

## АНАЛИЗ РАЗВИТИЯ ЭПИДЕМИИ COVID-19 В РАЗЛИЧНЫХ СТРАНАХ С ПОМОЩЬЮ ДРОБНО-ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНОЙ МОДЕЛИ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ИНФЕКЦИИ

Т. А. ЕФИМОВА<sup>1)</sup>, И. А. ТИМОЩЕНКО<sup>2)</sup>, М. А. ГЛЕЦЕВИЧ<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup>Институт физики им. Б. И. Степанова НАН Беларуси,  
пр. Независимости, 68, 220072, г. Минск, Беларусь

<sup>2)</sup>Белорусский государственный университет, пр. Независимости, 4, 220030, г. Минск, Беларусь

**Аннотация.** Проведен анализ развития эпидемии COVID-19 в 100 странах мира с помощью модели распространения инфекции, основанной на применении дробных производных. Показано, что разработанная модель позволяет адекватно воспроизводить динамику числа смертей и новых случаев заражения во всех исследуемых государствах. Установлено, что по характеру развития эпидемии рассматриваемые страны можно разделить на три кластера, каждый из которых характеризуется своим социально-демографическим составом населения и уровнем экономического развития. Выявление таких кластеров в дальнейшем может направить на более оптимальный и быстрый поиск параметров модели, которая будет использована для воспроизведения и прогнозирования развития инфекций, схожих по схеме распространения с инфекцией COVID-19. Для описания второй и последующих волн эпидемии предложена модификация модели. Данная модификация включает в себя дополнительное уравнение, учитывающее наличие индивидуумов, зараженных вирусом, но не являющихся его распространителями. Показано, что с каждой последующей волной эпидемии порядок дробной производной, позволяющий достичь наилучшего соответствия модели статистическим данным, стремится к единице. Можно предположить, что этот факт является отражением роста числа новых штаммов вируса, циркулирующих среди населения.

**Ключевые слова:** COVID-19; производные дробных порядков; инкубационный период; кластеризация.

**Благодарность.** Работа выполнена при финансовой поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований (грант № Ф22М-024).

### Образец цитирования:

Ефимова ТА, Тимошенко ИА, Глецевич МА. Анализ развития эпидемии COVID-19 в различных странах с помощью дробно-дифференциальной модели распространения инфекции. *Журнал Белорусского государственного университета. Физика.* 2024;2:38–49.  
EDN: NMQTDW

### For citation:

Efimova TA, Timoshchenko IA, Hliatsevich MA. Analysis of the development of COVID-19 epidemic in different countries using the fractional differential model of infection spread. *Journal of the Belarusian State University. Physics.* 2024;2:38–49. Russian. EDN: NMQTDW

### Авторы:

**Татьяна Адамовна Ефимова** – младший научный сотрудник центра «Нанопотоника».

**Игорь Андреевич Тимошенко** – старший преподаватель кафедры компьютерного моделирования физического факультета.

**Марина Александровна Глецевич** – кандидат физико-математических наук; доцент кафедры высшей математики и математической физики физического факультета.

### Authors:

**Taisia A. Efimova**, junior researcher at the Centre «Nanophotonics».

[efimovataya77@gmail.com](mailto:efimovataya77@gmail.com)  
<https://orcid.org/0000-0001-8334-5773>

**Igor A. Timoshchenko**, senior lecturer at the department of computer modelling, faculty of physics.

[timoshchenkoia@bsu.by](mailto:timoshchenkoia@bsu.by)  
<https://orcid.org/0000-0003-2830-9213>

**Maryna A. Hliatsevich**, PhD (physics and mathematics); associate professor at the department of higher mathematics and mathematical physics, faculty of physics.

[gletsev@bsu.by](mailto:gletsev@bsu.by)  
<https://orcid.org/0009-0000-9906-1628>

# ANALYSIS OF THE DEVELOPMENT OF COVID-19 EPIDEMIC IN DIFFERENT COUNTRIES USING THE FRACTIONAL DIFFERENTIAL MODEL OF INFECTION SPREAD

T. A. EFIMOVA<sup>a</sup>, I. A. TIMOSHCHENKO<sup>b</sup>, M. A. HLIATSEVICH<sup>b</sup>

<sup>a</sup>*B. I. Stepanov Institute of Physics, National Academy of Sciences of Belarus,  
68 Niezaliezhnasci Avenue, Minsk 220072, Belarus*

<sup>b</sup>*Belarusian State University, 4 Niezaliezhnasci Avenue, Minsk 220030, Belarus*

*Corresponding author: M. A. Hliatsevich (gletsev@bsu.by)*

**Abstract.** The evolution of the COVID-19 epidemic in 100 countries of the world was analysed using the infection spread model based on the use of fractional calculus. It was shown that the developed model allows one to adequately reproduce the dynamics of the number of deaths and the number of new cases of infection in all studied states. It has been established that, according to the main characteristics of the epidemic spread, the countries under consideration can be distributed into three clusters, each of which is characterised by its socio-demographic composition of the population and the level of economic development. Identification of such clusters in the future can lead to a more optimal and rapid search for model parameters that will be used to reproduction and predict the development of infections similar in distribution pattern to the COVID-19 infection. To describe the second and subsequent waves of the epidemic, a modification of the model has been proposed. This modification includes an additional equation that accounts the presence of individuals infected with the virus, but who are not contagious. It was shown that with each subsequent wave of the epidemic, the order of the fractional derivative, which makes it possible to achieve the best fit to statistical data, tends to unity. It can be hypothesised that this fact is a reflection of the increasing number of new strains of the virus circulating in the population.

**Keywords:** COVID-19; fractional derivatives; incubation period; clustering.

**Acknowledgements.** This work was carried out with the financial support of the Belarusian Republican Foundation for Fundamental Research (grant No. F22M-024).

