

ÁP DỤNG MÔ HÌNH A-SIR ĐÁNH GIÁ DỊCH COVID-19 Ở VIỆT NAM

Lê Thị Hương Giang

Khoa Khoa học Cơ bản, Đại học Mở-Địa chất

Email: huonggiangle87@gmail.com

TÓM TẮT

Mô hình SIR là mô hình toán học cơ bản để nghiên cứu tốc độ lan truyền của một dịch bệnh. Tuy nhiên mô hình SIR coi tốc độ nhiễm bệnh và bình phục là các hằng số nên trong thời gian dài, mô hình SIR sẽ không dự đoán được chính xác đường cong dịch bệnh. Trong bài báo này, tôi nghiên cứu một mô hình mới, mô hình A-SIR, ở đó tốc độ nhiễm bệnh và phục hồi thay đổi theo thời gian. Dữ liệu trong bài báo là dữ liệu covid-19 từ tháng 1 năm 2022 tại các tỉnh Việt được dùng để xác định các chỉ số lây nhiễm bằng phương pháp nghịch đảo, từ đó xây dựng mô hình A-SIR mô phỏng sự lan truyền của dịch bệnh. Bài báo cũng so sánh mô hình SIR cổ điển và mô hình A-SIR, cho thấy mô hình A-SIR mô phỏng đường cong dịch bệnh chính xác hơn.

Từ khóa: phương pháp nghịch đảo, mô hình A-SIR, tốc độ nhiễm bệnh và phục hồi, COVID-19

1. Giới thiệu

Ngày nay, khi khoa học và công nghệ ngày càng phát triển thì con người cũng tác động làm thay đổi môi trường và tự nhiên, dẫn đến xuất hiện các chủng bệnh lạ và mới. Các mô hình toán học phát triển để dự đoán sự lây lan của dịch bệnh. Một trong những mô hình kinh điển, đó là mô hình SIR (Susceptible-Infected-Recovered), bắt nguồn từ nghiên cứu của Kermack và McKendrick [5] vào năm 1921. Mô hình này là cơ sở của tất cả các mô hình hiện tại về sự phát triển của các bệnh truyền nhiễm. Đã có rất nhiều các dẫn xuất của mô hình SIR này, như mô hình SEIR [4], SIUR [6], A-SIR [3]. Mô hình A-SIR được xây dựng dựa trên các thông số dịch bệnh thay đổi theo thời gian, và các thông số này được lấy từ dữ liệu có sẵn bằng phương pháp nghịch đảo. Định nghĩa của bài toán nghịch đảo liên quan đến các phương trình vi phân, theo [2], là: “Một bài toán giá trị biên ban đầu là nghịch đảo nếu một số thông tin về điều kiện ban đầu và biên cần thiết cho giải pháp và các thông số đặc trưng cho mô hình bị thiếu và được thay thế bằng thông tin phù hợp về giải pháp của vấn đề toán học.” Bài toán nghịch đảo được gọi là bài toán xác định tham số: điều chỉnh các tham số để tái tạo dữ liệu đo lường. Vì số lượng người bị nhiễm và được phục hồi luôn bao gồm các lỗi ngẫu nhiên, một phương pháp để làm mịn dữ liệu đã được giới thiệu trong [8,7]. Trong bài báo này, chúng tôi áp dụng mô hình A-SIR để điều tra dịch COVID-19 cho các tỉnh ở Việt Nam. Điều này cung cấp cho bạn cái nhìn sâu sắc về mức độ hiệu quả của phương pháp này.

