

МАТЕМАТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ, ЧИСЛЕННЫЕ МЕТОДЫ И КОМПЛЕКСЫ ПРОГРАММ

УДК 517.958:57

ПОСТРОЕНИЕ МОДИФИКАЦИИ SEIRD-МОДЕЛИ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ЭПИДЕМИИ, УЧИТЫВАЮЩЕЙ ОСОБЕННОСТИ COVID-19

Еремеева Н.И.

Димитровградский инженерно-технологический институт – филиал
Федерального государственного автономного образовательного учреждения
высшего образования «Национальный исследовательский ядерный университет
«МИФИ», г. Димитровград

Поступила в редакцию 20.09.2020, после переработки 14.10.2020.

Статья посвящена построению математической модели SEIRD_m, учитывающей некоторые особенности распространения COVID-19. Представленная модель построена на основе классической SEIRD-модели распространения эпидемий. В созданной модели, в отличие от базовой, учитывается то, что латентные носители COVID-19 являются в некоторой степени заразными, и что у существенного количества инфицированных болезнь протекает бессимптомно. В SEIRD_m-модели отражен тот факт, что выявленные больные изолируются (госпитализируются) и вероятность заражения от них резко уменьшается, а также, что карантинные меры имеют массовый характер, причем важна как степень их жесткости, так и момент введения. Кроме того, в статье обращается внимание на то, что зависимость между скоростью изменения относительного числа заболевших и относительным количеством заразных и восприимчивых может быть нелинейной, и этот факт отражен в построенной модели. Статья содержит примеры численного прогнозирования развития эпидемиологического процесса, а также моделирования влияния массовых карантинных мер, рассчитанные на основе созданной математической модели.

Ключевые слова: математическая модель, распространение эпидемии, COVID-19, дифференциальные уравнения.

Вестник ТвГУ. Серия: Прикладная математика. 2020. № 4. С. 14–27.
<https://doi.org/10.26456/vtprmk602>

Введение

В свете последних событий, изменивших жизни миллионов людей, тема прогнозирования течения эпидемий становится все более актуальной.

Математическое моделирование распространения инфекционных заболеваний имеет давнюю историю. Первые работы в этой области появились больше века назад (1906 г.) с создания Уильямом Хамером дискретной временной модели рецидива эпидемии кори [1].

Важным этапом в инфекционном моделировании были опубликованные в 1927 году работы Андерсона Маккендрика и Уильяма Кермака [2], [3]. Ими была создана базовая математическая модель, получившая название SIR-модели. Согласно данной модели популяция делится на 3 группы (в зависимости от своего отношения к болезни):

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

Предполагается, что распространение инфекционного заболевания происходит через контакт восприимчивых с инфицированными, а выздоровевшие перестают распространять болезнь.

Идеи, заложенные в SIR-модели, стали основой для дальнейших исследований различных ученых. Постепенно на основе SIR-модели была построена целая иерархия математических моделей распространения инфекционных заболеваний (SI, SIS, SEI, SIRS, SEIS, SEIR, SEIRS, MSIR, MSEIR, MSEIRS, LISEIR) [4] [5], учитывающих большее число групп, участвующих в эпидемическом процессе, и параметров, влияющих на течение эпидемии.

Модели, базирующиеся на дифференциальных уравнениях, занимают особое место среди существующих моделей распространения инфекционных заболеваний. Возможно, они менее реалистичны, чем стохастические модели, но более удобны для анализа. Дифференциальные динамические модели дают возможность не только проводить прогнозирование развития ситуации, но и оценить различные эпидемиологические параметры, а также эффективность тех или иных противоинфекционных мер.

1. Базовая SEIRD-модель

Для описания эпидемии COVID-19 из упомянутых выше моделей наиболее подходящей является SEIRD-модель, в которой предполагается, что заболевание имеет латентный период, то есть первые признаки заболевания появляются у зараженного спустя определенный промежуток времени. С учетом этого фактора популяция делится на 5 групп:

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

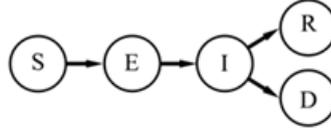


Рис. 1: Схема возможных переходов между группами в SEIRD-модели

На Рис. 1 изображена схема возможных переходов между данными группами.

