

Стохастическое моделирование распространения эпидемии на основе немарковского подхода

Логинов К.К., Перцев Н.В.

Институт математики им. С. Л. Соболева СО РАН, Новосибирск, Россия

Исследование эпидемических процессов представляет собой хорошо развитое направление в использовании метода математического моделирования для изучения живых систем. Примеры математических моделей, возникающих в задачах эпидемиологии, приведены в работах [1]–[9] и содержащихся в них ссылках на работы других авторов.

Настоящая работа посвящена построению стохастической стадия-зависимой модели распространения эпидемии в некотором регионе. Модель записана в форме непрерывно-дискретного случайного процесса, учитывающего прохождение индивидуумами различных стадий инфекционного заболевания. Длительности стадий заболевания могут представлять собой константы, некоторые зависящие от времени функции или случайные величины с непрерывными законами распределения. В рамках модели население региона представлено в виде когорт индивидуумов, структурированных по различным критериям. Все когорты составляют два блока. Индивидуумы, входящие в когорты первого блока, считаются неразличимыми в рамках конкретной когорты и имеют однотипное параметрическое описание. Индивидуумы, входящие в каждую из когорт второго блока, различаются между собой по времени поступления в конкретную когорту и по времени пребывания в этой когорте. Модель предполагает инфицирование восприимчивых индивидуумов за счет их контактов с больными (не изолированными) индивидуумами, причем интенсивность контактов и вероятность инфицирования зависит от параметров индивидуумов различных когорт. Учитывается время пребывания индивидуума в той или иной когорте, длительность которого описывается величиной достаточно произвольного типа. Модель предполагает наличие постоянного или переменного миграционного притока индивидуумов, включая латентно-инфицированных и больных индивидуумов. Структурная схема модели в простейшем варианте близка к схемам известных моделей распространения эпидемии типа SIR, SEIR и др.

Пусть A_i — некоторая когорта первого блока, $X_{A_i}(t)$ — численность индивидуумов этой когорты в момент времени t . Положим, что B_j — некоторая когорта второго блока. Для описания когорты B_j используем ее численность $X_{B_j}(t)$ и семейство $\Omega_{B_j}(t)$ уникальных типов индивидуумов этой когорты, существующих в момент времени t . Для фиксированного t семейство $\Omega_{B_j}(t)$ имеет вид

$$\Omega_{B_j}(t) = \left\{ t_{B_j}^{(1)} + \omega_{B_j}; \dots; t_{B_j}^{(N)} + \omega_{B_j} \right\},$$
$$t_{B_j}^{(1)} < \dots < t_{B_j}^{(N)} \leq t < t_{B_j}^{(1)} + \omega_{B_j} < \dots < t_{B_j}^{(N)} + \omega_{B_j},$$

где $N = X_{B_j}(t), t_{B_j}^{(1)}; \dots; t_{B_j}^{(N)}$ — моменты времени, отражающие поступление индивидуумов в когорту B_j до момента t (включительно), $t_{B_j}^{(1)} + \omega_{B_j}; \dots; t_{B_j}^{(N)} + \omega_{B_j}$ — моменты времени, в которые индивидуумы завершают свое пребывание в когорте B_j при условии, что они не погибли или не перешли в другую когорту под влиянием различных факторов. Обозначим:

$$X(t) = (X_{A_1}(t), \dots, X_{A_n}(t), X_{B_1}(t), \dots, X_{B_m}(t)), \quad (1)$$

$$\Omega(t) = (\Omega_{B_1}(t), \dots, \Omega_{B_m}(t)). \quad (2)$$

Для описания динамики эпидемического процесса используются рекуррентные соотношения, отражающие изменения переменных (1), (2) в некоторые моменты времени t_k , а именно: $t_0 = 0, X(t_0), \Omega(t_0)$ — фиксированы,

$$t_{k+1} = t_k \pm \Delta(t_k), \quad X(t_{k+1}) = X(t_k) \pm \Delta(X(t_k)),$$

$$\Omega(t_{k+1}) = \Omega(t_k) \pm \Delta(\Omega(t_k)), \quad k = 0, 1, 2, \dots \quad (3)$$

