

Нина Игоревна ЕРЕМЕЕВА¹

УДК 001.891.573

ЧИСЛЕННОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ ВЛИЯНИЯ КАРАНТИННЫХ МЕР НА ДИНАМИКУ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО ПРОЦЕССА НА ОСНОВЕ SEIRD-МОДЕЛИ

¹ кандидат физико-математических наук,
доцент кафедры «Высшая математика»,
Дмитровградский инженерно-технологический институт,
филиал Национального исследовательского ядерного университета МИФИ
vm-diti.mifi@yandex.ru; ORCID: 0000-0001-6160-2572

Аннотация

Эпидемия COVID-19 еще раз продемонстрировала, как важно уметь предсказывать развитие различных процессов и просчитывать последствия тех или иных действий. «Насколько результативным является ввод жесткого карантина?» и «Способен ли он остановить эпидемию?» — вопросы, на которые до сих пор нет однозначного ответа. Данная статья — попытка ответить на эти вопросы с привлечением средств математического моделирования. Для проведения исследований была использована SEIRD-модель, модифицированная с учетом особенностей распространения COVID-19. SEIRD-модель относится к классу дифференциальных динамических моделей, что дает возможность оперативно проводить эксперименты для прогнозирования распространения заболевания и расчета степени влияния на развитие процесса определенных параметров. В статье на основе численного моделирования демонстрируется, что недостаточные по длительности карантинные меры дают только временный эффект. А именно: после их завершения при недостаточном уровне «популяционного иммунитета» эпидемия опять начинает разрастаться и возникает второй пик заболеваемости. В работе проведены численные расчеты, позволяющие отследить влияние на динамику эпидемио-

Цитирование: Еремеева Н. И. Численное моделирование влияния карантинных мер на динамику эпидемиологического процесса на основе SEIRD-модели / Н. И. Еремеева // Вестник Тюменского государственного университета. Физико-математическое моделирование. Нефть, газ, энергетика. 2021. Том 7. № 2 (26). С. 170-187.
DOI: 10.21684/2411-7978-2021-7-2-170-187

логического процесса длительности и степени жесткости карантинных мероприятий. Численным образом установлено, что жесткие ограничительные мероприятия не всегда эффективны, что кратковременные жесткие меры дают меньший эффект нежели более мягкие, но длительные меры. В статье приведен пример нахождения параметров карантинных мероприятий, обеспечивающих в ходе эпидемии фиксированные ограничения по уровню заболеваемости.

Ключевые слова

Математическое моделирование, численный эксперимент, дифференциальные динамические модели, SEIRD-модель, COVID-19, распространение эпидемии, карантинные мероприятия.

DOI: 10.21684/2411-7978-2021-7-2-170-187

Введение

Эпидемия COVID-19, затронувшая все страны и континенты и изменившая жизнь миллионов людей, еще раз продемонстрировала, как важно уметь прогнозировать развитие процессов любой природы и определять степень влияния на эти процессы тех или иных мероприятий.

В настоящее время основным инструментом для исследования динамики распространения инфекционных заболеваний является математическое компьютерное моделирование [3, 4]. Использование современных ЭВМ дало возможность быстро просчитывать возможные сценарии развития и определять необходимые меры для предотвращения неблагоприятных последствий.

Среди множества существующих математических моделей, описывающих распространение эпидемии, особое место занимают дифференциальные динамические модели [1, 10], которые, несмотря на некоторую упрощенность по сравнению со стохастическими моделями, дают возможность не только проводить прогнозирование распространения инфекции на основе анализа текущей ситуации, но и просчитывать степень влияния на развитие процесса определенных параметров.

Одним из наиболее важных вопросов, возникающих в связи с дальнейшим распространением эпидемии COVID-19, является вопрос оправданности и эффективности жестких ограничительных мероприятий. Цель работы — попытка найти ответ на этот вопрос с привлечением средств математического моделирования.

Методы

Выбор базовой математической модели для описания распространения эпидемии COVID-19

Большинство известных динамических математических моделей распространения инфекционных заболеваний построены на основе SIR-модели, предложенной

в 1927 г. Андерсоном Маккендриком и Уильямом Кермаком [7, 9]. Согласно этой модели, в популяции выделяются 3 основные группы, взаимодействующие друг с другом:

- восприимчивые (Susceptible),
- инфицированные (Infected),
- выздоровевшие (Recovered).

Позднее были созданы модели, использующие те же принципы описания эпидемиологического процесса, но рассматривающие другие способы деления популяции на группы: SIS, SIRS [5], MSEIR, SEIR, SEIRS, SEIS [6], SEIHFR [8], MSIR, SIRD, MSIR, SEIS, MSEIRS, SEIRD [2].

Заметим, что модель, описывающая распространение COVID-19, должна учитывать тот факт, что у болезни есть инкубационный период (существуют латентные носители вируса), а также в выделенных классах должен присутствовать класс «умершие», так как параметр «смертность» является значимым при рассмотрении данной эпидемии.

Таким образом, для описания распространения эпидемии COVID-19 из перечисленных выше моделей наиболее подходящей является SEIRD-модель, которая делит популяцию на 5 групп:

- восприимчивые ($S(t)$),
- латентные ($E(t)$),
- инфицированные ($I(t)$),
- выздоровевшие ($R(t)$),
- умершие ($D(t)$).

