

МАТЕМАТИКА
MATHEMATICSУДК 519.8:51-76
<https://doi.org/10.29235/1561-2430-2021-57-4-391-400>Поступила в редакцию 22.10.2021
Received 22.10.2021**А. Н. Авлас, А. К. Деменчук, С. В. Лемешевский, Е. К. Макаров***Институт математики Национальной академии наук Беларуси, Минск, Беларусь***АППРОКСИМАЦИЯ ИЗОЛИРОВАННОЙ ВОЛНЫ ЭПИДЕМИЧЕСКОГО
ПРОЦЕССА С ПОМОЩЬЮ КОМБИНАЦИИ ЭКСПОНЕНТ**

Аннотация. Наиболее часто применяемыми методами средне- и долгосрочного прогнозирования развития эпидемических процессов являются методы, основанные на использовании классической модели SIR (восприимчивые – инфицированные – выздоровевшие) и ее многочисленных модификаций. При этом подходе динамика эпидемии аппроксимируется с помощью решений дифференциальных или дискретных уравнений. Методы прогнозирования, основанные на аппроксимации данных функциями заданного класса, как правило, ориентированы на получение краткосрочного прогноза. Для долгосрочных прогнозов эпидемических процессов они не используются по причине их недостаточной эффективности для прогнозирования нестационарных процессов. В настоящей работе сформулирована гипотеза, что первичные волны пандемии COVID-19, которые проходили весной – летом 2020 г. в ряде европейских стран, в том числе и в Республике Беларусь, являются изолированными, и поэтому могут рассматриваться как процессы, близкие к стационарным. На основе этой гипотезы предложен способ аппроксимации изолированных волн эпидемического процесса с помощью обобщенных логистических функций с увеличенным количеством экспонент. Разработанный подход применен для прогнозирования количества инфицированных в Республике Беларусь на период до августа 2020 г. по данным от начала эпидемии до 12 июня 2020 г.

Ключевые слова: обобщенные логистические функции, прогнозирование, пандемия COVID-19

Для цитирования. Аппроксимация изолированной волны эпидемического процесса с помощью комбинации экспонент / А. Н. Авлас [и др.] // Вест. Нац. акад. наук Беларусі. Сер. фіз.-мат. навук. – 2021. – Т. 57, № 4. – С. 391–400. <https://doi.org/10.29235/1561-2430-2021-57-4-391-400>

Artsiom N. Avlas, Aleksandr K. Demenchuk, Sergei V. Lemeshevskii, Evgenii K. Makarov*Institute of Mathematics of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Belarus***THE APPROXIMATION OF AN ISOLATED EPIDEMIC PROCESS WAVE USING A COMBINATION OF
EXPONENTS**

Abstract. The most commonly used methods for the medium- and long-term forecasting of epidemic processes are based on the classical SIR (susceptible – infected – recovered) model and its numerous modifications. In this approach, the dynamics of the epidemic is approximated using the solutions of differential or discrete equations. The forecasting methods based on the approximation of data by functions of a given class are usually focused on obtaining a short-term forecast. They are not used for the long-term forecasts of epidemic processes due to their insufficient efficiency for forecasting nonstationary processes. In this paper, we formulated a hypothesis that the primary waves of the COVID-19 pandemic, which took place in a number of European countries, including the Republic of Belarus, in the spring-summer of 2020 are isolated and therefore can be regarded as processes close to stationary. On the basis of this hypothesis, a method of approximating isolated epidemic process waves by means of generalized logistic functions with an increased number of exponents was proposed. The developed approach was applied to predict the number of infected people in the Republic of Belarus for the period until August 2020 based on data from the beginning of the epidemic until June 12, 2020.

Keywords: generalized logistic functions, forecasting, COVID-19 pandemic

For citation. Avlas A. N., Demenchuk A. K., Lemeshevskii S. V., Makarov E. K. The approximation of an isolated epidemic process wave using a combination of exponents. *Vestsi Natsyianal'nai akademii navuk Belarusi. Seriya fizika-matematychnykh navuk = Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Physics and Mathematics series*, 2021, vol. 57, no. 4, pp. 391–400 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-2430-2021-57-4-391-400>

Введение. Все методы обработки данных, имеющие функции прогноза, так или иначе являются методами аппроксимации имеющихся и еще не полученных данных. Поэтому так же, как и методы аппроксимации вообще, они делятся на методы локальной (краткосрочный прогноз) и глобальной (долгосрочный прогноз) аппроксимации. Кроме того, по способам получения аппроксимируемых значений исследуемых величин их можно разделить на методы формальной аппроксимации функциями из заданных классов и методы учета локальной динамики, в которых аппроксимирующие функции возникают как решения тех или иных дифференциальных, дискретных и других уравнений. Это относится как к детерминированным методам прогнозирования, аппроксимирующим наблюдаемую реализацию изучаемого процесса, так и к вероятностным, аппроксимирующим сам случайный процесс.