2. Phương pháp

2.1. Mô hình A-SIR

Mô hình SIR là một mô hình toán học cơ bản về dịch bệnh, được giới thiệu trong bài báo kinh điển của Kermack và McKendrick [5]. Trong mô hình này, dân số được chia thành 3 nhóm, dựa theo trạng thái đối với bệnh: 1) những người có khả năng mắc bệnh (Susceptible), 2) những người đang nhiễm bệnh và có thể lây cho người khác (Infected), và 3) những người không còn khả năng mắc bệnh, bao gồm hồi phục và đã chết (Removed hay Recovered). Số người thuộc mỗi nhóm tại một thời điểm t được ký hiệu lần lượt là $S(t)$, $I(t)$ và $R(t)$. Trong mô hình SIR đơn giản, tổng dân số được coi là không đổi, có nghĩa $S(t) + I(t) + R(t) = N$ không phụ thuộc vào t . Trong mô hình SIR cổ điển [9], tốc độ lây nhiễm β và tốc độ hồi phục γ được giả định không đổi. Tuy nhiên, thực tế các tốc độ này cũng thay đổi theo thời gian do chính phủ thực hiện các chính sách công như cách ly xã hội hay tiêm vắc xin phòng bệnh. Ngoài ra, mô hình SIR cổ điển còn không xét đến các trường hợp nhiễm bệnh không có triệu chứng hay những trường hợp bị tái nhiễm. Chính vì vậy, nếu sử dụng mô hình SIR cổ điển trong thời gian dài, sẽ không mô phỏng chính xác đường cong dịch bệnh. Bài báo này sử dụng mô hình A-SIR [3], là một biến thể của mô hình SIR, trong đó tốc độ lây nhiễm β và tốc độ hồi phục γ được xét cũng thay đổi theo thời gian, $\beta = \beta(t)$, $\gamma = \gamma(t)$. Mô hình A-SIR gồm 3 phương trình:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta(t)S(t)I(t) \quad (1)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta(t)S(t)I(t) - \gamma(t)I(t) \quad (2)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma(t)I(t) \quad (3)$$

Nếu có người nhiễm bệnh thì $\frac{dI(t)}{dt} > 0$ hoặc $\beta(t)S(t)I(t) - \gamma(t)I(t) > 0$, điều này tương đương với

$R_e(t) = \frac{\beta(t)S(t)}{\gamma(t)} > 1$. Biến $R_e(t)$ được gọi là hệ số tái tạo hiệu quả. Dịch bệnh xảy ra nếu $R_e(t) > 1$, nghĩa là,

một người bệnh có thể lây nhiễm cho người khác. Khi số lượng người được tiêm chủng tăng lên, thì hệ số $R_e(t) < 1$, Khả năng miễn dịch của dân số sẽ được tạo ra và số ca mắc bệnh sẽ giảm xuống 0. Một đặc điểm

quan trọng khác là hệ số tái tạo cơ bản [9] $R_0(t) = \frac{\beta(t)N}{\gamma(t)}$. Trong mô hình SIR cổ điển [9], số tái tạo cơ bản

$R_0(t)$ là hằng số. Tuy nhiên, trong thực tế, hệ số này luôn thay đổi theo thời gian, và chúng ta sẽ coi hệ số này như một hàm số. Bài toán giá trị ban đầu gồm các quan hệ (1)-(3) với các hệ số đã biết $\beta(t)$ và $\gamma(t)$, với các điều kiện rút ra từ dữ liệu đã cho. Việc giải bài toán nghịch đảo sẽ giúp chúng ta xác định chính xác các hệ số từ dữ liệu có sẵn.

2.2. Bài toán nghịch đảo

Giả sử cho $S(t)$ và $I(t)$ tại hai thời điểm, thời điểm bắt đầu $t = T_i$ và thời điểm kết thúc $t = T_f$.

$$S(T_i) = S_i, I(T_i) = I_i \quad (4)$$

$$S(T_f) = S_f, I(T_f) = I_f \quad (5)$$

Mô hình SIR cổ điển giả định rằng tốc độ lây nhiễm và tốc độ phục hồi là không đổi. Các phương trình (1), (2) và điều kiện ban đầu (4) cho phép xác định $I(t)$ và $S(t)$ nếu các hệ số là hằng số đã biết. Tuy nhiên, trong trường hợp này, điều kiện cuối cùng (5) có thể không được thỏa mãn chính xác vì bài toán có thể thay đổi theo thời gian do các điều kiện khách quan. Phương pháp giải bài toán nghịch đảo cho mô hình SIR cổ điển đã được trình bày trong [8], trong đó các điều kiện được xác định theo Tikhonov [10]. Bài toán nghịch đảo tiếp cận mô hình thích ứng A-SIR, coi tốc độ lây nhiễm là một tham số phụ thuộc vào thời gian và tốc độ phục hồi là một hàm không đổi với bước nhảy phụ thuộc vào thời gian: $\beta(t) = \beta_k$ và $\gamma(t) = \gamma_k$ với $t_{k-1} < t < t_k$.