## Введение

Несмотря на то что в мае 2023 г. Всемирная организация здравоохранения отменила статус пандемии COVID-19, объявленный в марте 2020 г., актуальность исследования распространения инфекций, передающихся воздушно-капельным путем, остается довольно высокой ввиду вероятной вспышки новых заболеваний. Анализ статистических данных, собранных на протяжении нескольких волн эпидемии, необходим для разработки наиболее эффективных стратегий предотвращения распространения вируса среди населения. Эффективность таких стратегий во многом зависит от количества факторов, которые учитываются при анализе протекания эпидемии и позволяют выявить специфику передачи вируса и борьбы с последствиями инфекции для регионов с определенным социально-демографическим составом населения и уровнем экономического развития.

В настоящее время существует ряд математических моделей, описывающих динамику распространения инфекций как переходы отдельных индивидуумов между компартментами восприимчивых к инфекции, инфицированных, выздоровевших и умерших. Впервые компартментарная модель такого типа была предложена У. О. Кермаком и А. Г. Маккендриком [1] в начале XX в. для описания эпидемии гриппа. С того времени разработаны различные ее модификации, учитывающие особенности конкретных инфекций (например, наличие продолжительного инкубационного периода), а также модели, которые для повышения достоверности результатов привлекают более сложный, чем системы обыкновенных дифференциальных уравнений, математический аппарат [2; 3]. К данным моделям можно отнести модели с использованием дробных производных. Ранее производные дробного порядка нашли применение в различных областях науки и техники, таких как изучение вязкоупругости, обработка сигналов и изображений, диффузия макромолекул, благодаря способности моделировать и описывать аномальную динамику реальных процессов с памятью и наследственными свойствами [4; 5]. Этими же свойствами характеризуются процессы распространения многих инфекций, в том числе COVID-19. Тем не менее в литературе имеется ограниченное число работ по моделированию развития инфекций с использованием дробной производной, хотя представленные в них результаты указывают на эффективность применения такого математического аппарата.

Ранее в статье [6] была предложена математическая модель распространения пандемии COVID-19, основанная на обыкновенных дифференциальных уравнениях с дробной производной по времени, в которой учитывались восприимчивость населения к инфекции, инкубационный период, число контактов

между здоровыми и больными людьми, число зараженных, выздоровевших и умерших в определенный период. Показано, что предложенная модель позволяет адекватно описать статистические данные по итальянскому региону Ломбардия. В настоящей статье с помощью этой модели исследуется развитие эпидемии для большего количества регионов в течение второй и последующей волн пандемии.

Целью данной работы является изучение возможности широкого применения моделей с дробной производной для описания распространения инфекции COVID-19 во всем мире, а также выявление связи между параметрами модели, характерными для определенного региона, и показателями, отражающими его социально-демографический состав населения и уровень экономического развития.

### Теоретические основы

Для анализа распространения инфекции в различных странах мира была использована модель, представленная системой из пяти дифференциальных уравнений с дробной производной Герасимова – Капуто:

$$D_{0,t}^{\alpha} s(t) = -\beta_i s i - \beta_e s e - \mu s,$$

$$D_{0,t}^{\alpha} e(t) = \beta_i s i + \beta_e s e - \sigma e - \varphi_e e - \mu e,$$

$$D_{0,t}^{\alpha} i(t) = \sigma e - \varphi_d i - \varphi_r i - \mu i,$$

$$D_{0,t}^{\alpha} r(t) = \varphi_r i + \varphi_e e - \mu r,$$

$$D_{0,t}^{\alpha} d(t) = \varphi_d i,$$

где  $s(t)$  – число здоровых людей, восприимчивых к инфекции;  $e(t)$  – число заразившихся людей, у которых заболевание находится в инкубационном периоде;  $i(t)$  – число заболевших людей с клиническими признаками болезни;  $r(t)$  – число переболевших людей, более не восприимчивых к инфекции;  $d(t)$  – число умерших людей;  $n = s(t) + e(t) + i(t) + r(t)$  – общее количество живых людей. Функции  $s(t)$ ,  $e(t)$ ,  $i(t)$ ,  $r(t)$  и  $d(t)$  нормированы на общую численность населения страны. Параметры, входящие в модель:  $\alpha$  – порядок дробной производной;  $\sigma$  – величина, обратная инкубационному периоду болезни;  $\varphi_r$  – коэффициент выздоровления;  $\varphi_e$  – коэффициент бессимптомного выздоровления;  $\varphi_d$  – коэффициент смертности среди заболевших;  $\beta_e$  – коэффициент бессимптомной передачи заболевания;  $\beta_i$  – коэффициент симптомной передачи заболевания;  $\mu$  – коэффициент смертности без вируса COVID-19. Численная реализация данной модели выполнена с помощью алгоритма Адамса – Башфорта – Моултона [7].

### Результаты и их обсуждение

Первоначально был проведен сравнительный анализ применения разработанной модели и модели с производными целых порядков для воспроизведения динамики заболевания в течение первой волны для 10 стран, выбор которых определялся условием различного характера протекания инфекции. Установлено, что для всех случаев математическая модель с применением производной дробного порядка намного точнее описывает зависимости числа смертей и новых случаев заражения от времени, но оптимальный порядок дробной производной определяется исследуемой страной (например, для Канады и Великобритании наилучшее соответствие модели статистическим данным получено при порядке дробной производной 0,7, для Сербии – при порядке дробной производной 0,9). Также установлено, что разработанная модель распространения инфекции с дробными производными гораздо лучше позволяет аппроксимировать число смертей, чем число новых случаев заражения. Можно предположить, что этот факт обусловлен объективными причинами, а именно сложностями получения достоверных статистических данных о новых случаях заражения. С другой стороны, данные о смертности от COVID-19 являются гораздо более надежными. Таким образом, имеющиеся данные о числе новых случаев заражения могут привести к нереалистичной аппроксимации параметров, и наоборот, данные о числе смертей от COVID-19 обеспечивают большую достоверность калибровки параметров модели. Исходя из этих соображений, при определении параметров модели были введены требование минимизации численных отличий моделируемых и реальных показателей в подгруппе умерших и требование качественного согласия динамики развития инфекции для подгруппы зараженных.

