

Ұ.Қ. Социалова^{1,*}, Ж.М. Бектемесов^{2,*}

¹Абай атындағы Қазақ ұлттық педагогикалық университеті, Алматы қ., Қазақстан

²Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы қ., Қазақстан

*e-mail: zholaman.bektemessov@kaznu.kz

ҚЫЗЫЛША АУРУЫНЫҢ ЭПИДЕМИОЛОГИЯЛЫҚ ТАРАЛУЫНЫҢ КЕРІ ЕСЕБІН МОДЕЛЬДЕУ

Аңдатпа

Бұл мақалада *SVEIR* моделі мен кері есептерді шешу әдістерін пайдалану арқылы қызылша ауруының таралу динамикасы қарастырылады. Эпидемиологиялық деректер, бақылау нәтижелері және аналитикалық есептеулер негізінде математикалық модельдеу жүргізілді. Оңтайландыру әдісі ретінде генетикалық алгоритм қолданылды. Зерттеу 2000-2020 жылдар аралығында Бангладештегі инфекциялардың таралу динамикасына сандық талдау жүргізуді қамтиды. Модель көмегімен инфекцияның таралуына әсер ететін негізгі параметрлер анықталды, оның ішінде вирустың таралу жылдамдығы, вакцинацияның бірінші және екінші дозаларының тиімділігі, сондай-ақ ауру салдарынан өлім-жітім деңгейі қайта құрылды. Қалпына келтірілген деректер нақты эпидемиологиялық мәліметтермен салыстырылып, олардың сәйкестігі бағаланды. Алынған нәтижелер ұсынылған тәсілдің қызылша эпидемиясын талдау және болжау үшін қолданылу мүмкіндігін көрсетеді. Қарастырылған математикалық модель әртүрлі аймақтарға бейімделіп, эпидемияға қарсы шаралардың тиімділігін бағалауға мүмкіндік береді.

Түйін сөздер: қызылша, математикалық модель, эпидемия, *SVEIR* моделі, генетикалық алгоритм, кері есеп.

У.К. Социалова¹, Ж.М. Бектемесов²

¹Казахский национальный педагогический университет имени Абая, г.Алматы, Казахстан

²Казахский национальный университет имени аль-Фараби, г.Алматы, Казахстан

МОДЕЛИРОВАНИЕ ОБРАТНОЙ ЗАДАЧИ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО ЗАБОЛЕВАНИЯ КОРИ

Аннотация

В данной статье рассматривается динамика распространения кори с использованием модели *SVEIR* и методов решения обратных задач. Математическое моделирование проводилось на основе эпидемиологических данных, результатов мониторинга и аналитических расчетов. В качестве метода оптимизации использовался генетический алгоритм. В рамках исследования проведен количественный анализ динамики распространения инфекции в Бангладеш за период 2000-2020 годов. С помощью модели были реконструированы основные параметры, влияющие на распространение инфекции, в том числе скорость распространения вируса, эффективность первой и второй доз вакцинации, а также уровень смертности от заболевания. Рассмотренная математическая модель может быть адаптирована к различным регионам и использована для анализа эффективности мер по сдерживанию эпидемии.

Ключевые слова: корь, математическая модель, эпидемия, модель *SVEIR*, генетический алгоритм, обратные задачи.

U. K. Sotsialova¹, Zh.M. Bektemessov²

¹Abai Kazakh National Pedagogical University, Almaty, Kazakhstan

²Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan

MODELING THE INVERSE PROBLEM OF SPREAD OF THE EPIDEMIOLOGICAL DISEASE MEASLES

Abstract

This article investigates the dynamics of measles spread using the *SVEIR* model and inverse problem-solving methods. The mathematical modeling was based on epidemiological data, monitoring results and analytical calculations. A genetic algorithm was employed as the optimization method. As part of the study, a quantitative analysis of the dynamics of the spread of infection in Bangladesh from 2000 to 2020 was conducted. Using the model, the main parameters influencing the spread of infection were reconstructed, including the rate of spread of the virus, the effectiveness of the first and second doses of vaccination, and the mortality rate from the disease. The proposed mathematical model can be adapted to different regions and utilized to assess the effectiveness of epidemic containment strategies.

Keywords: measles, mathematical model, epidemic, *SVEIR* model, genetic algorithm, inverse problems.

Негізгі тұжырымдар

Зерттеу эпидемиялық процестің әртүрлі кезеңдерінде инфекция жұқтырған адамдар саны туралы деректерді қалпына келтіру үшін кері есептеу әдістерін қолдануға негізделген. Қалпына келтірілген және нақты деректер арасындағы айырмашылықтарды азайту мақсатында сандық алгоритмдер мен математикалық модельдеу әдістері пайдаланылады. Алынған нәтижелердің сенімділігін бағалауға және ықтимал қателерді талдауға ерекше назар аударылады.

