

УДК 519.8: 517.929

МОДЕЛИРОВАНИЕ ЭПИДЕМИИ COVID-19 С ПОМОЩЬЮ ДИСКРЕТНЫХ УРАВНЕНИЙ С ОТКЛОНЯЮЩИМСЯ АРГУМЕНТОМ

А. Н. АВЛАС, А. К. ДЕМЕНЧУК, С. В. ЛЕМЕШЕВСКИЙ, Е. К. МАКАРОВ

Институт математики НАН Беларуси

Минск, Беларусь

Современная математическая эпидемиология – чрезвычайно обширная научная дисциплина, применяющая в своих целях самый широкий математический арсенал, в том числе и весьма изощренный. Однако большинство применений сложного математического аппарата ориентировано на рассмотрение случаев развития эпидемии с дополнительными обстоятельствами в виде противоэпидемических мер, вакцинации, завоза инфекции. Кроме того, усложненные модели применяются для более детального рассмотрения хода процесса распространения заболеваний с учетом географического распределения населения, его возрастной структуры и т. п. В то же время для простейшей ситуации, в которой нет информации о тонких деталях обстановки, стандартно применяются модель SIR (восприимчивые – инфицированные – выздоровевшие) [1] и ее простые модификации, в частности, SEIR с включением группы находящихся в инкубационном периоде, являющиеся развитием простейшей логистической модели $\frac{dN}{dt} = aN(K - N)$ (где N – численность популяции; K – ее максимально возможная численность; a – коэффициент размножения), известной еще с XIX в. и до сих пор используемой для моделирования в популяционной динамике.

Качественный и численный анализ показывает, что модель SIR и ее модификации обеспечивают правильное асимптотическое поведение решений. Общеизвестным фундаментальным недостатком этого класса моделей является отсутствие разработанной методики определения входящих в них коэффициентов.

С другой стороны, модель SIR и ее варианты хорошо зарекомендовали себя на практике и дают результаты, близкие к натурным данным. Поэтому представляется целесообразным использовать основные идеи этой модели, но внести в нее такие изменения, которые позволят проводить обучение модели на имеющихся данных.

Прогноз на основе учета локальной динамики заражения предлагается осуществлять с помощью дискретного уравнения

$$X_k - X_{k-1} = a(X_k - X_{k-l})(K - X_k), \quad (1)$$

где a – коэффициент передачи инфекции; K – общее число людей, восприимчивых к инфекции; l – параметр модели, имеющий смысл длительности периода времени, в течение которого инфицированный представляет опасность для окружающих.

Это уравнение является аналогом уравнений модели SIR, а также и простейшего логистического уравнения. Все эти уравнения основаны на одном

и том же вероятностном законе «действующих масс», утверждающем, что вероятность и, следовательно, интенсивность взаимодействия двух категорий людей, выделяемых в модели эпидемического процесса, пропорциональны их численности.

Предлагаемое уравнение отличается от своих аналогов предположением, что источником заражения являются не все инфицированные, а лишь те, кто заразился недавно, исходя из того, что давно заразившиеся либо выздоровели, либо госпитализированы и тем самым не могут выступать источником заражения. Это предположение в наибольшей степени соответствует реальной ситуации первой волны распространения COVID-19.

Уравнение (1) может быть переписано в виде $W_k = a(K - X_k)$. То есть величина W_k должна линейно зависеть от величины X_k . Это позволяет воспользоваться стандартными процедурами построения линейной регрессии для определения значений коэффициентов по данным о заболеваемости.

Результаты прогноза первой волны эпидемии COVID-19 в Республике Беларусь представлены на рис. 1.



Рис. 1. Результаты прогноза первой волны эпидемии COVID-19 в Республике Беларусь на основе уравнения (1)

Работа выполнена при финансовой поддержке БРФФИ, договор № Ф21КОВИД-012.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. **Kermack, W. O.** A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics / W. O. Kermack, A. G. McKendrick // Proc. Roy. Soc. Lond. Ser. A. – 1927. – Vol. 115, № 772. – P. 700–721.