На основании анализа статистики заболеваемости и результатов вычислительного эксперимента по предложенной в работе схеме можно сделать вывод о том, что чем острее развивается эпидемия, тем выше порядок дробной производной, необходимый для лучшего соответствия модели статистическим

данным. Например, в Сербии наблюдалась более резкая вспышка заболевания, чем в Канаде и Великобритании. Об этом свидетельствует более высокий порядок дробной производной, обеспечивающий наилучший результат аппроксимации распространения инфекции в Сербии. Тем не менее число смертей от COVID-19 там ниже. Для того чтобы определить, чем вызваны такие различия, были проведены аппроксимация данных и расчет коэффициентов для 100 стран по всему миру. Полученные результаты представлены в табл. 1. Поскольку разработанная модель для каждого случая распространения инфекции в отдельно взятой стране позволяет при сопутствующих параметрах адекватно воспроизводить динамику количества людей в различных подгруппах, можно сделать вывод о том, что данная модель устойчива к общим случаям, т. е. не требует обширных модификаций или увеличения числа параметров для достижения приемлемых результатов в каждом конкретном случае.

Таблица 1

Рассчитанные параметры модели для различных стран мира

Table 1

Calculated model parameters for different countries of the world

Страна	$\beta_e$	$\beta_i$	$\varphi_r$	$\varphi_d$	$\varphi_e$	$\alpha$
Австрия	4,91	3,66	1,29	0,07	4,76	0,90
Андорра	5,43	5,26	2,43	0,59	4,76	0,70
Аргентина	4,88	4,59	2,26	0,06	4,77	0,80
Афганистан	4,85	3,50	2,23	0,10	4,76	0,80
Бангладеш	4,85	5,33	2,18	0,06	4,76	0,80
Барбадос	4,81	2,85	5,14	0,33	4,70	1,00
Беларусь	4,93	7,00	2,23	0,06	4,76	0,70
Бельгия	5,03	5,66	1,40	1,03	4,74	0,65
Бенин	4,88	0,51	2,23	0,06	4,76	1,00
Бермуды	4,93	4,48	2,23	0,26	4,76	0,80
Болгария	4,85	2,81	2,23	0,14	4,76	0,90
Босния и Герцеговина	4,93	4,29	2,23	0,10	4,76	0,90
Великобритания	5,00	4,54	1,55	2,00	4,76	0,70
Венгрия	4,93	3,63	3,44	0,22	4,76	1,00
Венесуэла	4,74	5,66	2,23	0,03	4,76	0,80
Габон	4,93	4,07	2,23	0,04	4,76	0,70
Гаити	4,85	3,07	2,23	0,06	4,76	0,90
Гана	4,81	4,33	2,23	0,03	4,76	0,90
Гватемала	4,88	3,85	2,23	0,25	4,76	0,70
Гвинея-Бисау	4,93	1,85	2,23	0,04	4,76	0,90
Германия	5,10	4,00	3,77	0,53	4,81	0,90
Гондурас	5,00	0,29	2,22	0,14	4,76	0,70
Грузия	4,77	6,14	2,23	0,02	4,77	0,90
Дания	4,90	5,50	2,00	0,22	4,76	0,90
Демократическая Республика Конго	4,81	2,63	2,23	0,14	4,76	1,00
Джибути	4,93	5,92	2,23	0,09	4,76	0,90
Египет	4,81	4,37	2,23	0,15	4,76	0,80
Израиль	5,00	4,48	2,50	0,09	4,81	1,00
Индия	4,93	0,51	2,23	0,09	4,76	0,90
Иран	4,93	2,14	2,23	0,26	4,76	1,00

Продолжение табл. 1  
 Continuation of the table 1

Страна	$\beta_e$	$\beta_i$	$\varphi_r$	$\varphi_d$	$\varphi_e$	$\alpha$
Ирландия	5,11	5,40	1,40	0,44	4,76	0,60
Испания	4,96	3,18	0,48	0,20	4,77	0,80
Италия	5,00	6,74	2,23	0,96	4,76	0,90
Казахстан	4,85	4,14	2,40	0,02	4,76	0,80
Камерун	4,88	2,74	2,23	0,06	4,76	0,90
Канада	4,88	7,00	2,00	0,74	4,76	0,70
Кения	4,74	5,07	2,23	0,14	4,76	1,00
Кипр	4,93	4,48	2,23	0,06	4,76	0,70
Колумбия	4,82	4,48	3,00	0,44	4,63	0,55
Коморы	4,81	5,63	2,23	0,03	4,76	0,90
Конго	4,81	4,44	4,37	0,14	4,74	1,00
Косово	4,81	4,48	2,23	0,06	4,76	1,00
Коста-Рика	4,88	5,77	3,44	0,03	4,81	1,00
Кот-д'Ивуар	4,93	0,10	7,00	0,07	4,76	0,80
Кыргызстан	4,81	4,48	2,23	0,07	4,76	0,90
Латвия	4,99	4,92	2,11	0,03	4,76	0,80
Лесото	4,85	3,55	2,23	0,05	4,76	1,00
Ливан	4,81	4,48	2,03	0,03	4,76	1,00
Литва	4,93	4,48	2,23	0,06	4,76	1,00
Люксембург	5,14	5,50	1,80	0,17	4,76	0,80
Мавритания	4,92	2,80	2,23	0,10	4,76	0,90
Мадагаскар	4,77	5,14	2,23	0,03	4,76	0,90
Малави	4,77	4,78	2,23	0,07	4,76	1,00
Мальдивы	5,03	3,77	2,23	0,04	4,76	0,60
Мальта	4,90	5,20	3,00	0,07	4,76	0,70
Мексика	4,92	3,85	2,23	0,47	4,76	0,60
Мозамбик	4,74	4,40	2,23	0,04	4,76	0,90
Молдова	4,93	5,70	2,23	0,22	4,76	0,70
Непал	4,85	4,05	2,23	0,01	4,76	1,00
Нидерланды	4,99	4,81	2,23	0,98	4,76	0,80
Никарагуа	4,81	4,29	2,23	0,06	4,76	1,00
Норвегия	4,88	4,48	2,26	0,09	4,76	1,00
Объединенные Арабские Эмираты	5,00	4,48	1,88	0,05	4,76	0,60
Остров Мэн	5,03	3,88	2,23	0,40	4,76	0,90
Пакистан	4,93	1,55	2,23	0,06	4,76	0,80
Панама	4,99	4,40	2,12	0,25	4,76	0,60
Парагвай	4,77	4,48	2,35	0,03	4,76	1,00
Польша	4,88	1,92	2,51	0,15	4,76	0,90
Португалия	4,93	6,63	2,23	0,23	4,76	0,80
Россия	4,99	5,00	2,23	0,11	4,76	0,60
Румыния	4,93	4,66	2,23	0,12	4,76	1,00

