, существенными факторами, влияющими на интенсивность эпидемии, могут стать особенности организации производственных процессов, которые имеют место до введения карантинных и других мер сдерживания эпидемий.

Именно поэтому математические методы моделирования эпидемиологических процессов должны учитывать факторы, отражающие специфику того или иного производственного процесса. Так, одной из значимых особенностей нефтедобывающей отрасли является вахтовый метод работы, для которого характерны регулярные миграции групп работников между городами, отличающимися по численности населения [Родкин, Пуланова, 2020].

Целью данной работы является построение и исследование класса моделей, учитывающих пространственную неоднородность населения и миграционную активность, в рамках универсального подхода к моделированию распространения заболеваний на примере модели эпидемии среди работников нефтедобывающей отрасли с вахтовым режимом работы.

Методология и методы моделирования

Разрабатываемый универсальный подход к моделированию заболеваний основан на представлении процесса развития заболевания как совокупности состояний и вероятностных переходов между ними. Это обобщает принципы построения компартментальных эпидемиологических моделей и моделей хронических заболеваний, основанных на марковских процессах [Андреев и др., 2017].

Результатом применения таких моделей в общем виде является оценка для каждого момента времени вероятности нахождения индивида в каждом из возможных состояний. Соответствующие значения вероятностей можно интерпретировать также как доли численности популяции, которые находятся в определенный момент времени в каждом состоянии. При заданном размере популяции результаты могут быть использованы для расчета непосредственно численности каждой группы индивидов в определенный момент времени.

В настоящем исследовании в качестве базовой схемы эпидемиологической модели была выбрана SIRD-модель, учитывающая возможность смерти от заболевания. Компартментальная модель, описываемая данной схемой, может быть представлена в виде следующей системы дифференциальных уравнений [Calafiore и др., 2020; Sen, Sen, 2021; Fernández-Villaverde, Jones, 2022]:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta \cdot S \cdot I}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta \cdot S \cdot I}{N} - \gamma \cdot I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I \cdot (1 - \delta), \\ \frac{dD}{dt} = \gamma \cdot I \cdot \delta, \end{array} \right. \quad (1)$$

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

Коэффициент β может быть выражен с помощью уравнения:

$$\beta = k \cdot \tau, \quad (2)$$

где k — среднее количество контактов каждого индивида за единицу времени; τ — вероятность передачи инфекции при контакте инфицированного с восприимчивым [Weiss, 2013].

Таким образом, β/N — это доля популяции, которую заражает один инфицированный индивид за единицу времени. Также данный показатель можно воспринимать как вероятность того, что один конкретный индивид будет заражен от одного инфицированного. В таком случае показатель $(\beta \cdot I)/N$ в компартментальных моделях отражает суммарную вероятность инфицирования индивида от любого из болеющих индивидов. Для более точной оценки общей вероятности инфицирования индивида мы будем использовать вычисление вероятности события, обратного инфицированию. В таком случае (1) приобретает следующий вид:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -S \cdot \left(1 - \left(1 - \frac{\beta}{N} \right)^I \right), \\ \frac{dI}{dt} = S \cdot \left(1 - \left(1 - \frac{\beta}{N} \right)^I \right) - \gamma \cdot I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I \cdot (1 - \delta), \\ \frac{dD}{dt} = \gamma \cdot I \cdot \delta. \end{array} \right. \quad (3)$$

Коэффициент γ отражает вероятность завершения заболевания за единицу времени. Часто данный показатель интерпретируют как величину, обратную средней продолжительности заболевания [Еремеев, 2021].

В выбранной модели подразумевается получение устойчивого иммунитета при выздоровлении. Таким образом, состояния R (выздоровевший или иммунный) и D (смерть)

являются конечными, и переход из них невозможен. Переходы в эти состояния в компартментальных эпидемиологических моделях различными исследователями описываются по-разному. Наиболее распространенным является вариант прямых независимых переходов из состояния I (инфицированный) в оба конечных состояния с различными независимыми коэффициентами [Calafiore и др., 2020; Sen, Sen, 2021]. В другом варианте реализации модели вводится дополнительное промежуточное состояние, в которое индивид попадает после завершения инфекции. И только из него происходит переход в состояние D или R с некоторыми вероятностями δ и $1 - \delta$ соответственно [Fernández-Villaverde, Jones, 2022].

Наша модель является развитием обоих подходов. Коэффициенты γ и δ отражают значения, которые могут быть напрямую оценены на основании реальных эпидемиологических данных: γ — величина, обратная к средней продолжительности заболевания; δ — летальность заболевания. При этом была исключена промежуточная стадия выхода из заболевания, которую нельзя соотнести с какой-либо группой индивидов из реальных данных.

Таким образом, данную модель можно представить в виде совокупности из четырех состояний и трех переходов. Схема модели представлена на рис. 1.

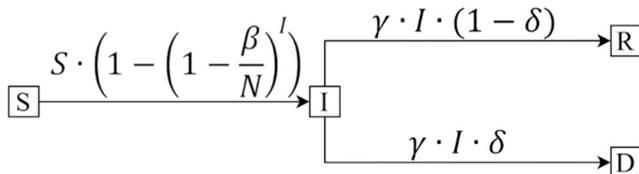


Рис. 1. Схема эпидемиологической модели SIRD

Fig. 1. Scheme of the epidemiological model SIRD

Для отражения гетерогенности популяции и миграционной активности модельная популяция с распространяющимся заболеванием разделена на условные непересекающиеся подмножества индивидов. Подмножество может состоять из индивидов с конкретной географической территории или из индивидов с характерными значениями параметров распространения инфекции. Для каждого подмножества выделен полный набор компартментов для выбранной эпидемиологической модели.

Предполагается, что индивид не может перейти из какого-либо состояния одного подмножества в любое состояние другого подмножества. Однако количество индивидов в компартменте одного подмножества может влиять на вероятность перехода в другом подмножестве.

В каждом подмножестве популяции индивиды разделены на компартменты выбранной эпидемиологической модели: S , I , R и D . И соответственно, для каждого подмножества описаны по четыре уравнения переходов индивидов между компартментами.