Кіріспе

Қазақстан Республикасында қызылша індетінің өршуі 2023 жылдың соңында байқалып, ауру республиканың барлық аймақтарында тіркелді. Қызылшаға күдікті 50 671 жағдай анықталып, олардың 20 556-сы зертханалық түрде расталды. Бұл ауруға шалдыққандардың ең жоғары көрсеткіші Шымкент, Алматы қалаларында және Жамбыл мен Алматы облыстарында байқалды [1]. Мұндай көрсеткіш 2019 жылғы деңгейден 2,1 есе жоғары болып, соңғы 30 жылдағы ең ауыр эпидемиологиялық жағдайлардың біріне алып келді. Дүниежүзілік денсаулық сақтау ұйымының (ДДСҰ) мәліметтеріне сәйкес, 2023 жылы қызылшамен сырқаттанушылықтың күрт артуы байқалды. Ауру 57 елде тіркеліп, бұл 2022 жылмен салыстырғанда 60%-ға жоғарылаған. Қызылша инфекциясының ең қарқынды өршуі Африка, Шығыс Жерорта теңізі, Еуропа, Оңтүстік-Шығыс Азия және Батыс Тынық мұхиты аймақтарында тіркелді [2]. Еуропалық аймақтағы сырқаттанушылықтың деңгейі 2022 жылдан бері 30 есеге өсіп, 2023 жылдың алғашқы 10 айында 30 000-нан астам жағдай анықталған. Олардың шамамен 50%-ын 5 жасқа дейінгі балалар құраған. 2024 жылдың мамыр айындағы Еуропа елдеріндегі қызылшаның ай сайынғы жаңартылған деректерге сәйкес аурулар саны бойынша Қазақстан, Әзірбайжан және Ресей алдыңғы қатарға шықты [3]. Аурудың таралуының негізгі себептерінің бірі – вакцинациямен қамту деңгейінің төмендігі. 2020-2022 жылдар аралығында шамамен 1,8 миллион бала қызылшаға қарсы екпе ала алмаған.

Қызылша – аса жұқпалы вирустық инфекция, ол тікелей байланыс және ауа арқылы оңай таралып, шекаралық аймақтарды еңсеріп, халық арасында тез таралуымен ерекшеленеді. Аталған инфекция 5 жасқа дейінгі балалар, 20 жастан асқан ересектер және иммунитеті төмен адамдар үшін ерекше қауіпті. Қазіргі уақытта қызылшаны жұқтырған адамдарды емдеуге арналған арнайы дәрілік препараттар жоқ, сондықтан бұл аурумен күресудің жалғыз тиімді әдісі – вакцинация. Вакцинациямен жеткіліксіз қамтылған популяциялар арасында індеттер ауыр салдарларға, соның ішінде жоғары сырқаттанушылық пен өлім-жітімге алып келеді. Қазіргі эпидемиологиялық ахуалға сәйкес қызылша ауруы әлемнің көптеген аймақтарында тіркелуде [4]. деректеріне сәйкес 2024 жылдың сәуір-қыркүйек айлары аралығында

Дүниежүзілік денсаулық сақтау ұйымына ұсынылған алдын ала ай сайынғы қадағалау нәтижелері кесте 1-де көрсетілген.

Кесте 1. 2024 жылдың сәуір-қыркүйек айлары аралығындағы жағдайлардың ең көп таралған елдердің ондығы

Ел	Жағдайлар саны
Пәкістан	14,391
Ирак	8,983
Эфиопия	8,773
Ресей Федерациясы	8,662
Үндістан	8,540
Қазақстан	6,620
Румыния	5,823
Қырғызстан	5,207
Ауғанстан	4,924
Тайланд	4,596

Медицина мен биологияның жаратылыстану ғылымдары ретінде дамуы биологиялық процестерді сандық сипаттау және олардың даму барысын болжау қажеттілігін туындатты. Бұл процестердің басым бөлігі тікелей бақылауға келмейтіндіктен, олардың құрылымына қатысты гипотезаларды тексеру үшін математикалық модельдеу кеңінен қолданылады. Эпидемиологияда, инфекцияның популяция ішінде таралуын зерттейтін сала ретінде, модельдер популяциялық деңгейдегі өзара әрекеттесулерді ескере отырып құрылады. Бұл модельдер индивидтердің бір-бірімен, жалпы популяциямен және инфекциямен байланысы туралы мәліметтерге негізделеді.

Математикалық модельдер теорияларды ұсыну және тексеру, алдын алу, терапия және бақылау бағдарламаларын салыстыру, жоспарлау және бағалау үшін тиімді құрал болып саналады. Осындай модельдерді алғаш рет 1927 жылы Кермак пен МакКендрик ғылымға енгізгеннен бері көптеген инфекциялық аурулардың таралуын сипаттайтын әртүрлі компартменттік модельдер жасалды. Соңғы онжылдықтарда қызылшаның эпидемиологиясын зерттеу маңызды ғылыми бағыттардың біріне айналды.

Бұл салада көптеген ғалымдар өздерінің зерттеулері арқылы қызылшаны бақылау мен алдын алудың оңтайлы жолдарын табуға тырысты. Олар детерминирленген компартменттік модельдерді пайдаланып, теориялық және сандық талдаулар жүргізді. Мысалы, Момон және әріптестері [5] қызылша динамикасына симптомсыз тұлғалардың әсерін зерттеу үшін *SEIR* моделін қолданды. Ал [6] зерттеуінде инфекция жұқтырғандар мен бейім тұлғалар арасындағы қашықтықтың әсерін бағалайтын математикалық модель ұсынылды. Нәтижесінде, қашықтықтың артуы жұқтырғандар санының төмендеуіне ықпал ететіні көрсетілді.

Сонымен қатар, [7,8] еңбектерінде вакцинацияның қызылшаның таралуын тежеудегі тиімділігі дәлелденді. Бангладеште жүргізілген зерттеуде [9] екі дозалы вакцинация жағдайындағы инфекция динамикасын сандық модельдеу арқылы сипаттау үшін «келесі ұрпақ матрицасы әдісі» (next-generation matrix method) қолданылды және репродуктивті саны есептелді. Соңғы бес жылда да эпидемиологиялық модельдеуге ерекше назар аударылды. Мысалы, Еремеева Н.И. *COVID-19* ерекшеліктерін ескере отырып, *SEIRD* моделінің модификациясын ұсынды [10]. Ал Криворотько О.И., Кабанихин С.И. және әріптестері [11] Мәскеу мен Новосибирск облыстарында *COVID-19* таралуының *SEIR-HCD* және *SEIR-D* модельдерінің белгісіз параметрлерін нақтылау үшін инфекция динамикасы, өлім-жітім, өзін-өзі оқшаулау коэффициенті және жүргізілген тестілеу нәтижелері сияқты деректерді пайдаланды. Жұқпалы аурудың популяция ішінде таралу немесе толық жойылу шарттарын анықтау – эпидемиологиялық модельдеудің негізгі міндеттерінің бірі. Бұл мәселені шешуде басты рөлді негізгі эпидемиологиялық шама – репродуктивті сан (R_0) атқарады. R_0 –

толығымен сезімтал популяциядағы бір жұқпалы адам тудыратын қайталама жағдайлардың орташа саны.