Согласно данной модели [2], динамика эпидемиологического процесса описывается системой дифференциальных уравнений:

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta \frac{S(t)I(t)}{N}, \\ \frac{dE(t)}{dt} = \beta \frac{S(t)I(t)}{N} - \delta E(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \delta E(t) - (\gamma + \mu)I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t), \\ \frac{dD(t)}{dt} = \mu I(t), \end{cases} \quad (1)$$

в которой $N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t) + D(t) = \text{const}$ — численность популяции; β — коэффициент, отражающий вероятность получения болезни в случае контакта восприимчивого индивидуума с инфицированным; μ — коэффициент смертности; γ — коэффициент, характеризующий скорость выздоровления инфицированного индивидуума; δ — коэффициент, отражающий скорость перехода из латентной фазы в фазу инфицирования.

Модификация SEIRD-модели с учетом особенностей течения эпидемии COVID-19

Для получения соответствия SEIRD-модели процессу распространения COVID-19 внесем в выбранную модель изменения, учитывающие следующие особенности этой COVID-эпидемии:

- 1) заразность латентных носителей вируса,
- 2) строгая изоляция выявленных больных,
- 3) введение масштабных карантинных мер.

Для учета описанных особенностей разделим группу $I(t)$ на две подгруппы:

- инфицированные с бессимптомным течением болезни $I_1(t)$,
- инфицированные, имеющие явные признаки заболевания $I_2(t)$.

Будем предполагать, что в результате жесткой изоляции или госпитализации пациенты с явными признаками заболевания лишаются возможности заражать восприимчивых, а бессимптомные инфицированные обязательно излечиваются, то есть не могут перейти в класс умерших. При этом, очевидно, должно выполняться условие:

$$I(t) = I_1(t) + I_2(t).$$

На рис. 1 показана схема перехода между выделенными группами популяции.

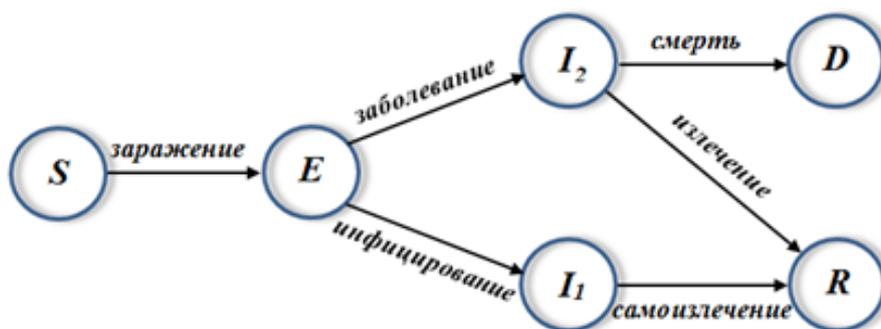


Рис. 1. Схема перехода между группами популяции

Fig. 1. The scheme of the transition between population groups

Рассмотрим динамику процесса. Число восприимчивых индивидуумов $S(t)$ уменьшается за счет контакта и заражения от $E(t)$ — латентных индивидуумов — или от $I_1(t)$ — инфицированных индивидуумов, не находящихся в изоляции. Пусть α — коэффициент, отражающий вероятность получения болезни в случае контакта восприимчивого индивидуума с латентным; β — в случае контакта с инфицированным, не находящимся в изоляции. Тогда:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta \frac{S(t)I_1(t)}{N} - \alpha \frac{S(t)E(t)}{N}. \quad (2)$$

Число латентных носителей увеличивается за счет контакта и заражения от $E(t)$ и $I_1(t)$, а также в результате перехода латентных в разряд инфицированных вследствие завершения инкубационного периода. Следовательно,

$$\frac{dE(t)}{dt} = \beta \frac{S(t)I_1(t)}{N} + \alpha \frac{S(t)E(t)}{N} - \delta E(t), \quad (3)$$

где $\delta = 1/T_3$, T_3 — среднее время инкубационного периода.

Аналогично

$$\frac{dI(t)}{dt} = \delta E(t) - (\gamma_1 I_1(t) + \gamma_2 I_2(t)) - \mu I_2(t), \quad (4)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma_1 I_1(t) + \gamma_2 I_2(t), \quad (5)$$

$$\frac{dD(t)}{dt} = \mu I_2(t), \quad (6)$$

где γ_1 — коэффициент, отражающий скорость выздоровления инфицированных, имеющих явные признаки заболевания ($\gamma_1 = 1/T_1$, T_1 — среднее время болезни); γ_2 — коэффициент, отражающий скорость появления иммунитета у инфицированных, при отсутствии явных проявлений болезни ($\gamma_2 = 1/T_2$, T_2 — среднее время перехода к полному выздоровлению в случае бессимптомного заболевания); μ — коэффициент смертности инфицированных, имеющих явные признаки заболевания.

Из перечисленных выше признаков течения COVID-эпидемии остался неучтенным факт введения масштабных карантинных мер. При этом математическая модель должна учитывать и длительность, и степень жесткости, и момент введения карантина.

Введение ограничительных мероприятий уменьшает вероятность встречи восприимчивых с латентными или больными без явных признаков инфекции, то есть изменятся уравнения (2) и (3).