Một tập dữ liệu các giá trị tại các thời điểm nhất định $t_1, t_2, \dots : D = \{(S(t_k), I(t_k)), k = 1, 2, \dots\}$. Khi đó, các hệ số β_k và γ_k được tính toán bằng hệ các phương trình (1), (2), (4), (5), từ đó suy ra $S_i = S(t_{i-1}), S_f = S(t_k), I_i = I(t_{i-1}), I_f = I(t_k), k = 2, 3, \dots$. Nếu β_k, γ_k là các hằng số chưa biết, thì nghiệm tổng quát của hệ phương trình (1), (2) phụ thuộc vào 4 hằng số: hai hằng số từ phương trình vi phân và hai hằng số là hệ số chưa biết. Tuy nhiên, hệ phương trình (4), (5) bao gồm bốn phương trình với bốn ẩn số là giải được. Thuật toán này được đưa ra trong [7] để giải quyết vấn đề nghịch đảo bằng cách sử dụng dữ liệu sớm của Covid-19.

3. Kết quả

Tất cả các biểu đồ bên dưới là kết quả của mô hình A-SIR dựa trên số liệu COVID-19 tại Việt Nam từ 1/1/2022 đến 31/5/2022 [1] bằng cách giải các hệ phương trình vi phân bằng phần mềm Microsoft Excel. Tốc độ truyền nhiễm và bình phục được xác định bằng phương pháp nghịch đảo trình bày ở mục 2.2, được thể hiện ở bảng 1-3. Các chỉ số này được tính toán tại các bước nhảy $P=7,10$ và 14 ngày trong khoảng thời gian 150 ngày, tương ứng 5 tháng. Trong mục này, tôi xây dựng mô hình A-SIR cho 3 tỉnh có số ca nhiễm bệnh Covid-19 cao nhất ở Việt Nam trong 5 tháng từ 1/1/2022 đến 31/5/2022 (đợt dịch thứ 4), là Hà Nội, Hồ Chí Minh, và Nghệ An. Ở các Hình 1-3, đường cong liền màu đen biểu diễn số người nhiễm bệnh thực tế, đường cong đứt màu đỏ biểu diễn số người nhiễm bệnh dự đoán theo bước nhảy $P=7$ ngày, đường cong đứt màu xanh lá cây biểu diễn số người nhiễm bệnh dự đoán theo bước nhảy $P=10$ ngày còn đường cong đứt màu xanh da trời biểu diễn số người nhiễm bệnh dự đoán theo bước nhảy $P=14$ ngày. Ở các Hình 4-6, đường cong liền màu đen biểu diễn số người nhiễm bệnh thực tế, đường cong liền màu đỏ biểu diễn số người nhiễm bệnh dự đoán theo mô hình A-SIR, còn đường cong liền màu xám biểu diễn số người nhiễm bệnh dự đoán theo mô hình SIR.

Số ngày	βN	γ	R_e
7	0.0188256	0.0185147	1.0012964
10	0.0191726	0.0188515	1.0015377
14	0.0184895	0.0187628	0.9704194