Рассмотрим факторы, влияющие на динамику выделенных групп. Очевидно, что заражение и переход в латентную фазу происходит в результате контакта восприимчивых и инфицированных людей. Причем относительная частота такого контакта равна $\frac{S(t)}{N} \cdot \frac{I(t)}{N}$. Значит, скорость изменения доли латентных людей $\frac{d}{dt} \left(\frac{E(t)}{N} \right)$ содержит слагаемое пропорциональное $\frac{S(t)I(t)}{N^2}$.

Отметим также, что человек, став латентным, не может стать таким повторно, то есть $\frac{d}{dt} \left(\frac{E(t)}{N} \right)$ содержит слагаемое, пропорциональное $-\frac{E(t)}{N}$.

Следовательно,

$$\frac{d}{dt} \left(\frac{E(t)}{N} \right) = \beta \frac{S(t)I(t)}{N^2} - \delta \frac{E(t)}{N}. \quad (1)$$

Рассуждая аналогичным образом для остальных групп популяции, получим систему дифференциальных уравнений, описывающих динамику эпидемиологического процесса (SEIRD-модель):

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta \frac{S(t)I(t)}{N}, \\ \frac{dE(t)}{dt} = \beta \frac{S(t)I(t)}{N} - \delta E(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \delta E(t) - (\gamma + \mu)I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t), \\ \frac{dD(t)}{dt} = \mu I(t). \end{cases} \quad (2)$$

в которой:

β – коэффициент, который можно интерпретировать как вероятность получения болезни в случае контакта восприимчивого индивидуума с инфицированным,
 μ – коэффициент смертности,

γ – коэффициент, который можно интерпретировать как скорость выздоровления, то есть $\gamma = \frac{1}{T_1}$, где T_1 – среднее время болезни,

δ – коэффициент, который можно интерпретировать как скорость перехода из латентной фазы в фазу инфицирования, то есть $\delta = \frac{1}{T_2}$, где T_2 – среднее время инкубационного периода.

Проведем численное моделирование на основе SEIRD-модели. Коэффициенты задачи подберем, используя данные распространения COVID-19 в Китае.

Согласно имеющимся в открытом доступе статистическим (усредненным) данным $T_1 = 18$, $T_2 = 5.2$, коэффициент смертности – 3.4%, число заражений от одного инфицированного человека – репродуктивное число $R_0 = \frac{\beta}{\gamma} = 3.5$. Тогда $\gamma = 0.056$, $\delta = 0.192$, $\mu = 0,034$, $\beta = 0.194$. Население Китая на 2019 год составляло 1,410 млрд. Время моделирования – 300 дней.

На Рис. 2 построены графики зависимости от времени t количества восприимчивых ($S(t)$), латентных ($E(t)$), инфицированных ($I(t)$), невосприимчивых ($R(t)$) и умерших ($D(t)$) индивидуумов. Для построения графиков использовался программный пакет Maple.

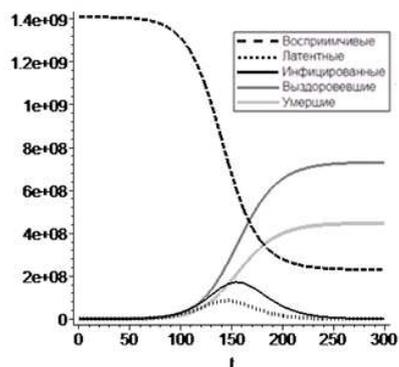


Рис. 2: Динамика распространения COVID-19 в SEIRD-модели

2. Особенности течения эпидемии COVID-19

Распространение каждого инфекционного заболевания имеет свои особенности. Факторы несущественные для одних эпидемий могут быть значимыми для других.

Например, при описании распространения COVID-19 необходимо учитывать масштабность эпидемии, так как она существенно влияет на модель. Для небольших популяций можно предполагать, что заболевшие и восприимчивые распределены равномерно и каждый восприимчивый с равной вероятностью может встретиться с любым инфицированным. Для больших популяций, включающей разные города (и страны) это не так. А значит, нельзя считать, что скорость изменения относительного числа вновь заболевших прямо пропорционально относительному количеству заразных и восприимчивых. Зависимость в случае COVID-19 будет нелинейной.

Массовое введение карантинных мер – также отличительная черта эпидемии COVID-19, а значит, должна быть отражена в модели. Причем математическая модель должна учитывать как степень жесткости карантинных мер, так и момент их введения.

К особенностям эпидемии COVID-19 можно также отнести тот факт, что выявленные больные изолируются (госпитализируются) и вероятность заражения от них резко уменьшается.