В предположении, что инфицированные индивиды одного подмножества могут заразить индивидов другого подмножества, возникла необходимость введения дополнительных параметров. Для вычисления вероятности инфицирования индивида другого подмножества необходимо учитывать относительные интенсивности контактов между индивидами

подмножеств. Для получения уравнений перехода между компартментами S и I в общем виде для n подмножеств введем матрицу H , элементы которой (h_{ik}) отражают относительную интенсивность контактов между индивидами k -го и i -го подмножеств. Значение данного показателя вычисляется относительно интенсивности контактов k -го подмножества с остальными подмножествами. В конечном счете учитывается лишь взаимоотношение между интенсивностями всех контактов одного подмножества. Отношение одного показателя интенсивности контактов (h_{ki}) к другому (h_{kj}) отражает отношение доли индивидов подмножества k , с которыми может встретиться индивид подмножества i , к доле индивидов подмножества k , с которыми может встретиться индивид подмножества j . Умножение показателей h_{ki} для каждого i на одно и то же действительное число не изменяет интенсивность контактов индивидов подмножества k с индивидами других подмножеств.

Уравнение скорости изменения количества восприимчивых в i -м подмножестве приобретает следующий вид:

$$\frac{dS_i}{dt} = -S_i \cdot \left(1 - \prod_{k=1}^n \left(1 - \frac{\beta \cdot \frac{h_{ki} \cdot N_i}{\sum_{j=1}^n N_j \cdot h_{kj}}}{N_i} \right)^{I_k} \right), \tag{4}$$

где i — номер подмножества, в котором производятся вычисления; N_j — количество индивидов в j -м подмножестве; I_j — количество инфицированных в j -м подмножестве; n — количество подмножеств.

Упростив (4), получим:

$$\frac{dS_i}{dt} = -S_i \cdot \left(1 - \prod_{k=1}^n \left(1 - \frac{\beta \cdot h_{ki}}{\sum_{j=1}^n N_j \cdot h_{kj}} \right)^{I_k} \right). \tag{5}$$

Для построения модели распространения эпидемии при вахтовом методе работы разработана схема взаимодействующих подмножеств, показанная на рис. 2. В популяции выделены следующие подмножества: C_1 и C_2 — подмножества населенных пунктов (н. п.); T_1 и T_2 — подмножества команд работников; W — подмножество места вахты. Интенсивность контактов между подмножествами описывается коэффициентами mf_1, mf_2 .

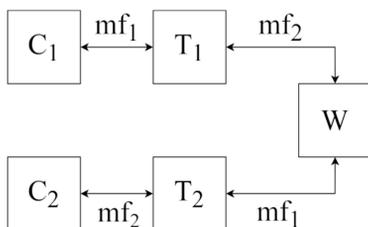


Рис. 2. Схема взаимодействия подмножеств при вахтовом методе работы

Fig. 2. The scheme of interaction of subsets on fly-in-fly-out work method

В разрабатываемой модели коэффициенты mf_1 и mf_2 зависят от времени и отражают миграцию групп рабочих к месту работы от населенных пунктов. Значения данных коэффициентов определяются соотношениями:

$$mf_1(t) = \begin{cases} 1, & \text{если } t \bmod(2 \cdot P) \in [0; P), \\ 0, & \text{если } t \bmod(2 \cdot P) \in [P; 2 \cdot P), \end{cases} \quad (6)$$

$$mf_2(t) = \begin{cases} 0, & \text{если } t \bmod(2 \cdot P) \in [0; P), \\ 1, & \text{если } t \bmod(2 \cdot P) \in [P; 2 \cdot P), \end{cases} \quad (7)$$

где t — время; \bmod — остаток от деления; P — длительность вахтовой смены.

Как видно из уравнений (6) и (7), коэффициенты mf_1 и mf_2 поочередно меняют свои значения с 0 на 1 и обратно каждые P отсчетов времени. Такие функциональные зависимости имитируют миграцию групп населения. В период, когда mf_1 равен 1, а mf_2 равен 0, подмножество T_1 интенсивно взаимодействует с C_1 и не взаимодействует с подмножеством W . Вместе с тем подмножество T_2 не влияет на C_2 , но взаимодействует с W . Данные правила отражают случай, когда первая группа рабочих находится в своем населенном пункте, а вторая прибывает на место вахтовой работы. В следующий период времени взаимодействие между подмножествами будет противоположным. Таким образом, в разные периоды моделируются ситуации приезда той или иной команды работников к месту вахтовой работы, в то время как вторая команда остается в соответствующем населенном пункте.

С использованием введенных миграционных коэффициентов составлена матрица $H = \{h_{ij}\}$ значений относительной интенсивности контактов между подмножествами C_1, C_2, T_1, T_2, W .

$$H = \begin{pmatrix} 1 & 0 & mf_1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & mf_2 & 0 \\ mf_1 & 0 & 1 & 0 & mf_2 \\ 0 & mf_2 & 0 & 1 & mf_1 \\ 0 & 0 & mf_2 & mf_1 & 1 \end{pmatrix}. \quad (8)$$

Предложенные методы построения эпидемиологических моделей были реализованы на языке программирования Python. Разработана система компьютерного моделирования, в основу которой положен объектно-ориентированный подход. Функционал системы реализован с помощью следующих классов: Stage (стадия/компармент), Flow (поток/переход), Factor (коэффициент), Epidemic Model (эпидемиологическая модель).

Класс Factor позволяет создавать статические и динамические, в том числе задаваемые в виде функций, коэффициенты для моделей. Экземпляры класса Flow производят вычисление количества индивидов, переходящих между компарментами, в заданный момент времени на основе количества индивидов в связанных компарментах и значений коэффициентов в этот момент времени. Экземпляр класса Epidemic Model содержит данные обо всех компарментах, потоках и коэффициентах, управляет процессом симуляции и сохраняет ее результаты в табличном виде.

Результаты компьютерного моделирования

В рамках предложенного подхода были построены модели, отражающие различные эпидемиологические ситуации. Модели строились исходя из предположения, что интенсивности контактов внутри всех подмножеств имеют одинаковые постоянные значения. Другими словами, модели построены в предположении одинаковой плотности населения в различных подмножествах.

