



ИТОГИ НАУКИ И ТЕХНИКИ.
Современная математика и ее приложения.
Тематические обзоры.
Том 232 (2024). С. 122–139
DOI: 10.36535/2782-4438-2024-232-122-139

УДК 517.958

О МАТЕМАТИЧЕСКИХ МОДЕЛЯХ ВИРУСОЛОГИИ, ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ПАНДЕМИИ COVID-19

© 2024 г. Е. П. КРУГОВА, Е. Е. БУКЖАЛЁВ

Аннотация. Представлен обзор отечественных и зарубежных работ, посвященных построению и исследованию математических моделей вирусологии, использованных при изучении пандемии новой коронавирусной инфекции COVID-19.

Ключевые слова: вирусология, эпидемиология, математическая модель, дробная производная, вероятностные методы, статистические методы, компьютерные методы.

ON THE MATHEMATICAL MODELS OF VIROLOGY USED TO STUDY THE COVID-19 PANDEMIC

© 2024 Е. П. KRUGOVA, Е. Е. BUKZHALEV

ABSTRACT. A review of domestic and foreign works devoted to the construction and study of mathematical models of virology used in the study of the pandemic of the new coronavirus infection COVID-19 is presented.

Keywords and phrases: virology, epidemiology, mathematical model, fractional derivative, probabilistic methods, statistical methods, computer methods.

AMS Subject Classification: 92D30

Завершившаяся пандемия COVID-19 оказала влияние на все стороны жизни и нашла отражение в научных публикациях по самым разнообразным наукам. Не остались в стороне и математические науки. Публикации, посвященные математическим моделям вирусологии COVID-19, начинают появляться в научной печати в 2020 г. При этом используются разнообразные математические методы. Так, различными авторами строились модели, основанные преимущественно на методах математического анализа: это обыкновенные дифференциальные уравнения, интегральные уравнения, уравнения с дробными производными, уравнения с частными производными, вариационные методы. Поскольку построенные уравнения чаще всего не решаются аналитически, многие статьи содержат помимо аналитической модели также и численные расчеты (см., например, [4, 63]). В значительном числе работ применялись вероятностные и статистические методы: стохастические дифференциальные уравнения, анализ временных рядов и др. Ряд статей посвящен статистике пандемии коронавируса в отдельных странах (см., например, [8]) и сравнению протекания пандемии в разных странах (см., например, [56, 82]). Имеются статьи, опирающиеся на методы теории исследования операций и посвященные изучению организации логистики в условиях нехватки ресурсов (аппаратов ИВЛ, палат и персонала в больницах и т. п.; см. [79]), а также управление темпами развития пандемии с помощью немедикаментозных мер (социального дистанцирования, масочного режима) и вакцинации (см., например, [96]). Наконец, много статей посвящено компьютерным методам самой разнообразной тематики: от вычисления математических моделей эпидемий на суперкомпьютерах до обнаружения симптомов коронавируса на снимках легких в компьютерной томографии. Конечно, указанное деление по тематике в

большой степени условно, поскольку для моделирования распространения пандемии чаще всего используются комбинированные методы, или проводится сравнение разных методов моделирования (например, аналитических и стохастических).

Обсудим модели, использованные для изучения различных аспектов эпидемии. По сравнению с обычной моделью SIR («восприимчивый — инфицированный — устраненный») в статьях про COVID-19 встречается великое множество различных модификаций. Это связано с особенностями протекания COVID-19: большое количество бессимптомных зараженных, при этом неизвестно, насколько они заразны сами; очень разная степень тяжести протекания: от самой легкой до смертельно опасной, когда требуется искусственная вентиляция легких с помощью аппарата ИВЛ. Кроме того, особенно в начале пандемии, тестирование было весьма неточным, что тоже учитывается в некоторых стохастических моделях.

COVID-19 — новый вирус, и было неизвестно, насколько вероятно повторное заражение, поэтому первые модели вовсе не учитывали его возможность. Вскоре, однако, стало ясно, что иммунитета хватает примерно на 4 месяца, вакцины вовсе не защищают от заражения (а лишь защищают от тяжелого течения болезни), и стали появляться модели, учитывающие повторные заражения, и статьи, посвященные волнам пандемии (см., например, [55]). Кроме того, за время развития пандемии появлялись новые штаммы, обладающие своими особенностями; например, когда появился штамм омикрон (с преимущественно легким протеканием болезни), стало важно различать количество инфицированных и количество госпитализированных.

Базовые модели обозначаются аббревиатурами, буквы в которых чаще всего (но не всегда — в зависимости от авторов работы) обозначают следующие доли изучаемой популяции:

A — ailing (заболевшие) или asymptomatic (бессимптомные);
 C — confirmed (подтвержденные);
 D — diagnosed (диагностированные) или deceased [dead] (умершие);
 E — exposed (инфицированные) или extinct (умершие);
 H — hospitalized (госпитализированные) или healed (выздоровевшие);
 I — infectious (заразные);
 Q — quarantine (находящиеся в карантине);
 R — recovered (выздоровевшие) или removed (выбывшие из исследования);
 S — susceptible (восприимчивые);
 Si — sick (больные);
 T — threatened (находящиеся под угрозой заражения);
 U — unidentified infected (невыявленные инфицированные);
 V — vaccinated (вакцинированные).

Базовые математические модели эпидемий учитывают следующие доли популяции:

SIS (susceptible — infected — susceptible: восприимчивые — зараженные — восприимчивые);
 SIR (susceptible — infected — removed: восприимчивые — зараженные — выбывшие (устраненные) из исследования);
 SIRD (susceptible — infected — recovered — dead: восприимчивые — зараженные — выздоровевшие — умершие, т.е. в этой модели уточняется причина выбытия индивида из исследования);
 SEIR (susceptible — exposed — infectious — removed: восприимчивые — зараженные — заразные — выбывшие).

Взаимное перемещение индивидов между этими категориями описывается системой обыкновенных дифференциальных уравнений, причем происходит по сложным схемам (см., например, [19] и рис. 1).

Приведем перечень наиболее распространенных моделей:

SEIR [49, 76, 85];	SQEIR [10];	SEAIHR [96];	SEIHR [67];	SEIQR [33];
SIRD [43, 52];	SQAIRD [8];	SIQD [64];	SIDR [55];	SQIR [83];
SEIR-HCD [6];	SEIRD [3, 4];	SUC [53];	SEIRS [98];	vSIRS [61];
SIDARTHE [40];	SEAIR [18];	SEIRA [27];	SIHRDP [56];	SEIS [87].

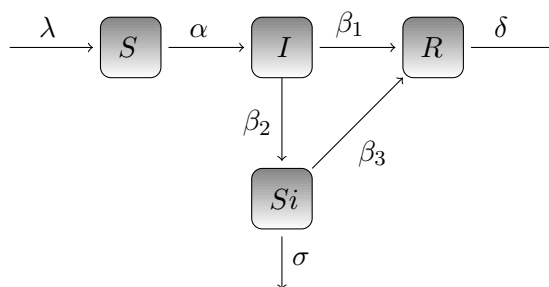


Рис. 1. Переходы между различными категориями популяции (схема из [19]).

Уже само это разнообразие моделей говорит о том, что нет хорошего понимания, как распространяется COVID-19 и какие именно параметры наиболее значимы для моделей.

Часто обыкновенные дифференциальные уравнения каким-либо образом обобщаются: например, превращаются в соответствующие уравнения с производными дробного порядка или в стохастические дифференциальные уравнения.

Рассмотрим, например, как отражены эти особенности протекания COVID-19 в двух работах Н. И. Еремеевой [3, 4]. В [4] автор указывает, что «SEIRD-модель относится к классу дифференциальных математических моделей, что дает возможность оперативно проводить эксперименты для прогнозирования распространения заболевания и расчета степени влияния на развитие процесса определенных параметров». Это замечание применимо и к большинству указанных выше моделей — параметры подбираются на основе экспериментальных данных в той или иной стране, области и т. п. В этой работе автор приходит к выводу о том, что недостаточно долгий карантин дает только временный эффект, что приводит в конце концов к новому пику заболеваемости. При этом важную роль играет «популяционный иммунитет». Жесткие меры не всегда эффективны, лучше действуют более длительные и более мягкие меры. В [3] автор указывает особенности модели, пригодные для изучения именно COVID-19:

- (i) в отличие от базовой модели, учитывается, что латентные носители COVID-19 являются в некоторой степени заразными;
- (ii) у существенного количества инфицированных болезнь протекает бессимптомно;
- (iii) выявленные больные изолируются (госпитализируются), и вероятность заражения от них резко уменьшается;
- (iv) карантинные меры имеют массовый характер, учитывается как степень их жесткости, так и момент введения;
- (v) зависимость между скоростью изменения относительного числа заболевших и относительным количеством заразных и восприимчивых может быть нелинейной.