Репродуктивті санның эпидемиялық процестегі рөлі келесідей сипатталады:

- Егер $R_0 < 1$ болса, инфекция популяцияда таралмайды және ауру эпидемиясыз тепе-теңдік жағдайына әкеледі.

- Егер $R_0 > 1$ болса, тепе-теңдік тұрақсыз болады, нәтижесінде инфекция популяция арасында кең таралып, эпидемия басталады.

Репродуктивті коэффициенттер вакцинациямен қамту мақсаттарын анықтауда маңызды факторлардың бірі болып саналады.

Зерттеу әдіснамасы

Математикалық модельдің сипаттамасы. Қарастырылатын популяцияның жалпы саны – $N(t)$ болсын. Бұл популяция *SVEIR* эпидемиялық моделі арқылы келесі жабық субпопуляциялар жиынын құрайды: сезімталдар класы $S(t)$, вакцинацияланғандар класы $V(t)$, инкубациялық кезеңдегі (ауруға шалдыққандар) класы $E(t)$, жұқтырғандар класы $I(t)$ және аурудан айыққандар класы $R(t)$. Осы математикалық модель Бангладеш еліндегі қызылшаның таралу динамикасын сипаттауында қолданылады [9]. Қызылшаның таралу динамикасының моделі сызықты емес жай дифференциалдық теңдеулердің келесі жүйесімен сипатталады:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \mu N - \beta SI - \eta S - \mu S + \rho V_1 \\ \frac{dV_1}{dt} = \eta S - \rho V_1 - \sigma V_1 - \mu V_1 \\ \frac{dV_2}{dt} = \sigma V_1 - \omega V_2 - \mu V_2 \\ \frac{dE}{dt} = \beta SI - \alpha E - \mu E \\ \frac{dI}{dt} = \alpha E - \gamma I - \delta I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I + \omega V_2 - \mu R \end{array} \right. \quad (1)$$

Бұл қарапайым бастапқы модельдің (1) теңдеулері өзара байланысқан келесі компоненттерді қамтиды:

- Сезімталдар класы $S(t)$ – қызылшамен бұрын ешқашан байланыспаған және инфекцияға бейім тұрғындардың бір бөлігі;

- Вакцинацияланғандар класы $V(t)$ – вакцинаның екі дозасын да алған тұрғындардың бір бөлігі;

- Инкубациялық кезең (жасырын) класы $E(t)$ – қызылшаны жұқтырған, бірақ ешқандай симптомдық белгілері байқалмайтын тұрғындардың бір бөлігі;

- Жұқпалы кезең класы $I(t)$ – клиникалық белгілері көрініс тапқан және инфекцияны таратуға қабілетті тұрғындардың бір бөлігі;

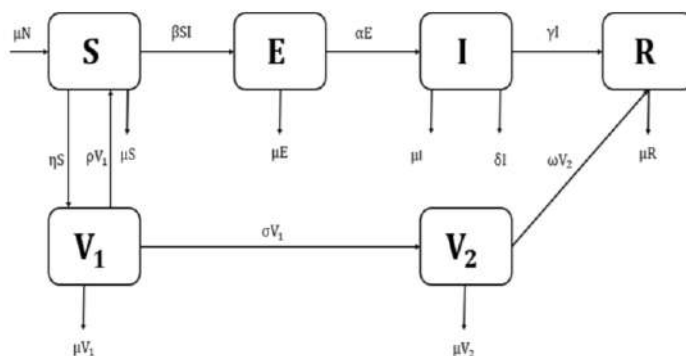
- Сауыққандар класы $R(t)$ – қызылша ауруынан айыққан және иммундық жүйеге ие болған тұрғындардың бір бөлігі.

Популяцияның жалпы саны $N(t)$ уақыт бойынша тұрақты және популяция ішінде біркелкі араласады деп болжанады:

$$N(t) = S(t) + V_1(t) + V_2(t) + E(t) + I(t) + R(t) \quad (2)$$

және бастапқы шарттары:

$$S(0) \geq 0, V_1(0) \geq 0, V_2(0) \geq 0, E(0) \geq 0, I(0) \geq 0, R(0) \geq 0. \quad (3)$$