Еще одной особенностью COVID-19 является то, что латентные носители являются в некоторой степени заразными, и что у существенного количества инфицированных болезнь протекает бессимптомно.

3. Модифицированная SEIRDm-модель

Построим на основе рассмотренной выше SEIRD-модели новую модифициро-

ванную SEIRDm-модель, в которой учитываются что:

1. у части инфицированных болезнь протекает бессимптомно;
2. латентные носители являются в некоторой степени заразными;
3. строгая изоляция выявленных больных уменьшает вероятность контакта восприимчивых с выявленными инфицированными;
4. введение карантинных мер уменьшает вероятность контакта восприимчивых с латентными и не выявленными (бессимптомными) инфицированными;
5. зависимость между скоростью изменения относительного числа заболевших и относительным количеством заразных и восприимчивых является нелинейной.

Для описания динамики распространения COVID-19 выделим в популяции следующие группы:

1. восприимчивые ($S(t)$),
2. латентные ($E(t)$),
3. инфицированные, с бессимптомным течением болезни ($I_1(t)$),
4. инфицированные с явными проявлениями болезни ($I_2(t)$),
5. выздоровевшие ($R(t)$),
6. умершие ($D(t)$).

На Рис. 3 изображена схема возможных переходов между выделенными группами.

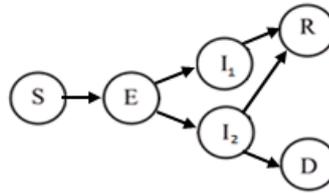


Рис. 3: Схема возможных переходов между группами в SEIRDm-модели

Обозначим:

$$\begin{aligned} \tilde{S}(t) &= \frac{S(t)}{N}, \quad \tilde{E}(t) = \frac{E(t)}{N}, \quad \tilde{R}(t) = \frac{R(t)}{N}, \quad \tilde{D}(t) = \frac{D(t)}{N}, \\ \tilde{I}_i(t) &= \frac{I_i(t)}{N}, \quad i = 1, 2, \quad \tilde{I}(t) = \tilde{I}_1(t) + \tilde{I}_2(t). \end{aligned} \quad (3)$$

Учтём в новой модели тот факт, что латентные носители инфекции в некоторой степени являются заразными, а также то, что выявленные инфицированные подвергаются строгой изоляции и вероятность их контакта с восприимчивыми практически равна нулю. То есть, будем полагать, что заражение происходит

в результате контактов восприимчивых с латентными носителями заболевания и инфицированными с бессимптомным течением болезни.

Пусть коэффициент θ отражает среднюю степень заразности латентных больных. Тогда если бы популяция была небольшой, то скорость изменения доли восприимчивых людей $\frac{d\tilde{S}(t)}{dt}$ была бы пропорциональна $-\tilde{S}(t) \left(\tilde{I}_1(t) + \theta \tilde{E}(t) \right)$.

Но, как было сказано выше, для больших популяций зависимость между скоростью изменения относительного числа заболевших и относительным количеством заразных и восприимчивых является нелинейной. Поэтому $\frac{d\tilde{S}(t)}{dt}$ пропорциональна $-\left(\tilde{S}(t) \left(\tilde{I}_1(t) + \theta \tilde{E}(t) \right) \right)^n$, где $n = 1$ для малых популяций и $n > 1$ для больших.

Учтем в новой модели массовое введение карантинных мер. Для этого введем функцию $\rho(t)$, отражающую как степень жёсткости карантинных мер, так и момент их введения. На Рис. 4 изображён примерный график такой функции.

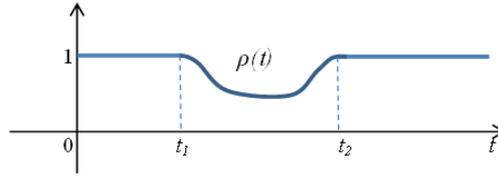


Рис. 4: Примерный график функции $\rho(t)$, t_1 - время введения, а t_2 - время окончания карантинных мер

Умножая на $\rho(t)$ вероятность контакта восприимчивых и заразных, получим вероятность такого контакта после введения карантинных мер. В результате приходим к первому уравнению модифицированной модели:

$$\frac{d\tilde{S}(t)}{dt} = -\beta \cdot \rho(t) \left(\tilde{S}(t) \left(\tilde{I}_1(t) + \theta \tilde{E}(t) \right) \right)^n. \quad (4)$$

