

УДК 004.03

РОЗРОБКА МАПЛЕТУ ДЛЯ РЕАЛІЗАЦІЇ КОМП'ЮТЕРНОЇ МОДЕЛІ SIR

Бутенко Юрій Вікторович

Науковий керівник: канд. фіз.-мат. наук Паращук С.Д.

Центральноукраїнський державний педагогічний університет імені

Володимира Винниченка, м. Кропивницький, Україна

Стаття актуальній тематиці розробки візуальних програмних додатків для аналізу та дослідження результатів математичного моделювання поширення епідемій на основі моделі SIR та її модифікацій. Створено графічний додаток в середовищі Maple, який дає можливість графічно представити результати моделювання поширення епідемії на основі моделі SIR та її модифікацій, а також порівнювати отримані результати в залежності від вхідних параметрів.

Ключові слова: Maple, маплет, SIR модель.

DEVELOPMENT OF A MAPLET FOR THE IMPLEMENTATION OF THE COMPUTER MODEL SIR

Butenko Yurii Viktorovich

Scientific supervisor: S.D. Parashchuk, PhD

Volodymyr Vynnychenko Central Ukrainian State Pedagogical University,

Kropyvnytskyi, Ukraine

The article is devoted to topical issues of development of visual software applications for analysis and study of the results of mathematical modeling of epidemic spread based on the SIR model and its modifications. A graphical application has been created in the Maple environment, which makes it possible to graphically present the results of modeling the spread of the epidemic based on the SIR model and its modifications, as well as to compare the results depending on the input parameters.

Keywords: Maple, maplet, SIR model.

Постановка проблеми. У 2019 році людство стикнулося з поширенням епідемії вірусу, який викликає захворювання COVID 19. Як показали перші тижні епідемії, наявні математичні моделі, які використовуються в біології та епідеміології є не зовсім адекватними, оскільки не враховують багатьох факторів. Так, з розвитком подій створювалися нові статистичні моделі та вдосконалювалися старі. Більшість нових моделей базується на основі модифікацій стандартної SIR моделі. Поряд з розвитком математичних моделей, розроблялися і різні способи їх комп'ютерної реалізації. Тому, на

даний час є актуальним створення комп'ютерних моделей, які реалізують математичні моделі поширення епідемій.

Аналіз досліджень і публікацій.

Сучасні прикладні дослідження, пов'язані з аналітичним та чисельним аналізом результатів потребують широкого застосування математичних пакетів різної спрямованості. Одним із найпопулярніших в застосування є пакет символьних обчислень та комп'ютерної графіки Maple.

У статті [1] розглянуто найпотужніші та найпоширеніші засоби моделювання та прогнозування поширення вірусних захворювань, проаналізовано можливість їх застосування в умовах України та визначено напрям досліджень у галузі прогнозування та аналізу розвитку епідемій.

У роботі [2], використовуючи світовий досвід, аналіз відкритих даних та консультуючись з фахівцями щодо базових медичних параметрів, членами робочої групи розроблено власну математичну модель, яка належить до класу детермінованих SEIR-моделей. Розроблена модель дає змогу враховувати наявність безсимптомних хворих, має три рівні складності перебігу хвороби для хворих із симптомами і дозволяє обчислювати кількість пацієнтів, які перебувають на госпіталізації.

Робота [3] розглянуто оцінку методу прогнозування генотип-специфічної ефективності профілактики ротавірусної інфекції в Україні. Наведені основні критерії таких оцінок та висловлені рекомендації по покращенню останніх.

У роботі [4] проведено аналіз динаміки епідемії по відношенню до популяції з низькою чисельністю. Встановлено граничні значення для базового репродукційного числа.

У статті [5] наведено розробку програмного комплексу для реалізації математичної моделі поширення епідемії. Вказані на основні вимоги до програмних засобів реалізації математичних моделей такого типу.

Книга [6] присвячена основним моделям поширення епідемій. Розкриті основні підходи до моделювання епідеміологічних процесів, проведений детальний аналіз основних математичних моделей.

Робота [7] присвячена аналізу детермінованої епідемологічної моделі з урахуванням неодноразових контактів інфікованих та здорових. Показані ефективні оцінки базового репродуктивного числа для такої моделі.