При этом в моделях учитывается различная интенсивность взаимодействия между подмножествами, включая полную изоляцию или отсутствие ограничений в контактировании. Изменение значений показателей интенсивности контактов между подмножествами во времени отражает миграционную активность населения.

Моделирование проводилось для дискретного времени с периодом в 1 день. Значения параметров построенных моделей, выбранные для демонстрации возможностей разработанного подхода, представлены в таблице 1.

Таблица 1. Параметры моделей

Table 1. Model parameters

Параметр	Описание	Значение
β	коэффициент скорости передачи инфекции	0,14
γ	коэффициент скорости выздоровления	0,1
δ	летальность	0,2
N_{c1}	население 1-го н. п. (чел.)	10^5
N_{c2}	население 2-го н. п. (чел.)	10^5
N_{t1}	численность команды из 1-го н. п. (чел.)	2 000
N_{t2}	численность команды из 2-го н. п. (чел.)	2 000
N_w	население на месте вахтовой работы (чел.)	30 000
P	длительность вахтовой смены (дни)	50

Также для построения моделей используется матрица H из (8), которая содержит коэффициенты интенсивности контактов между подмножествами, отражающие полную или частичную изоляцию населенных пунктов и места вахтовой работы относительно друг друга.

Первая построенная модель (далее — последовательная модель) отражает ситуацию, когда между индивидами населенных пунктов нет прямых контактов. В таком случае инфекция передается последовательно через команды рабочих и место вахтовой работы.

Следующие построенные модели отражают ситуацию, когда индивиды из двух населенных пунктов могут напрямую контактировать друг с другом. Для их построения введен ненулевой параметр cf , который отражает интенсивность контактов между индивидами населенных пунктов. Далее модели, включающие параметр cf , названы слабопараллельной и параллельной в зависимости от величины cf .

Последовательная модель

Последовательная модель использует матрицу H из (8) в исходном виде. Стартовые значения количества инфицированных в подмножествах имеют следующие значения: $I_{c_1}(0) = 10, I_{c_2}(0) = I_{t_1}(0) = I_{t_2}(0) = I_w(0) = 0$.

На рис. 3–7 представлены результаты работы последовательной модели.

Из рис. 3 и 4 видно, что эпидемии в C_1 и C_2 проходили с равной интенсивностью и темпами, но с разницей во времени примерно 150 дней. Сначала эпидемия затрагивает C_1 , затем переходит в W , а затем в C_2 . Поскольку прямые контакты между индивидами данных подмножеств в модели не описаны, эпидемия была перенесена через мигрирующие подмножества T_1, T_2 .

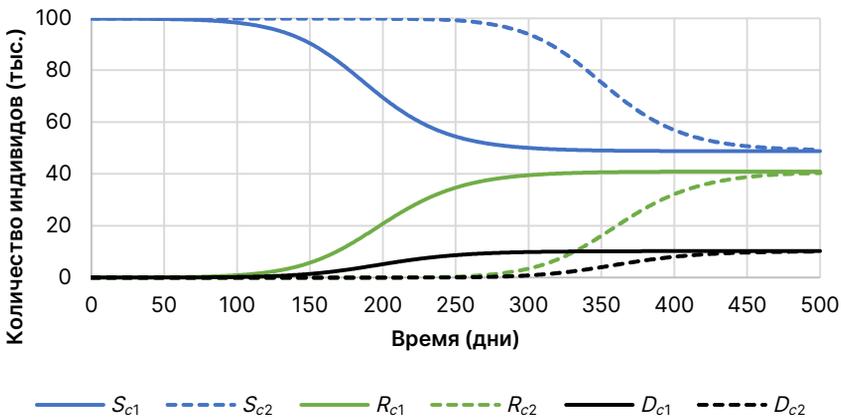


Рис. 3. Графики количества восприимчивых, выздоровевших и умерших в подмножествах C_1 и C_2

Fig. 3. Graphs of the number of susceptible, recovered and deceased in subsets C_1 and C_2

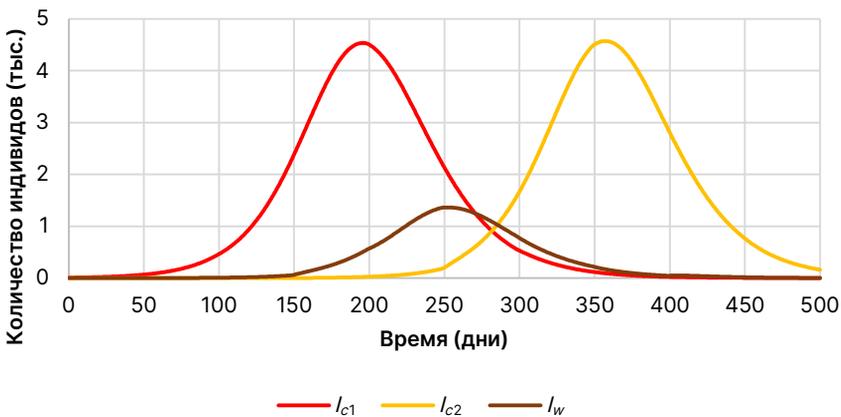


Рис. 4. Графики количества инфицированных в подмножествах C_1, C_2, W

Fig. 4. Graphs of the number of infected in subsets C_1, C_2, W

Передача инфекционной эпидемии происходит последовательно по следующим подмножествам: C_1, T_1, W, T_2, C_2 . Процесс передачи эпидемии отражают графики: на рис. 5 — между подмножествами C_1 и W через T_1 , на рис. 6 — между подмножествами W и C_2 через T_2 . Последовательное возникновение эпидемии во всех подмножествах хорошо демонстрирует рис. 7.

Стоит отметить, что на рис. 5 и 6 для каждой группы индивидов изображена доля ее численности от общей численности соответствующего подмножества. Данный вид отображения позволяет сопоставить скорость распространения инфекционного заболевания между подмножествами с различной численностью индивидов.