Аналитические модели с дробными производными. При распространении пандемии COVID-19 постепенно стали проявляться ее особенности, и стало понятно, что обычные модели работают не очень хорошо из-за того, что не обладают эффектом памяти. Более подходящим средством исследования стали считать модели с дробными производными разных видов. Среди аналитических моделей таких моделей большинство в нашей выборке (см., например, [11, 14, 15, 30, 40, 43, 46, 51, 54, 59, 62, 69, 77, 78, 85, 90, 101] и др.).

В качестве примера аналитической модели с применением вероятностных методов упомянем работу [43], в которой тесно переплетены самые разные аспекты и методы:

- (i) впервые используются переменные индексы памяти в SIRD-модели;
- (ii) применяется дробная SIRD-модель с несоизмеримыми дробными порядками (с производной Капуто);
- (iii) идентификация универсальной эволюции COVID-19 по регионам;
- (iv) немарковский процесс (т.е. процесс с долгой памятью, зависящий не только от непосредственно предшествующего состояния);
- (v) масштабирование по степенному закону;

- (vi) временные ряды 23 стран изучаются с помощью фрактального формализма;
- (vii) используются динамические системы с эффектом памяти.

Стохастический процесс $X(t)$ называется *мультимасштабным*, если это процесс со стационарными приращениями и

$$E(|X(t)|^\alpha) = c(\alpha)t^{\tau(\alpha)+1} \quad \forall t \in \mathcal{F}, \quad \alpha \in \mathcal{L},$$

где $\mathcal{F}, \mathcal{L}$ — интервалы в $\mathbb{R}$, $\tau(\alpha)$ — функция масштаба. Статистическая эволюция временного ряда имеет вид

$$K_\alpha(\tau) = \frac{\langle |X(t+\tau) - X(t)|^\alpha \rangle}{\langle |X(t)|^\alpha \rangle};$$

обобщенный показатель Хёрста

$$H(\alpha) : K_\alpha \sim \left(\frac{\tau}{\theta}\right)^{\alpha H(\alpha)}, \quad \tau \in (\theta; \tau_{\max}). \quad (1)$$

Если $H(\alpha) \equiv \text{const}$, то мультимасштабности нет. Временной ряд может меняться по степенному закону, если спектральная плотность $s(f) \propto f^{-\beta}$.

При применении этой модели страны разделились на группы с похожим числом Хёрста $H(2)$:

- (i) Латинская Америка (Чили, Эквадор, Аргентина, Перу, Бразилия, Колумбия, Мексика);
- (ii) Россия, Турция, Саудовская Аравия, Иран, Индия;
- (iii) Европа (европейские страны).

Модель может быть описана следующим образом. Сначала рассматривается система связанных обыкновенных дифференциальных уравнений

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= -rS(t)I(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} &= rS(t)I(t) - (a + d)I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \alpha I(t), \\ \frac{dD(t)}{dt} &= dI(t), \end{aligned} \quad (2)$$

где r, a, d — скорости заражения, выздоровления и смерти. Скорость заражения — параметр системы, который меняется в зависимости от t^* :

$$r(t) = r_0(1 - \zeta)e^{-(t-t^*)/2} + \zeta r_0, \quad \zeta \in [0, 1].$$

Система (2) представляет марковский процесс, когда предыдущие состояния не влияют на текущие условия. Чтобы приблизить ее к реальности, авторы ее преобразуют в систему, зависящую от времени:

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= -r \int_{t_0}^t \kappa(t-t')S(t')I(t')dt', \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \int_{t_0}^t \kappa(t-t')[rS(t')I(t') - (a + d)I(t')]dt', \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \alpha \int_{t_0}^t \kappa(t-t')I(t')dt', \\ \frac{dD(t)}{dt} &= d \int_{t_0}^t \kappa(t-t')I(t')dt', \end{aligned} \quad (3)$$

где

$$\varkappa(t-t') = \frac{1}{\Gamma(q-1)}(t-t')^{q-2}, \quad 0 < q \leq 1.$$

Если взять такое ядро $\varkappa$, то получится модель дробного порядка

$$\begin{aligned} {}^C_{t_0}D_t^q S(t) &= -rS(t)I(t), \\ {}^C_{t_0}D_t^q I(t) &= rS(t)I(t) - (a+d)I(t), \\ {}^C_{t_0}D_t^q R(t) &= \alpha I(t), \\ {}^C_{t_0}D_t^q D(t) &= dI(t) \end{aligned} \quad (4)$$

с дробной производной Капуто:

$${}^C_{t_0}D_t^q f(t) = \frac{1}{\Gamma(1-q)} \int_{t_0}^t \frac{f'(\tau)}{(t-\tau)^q} d\tau, \quad 0 < q \leq 1.$$

Производная Капуто взята потому, что она имеет степенное ядро, где скорость затухания непосредственно зависит от дробных порядков. Когда дробный порядок меняется, соответственно меняется и «длина памяти». При $q = 1$ получается «система без памяти». Пусть q зависит от времени:

$$\begin{aligned} q(t, \varphi) &\triangleq q(t) && \text{— зависимость только от времени,} \\ q(t, \varphi) &\triangleq q(\varphi) && \text{— память прошлого слаба,} \\ q(t, \varphi) &\triangleq q(t - \varphi) && \text{— память прошлого сильна.} \end{aligned}$$

Оказалось, что в разных странах это происходит по-разному; кроме того, нужно рассматривать разные временные интервалы. Далее авторы находят *неустойчивую* точку равновесия численно и подбирают параметры на основе реальных данных с помощью формулы

$$\text{RMSE} = \sqrt{\frac{1}{T} \left(\sum_{t=1}^T (I_{\text{rd}} - I_{\text{ap}})^2 + (R_{\text{rd}} - R_{\text{ap}})^2 + (D_{\text{rd}} - D_{\text{ap}})^2 \right)},$$

где RMSE — корень из среднеквадратичной погрешности, «rd» — реальные данные, «ap» — аппроксимация, I, R, D — количества инфицированных, поправившихся и умерших соответственно.

В статьях по теме COVID-19 используются и другие виды дробных производных. Особенно удобной является дробно-фрактальная производная Атангана — Балеану (или Атангана — Балеану — Капуто), специально разработанная для моделирования естественных процессов (см. [9, 16, 32, 47, 58, 72]).

Определение производной Атангана — Балеану — Капуто можно найти в [51], где рассматривается модель с несингулярной дробной производной

$${}^{ABC}_0 D_t^\gamma \Theta(x, t) \frac{B(\gamma)}{n - \gamma} \int_0^t \frac{\partial^n \Theta(x, w)}{\partial w^n} \times E_\gamma \left[\frac{-\gamma}{n - \gamma} (t - w)^\gamma \right] dw, \quad n - 1 < \gamma \leq n,$$

с ядром Миттаг-Леффлера

$$E_\gamma(x) = \sum_{j=0}^{\infty} \frac{x^j}{\Gamma(j\gamma + 1)}.$$

Затем получена аппроксимация для ${}^{ABC}_0 D_t^\gamma (y - b)^l$ с помощью разложения по обобщенным многочленам Лежандра

$$\Psi_i(y) = \sum_{l=0}^i \binom{l}{i} \binom{l+i}{i} \left(\frac{y-a}{a} \right)^i,$$

что позволяет получить нелинейную систему алгебраических уравнений, которая затем решается численно с помощью метода коллокации. В этой статье рассматривается модель SEAIR

(susceptible — exposed — infected — asymptotically infected — recovered: восприимчивые — инфицированные — бессимптомные инфицированные — выздоровевшие).

В [56] рассматривается модель SIHRDP (восприимчивые — зараженные, но не госпитализированные — госпитализированные — выздоровевшие — умершие — изолированные) с длительной памятью и вакцинацией для описания многоволновых пиков. Подгонка параметров модели была произведена по данным Франции, Индии, США и Аргентины; обнаружено, что нелокальная модель имеет лучший эффект подгонки, чем классическая. Разные параметры в разных странах получаются из-за разных стратегий вакцинации, принятых в этих странах.

Основная цель статьи [56] — дать прогноз для указанных стран, насколько поможет вакцинация при применяемых стратегиях. Утверждается, что во Франции вакцинация не поможет совсем, в Индии будет много госпитализаций, но вакцинация существенно поможет, в США и Аргентине вакцинация будет эффективной.

В [30] рассматривается модель, основанная на дробных производных Капуто (в том числе несоизмеримых порядков). При этом учитываются ежедневные новые случаи, ежедневные дополнительные тяжелые случаи и ежедневные смерти. Эта модель исследуется с помощью бифуркационных диаграмм, показателей Ляпунова, временных рядов и фазовых портретов. Порядки дробных производных могут меняться с течением времени. Оказалось, что количество новых случаев, новых тяжелых случаев и смертей характеризуются хаотическим поведением без какой-либо возможности эффективно контролировать болезнь.

