

УДК 519.6

**СТОХАСТИЧЕСКАЯ И ДЕТЕРМИНИРОВАННАЯ МОДЕЛИ
РАСПРОСТРАНЕНИЯ ЭПИДЕМИЙ ТИПА SIRS**

Зуев В.С.

магистр,

Санкт-Петербургский государственный университет,

Санкт-Петербург, Россия

Шишмакова Н.С.

магистр,

Санкт-Петербургский государственный университет,

Санкт-Петербург, Россия

Петрова И.С.

магистр,

Санкт-Петербургский государственный университет,

Санкт-Петербург, Россия

Аннотация

В статье рассмотрены два подхода к моделированию развития эпидемий. Детерминированная, заданная системой дифференциальных уравнений, и стохастическая модели эпидемии типа SIRS. Моделирование стохастической модели производилось с использованием дискретных Марковских цепей в MATLAB с помощью пакета Econometrics Toolbox. В результате получены графики развития эпидемии в обоих случаях, произведено сравнение двух подходов.

Ключевые слова: стохастические модели, Марковские цепи, эпидемия, SIR,

SIRS, моделирование.

***STOCHASTIC AND DETERMINISTIC MODELS DISTRIBUTION EPIDEMIC
SIRS***

Zuev V.S.

master,

St. Petersburg University,

Saint-Petersburg, Russia

Shishmakova N.S.

master,

St. Petersburg University,

Saint-Petersburg, Russia

Petrova I.S.

master,

St. Petersburg University,

Saint-Petersburg, Russia

Annotation

The article considers two approaches to modeling the development of epidemics. Deterministic, given by a system of differential equations, and stochastic SIRS-type epidemic models. The stochastic model was modeled using discrete Markov chains in MATLAB using the Econometrics Toolbox. As a result, we obtained graphs of the epidemic development in both cases, and compared the two approaches.

Keywords: stochastic models, Markov chains, epidemic, SIR, SIRS, modeling.

Одним из базовых подходов для анализа распространения инфекционных заболеваний является классическая модель SIR, первоначально изученная Дневник науки | www.dnevniknauki.ru | СМИ ЭЛ № ФС 77-68405 ISSN 2541-8327

Хеймером (1906), Россом (1911), Кермаком и Маккендриком (1927) [1-3]. Основное предположение этой модели состоит в том, что популяция, в которой активен патогенный агент, является фиксированной и может быть разделена на три группы, соответствующих различному эпидемиологическому статусу: восприимчивые (от англ. Susceptible) индивидуумы, способные заразиться через контакт с инфицированными (от англ. Infected), а также выздоровевшие, которые перестали распространять болезнь (от англ. Recovered) и приобрели иммунитет.

При этом если в данной модели считать, что выздоровление дает лишь временный иммунитет, то есть особи переходят обратно в восприимчивую группу, мы получаем модель SIRS. На рисунке 1 представлена наглядная схематическая связь модели SIRS.

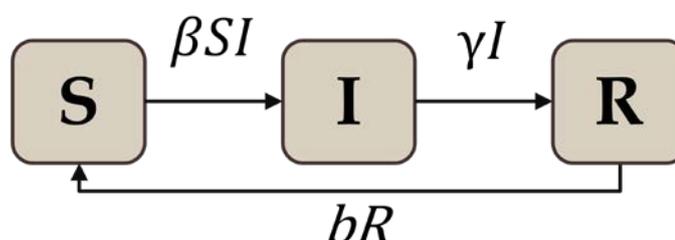


Рис.1 – Общая схема модели SIRS

Кроме того, описанную выше модель можно представить в виде системы дифференциальных уравнений:

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= -\beta S(t)I(t) + bR(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma I(t) - bR(t) \\ S(t) + I(t) + R(t) &= N = \text{const} \end{aligned}$$

где β – характеризует вероятность передачи болезни при контакте агентов, γ – частота выздоровления, b – характеризует скорость потери иммунитета.

Еще одним не маловажным параметром модели является базовое

репродуктивное число [4], которое считается пороговым показателем распространения инфекции $R_0 = \frac{\beta N}{\gamma}$. Критерием, необходимым для начала эпидемии, является условие $R_0 > 1$.