Излечиться от болезни могут как инфицированные, с бессимптомным течением болезни ($\tilde{I}_1(t)$), так и инфицированные с явными проявлениями болезни ($\tilde{I}_2(t)$). Обозначим через γ_1 и γ_2 коэффициенты выздоровления для этих групп. Тогда:

$$\frac{d\tilde{R}(t)}{dt} = \gamma_1 \tilde{I}_1(t) + \gamma_2 \tilde{I}_2(t) \quad (5)$$

Кроме того, обозначим через ξ долю инфицированных с бессимптомным течением болезни, то есть

$$\tilde{I}_1(t) = \xi \tilde{I}(t), \quad \tilde{I}_2(t) = \tilde{I}(t) - \tilde{I}_1(t). \quad (6)$$

Будем полагать, что летальные исходы тоже могут быть только у инфицированных с явными проявлениями болезни. Пусть μ - коэффициент летальности. Тогда последнее уравнение модели запишем в виде:

$$\frac{d\tilde{D}(t)}{dt} = \mu \tilde{I}_2(t). \quad (7)$$

Скорость появления вновь инфицированных пропорциональна относительному количеству латентных носителей заболевания. Пусть δ – коэффициент перехода из латентной фазы в фазу инфицирования. То есть:

$$\frac{d\tilde{I}(t)}{dt} = \delta\tilde{E}(t) - \gamma_1\tilde{I}_1(t) - \gamma_2\tilde{I}_2(t) - \mu\tilde{I}_2(t). \quad (8)$$

Учитывая вышесказанное, запишем уравнение, описывающее динамику латентных больных:

$$\frac{d\tilde{E}(t)}{dt} = \beta \cdot \rho(t) \left(\tilde{S}(t) \left(\tilde{I}_1(t) + \theta\tilde{E}(t) \right) \right)^n - \delta\tilde{E}(t). \quad (9)$$

Таким образом, модифицированная SEIRDm-модель задается системой уравнений:

$$\begin{cases} \frac{d\tilde{S}(t)}{dt} = -\beta \cdot \rho(t) \left(\tilde{S}(t) \left(\xi\tilde{I}(t) + \theta\tilde{E}(t) \right) \right)^n, \\ \frac{d\tilde{E}(t)}{dt} = \beta \cdot \rho(t) \left(\tilde{S}(t) \left(\xi\tilde{I}(t) + \theta\tilde{E}(t) \right) \right)^n - \delta\tilde{E}(t), \\ \frac{d\tilde{I}(t)}{dt} = \delta\tilde{E}(t) - \gamma_1\xi\tilde{I}(t) - \gamma_2(1-\xi)\tilde{I}(t) - \mu(1-\xi)\tilde{I}(t), \\ \frac{d\tilde{R}(t)}{dt} = \gamma_1\xi\tilde{I}(t) + \gamma_2(1-\xi)\tilde{I}(t), \\ \frac{d\tilde{D}(t)}{dt} = \mu(1-\xi)\tilde{I}(t), \\ \tilde{I}_1(t) = \xi\tilde{I}(t), \\ \tilde{I}_2(t) = (1-\xi)\tilde{I}(t). \end{cases} \quad (10)$$

При этом:

β – вероятность получения болезни в случае контакта восприимчивого индивидуума с заразным,

θ – коэффициент, характеризующий степень заразности латентных больных,

ξ – доля инфицированных с бессимптомным течением болезни,

$\rho(t)$ – функция, отражающая зависимость от времени степени жёсткости карантинных мер,

μ – коэффициент летальности,

γ_1 – коэффициент, характеризующий скорость выздоровления инфицированных с бессимптомным течением болезни,

γ_2 – коэффициент, характеризующий скорость выздоровления инфицированных с явными проявлениями болезни,

δ – коэффициент, характеризующий скорость перехода из латентной фазы в фазу инфицирования,

n – параметр, характеризующий степень нелинейности.

4. Численные расчеты

Проведем численный эксперимент на основе построенной модели. Рассмотрим две ситуации:

1. карантинные меры, охватывающие всю рассматриваемую популяцию, не введены;

2. введены карантинные меры, охватывающие всю рассматриваемую популяцию.