В [37] рассматривается комбинированная модель передачи инфекции COVID-19: локальное распространение моделируется с помощью члена реакции-диффузии, добавленного к обыкновенным дифференциальным уравнениям, моделирующим распространение инфекции по сети с узлами (где узлы — это, например, города, когда люди путешествуют за короткое время на большие расстояния).

Одной из довольно популярных тем статей про COVID-19 является исследование совместного распространения COVID-19 с другими болезнями (например, вместе с туберкулезом; см. [69]). В [68] рассматривается модель дробного порядка для совместной динамики коронавируса, лихорадки денге и ВИЧ. Существование и единственность решения построенной модели находится с помощью принципа сжимающих отображений Банаха; кроме того, изучается устойчивость решения в смысле Хайерса—Улама. Авторы применяют метод разложения Лапласа—Адомяна для исследования модели с помощью трех различных дробных производных: Капуто, Капуто—Фабрицио и Атангана—Балеану. Также проводится анализ устойчивости итерационных схем. Делается вывод о том, что усилия по сдерживанию распространения коронавируса на низком уровне существенно снизят совместную инфекцию коронавируса и денге и коронавируса и ВИЧ.

В целом модели с дробными производными проявили себя лучше, чем модели с производными целого порядка. В [100] проведен анализ временных рядов COVID-19 в Китае до 22.03.2020 и сделан вывод, что уравнениями с дробными производными при моделировании COVID-19 надо пользоваться с осторожностью, поскольку конкретные особенности распространения в конкретной местности могут не обнаруживать нелокального поведения. Это может быть связано с быстрым совершенствованием систем здравоохранения, которое поможет устранить эффект памяти в случае распространения COVID-19.

Двумя существенными недостатками для точности прогнозов являются неизвестные доли незадокументированных случаев COVID-19 и уровни немедикаментозных вмешательств, которые очень неоднородны в разных местах в разное время. Поэтому в [28] разработан метод, позволяющий оценить уровень неоднородности занижения данных в разных муниципалитетах Бразилии. Пандемия происходила во всем мире и наложилась на местные традиционные особенности разных народов и их менталитет.

Вероятностные методы и модели течения пандемии. При изучении пандемии COVID-19 используются различные вероятностные методы и модели.

Статья [86] посвящена вероятностным прогнозам смертности от COVID-19 в США. Для оптимального принятия решений (о планировании действий правительства и распределении ресурсов) требуется не просто точечный прогноз, а прогноз вероятностного распределения или интервальный прогноз. Вероятностные прогнозы были предоставлены несколькими группами прогнозистов,

а затем объединены. Используется набор данных, опубликованный в Центре прогнозов COVID-19. Оказалось, что доступность прогнозов от разных участников сильно различается в течение 40 недель исследования. Для оценки точности методов комбинирования прогнозов используются разные вероятностные методы. Оказалось, что в первые недели пандемии медиана была очень полезна; затем предпочтительнее было простое среднее, а на длительных сроках лучше всего себя зарекомендовала модель комбинирования с весами, обратно пропорциональными исторической точности отдельных групп прогнозирования.

В [87] изучаются стохастические модели эпидемий. Получена эпидемическая эквивалентность состояний между немарковской моделью SEIS и марковской моделью SIS: при некоторых соотношениях между параметрами процесса стационарные решения в немарковской модели SEIS можно найти из марковской SIS. При этом уменьшается вычислительная сложность и определяется эпидемический порог SEIS.

Обсудим более подробно основные идеи этой статьи. Время, чтобы индивид стал заразным после контакта с больным, меняется от одного индивида к другому, поскольку для этого требуется, чтобы воспроизвелось большое количество вируса, а каждый организм индивидуален. Поэтому наиболее адекватной моделью кажется немарковская модель SEIS (восприимчивый — инфицированный — заразный — восприимчивый). Для нее вводятся следующие параметры: $b(\tau)$ — проявившиеся за день, $B(\tau)$ — проявившиеся ко дню τ (за все предыдущие дни), $\gamma(\tau)$ — поправившиеся за день, $\Gamma(\tau)$ — поправившиеся ко дню τ (за все предыдущие дни). Далее осуществляется переход от дискретной к непрерывной форме немарковской модели и отмечается, что любая марковская SIS-модель в сложных сетях может быть представлена как немарковская SEIS.

Марковская модель SIS среднего поля с дискретным временем задается уравнениями

$$p_i^I(t+1) = (1 - p_i^I(t)) \left(1 - \prod_{j=1}^n (1 - p_j^I a_{ij} \beta) \right) + (1 - \gamma) p_i^I(t), \quad (5)$$

где $(a_{ij}) = A$ — матрица смежности графа (сети, по которой все передается) — это так называемый «подход микроскопической марковской цепи». В непрерывной форме модель имеет вид

$$\frac{dp_i^I(t)}{dt} = (1 - p_i^I(t)) \beta^M \sum_{j=1}^N a_{ij} p_j^I(t) - \gamma^M p_i^I(t). \quad (6)$$

Предполагается, что заразиться можно только от одного соседа, поэтому произведение преобразуется в сумму.

В немарковской модели подвергшийся воздействию может стать заразным за разное время (так называемое кумулятивное проявление):

$$B(\tau) = \int_0^\tau b(\tau') d\tau', \quad \int_0^T b(\tau) d\tau < 1.$$

Наряду с этим в статье рассматривается и случайное проявление:

$$B(\tau) = b(\tau), \quad 0 \leq b(\tau) \leq 1, \\ \Gamma(\tau) = \int_0^\tau \gamma(\tau') d\tau', \quad \int_0^T \gamma(\tau) d\tau = 1, \quad \bar{\Gamma}(\tau) = 1 - \Gamma(\tau).$$

В дискретном случае модель SEIS имеет вид

$$p_i^E(t+1) = \sum_{\tau=0}^{T-1} (1 - p_i^E(t-\tau)) \bar{\Gamma}(\tau) \mathcal{P}_i(t-\tau), \\ p_i^I(t+1) = \sum_{\tau=0}^{T-1} (1 - p_i^E(t-\tau)) B(\tau) \bar{\Gamma}(\tau) \mathcal{P}_i(t-\tau), \quad (7)$$

где

$$\mathcal{P}_i(t) = 1 - \prod_{j=1}^N (1 - p_j^I(t) a_{ij} \beta).$$

В марковской модели $p_i^S(t) + p_i^E(t) + p_i^I(t) = 1$. В немарковской ($I \subset E$) $p_i^S(t) + p_i^E(t) = 1$ (потому что не известно, кто заразен, а кто нет). В марковской модели вероятность переходов $E \rightarrow I$, $E \rightarrow S$, $I \rightarrow S$, $S \rightarrow E$ постоянна в любой момент.

В непрерывном случае уравнения преобразуются следующим образом:

$$1 - \prod_{j=1}^N (1 - p_j^I(t - \tau) a_{ij} \beta \Delta\tau) = \sum_{j=1}^N p_j^I(t - \tau) a_{ij} \beta \Delta\tau + O(\Delta\tau^2),$$

и для достаточно малого $\Delta\tau$ членом $O(\Delta\tau^2)$ пренебрегают. Таким образом получается система уравнений, которая может быть преобразована в систему для непрерывного случая:

$$\begin{aligned} p_i^E(t+1) &= \int_0^T (1 - p_i^E(t - \tau)) s(\tau) \sum_{j=1}^n p_j^I(t - \tau) \bar{\Gamma}(\tau) \alpha_{ij} \beta d\tau, \\ p_i^I(t+1) &= \int_0^T (1 - p_i^E(t - \tau)) s(\tau) \sum_{j=1}^n p_j^I(t - \tau) B(\tau) \bar{\Gamma}(\tau) \alpha_{ij} \beta d\tau, \end{aligned} \quad (8)$$

где $s(\tau)$ — функция Хевисайда. В дальнейшем $\Gamma(\tau)$ и $B(\tau)$ считаются непрерывными в окрестности τ (т.е. функция $s(\tau)$ не требуется). Дальнейшие преобразования системы позволяют обнаружить эпидемический порог. Пусть $[p_i^E(t), p_i^I(t)] = (0, 0)$ — начало эпидемического процесса. Матрица A для связного графа неотрицательна и неприводима. Глобально асимптотически устойчивая точка получается при условии

$$\frac{1}{\beta \lambda_1(A)} > \int_0^T B(\tau) \bar{\Gamma}(\tau) d\tau,$$

где $\lambda_1(A)$ — максимальное собственное значение матрицы A .