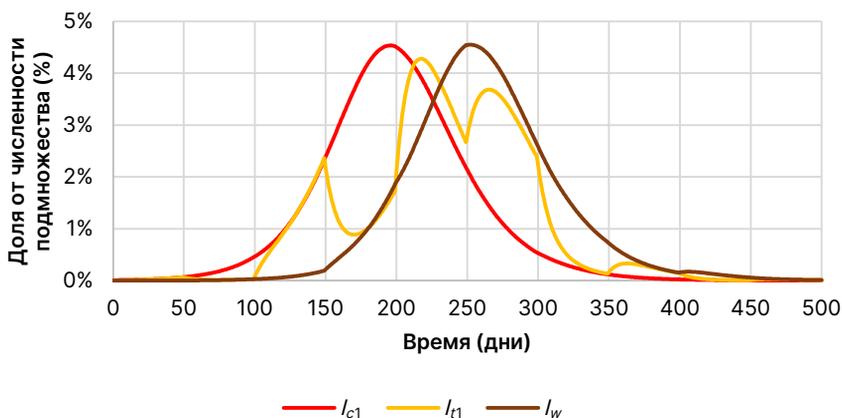


Рис. 5. Графики доли инфицированных от общей численности соответствующих подмножеств C_1, T_1, W

Fig. 5. Graphs of the proportion of infected from the total number of relevant subsets C_1, T_1, W

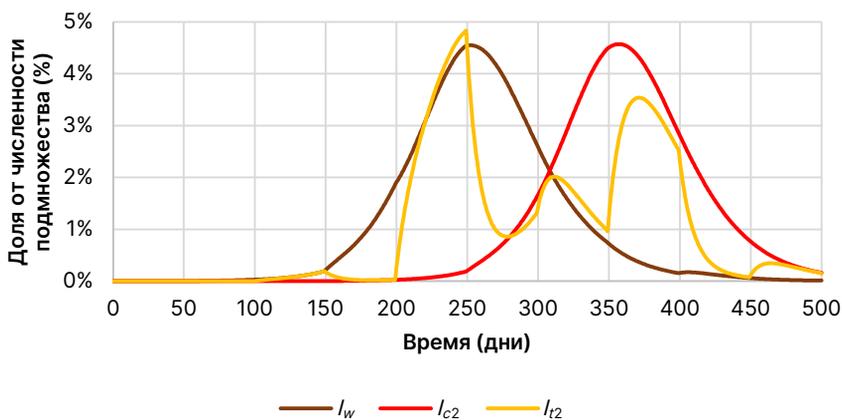


Рис. 6. Графики доли инфицированных от общей численности соответствующих подмножеств C_2, T_2, W

Fig. 6. Graphs of the proportion of infected from the total number of relevant subsets C_2, T_2, W

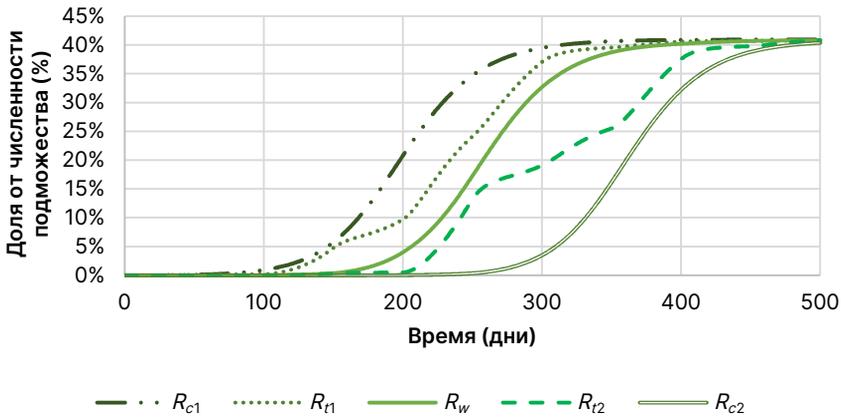


Рис. 7. Графики доли выздоровевших во всех подмножествах

Fig. 7. Graphs of the proportion of recovered in all subsets

Как видно из рис. 5, доля инфицированных в подмножестве T_1 поочередно стремится выровняться с таковой в подмножествах C_1 и W . Динамика данного показателя соответствует эпизодам, когда подмножество T_1 являлось смежным с подмножествами C_1 или W . Под смежными понимаются подмножества, между которыми коэффициенты интенсивности контактов не равны нулю. Смежность подмножеств T_1 и C_1 обусловлена коэффициентом mf_1 , равным 1 в соответствующие периоды времени. В свою очередь, коэффициент mf_2 обуславливает смежность подмножеств T_1 и W в остальные периоды времени.

Аналогичная картина наблюдается с динамикой изменения доли инфицированных подмножества T_2 , продемонстрированной на рис. 6. Стремление данного показателя приблизиться к значению доли инфицированных в подмножествах W и C_2 в различные периоды времени отражает поочередную смежность подмножества T_2 с W и C_2 . Подобное взаимодействие между подмножествами также обусловлено значениями коэффициентов mf_1 и mf_2 .

Таким образом, при наличии ненулевого коэффициента интенсивности контактов происходит передача инфекции между подмножествами. При этом доли инфицированных в подмножествах со временем становятся равными.

На рис. 7 численность выздоровевших индивидов в каждом подмножестве также отображена в виде доли от населения соответствующего подмножества. После прохождения эпидемии в каждом подмножестве накапливается примерно равная доля выздоровевших, составляющая около 40% населения.

Для распространения эпидемии между подмножествами был определен единственный путь, затрагивающий подмножества в следующем порядке: первый населенный пункт — первая команда — место вахтовой работы — вторая команда — второй населенный пункт. Периодическая миграция команд рабочих обуславливает временную задержку в распространении инфекции. Продолжительность вахтовой смены и, как следствие, периода, через который меняется местоположение команд рабочих, была выбрана равной 50 дням. Таким образом, всю модель можно анализировать по периодам в 50 дней.