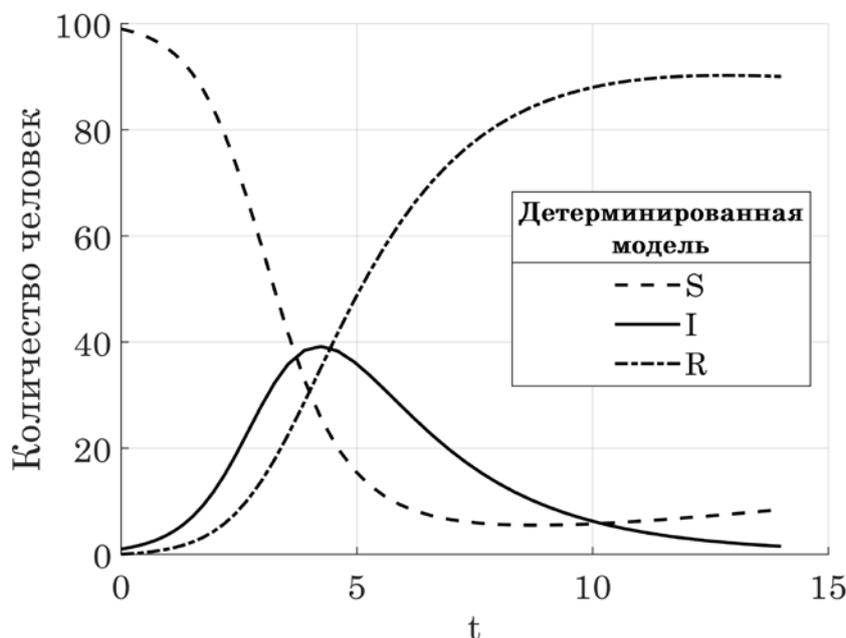


Рис. 2 – Эпидемия, описанная SIRS моделью

На рисунке 2 представлен процесс протекания эпидемии для популяции из $N = 100$ человек на протяжении 14 дней с параметрами: $\beta = 0.01853$, $\gamma = 0.485$, $b = 0.012$ и начальными условиями: $I(0) = 1$, $S(0) = N - I(0)$.

Большинство эпидемиологических моделей предполагают, что все параметры точно известны. Однако распространение эпидемий зачастую происходят стихийно, то есть распространение болезни – случайный процесс. В таких случаях можно рассматривать не детерминированную модель, а стохастическую интерпретацию.

Одним из способов задания стохастических моделей является использование дискретных Марковских цепей (DTMC). Этот подход описывает появление случайных событий в виде вероятностей переходов из одного состояния системы в другое, при этом процесс перехода системы в новое

представлены варианты развития эпидемии. В качестве исходных параметров модели выступают данные, представленные выше, частота переходов между состояниями $\Delta t = 0.01$.

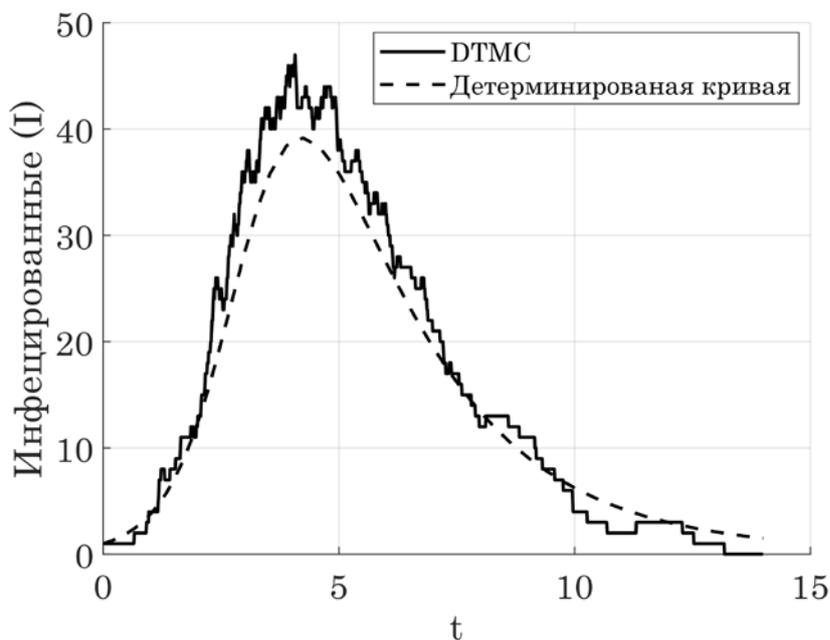


Рис. 4 – Изменение числа инфицированных (1 случай)

