PE Population and Economics

Население и экономика 4(2): 96–102
DOI 10.3897/popecon.4.e53686

ОРИГИНАЛЬНАЯ СТАТЬЯ

Методы построения оценки развития пандемии коронавируса

Валерия В. Бурмакина[1], Дмитрий В. Помазкин[2], Иван Д. Прохоров[1]

1 *ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России, Москва, 117997, Россия*

2 *АО НПФ «Газпромбанк Фонд», Москва, 117556, Россия*

Получено 26 April 2020 ♦ **Принято в печать** 6 May 2020 ♦ **Опубликовано** 18 May 2020

Цитирование: Burmakina VV, Pomazkin DV, Prokhorov ID (2019) Methods for constructing an assessment of the development of the coronavirus pandemic. Population and Economics 4(2): 96–102. https://doi.org/10.3897/popecon.4.e53686

Аннотация

В статье обсуждается прогноз распространения коронавирусной инфекции COVID-19 на основании модели типа *SIR* (Susceptible, Infected, Recovered — уязвимые, инфицированные, выздоровевшие) и официальной статистики заболеваемости.

Ключевые слова

коронавирус; COVID-19; математическое моделирование

Коды JEL: J11, I19

Введение и краткий обзор литературы

Болезнь COVID-19 вызывается вирусом *SARS-COV2* и является потенциально смертельным заболеванием, вызывающим серьезную обеспокоенность во всем мире. В условиях развития пандемии COVID-19 возникает необходимость оценить возможную продолжительность основных показателей, к которым в первую очередь относятся впервые выявленное число случаев инфицирования, общее число инфицированных, период достижения плато, период окончания или существенного снижения новых случаев. Эта задача не может быть решена методами экстраполяции, широко применяемыми при анализе данных, поскольку, имея восходящий тренд числа новых заболеваний и опираясь на уравнения регрессии, можно получить только неограниченный рост, что противоречит здравому смыслу. Рано или поздно произойдет изменение тренда и рост перейдет в спад, но для оценки этого момента времени нужно понимать природу явления и при построении прогноза опираться на методы моделирования. Учитывая, что

Copyright *В.В. Бурмакина, Д.В. Помазкин, И.Д. Прохоров*. Статья находится в открытом доступе и в соответствии с лицензией Creative Commons Attribution (CC-BY 4.0) может без ограничений использоваться, распространяться и воспроизводиться на любых носителях при условии указания авторов и источника.

мы находимся в начальной стадии пандемии, а механизмы ее развития просто неизвестны, при построении логики модели остается руководствоваться здравым смыслом, имеющимися фактическими данными и историческими примерами.

Следует отметить, что, учитывая сравнительно небольшой набор фактических данных о развитии пандемии, а также понимая, что принимаемые меры по борьбе с COVID-19 могут меняться в обе стороны, приведенные в работе результаты представляют собой скорее способ проверки логики, заложенной в модели, и не могут использоваться в качестве прогноза. Одним из главных факторов, влияющих на погрешность оценки, является изменение критерия диагностики и бессимптомное протекание заболевания. Поэтому, если с течением времени методы диагностики изменятся и будут регистрироваться бессимптомные случаи протекания болезни, исходные данные, применяемые при построении приведенной оценки, потребуют уточнения.

В настоящее время существует множество математических моделей для построения эпидемиологического прогноза. Наиболее часто на практике применяются модели типа *SIR* [SIR, 2019], также можно использовать модели, учитывающие половозрастное распределение населения [Misikhina et al., 2004; Мисихина, Помазкин, 2004]. Следует отметить, что ведутся и другие исследования в этой области [Liang, 2020; Sayan Nag, 2020; Giordano et al., 2020].