Для учета карантинных мер используем дополнительный переменный параметр $\rho(t)$, равный 1 при отсутствии ограничительных мероприятий и уменьшающийся до 0 при введении полной изоляции. Тогда уравнения (2) и (3) запишутся в виде:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\rho(t) \left(\beta \frac{S(t)I_1(t)}{N} + \alpha \frac{S(t)E(t)}{N} \right), \quad (7)$$

$$\frac{dE(t)}{dt} = \rho(t) \left(\beta \frac{S(t)I_1(t)}{N} + \alpha \frac{S(t)E(t)}{N} \right) - \delta E(t). \quad (8)$$

Для удобства проведения численных расчетов перейдем от абсолютных значений численности выделенных групп популяции к относительным, для этого выполним замену переменных:

$$\begin{aligned} \tilde{S}(t) &= \frac{S(t)}{N}, \quad \tilde{E}(t) = \frac{E(t)}{N}, \quad \tilde{I}(t) = \frac{I(t)}{N}, \quad \tilde{I}_i(t) = \frac{I_i(t)}{N}, \\ i = 1, 2, \quad \tilde{R}(t) &= \frac{R(t)}{N}, \quad \tilde{D}(t) = \frac{D(t)}{N}. \end{aligned} \quad (9)$$

Кроме того, будем предполагать, что доля бессимптомных больных от общего количества заразившихся вирусом постоянна и равна η , а значит,

$$I_1(t) = \eta I(t), \quad I_2(t) = (1 - \eta)I(t). \quad (10)$$

Таким образом, приходим к следующей системе уравнений, описывающих динамику распространения эпидемии:

$$\left\{ \begin{aligned} \frac{d\tilde{S}(t)}{dt} &= -\rho(t) \left(\alpha \tilde{S}(t) \tilde{E}(t) + \beta \eta \tilde{S}(t) \tilde{I}(t) \right), \\ \frac{d\tilde{E}(t)}{dt} &= \rho(t) \left(\alpha \tilde{S}(t) \tilde{E}(t) + \beta \eta \tilde{S}(t) \tilde{I}(t) \right) - \delta \tilde{E}(t), \\ \frac{d\tilde{I}(t)}{dt} &= \delta \tilde{E}(t) - \left(\gamma_1 \eta \tilde{I}(t) + \gamma_2 (1 - \eta) \tilde{I}(t) \right) - \tilde{\mu} \tilde{I}(t), \\ \frac{d\tilde{R}(t)}{dt} &= \gamma_1 \eta \tilde{I}(t) + \gamma_2 (1 - \eta) \tilde{I}(t), \\ \frac{d\tilde{D}(t)}{dt} &= \tilde{\mu} \tilde{I}(t), \end{aligned} \right. \quad (11)$$

при этом обозначено $\tilde{\mu} = \mu(1 - \eta)$ — коэффициент смертности, вычисляемый от общего количества заболевших $I(t)$.

Результаты и обсуждение

Численные расчеты

Целью численных расчетов будет не описание и прогнозирование распространения COVID-19 в определенном регионе на основе реальных статистических данных, а демонстрация возможностей использования динамической модели для исследования влияния на ход эпидемии различных параметров, в частности длительности и степени жесткости карантинных мероприятий.

Предположим, что численность рассматриваемой популяции $N = 1\,500\,000$. И процесс распространения эпидемии только начинается. А именно:

- начальное количество инфицированных $I(0) = 100$,
- начальное количество латентных $E(0) = 100$,
- начальное количество выздоровевших $R(0) = 0$,
- начальное количество умерших $D(0) = 0$.

Будем считать, что коэффициент смертности — $\mu = 0,015$, а доля инфицированных с бессимптомным течением болезни — $\eta = 0,7$. Кроме того, $\gamma_1 = 1/T_1 = 0,071$, $\gamma_2 = 1/T_2 = 0,111$, $\delta = 1/T_3 = 0,167$, где $T_1 = 14$ — среднее время

болезни, а $T_2 = 9$ — среднее время перехода к полному выздоровлению в случае бессимптомного заболевания, $T_3 = 6$ — среднее время инкубационного периода.

Коэффициенты, характеризующие вероятность заражения при контакте с инфицированным или латентным носителем вируса, примем равными $\alpha = 0,075$, $\beta = 0,1$.

Проведем численный эксперимент, моделирующий динамику численностей выделенных популяционных групп. При этом рассмотрим два случая:

- 1) жесткие карантинные меры не введены,
- 2) введены карантинные меры, действующие с 200-го по 400-й дни эпидемии и достигающие в пике уменьшения количества возможных заражений в два раза.

На рис. 2, 3 и 4 представлены графики зависимостей от времени долей умерших, инфицированных и восприимчивых (наиболее значимых для характеристики динамики групп популяции) в случае отсутствия карантинных мер. Численные расчеты реализованы в математическом пакете Maple.

Заметим, что пик эпидемии приходится примерно на 375-й день, когда количество восприимчивых снижается до 79% от рассматриваемой популяции. Окончательно эпидемия идет на спад примерно на уровне 62,5% восприимчивых от общей численности.

Выясним, используя построенную математическую модель, как изменится динамика распространения эпидемии в случае использования жестких ограничительных мероприятий.

Пусть карантинные меры вводятся на 200-й день эпидемии, длительность карантина — 200 дней, а возможность контакта с носителями инфекции в пике уменьшается до двух раз.

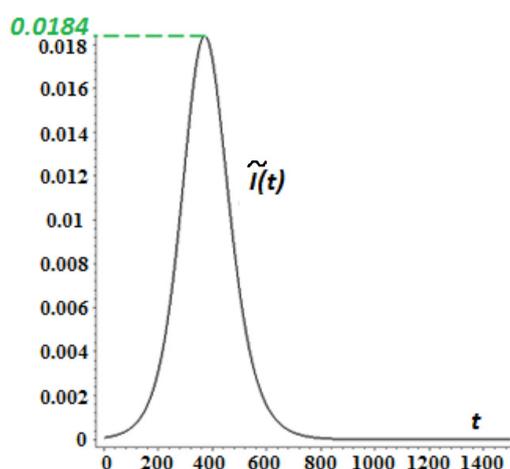


Рис. 2. График доли инфицированных в популяции $\tilde{I}(t)$ при отсутствии карантинных мер

Fig. 2. The graph of the proportion of infected people in the population $\tilde{I}(t)$ in the absence of quarantine measures