Сурет 1. Қызылша ауруының SVEIR типіндегі компартменттік моделінің схемасы

Популяция санының тұрақтылығын қамтамасыз ету мақсатында сезімтал кластағы өлім-жітім саны жаңа туған нәрестелер есебінен толығып отырады. Өлім-жітімге барлық популяция үшін жан басына шаққандағы тұрақты көрсеткіш – μ (табиғи себептерден болатын өлім) және қызылшадан болатын жан басына шаққандағы тұрақты көрсеткіш – δ жатады. Сезімтал популяцияның (S) бір бөлігі η жылдамдықпен вакцинациядан өтіп, бірінші доза алғандар класына (V_1) ауысады. Вакцинацияның бірінші дозасын алғандардың бір бөлігі ρ жылдамдықпен қайтадан сезімталдар класына (S) оралады, ал қалған бөлігі екінші доза алғандар класына (V_2) жан басына шаққанда σ жылдамдықпен ауысады. Өз кезегінде, екі доза алғандар (V_2) сауыққандар класына ω жылдамдықпен өтеді. Сезімтал кластағы адамдар қызылша вирусын $\lambda = \beta SI$ жылдамдығымен жұқтыруы мүмкін, мұндағы β – жұқтырғандар мен сезімталдар арасындағы инфекцияның таралу коэффициенті. Жұқтырған адамдар инкубациялық кезеңдегі класына (E) өтеді. Инкубациялық кезеңде болған популяцияның бір бөлігі жан басына шаққанда α жылдамдықпен жұқпалы кезеңге (I) өтеді. Инфекцияланғандар (I) класы белгілі бір бөлігінде медициналық көмек және табиғи иммундық қалпына келу процесінің нәтижесінде γ жылдамдықпен сауыққандар класына (R) ауысады (Сурет 1).

Кесте 2. Қызылша моделінің параметрлерінің Бангладеш үшін бағаланған мәндері

Параметрлер	Сипаттамасы	Сандық көрсеткіші
N	Бангладештің жалпы халық саны (2000 жыл)	127,658,000
μ	Халықтың санына шаққандағы өлім көрсеткіші	жылына 0.014
β	Таралу жылдамдығы	7.45×10^{-7}
η	Вакцинаның бірінші дозасы	0.94
ρ	(V_1) -ден S -ке өту жылдамдығы	0.6
σ	Вакцинаның екінші дозасы	0.93
ω	Вакцинаның екінші дозасының арқасында аурудан айығу жылдамдығы	0.8
α	E -ден I -ке өту жылдамдығы	0.018
δ	Аурудан болатын өлім көрсеткіші	0.125
γ	Өздігінен жазылу жылдамдығы	0.6

[9] авторлары қызылшаның таралуына ең ықпалды параметр – таралу жылдамдығы (β) екенін анықтап, осы параметрді бағалау және динамикасын сипаттау үшін сандық модельдеуді қолданған. Зерттеу нәтижелері аурудың өршу қарқыны, таралу жылдамдығы және екі дозалы вакцинацияның тиімділігінің инфекция динамикасына қалай әсер ететінін көрсетті. Осы есептеулер мен модельдеуге сүйене отырып, Қазақстандағы қызылшаның таралуын болжауға мүмкіндік беретін бейімделген модель құру үшін кері есепті шешу әдістерін қолдану мүмкін бе? Сонымен қатар, алынған модельді еліміздің эпидемиологиялық жағдайын бақылау және алдын алу шараларын жоспарлау мақсатында практикалық қолданысқа енгізу қаншалықты орынды? Осы ғылыми сұрақтар алдағы зерттеуде қарастырылады.

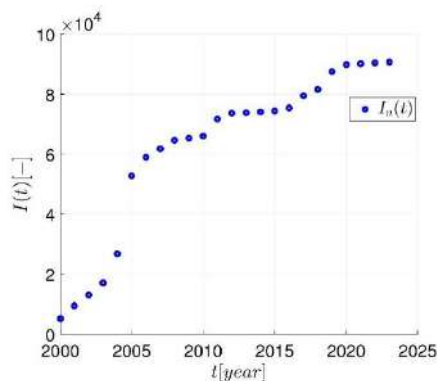
Есептеу жолы

Кері есепті шешу алдында, модель параметрлерінің бірқатары мен ауру салдарынан қайтыс болғандардың саны белгісіз деп қабылданады. Бұл жағдайда Бангладештегі қызылша эпидемиясының таралуын сипаттайтын модельдің 9 негізгі параметрін қалпына келтіру міндеті қойылады. Параметрлерді бағалау және модельді нақты деректерге сәйкестендіру үшін кері есепті шешу әдістері мен оңтайландыру алгоритмі қолданылады. Аталған мәселені шешу және жоғарыда қойылған сұрақтарға жауап беру үшін қолда бар статистикалық деректерге негізделген кері есепті шешу алгоритмін құру және оның жұмыс істеу қабілеттілігін тексеру қажет. Бұл мақсатта, математикалық модельдің (1) теңдеулері үшін белгілі параметрлер мәні (кесте 2) және [9] еңбегінен алынған бастапқы шарттар (кесте 3) ескеріліп, сандық интегралдау үшін төртінші ретті Рунге-Кутта әдісі қолданылды.

Кесте 3. Қызылша моделінің бастапқы шарттары

Параметрлер	Сипаттамасы	Сандық көрсеткіші
$N(t_0)$	Бангладештің жалпы халық саны	127,658,000
$I(t_0)$	Қызылша жұқтырған класы	5098
$E(t_0)$	Қызылша ауруға шалдыққандар класы	5098
$R(t_0)$	Емделіп қалпына келтірілген класы	$I(1 - \delta)$
$S(t_0)$	Сезімтал класы	$N(t_0) - I(t_0) - E(t_0) - R(t_0)$
$V_1(t_0)$	Вакцинаның бірінші дозасын алғандар класы	ηS
$V_2(t_0)$	Вакцинаның екінші дозасын алғандар класы	σS

Бастапқы уақыт мезетінде $E(t_0)$ – инкубациялық кезеңдегі, ал $I(t_0)$ – инфекцияланған жеке тұлғалардың саны тең деп қабылданады. Аурудан айыққандар саны $R(t_0) = I(1 - \delta)$ ретінде беріледі, мұнда δ – қызылшадан болатын өлім-жітім коэффициенті. Осыған сәйкес, сезімтал адамдардың бастапқы саны $S(t_0) = N(t_0) - I(t_0) - E(t_0) - R(t_0)$ болып анықталады. Бірінші $V_1(t_0)$ және екінші $V_2(t_0)$ дозамен вакцинацияланғандар саны, сәйкесінше, ηS және σS тең болады, мұнда η – бірінші дозамен, ал σ – екінші дозамен қамту жылдамдығы.