Моделируемая ситуация начинается с периода интенсивного взаимодействия между индивидами первого населенного пункта и первой команды, находящейся там в условиях возникающей эпидемии. Дальнейшее распространение инфекции от первой команды рабочих к индивидам на месте вахтовой работы возможно через 50 дней, что соответствует следующему периоду времени, когда индивиды первой команды придут на место вахтовой работы. В этот период индивиды с места вахтовой работы не контактируют с индивидами из второй команды рабочих, поэтому появление инфекции во второй команде возможно только в третий период времени, который соответствует периоду прибытия второй команды на вахту. Во второй населенный пункт инфекция может попасть только после завершения третьего периода, когда индивиды второй команды вернутся с вахтовой смены. Таким образом, появление первых инфицированных во втором населенном пункте возможно только спустя три полных периода моделирования после появления таких в первом населенном пункте, что соответствует 150 дням. Именно такую задержку в появлении пика эпидемии мы наблюдаем на рис. 4.

Таким образом, последовательная модель отражает ситуацию последовательной передачи инфекции от первого населенного пункта к месту вахтовой работы и далее к следующему населенному пункту через курсирующие между ними команды работников вахтового метода.

Слабопараллельная модель

Для данной модели используется ненулевой коэффициент cf , после введения которого матрица H из (8) приобретает следующий вид:

$$H = \begin{vmatrix} 1 & cf & mf_1 & 0 & 0 \\ cf & 1 & 0 & mf_2 & 0 \\ mf_1 & 0 & 1 & 0 & mf_2 \\ 0 & mf_2 & 0 & 1 & mf_1 \\ 0 & 0 & mf_2 & mf_1 & 1 \end{vmatrix}. \quad (9)$$

Для передачи инфекции между подмножествами C_1 и C_2 появляется новый путь, параллельный передаче посредством T_1 и T_2 . Стартовые значения количества инфицированных для слабопараллельной модели оставлены без изменения, а коэффициент cf принят равным 0,004. Результаты работы модели представлены на рис. 8 и 9.

Из рис. 8 видно, что, как и в случае с последовательной моделью, эпидемия инфекции распространялась в C_1 и C_2 с примерно равной скоростью и достигла одной высоты пика. Однако разница во времени возникновения эпидемии в подмножествах C_1 и C_2 уменьшилась относительно последовательной модели до примерно 60 дней.

Изменения в процессе распространения инфекционного заболевания относительно последовательной модели наблюдаются также в подмножестве T_2 . На рис. 9 видно, что эпидемия стала проходить в один пик. Несмотря на это, число инфицированных в T_1 принципиально не изменилось.

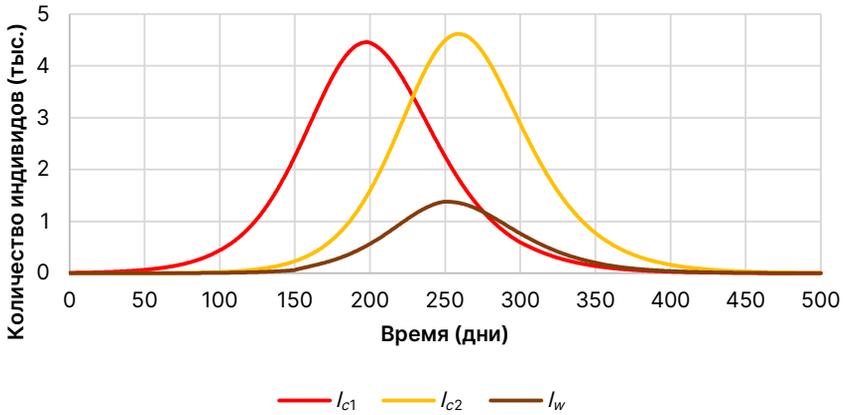


Рис. 8. Графики количества инфицированных в подмножествах C_1, C_2, W
 Fig. 8. Graphs of the number of infected in subsets C_1, C_2, W

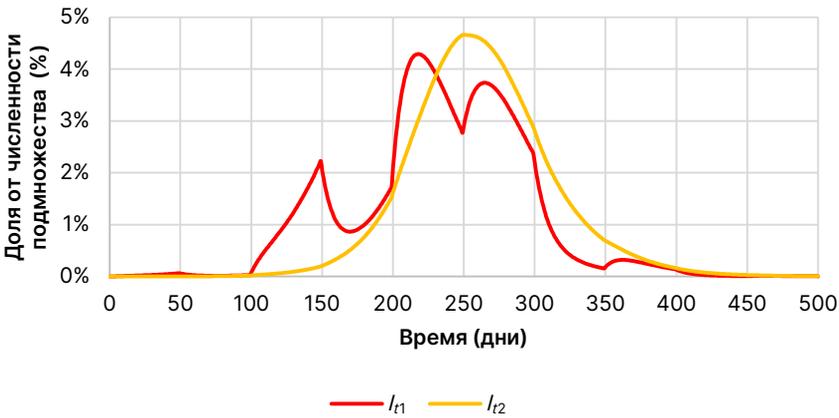


Рис. 9. Графики доли инфицированных в подмножествах T_1 и T_2
 Fig. 9. Graphs of the proportion of infected in subsets T_1 and T_2

Слабопараллельная модель отражает ситуацию, когда инфекция распространяется между двумя населенными пунктами как посредством мигрирующих до места вахтовой работы групп населения, так и в результате прямых контактов между индивидами населенных пунктов. В таком случае инфекция во втором населенном пункте появляется быстрее, чем при наличии только одного пути передачи.

Параллельная модель

Параллельная модель использует матрицу H из (9). Значение коэффициента cf принято равным 0,04, т. е. в 10 раз больше такового для слабопараллельной модели. Результаты работы модели представлены на рис. 10.

Как видно из рис. 10, эпидемии в подмножествах C_1 и C_2 происходят в примерно один момент времени. Увеличение интенсивности контактов между подмножествами C_1 и C_2

сделало прямой путь передачи инфекции преобладающим, вследствие чего пик эпидемии в подмножестве C_2 произошел меньше чем через 10 дней после такового в C_1 . Распространение инфекции в подмножестве W происходит примерно на 50 дней позже.