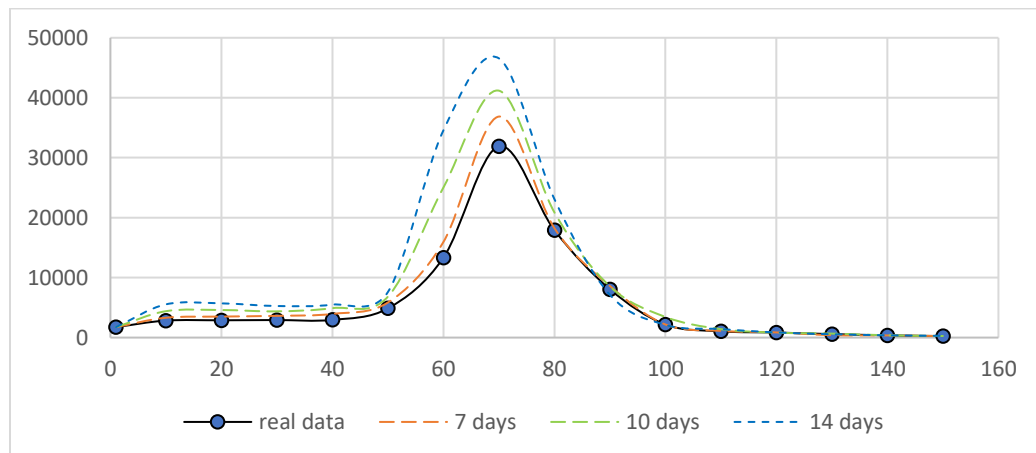
Bảng 1. Tốc độ nhiễm bệnh βN , tốc độ bình phục γ , và hệ số tái tạo R_e cho Hà Nội

Số ngày	βN	γ	R_e
7	0.0741	0.0458993	1.5301279
10	0.0721	0.0529085	1.2914299
14	0.0717	0.0495303	1.3717887

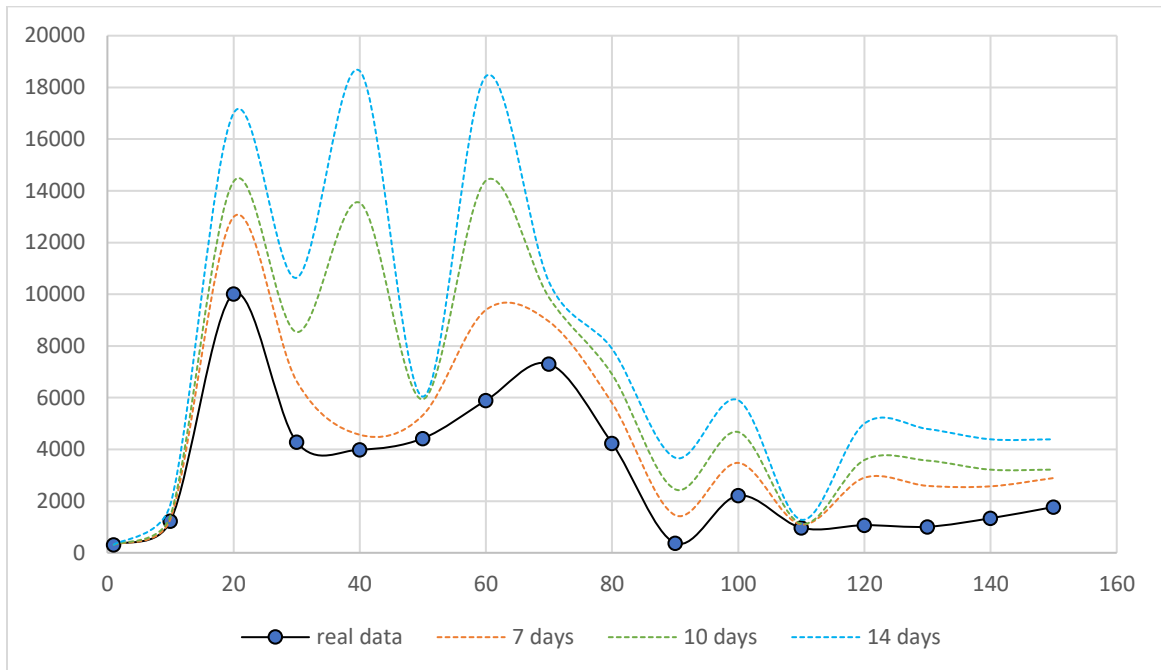
Bảng 2. Tốc độ nhiễm bệnh βN , tốc độ bình phục γ , và hệ số tái tạo R_e cho TP. Hồ Chí Minh

Số ngày	βN	γ	R_e
7	0.0407199	0.0391513	0.9903510
10	0.0420083	0.0387259	1.0329091
14	0.0406791	0.0382816	1.0118355

