

Підхід до прогнозування поширення COVID-19 у Тернопільській області

<https://doi.org/10.31713/MCIT.2023.085>

Василь Марценюк

Кафедра комп'ютерних технологій
Університет в Бельсько-Бяла
м. Бельсько-Бяла, Польща
vmartsenyuk@ath.bielsko.pl

Андрій Сверстюк

Кафедра медичної інформатики
Тернопільський національний медичний університет
імені І.Я. Горбачевського МОЗ України
м. Тернопіль, Україна
sverstyuk@tdmu.edu.ua

Володимир Паничев

ДУ «Тернопільський обласний лабораторний центр
МОЗ України»
м. Тернопіль, Україна
vpanychev9@gmail.com

Михайло Андрейчин

Кафедра інфекційних хвороб
Тернопільський національний медичний університет
імені І.Я. Горбачевського МОЗ України
м. Тернопіль, Україна
andreychyn@tdmu.edu.ua

Оксана Багрій-Заяць

Кафедра медичної фізики діагностичного та
лікувального обладнання
Тернопільський національний медичний університет
імені І.Я. Горбачевського МОЗ України
м. Тернопіль, Україна
bagrijzayats@tdmu.edu.ua

Світлана Никитюк

Кафедра дитячих хвороб з дитячою хірургією
Тернопільський національний медичний університет
імені І.Я. Горбачевського МОЗ України
м. Тернопіль, Україна
androx@tdmu.edu.ua

Анотація — Отримано результати експериментальних досліджень кількості прогнозованих випадків інфікування та осіб, які одужали, з використанням SIR-моделі розповсюдження пандемії COVID-19 на основі лінійних і нелінійних диференціальних рівнянь на 60, 100 та 1000 діб. Абсолютна похибка прогнозування піку пандемії COVID-19 у Тернопільській області на основі SIR-моделі з використанням нелінійних диференціальних рівнянь становить 10 діб, що пояснюється введенням своєчасних та ефективних заходів Центром громадського здоров'я МОЗ України та ДУ «Тернопільський обласний лабораторний центр МОЗ України».

Ключові слова — пандемія COVID-19, SIR-модель, методи прогнозування.

І. ВСТУП

За даними ВООЗ, у найближчі роки очікується зростання інфекційної захворюваності, що обумовлено відомими екологічними і соціально-економічними проблемами – низьким рівнем життя та не завжди належною медичною допомогою у значній частині населення планети [1]. Згідно з прогнозами, в першій половині поточного століття у будь-якій географічній точці планети слід чекати епідемій, пандемій або спалахів як «нових», так і «старих» інфекційних захворювань.

Основними чинниками, які зумовлюють складність вирішення задач оперативного аналізу та прогнозу розвитку пандемії COVID-19, а також завдань протидії, є наступні: масовість і висока

швидкість розповсюдження патогенів, коли за короткий час можлива поява великого числа хворих людей; обмеженість щодо кількості пацієнтів, яких можуть прийняти медичні установи та заклади охорони здоров'я, коли уражених людей стає надзвичайно багато, а наявних сил і засобів протидії новому вірусу мало; необхідність швидкого (оперативного) аналізу і прогнозу епідемічної ситуації з ухваленням адекватного рішення стосовно мобілізації та управління усіма наявними засобами протидії з метою виявлення, локалізації та ліквідації епідемічних осередків COVID-19, а також мінімізації соціальних та інших наслідків [2-5]. У цих умовах особливого значення набувають випереджувальні наукові дослідження з аналізу і прогнозування вірогідних сценаріїв розвитку пандемії COVID-19. Технології математичного і комп'ютерного моделювання такого роду досліджень, використовуючи адекватний науковий інструментарій, спроможні своєчасно оцінити масштаби та наслідки пандемії.

Метою роботи було розробити методи аналізу та прогнозування розповсюдження пандемії COVID-19 у Тернопільській області на основі SIR-моделей. Перші математичні методи при вивченні епідемій використовувалися у середині XVII століття. Зокрема Данієл Бернуллі уперше застосував найпростіший математичний апарат для оцінки ефективності профілактичних щеплень проти віспи.

Найбільший прогрес у використанні методів моделювання пов'язується з появою в середині 50-х років XX століття перших електронно-обчислювальних машин (ЕОМ) та збільшенням

числа наукових робіт і публікацій з математичного і комп'ютерного моделювання епідемій. У публікаціях того часу стали з'являтися все складніші математичні моделі, в яких істотну роль відведено випадковим чинникам епідемічного процесу. Тому більшість моделей того періоду мала імовірнісний характер, а робочим апаратом служила теорія імовірності та випадкових процесів. Цей етап у розвитку ЕОМ був пов'язаний з впливом на епідеміологію класичних математиків, яким вдалося створити безліч абстрактних моделей, але з вельми обмеженим епідеміологічним змістом [6].