Стационарное состояние немарковского процесса распространения SEIS можно получить из марковской модели SIS с помощью соотношения

$$\frac{\beta^M}{\gamma^M} = \beta^{NM} \int_0^T B(\tau) \bar{\Gamma}(\tau) d\tau. \quad (9)$$

Эпидемический порог для марковской модели SIS равен

$$\lambda_1(A) = \frac{\gamma}{\beta}. \quad (10)$$

Численный анализ модели проводится методом Монте-Карло, граф содержит около 1000 узлов и 4000–6000 однонаправленных связей (в статье рассматривается несколько примеров). Вероятности вычисляются с помощью генератора случайных чисел Бернулли с вероятностью $a_{ij}\beta$. В некоторых примерах получилась большая погрешность модели. Авторы объясняют это тем, что в реальной жизни совместные события не всегда независимы (как требуется для корректного действия применяемых законов из теории вероятности). Размеры погрешности оказались больше в областях с низкой инфицированностью, а в областях со средней и высокой инфицированностью получается хорошее приближение.

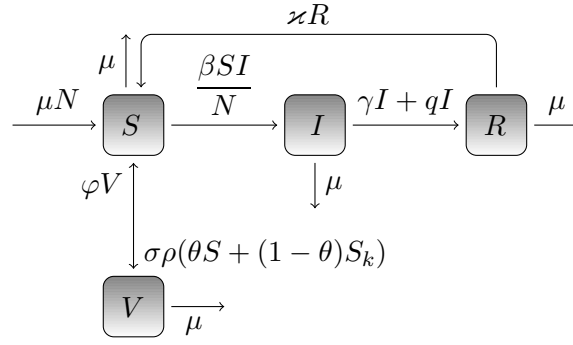


Рис. 2. Переходы между различными категориями популяции (схема из [35]).

Модели, связанные с управлением течением эпидемии. Во многих статьях рассматриваются модели, связанные с теми или иными способами контроля распространения заболевания. Особенно это стало актуально с появлением в широком употреблении вакцин от коронавируса, когда появились новые возможности такого контроля.

В [35] рассматриваются так называемые вакцинные игры: в рассматриваемой ситуации часть населения подвергается обязательной вакцинации (это те слои, которые подвержены наибольшему риску заражения и могут стать распространителями: врачи, учителя, водители общественного транспорта и т. п.), а остальная (большая) часть населения принимает решение о вакцинации самостоятельно. При принятии решения о вакцинации эта часть населения ориентируется на накопленную информацию о протекании пандемии (ежедневное количество новых случаев); функция отклика при этом нелинейна. При этом оптимизируются затраты: с одной стороны, цена вакцины и доставки, а с другой — цена лечения в случае болезни. Учитывается и то, что вакцин может не хватать на все население. Кроме того, учитывается возможность того, что вакцинация не помогла (не была успешной в отдельных случаях), и то, что срок действия вакцины ограничен, иммунитет со временем затухает, т.е. возможно повторное инфицирование.

В статье рассматривается модель SIRVS (восприимчивые — острая инфекция — поправившиеся — вакцинированные — восприимчивые), и для них получается следующая система уравнений:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \mu N - \sigma\rho(\theta S + (-\theta)Sx) - \frac{\beta SI}{N} + \varphi V + \kappa R - \mu S, \\
 \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \gamma I - qI - \mu I, \\
 \frac{dR}{dt} &= \gamma I + qI - \mu R - \kappa R, \\
 \frac{dV}{dt} &= \sigma\rho(\theta S + (-\theta)Sx) - \varphi V - \mu V,
 \end{aligned} \tag{11}$$

где параметры имеют следующие значения: θ — доля тех, кто вакцинирован обязательно, потому что их работа связана с повышенным риском; x — доля тех, кто вакцинировался добровольно; σ — эффективность вакцины; φ — скорость затухания иммунитета; β — эффективная скорость передачи; γ — скорость выздоровления; $q = q_0 \cdot \gamma_2$, где q_0 — карантин, γ_2 — лечение после карантина; ρ ($0 < \rho < 1$) — ограничение поставок вакцины. Переходы между категориями в популяции указаны на рис. 2.

Далее делается замена переменных $s = S/N$, $v = V/N$, $r = R/N$, $i = I/N$, уравнения элементарным образом преобразуются для них, и уравнение для R исключается (потому что $s + i + r + v = 1$). К полученной системе еще следует добавить уравнения, связанные с принятием решения о вакцинировании, что и делается в статье дальше.

Параметр x (число вакцинированных добровольно) меняется в зависимости от поведения в связи с принятием решения о вакцинировании в динамической игре принятия решения (когда индивиды наблюдают ежедневное количество новых заражений). Здесь возникают следующие

параметры и переменные: c_v — цена вакцинации; c_i — цена инфекции (лечения и смерти); βI — скорость передачи инфекции; риск инфекции для не вакцинированных $\beta i \cdot c_i$; риск заражения для неуспешно вакцинированных $(1 - \sigma)\beta i \cdot c_i$; риск заражения для людей с временным отводом от вакцинации $\sigma\varphi \cdot \beta i \cdot c_i$. Полная система для рисков имеет следующий вид

$$\begin{aligned} f_v &= -c_v - (1 - \sigma)\beta i \cdot c_i - \sigma\varphi \cdot \beta i \cdot c_i, & (\text{риск вакцинированных}), \\ f_n &= -\beta i \cdot c_i, & (\text{риск не вакцинированных}), \end{aligned} \quad (12)$$

$g_1(t) = f_v - f_n$ — первая информационная функция (цена вакцинации), $g_2(t) = \beta N s i$ — количество новых случаев в день, в зависимости от которого меняется значимость заражений,

$$g(t) = m g_1(t) + (1 - m) g_2(t) \quad \text{— общая цена,} \quad (13)$$

m — вес: если $m = 1$, то все зависит от цены вакцинации; если $m = 0$, то все зависит от распространения инфекции. На основе этих переменных строится уравнение о принятии решения о вакцинировании на основе настоящего и прошлого (с экспоненциальным затуханием значимости, как это обычно принято в разных моделях поведенческой экономики):

$$M(t) = \varepsilon g(t) + \int_{t-\tau}^t g(\eta) \alpha e^{-\alpha(t-\eta)} d\eta. \quad (14)$$

К нему добавляется уравнение для изменения поведения:

$$\frac{dx}{dt} = \nu x(1 - x) \left(\frac{1}{1 + e^{-bM(t)}} - \frac{1}{2} \right). \quad (15)$$

Эти два уравнения добавляются к первоначальной системе и ищутся равновесия полной получившейся системы: равновесие без болезни без добровольной вакцинации

$$E_1 = \left(\frac{\varphi + \mu}{\varphi + \mu + \sigma\rho\theta}, 0, \frac{\sigma\rho\theta}{\varphi + \mu + \sigma\rho\theta}, 0 \right);$$

равновесие без болезни с полностью добровольной вакцинацией

$$E_2 = \left(\frac{\varphi + \mu}{\varphi + \mu + \sigma\rho}, 0, \frac{\sigma\rho}{\varphi + \mu + \sigma\rho}, 0 \right).$$

Вычислительными методами находится число воспроизводства $R_0 = \beta/(\gamma + q + \mu)$, и с его учетом получаются еще две точки граничного равновесия E_3, E_4 . Изучаются условия их устойчивости. Показано, что точка E_2 всегда неустойчива, а точки E_1, E_3, E_4 могут быть при определенных условиях локально асимптотически устойчивыми. При некоторых условиях имеется также еще одна внутренняя точка равновесия, и в ней может происходить бифуркация Хопфа.

Эта модель применима к разным эпидемиям, и в последнем разделе статьи авторы конкретизируют ее для коронавируса. Там же рассматривается зависимость скорости передачи инфекции и эффективности вакцин от вариантов коронавируса ($\alpha, \beta, \gamma, \delta, o$). Оказалось, что для варианта омикрон $R_0 = 6,0076$, и даже если все население будет вакцинировано двумя дозами вакцины Pfizer, $R_v^0 = R_v^1 = 1,3206 > 1$, и сдержать распространение инфекции не получится, поэтому авторы в качестве дополнительной меры предлагают установить карантин.

Максимальная эффективность бустерной дозы в Великобритании (против штамма альфа) 75%, что даже лучше, чем наилучшая вакцинная эффективность первых двух доз (которая указана в статье для разных стран и варьируется около 60%). Обращает на себя внимание обстоятельство и добросовестность авторов: они не указывают нереальные значения эффективности вакцин (например, Pfizer), которые декларировались в начале их использования: более 90%.