В соотношениях (3) при фиксированном t_k приращения $\Delta(t_k), \Delta(X(t_k))$ — случайные величины с заданными законами распределения, приращения $\Delta(\Omega(t_k))$ — элементы семейства $\Omega(t_k)$, исключаемые из его некоторых компонент или пополняющие некоторые компоненты. Все указанные приращения являются взаимозависимыми, и их вероятностная связь полностью определяется текущим состоянием $\{t_k, X(t_k), \Omega(t_k)\}$.

На основе соотношений (3) разработан алгоритм статистического моделирования динамики переменных (1), (2). В основу алгоритма положены стандартные алгоритмы метода Монте-Карло, используемые для генерации случайных чисел с заданными законами распределения [10]–[12].

Представленный подход и частный вариант модели апробированы при исследовании динамики эпидемического процесса в некотором регионе с учетом повторного инфицирования индивидуумов [6].

Разработанная модель используется для исследования динамики когорт индивидуумов в зависимости от наборов параметров, отражающих различные варианты передачи Ковид-19 инфекции между индивидуумами.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ в рамках научного проекта № 20-04-60157.

Литература

1. Daley D.J., Gani J. *Epidemic Modelling: An Introduction*. Cambridge Studies in Mathematical Biology 15. Cambridge University press, 1999. 213 p.
2. Grenfell B.T., Bjornstad O.N., Finkenstadt B.F. Dynamics of measles epidemics: scaling noise, determinism and predictability with the TSIR model. *Ecological Monographs*. 2002. V. 72. N. 2. P. 185–202.

3. Sloot P.M.A., Ivanov S.V., Boukhanovsky A.V., D.A.M.C. Van De Vijver, Boucher C.A.B. Stochastic simulation of HIV population dynamics through complex network modeling. *International Journal of Computer Mathematics*. 2008. V. 85. N. 8. P. 1175–1187.
4. Nishiura H. Real-time forecasting of an epidemic using a discrete time stochastic model: a case study of pandemic influenza (H1N1–2009). *Biomed. Eng. Online*. 2011. V. 10. N. 15.
5. Yuan Y., Belair J. Threshold dynamics in an SEIRS model with latency and temporary immunity. *J. Math. Biol.* 2014. V. 69, P. 875–904.
6. Pertsev N.V., Loginov K.K., Topchii V. A. Analysis of a Stage-Dependent Epidemic Model Based on a Non-Markov Random Process *Journal of applied and industrial mathematics*. 2020. V. 14. № 3. P.566–580.
7. Fu X., Ying Q., Zeng T., et al. Simulating and forecasting the cumulative confirmed cases of SARS-CoV-2 in China by Boltzmann function-based regression analyses. *Journal of Infection*. 2020. V. 80. P. 602–605.
8. Nguemdjo U., Meno F., Dongfack A., Ventelou B. Simulating the progression of the COVID-19 disease in Cameroon using SIR models. *PLoS ONE*. 2020. V. 15. N. 8: e0237832.
9. Zaplotnik Z., Gavric A., Medic L. Simulation of the COVID-19 epidemic on the social network of Slovenia: Estimating the intrinsic forecast uncertainty. *PLoS ONE*. 2020. V. 15. N. 8: e0238090.
10. Marchenko M.A., Mikhailov G.A. Parallel realization of statistical simulation and random number generators. *Russ. J. Numer. Anal. Math. Modelling*. 2002. V. 17. P. 113–124.
11. Михайлов Г.А., Войтишек А.В. Численное статистическое моделирование. Методы Монте-Карло. М.: Академия, 2006. 368 с.
12. Marchenko M. PARMONC – A Software Library for Massively Parallel Stochastic Simulation. In: *Parallel Computing Technologies. PaCT 2011. Lecture Notes in Computer Science*. Ed. Malyshkin V.: Springer, Berlin, Heidelberg, 2011. V. 6873. P. 302–316.