Окончание табл. 1  
Ending of the table 1

Страна	$\beta_e$	$\beta_i$	$\varphi_r$	$\varphi_d$	$\varphi_e$	$\alpha$
Сан-Марино	5,57	3,40	1,26	0,92	4,76	0,40
Сан-Томе и Принсипи	5,22	4,48	2,23	0,06	4,76	0,80
Саудовская Аравия	5,03	4,48	2,23	0,06	4,76	0,50
Сенегал	4,81	3,03	2,23	0,04	4,76	1,00
Сербия	4,93	3,33	2,23	0,08	4,76	0,90
Сингапур	5,26	4,48	2,23	0,01	4,76	0,40
Словакия	4,77	4,59	2,23	0,03	4,76	1,00
Словения	4,93	4,48	2,23	0,09	4,76	1,00
Судан	4,77	5,18	2,23	0,10	4,76	1,00
США	5,13	4,96	2,23	0,65	4,76	0,60
Сьерра-Леоне	4,88	1,11	2,23	0,09	4,76	0,90
Тринидад и Тобаго	5,03	4,49	2,23	0,13	4,76	0,60
Тунис	4,93	2,00	2,23	0,16	4,76	0,70
Турция	5,03	5,07	2,23	0,10	4,76	0,80
Украина	4,93	3,18	2,23	0,06	4,76	0,90
Уругвай	4,74	3,77	2,23	0,07	4,76	0,90
Финляндия	4,78	6,90	2,23	0,15	4,77	1,00
Франция	5,18	4,14	2,23	0,44	4,76	0,50
Хорватия	4,85	6,66	2,23	0,05	4,76	1,00
Центрально-Африканская Республика	4,93	2,22	5,00	0,08	4,76	1,00
Черногория	4,81	4,48	2,23	0,04	4,76	1,00
Чехия	4,93	6,29	3,51	0,09	4,76	1,00
Швейцария	5,00	5,03	2,33	0,33	4,76	0,80
Швеция	5,08	4,48	2,23	0,88	4,76	0,60
Эквадор	5,07	2,74	2,23	0,33	4,76	0,90
Эль-Сальвадор	4,93	4,48	3,40	0,11	4,76	0,70
Эстония	4,93	4,48	2,23	0,09	4,76	0,90
Эфиопия	4,81	2,94	2,23	0,06	4,76	1,00
Япония	4,81	3,75	2,23	0,07	4,76	1,00

Чтобы изучить возможность выявления групп государств со схожими значениями параметров, была проведена кластеризация всех стран, для которых рассчитывались параметры модели. Кластеризация выполнялась методом  $K$ -средних [8]. Цель алгоритма  $K$ -средних – разделить  $M$  точек в  $N$  измерениях на  $K$  кластеров таким образом, чтобы сумма квадратов расстояний внутри кластера была минимизирована. В ходе работы принято решение отказаться от требования того, чтобы результаты расчетов с использованием предложенной модели имели минимальную сумму квадратов расстояний для всех разделов, за исключением случаев, когда  $M$ ,  $N$  малы и  $K = 2$ , ввиду непрактичности данного требования применительно к рассматриваемой задаче. Вместо этого остановились на поиске «локальных» оптимумов – таких решений, для которых никакое перемещение точки из одного кластера в другой не уменьшит сумму квадратов внутри кластера [9]. Также была определена степень взаимного влияния коэффициентов модели друг на друга. Она показала, что параметры модели являются практически независимыми, и их можно анализировать по отдельности.

В результате реализации приведенного алгоритма были выявлены три кластера стран, обозначенные как кластеры 0, 1 и 2. Географическое расположение государств из трех указанных кластеров представлено на рис. 1.



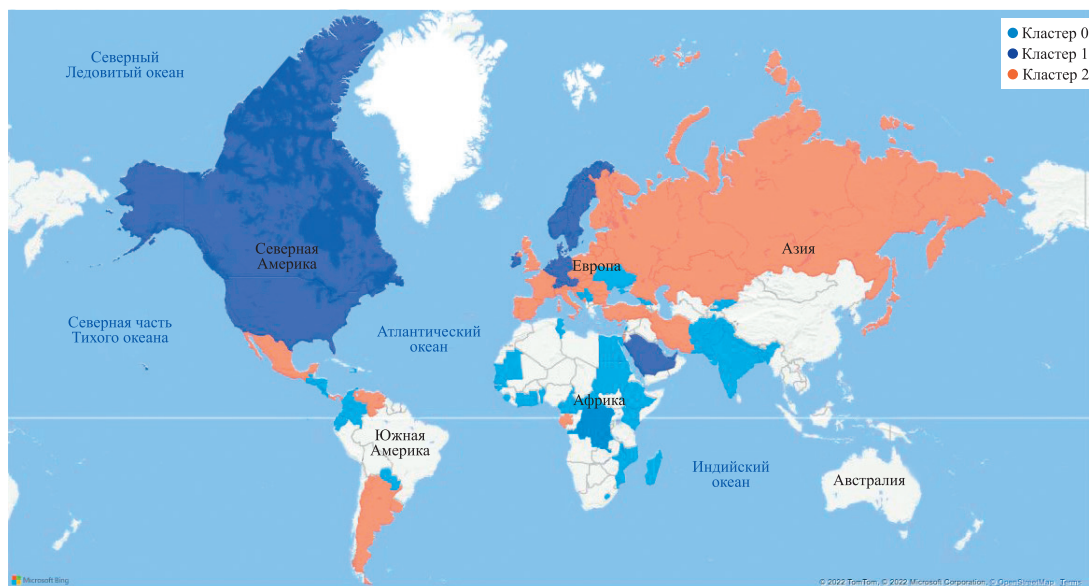


Рис. 1. Распределение исследуемых стран мира по кластерам  
 Fig. 1. Distribution of the studied countries of the world by clusters

Основные различия в значениях параметров предложенной модели между кластерами наблюдаются для коэффициента симптомной передачи заболевания ( $\beta_i$ ), коэффициента смертности среди заболевших ( $\varphi_d$ ) и порядка дробной производной ( $\alpha$ ). Для выяснения особенностей распространения инфекции COVID-19, описываемых параметрами модели, в зависимости от социально-экономического развития стран для каждого кластера на основе статистических данных были рассчитаны следующие экономико-демографические показатели: процент населения старше 65 лет, процент населения, живущего за чертой бедности, процент курильщиц женского пола, процент курильщиков мужского пола, валовой внутренний продукт (ВВП) на душу населения, индекс человеческого развития, средняя продолжительность жизни, медианный возраст, плотность населения. Результаты расчетов представлены в табл. 2.