Bảng 3. Tốc độ nhiễm bệnh βN , tốc độ bình phục γ , và hệ số tái tạo R_e cho Nghệ An

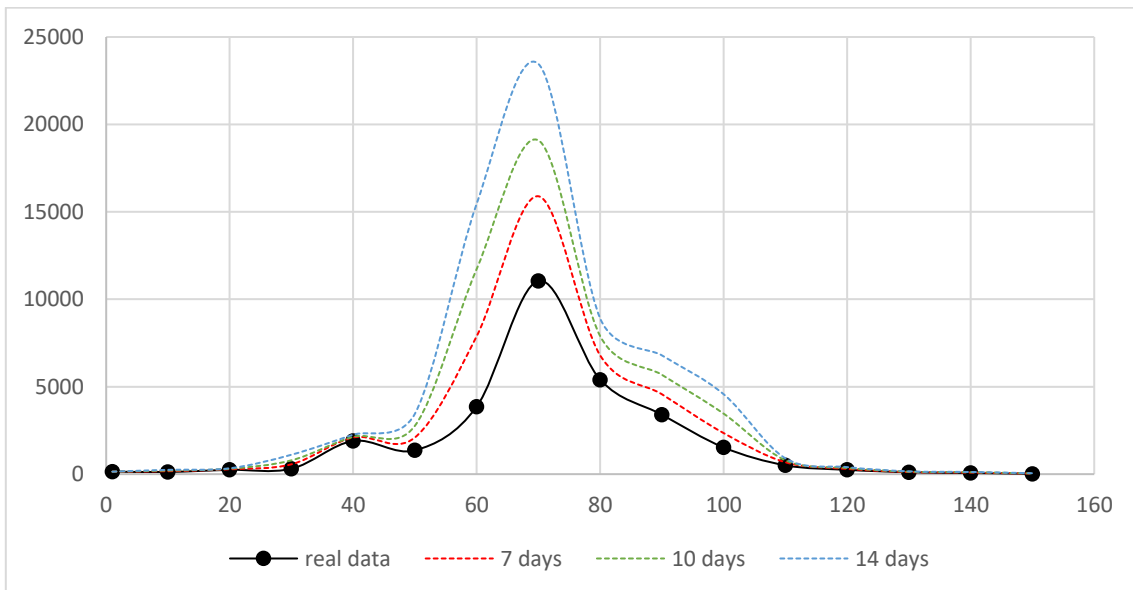


Hình 1. Mô hình A-SIR cho Hà Nội với khoảng cách $P = 7, 10, 14$ ngày từ 1/1/2022 đến 31/5/2022

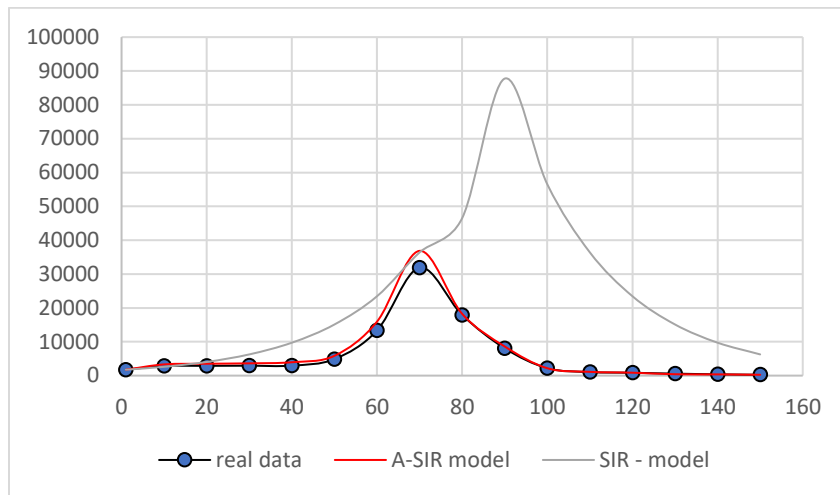


Hình 2. Mô hình A-SIR cho TP Hồ Chí Minh với khoảng cách $P = 7, 10, 14$ ngày từ 1/1/2022 đến 31/5/2022