В игре, рассмотренной в статье, участвуют (принимают решение) отдельные индивиды, но производится она в интересах государств: надо, чтобы вакцинированных было достаточно для «коллективного иммунитета». В нашей стране параметры в «вакцинационной игре» иные: в России вакцины поставлялись по госзакупкам, для населения они были бесплатными, значит, «цена вакцинации» не имела бы значения. Вакцин было достаточно, проблем с количеством поставок тоже не возникало. Дело в том, что вакцины от такой новой инфекции в принципе не могут быть безопасными: для корректного тестирования вакцин требуется период 5–10 лет, а за это время

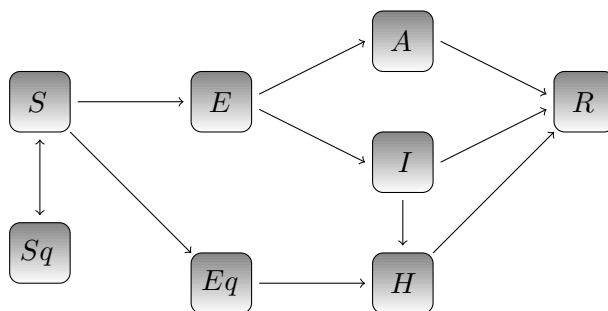


Рис. 3. Переходы между различными категориями популяции (схема из [96]).

пандемия закончилась естественным путем (соображение, неприменимое к другим, давним и хорошо проверенным вакцинам и другим эпидемиям «общего вида», рассматриваемым в статье). Поэтому наше население выбирало между конкурирующими рисками: умереть от коронавируса или пострадать от вакцины (например, получить инвалидность); пострадать от вакцины — или потерять работу, потому что решение о степени общности вакцинации было оставлено руководителям предприятий на местах, и некоторые из них принимали решение о поголовной вакцинации, несмотря на противопоказания и на тот факт, что многие уже переболели (как было, например, в Казани: местные власти запретили невакцинированным пользоваться общественным транспортом, хотя формально вакцинация считалась добровольной).

Кроме того, очень скоро стало ясно, что вакцины слабо защищают от распространения инфекции, и важна только защита от тяжелого течения болезни и от смерти (поэтому количество новых случаев за день вряд ли было бы определяющим при принятии людьми решения о вакцинации, особенно в случае легко протекающего заболевания, вызванного штаммом омикрон; скорее имело бы значение количество ежедневных госпитализаций и смертей).

В [96] рассматривается оптимальная политика управления пандемией с учетом количества заражений среди населения и экономических последствий. Производится многоцелевая оптимизация с помощью генетического алгоритма. В статье используется модель SEAIHR (восприимчивые — инфицированные — бессимптомные зараженные — инфицированные с симптомами — госпитализированные — поправившиеся), и далее приведена схема переходов между ними:

При этом используются следующие параметры: c — частота контактов, β — вероятность передачи при контакте, q — доля выявленных на карантине, θ — коэффициент, показывающий, во сколько раз меньше инфекция передается от бессимптомных. Эта модель относится к достаточно раннему этапу пандемии, когда еще ничего не было известно о повторных заражениях и не было вакцин. Для многоцелевой оптимизации берутся два веса и две функции цены: J_1 для снижения количества зараженных и J_2 для снижения негативных последствий для экономики:

$$J_1 = \sum E(t) + A(t), \quad J_2 = -\eta_1(c_0 + c_j) + \eta_2 q,$$

Имеется значительное количество статей, где оптимизируются разные параметры и аспекты пандемии. Например, в [52] делается прогноз оптимального периода карантина для трехфазной модели SIRD; в [10] осуществляется проектирование оптимального управления импульсными моделями SQEIR.

Многие работы связаны с оптимизацией ресурсов и логистикой во время пандемии. В [79] предлагается осуществлять назначение некоторых машин скорой помощи только для обслуживания больных, инфицированных COVID-19, чтобы снизить вероятность заражения персонала и снизить вероятность простоя машин и уменьшить время реагирования. Это делается в два этапа: сначала производится оптимизация групп скорой помощи с максимальным охватом экстренных вызовов, а затем решается приближительная модель очереди гиперкубов (АНQM) для оценки производительности первого этапа. Это хорошо известная модель; авторы приспособливают ее к особенностям течения пандемии коронавируса. Сделаны следующие выводы: 1) время реагирования (в Мюнхене) не уменьшается из-за низкого количества вызовов и низкой вероятности

заражения; 2) однако при длительном времени изоляции и высокой вероятности заражений все рассмотренные аспекты (снижение вероятности заражения персонала, снижение простоя машин и снижение времени реагирования) будут улучшаться.

В [95] рассматривается оптимизация ресурсов, в частности, оптимизируется распределение аппаратов ИВЛ. Особенности модели включают неопределенность непроверенных бессимптомных инфекций и краткосрочную миграцию людей. Скорость передачи вируса меняется в пространстве и времени в зависимости от немедикаментозных мер — масок, социального дистанцирования и изоляции. Минимизируется общее ожидаемое число новых инфицированных и умерших людей. Находится компромисс между потерями (с весом) и рисками катастрофических сценариев.

В [86] указано, что вероятностные (краткосрочные) прогнозы требуются для эффективного распределения ресурсов.

Наконец, среди моделей поведенческой экономики можно отметить статью [29] о влиянии домашних животных на субъективное благополучие людей во время пандемии. В ней производится многомерный анализ данных 215 владельцев домашних животных в США на основе теории основных потребностей (как людей, так и животных): в автономии, родстве и компетентности. Оказалось, что поддержка потребностей домашних животных повышает субъективное благополучие и уменьшает стресс и одиночество людей, вызванные социальной изоляцией во время пандемии COVID-19. Кроме того, психологический стресс снижает субъективное благополучие, а ощущение одиночества во время COVID-19 — нет.

Компьютерные вычислительные модели. Во многих моделях вычисления столь громоздки, что они должны производиться на мощных компьютерах; кроме того, для некоторых моделей разработаны специфические компьютерные методы (например, основанные на искусственном интеллекте, обучении нейросетей и т. п.). В частности, это касается статистических моделей временных рядов.

В [57] используется серая модель Ричардса $GERM(1, 1, e^{at})$. Она рассчитывается с помощью генетического алгоритма и показывает, по мнению авторов, лучшие результаты, чем семь других пороговых моделей. Модель Ричардса является моделью роста и предсказывает ежедневное число подтвержденных случаев заражения.

Список наиболее употребительных таких моделей также приведен в [57]:

GM(1, 1) — модель «серый ящик» с одной переменной и одним уравнением первого порядка;
 Verhulst — модель «серый ящик» Ферхюльста;
 ARGM(1, 1) — авторегрессионная модель «серый ящик»;
 ONGM(1, 1) — оптимизированная модель NGM(1, 1, k, c);
 ENGM(1, 1) — точная неоднородная модель «серый ящик»;
 ARIMA — авторегрессионная проинтегрированная модель подвижного среднего;
 NGBM(1, 1) — нелинейная модель «серый ящик» Бернулли;
 GRM(1, 1) — модель «серый ящик» Ричардса;
 GERM(1, 1, e^{at}) — расширенная (extend) модель «серый ящик» Ричардса.

В классической модели роста используется уравнение Ферхюльста

$$C'(t) = rC(t) \left(1 - \frac{C(t)}{K} \right), \quad (16)$$

где $C(t)$ — кумулятивное число заражений. Логистическая модель Ричардса является его обобщением:

$$C'(t) = rC(t) \left(1 - \left(\frac{C(t)}{K} \right)^\alpha \right). \quad (17)$$

В результате дальнейшего обобщения авторы приходят к расширенной серой модели Ричардса $GERM(1, 1, e^{at})$:

$$\frac{dx^{(1)}(t)}{dt} + ax^{(1)}(t) = (be^{at} + c)(x^{(1)}(t))^\gamma; \quad (18)$$

если $\gamma = 0$, то $\text{GERM}(1, 1, e^{at}) \rightarrow \text{GM}(1, 1, e^{at})$, $y^{(1)}(t) := (x^{(1)}(t))^{1-\gamma}$, уравнение примет вид

$$\frac{dy^{(1)}(t)}{dt} + (1-\gamma)ay^{(1)}(t) = (1-\gamma)(be^{at} + c); \quad (19)$$

его решение

$$y^{(1)}(t) = \left(y^{(0)}(1) - \frac{b(1-\gamma)}{(1-\gamma)^{a+1}} - \frac{c}{a} \right) e^{-(1-\gamma)a(t-1)} + \frac{b(1-\gamma)}{(1-\gamma)^{a+\alpha}} e^{at} + \frac{c}{a};$$

отсюда получается

$$\hat{x}^{(0)}(k) = \hat{x}^{(1)}(k) - \hat{x}^{(1)}(k-1).$$

На основе этого строится численная схема решения по методу трапеций, а затем оптимизируются параметры, входящие в уравнение, на основе реальных данных (с помощью разных метрик, в частности, RMSE и др.). Этот метод хорошо работает даже для небольших выборок, а для больших выборок лучше подходит процесс ARIMA.