Таблица 2

Результаты кластеризации

Table 2

Results of clusterisation

Параметры	Кластер 0	Кластер 1	Кластер 2
Порядок дробной производной	0,89	0,71	0,84
Коэффициент симптомной передачи заболевания	3,65	4,81	4,54
Коэффициент смертности среди заболевших	0,10	0,44	0,23
Процент населения старше 65 лет	5,88	14,86	14,78
Процент населения, живущего за чертой бедности	21,64	6,93	6,05
Процент курильщиц женского пола	8,11	17,47	18,57
Процент курильщиков мужского пола	32,90	26,98	33,91
ВВП на душу населения, долл. США	5794,28	56 876,50	26 121,17
Индекс человеческого развития	0,62	0,91	0,84
Средняя продолжительность жизни, лет	68,63	81,58	77,89
Медианный возраст, лет	25,36	39,64	38,14
Плотность населения, чел./км <sup>2</sup>	176,10	698,10	166,05

При сравнительном анализе кластеров в первую очередь стоит отметить тот факт, что коэффициент смертности среди заболевших и коэффициент симптомной передачи заболевания для кластера 0 меньше аналогичных величин для других кластеров. Соответственно, можно предположить, что заболеваемость

COVID-19 в странах кластера 0 должна быть меньше. В то же время существенным показателем является более высокий порядок дробной производной. Этот результат можно интерпретировать следующим образом: в течение первой волны эпидемии не были эффективно введены сдерживающие факторы (например, карантин и строгие социальные ограничения). Вместе с тем в странах, где полученный при аппроксимации статистических данных результатами моделирования порядок дробной производной меньше, количество людей из инфицированной популяции уменьшается более плавно. Данный факт указывает на то, что распределение нагрузки и принятые социальные меры позволяют не допустить коллапса системы здравоохранения<sup>1</sup>.

Более высокий порядок дробной производной у стран кластера 0 может быть связан с более низким уровнем экономического развития государств данной категории в целом: такие показатели, как ВВП на душу населения, индекс человеческого развития, средняя продолжительность жизни, здесь ниже, чем в остальных кластерах. Процент населения, живущего за чертой бедности, в странах кластера 0 гораздо выше, чем в странах других кластеров. Соответственно, можно предположить, что в государствах кластера 0 большее количество людей не получают медицинских услуг на достаточном для избегания заражения уровне. С другой стороны, у этого кластера наименьший коэффициент смертности среди заболевших, хотя медицинское обслуживание не настолько хорошее, как в странах остальных кластеров. Данная особенность может быть связана с тем, что в государствах кластера 0 самый низкий процент населения старше 65 лет, а как известно, именно пожилое население является группой наибольшего риска при заболевании COVID-19. Для сравнения: только в Канаде вклад домов престарелых в общую смертность от SARS-CoV-2 составляет около 80 % [10]. Еще одним из факторов влияния является более засушливый климат в рассматриваемый период времени, который препятствует воздушно-капельному механизму распространения инфекции COVID-19 в странах этого кластера [11; 12].

Несмотря на успешное применение разработанной модели для описания динамики числа смертей и новых случаев заражения для первой волны пандемии, было установлено, что для второй волны эпидемии данная модель не позволяет получить адекватное воспроизведение распространения инфекции. Была выдвинута гипотеза о том, что ввиду мутагенности вируса передача инфекции приобретает ряд особенностей. В целях учета этого фактора принято решение модифицировать модель, более детально описав механизмы передачи и развития заболевания. В результате было добавлено дополнительное уравнение, описывающее динамику численности популяции, у представителей которой заболевание находится в инкубационном периоде, но при этом они не являются активными распространителями инфекции. Данное уравнение введено на основании недавних исследований [13], согласно которым заразность проявляется не на первый день после непосредственного заражения. Иммунный ответ может существенно варьироваться от человека к человеку, и начало распространения вируса с момента заражения строго индивидуально.

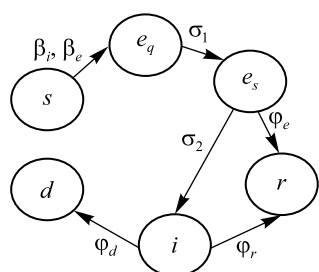


Рис. 2. Блок-схема, описывающая динамику переходов между компартментами населения в предлагаемой модели

Fig. 2. Flowchart describing the dynamics of transitions between population compartments in the proposed model

Соответственно, в предлагаемую модель был добавлен дополнительный компартмент  $e_q$ , обозначающий людей, которые уже заразились патогеном, однако еще не являются активными его распространителями. Заражение происходит при взаимодействии восприимчивого к инфекции населения ( $s$ ) с инфицированными людьми ( $i$ ) или бессимптомными распространителями болезни ( $e_s$ ). Население из подгруппы  $e_q$  переходит в компартмент  $e_s$  со скоростью  $\sigma_1$ , являющейся величиной, обратной времени, за которое развивается способность организма распространять вирус (около 48 ч). Население из подгруппы  $e_s$  переходит в компартмент  $i$  со скоростью  $\sigma_2$ , которая определяется инкубационным периодом. Схема переходов индивидуумов между компартментами представлена на рис. 2.