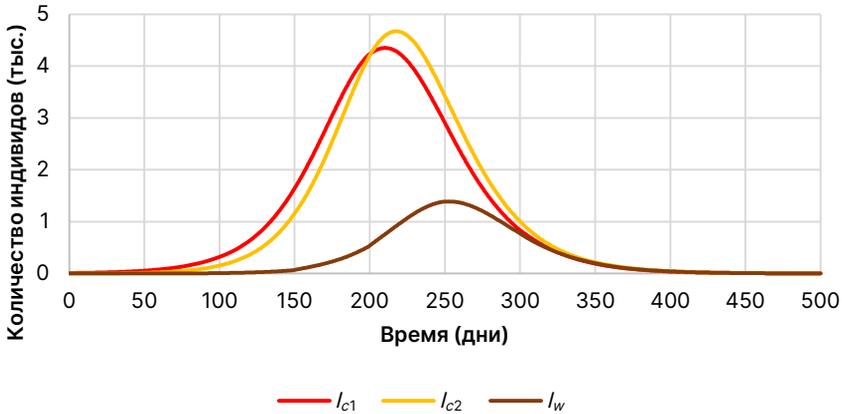


Рис. 10. Графики количества инфицированных в подмножествах C_1 , C_2 , W

Fig. 10. Graphs of the number of infected in subsets C_1 , C_2 , W

Таким образом, параллельная модель отражает ситуацию высокой интенсивности прямых контактов между индивидами населенных пунктов, что приводит к быстрому распространению эпидемии между ними. Миграция групп рабочих становится значимой только с точки зрения передачи инфекции к месту вахтовой работы.

Сравнение моделей

В слабопараллельной и параллельной моделях был введен прямой путь передачи инфекции между населенными пунктами. С увеличением интенсивности прямых контактов между населенными пунктами момент возникновения эпидемии во втором населенном пункте наблюдался раньше. Такой эффект обусловлен прямым распространением эпидемии без задержек на миграции индивидов-посредников.

На рис. 11 и 12 совместно для последовательной, слабопараллельной и параллельной моделей представлены графики количества индивидов из различных групп без деления популяции на подмножества.

Графики на рис. 11, отражающие динамику количества инфицированных, отличаются по высоте пиков и их длительности в различных моделях. Настоящие результаты говорят о том, что последовательность распространения инфекции между подмножествами индивидов влияет на максимальное достигаемое в период эпидемии количество инфицированных в популяции, а также на период, в течение которого в популяции присутствуют инфицированные индивиды. Рис. 12 показывает, что итоговые количества восприимчивых, выздоровевших и умерших в разных моделях сошлись на одном уровне. Таким образом, суммарное число индивидов, которые перенесли инфекционное заболевание, не зависит от порядка распространения инфекции между подмножествами индивидов.

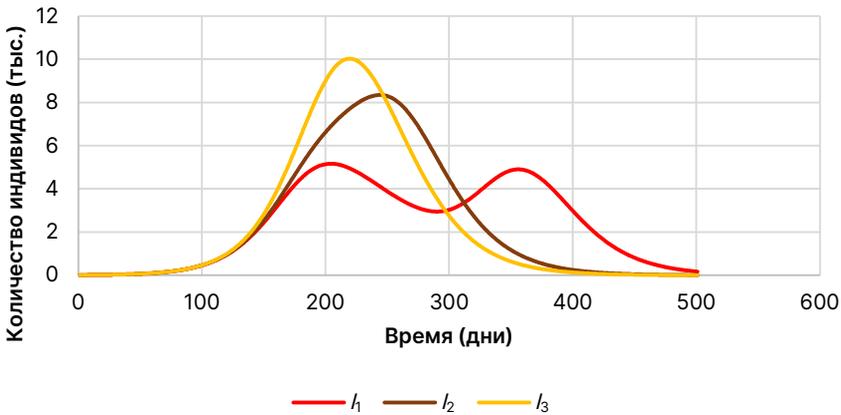


Рис. 11. Графики количества инфицированных во всей популяции для трех моделей: 1 — последовательной, 2 — слабопараллельной, 3 — параллельной

Fig. 11. Graphs of the number of infected in the entire population for three models: 1 — serial, 2 — weakly parallel, 3 — parallel

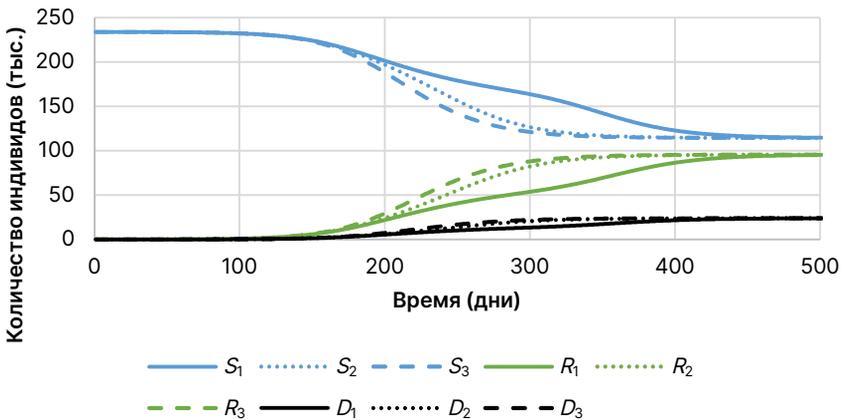


Рис. 12. Графики количества восприимчивых, выздоровевших и умерших во всей популяции для трех моделей: 1 — последовательной, 2 — слабопараллельной, 3 — параллельной

Fig. 12. Graphs of the number of susceptible, recovered and deceased in the entire population for three models: 1 — serial, 2 — weakly parallel, 3 — parallel

Заключение

Результаты построенных моделей распространения эпидемии в популяции с постоянным размером и плотностью населения, с различными показателями интенсивности контактов между подмножествами индивидов отличаются по динамике распространения инфекции и имеют идентичные конечные показатели количества индивидов, перенесших заболевание.

Применение описанного подхода позволяет моделировать распространение эпидемии в нескольких подмножествах популяции с учетом контактов между ними. Использование зависимых от времени коэффициентов интенсивности контактов позволяет моделировать мигрирующие подмножества популяции.