Современная математическая эпидемиология – чрезвычайно обширная научная дисциплина, применяющая в своих целях самый широкий математический арсенал, в том числе и весьма изощренный. В ее арсенале имеются методы прогнозирования всех вышеперечисленных классов.

Важнейшим инструментом для прогнозирования течения эпидемического процесса в настоящее время остается предложенная в 1927 г. А. Г. МакКендриком и У. О. Кермаком [1, 2] модель SIR (восприимчивые – инфицированные – выздоровевшие) и ее модификации, в частности, SEIR с включением группы находящихся в инкубационном периоде, являющиеся развитием простейшей логистической модели, известной еще с XIX в. и до сих пор применяемой для моделирования в популяционной динамике. Существуют также и более сложные модификации модели SIR, однако большинство применений сложного математического аппарата ориентировано на рассмотрение случаев развития эпидемии с дополнительными обстоятельствами в виде противоэпидемических мер, вакцинации, завоза инфекции и др. Кроме того, усложненные модели применяются для более детального рассмотрения хода процесса распространения заболеваний с учетом географического распределения населения, его возрастной структуры и т. п. Для простейшей же ситуации, в которой нет информации о тонких деталях обстановки, стандартно применяется модель SIR.

Все эти модели относятся к категории методов учета локальной динамики и формулируются в терминах систем обыкновенных дифференциальных уравнений или их дискретных аналогов третьего и более высоких порядков. Уравнения этих моделей, как правило, не имеют явного аналитического решения, но в некоторых случаях могут быть представлены в параметризованном виде в квадратурах [2]. Практика использования модели SIR и ее модификаций показывает, что при правильном выборе параметров они обеспечивают достаточную адекватность получаемых прогнозов. В то же время, как отмечается во многих публикациях (см., напр., [3, 4] и др.), вопрос выбора параметров здесь зачастую представляет собой достаточно сложную проблему.

Известные методы прогнозирования эпидемий, основанные на формальной аппроксимации данных функциями заданного класса чаще всего рассчитаны на получение краткосрочного прогноза. В основном они имеют трендовый характер и используют локальную аппроксимацию процесса полиномами невысоких степеней. Важнейшим примером такого метода является метод экспоненциального сглаживания и его модификации [5].

Методы глобальной аппроксимации в эпидемиологии обычно не используются, поскольку предполагается, что они неприменимы к нестационарным процессам, каковыми выступают процессы развития эпидемий в целом. Тем не менее успешное использование стационарных моделей типа SIR для моделирования хода эпидемий, а также рассмотрение динамики отдельных волн пандемии COVID-19 в ряде европейских стран позволяет предположить, что построение методов глобальной аппроксимации для некоторых фаз эпидемического процесса не является бесперспективным. Исходя из этих соображений, в настоящей работе предложен способ аппроксимации изолированных волн эпидемического процесса с помощью обобщенных логистических функций с увеличенным количеством экспонент. Предлагаемая аппроксимация распространяется на весь период существования отдельной волны и может использоваться для получения прогноза ее развития. При ее построении мы использовали лишь общедоступные опубликованные данные о заболеваемости COVID-19, размещенные на сайте Университета Джонса Хопкинса (<https://coronavirus.jhu.edu>).