Как и в рассмотренном ранее примере положим $\delta = 0.192$, $\beta = 0.194$. Опираясь на имеющиеся на медицинских интернет ресурсах данные, примем $\xi = 0.8$, $\gamma_1 = \frac{1}{7}$, $\gamma_2 = \frac{1}{30}$, $\mu = \frac{0.034}{1-\xi} = 0.17$. Для численных расчетов воспользуемся математическим пакетом Maple. На Рис. 5 дается код программы, описывающей динамику выделенных групп, в случае отсутствия карантинных мер.

```
with(plots):
beta:=0.194; delta:=0.192; gamma1:=0.143; gamma2:=0.033; xi:=0.8; theta:=0.5; mu:=0.17; N:=141000000; n:=1.03;
sys:=diff(s(t),t)=-beta*(xi*i(t)+theta*e(t))*s(t)^n,
diff(e(t),t)=beta*(xi*i(t)+theta*e(t))*s(t)^n-delta*e(t),
diff(i(t),t)=delta*e(t)-gamma1*i(t)-gamma2*(1-xi)*i(t)-mu*(1-xi)*i(t),
diff(r(t),t)=gamma1*i(t)+gamma2*(1-xi)*i(t),
diff(d(t),t)=mu*(1-xi)*i(t);
fns := [s(t),e(t),i(t),r(t),d(t)];
p:=dsolve([sys,s(0)=(N-0.0001*N)/N, e(0)=0, i(0)=0.0001*N/N, r(0)=0, d(0)=0],fns,type=numeric);
plots[odeplot](p,[t,s(t)],1..600,numpoints=10000,axes=frame,thickness=2,color=black,scaling=UNCONSTRAINED);
plots[odeplot](p,[t,e(t)],1..600,numpoints=10000,axes=frame,thickness=2,color=black,scaling=UNCONSTRAINED);
plots[odeplot](p,[t,i(t)],1..600,numpoints=10000,axes=frame,thickness=2,color=black,scaling=UNCONSTRAINED);
plots[odeplot](p,[t,r(t)],1..600,numpoints=10000,axes=frame,thickness=2,color=black,scaling=UNCONSTRAINED);
plots[odeplot](p,[t,d(t)],1..600,numpoints=10000,axes=frame,thickness=2,color=black,scaling=UNCONSTRAINED);
plots[odeplot](p,[t,i(t)],t,x(t)],[t,d(t)],1..600,numpoints=10000,axes=frame,thickness=[2,3,4],color=[black,
COLOR(RGB, .50, .50, .50), COLOR(RGB, .75, .75, .75)]);
```

Рис. 5: Код программы в Maple для реализации SEIRD-модели в случае отсутствия карантинных мер

Графики зависимости от времени рассматриваемых групп популяции представлены на Рис. 6, 7, 8, 9, 10 и 11.

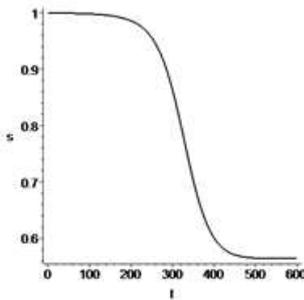


Рис. 6: График $\tilde{S}(t)$ - доли восприимчивых в популяции при отсутствии карантинных мер

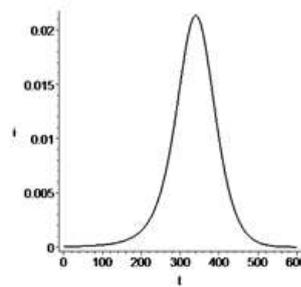


Рис. 7: График $\tilde{I}(t)$ - доли инфицированных в популяции при отсутствии карантинных мер.

Теперь смоделируем динамику эпидемиологического процесса в случае введения карантинных мер, охватывающих всю рассматриваемую популяцию. Предположим, что карантинные меры введены на двухсотый день эпидемии, и в пике достигают уменьшения в два раза возможного контакта с заразными. Длительность карантинных мер примем равной 200 дней.

В качестве функции $\rho(t)$, отвечающей описанным условиям можно взять

$$\rho(t) = \begin{cases} 1, & \text{если } t \in (0; 200] \cup [400, 600), \\ 0.5(0.01t - 3)^2(2 - (0.01t - 3)^2), & \text{если } t \in (200; 400). \end{cases}$$

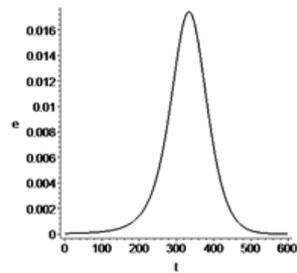


Рис. 8: График $\tilde{E}(t)$ - доли латентных в популяции при отсутствии карантинных мер