Данные и методы

Источником данных была ежедневная статистика заболевших [World Health Organization, 2020]. Для описания процесса развития пандемии нами использовалась дискретная модель трех состояний: латентный период (состояние 1), постлатентный период (состояние 2) и период разгара заболевания, когда наблюдаются специфические симптомы (состояние 3). Эта модель является дискретным аналогом моделей типа *SIR*, в которой рассматривается только односторонний переход между состояниями, регулируемый временем и вероятностью перехода. Подобный метод обладает более высокой погрешностью, чем непрерывные модели, но в условиях отсутствия информации о природе пандемии и достаточного набора фактических данных он может применяться при построении оценок численности инфицированных. Основным преимуществом предложенного метода является простота, а также тот факт, что модель с достаточной точностью описывает фактические данные без расчета коэффициентов регрессии.

Для удобства дальнейших расчетов мы разделили инкубационный период COVID-19 на два периода: латентный период, когда человек уже контактировал с вирусом, но еще не является его распространителем, и постлатентный период, когда человек заразен, но клинических проявлений не наблюдается. Продолжительность постлатнентного периода была принята равной пяти дням на основании исследования С.А. Лауэра и соавторов [Lauer et al., 2020]. В отсутствие данных продолжительность латентного периода принята также равной пяти дням, что в сумме с продолжительностью постлатентного периода на четыре дня меньше принятой продолжительности карантина, равной 14 дням.

В качестве математического аппарата применялись функциональные уравнения и использовалась следующая рабочая гипотеза: распространение инфекции происходит в продромальный период и длится до момента выявления заболевания. В таком случае общее число инфицированных (N), находящихся в состояниях 1 и 2, можно описать следующим уравнением:

$$N(i) = N(i-1) + a(i-t_1) \cdot N(i-t_1) - a(i-t_2) \cdot N(i-t_2), \quad (1)$$

где t_1 — латентный период;

t_2 — период до выявления заболевания с момента контакта;

$a(i)$ – интенсивность контактов, приводящих к инфицированию.

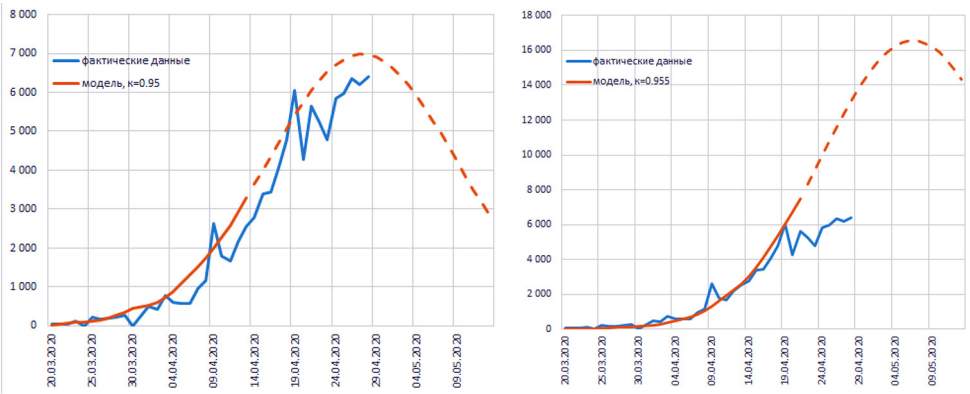
При проведении численных расчетов временной шаг принимался равным одному дню, число вновь выявленных случаев заболевания на каждом шаге определялось как $a(i-t_2) \cdot N(i-t_2)$. Аналогично подходу, применяющемуся в моделях типа *SIR*, смертность для расчета численности в состояниях 1 и 2 не учитывалась в силу незначительного влияния. В состоянии 3 влияние смертности на численность инфицированных становится заметным и требует уточнения данных о росте смертности.

Интуитивно понятно, что именно поведение функции интенсивности контактов ограничивает рост числа инфицированных. С учетом того, что фактического набора данных для ее построения недостаточно, использовалась гипотеза экспоненциального снижения интенсивности контактов $a(i) = k \cdot a(i-1)$ с ежедневным уровнем снижения (k) на несколько процентов. Начальное значение и темп снижения выбирались таким образом, чтобы полученное решение в первом периоде хорошо согласовывалось с фактическими данными.