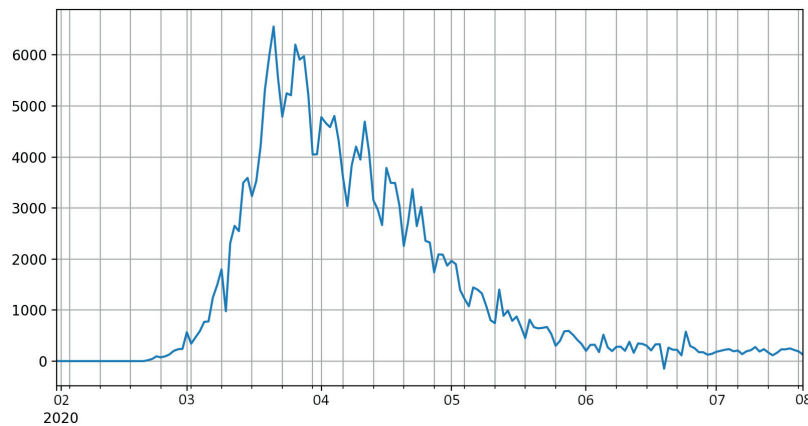


Рис. 1. Ежедневный прирост выявленных заражений COVID-19 в Италии в феврале – июле 2020 г.

Fig. 1. Daily increase in detected COVID-19 infections in Italy in February – July 2020

Выбор объектов и способа аппроксимации. Развитие пандемии COVID-19 в 2020 и 2021 гг., как и течение некоторых других эпидемических процессов в предыдущие периоды, демонстрирует ярко выраженный многоволновой характер. Соседние волны при этом либо накладываются одна на другую при высоком уровне заболеваемости, либо частично изолированы, т. е. разделены некоторым периодом относительного затишья.

Для анализа развития множественных волн эпидемии необходима информация о причинах их возникновения и количественных характеристиках связей между ними. При отсутствии таких сведений их извлечение из общедоступных данных о заболеваемости, так же как и прогнозирование на данной основе многоволнового процесса в целом, представляется достаточно проблематичным. По этой причине объектами, наиболее подходящими для нашего исследования, являются изолированные волны эпидемического процесса. Такими могут считаться первичные волны пандемии COVID-19, которые проходили в ряде европейских стран, в том числе и в Республике Беларусь, весной – летом 2020 г. Почти все эти волны отделены от последующего нарастания эпидемии периодом низкой заболеваемости во второй половине лета 2020 г.

Наиболее существенным для дальнейшего является хорошо известное типичное свойство волн эпидемий, которое заключается в быстром нарастании заболеваемости в начале и намного более медленном снижении в конце. Его легко усмотреть и в имеющихся общедоступных данных (см., напр., рис. 1.). Естественно считать, что и рост, и затухание изолированной волны протекают по экспоненциальному закону. Такое предположение не противоречит фактическим данным и согласуется с результатами, получаемыми на основе других подходов [2, 6].

При исследовании динамики биологических популяций с XIX в. используется простейшее логистическое уравнение

$$\frac{dN}{dt} = aN(K - N),$$

где N – численность популяции, K – ее максимально возможная численность, a – коэффициент размножения. Решения этого уравнения (логистические функции) имеют вид

$$N(t) = \frac{K}{1 + Ce^{-at}}, \quad (1)$$

где C – произвольная постоянная. Их можно непосредственно использовать при прогнозировании численности популяций, динамика которых описывается логистическим уравнением.

Принципиальный недостаток логистической модели заключается в том, что скорость роста и скорость затухания величины $N(t)$ с течением времени одинаковы. Его практическим следствием является систематическое занижение величины максимально возможного количества инфициро-

ванных при прогнозировании эпидемии на основе функций вида (1), выполняемом в любой момент, за исключением короткого начального периода. Такой прогноз всегда показывает, что эпидемия завершится в ближайшие дни, а финальное количество инфицированных ненамного превысит его текущее значение. Это делает невозможным непосредственное использование логистической модели для аппроксимации данных о заболеваемости и их последующей экстраполяции.

Известным обобщением логистических функций является функция Ричардса

$$R(t) = \frac{K}{(1 + Ce^{-at})^\xi}, \quad (2)$$

отличающаяся от логистической функции наличием дополнительного параметра ξ и часто употребляемая для моделирования различных биологических явлений [7], в том числе и эпидемии COVID-19 [8, 9]. Прогноз на основе функций вида (2) свободен от описанного выше недостатка, свойственного логистическим функциям, благодаря асимметрии их графиков. Существенным недостатком функции Ричардса является разнородность входящих в нее параметров и проблематичность увеличения их числа.