Инкубационный период вируса – это промежуток времени между вероятным самым ранним контактом с источником передачи инфекции и самым ранним появлением первых симптомов. Инкубационный период является одним из важнейших эпидемиологических параметров инфекционных заболеваний. Знание инкубационного периода заболевания имеет большое значение для определения числа новых случаев заболевания, управления возникающими угрозами, оценки продолжительности

последующего наблюдения для отслеживания контактов и выявления вторичных случаев заражения, а также для разработки программ общественного здравоохранения, направленных на сокращение передачи заболевания восприимчивым людям [14; 15].

<sup>1</sup>Coronavirus disease (COVID-2019) situation reports [Electronic resource] // World Health Organisation : website. URL: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports> (date of access: 12.02.2024).



В соответствии с блок-схемой динамики переходов между компартментами населения модифицированная модель распространения SARS-CoV-2 представляет собой систему из шести уравнений в дробных производных и носит название модели SEqEsIRD (аббревиатура по указанным выше компартментам населения):

$$\begin{aligned} D_{0,t}^\alpha s(t) &= -\beta_i s i - \beta_e s e, \\ D_{0,t}^\alpha e_q(t) &= \beta_i s i + \beta_e s e - \sigma_1 e_q, \\ D_{0,t}^\alpha e_s(t) &= \sigma_1 e_q - \sigma_2 e_s - \varphi_e e_s, \\ D_{0,t}^\alpha i(t) &= \sigma_2 e_s - \varphi_d i - \varphi_r i, \\ D_{0,t}^\alpha r(t) &= \varphi_r i + \varphi_e e, \\ D_{0,t}^\alpha d(t) &= \varphi_d i. \end{aligned}$$

Поскольку в модель были добавлены новые параметры ( $\sigma_1$  и  $\sigma_2$ ), то аппроксимация статистических данных проводилась с учетом варьирования этих параметров.

Для валидации предложенной модели с введенным дополнительным компартментом был произведен полный расчет всех волн эпидемии для различных стран. В качестве наглядного примера ниже приведены данные для Бельгии как представителя кластера 1, в котором были предприняты наиболее эффективные правительственные меры по борьбе с распространением заболевания. Благодаря введенному в модель дополнительному уравнению появилась возможность адекватного описания второй и последующих волн эпидемии, данные о которых представлены на рис. 3–6 (количество людей нормировано на общую численность населения).

С использованием уточненной модели изучена динамика распространения вируса на протяжении двухлетнего периода для Австрии, Бельгии, Великобритании, Венгрии, Германии, Дании, Ирландии, Испании, Италии, Канады, Латвии, Литвы, Нидерландов, Норвегии, Польши, Португалии, Словакии, Словении, США, Финляндии, Франции, Хорватии, Чехии, Швеции, Швейцарии, Эстонии. В результате рассчитаны коэффициенты предлагаемой модели для всех волн заболевания COVID-19, наблюдавшихся за исследуемый период.

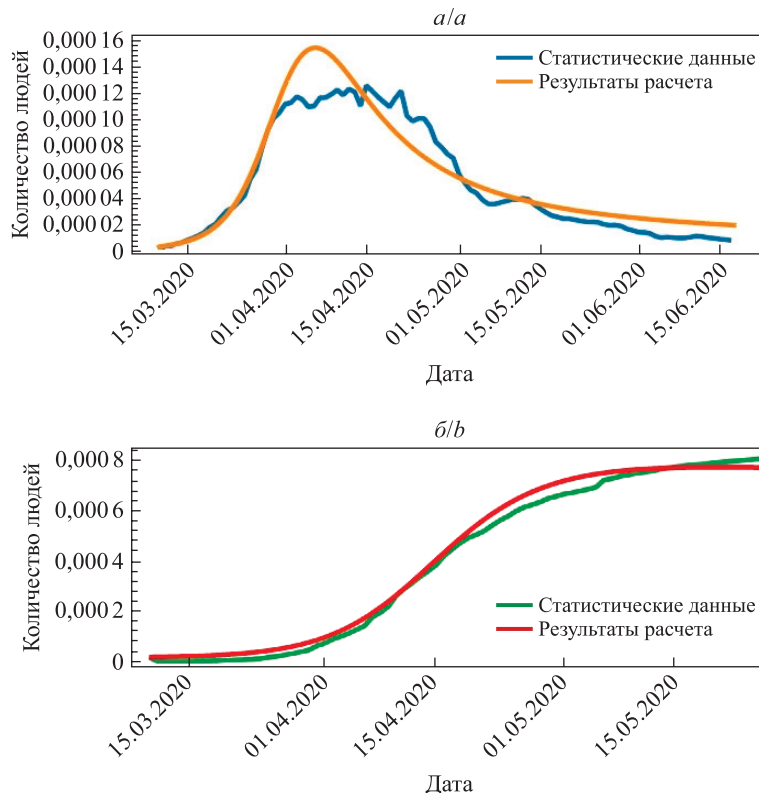


Рис. 3. Развитие первой волны эпидемии в Бельгии ( $\alpha = 0,80$ ):  
 а – число новых случаев заражения; б – кумулятивное число смертей  
 Fig. 3. Development of the first wave of epidemic in Belgium ( $\alpha = 0,80$ ):  
 a – number of new cases of infection; b – cumulative number of deaths