у статті [8] розкрито основні підходи до обчислення базового репродуктивного числа, показані способи обчислення його для різних модифікацій SIR моделі.

У роботах [9 - 10] проводиться дослідження вакцинації, як засобу протистояння поширенню епідемій. Показано переваги та недоліки застосування вакцинації на різних етапах розвитку епідемії.

Мета статті: показати можливості створення програмних додатків в середовищі Maple на прикладі створення маплету для реалізації SIR моделі та її модифікацій.

Основна частина.

При побудові найпростішої SIR моделі припускають, що одинична інфекція викликає захворювання, яке протікає приблизно однаково у всіх хворих. Також, припустимо, що представники популяції можуть знаходитися в трьох станах: здорові, хворі, які можуть заражати інших здорових, та ті, хто переніс хворобу і має імунітет. Позначимо їх кількості, як функції від часу, маючи на меті дослідження динаміки такої моделі:

$S(t)$ - функція, яка показує кількість здорових в залежності від часу;

$I(t)$ - функція, яка показує кількість хворих в залежності від часу;

$R(t)$ - функція, яка показує кількість вилікуваних в залежності від часу.

Введемо функцію $A(\tau)$, яка є середньою інфікованістю особи, що інфікована τ часу назад. Наприклад, якщо ймовірність заразитися при контакті постійна і рівна p , середнє число контактів за одиницю часу рівне c , і особина є заразною протягом часу від T_1 до T_2 , тоді:

$$A(\tau) = \begin{cases} cp, & T_1 \leq \tau \leq T_2, \\ 0, & \text{інакше.} \end{cases}$$

На основі цього припущення, можна вивести рівняння для SIR моделі в наступному вигляді:

$$\begin{aligned}
\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t) \\
\dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\
\dot{R}(t) &= \gamma I(t).
\end{aligned}
\tag{1}$$

Відмітимо, що модель (1) не враховує демографічних факторів, та ряд інших факторів. Але ця модель є базовою для розробки більшості моделей поширення епідемій. Базове репродукційне число для цієї моделі можна отримати за формулою:

$$R_0 = \frac{\beta N}{\gamma}.$$

Якщо врахувати демографічні фактори, а саме припустити, що смертність повністю врівноважує народжуваність, то модель (1) можна переписати у наступному вигляді:

$$\begin{aligned}
\dot{S}(t) &= \mu N - \beta S(t)I(t) - \mu S(t) \\
\dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) - \mu I(t) \\
\dot{R}(t) &= \gamma I(t) - \mu R(t).
\end{aligned}
\tag{2}$$

Базове репродукційне число для цієї моделі можна отримати за формулою:

$$R_0 = \frac{\beta N}{\gamma + \mu}.$$

Розглянемо модель поширення інфекції, в якій враховано те, що часть членів популяції отримують лікування та виліковуються. Популяція має загальну чисельність N та розділена на 4 класи:

Таблиця 1.

Класи популяції по відношенню до інфекції

Назва класу	Опис класу
S	Здорові особини популяції
E	Інфіковані, але ще не заразні представники популяції
I	Хворі та заразні особини популяції
T	Хворі, які отримали лікування та вилікувались

Інфекція допускає повторне зараження, тобто при перенесенні хвороби не формується імунітет. Введемо в модель наступні параметри:

$N = S + E + I + T$ - загальна кількість особин популяції;

$\frac{\beta_1 I}{N}$ - швидкість, з якою здорова особина стає інфікованою (β_1 - середня кількість контактів заразної особини з представниками класу здорових за одиницю часу);

$\frac{\beta_2 I}{N}$ - швидкість, з якою вилікувана особина стає інфікованою (β_2 - середня кількість контактів заразної особини з представниками класу вилікуваних за одиницю часу);

γ - швидкість, з якою інфіковані особини стають заразними;

d - швидкість, з якою помирають особини в даній популяції;

r_1 - швидкість одужання інфікованих при лікуванні;

r_2 - швидкість одужання заразних при лікуванні;

q - частина заразних, яка виліковується внаслідок застосування лікування ($q < 1$);

p - частина заразних, які отримали лікування, але не вилікувались і залишилися інфікованими ($p < 1$).