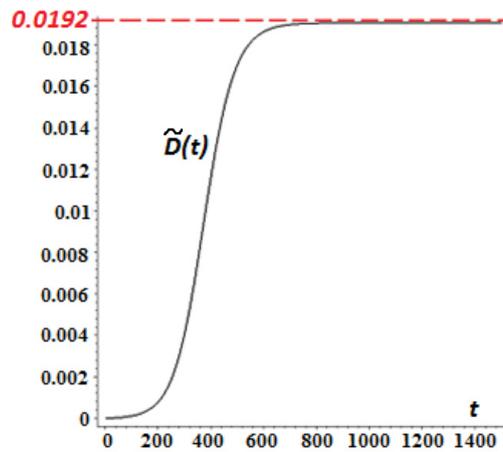


Рис. 3. График доли умерших в популяции $\tilde{D}(t)$ при отсутствии карантинных мер

Fig. 3. The graph of the proportion of deaths in population $\tilde{D}(t)$ in the absence of quarantine measures

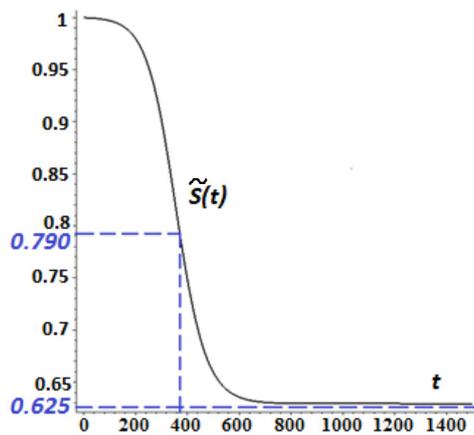


Рис. 4. График доли восприимчивых в популяции $\tilde{S}(t)$ при отсутствии карантинных мер

Fig. 4. The graph of the proportion of susceptible people in the population $\tilde{S}(t)$ in the absence of quarantine measures

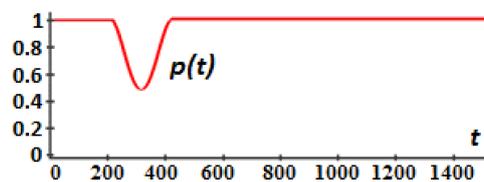


Рис. 5. График функции $\rho(t)$, $t_1 = 200$ — время введения, а $t_2 = 400$ — время окончания карантинных мер

Fig. 5. The function graph $\rho(t)$, $t_1 = 200$ — introduction time, $t_2 = 400$ — end time of quarantine measures

На рис. 5 изображен график функции

$$\rho(t) = \begin{cases} 1, & \text{если } t \in (0, 200) \cup (400, 600), \\ 0,5(0,01t - 3)^2(2 - (0,01t - 3)^2), & \text{если } t \in [200, 400], \end{cases} \quad (12)$$

соответствующей таким ограничительным мероприятиям.

По рис. 6, 7 и 8 можно проследить, какие изменения происходят с динамикой долей умерших восприимчивых и инфицированных в этом случае.

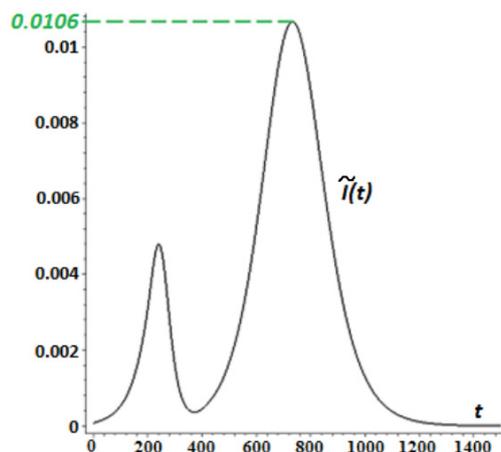


Рис. 6. График доли инфицированных в популяции $\tilde{I}(t)$ при наличии карантинных мер

Fig. 6. The graph of the proportion of infected people in the population $\tilde{I}(t)$ in the presence of quarantine measures

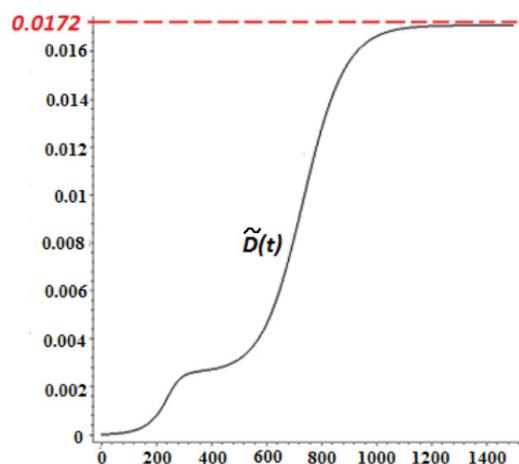


Рис. 7. График доли умерших в популяции $\tilde{D}(t)$ при наличии карантинных мер

Fig. 7. The graph of the proportion of deaths in population $\tilde{D}(t)$ in the presence of quarantine measures

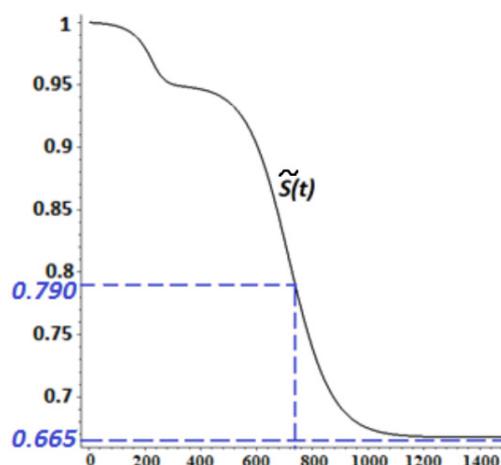


Рис. 8. График доли восприимчивых в популяции $\tilde{S}(t)$ при наличии карантинных мер

Fig. 8. The graph of the proportion of susceptible people in the population $\tilde{S}(t)$ in the presence of quarantine measures

Заметим, в случае введения описанных карантинных мер пик эпидемии наблюдается на 740-й день и соответствует 79% восприимчивых. Окончательный спад эпидемии наступает, когда доля восприимчивых переходит границу 66,5% от численности популяции.