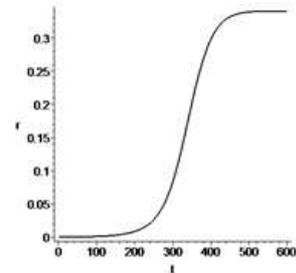


Рис. 9: График $\tilde{R}(t)$ - доли выздоровевших в популяции при отсутствии карантинных мер

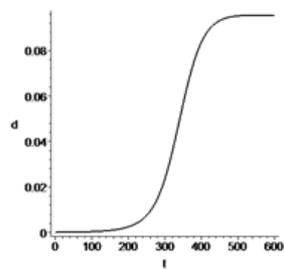


Рис. 10: График $\tilde{D}(t)$ - доли умерших в популяции при отсутствии карантинных мер

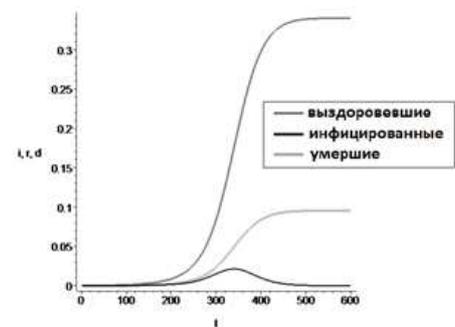


Рис. 11: Графики $\tilde{I}(t)$, $\tilde{R}(t)$, $\tilde{D}(t)$ при отсутствии карантинных мер

График выбранной функции изображён на Рис. 12.

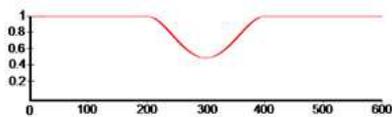


Рис. 12: График функции $\rho(t)$

Проведём численный эксперимент (код программы представлен на Рис. 13) и выясним, как изменится картина распространения заболевания в этом случае.

```
with(plots):
beta:=0.194; delta:=0.192; gamma1:=0.143; gamma2:=0.033; xi:=0.8; theta:=0.5; mu:=0.17; N:=141000000; n:=1.03;
f:= x-> piecewise( x>0 and x<200,1,x>200 and x<400,0.5*(x/100-3)^2*(2-(x/100-3)^2)+0.5,x>400 and x<600,1);

sys:=diff(s(t),t)=-beta*f(t)*(xi*i(t)+theta*e(t))*s(t)^n,
diff(e(t),t)=beta*f(t)*(xi*i(t)+theta*e(t))*s(t)^n-delta*e(t),
diff(i(t),t)=delta*e(t)-gamma1*xi*i(t)-gamma2*(1-xi)*i(t)-mu*(1-xi)*i(t),
diff(z(t),t)=gamma1*xi*i(t)+gamma2*(1-xi)*i(t),
diff(d(t),t)=mu*(1-xi)*i(t);
fcons:= [s(t),e(t),i(t),z(t),d(t)];
p:=dsolve([sys,s(0)=(N-0.0001*N)/N, e(0)=0, i(0)=0.0001*N/N, z(0)=0, d(0)=0],fcons,type=numeric);
plots[odeplot](p,[t,s(t)],1..600,numpoints=10000,axes=frame,thickness=2,color=black,scaling=UNCONSTRAINED);
plots[odeplot](p,[t,e(t)],1..600,numpoints=10000,axes=frame,thickness=2,color=black,scaling=UNCONSTRAINED);
plots[odeplot](p,[t,i(t)],1..600,numpoints=10000,axes=frame,thickness=2,color=black,scaling=UNCONSTRAINED);
plots[odeplot](p,[t,z(t)],1..600,numpoints=10000,axes=frame,thickness=2,color=black,scaling=UNCONSTRAINED);
plots[odeplot](p,[t,d(t)],1..600,numpoints=10000,axes=frame,thickness=2,color=black,scaling=UNCONSTRAINED);
plots[odeplot](p,[t,i(t)],t,x(t)],t,d(t)],1..600,numpoints=10000,axes=frame,thickness=[2,3,4],color=[black,
COLOR(RGB, .50, .50, .50), COLOR(RGB, .75, .75, .75)]);
```

Рис. 13: Код программы в Maple для реализации SEIRD ρ -модели в случае введения карантинных мер

На Рис. 14, 15, 16, 17, 18 и 19 изображены графики зависимости от времени доли выделенных групп в рассматриваемой популяции.