Сурет 2. Инфекцияланғандар $I(t)$ туралы статистикалық деректер

Әрі қарай, $q = (\mu, \beta, \eta, \rho, \sigma, \omega, \alpha, \delta, \gamma)$ вектордың параметрлерінің мәндері белгісіз деп қарастырылған жағдайда, бұл есеп кері коэффициенттерді анықтау есебіне айналады. Мұндай кері есептің мәні – белгілі $I_n(t)$ статистикалық деректері негізінде, келесі функционалды минимизациялау арқылы q параметрлерінің мәндерін қалпына келтіруде:

$$J(q) = \sum_{n=1}^M [I(t, q) - I_n(t)]^2 \rightarrow \min_q, \quad (4)$$

мұнда $J(q)$ – минимизациялауды қажет ететін функционал, $I(t, q)$ – инфекцияланған индивидумдар саны бойынша (1) теңдеудің шешімі, M – статистикалық деректердің саны.

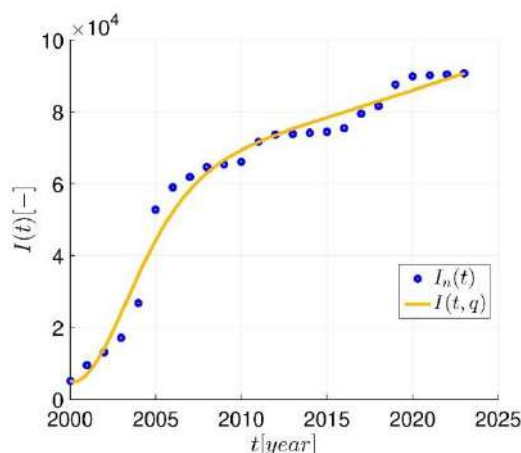
Функционалды минимизациялау үшін түрлі оңтайландыру әдістерін қолдануға болады: градиенттік әдістер [12], метаэвристикалық алгоритмдер [13], стохастикалық әдістер [14] және т.б. Бұл жұмыста оңтайландыру әдісі ретінде метаэвристикалық тәсілдерінің бірі – генетикалық алгоритм пайдаланылды [15-19]. Бұл кері есеп 9 ізделіп отырған параметрдің мәнін табудан тұрады, сондықтан генетикалық алгоритмді таңдау оның көппараметрлі жаһандық оңтайландыру алгоритмі болуымен, сонымен қатар іске асыруының қарапайымдылығымен түсіндіріледі.

Зерттеу нәтижелері

Оңтайландыру алгоритмі *Matlab* қолданбалы бағдарламалық пакетіндегі *ga* функциясын көмегімен жүзеге асырылды. Сурет 3-те көрсетілгендей, кері есептің (1), (3-4) нәтижелері негізінде алынған қайта қалпына келтірілген инфекцияланған адамдар санының $I(t)$ динамикасы 2000 жылдан 2023 жылға дейінгі кезеңді қамтиды. Графикте нақты статистикалық мәліметтері (көк нүктелер) мен модель арқылы қалпына келтірілген шешім (сары сызық) салыстырылып көрсетілген. Графиктен байқауға болады, инфекцияның таралуы алғашқы кезеңде, яғни 2000-2004 жылдары баяу өседі, бұл кезде қалпына келтірілген сары сызық нақты деректерге (көк нүктелерге) жақын орналасқан. Бұл модельдің бастапқы кезеңдегі эпидемия динамикасын дәл сипаттайтынын көрсетеді.

2004-2010 жылдар аралығында жұқтырғандар санының күрт өсуі байқалады. Осы кезеңде модельдік деректер мен нақты мәліметтер арасында шамалы айырмашылықтар бар, бірақ жалпы үрдіс жақсы сақталған.

2010 жылдан кейін, соңғы 10 жыл ішінде, инфекцияның таралу қарқыны баяулай бастайды. Бұл кезеңде модельден алынған қалпына келтірілген деректер нақты статистикалық ақпараттың маңында тұрақталып кішігірім ауытқулар ғана байқалады. Жалпы алғанда, модель инфекция динамикасын сенімді түрде сипаттайды және нақты мәліметтерге жақсы сәйкес келеді.



Сурет 3. Уақыт бойынша инфекцияланғандар санының динамикасы

Бангладеш үшін қызылша ауруының таралуына арналған математикалық модель параметрлерінің сандық мәндері мен кері есептің нәтижелері арқылы қалпына келтірілген параметрлер арасындағы салыстырмалы қателік кейбір параметрлер үшін өте төмен болғанымен, кейбір параметрлер бойынша едәуір айырмашылықтар байқалады (кесте 4).

Кесте 4. $q = (\mu, \beta, \eta, \rho, \sigma, \omega, \alpha, \delta, \gamma)$ векторының параметрлік қалпына келтірілу қателіктері

№	Параметрлер	Бастапқы мән	Алынған нәтиже	Салыстырмалы қателік, %
1	μ	0.014	0.01	28.57
2	β	7.45×10^{-7}	4.11×10^{-7}	44.83
3	η	0.94	0.86	8.51
4	ρ	0.6	1.2×10^{-6}	99.99
5	σ	0.93	0.91	2.15
6	ω	0.8	0.9	12.5
7	α	0.018	0.042	133.33
8	δ	0.125	0.329	163.2
9	γ	0.6	0.001	99.83

Осылайша, генетикалық жаһандық оңтайландыру әдісімен параметр мәндерін қалпына келтіру нәтижелері статистикалық деректер графигін қалпына келтіру үшін жеткілікті болды, бұл өз кезегінде өңірдегі аурудың таралуын болжауға мүмкіндік береді.