Численный эксперимент показал, что описанные выше карантинные меры дают только временное улучшение ситуации. После отмены ограничительных мероприятий эпидемия вновь распространяется. Но введение карантина все же улучшает общую картину. Так, в результате введения ограничительных мероприятий максимальное количество инфицированных (нагрузка на медучреждения) уменьшается на 43%, а смертность на 11%. Изменился также момент выхода из эпидемии — 66,5% восприимчивых от общей численности популяции по сравнению с 62,5% в предыдущем случае.

Поставим задачу — подобрать такие по длительности и степени жесткости карантинные мероприятия, чтобы в любой момент времени количество инфицированных не превышало 0,9% от популяции.

Очевидно, что поставленная задача имеет разные варианты решения. Один из них (найденный численным образом) описывается функцией

$$\rho(t) = \begin{cases} 1, & \text{если } t \in (0, 200) \cup (600, 1500), \\ 0,31(0,01t - 3)^2 + 0,69, & \text{если } t \in [200, 300], \\ 0,69, & \text{если } t \in (300, 500), \\ 0,31(0,01t - 5)^2 + 0,69, & \text{если } t \in [500, 600], \end{cases}$$

график которой изображен на рис. 9.

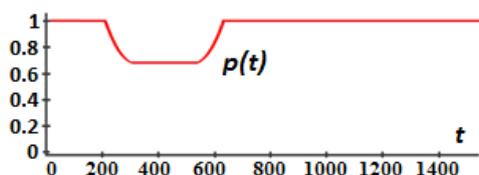


Рис. 9. График функции $\rho(t)$,
 $t_1 = 200$ — время введения,
а $t_2 = 600$ — время окончания
карантинных мер

Fig. 9. The function graph $\rho(t)$,
 $t_1 = 200$ — introduction time,
 $t_2 = 600$ — end time of quarantine
measures

На рис. 10, 11 и 12 представлены графики долей умерших и инфицированных в случае введения новых условий карантина.

Как и стоило предполагать, общие показатели улучшились. Эпидемиологическая смертность снизилась на 13,5% от исходной. Повысился также на 8% порог доли восприимчивых в популяции для окончательного выхода из эпидемии.

Отметим, что на основе проведенного численного эксперимента, можно сделать вывод, что из двух параметров — длительности и степени жесткости — наиболее важным является длительность. Численным образом мы убедились, что кратковременные жесткие меры дают меньший эффект нежели более мягкие, но длительные. Например, по степени жесткости второй карантин был более мягким, чем первый (вероятность контакта снижена на 31% против 50%), а по длительности более продолжительный (400 дней против 200). Эффективность второго карантина оказалась гораздо выше.

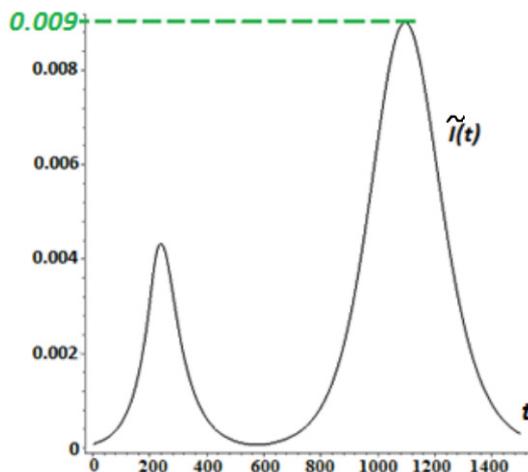


Рис. 10. График доли
инфицированных в популяции $\tilde{I}(t)$
при наличии новых карантинных мер

Fig. 10. The graph of the proportion
of infected people in the population $\tilde{I}(t)$
in the presence of new quarantine
measures

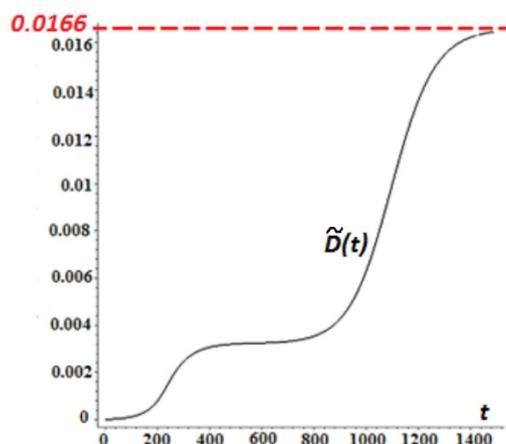


Рис. 11. График доли умерших в популяции $\tilde{D}(t)$ при наличии новых карантинных мер

Fig. 11. The graph of the proportion of deaths in the population $\tilde{D}(t)$ in the presence of new quarantine measures