Відмітимо, що має місце рівність $q = 1 - p$. Припускаємо, що всі народжені в популяції є здоровими. Дана модель описується наступною системою диференціальних рівнянь:

$$\begin{aligned} \dot{E} &= \frac{\beta_1 SI}{N} + \frac{\beta_2 TI}{N} - (d + \gamma + r_1)E + pr_1 I, \\ \dot{I} &= \gamma E - (d + r_2)I, \\ \dot{S} &= N - dS - \frac{\beta_1 SI}{N}, \\ \dot{T} &= -dT + r_1 E + qr_2 I - \frac{\beta_2 TI}{N}. \end{aligned} \tag{3}$$

В такій моделі є два класи переносників хвороби та два класи здорових. Базове репродукційне число для цієї моделі можна отримати за формулою:

$$R_0 = \frac{\beta_1 \gamma}{(d + \gamma + r_1)(d + r_2) - \gamma p r_2}. \quad (4)$$

Якщо в розглядуваній моделі допустити відсутність лікування, тобто $r_1 = 0$ і $r_2 = 0$, то отримаємо наступну модель:

$$\begin{aligned} \dot{E} &= \frac{\beta_1 SI}{N} + \frac{\beta_2 TI}{N} - (d + \gamma)E, \\ \dot{I} &= \gamma E - dI, \end{aligned} \quad (5)$$

$$\dot{S} = N - dS - \frac{\beta_1 SI}{N},$$

$$\dot{T} = -dT - \frac{\beta_2 TI}{N},$$

для якої базове репродукційне число можна отримати за формулою:

$$R_0 = \frac{\beta_1 \gamma}{d(d + \gamma)}. \quad (6)$$

Модель (1.3) описує, наприклад, поширення такої хвороби, як туберкульоз, а також хвороб, для яких період захворюваності та лікування є досить тривалим. Відмітимо, що всі моделі (1) – (6) розглядаються в припущенні, що кількість членів популяції є незмінною величиною.

Для створення програми використаємо можливості системи Maple для побудови графічних додатків або так званих маплетів. Визначимо обчислювальну частину нашої програми.

Користувачка функція у Maple задається наступним чином:

ім'я_функції := **proc**(*набір вхідних змінних*)::*вихідний тип даних*

local параметри функції;

global параметри функції;

тіло (обчислювальна частина)

end proc;

Даний маплет призначений для порівняння результатів моделювання із застосуванням стандартної та модифікованої моделей або для одних і тих же параметрів користувача. Він дає можливість змінювати параметри моделі в

процесі виконання, що дає більш широкі можливості по застосуванню вказаних моделей. Нижче представлено код створення шаблону маплету