Дискуссия

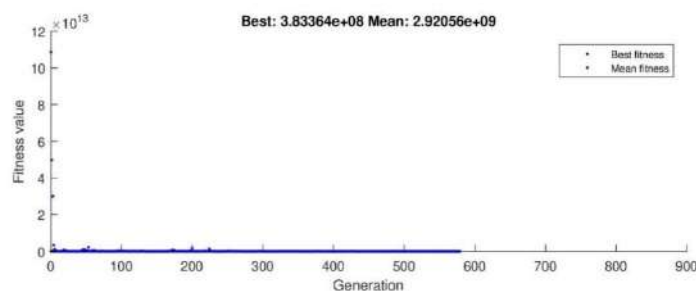
Бұл жұмыста қызылша ауруының таралу динамикасын сипаттайтын SVEIR эпидемиологиялық моделінің параметрлерін қалпына келтіру үшін 2000-2023 жылдар аралығындағы Бангладештің статистикалық деректері талданып, генетикалық алгоритм көмегімен кері есепті шешу әдістемесі қолданылды.

Зерттеу нәтижелері көрсеткендей, модель параметрлерінің кейбірі үшін генетикалық алгоритм арқылы алынған қалпына келтірілген мәндер бастапқы сандық көрсеткіштермен жақсы сәйкестікте болғанымен, бірқатар параметрлер үшін салыстырмалы қателіктердің едәуір жоғары екенін байқауға болады. Атап айтқанда, таралу жылдамдығы, инкубациялық кезеңнен жұқпалы кезеңге өту жылдамдығы және аурудан болатын өлім көрсеткіші сияқты маңызды параметрлер бойынша қателіктер 100%-дан асып кеткен. Бұл алынған нәтижелерді талдау және модельдің құрылымын жетілдіру қажеттігін көрсетеді. Сонымен қатар, кейбір параметрлер бойынша салыстырмалы қателіктердің төмен деңгейде сақталуы модельдің

жалпы алғанда эпидемиологиялық процесті сипаттауға белгілі бір дәрежеде қабілетті екенін дәлелдейді.

Эпидемияның бастапқы және орта фазаларында модельдің нақты деректермен сәйкестігі өте жоғары болды. Бұл модельдің осы кезеңдердегі эпидемиялық процесті дәл сипаттай алатынын растайды. Дегенмен, эпидемияның соңғы кезеңінде қалпына келтірілген динамикада аздаған ауытқулар байқалды. Мұндай ауытқулар деректер сапасының төмендігімен, есептік кезеңдегі мәліметтердің толық еместігімен және генетикалық алгоритмнің кейбір шектеулерімен байланысты болуы мүмкін.

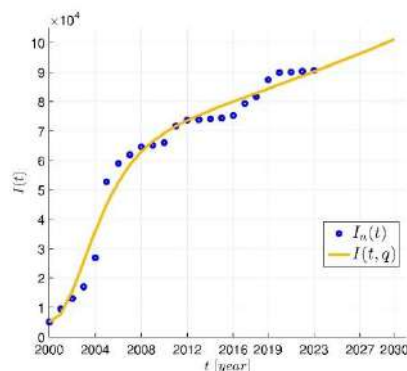
Сурет 4-те фитнес функциясының ең жақсы және орташа мәндерінің өзгерісі көрсетілген. Бастапқы ұрпақтарда (generation) фитнес мәндерінің үлкен ауытқуы байқалады, бұл бастапқы шешімдердің кездейсоқ таратылуына байланысты. Бірақ бірнеше ондаған ұрпақтан кейін алгоритм тұрақтанып, шешімдердің жақсарғаны байқалады. Сонымен қатар 550 астам ұрпақтан кейін функционал минимумына жетіп, алгоритм тоқтатылды. Бұл оңтайландыру әдісінің сенімділігін және тиімділігін көрсетеді.



Сурет 4. Генетикалық алгоритм арқылы алынған модель параметрлері мен фитнес функциясының динамикасы

Жалпы, жүргізілген талдау нәтижелері Бангладеш жағдайында модельдің қолданбалы тиімділігін дәлелдеп, осы әдісті басқа аймақтарға, соның ішінде Қазақстанға бейімдеу мүмкіндігін көрсетеді. Алайда, Қазақстанда қызылша бойынша ашық статистикалық деректердің жеткіліксіздігі, сондай-ақ эпидемиологиялық есеп жүргізудің бірыңғай жүйесінің жоқтығы бұл әдісті тікелей қолдануға белгілі бір шектеулер қояды. Сондықтан, болашақта Қазақстан үшін сенімді болжамдар алу мақсатында қосымша деректер жинақтау және ұлттық деңгейдегі эпидемиологиялық мониторингті жетілдіру аса маңызды болып табылады.

5-суретте жұқтырған адамдардың статистикалық деректері және сондай-ақ (1) теңдеудің қалпына келтірілген параметр мәндерін пайдалана отырып 2030 жылға дейінгі жасалған модельдік болжам көрсетілген. 2025 жылдың соңына қарай жұқтырған адамдардың жиынтық саны шамамен 93 244 болады деп күтілуде, бұл 2023 жылмен салыстырғанда 2 577 адамға көп. Ал 2030 жылға қарай бұл көрсеткіш шамамен 101 189 адамға жетуі мүмкін.