Результаты

На рисунке 1 приведено число новых случаев заболевания, рассчитанное для РФ при помощи уравнения (1) при следующих начальных данных: $N(0) = 10$; $t_1 = 5$, $t_2 = 10$, $a(0) = 2$, для двух разных ежедневных темпов снижения заболеваемости – 5% и 4,5%.

Пунктирная линия на рисунке 1а начинается с момента построения прогноза, в данном случае — 14.04.2020. Фактические данные на момент написания статьи были доступны до 21.04.2020, поэтому на рисунке 1б приведены результаты еще одного расчета, единственным отличием которого является темп снижения заболеваемости. Следует отметить высокую модельную неустойчивость по отношению к этому параметру, связанную с наличием показательных функций в решении уравнения (1). Тем не менее приведенный пример имеет важное значение, поскольку подчеркивает



а) б)

Рис. 1. Ежедневные выявленные случаи инфицирования в РФ (человек): а) ежедневный темп снижения заболеваемости 5%; б) ежедневный темп снижения заболеваемости 4,5%. *Источник*: построено авторами на основе [World Health Organisation, 2020]

правильность принимаемых на сегодня мер, связанных с ограничением числа контактов, обусловливающим снижение уровня заражения и предотвращение развития пандемии. Учитывая краткосрочность периода оценки, а также неопределенность всей ситуации, к моменту выхода статьи ситуация может сильно измениться. Однако предложенный алгоритм после уточнения исходных данных может применяться при построении оценок, поскольку с достаточной точностью описывает сложившиеся ситуации в других странах, в которых эпидемия началась раньше, чем в России.

На рисунке 2 приведено общее число инфицированных, находящихся в состояниях 1 и 2. В первом случае максимальное число инфицированных достигает 150 тыс. человек, во втором — 350 тыс. человек. Здесь уместно провести сравнение с другими странами, предполагая, что в них пик развития эпидемии уже пройден. Так, в США на 21.04.2020 численность выявленных инфицированных превышает 750 тыс. человек. Учитывая, что численность населения РФ более чем в два раза ниже, максимальная численность в 350 тыс. человек для РФ может служить в качестве сравнительного ориентира. Конечно, важно учитывать и среднее время разгара болезни (время нахождения в состоянии 3), но для оценки этого параметра фактической информации на момент написания статьи недостаточно.

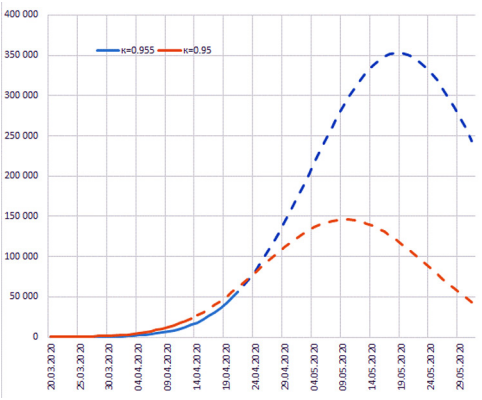


Рис. 2. Общая численность инфицированных в РФ (человек). *Источник*: построено авторами на основе [World Health Organisation, 2020]

Для примера рассмотрим оценки для других стран. На рисунке 3 приведены аналогичные рисунку 1 сравнения фактических данных и результатов моделирования для четырех стран: США, Италии, Испании и Швеции. Ежедневный темп снижения интенсивности контактов, приводящих к инфицированию, для всех стран был принят равным 5%, единственным отличием является начальное число инфицированных. Тут следует пояснить, почему ежедневный темп снижения инфицированных был принят на уровне 5%. Мы произвели оценку графиков снижения смертности в других странах по COVID-19 и пришли к выводу, что именно такой вид кривой наиболее правильно и логично описывает текущую ситуацию. Причем было замечено, что это характерно как для стран с жесткими карантинными мерами, так и для стран, где карантин официально не объявлен, например Швеции. В последнем случае можно предположить, что снижению числа инфицированных способствует более высокий уровень социальной сознательности людей.