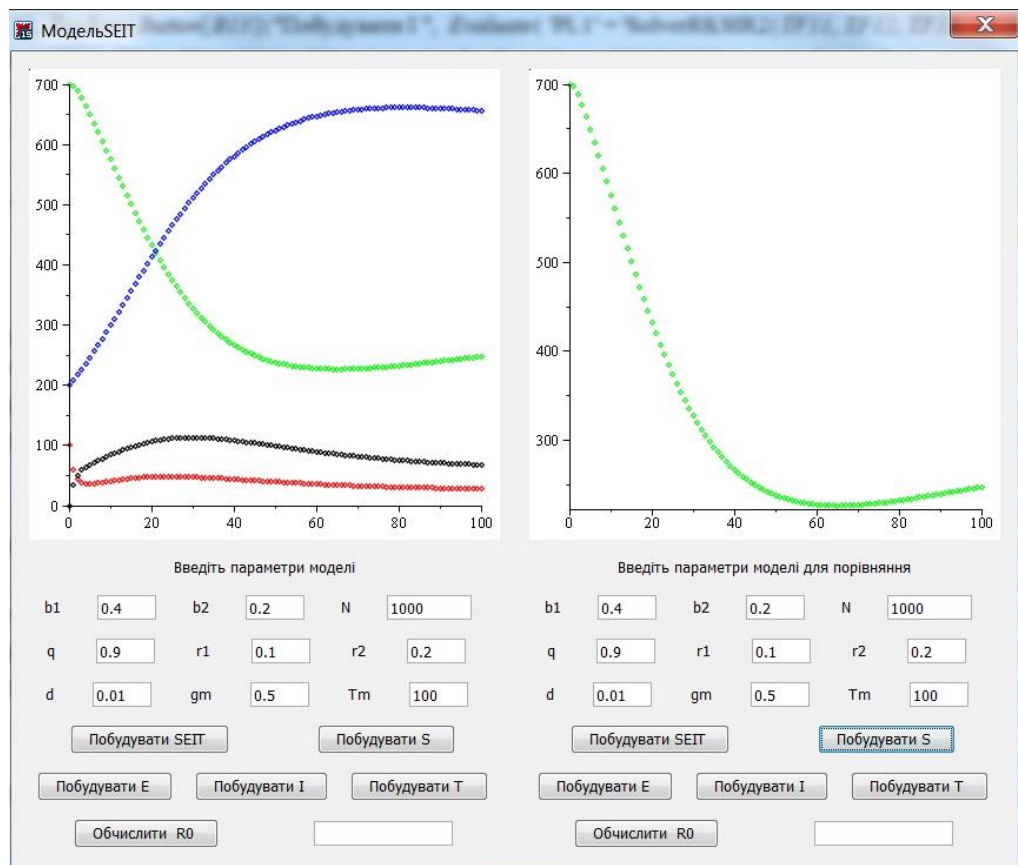


Рис1. Вікно маплету для аналізу моделі SEIT після виконання команд.

В усіх полях уже є наявні числові значення параметрів, які можна змінювати. Також, даний маплет дає можливість окремо аналізувати функції кількості представників кожного класу популяції по відношенню до епідемії.

Висновки та перспективи подальших пошуків у напрямі дослідження

Під час виконання дослідження нами було детально проаналізовано процес створення маплетів в середовищі Maple. Також ми сформулювали ряд переваг та недоліків використання маплетів при реалізації математичних моделей, які, на нашу думку, є основними факторами при виборі системи Maple для комп'ютерної реалізації математичних моделей.

Відмітимо, що робота носить теоретичний характер, та може бути використана, як основа для подальшого дослідження вказаних математичних

моделей. Також, практичне застосування створеного комплексу додатків полягає у використанні їх в якості демонстраційного матеріалу в навчальному процесі, при вивченні тем, пов'язаних з застосуванням математичного апарату в природничих науках.

Однак, використання створеного програмного продукту дає можливість якісно оцінити поведінку моделі SIR та її модифікацій в залежності від початкових вхідних параметрів. Програмний комплекс може бути використаний як основа для подальшого дослідження математичних моделей в біології та епідеміології, зокрема, для створення статистичних моделей, що описують поширення епідемій на основі моделі SIR.

Список використаної літератури

1. Пшеничний О. Ю. Аналіз сучасних програмних засобів моделювання поширення вірусних захворювань / І. М. Чорней, Н. Б. Шаховська, В. В. Литвин // Вісник Національного університету "Львівська політехніка". – 2010. – № 673 : Інформаційні системи та мережі. – С. 154-162.
2. Бровченко І. Розробка математичної моделі поширення епідемії Covid-19 в Україні // Світогляд. – 2020 - №2 (82).
3. Соловійов С.О. Оцінка методу прогнозування генотип-специфічної ефективності профілактики ротавірусної інфекції в Україні / С.О. Соловійов, О.П. Трохименко, І.В. Дзюблик // Український біофармацевтичний журнал.-2011.- №3(14).- С.52-58.
4. Watts D.J., Strogatz S.H. Collective dynamics of 'small-world' networks // Nature, 393:440–2. 2006.
5. Hethcote H.W., Van Ark J.W. Epidemiological models for heterogeneous populations: proportionate mixing, parameter estimation, and immunization programs // Math. Biosci., 84:85–118. 2005. 6.
6. Diekmann O., Heesterbeek J.A.P. Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases // John Wiley & Son, Chichester. 2000.
7. Diekmann O., De Jong M.C.M., Metz J.A.J. A deterministic epidemic model taking account of repeated contacts between the same individuals // J. Appl. Prob., 35:448–62. 2011.

8. Keeling M. J., Grenfell B.T. Individual-based perspectives on $R(0)$ // J. Theor. Biol., 203:51–61. 2000.
9. Dynamic epidemiology and the market for vaccinations / Francis, Peter // Journal of Public Economics 63: 383-406 1997. 113 1
10. Pastor-Satorras R., Vespignani A. Immunization of complex networks // Phys. Rev. E, 65:036104. 2002.