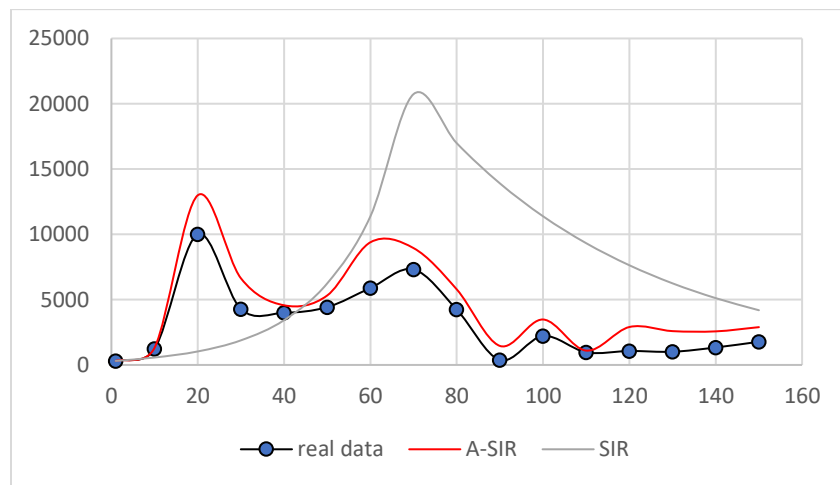
Ở các hình 1-3, mô hình A-SIR về cơ bản phản ánh tốt đường cong dịch bệnh, tuy nhiên có thể thấy mô hình A-SIR được xây dựng với bước nhảy thời gian càng ngắn thì độ chính xác càng cao, cụ thể đường cong ứng với $P = 7$ ngày tốt hơn 2 đường cong ứng với $P = 10$ ngày và 14 ngày. Ở các hình 4-6, so sánh độ tin cậy giữa mô hình A-SIR và mô hình SIR cổ điển, có thể thấy sự khác biệt rõ rệt, mô hình A-SIR biểu diễn rất tốt so với mô hình SIR cổ điển, điều đó là hiển nhiên, vì các chỉ số của mô hình A-SIR được hiệu chỉnh theo thời gian. Tất nhiên, mô hình A-SIR cũng không tránh khỏi các lỗi hay nhiều sai số, nhưng về cơ bản thì đáp ứng mô phỏng tốt đường cong dịch bệnh trong thực tế.



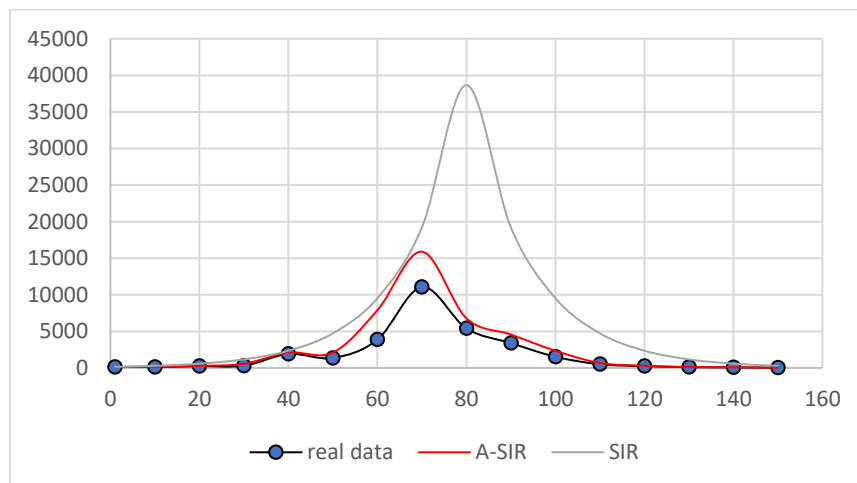
Hình 3. Mô hình A-SIR cho TP Nghệ An với khoảng cách $P = 7, 10, 14$ ngày từ 1/1/2022 đến 31/5/2022