В [82] с помощью агентного моделирования изучается модель SEIR для 57 наций, рассматривающая кинетику смерти и процесс от заражения до смерти. Данные взяты из базы до 26.04.2020 г. Модель SEIR не дает хороших долгосрочных прогнозов из-за неопределенности параметров. Для каждой страны производились статистическое усреднение и численная оптимизация: оптимизируется разница между предсказаниями модели с реальными данными из базы. Было построено две модели и проведено сравнение между ними.

Краткий обзор других тем компьютерных моделей. Модели эпидемии COVID-19 работают не очень хорошо: обнаруживаются разброс прогнозов, заниженные прогнозы, что затрудняет принятие решений и выработку политики. Поэтому в [41] предлагается еще одна модель, рассматривающая отношение числа заражений к смертности (вероятно, речь идет о выявленных заражениях). В указанной работе уже говорится о переходе COVID-19 к сезонности, т.е. к зависимости от окружающей температуры.

В [41] строится причинно-следственная связь по Грейнджеру и производится регрессионный анализ по следующим переменным: температура, осадки, солнечная радиация, относительная влажность, «реакция на COVID-19» для 36 стран 5 континентов. Вычисления производились с помощью обучения случайного леса. Самым важным параметром оказалась температура воздуха (некоторые другие параметры вовсе оказались незначимыми) — в 24 странах из 36. Сильнее всего она влияет на рассматриваемое отношение числа заражений к смертности в тропических странах, так что прогнозы будут точнее, если включать в них температуру воздуха.

В [7, 12, 24, 42] рассматриваются модели, построенные на основе рентгеновских снимков. В частности, в [7] изучается построение прогноза на основе теории вероятностей. Прогнозируются вероятности возникновения и продолжительность периодов развития болезни, а фактическими данными служат рентгеновские снимки грудной клетки больных. Они обрабатываются с помощью нейросети. В [24] рассматривается сегментация рентгеновских изображений с помощью машинного обучения.

Имеются также исследования, связанные с соцсетями, социальными отношениями. Например, в [23] изучается влияние процесса нагнетания паники со стороны средств массовой информации и соцсетей на общество в связи с распространением пандемии COVID-19, а в [65] производится классификация историй о коронавирусе на сайтах проверки фактов. Пандемия COVID-19 затронула все стороны жизни, в том числе и вызвала страхи и появление фейковых новостей.

Некоторые статьи посвящены запретительным мерам на перемещение в связи с распространением COVID-19 и их осуществлению и контролю с помощью информационных технологий. Так, в [33] на основе модели SEIQR рассматривается протокол отслеживания контактов при чрезмерном распространении COVID-19. В [45] производится моделирование с помощью эволюционной игры для пограничного контроля в условиях пандемии.

В [80] рассматриваются передача инфекции и профилактика в мегаполисах. Для транспортных потоков строится соответствующая система реакции-диффузии. На процесс реакции-диффузии влияют ограничение передвижения, социальное дистанцирование и тестирование. При этом получаются следующие выводы: ограничение передвижения между пригородными регионами оказывается полезным только тогда, когда там имеются разные числа воспроизводства. Социальное

дистанцирование снижает пик заражения в пригородах. В мегаполисе пик заражений снижается, если в пригородах — рассеивается (т.е. некоторые меры приводят не к улучшению ситуации в целом, а к перераспределению случаев заражения). Эффективность тестирования тоже с трудом поддается оценке, поскольку сильно зависит от мест размещения бригад, производящих тестирование, и здесь получаются сильно неоднозначные результаты.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Виницкий С. И., Гусев А. А., Дербов В. Л., Красовицкий П. М., Пеньков Ф. М., Чулуунбаатар Г. Редуцированная модель SIR пандемии COVID-19// Ж. вычисл. мат. мат. физ. — 2021. — 61, № 3. — С. 400–412.
2. Гузев М. А., Никитина Е. Ю. Динамика «имперских хвостов» на примере коронавирусной инфекции// Дальневост. мат. ж. — 2022. — 22, № 1. — С. 38–50.
3. Еремеева Н. И. Построение модификации SEIRD-модели распространения эпидемии, учитывающей особенности COVID-19// Вестн. Твер. гос. ун-та. Сер. Прикл. мат. — 2020. — № 4. — С. 14–27.
4. Еремеева Н. И. Частичное моделирование влияния карантинных мер на динамику эпидемиологического процесса на основе SEIRD-модели// Вестн. Тюмен. гос. ун-та. Сер. Физ.-мат. моделир. Нефть, газ, энергетика. — 2021. — 7, № 2. — С. 170–187.
5. Кабанихин С. И., Криворотько О. И. Математическое моделирование эпидемии уханьского коронавируса COVID-2019 и обратные задачи// Ж. вычисл. мат. мат. физ. — 2020. — 60, № 11. — С. 1950–1961.
6. Криворотько О. И., Кабанихин С. И., Зятыков Н. Ю., Приходько А. Ю., Прохошин Н. М., Шишленин М. А. Математическое моделирование и прогнозирование COVID-2019 в Москве и Новосибирской области// Сиб. ж. вычисл. мат. — 2020. — 23, № 4. — С. 395–414.
7. Михеев М. Ю., Колесникова С. В., Пушкарева А. В., Мамелина Т. Ю. Математическое моделирование жизненного цикла COVID-19, обнаруженного на основе сверточной нейронной сети// Фундам. прикл. пробл. техн. технол. — 2022. — № 5. — С. 76–83.
8. Никитина А. А. Оценка параметров модели SQAIRD с учетом переменных интервалов// Процессы управл. устойч. — 2021. — 8. — С. 440–449.
9. Abbasi M. et al. Fractal signatures of the COVID-19 spread// Chaos Solit. Fract. — 2020. — 140. — 110119.
10. Abbasi Z., Zamani I., Mehra A. H. A., Shafieirad M., Ibeas A. Optimal control design of impulsive SQEIR epidemic models with application to COVID-19// Chaos Solit. Fract. — 2020. — 139. — 110054.
11. Abdullahi B. I., Nasidi B. A. Fractional order model for the role of mild cases in the transmission of COVID-19// Chaos Solit. Fract. — 2021. — 142. — 110374.
12. Afshar P., Heidarian S., Naderkhani F., Oikonomou A., Plataniotis K. N., Mohammadi A. COVID-CAPS: A capsule network-based framework for identification of COVID-19 cases from X-ray images// Pattern Recogn. Lett. — 2020. — 138. — С. 638–643.
13. Alekseev D. V., Galatenko A. V., Galatenko V. V., Nersisyan S. A., Staroverov V. M. A mathematical model of within-host COVID-19 dynamics// Дальневост. мат. ж. — 2022. — 22, № 2. — С. 150–151.
14. Alkahtani B. S. T., Alzaid S. S. A novel mathematics model of covid-19 with fractional derivative. Stability and numerical analysis// Chaos Solit. Fract. — 2020. — 138. — 110006.
15. Aslam M., Farman M., Akgül A., Sun M. Modeling and simulation of fractional order COVID-19 model with quarantined-isolated people// Math. Meth. Appl. Sci. — 2021. — 44, № 8. — С. 6389–6405.
16. Atangana A. Modelling the spread of COVID-19 with new fractal-fractional operators: Can the lockdown save mankind before vaccination?// Chaos Solit. Fract. — 2020. — 136. — 109860.
17. Babaei A., Jafari H., Banihashemi S., Ahmadi M. Mathematical analysis of a stochastic model for spread of coronavirus// Chaos Solit. Fract. — 2021. — 145. — 110788.
18. Basnarkov L. SEAIR epidemic spreading model of COVID-19// Chaos Solit. Fract. — 2021. — 142. — 110394.
19. Batistela C. M., Correa D. P. F., Bueno Á. M., Piqueira J. R. C. SIRSi compartmental model for COVID-19 pandemic with immunity loss// Chaos Solit. Fract. — 2021. — 142. — 110388.
20. Bhattacharyya S., Dey K., Paul A. R., Biswas R. A novel CFD analysis to minimize the spread of COVID-19 virus in hospital isolation room// Chaos Solit. Fract. — 2020. — 139. — 110294.
21. Bisiacco M., Pillonetto G., Cobelli C. Closed-form expressions and nonparametric estimation of COVID-19 infection rate// Automatica. — 2022. — 140. — 110265.