Як було встановлено, у ході розвитку епідемії серед населення ураженої території формується складний процес, що саморозвивається, завдяки «перенесенню» популяції збудника на співтовариство сприйнятливих людей. Епідеміологічний зміст такого процесу пов'язаний з адекватним його відображенням як у календарному часі «t», так і внутрішньому часі «τ», який фіксує розвиток інфекційного захворювання у безлічі інфікованих осіб. Система рівнянь, що показує розвиток епідемічного процесу, є системою нелінійних рівнянь частинних похідних з відповідними початковими і граничними умовами. Із застосуванням цієї методології в Інституті експериментальної медицини ім. М.Ф. Гамалей АМН СРСР в 60-70-ті роки були розроблені унікальні моделі епідемій грипу для території СРСР, які складено на основі балансів «потоків» індивідуумів, що проходять основні стадії-стани інфекційного процесу типу SEIR, де: S – сприйнятливі люди, E – особи в інкубаційному періоді захворювання, I – інфекційні хворі, R – особи, які перехворіли.

За відсутності інформації про кількість пацієнтів, які перебувають в інкубаційному періоді інфекції, для розробки методів аналізу та прогнозування розповсюдження пандемії COVID-19 в Тернопільській області доцільно використовувати SIR-модель.

II. SIR- МОДЕЛЬ РОЗПОВСЮДЖЕННЯ ПАНДЕМІЇ COVID-19 НА ОСНОВІ ЛІНІЙНИХ ДИФЕРЕНЦІАЛЬНИХ РІВНЯНЬ

Використовуючи основні положення популяційної динаміки на основі біологічних припущень, SIR-модель розповсюдження пандемії COVID-19 на основі лінійних диференціальних рівнянь буде мати такий вигляд:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -k_1 \cdot S(t), \\ \frac{dI}{dt} &= k_1 \cdot S(t) - k_2 \cdot I(t), \\ \frac{dR}{dt} &= k_2 \cdot I(t). \end{aligned} \quad (1)$$

Модель (1) використовується для заданих початкових умов $S(0)=0$, $I(0)=0$ та $R(0)=0$. SIR-модель розповсюдження пандемії COVID-19 має спрощений характер та не враховує процеси підпопуляції померлих осіб внаслідок інфікування. Однак, беручи до уваги їх дуже мале число, вважається, що дана підпопуляція не впливає на якісну поведінку динамічної системи (1). Наведена модель є стаціонарною (автономною), в якій не

враховуються жодні сезонні зміни. Для прогнозування пандемії COVID-19 з використанням SIR-моделі на основі нелінійних диференціальних рівнянь (1) необхідно провести ідентифікацію параметрів k_1 та k_2 . У ролі експериментальних даних використано результати розвитку пандемії COVID-19 в Тернопільській області, згідно з інформацією, яка надана ДУ «Тернопільський обласний лабораторний центр МОЗ України» з 01.03. по 5.05.2020 р.

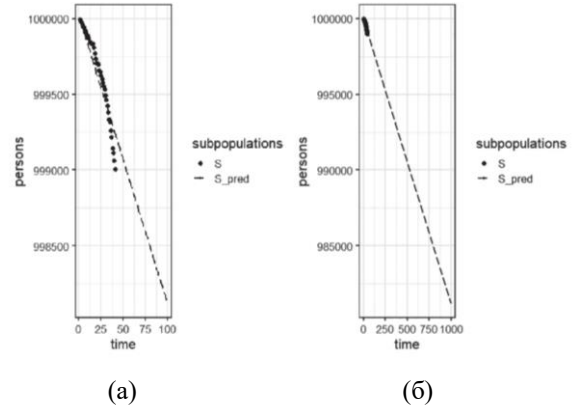


Рисунок 1. Результати експериментальних досліджень числа інфікованих (S) та їх прогнозування (S_pred) з використанням моделі (1) на 100 діб (а) та 1 000 діб (б)

III. SIR- МОДЕЛЬ РОЗПОВСЮДЖЕННЯ ПАНДЕМІЇ COVID-19 НА ОСНОВІ НЕЛІНІЙНИХ ДИФЕРЕНЦІАЛЬНИХ РІВНЯНЬ

Використовуючи основні положення популяційної динаміки на основі біологічних припущень, які наведені вище, SIR-модель розповсюдження пандемії COVID-19 на основі нелінійних диференціальних рівнянь буде мати такий вигляд:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -k_1 \cdot S(t) \cdot I(t), \\ \frac{dI}{dt} &= k_1 \cdot S(t) \cdot I(t) - k_2 \cdot I(t), \\ \frac{dR}{dt} &= k_2 \cdot I(t). \end{aligned} \quad (2)$$