Следует отдельно отметить, что приведенная оценка построена на официальных данных выявленных ежедневных случаев инфицирования и не учитывает число людей с бессимптомным протеканием, а также просто не выявленных службами здравоохранения, число которых, по разным оценкам [Pueyo, 2020], может отличаться от официальных данных.

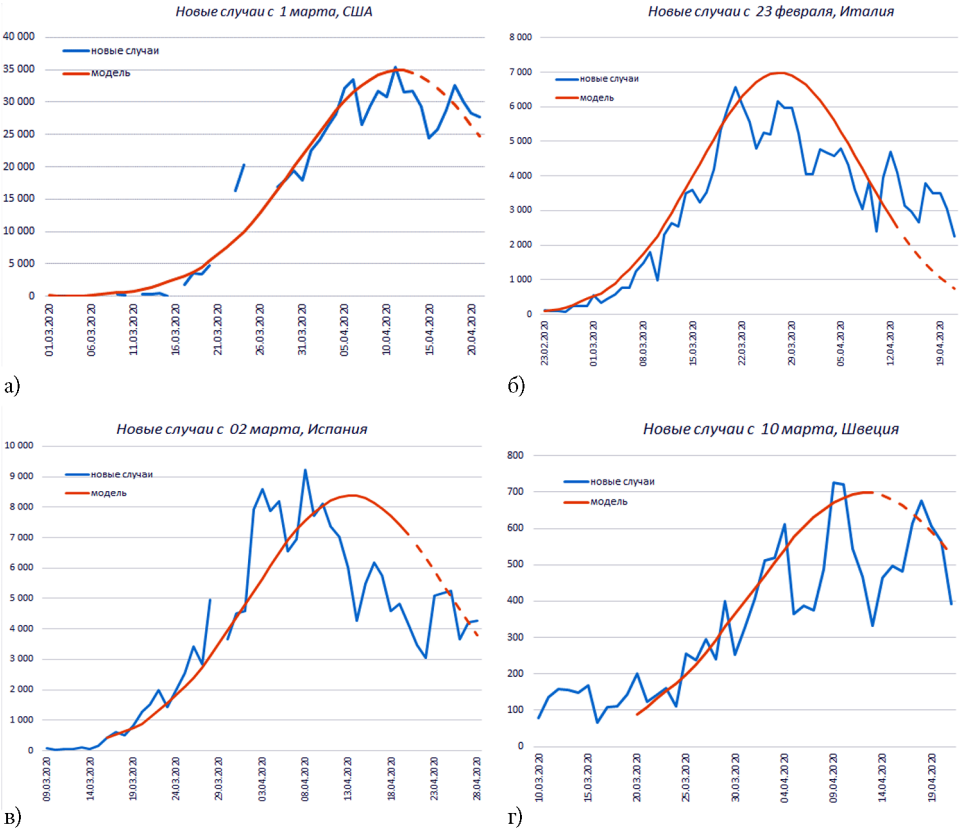


Рис. 3. Ежедневные выявленные случаи инфицирования в США, Италии, Испании, Швеции (человек): а) США, $N0 = 50$; б) Италия, $N0 = 10$; в) Испания, $N0 = 12$; г) Швеция, $N0 = 1$. *Источник*: построено авторами на основе [World Health Organisation, 2020]

Учитывая опыт других стран, особенно Китая, можно надеяться на непродолжительный период развития острой фазы пандемии (от нескольких месяцев до полугода). Однако если проанализировать последствия пандемии испанки, случившейся в 1918 г., то в ряде стран этот процесс растянулся на два года, хотя острая фаза пришлась на 1918 г. и затронула в основном население в трудоспособном возрасте. На рисунках 4 и 5 приведено процентное изменение уровня смертности для Италии и Испании в период эпидемии столетней давности.