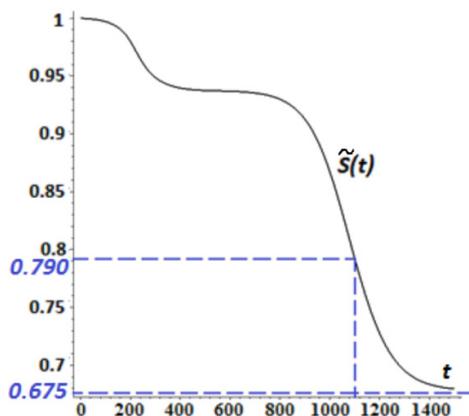


Рис. 12. График доли восприимчивых в популяции $\tilde{S}(t)$ при наличии новых карантинных мер

Fig. 12. The graph of the proportion of susceptible individuals in the $\tilde{S}(t)$ population in the presence of new quarantine measures

Составим на основе численного эксперимента графики (рис. 13, 14) и таблицу (таблица 1) максимальных значений доли инфицированных в популяции $\tilde{I}(t)$ при наличии карантинных мер разной длительности и жесткости.

На основе эксперимента можно сделать вывод, что оптимальное снижение вероятности контакта — 20%. Увеличение жесткости карантина не только не эффективно, а даже вредно. Это связано с тем, что за время жесткого карантина популяционный иммунитет вырабатывается медленно, и после отмены ограничительных мероприятий неизбежный «второй пик» поднимается выше.

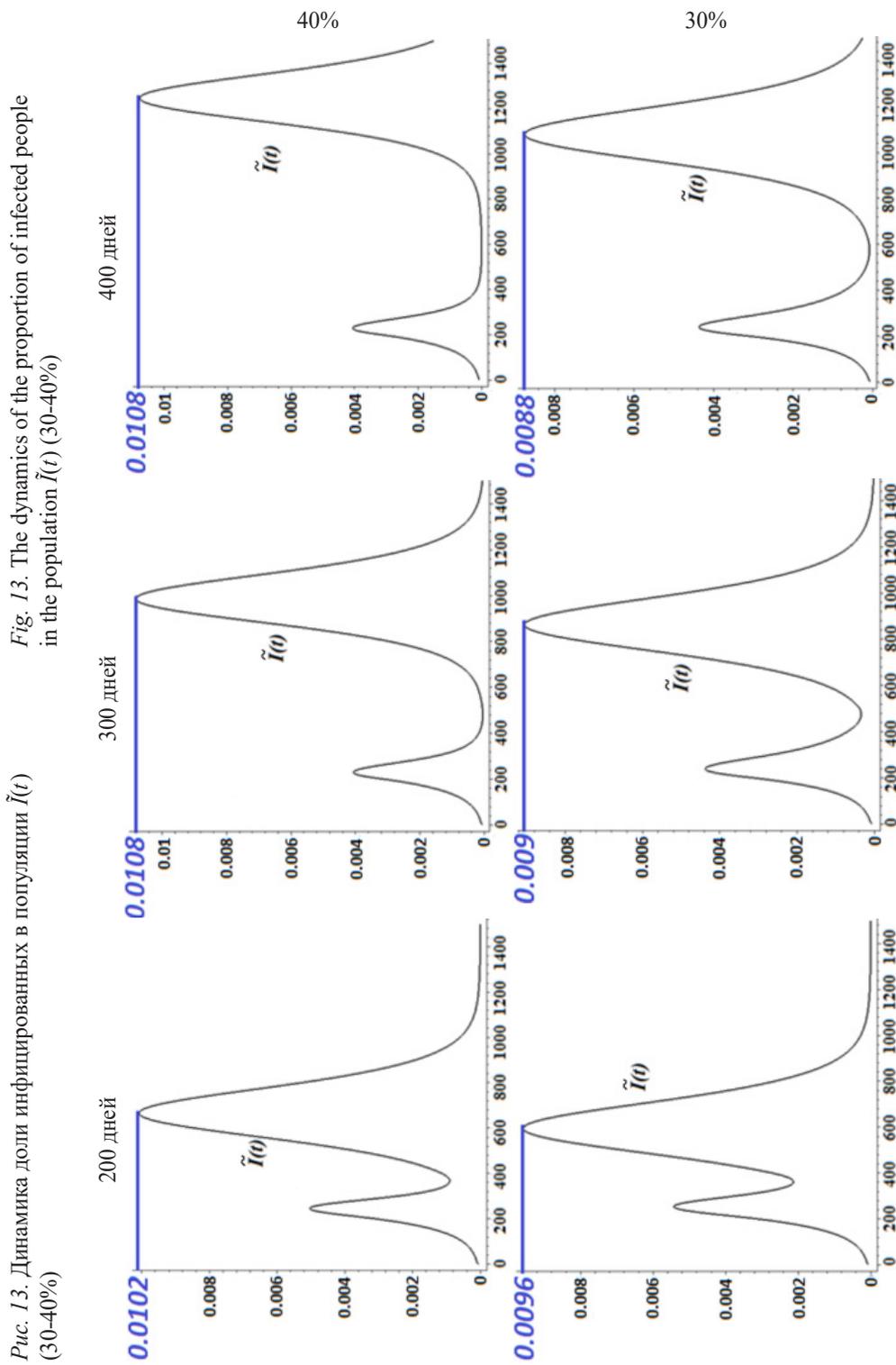


Fig. 13. The dynamics of the proportion of infected people in the population $\tilde{I}(t)$ (30–40%)