С помощью предложенного подхода построены модели, описывающие распространение эпидемии инфекционного заболевания в условиях вахтового режима работы. Модели демонстрируют последовательную передачу инфекции между двумя населенными пунктами через мигрирующие команды рабочих и место прохождения вахтовой работы. Таким образом, представленные модели отражают ситуации, соответствующие реальным процессам распространения инфекционного заболевания из крупных населенных пунктов в отдаленные регионы через бригады вахтовых работников [Родкин, Пунанова, 2020].

Предложенный подход позволяет реализовать такую систему имитационного моделирования эпидемии инфекционного заболевания, которая будет учитывать миграционные и географические факторы, а также особенности локального распространения инфекций в зависимости от характера взаимодействия участников производственных процессов.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

- Андреев Д. А., Хачанова Н. В., Степанова В. Н., Башлакова Е. Е., Евдошенко Е. П., Давыдовская М. В. 2017. Стандартизация моделирования прогрессирования хронических заболеваний // Проблемы стандартизации в здравоохранении. № 9–10. С. 12–24. <http://doi.org/10.26347/1607-2502201709-10012-024>
- Еремеева Н. И. 2021. Численное моделирование влияния карантинных мер на динамику эпидемиологического процесса на основе SEIRD-модели // Вестник Тюменского государственного университета. Физико-математическое моделирование. Нефть, газ, энергетика. Том 7. № 2 (26). С. 170–187. <http://doi.org/10.21684/2411-7978-2021-7-2-170-187>
- Кондратьев М. А. 2013. Методы прогнозирования и модели распространения заболеваний // Компьютерные исследования и моделирование. Том 5. № 5. С. 863–882.
- Пучков А. Л. 2007. Организация труда вахтовым методом на нефтегазодобывающих предприятиях Западной Сибири // Вестник Томского государственного университета. № 296. С. 219–222.
- Родкин М. В., Пунанова С. А. 2020. Вторая волна эпидемии коронавируса — влияние на нефтегазовую отрасль, научную и образовательную сферы // Уральский геологический журнал. № 6 (138). С. 74–85.
- Ханин Г. И., Фомин Д. А. 2020. Экономические последствия эпидемии коронавируса в России на фоне мирового опыта // Journal of Economic Regulation (Вопросы регулирования экономики). Том 11. № 2. С. 6–18. <http://doi.org/10.17835/2078-5429.2020.11.2.006-018>
- Яковлев С. А. 2017. Инфекционные заболевания как глобальная проблема современности // Территория науки. № 1. С. 20–23.
- Янчевская Е. Ю., Меснянкина О. А. 2019. Математическое моделирование и прогнозирование в эпидемиологии инфекционных заболеваний // Вестник Российского университета дружбы народов. Серия: Медицина. Том 23. № 3. С. 328–334. <http://doi.org/10.22363/2313-0245-2019-23-3-328-334>

- Araz O. M., Fowler J. W., Lant T. W., Jehn M. 2009. A pandemic influenza simulation model for preparedness planning // *Proceedings of the 2009 Winter Simulation Conference (WSC)* (13-16 December 2009, Austin, TX, USA). Pp. 1986–1995. <http://doi.org/10.1109/WSC.2009.5429732>
- Bichara D., Iggidr A., Sallet G. 2014. Global analysis of multi-strains SIS, SIR and MSIR epidemic models // *Journal of Applied Mathematics and Computing*. Vol. 44. No. 1. Pp. 273–292. <https://doi.org/10.1007/s12190-013-0693-x>
- Brauer F. 2008. Compartmental models in epidemiology // *Mathematical Epidemiology* / F. Brauer, P. van den Driessche, J. Wu (eds.). Heidelberg: Springer. Pp. 19–79. https://doi.org/10.1007/978-3-540-78911-6_2
- Calafiore G. C., Novara C., Possieri C. 2020. A time-varying SIRD model for the COVID-19 contagion in Italy // *Annual Reviews in Control*. Vol. 50. Pp. 361–372. <https://doi.org/10.1016/j.arcontrol.2020.10.005>
- Ellison G. 2020. Implications of heterogeneous SIR models for analyses of COVID-19 // *NBER Working Papers*. Working Paper w27373. <https://doi.org/10.3386/w27373>
- Fernández-Villaverde J., Jones C. I. 2022. Estimating and simulating a SIRD model of COVID-19 for many countries, states, and cities // *Journal of Economic Dynamics and Control*. Vol. 140. Article 104318. <https://doi.org/10.1016/j.jedc.2022.104318>
- Goel R., Sharma R. 2020. Mobility based SIR model for pandemics — With case study of COVID-19 // *2020 IEEE/ACM International Conference on Advances in Social Networks Analysis and Mining (ASONAM)* (7–10 December 2020, The Hague, Netherlands). Pp. 110–117. <https://doi.org/10.1109/ASONAM49781.2020.9381457>
- Kermack W. O., McKendrick A. G. 1991. Contributions to the mathematical theory of epidemics — I // *Bulletin of Mathematical Biology*. Vol. 53. No. 1–2. Pp. 33–55. [https://doi.org/10.1016/S0092-8240\(05\)80040-0](https://doi.org/10.1016/S0092-8240(05)80040-0)
- Muroya Y., Enatsu Y., Kuniya T. 2013. Global stability of extended multi-group sir epidemic models with patches through migration and cross patch infection // *Acta Mathematica Scientia*. Vol. 33. No. 2. Pp. 341–361. [https://doi.org/10.1016/S0252-9602\(13\)60003-X](https://doi.org/10.1016/S0252-9602(13)60003-X)
- Sen D., Sen D. 2021. Use of a modified SIRD model to analyze COVID-19 data // *Industrial & Engineering Chemistry Research*. Vol. 60. No. 11. Pp. 4251–4260. <https://doi.org/10.1021/acs.iecr.0c04754>
- Silal Sh. P., Little F., Barnes K. I., White L. J. 2016. Sensitivity to model structure: A comparison of compartmental models in epidemiology // *Health Systems*. Vol. 5. No. 3. Pp. 178–191. <https://doi.org/10.1057/hs.2015.2>
- Weiss H. H. 2013. The SIR model and the foundations of public health // *MATerials MATematics*. Vol. 2013. No. 3. 17 p.