В качестве заключения можно сказать, что нами получены следующие результаты:

- используя относительно простой математический аппарат функциональных уравнений, можно получить хорошее приближение временной функции численности вновь выявленных случаев заболевания и общей численности инфицированных;
- в силу высокой чувствительности результатов моделирования по отношению к темпу снижения инфицирования подтверждается правильность принимаемых мер по введению самоизоляции во избежание стремительного распространения пандемии.

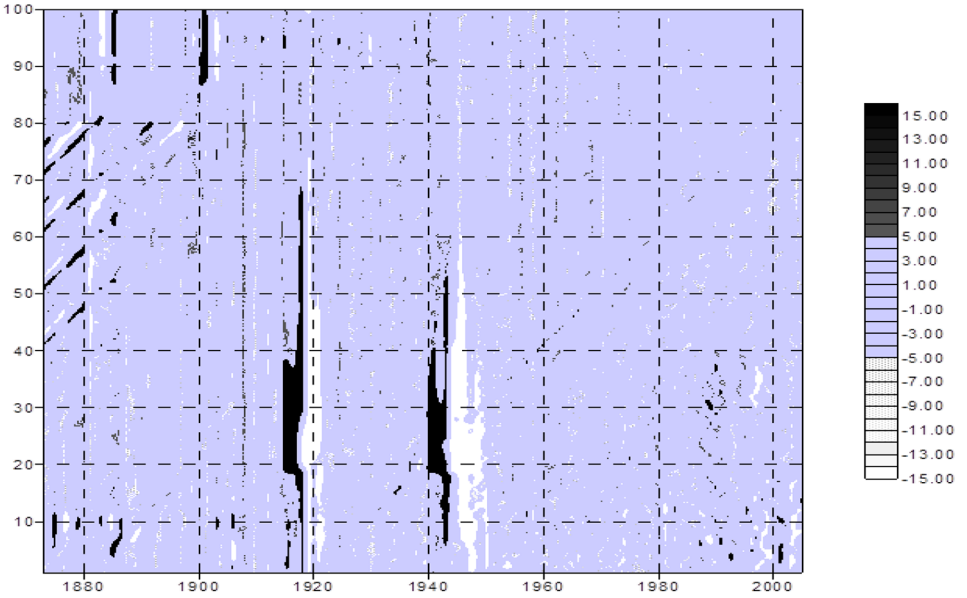


Рис. 4. Изменение уровня смертности мужчин в Италии. *Источник*: построено авторами на основе [Human Mortality Database]