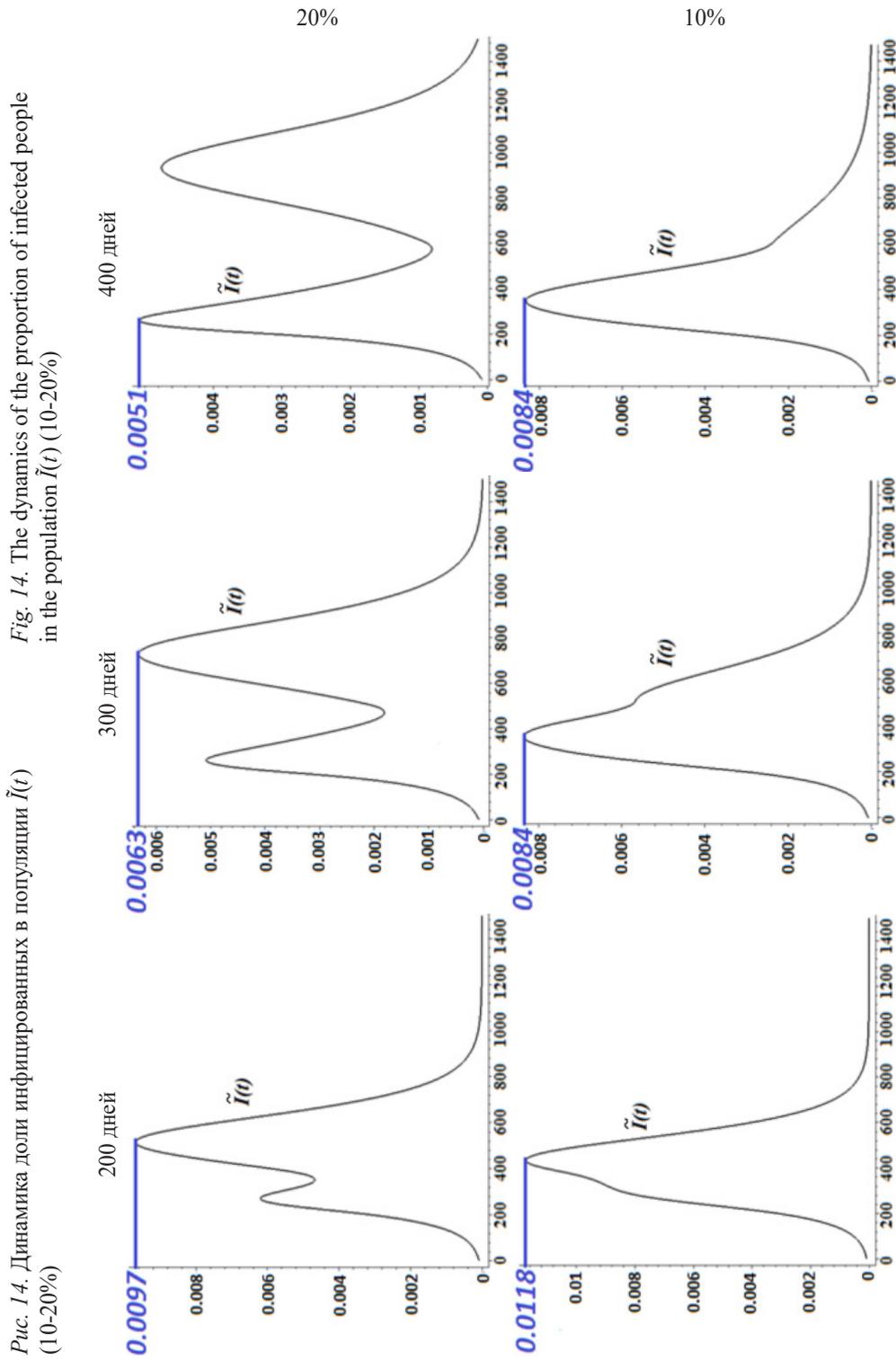


Рис. 14. Динамика доли инфицированных в популяции $\tilde{I}(t)$ (10-20%)

Таблица 1

Максимальные значения доли
инфицированных в популяции

Table 1

The maximum values of the proportion
of infected people in the population

%	200 дней	300 дней	400 дней
40	0,0102	0,0108	0,0108
30	0,0096	0,009	0,0088
20	0,0097	0,0063	0,0051
10	0,0118	0,0084	0,0084

Заключение

В результате проведения ряда численных экспериментов на базе SEIRD-модели (модифицированной с учетом особенностей распространения эпидемии COVID-19) получены следующие результаты:

- 1) подтвердилось, что карантинные мероприятия качественно меняют ход эпидемии;
- 2) выяснилось, что жесткие ограничительные меры способны «погасить» эпидемию, но, если не достигнут определенный уровень невосприимчивых к заболеванию, этот эффект будет временным, а именно: после отмены карантина эпидемия начнет распространяться с новой силой;
- 3) получено, что в результате мягких, но продолжительных специально подобранных ограничительных мероприятий можно добиться «приемлемого» сценария распространения эпидемии.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Братусь А. С. Динамические системы и модели биологии / А. С. Братусь, А. С. Новожилов, А. П. Платонов. М.: Физматлит, 2010. 400 с.
2. Еремеева Н. И. Построение модификации SEIRD-модели распространения эпидемии, учитывающей особенности COVID-19 / Н. И. Еремеева // Вестник Тверского государственного университета. Серия: Прикладная математика. 2020. № 4. С. 14-27. DOI: 10.26456/vtpmk602
3. Brauer F. Mathematical epidemiology is not an oxymoron / F. Brauer // BMC Public Health. 2009. No. 9 (1). Suppl. 2. DOI: 10.1186/1471-2458-9-S1-S2
4. Brauer F. Mathematical models in population biology and epidemiology / F. Brauer, C. Carlos. New York: Springer, 2012. Vol. 40 (Texts in Applied Mathematics). DOI: 10.1007/978-1-4614-1686-9
5. Edelstein-Keshet L. Mathematical Models in Biology / L. Edelstein-Keshet. Society for Industrial and Applied Mathematics, 2005. 586 pp. DOI: 10.1137/1.9780898719147
6. Herbert W. The Mathematics of Infectious Diseases / W. Herbert, H. W. Hethcote // SIAM Review. 2000. Vol. 42. No. 4. Pp. 599-653. DOI: 10.1137/S0036144500371907