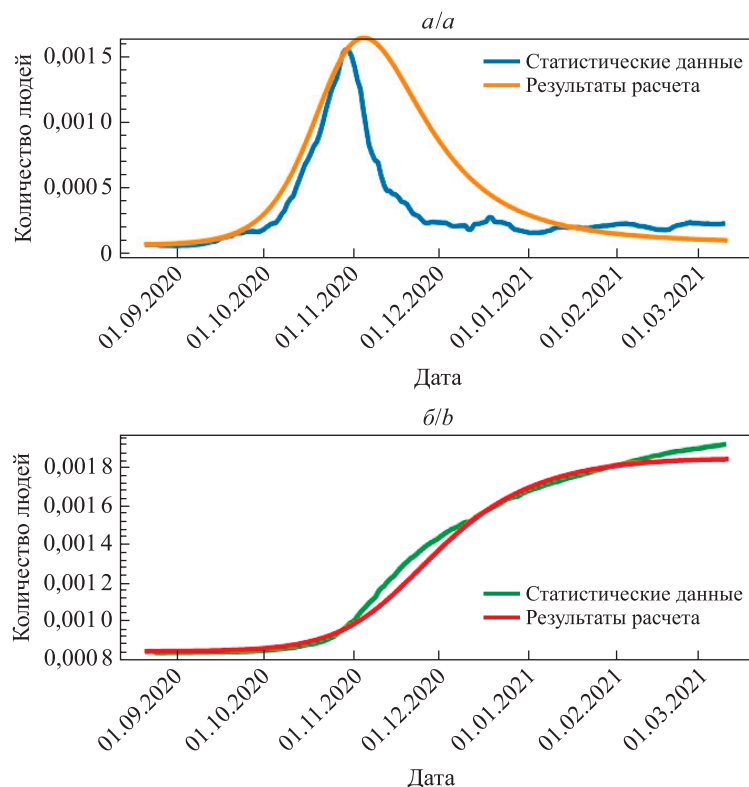


Рис. 4. Развитие второй волны эпидемии в Бельгии ( $\alpha = 0,90$ ):  
*a* – число новых случаев заражения; *б* – кумулятивное число смертей  
 Fig. 4. Development of the second wave of epidemic in Belgium ( $\alpha = 0,90$ ):  
*a* – number of new cases of infection; *b* – cumulative number of deaths

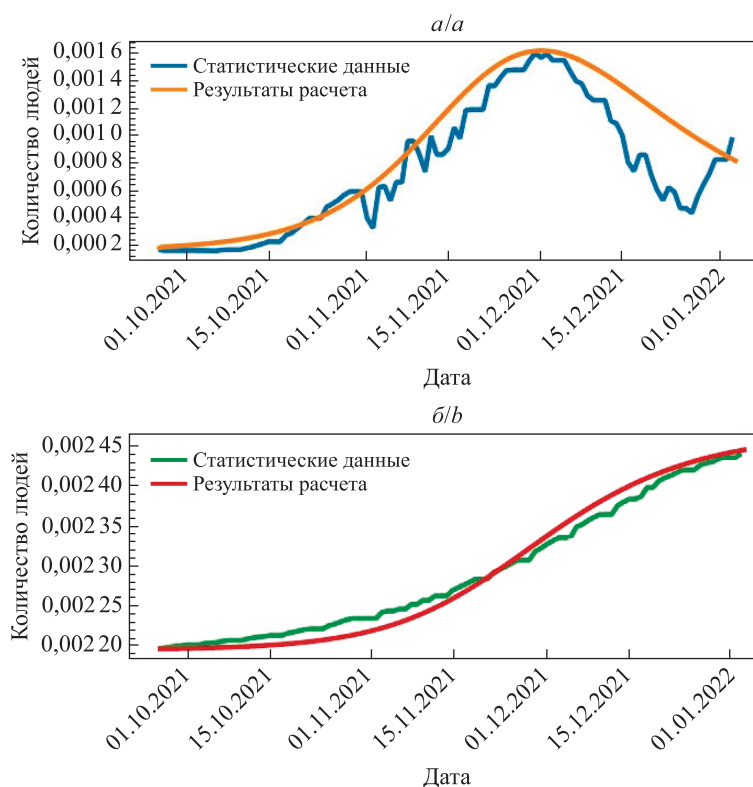


Рис. 5. Развитие третьей волны эпидемии в Бельгии ( $\alpha = 0,90$ ):  
*a* – число новых случаев заражения; *б* – кумулятивное число смертей  
 Fig. 5. Development of the third wave of epidemic in Belgium ( $\alpha = 0,90$ ):  
*a* – number of new cases of infection; *b* – cumulative number of deaths

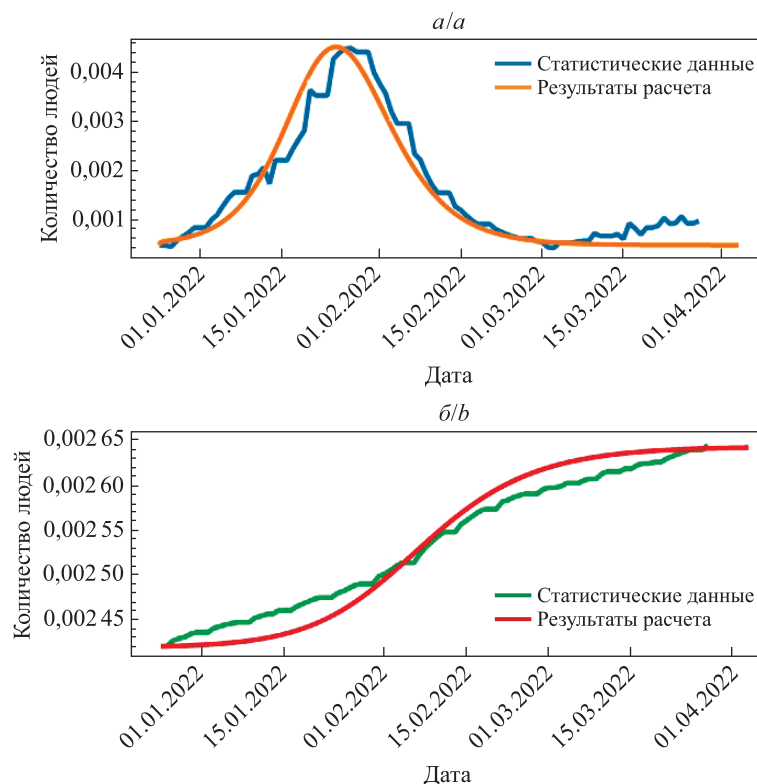


Рис. 6. Развитие четвертой волны эпидемии в Бельгии ( $\alpha = 1,00$ ):  
 $a$  – число новых случаев заражения;  $b$  – кумулятивное число смертей  
Fig. 6. Development of the fourth wave of epidemic in Belgium ( $\alpha = 1,00$ ):  
 $a$  – number of new cases of infection;  $b$  – cumulative number of deaths

Ключевой стала тенденция, выявленная в изменении порядка дробной производной ( $\alpha$ ). У всех стран независимо от кластерной принадлежности значение данного параметра со временем стремилось к единице. Эта тенденция свидетельствует о том, что динамика распространения болезни стремится от аномальной к нормальной.