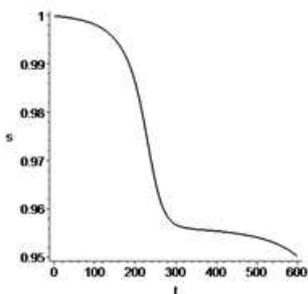


Рис. 14: График $\tilde{S}(t)$ - доли восприимчивых в популяции при наличии карантинных мер

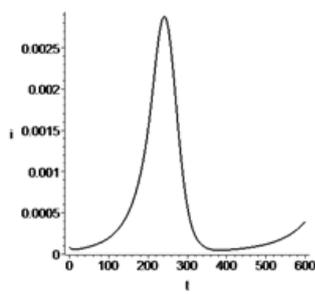


Рис. 15: График $\tilde{I}(t)$ - доли инфицированных в популяции при наличии карантинных мер

Как показывает численный эксперимент, введение описанных выше карантинных мер уменьшает долю инфицированных в 6 раз (Рис. 20), а умерших в 9 раз (Рис. 21).

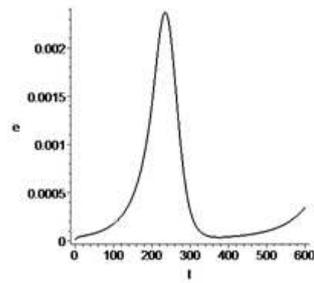


Рис. 16: График $\tilde{E}(t)$ - доли латентных в популяции при наличии карантинных мер

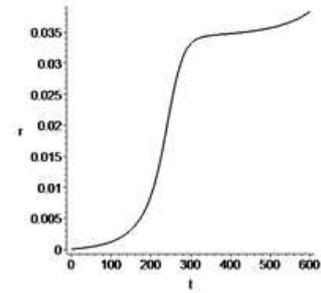


Рис. 17: График $\tilde{R}(t)$ - доли выздоровевших в популяции при наличии карантинных мер

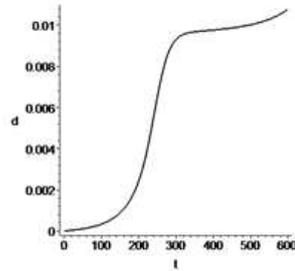


Рис. 18: График $\tilde{D}(t)$ - доли умерших в популяции при наличии карантинных мер

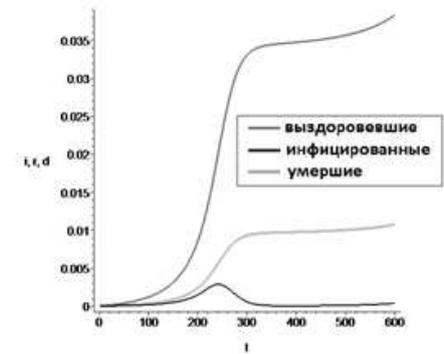


Рис. 19: Графики $\tilde{I}(t)$, $\tilde{R}(t)$, $\tilde{D}(t)$ при наличии карантинных мер

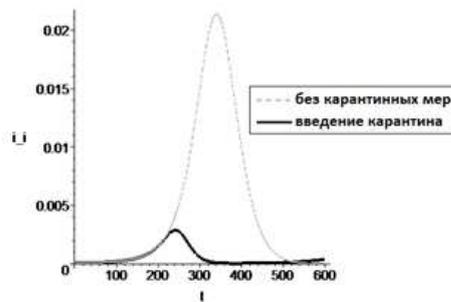


Рис. 20: Графики долей инфицированных в популяции

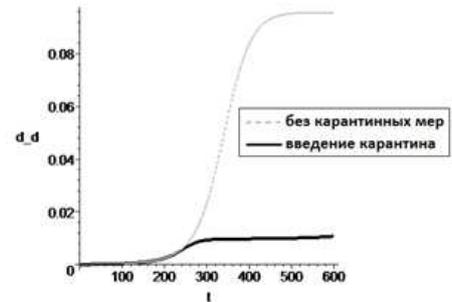


Рис. 21: Графики долей умерших в популяции

Заключение

В настоящее время существует большое количество различных математических моделей, описывающих распространение эпидемий. Но течение каждого инфекционного заболевания имеет свои особенности. Потому появление новых массовых заболеваний приводит к необходимости вносить коррективы в имеющиеся модели.

В представляемой работе на основе классической SEIRD-модели распространения эпидемии построена математическая модель SEIRDm, учитывающая особенности распространения COVID-19.

На базе созданной модели проведены численные расчеты, которые в частности демонстрируют значимость введения массовых карантинных мер.