Сурет 5. 2000-2023 жылдардағы инфекцияланғандар санының динамикасы, сондай-ақ 2030 жылға дейінгі болжам

Қорытынды

Зерттеу барысында SVEIR эпидемиологиялық моделінің параметрлерін қалпына келтіру үшін кері есептерді шешу әдісі ретінде генетикалық алгоритм қолданылды. Алынған нәтижелер көрсеткендей, бұл тәсіл жұқпалы аурулардың таралу динамикасын сенімді түрде сипаттауға және нақты деректерге жақсы сәйкестікпен параметрлерді анықтауға мүмкіндік береді. Әдістің артықшылығы – оның бастапқы мәліметтер көлемі шектеулі жағдайларда да тиімді жұмыс істей алатындығында. Сонымен қатар, әдістің әртүрлі аймақтық ерекшеліктерге бейімделу мүмкіндігі бар, бұл оны Қазақстан сияқты эпидемиологиялық деректері толық емес елдерде қолдануға жол ашады.

Жүргізілген зерттеу нәтижесінде эпидемияның соңғы кезеңдерінде аздаған ауытқулар байқалғанымен, бұл жалпы нәтиженің сенімділігіне айтарлықтай әсер етпейді. Алдағы уақытта модельді жергілікті эпидемиологиялық жағдайларға бейімдеу үшін қосымша деректермен толықтырып, әдісті одан әрі жетілдіру қажеттігі анықталды. Қорытындылай келе, ұсынылған тәсіл жұқпалы ауру ошақтарын талдау, эпидемияға қарсы шаралардың тиімділігін бағалау және болашақ эпидемиялық жағдайларды болжау үшін қолдануға болатын тиімді құрал ретінде бағаланады.

АЛҒЫС

Бұл зерттеуді Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігінің Ғылым комитеті қаржыландырды (грант № AP19579325).

Пайдаланылған дереккөздердің тізімі

- [1] <https://www.gov.kz/memleket/entities/kostanai-bmalin-asenkritov/press/news/details/671600>
- [2] Дүниежүзілік денсаулық сақтау ұйымы (ДДСҰ). <https://www.who.int/ru/news/item/14-11-2024-measles-cases-surge-worldwide--infecting-10.3-million-people-in-2023>.
- [3] 2024 жылғы 29 мамырдағы жағдай бойынша ДДСҰ Еуропа аймағындағы қызылша мен қызамық бойынша ай сайынғы жаңартылған деректер. <https://www.who.int/europe/publications/m/item/measles-and-rubella-monthly-update---who-european-region---may-2024>
- [4] https://www.cdc.gov/global-measles-vaccination/data-research/global-measles-outbreaks/?CDC_A Accessed November 19, 2024.
- [5] Momoh A., Ibrahim M., Uwanta I. & Manga S. (2013) Mathematical model for control of measles epidemiology. // Int. J. Pure Appl. Math. T. 87, 707-717. [doi: 10.12732/ijpam.v87i5.4](https://doi.org/10.12732/ijpam.v87i5.4)
- [6] Adewale S., Mohammed I. & Olopade I. (2014) Mathematical analysis of effect of area on the dynamical spread of measles. // IOSR J. Eng.4, 43-57. [doi:10.9790/3021-04324357](https://doi.org/10.9790/3021-04324357)
- [7] Smith R., Archibald A., MacCarthy E., Liu L. & Luke N. S. (2016) A mathematical investigation of vaccination strategies to prevent a measles epidemic. // NCJ Math. Stat. №2, 29-44.
- [8] Peter O., Afolabi O., Victor A., Akpan C. & Oguntolu F. (2018) Mathematical model for the control of measles. // J. Appl. Sci. Environ. Manag. №22, 571-576. [doi:10.4314/jasem.v22i4.24](https://doi.org/10.4314/jasem.v22i4.24)
- [9] Md Abdul Kuddus, Mohiuddin M., Azizur Rahman (2021) Mathematical analysis of a measles transmission dynamics model in Bangladesh with double dose vaccination. Scientific Reports. [doi:10.1038/s41598-021-95913-8](https://doi.org/10.1038/s41598-021-95913-8)
- [10] Еремеева Н.И. Построение модификации SEIRD-модели распространения эпидемии, учитывающей особенности COVID-19. // Вестник ТвГУ. Серия: Прикладная математика, выпуск 4, – 2020, 14-27. <https://doi.org/10.26456/vtpmk602>
- [11] Криворотько О.И., Кабанихин С.И., Зятыков Н.Ю., Приходько А.Ю., Прохошин Н.М., Шишенин М.А. Математическое моделирование и прогнозирование COVID-19 в Москве и Новосибирской области // Сиб. журн. вычисл. математики / РАН. Сиб. отд-ние.— 2020, Новосибирск, Т. 23, № 4, 395-414. [doi: 10.15372/SJNM20200404](https://doi.org/10.15372/SJNM20200404)
- [12] Поляк Б. Т. Градиентные методы минимизации функционалов. // Ж. вычисл. матем. и матем. физ., – 1963, Т. 3, № 4, 643-653. [https://doi.org/10.1016/0041-5553\(63\)90382-3](https://doi.org/10.1016/0041-5553(63)90382-3)
- [13] Яшин С. Н., Яшина Н. И., Кошелев Е. В., Иванов А. А. Метаэвристические алгоритмы в управлении инновациями: монография. // Нижний Новгород: ООО “Печатная Мастерская РАДОНЕЖ” – 2023, 200.
- [14] Матренин П.В. Методы стохастической оптимизации: учебное пособие //, М.Г. Гриф, В.Г. Секаев. – 2016, Новосибирск: Изд-во НГТУ, 67.