References

- Andreev, D. A., Khachanova, N. V., Stepanova, V. N., Bashlakova, E. E., Evdoshenko, E. P., & Davydovskaia, M. V. (2017). Standardized modeling of the chronic disease progression (review). *Health Care Standardization Problems*, (9–10), 12–24. <http://doi.org/10.26347/1607-2502201709-10012-024> [In Russian]
- Eremeeva, N. I. (2021). Numerical modeling of the impact of quarantine measures on the dynamics of the epidemiological process based on the SEIRD model. *Tyumen State University*

- Herald. Physical and Mathematical Modeling. Oil, Gas, Energy*, 7(2), 170–187. <http://doi.org/10.21684/2411-7978-2021-7-2-170-187> [In Russian]
- Kondratyev, M. A. (2013). Forecasting methods and models of disease spread. *Computer Research and Modeling*, 5(5), 863–882. [In Russian]
- Puchkov, A. L. (2007). The organization work by the method at the oil and gas extraction enterprises of the Western Siberia. *Tomsk State University Journal*, (296), 219–222. [In Russian]
- Rodkin, M. V., & Punanova, S. A. (2020). The second wave of the coronavirus epidemic — Impact on oil and gas industry, scientific and educational spheres. *Uralian Geological Journal*, (6), 74–85. [In Russian]
- Khanin, G. I., & Fomin, D. A. (2020). Economic consequences of the coronavirus epidemic in Russia amid the world experience. *Journal of Economic Regulation*, 11(2), 6–18. <http://doi.org/10.17835/2078-5429.2020.11.2.006-018> [In Russian]
- Yakovlev, S. A. (2017). Infectious diseases as a global problem of our time. *Territoriya nauki*, (1), 20–23. [In Russian]
- Yanchevskaya, E. Yu., & Mesnyankina, O. A. (2019). Mathematical modeling and forecasting in the epidemiology of infectious diseases. *RUDN Journal of Medicine*, 23(3), 328–334. <https://doi.org/10.22363/2313-0245-2019-23-3-328-334> [In Russian]
- Araz, O. M., Fowler, J. W., Lant, T. W., & Jehn, M. (2009). A pandemic influenza simulation model for preparedness planning. *Proceedings of the 2009 Winter Simulation Conference (WSC)*, 1986–1995. <http://doi.org/10.1109/WSC.2009.5429732>
- Bichara, D., Iggidr, A., & Sallet, G. (2014). Global analysis of multi-strains SIS, SIR and MSIR epidemic models. *Journal of Applied Mathematics and Computing*, 44(1), 273–292. <https://doi.org/10.1007/s12190-013-0693-x>
- Brauer, F. (2008). Compartmental models in epidemiology. In F. Brauer, P. van den Driessche, & J. Wu (Eds.), *Mathematical Epidemiology* (pp. 19–79). Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-540-78911-6_2
- Calafiore, G. C., Novara, C., & Possieri, C. (2020). A time-varying SIRD model for the COVID-19 contagion in Italy. *Annual Reviews in Control*, 50, 361–372. <https://doi.org/10.1016/j.arcontrol.2020.10.005>
- Ellison, G. (2020). Implications of heterogeneous SIR models for analyses of COVID-19. *NBER Working Paper Series*, w27373. <https://doi.org/10.3386/w27373>
- Fernández-Villaverde, J., & Jones, C. I. (2022). Estimating and simulating a SIRD model of COVID-19 for many countries, states, and cities. *Journal of Economic Dynamics and Control*, 140, Article 104318. <https://doi.org/10.1016/j.jedc.2022.104318>
- Goel, R., & Sharma, R. (2020). Mobility based SIR model for pandemics — With case study of COVID-19. *2020 IEEE/ACM International Conference on Advances in Social Networks Analysis and Mining (ASONAM)*, 110–117. <https://doi.org/10.1109/ASONAM49781.2020.9381457>
- Kermack, W. O., & McKendrick, A. G. (1991). Contributions to the mathematical theory of epidemics — I. *Bulletin of Mathematical Biology*, 53(1–2), 33–55. [https://doi.org/10.1016/S0092-8240\(05\)80040-0](https://doi.org/10.1016/S0092-8240(05)80040-0)
- Muroya, Y., Enatsu, Y., & Kuniya, T. (2013). Global stability of extended multi-group sir epidemic models with patches through migration and cross patch infection. *Acta Mathematica Scientia*, 33(2), 341–361. [https://doi.org/10.1016/S0252-9602\(13\)60003-X](https://doi.org/10.1016/S0252-9602(13)60003-X)

- Sen, D., & Sen, D. (2021). Use of a modified SIRD model to analyze COVID-19 data. *Industrial & Engineering Chemistry Research*, 60(11), 4251–4260. <https://doi.org/10.1021/acs.iecr.0c04754>
- Silal, Sh. P., Little, F., Barnes, K. I., & White, L. J. (2016). Sensitivity to model structure: A comparison of compartmental models in epidemiology. *Health Systems*, 5(3), 178–191. <https://doi.org/10.1057/hs.2015.2>
- Weiss, H. H. (2013). The SIR model and the foundations of public health. *MATerials MATematics*, 2013(3).

Информация об авторах

Павел Николаевич Подзолков, аспирант, кафедра программного обеспечения, Институт математики и компьютерных наук, Тюменский государственный университет, Тюмень, Россия

p.n.podzolkov@utmn.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1335-8445>

Ирина Гелиевна Захарова, кандидат физико-математических наук, профессор, кафедра программного обеспечения, Институт математики и компьютерных наук, Тюменский государственный университет, Тюмень, Россия

i.g.zakharova@utmn.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4211-7675>

Information about the authors

Pavel N. Podzolkov, Postgraduate Student, Department of Software, Institute of Mathematics and Computer Science, University of Tyumen, Tyumen, Russia

p.n.podzolkov@utmn.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1335-8445>

Irina G. Zakharova, Cand. Sci. (Phys.-Math.), Professor, Department of Software, Institute of Mathematics and Computer Science, University of Tyumen, Tyumen, Russia

i.g.zakharova@utmn.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4211-7675>