Список литературы

- [1] Hammer W.H. Epidemic disease in England - the evidence of variability and of persistence of type // The Lancet. 1906. Vol. 1. Pp. 733–739.
- [2] Kermack W.O., McKendrick A.G. A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics // Proceedings of the Royal Society. 1927. Vol. 115, № 772. Pp. 700–721.
- [3] McKendrick A.G. Applications of Mathematics to Medical Problems // Proceedings of Edinburgh Mathematical Society. 1926. Vol. 44. Pp. 98–130.
- [4] Edelstein-Keshet L. Mathematical Models in Biology. Society for Industrial and Applied Mathematics, 2005. 586 p.
- [5] Herbert W., Hethcote H.W. The Mathematics of Infectious Diseases // SIAM Review. 2000. Vol. 42, № 4. Pp. 599–653.
- [6] Hethcote H.W. The Mathematics of Infectious Diseases // SIAM Review. 2000. Vol. 42, № 4. Pp. 599–653.

Образец цитирования

Еремеева Н.И. Построение модификации SEIRD-модели распространения эпидемии, учитывающей особенности COVID-19 // Вестник ТвГУ. Серия: Прикладная математика. 2020. № 4. С. 14–27. <https://doi.org/10.26456/vtpmk602>

Сведения об авторах

1. Еремеева Нина Игоревна

доцент кафедры высшей математики Димитровградского инженерно-технологического института – филиала федерального государственного автономного образовательного учреждения высшего образования «Национальный исследовательский ядерный университет «МИФИ».

Россия, 433511, г. Димитровград Ульяновской обл., ул. Куйбышева, д. 294.

E-mail: NIEmeeva@mephi.ru

BUILDING A MODIFICATION OF THE SEIRD MODEL OF EPIDEMIC SPREAD THAT TAKES INTO ACCOUNT THE FEATURES OF COVID-19

Eremeeva Nina Igorevna

Associate Professor at the Department of
Dimitrovgrad Engineering and Technological Institute,
National Research Nuclear University MEPhI
Russia, 433511, Ulyanovsk region, Dimitrovgrad, Kuibyshev str., 294.
E-mail: NIEmeeva@mephi.ru

Received 20.09.2020, revised 14.10.2020.

The article is devoted to the construction of a mathematical model that takes into account some features of COVID-19 propagation. The presented model is based on the classic SEIRD epidemic distribution model. The created model, in contrast to the basic one, takes into account the fact that latent COVID-19 carriers are somewhat contagious and that in a significant number of infected people, the disease is asymptomatic. The SEIRDm model reflects the fact that identified patients are isolating (hospitalizing) and the probability of infection from them decreases sharply and also that the measures taken over the quarantine are massive moreover, both the degree of their rigidity and the moment of introduction are important. Besides, the article draws attention to the fact that the relationship between the rate of change in the relative number of cases and susceptible and the relative number of infected may be nonlinear, and this fact is reflected in the built model. The article provides examples of numerical forecasting of the development of the epidemiological process as well as modeling the impact of mass quarantine measures, calculated on the basis of the created mathematical model.

Keywords: mathematical model, spread of the epidemic, COVID-19, differential equations.

Citation

Eremeeva N.I., "Building a modification of the SEIRD model of epidemic spread that takes into account the features of COVID-19", *Vestnik TvgU. Seriya: Prikladnaya Matematika [Herald of Tver State University. Series: Applied Mathematics]*, 2020, № 4, 14–27(in Russian). <https://doi.org/10.26456/vtprm602>

References

- [1] Hammer W.H., "Epidemic disease in England - the evidence of variability and of persistence of type", *The Lancet*, **1** (1906), 733–739.
- [2] Kermack W.O., McKendrick A.G., "A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics", *Proceedings of the Royal Society*, **115**:772 (1927), 700–721.

-
- [3] McKendrick A.G., “Applications of Mathematics to Medical Problems”, *Proceedings of Edinburgh Mathematical Society*, **44** (1926), 98–130.
- [4] Edelstein-Keshet L., *Mathematical Models in Biology*, Society for Industrial and Applied Mathematics, 2005, 586 pp.
- [5] Herbert W., Hethcote H.W., “The Mathematics of Infectious Diseases”, *SIAM Review*, **42**:4 (2000), 599–653.
- [6] Hethcote H.W., “The Mathematics of Infectious Diseases”, *SIAM Review*, **42**:4 (2000), 599–653.