- [15] Mitchell M. (1996) An introduction to Genetic Algorithm. // MIT Press. <https://doi.org/10.7551/mitpress/3927.001.0001>
- [16] Goldberg D. (1989) Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine learning. // Addison-Wesley.
- [17] Michalewicz Z. (1995) Genetic algorithms, Numerical optimization and constraints // Proceedings of the 6-th International conference on genetic algorithms, 151-158.
- [18] Herrera F., Lozano M., Verdegay J.L. (1998) Tackling real-coded genetic algorithms: operators and tools for the behavior analysis// Artificial Intelligence Review, V. 12, № 4, 265-319. [doi:10.1023/A:1006504901164](https://doi.org/10.1023/A:1006504901164)
- [19] Wright A. (1991) Genetic algorithms for real parameter optimization // Foundations of Genetic Algorithms, V. 1, 205-218. [doi:10.1016/B978-0-08-050684-5.50016-1](https://doi.org/10.1016/B978-0-08-050684-5.50016-1)

References

- [1] <https://www.gov.kz/memleket/entities/kostanai-bmalin-asenkritov/press/news/details/671600>
- [2] World Health Organization (WHO). <https://www.who.int/ru/news/item/14-11-2024-measles-cases-surge-worldwide--infecting-10.3-million-people-in-2023>
- [3] Monthly updates on measles and rubella in the WHO European Region. Data as of May 29, 2024. <https://www.who.int/europe/publications/m/item/measles-and-rubella-monthly-update---who-european-region---may-2024>
- [4] https://www.cdc.gov/global-measles-vaccination/data-research/global-measles-outbreaks/?CDC_A
Accessed November 19, 2024.
- [5] Momoh A., Ibrahim M., Uwanta I. & Manga S. (2013) Mathematical model for control of measles epidemiology. // Int. J. Pure Appl. Math. T. 87, 707-717. [doi: 10.12732/ijpam.v87i5.4](https://doi.org/10.12732/ijpam.v87i5.4)
- [6] Adewale S., Mohammed I. & Olopade I. (2014) Mathematical analysis of effect of area on the dynamical spread of measles. // IOSR J. Eng.4, 43-57. [doi:10.9790/3021-04324357](https://doi.org/10.9790/3021-04324357)
- [7] Smith R., Archibald A., MacCarthy E., Liu L. & Luke N. S. (2016) A mathematical investigation of vaccination strategies to prevent a measles epidemic. // NCJ Math. Stat. №2, 29-44.
- [8] Peter O., Afolabi O., Victor A., Akpan C. & Oguntolu F. (2018) Mathematical model for the control of measles. // J. Appl. Sci. Environ. Manag. №22, 571-576. [doi:10.4314/jasem.v22i4.24](https://doi.org/10.4314/jasem.v22i4.24)
- [9] Md Abdul Kuddus, Mohiuddin M., Azizur Rahman (2021) Mathematical analysis of a measles transmission dynamics model in Bangladesh with double dose vaccination. Scientific Reports. [doi:10.1038/s41598-021-95913-8](https://doi.org/10.1038/s41598-021-95913-8)
- [10] Eremeeva N.I. (2020) Postroenie modifikacii SEIRD-modeli rasprostraneniya jepidemii, uchityvajushhej osobennosti COVID-19. // Vestnik TvGU. Serija: Prikladnaja matematika, vypusk 4, 14-27. <https://doi.org/10.26456/vtpmk602> (In Russian)
- [11] Krivorot'ko O.I., Kabanihin S.I., Zjat'kov N.Ju., Prihod'ko A.Ju., Prohoshin N.M., Shishlenin M.A. (2020) Matematicheskoe modelirovanie i prognozirovanie COVID-19 v Moskve i Novosibirskoj oblasti // Sib. zhurn. vychisl. matematiki / RAN. Sib. otd-nie. Novosibirsk, T. 23, № 4, 395-414. [doi: 10.15372/SJNM20200404](https://doi.org/10.15372/SJNM20200404) (In Russian)
- [12] Poljak B.T. (1963) Gradientnye metody minimizacii funkcionalov. // Zh. vychisl. matem. i matem. fiz., T. 3, № 4, 643-653. [https://doi.org/10.1016/0041-5553\(63\)90382-3](https://doi.org/10.1016/0041-5553(63)90382-3) (In Russian)
- [13] Jashin S.N., Jashina N.I., Koshelev E.V., Ivanov A.A. (2023) Metajevristicheskie algoritmy v upravlenii innovacijami: monografija. // Nizhnij Novgorod: OOO "Pечатnaja Masterskaja RADONEZh", 200. (In Russian)
- [14] Matrenin P.V. (2016) Metody stohasticheskoy optimizacii: uchebnoe posobie //, M.G. Grif, V.G. Sekaev, Novosibirsk: Izd-vo NGTU, 67. (In Russian)
- [15] Mitchell M. (1996) An introduction to Genetic Algorithm. // MIT Press. <https://doi.org/10.7551/mitpress/3927.001.0001>
- [16] Goldberg D. (1989) Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine learning. // Addison-Wesley.
- [17] Michalewicz Z. (1995) Genetic algorithms, Numerical optimization and constraints // Proceedings of the 6-th International conference on genetic algorithms, 151-158.
- [18] Herrera F., Lozano M., Verdegay J.L. (1998) Tackling real-coded genetic algorithms: operators and tools for the behavior analysis// Artificial Intelligence Review, V. 12, № 4, 265-319. [doi:10.1023/A:1006504901164](https://doi.org/10.1023/A:1006504901164)
- [19] Wright A. (1991) Genetic algorithms for real parameter optimization // Foundations of Genetic Algorithms, V. 1, 205-218. [doi:10.1016/B978-0-08-050684-5.50016-1](https://doi.org/10.1016/B978-0-08-050684-5.50016-1)