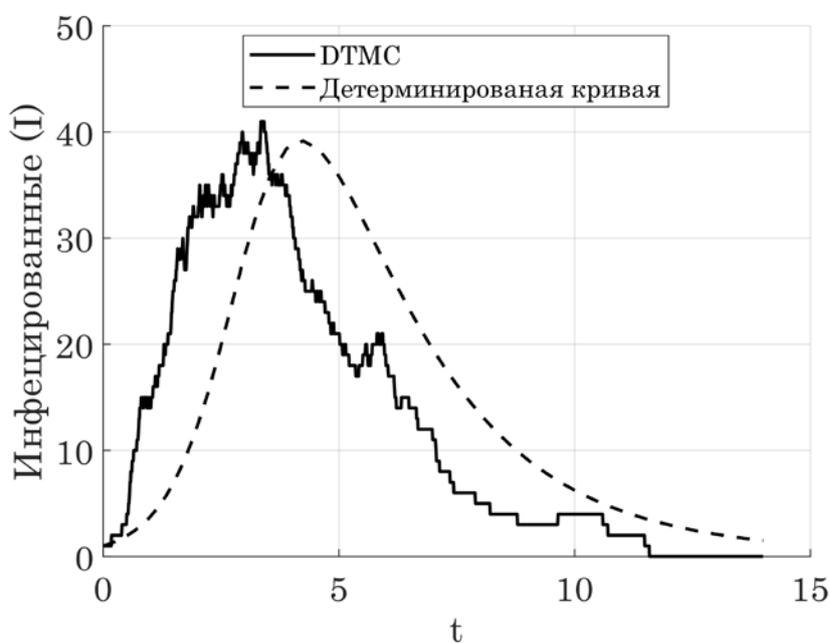


Рис. 5 – Изменение числа инфицированных (2 случай)

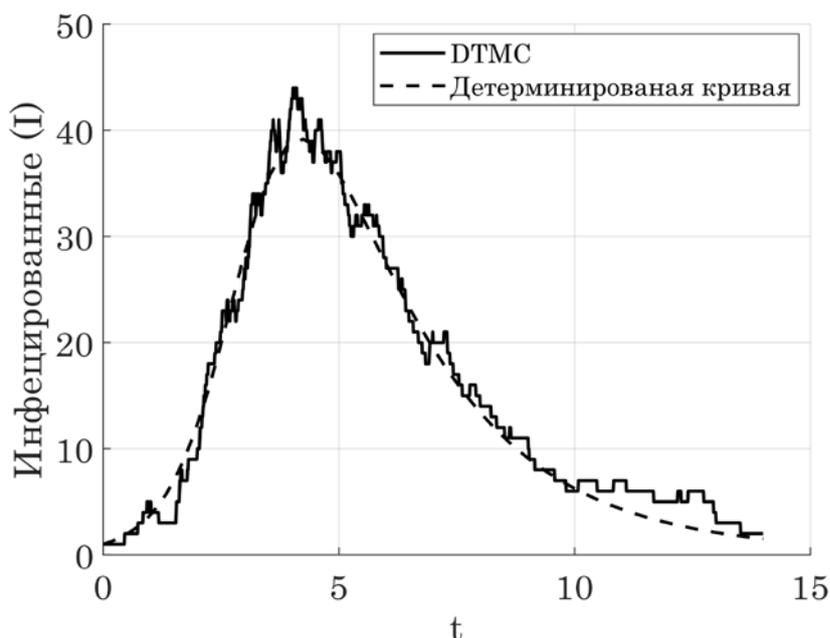


Рис. 6 – Изменения числа инфицированных (3 случай)

Оба подхода в результате дают схожий характер развития эпидемии. Детерминированная модель остается постоянной при неизменных параметрах, а стохастическая модель учитывает случайность рассматриваемого процесса и позволяет определить наиболее вероятное развитие эпидемии. Помимо этого, при использовании Марковских цепей, учитывается, что количество инфицированных, выздоровевших и восприимчивых являются целыми числами.

Библиографический список:

1. Kermack W.O., McKendrick A.G. A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics // Proceedings of the Royal Society. 1927. - Vol. 115, №. A771. - P.700-721.
2. Колесин И.Д., Жидкова Е.М. Математические модели эпидемий. - СПб.: Соло, 2014. 90 с
3. Гаврилина А.В., Соколов С.В. Анализ SIR-модели распространения заболеваний // Процессы управления и устойчивость. - 2018. - 5(21) №1. - С. 229-232.

4. Edelstein-Keshet L. *Mathematical Models in Biology* // Society for Industrial and Applied Mathematics, 2005.
5. Allen L. *An introduction to stochastic processes with applications to biology* // Pearson Prentice Hall, 2003, P. 400

Оригинальность 85%