Полученный результат может указывать на то, что порядок дробной производной определяется не только степенью принимаемых мер по контролю заболевания, но и количеством штаммов вируса, циркулирующих среди населения [16]. Таким образом, увеличение значения параметра  $\alpha$  позволяет отразить процесс появления новых мутаций вируса. В пользу этого факта говорит то, что повышение порядка дробной производной характерно абсолютно для всех стран, так же как и появление мутаций. Данный вывод подтверждается и тем, что значение коэффициента смертности среди заболевших ( $\varphi_d$ ) с каждой волной уменьшалось. Исходя из вышесказанного, можно предположить, что комплекс мер, предпринимаемых правительствами разных стран (ношение масок, ограничение контактов, локдаун и др.), становился более эффективным и приводил к уменьшению числа летальных исходов. Тем не менее заражаемость вирусом COVID-19 росла. Это наблюдение можно объяснить тем, что мутировавший штамм распространялся с большей скоростью.

### Заключение

Введение дробных производных в модели описания распространения инфекции позволяет более точно по сравнению с моделями с целыми производными воспроизвести статистические данные протекания пандемии. Этот вывод справедлив для всех изученных стран, что обосновывает широкую область использования дробных производных. Полученные результаты также указывают на то, что при выборе порядка дробной производной для моделирования последующих эпидемий, коэффициента симптомной передачи заболевания и коэффициента смертности среди заболевших следует учитывать медианный возраст населения, плотность населения и ряд экономических показателей.

Кроме того, необходимо отметить, что для вирусов, характеризующихся продолжительным инкубационным периодом, в начале которого индивидум не является распространителем болезни, предпочтительно применять предложенную в данной работе модель SEqEsIRD, включающую уравнение для соответствующего компартмента населения.

## Библиографические ссылки / References

1. Kermack WO, McKendrick AG. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character*. 1927;115(772):700–721. DOI: 10.1098/rspa.1927.0118.
2. Boscheri W, Dimarco G, Pareschi L. Modeling and simulating the spatial spread of an epidemic through multiscale kinetic transport equations. *Mathematical Models and Methods in Applied Sciences*. 2021;31(6):1059–1097. DOI: 10.1142/S0218202521400017.
3. Bertaglia G, Pareschi L. Hyperbolic models for the spread of epidemics on networks: kinetic description and numerical methods. *ESAIM: Mathematical Modelling and Numerical Analysis*. 2021;55(2):381–407. DOI: 10.1051/m2an/2020082.
4. Debnath L. Recent applications of fractional calculus to science and engineering. *International Journal of Mathematics and Mathematical Sciences*. 2003;2003:3413–3442. DOI: 10.1155/S0161171203301486.
5. Sun H, Zhang Y, Baleanu D, Chen W, Chen Y. A new collection of real world applications of fractional calculus in science and engineering. *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation*. 2018;64:213–231. DOI: 10.1016/j.cnsns.2018.04.019.
6. Efimova TA, Timoshchenko IA, Abrashina-Zhadaeva NG. Fractional differential model of the spread of COVID-19. *Journal of the Belarusian State University. Physics*. 2021;3:40–48. DOI: 10.33581/2520-2243-2021-3-40-48.
7. Diethelm K, Ford NJ, Freed AD. A predictor-corrector approach for the numerical solution of fractional differential equations. *Nonlinear Dynamics*. 2002;29(1–4):3–22. DOI: 10.1023/A:1016592219341.
8. Pedregosa F, Varoquaux G, Gramfort A, Michel V, Thirion B, Grisel O, et al. Scikit-learn: machine learning in Python. *Journal of Machine Learning Research*. 2011;12:2825–2830.
9. Li W, Cerise JE, Yang Y, Han H. Application of t-SNE to human genetic data. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*. 2017;15(4):1750017. DOI: 10.1142/S0219720017500172.
10. Yousefpour A, Jahanshahi H, Bekiros S. Optimal policies for control of the novel coronavirus disease (COVID-19) outbreak. *Chaos, Solitons and Fractals*. 2020;136:109883. DOI: 10.1016/j.chaos.2020.109883.
11. Park M, Cook AR, Lim JT, Sun Y, Dickens BL. A systematic review of COVID-19 epidemiology based on current evidence. *Journal of Clinical Medicine*. 2020;9(4):967. DOI: 10.3390/jcm9040967.
12. Zhou J, Singanayagam A, Goonawardane N, Moshe M, Sweeney FP, Sukhova K, et al. Viral emissions into the air and environment after SARS-CoV-2 human challenge: a phase 1, open label, first-in-human study. *The Lancet Microbe*. 2023;4(8):e579–e590. DOI: 10.1016/S2666-5247(23)00101-5.
13. Nishiura H, Mizumoto K, Ejima K, Zhong Y, Cowling BJ, Omori R. Incubation period as part of the case definition of severe respiratory illness caused by a novel coronavirus. *Eurosurveillance*. 2020;25(4):20296. DOI: 10.2807/ese.17.42.20296-en.
14. Backer JA, Klinkenberg D, Wallinga J. Incubation period of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) infections among travellers from Wuhan, China, 20–28 January 2020. *Eurosurveillance*. 2020;25(5):2000062. DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.5.2000062.
15. Du M, Ma Y, Deng J, Liu M, Liu J. Comparison of long COVID-19 caused by different SARS-CoV-2 strains: a systematic review and meta-analysis. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. 2022;19(23):16010. DOI: 10.3390/ijerph192316010.
16. Aràndiga F, Baeza A, Cordero-Carrión I, Donat R, Martí MC, Mulet P, et al. A spatial-temporal model for the evolution of the COVID-19 pandemic in Spain including mobility. *Mathematics*. 2020;8(10):1677. DOI: 10.3390/math8101677.

Получена 10.04.2024 / исправлена 17.04.2024 / принята 18.04.2024.  
Received 10.04.2024 / revised 17.04.2024 / accepted 18.04.2024.