22. Boudaoui A., El Hady M. Y., Hammouch Z., Ullah S. A fractional-order model describing the dynamics of the novel coronavirus (COVID-19) with nonsingular kernel// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 146. — 110859.
23. Bozkurt F., Yousef A., Abdeljawad T., Kalinli A., Mdallal Q. A. A fractional-order model of COVID-19 considering the fear effect of the media and social networks on the community// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 152. — 111403.
24. Chakraborty S., Mali K. SUFMACS: A machine learning-based robust image segmentation framework for COVID-19 radiological image interpretation// *Expert Syst. Appl.* — 2021. — 178. — 115069.
25. Chang J. T., Kaplan E. H. Modeling local coronavirus outbreaks// *Eur. J. Oper. Res.* — 2023. — 304, № 1. — C. 57–68.
26. Cheng X., Wang Y., Huang G. Global dynamics of a network-based SIQS epidemic model with nonmonotone incidence rate// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 153. — 111502.
27. Contreras S., Villavicencio H. A., Medina-Ortiz D., Biron-Lattes J. P., Olivera-Nappa Á. A multi-group SEIRA model for the spread of COVID-19 among heterogeneous populations// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 136. — 109925.
28. Costa G. S., Cota W., Ferreira S. C. Data-driven approach in a compartmental epidemic model to assess undocumented infections// *Chaos Solit. Fract.* — 2022. — 163. — 112520.
29. Damberg S., Frömling L. ‘Furry tales’: pet ownership’s influence on subjective well-being during Covid-19 times// *Qual. Quant.* — 2022. — 56, № 5. — C. 3645–3664.
30. Debbouche M., Ouannas A., Batiha I. M., Grassi G. Chaotic dynamics in a novel COVID-19 pandemic model described by commensurate and incommensurate fractional-order derivatives// *Nonlin. Dynam.* — 2022. — 109, № 1. — C. 33–45.
31. Dordević J., Papić I., Šuvak N. A two diffusion stochastic model for the spread of the new corona virus SARS-CoV-2// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 148. — 110991.
32. Easwaramoorthy D., Gowrisankar A., Manimaran A., Nandhini S., Rondoni L., Banerjee S. An exploration of fractal-based prognostic model and comparative analysis for second wave of COVID-19 diffusion// *Nonlin. Dynam.* — 2021. — 106, № 2. — C. 1375–1395.
33. Elías L. L., Elías S. L., del Rey A. M. An analysis of contact tracing protocol in an over-dispersed SEIQR Covid-like disease// *Phys. A.* — 2022. — 590. — 126754.
34. Erturk V. S., Kumar P. Solution of a COVID-19 model via new generalized Caputo-type fractional derivatives// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 139. — 110280.
35. Ge J., Wang W. Vaccination games in prevention of infectious diseases with application to COVID-19// *Chaos Solit. Fract.* — 2022. — 161. — 112294.
36. Gonçalves A. D. S., Fernandes L. H. S., Nascimento A. D. C. Dynamics diagnosis of the COVID-19 deaths using the Pearson diagram// *Chaos Solit. Fract.* — 2022. — 164. — 112634.
37. Grave M., Viguier A., Barros G. F., Reali A., Andrade R. F. S., Coutinho A. L. G. A. Modeling nonlocal behavior in epidemics via a reaction-diffusion system incorporating population movement along a network// *Comput. Meth. Appl. Mech. Eng.* — 2022. — 401. — 115541.
38. Han C., Li M., Haihambo N., Babuna P., Liu Q., Zhao X., Jaeger C., Li Y., Yang S. Mechanisms of recurrent outbreak of COVID-19: A model-based study// *Nonlin. Dynam.* — 2021. — 106, № 2. — C. 1169–1185.
39. Hanthanan A. K., Hussaini M. Y. Ranking non-pharmaceutical interventions against Covid-19 global pandemic using global sensitivity analysis — Effect on number of deaths// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 152. — 111458.
40. Higazy M. Novel fractional order SIDARTHE mathematical model of COVID-19 pandemic// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 138. — 110007.
41. Ioanusi O., Ross A. Leveraging weather data for forecasting cases-to-mortality rates due to COVID-19// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 152. — 111340.
42. Jadhav S., Deng G., Zawin M., Kaufman A. E. COVID-view: Diagnosis of COVID-19 using Chest CT// *IEEE Trans. Visual. Comput. Graph.* — 2022. — 28, № 1. — C. 227–237.
43. Jahanshahi H., Muñoz-Pacheco J. M., Bekiros S., Alotaibi N. D. A fractional-order SIRD model with time-dependent memory indexes for encompassing the multi-fractional characteristics of the COVID-19// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 143. — 110632.
44. Jing N., Shi Z., Hu Y., Ji Y. Cross-sectional analysis and data-driven forecasting of confirmed COVID-19 cases// *Appl. Intell.* — 2022. — 52, № 3. — C. 3303–3318.
45. Kabir K. A., Chowdhury A., Tanimoto J. An evolutionary game modeling to assess the effect of border enforcement measures and socio-economic cost: Export-importation epidemic dynamics// *Chaos Solit. Fract.* — 2022. — 165. — 112700.

- Fract. — 2021. — 146. — 110918.
46. *Khajji B., Kowidere A., Elhia M., Balatif O., Rachik M.* Fractional optimal control problem for an age-structured model of COVID-19 transmission// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 143. — 110625.
 47. *Khan H., Ahmad F., Tunç O., Idrees M.* On fractal-fractional Covid-19 mathematical model// *Chaos Solit. Fract.* — 2022. — 157. — 111937.
 48. *Khan H., Ibrahim M., Abdel-Aty A.-H., Khashan M. M., Khan F. Ali, Khan A.* A fractional order Covid-19 epidemic model with Mittag-Leffler kernel// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 148. — 111030.
 49. *Khyar O., Allali K.* Global dynamics of a multi-strain SEIR epidemic model with general incidence rates: application to COVID-19 pandemic// *Nonlin. Dynam.* — 2020. — 102, № 1. — С. 489–509.
 50. *Kirbaş İ., Sözen A., Tuncer A. D., Kazancıoğlu F. Ş.* Comparative analysis and forecasting of COVID-19 cases in various European countries with ARIMA, NARNN and LSTM approaches// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 138. — 110015.
 51. *Kumar S., Cao J., Abdel-Aty M.* A novel mathematical approach of COVID-19 with non-singular fractional derivative// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 139. — 110048.
 52. *Lalwani S., Sahni G., Mewara B., Kumar R.* Predicting optimal lockdown period with parametric approach using three-phase maturation SIRD model for COVID-19 pandemic// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 138. — 109939.
 53. *Lee C., Li Y., Kim J.* The susceptible-unidentified infected-confirmed (SUC) epidemic model for estimating unidentified infected population for COVID-19// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 139. — 110090.
 54. *Liu X., Ullah S., Alshehri A., Altanji M.* Mathematical assessment of the dynamics of novel coronavirus infection with treatment: A fractional study// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 153. — 111534.
 55. *Lobato F. S., Libotte G. B., Platt G. M.* Mathematical modelling of the second wave of COVID-19 infections using deterministic and stochastic SIDR models// *Nonlin. Dynam.* — 2021. — 106, № 2. — С. 1359–1373.
 56. *Lu Z., Yu Y., Chen Y. Quan, Ren G., Xu C., Wang S.* Stability analysis of a nonlocal SIHRDP epidemic model with memory effects// *Nonlin. Dynam.* — 2022. — 109, № 1. — С. 121–141.
 57. *Luo X., Duan H., Xu K.* A novel grey model based on traditional Richards model and its application in COVID-19// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 142. — 110480.
 58. *Meraz M., Carbó R., Rodriguez E., Alvarez-Ramirez J.* Fractal correlations in the Covid-19 genome sequence via multivariate rescaled range analysis// *Chaos Solit. Fract.* — 2023. — 168. — 113132.
 59. *Mohammad M., Trounev A.* On the dynamical modeling of COVID-19 involving Atangana–Baleanu fractional derivative and based on Daubechies framelet simulations// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 140. — 110171.
 60. *Mohd M. H., Sulayman F.* Unravelling the myths of R0 in controlling the dynamics of COVID-19 outbreak: A modelling perspective// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 138. — 109943.
 61. *Moualkia S.* Mathematical analysis of new variant Omicron model driven by Lévy noise and with variable-order fractional derivatives// *Chaos Solit. Fract.* — 2023. — 167. — 113030.
 62. *Nabi K. N., Kumar P., Erturk V. S.* Projections and fractional dynamics of COVID-19 with optimal control strategies// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 145. — 110689.
 63. *Nauman A., Amr E., Ali R., Muhammad R., Waleed A.* Numerical simulation and stability analysis of a novel reaction-diffusion COVID-19 model// *Nonlin. Dynam.* — 2021. — 106, № 2. — С. 1293–1310.
 64. *Naz R., Al-Raei M.* Analysis of transmission dynamics of COVID-19 via closed-form solutions of a susceptible-infectious-quarantined-diseased model with a quarantine-adjusted incidence function// *Math. Meth. Appl. Sci.* — 2021. — 44, № 14. — С. 11196–11210.
 65. *Ng Lynnette H. X., Carley K. M.* The coronavirus is a bioweapon: classifying coronavirus stories on fact-checking sites// *Comput. Math. Organ. Th.* — 2021. — 27, № 2. — С. 179–194.
 66. *Nick J., Menzies M.* Trends in COVID-19 prevalence and mortality: A year in review// *Phys. D.* — 2021. — 425. — 132968.
 67. *Niu R., Chan Y.-C., Wong E. W. M., van Wyk M. A., Chen G.* A stochastic SEIHR model for COVID-19 data fluctuations// *Nonlin. Dynam.* — 2021. — 106, № 2. — С. 1311–1323.
 68. *Omame A., Abbas M., Abdel-Aty A.-H.* Assessing the impact of SARS-CoV-2 infection on the dynamics of dengue and HIV via fractional derivatives// *Chaos Solit. Fract.* — 2022. — 162. — 112427.
 69. *Omame A., Abbas M., Onyenegecha C. P.* A fractional-order model for COVID-19 and tuberculosis co-infection using Atangana–Baleanu derivative// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 153. — 111486.
 70. *Otunuga O. M.* Time-dependent probability distribution for number of infection in a stochastic SIS model: case study COVID-19// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 147. — 110983.