Модель (2) використовується для заданих початкових умов $S(0)=0$, $I(0)=0$ та $R(0)=0$. SIR-модель розповсюдження пандемії COVID-19 має спрощений характер і не враховує процеси підпопуляції померлих осіб внаслідок інфікування, однак, беручи до уваги їх дуже малу кількість, можна вважати, що ця популяція не впливає на якісну поведінку динамічної системи (1). Наведена модель є стаціонарною (автономною), в якій не враховуються жодні сезонні зміни.

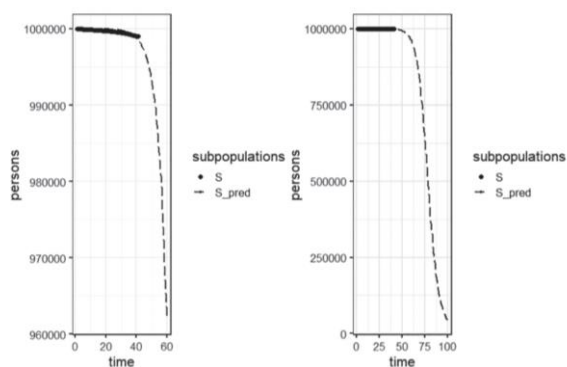


Рисунок 2. Результати експериментальних досліджень числа інфікованих (S) та їх прогнозування (S_{pred}) з використанням моделі (2) на 60 діб (а) та 100 діб (б)

Проводилося дослідження впливу розміру популяції на досягнення максимального значення кількості інфікованих осіб (піку епідемії) (рис.1, 2). Пік пандемії COVID-19 в Тернопільській області, на підставі інформації, яка надана ДУ «Тернопільський обласний лабораторний центр МОЗ України» на період з 01.03. по 5.05.2020 р., мав би настати на 85-у добу, тобто приблизно 16.05.2020 р., згідно з прогнозуванням пандемії COVID-19 на основі SIR-моделі з використанням нелінійних диференціальних рівнянь.

IV. ВИСНОВКИ

За результатами обліку кількості інфікованих на COVID-19 в Тернопільській області екстремальне значення зростання пандемії на COVID-19 в

Тернопільській області припав на 06.05.2020 р. Абсолютна похибка прогнозування піку пандемії COVID-19 в Тернопільській області на основі SIR-моделі з використанням нелінійних диференціальних рівнянь становить 10 діб. Це пояснюється введенням своєчасних та ефективних протиепідемічних заходів Центром громадського здоров'я МОЗ України та ДУ «Тернопільський обласний лабораторний центр МОЗ України».

ЛІТЕРАТУРА

- [1] М.А. Андрейчин, В.С. Копча, “Проблеми грипу А Н1/Н1: минуле і сучасність,” Інфекційні хвороби, vol. 4, 2009, с. 5–19.
- [2] L. Wang, J. Li, S. Guo, N. Xie, L. Yao, Y. Cao [et al.], “Real-time estimation and prediction of mortality caused by COVID-19 with patient information based algorithm,” Science of The Total Environment, vol. 727, 2020, pp. 1–8.
- [3] В.П. Марценюк, Н.В. Цяпа, М.О. Кашуба, “Інформаційно-статистичний підхід до моделювання розповсюдження інфекційного захворювання на прикладі епідемії ГРЗ в період жовтень-листопад 2009 року в Тернопільській області,” Інфекційні хвороби, vol. 4, 2009, с. 50–59.
- [4] В. Марценюк, Н. Цяпа, “SIR-моделювання епідемії гострих респіраторних захворювань,” Медична інформатика та інженерія, vol. 4, 2009, с. 65–69.
- [5] В.О. Паничев, М.А. Андрейчин, А.С. Сверстюк, “Оцінювання повноти реєстрації кліщових інфекцій на Тернопіллі,” Інфекційні хвороби, vol. 1 (111), 2023, с. 18–28.
- [6] В.П. Марценюк, М.А. Андрейчин, А.С. Сверстюк, О.Т. Чайчук, В.О. Паничев, В.С. Копча, “Ідентифікація параметрів у SIR-моделях за результатами пандемії COVID-19 в Тернопільській області,” Інфекційні хвороби, vol. 2 (100), 2020, с. 15–21.