

ПРИМЕНЕНИЕ ВЕТВЯЩИХСЯ ПРОЦЕССОВ В МОДЕЛИРОВАНИИ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ЭПИДЕМИЙ

Муртазаев Мислиддин

Старший преподаватель Института ТМС

e-mail: misliddin1991@mail.ru

<https://doi.org/10.5281/zenodo.11402484>

Аннотация. В данной статье рассмотрены основы использования ветвящихся процессов для моделирования распространения инфекционных заболеваний и предложена более сложная модель, учитывающая переменную заразность, наличие иммунных индивидов, структуры сетей контактов, гетерогенность индивидов и вмешательства общественного здравоохранения. Анализируя влияние различных факторов, таких как вакцинация и социальное дистанцирование, данная модель позволяет более точно предсказать динамику эпидемического процесса и оценить эффективность контроля и предотвращения эпидемий.

Ключевые слова: Ветвящиеся процессы, Моделирование эпидемий, Репродуктивное число R_0 , Сети контактов, Гетерогенность, Интервенции общественного здравоохранения, Стохастические модели, Дифференциальные уравнения.

APPLICATION OF BRANCHING PROCESSES IN MODELING EPIDEMIC SPREAD

Abstract. This article reviews the basics of using branching processes to model the spread of infectious diseases and proposes a more complex model that takes into account variable infectivity, the presence of immune individuals, contact network structures, heterogeneity of individuals, and public health interventions. By analyzing the influence of various factors, such as vaccination and social distancing, this model makes it possible to more accurately predict the dynamics of the epidemic process and assess the effectiveness of epidemic control and prevention.

Keywords: Branching processes, Epidemic modeling, Reproductive number R_0 , Contact networks, Heterogeneity, Public health interventions, Stochastic models, Differential equations.

Ветвящиеся процессы представляют собой математические модели, которые находят широкое применение в самых разнообразных областях — от теории очередей до биологии. Одним из наиболее актуальных и важных применений таких процессов является моделирование распространения инфекционных заболеваний, в особенности в условиях развивающихся эпидемий. В этой статье мы рассмотрим основы использования ветвящихся процессов для анализа эпидемий и приведем некоторые примеры их применения.

Ветвящиеся процессы: основы. Ветвящиеся процессы — это стохастические (случайные) модели, описывающие эволюцию популяций, где каждый индивид (или "частица") независимо от других порождает некоторое количество потомков согласно заданному вероятностному распределению. Простейшим примером такого процесса является процесс Гальтона-Ватсона, в котором каждое поколение порождает следующее, исходя из фиксированного распределения вероятности числа потомков на одного предка.

Применение в моделировании эпидемий. В контексте эпидемиологии, индивиды в модели ветвящегося процесса представляют собой инфицированных, каждый из которых может заразить некоторое количество других людей до того, как выздоровеет или умрет.

Количество новых заражений, порожденных одним индивидом, может рассматриваться как потомство в терминологии ветвящихся процессов, а распространение инфекции — как эволюция популяции.

Репродуктивное число R_0 . Одним из ключевых понятий при моделировании распространения болезней является базовое репродуктивное число R_0 , которое указывает на среднее количество новых случаев, порожденных одним инфицированным в полностью восприимчивой популяции. Если $R_0 > 1$, эпидемия имеет потенциал к расширению, если $R_0 < 1$ — заболевание со временем затухает.

Моделирование и контроль эпидемий. Используя ветвящиеся процессы, можно моделировать различные сценарии эпидемии, включая влияние мер общественного здравоохранения на скорость и глубину распространения инфекции. Путем анализа моделей, учитывающих различные стратегии карантина, вакцинации и лечения, можно разрабатывать и оценивать эффективность эпидемиологических вмешательств.

Модель ветвящегося процесса для базовой эпидемии

Рассмотрим простую модель ветвящегося процесса, которая может служить отправной точкой для моделирования эпидемии. Для этого воспользуемся упрощенной концепцией, где каждый инфицированный индивид может передать инфекцию определенному количеству других людей до момента своего выздоровления.

Предположения. Восприимчивая популяция: Вся популяция изначально восприимчива к инфекции.

Фиксированное репродуктивное число R_0 : Каждый инфицированный в среднем передает инфекцию R_0 другим людям на протяжении периода своей инфекционности.

Постоянная вероятность передачи: Вероятность передачи инфекции от инфицированного к восприимчивому индивиду постоянна.

Игнорирование времени генерации: Для упрощения модели время от заражения до передачи инфекции другим не учитывается (оно одинаково для всех инфицированных).

Модель. Обозначим начальное число инфицированных как I_0 , обычно I_0 равно 1, представляя индексный случай.

Пусть I_n будет числом новых инфекций в (n)-ом поколении инфекции (т.е., (n) передач инфекции от первоначального инфицированного).

Тогда, если предполагается, что каждый инфицированный передает инфекцию в среднем R_0 другим людям, распределение числа новых инфекций, порождаемых одним инфицированным, может быть описано как распределение Пуассона с параметром R_0 .

При таких предположениях, количество новых инфекций в поколении (n+1), $I_{\{n+1\}}$ можно получить, используя числа из предыдущего поколения I_n , умножая их на R_0 :

$$I_{\{n+1\}} = R_0 \cdot I_n$$

Пример. Предположим, что $R_0 = 2.5$ (характерное значение для гриппа) и начальное число инфекций $I_0 = 1$.