7. Kermack W. O. A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics / W. O. Kermack, A. G. McKendrick // *Proceedings of the Royal Society A*. 1927. Vol. 115. No. 772, Pp. 700-721. DOI: 10.1098/rspa.1927.0118
8. Legrand J. Understanding the dynamics of Ebola epidemics / J. Legrand, R. F. Grais, P. Y. Boelle, A. J. Valleron, A. Flahault // *Epidemiology and Infection*. 2007. Vol. 135. No. 4. Pp. 610-621. DOI: 10.1017/S0950268806007217
9. McKendrick A. G. Applications of Mathematics to Medical Problems / A. G. McKendrick // *Proceedings of the Edinburgh Mathematical Society*. 1925. Vol. 44. Pp. 98-130. DOI: 10.1017/S0013091500034428
10. Roberts M. Nine challenges for deterministic epidemic models / M. Roberts, V. Andreasen, A. Lloyd, L. Pellis // *Epidemics*. 2015. Vol. 10. Pp. 49-53. DOI: 10.1016/j.epidem.2014.09.006

Nina I. EREMEEVA¹

UDC 001.891.573

**NUMERICAL MODELING OF THE IMPACT
OF QUARANTINE MEASURES
ON THE DYNAMICS OF THE EPIDEMIOLOGICAL PROCESS
BASED ON THE SEIRD MODEL**

¹ Cand. Sci. (Phys.-Math.), Associate Professor,
Department of Higher Mathematics,
Dimitrovgrad Engineering and Technological Institute,
National Research Nuclear University MEPhI (Dimitrovgrad)
vm-diti.mifi@yandex.ru; ORCID: 0000-0001-6160-2572

Abstract

The COVID-19 epidemic has once again demonstrated the importance of predicting the development of various processes and calculating the consequences. “How effective is the introduction of strict quarantine measures?” and “Will the quarantine be able to stop the epidemic?” — these questions still have no clear answer.

This article aims to answer these questions using mathematical modeling tools using the SEIRD model, modified to account for the peculiarities of the spread of COVID-19. The SEIRD model belongs to the class of differential dynamic models, which allows quick experimentation to predict the spread of the disease and calculate its influence on the development of certain processes.

Based on numerical modeling, the author demonstrates that insufficient quarantine measures provide only a temporary effect. After they end, with an insufficient level of “population immunity”, the epidemic starts growing again, leading to a second morbidity peak.

This paper presents numerical calculations to track the duration impact and quarantine measures’ severity on the dynamics of the epidemiological process. The results show that strict

Citation: 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, vol. 7, no. 2 (26), pp. 170-187.

DOI: 10.21684/2411-7978-2021-7-2-170-187

restrictive measures are not always effective, and strict short-term measures have less effect than softer, but long-term measures.

In addition, the author provides an example of finding the parameters of quarantine measures that ensure fixed limits on the morbidity level during the epidemic.

Keywords

Mathematical modeling, numerical experiment, differential dynamic models, SEIRD model, epidemic spread, COVID-19, quarantine measures.

DOI: 10.21684/2411-7978-2021-7-2-170-187

REFERENCES

1. Bratus A. S., Novozhilov A. S., Platonov A. P. 2010. *Dynamic Systems and Models of Biology*. Moscow: Fizmatlit. 400 pp. [In Russian]
2. Eremeeva N. I. 2020. "Construction of a modification of the SEIRD model of epidemic spread that takes into account the features of COVID-19". *Vestnik Tverskogo gosudarstvennogo universiteta, Seriya: Prikladnaya matematika*, no. 4, pp. 14-27. [In Russian]
3. Brauer F. 2009. "Mathematical epidemiology is not an oxymoron". *BMC Public Health*, November, no. 9 (1), Supplement 2. DOI: 10.1186/1471-2458-9-S1-S2
4. Brauer F., Castillo-Chavez C. 2012. *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology*. Vol. 40. New York: Springer. DOI: 10.1007/978-1-4614-1686-9
5. Edelstein-Keshet L. 2005. *Mathematical Models in Biology*. Society for Industrial and Applied Mathematics. 586 pp. DOI: 10.1137/1.9780898719147
6. Hethcote H. W. 2000. "The mathematics of infectious diseases". *SIAM Review*, vol. 42, no. 4, pp. 599-653. DOI: 10.1137/S0036144500371907
7. Kermack, W. O., McKendrick A. G. 1927. "A contribution to the mathematical theory of epidemics". *Proceedings of the Royal Society*, vol. 115, no. 772, pp. 700-721. DOI: 10.1098/rspa.1927.0118
8. Legrand J., Grais R. F., Boelle P. Y., Valleron A. J., Flahault A. 2007. "Understanding the dynamics of Ebola epidemics". *Epidemiology and Infection*, vol. 135, no. 4, pp. 610-621. DOI: 10.1017/S0950268806007217
9. McKendrick A. G. 1926. "Applications of mathematics to medical problems". *Proceedings of Edinburgh Mathematical Society*, vol. 44, pp. 98-130. DOI: 10.1017/S0013091500034428
10. Roberts M., Andraesen V., Lloyd A., Pellis L. 2015. "Nine challenges for deterministic epidemic models". *Epidemics*, vol. 10, pp. 49-53. DOI: 10.1016/j.epidem.2014.09.006