71. Özköse F., Yavuz M., Şenel M. T., Habbireeh R. Fractional order modelling of omicron SARS-CoV-2 variant containing heart attack effect using real data from the United Kingdom// *Chaos Solit. Fract.* — 2022. — 157. — 111954.
72. Păcurar C.-M., Necula B.-R. An analysis of COVID-19 spread based on fractal interpolation and fractal dimension// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 139. — 110073.
73. Parbat D., Chakraborty M. A python based support vector regression model for prediction of COVID-19 cases in India// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 138. — 109942.
74. Pathan R. K., Biswas M., Khandaker M. U. Time series prediction of COVID-19 by mutation rate analysis using recurrent neural network-based LSTM model// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 138. — 110018.
75. Pelinovsky E., Kokoulina M., Epifanova A., Kurkin A., Kurkina O., Tang M., Macau E., Kirillin M. Gompertz model in COVID-19 spreading simulation// *Chaos Solit. Fract.* — 2022. — 154. — 111699.
76. Piovella N. Analytical solution of SEIR model describing the free spread of the COVID-19 pandemic// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 140. — 110243.
77. Rahman M., Ahmad S., Matoog R. T., Alshehri N. A., Khan T. Study on the mathematical modelling of COVID-19 with Caputo–Fabrizio operator// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 150. — 111121.
78. Rahman M., Muhammad A., Kamal S., Gómez-Aguilar J. F. Investigating a nonlinear dynamical model of COVID-19 disease under fuzzy Caputo, random and ABC fractional order derivative// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 140. — 110232.
79. Rautenstrauss M., Martin L., Minner S. Ambulance dispatching during a pandemic: Tradeoffs of categorizing patients and allocating ambulances// *Eur. J. Oper. Res.* — 2023. — 304, № 1. — 239–254.
80. Rezapour S., Baghaian A., Naderi N., Sarmiento J. P. Infection transmission and prevention in metropolises with heterogeneous and dynamic populations// *Eur. J. Oper. Res.* — 2023. — 304, № 1. — C. 113–138.
81. Sabbar Y., Kiouach D., Rajasekar S. P., El-Idrissi S. A. The influence of quadratic Lévy noise on the dynamic of an SIC contagious illness model: New framework, critical comparison and an application to COVID-19 (SARS-CoV-2) case// *Chaos Solit. Fract.* — 2022. — 159. — 112110.
82. Scheiner S., Ukaj N., Hellmich C. Mathematical modeling of COVID-19 fatality trends: Death kinetics law versus infection-to-death delay rule// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 136. — 109891.
83. Shah K., Abdeljawad T., Ud Din R. To study the transmission dynamic of SARS-CoV-2 using nonlinear saturated incidence rate// *Phys. A.* — 2022. — 604. — 127915.
84. Singhal A., Singh P., Lall B., Joshi S. D. Modeling and prediction of COVID-19 pandemic using Gaussian mixture model// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 138. — 110023.
85. Sintunavarat W., Turab A. Mathematical analysis of an extended SEIR model of COVID-19 using the ABC-fractional operator// *Math. Comput. Simul.* — 2022. — 198. — C. 65–84.
86. Taylor J. W., Taylor K. S. Combining probabilistic forecasts of COVID-19 mortality in the United States// *Eur. J. Oper. Res.* — 2023. — 304, № 1. — C. 25–41.
87. Tomovski I., Basnarkov L., Abazi A. Endemic state equivalence between non-Markovian SEIS and Markovian SIS model in complex networks// *Phys. A.* — 2022. — 599. — 127480.
88. Triambak S., Mahapatra D. P. A random walk Monte Carlo simulation study of COVID-19-like infection spread// *Phys. A.* — 2021. — 574. — 126014.
89. Tsiliogianni C., Tsiliogiannis A., Tsiliyiannis C. A stochastic inventory model of COVID-19 and robust, realtime identification of carriers at large and infection rate via asymptotic laws// *Eur. J. Oper. Res.* — 2023. — 304, № 1. — C. 42–56.
90. Tuan Nguyen H., Mohammadi H., Rezapour S. A mathematical model for COVID-19 transmission by using the Caputo fractional derivative// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 140. — 110107.
91. Wang J., Yang M., Lu L., Shao W. Does the ‘Delta Variant’ affect the nonlinear dynamic characteristics of SARS-CoV-2 transmission?// *Chaos Solit. Fract.* — 2022. — 162. — 112382.
92. Wang L., Min J., Doig R., Elliott Lloyd T., Colijn C. Estimation of SARS-CoV-2 antibody prevalence through serological uncertainty and daily incidence// *Can. J. Statist.* — 2022. — 50, № 3. — C. 734–750.
93. Wiliński A., Kupracz L., Senejko A., Chrzastek G. COVID-19: Average time from infection to death in Poland, USA, India and Germany// *Qual. Quant.* — 2022. — 56, № 6. — C. 4729–4746.
94. Yin M.-Z., Zhu Q.-W., Lü X. Parameter estimation of the incubation period of COVID-19 based on the doubly interval-censored data model// *Nonlin. Dynam.* — 2021. — 106, № 2. — C. 1347–1358.
95. Yin X., Büyüktaktakin İ. E., Patel B. P. COVID-19: Data-driven optimal allocation of ventilator supply under uncertainty and risk// *Eur. J. Oper. Res.* — 2023. — 304, № 1. — C. 255–275.

96. *Yousefpour A., Jahanshahi H., Bekiros S.* Optimal policies for control of the novel coronavirus disease (COVID-19) outbreak// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 136. — 109883.
97. *Yu X., Lu L., Shen J., Li J., Xiao W., Chen Y.* RLIM: a recursive and latent infection model for the prediction of US COVID-19 infections and turning points// *Nonlin. Dynam.* — 2021. — 106, № 2. — С. 1397–1410.
98. *Yu Z., Arif R., Fahmy M. A., Sohail A.* Self organizing maps for the parametric analysis of COVID-19 SEIRS delayed model// *Chaos Solit. Fract.* — 2021. — 150. — 111202.
99. *Zhang X., Ma R., Wang L.* Predicting turning point, duration and attack rate of COVID-19 outbreaks in major Western countries// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 138. — 109829.
100. *Zhang Y., Yu X., Sun H., Tick G. R., Wei W., Jin B.* Applicability of time fractional derivative models for simulating the dynamics and mitigation scenarios of COVID-19// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 138. — 109959.
101. *Zhang Z., Jain S.* Mathematical model of Ebola and Covid-19 with fractional differential operators: Non-Markovian process and class for virus pathogen in the environment// *Chaos Solit. Fract.* — 2020. — 140. — 110175.

ДЕКЛАРАЦИЯ АВТОРОВ

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Финансирование. Авторы заявляют об отсутствии финансовой поддержки от каких-либо организаций или частных лиц.

Финансовые интересы. Авторы заявляют об отсутствии подлежащих раскрытию финансовых или нефинансовых интересов, связанных с публикуемым материалом.

Кругова Елена Павловна (Krugova Elena Pavlovna)
Всероссийский институт научной и технической информации
Российской академии наук (ВИНИТИ РАН), Москва
(Russian Institute for Scientific and Technical Information
of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia)
E-mail: ekrugo@mail.ru

Букжалёв Евгений Евгеньевич (Bukzhalev Evgenii Evgenievich)
Московский государственный университет им. М. В. Ломоносова;
Всероссийский институт научной и технической информации
Российской академии наук (ВИНИТИ РАН), Москва
(M. V. Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia;
Russian Institute for Scientific and Technical Information
of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia)
E-mail: bukzhalev@mail.ru