Hình 4. So sánh dữ liệu thật và mô hình dự đoán SIR, A-SIR cho Hà Nội



Hình 5. So sánh dữ liệu thật và mô hình dự đoán SIR, A-SIR cho TP Hồ Chí Minh



Hình 6. So sánh dữ liệu thật và mô hình dự đoán SIR, A-SIR cho TP Nghệ An

4. Kết luận

Bài báo này nghiên cứu hiệu suất của một phương pháp đối với dịch bệnh dựa trên phương pháp tiếp cận vấn đề nghịch đảo để ước tính tỷ lệ lây truyền và loại bỏ phụ thuộc vào thời gian trong mô hình dịch A-SIR. Giải quyết vấn đề nghịch đảo, giúp chúng ta giảm thiểu số lượng dữ liệu, thay vì phải sử dụng toàn bộ dữ liệu của dân số. Các kết quả và mô hình nghiên cứu cho thấy, mô hình A-SIR biểu diễn tốt hơn nhiều so với mô hình SIR cổ điển. Mặc dù kết quả tạo ra rất thuyết phục, nhưng mô hình A-SIR vẫn chưa phải là mô hình hoàn hảo, vì nó vẫn còn chứa lỗi do bị nhiễu thông tin nếu nghiên cứu trong một khoảng thời gian dài. Còn nếu giả định, dữ liệu được thu thập và báo cáo trong thời gian không quá dài thì tôi tin rằng những sai số nhỏ trong dữ liệu cũng sẽ không ảnh hưởng đáng kể đến kết quả.

Tham khảo

- [1] Covid-19 data in Vietnam provided by the Health ministry, <https://covid19.ncsc.gov.vn/graph>
- [2] Bellomo, N., & Preziosi, L. (1995). Modelling mathematical methods and scientific computation. CRC Press Inc.
- [3] Dos Santos, I., Almeida, G., & de Moura, F. (2021). Adaptive SIR model for propagation of SARS-CoV-2 in Brazil. Physica A: Statistical Mechanics and Its Applications, 569, Article 125773. <https://doi.org/10.1016/j.physa.2021.125773>
- [4] Kabir, K. A., & Tanimu, J. (2020). Evolutionary game theory modelling to represent the behavioral dynamics of economic shutdowns and shield immunity in the COVID-19 pandemic. Royal Society Open Science, 7, Article 201095. <https://doi.org/10.1098/rsos.201095>
- [5] Kermack, W., & McKendrick, A. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. Proc. R. Soc. Lond. Ser. A, 115, 700e721. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>
- [6] Liu, Z., Magal, P., Seydi, O., & Webb, G. (2020). Predicting the cumulative number of cases for the COVID-19 epidemic in China from early data. Mathematical Biosciences and Engineering, 17, 3040e3051. <https://doi.org/10.3934/mbe.2020172>
- [7] Marinov, T., & Marinova, R. (2020). Dynamics of covid-19 using inverse problem for coefficient identification in sir epidemic models. Chaos, Solitons & Fractals X, 5, Article 100041. <https://doi.org/10.1016/j.csf.2020.100041>
- [8] Marinov, T., Marinova, R., Omojola, J., & Jackson, M. (2014). Inverse problem for coefficient identification in SIR epidemic models. Computers & Mathematics with Applications, 67, 2218e2227. <https://doi.org/10.1016/j.camwa.2014.02.002>
- [9] Murray, J. (1993). In Mathematical biology. I. An introduction/J.D. Murray (3rd ed.). New York: Springer.

ABSTRACT

If the classical Susceptible – Infected – Removed (SIR) model considers the infection and removal rates as constants, in this paper, we study a new model, the Adaptive Susceptible – Infected – Removed (A-SIR) model, where the infection and removal rates change over time. Covid-19 data from January 2022 in Vietnamese provinces was used to determine infection indicators by inverse problem method, thereby building an A-SIR model to simulate the spread of the disease. The paper also compares the classical SIR model and the A-SIR model in case of Vietnam, showing that the A-SIR model simulates the epidemic curve more accurately.

Keywords: Inverse problem, Adaptive SIR model, time-dependent infection and removal rates, COVID-19