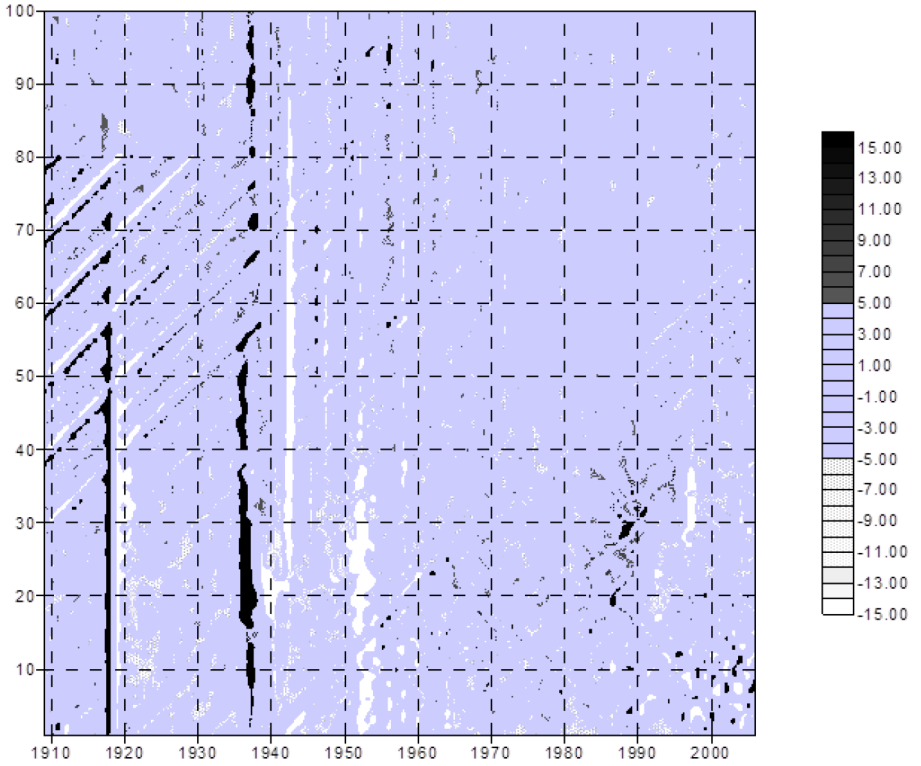


Рис. 5. Изменение уровня смертности мужчин в Испании. *Источник*: построено авторами на основе [Human Mortality Database]

Список литературы

Мисихина С.Г., Помазкин Д.В. (2004). Социально-экономические последствия эпидемии ВИЧ/СПИДа для пенсионной системы в России // Демография ВИЧ / Ред.-сост. Б.П. Денисов. М.: МАКС Пресс. С. 65–75. 126 с. URL: http://dmo.econ.msu.ru/Biblio/Docs/dem-issled-hiv.pdf

Giordano G., Blanchini F., Bruno R., Colaneri P., Di Filippo A., Di Matteo A., Colaneri M. (2020). Modelling the COVID-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in Italy. Nature Medicine. https://doi.org/10.1038/s41591-020-0883-7

Human Mortality Database. URL: mortality.org

Lauer S.A., Grantz K.H., Bi Q., Jones F.K., Zheng Q., Meredith H.R., Azman A.S., Reich N.G., Lessler J. (2020). The Incubation Period of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19). From Publicly Reported Confirmed Cases: Estimation and Application. Annals of Internal Medicine. March 10. URL: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7081172/.

Liang K. (2020). Mathematical model of infection kinetics and its analysis for COVID-19, SARS and MERS. *Infection, Genetics and Evolution.* Volume 82. URL: https://doi.org/10.1016/j.meegid.2020.104306.

Misikhina S., Mashkilleyson N., Pokrovsky V., Pomazkin D. (2004). A model of social policy costs of HIV/AIDS in the Russian Federation, ILO Subregional Office for Eastern Europe and Central Asia and the ILO Programme on HIV/AIDS and the World of Work. URL: http://www.ilo.org/public/english/protection/trav/aids/index.htm.

Pueyo T. (2020). Coronavirus: Why You Must Act Now. URL: https://medium.com/@tomaspueyo/coronavirus-act-today-or-people-will-die-f4d3d9cd99ca.

Sayan Nag. (2020). A mathematical model in the time of COVID-19. OSF Preprints, March 14. https://doi.org/10.31219/osf.io/8n92h.

SIR model. (2019). URL: https://nplus1.ru/material/2019/12/26/epidemic-math.

World Health Organization, 2020. Covid-19 Response Fund. URL: https://covid19.who.int.

Сведения об авторах

- Валерия Владиславовна Бурмакина, студент медико-биологического факультета ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России. E-mail: leera.burmakina@gmail.com
- Дмитрий Владимирович Помазкин, кандидат экономических наук, актуарий, негосударственный пенсионный фонд «Газпромбанк Фонд». E-mail: dmitri.pomazkin@mail.ru
- Иван Дмитриевич Прохоров, студент педиатрического факультета ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России. E-mail : iva.prohorov@yandex.ru