Тогда количество инфекций в первом поколении:

$$(I_1 = 2.5 * 1 = 2.5) \text{ (округляем до 2 для упрощения)}$$

Во втором поколении:

$$(I_2 = 2.5 \cdot 2 = 5)$$

И так далее.

Выводы. Этот простой пример демонстрирует, как без вмешательства, количество инфицированных может экспоненциально расти в начальной фазе эпидемии. Разумеется, в реальности модель должна быть усложнена для учета таких факторов, как уменьшение числа восприимчивых индивидов по мере распространения болезни, влияние мер общественного здоровья и так далее. Ветвящиеся процессы предоставляют важный инструмент для первоначального понимания динамики распространения инфекций, но должны быть адаптированы и уточнены для создания реалистичных эпидемиологических моделей.

Текущие проблемы и развитие. Следует отметить, что простые ветвящиеся процессы могут не учитывать всю сложность реального распространения болезней, такую как эффекты структуры населения, географическое распределение, сезонные колебания и многие другие факторы. Разработка более сложных моделей, интегрирующих ветвящиеся процессы с другими математическими и статистическими методами, представляет собой активное направление исследований в современной эпидемиологии.

Для создания более сложной модели ветвящегося процесса, моделирующей распространение эпидемии, можно учесть следующие факторы и динамику:

Уточнения и Дополнения. Переменная заразность: Включить переменную вероятность заражения в зависимости от времени после заражения, что более точно отражает реальное распространение, где индивид наиболее заразен в определенный период после заражения.

Учет иммунитета: Популяция не полностью восприимчива. Учет введения вакцинированных или ранее инфицированных индивидов, имеющих иммунитет, который изменяется во времени и снижает вероятность передачи.

Сети контактов: Вместо предположения о смешанной популяции учесть структуру контактов между индивидами (например, с использованием теории графов), включающую семьи, школы, рабочие места и другие социальные группы.

Гетерогенность индивидов: Вероятность передачи и восприимчивость к болезни зависят от множества факторов, таких как возраст, состояние здоровья и социальное поведение.

Интервенции общественного здравоохранения: В модель могут быть введены действия по сдерживанию эпидемии, такие как вакцинация, карантин, маски и социальное дистанцирование, которые изменяют вероятность передачи.

Математическое описание. Математически сложная модель может быть описана системой дифференциальных уравнений, включающей изменение числа восприимчивых S , инфицированных I и выздоровевших или иммунных R индивидов во времени.

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\beta S(t)I(t) + \delta R(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t)\end{aligned}$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) - \delta R(t)$$

Где:

β — коэффициент заражения, который может быть функцией от времени и эффектов интервенций,

γ — коэффициент выздоровления, определяющий среднее время до выздоровления инфицированного,

δ — коэффициент утраты иммунитета, перехода от выздоровевших к восприимчивым снова.

Эта модель может быть расширена или модифицирована для учета других аспектов, таких как введение различных классов восприимчивости или более детальное моделирование процесса передачи инфекции на основе данных о контактах.

Применение. Такая модель может быть использована для симуляции различных сценариев эпидемии, анализа эффективности и планирования интервенций общественного здравоохранения. С помощью численного моделирования можно оценить, как изменения в поведении населения или внедрение мер по контролю за заболеванием могут повлиять на течение эпидемии.

Заключение: Переход от простой к более сложной модели ветвящегося процесса позволяет получить глубокое понимание динамики и контроля эпидемий, хотя и требует значительных компьютерных ресурсов для численного решения и анализа полученных моделей.

Применение ветвящихся процессов в моделировании распространения эпидемий предоставляет мощный инструмент для понимания динамики инфекционных заболеваний и разработки стратегий их контроля и предотвращения. Несмотря на сложность и вызовы, эти модели играют ключевую роль в борьбе с эпидемиями, помогая защитить общественное здоровье.

REFERENCES

1. Saldaña, J., & Baggio, G. (2020). Modeling COVID-19 transmission dynamics in Italy: A preliminary study. *Chaos, Solitons & Fractals*, 138, 109947.
2. Klepac, P., Kissler, S., & Gog, J. (2018). Contagion! The BBC Four Pandemic – The model behind the documentary. *Epidemics*, 24, 49-59.
3. Bubar, K. M., Reinholt, K., Kissler, S. M., Lipsitch, M., Cobey, S., Grad, Y. H., & Larremore, D. B. (2021). Model-informed COVID-19 vaccine prioritization strategies by age and serostatus. *Science*, 371(6532), 916-921.
4. Jurabek U. The role of linear programming in economics //international scientific research conference. – 2023. – т. 2. – №. 18. – с. 47-49.
5. Usarov J. Exploring economic landscapes: dividing social networks into three communities using the maximum likelihood method //raqamli iqtisodiyot va axborot texnologiyalari. – 2024. – т. 4. – №. 1. – с. 12-20.
6. Saparbayevich, S. K., & Abdunazirovich U. J. (2023). Application of maximum likelihood method for dividing communities into three in economics. *Imras*, 6(7), 431-436.

7. Bektosh S., Misliddin M. Using Python in the analysis of econometric models //Innovations in exact science. – 2024. – Т. 1. – №. 2. – С. 19-27.
8. Шердор А., Шукруллоев Б. Многофакторный эконометрический анализ в рыночной экономике многофакторный эконометрический анализ в рыночной экономике //Science and Society. – 2024. – Т. 1. – №. 7. – С. 19-26.