Для преодоления этих проблем предлагается аппроксимировать данные по суммарному количеству инфицированных с помощью функций вида

$$F(t) = \frac{M}{1 + \sum_{i=1}^n C_i e^{-\alpha_i t}}, \quad (3)$$

отличающихся от обычных логистических функций количеством экспонент в знаменателе. Здесь M – максимальное число инфицированных, C_i и α_i – вещественные параметры, $\alpha_1 > \dots > \alpha_n > 0$, t – дни от начала эпидемии (фактически, от любой условной даты). Имеет место следующее очевидное

Утверждение 1. Для функции F вида (3) справедливы асимптотические представления

$$F(t) = MC_1^{-1} e^{\alpha_1 t} (1 + o(1)), \quad t \rightarrow -\infty,$$

$$F(t) = M - C_n e^{-\alpha_n t} + o(e^{-\alpha_n t}), \quad t \rightarrow +\infty.$$

Утверждение 1 показывает, что функция $F(t)$ удовлетворяет сделанным выше предположениям об экспоненциальном нарастании и убывании эпидемического процесса в его изолированной волне. При этом рост на начальной стадии определяется наибольшим по величине показателем α_1 , а на завершающей – наименьшим показателем α_n . В силу этого влияние остальных показателей проявляется преимущественно в промежуточной области, где происходит смена доминирования старшей и младшей экспонент. В этой же области и по тем же причинам наиболее существенным должно быть и влияние случайных возмущений. Последнее наблюдение полностью подтверждается проведенными расчетами с использованием реальных данных.

Процедура построения аппроксимации и прогноза. Данными с возрастающим логистическим (сигмоидным) трендом эволюции принято называть совокупности значений некоторой величины, у которой последовательно сменяются три этапа изменения: 1) рост, близкий к экспоненциальному; 2) замедленный рост, близкий к линейному; 3) переход к насыщению. Методы аппроксимации таких данных с помощью логистических функций и функций Ричардса многочисленны и хорошо разработаны (см., напр., [10]). Значительная часть этих методов основана на преобразованиях, переводящих сигмоидный тренд в линейный. Конструкция таких преобразований полностью определяется аналитической природой используемого для аппроксимации класса функций. В силу данной их особенности они неприменимы к функциям других классов.

Для преобразования сигмоидного тренда данных о заболеваемости COVID-19 в линейный при использовании для их аппроксимации функций вида (3) удобно воспользоваться тем, что линейные комбинации экспонент являются решениями линейных дискретных уравнений с постоянными коэффициентами.

Будем считать, что исходные данные заданы в виде последовательности чисел $X(t)$, $t = 1, \dots, N$, где t – время в днях от условного начала эпидемической волны (начала наблюдений), $X(t)$ – суммарное (накопленным итогом) количество выявленных случаев COVID-19 для дня с номером t . Поскольку для функций вида (3) выполнено равенство

$$\frac{1}{F(t)} = M^{-1} \left(1 + \sum_{i=1}^n C_i e^{-\alpha_i t} \right),$$

то, вычисляя после предварительного сглаживания исходных данных значения $Y(t) := X(t)^{-1}$ и используя стандартные методы построения линейной регрессии между $Y(t)$ и его сдвигами на фиксированные отрезки, можно найти неоднородное линейное уравнение с константой в качестве неоднородности, которому приближенно удовлетворяет $Y(t)$. Используя это уравнение, нетрудно найти и все требуемые величины: асимптотический порог (уровень насыщения) M , показатели $\alpha_1, \dots, \alpha_n$ и коэффициенты C_1, \dots, C_n .

Более детально предлагаемую процедуру построения аппроксимирующей функции F можно описать как последовательность следующих шагов.

Шаг 0. Сглаживание исходных данных. Вычисление величин $Y(t) := \bar{X}(t)^{-1}$, где $\bar{X}(t)$ – данные после сглаживания.

Шаг 1. Выбор n – числа экспонент в аппроксимирующей функции.

Шаг 2. Выбор l – величины сдвига данных.

Шаг 3. Построение на отрезке $t = 1, \dots, N - nl$ линейной регрессии

$$Y(t + nl) \approx P + \sum_{j=0}^{n-1} A_j Y(t + jl).$$

Шаг 4. Нахождение корней λ_i характеристического уравнения

$$\lambda^n = \sum_{j=0}^{n-1} A_j \lambda^j.$$

Шаг 5. Вычисление показателей $\alpha_i = -\frac{1}{l} \ln \lambda_i$.

Шаг 6. Построение на отрезке $t = 1, \dots, N$ линейной регрессии

$$Y(t) \approx Q + \sum_{i=1}^n B_i e^{-\alpha_i t}.$$

Шаг 7. Запись аппроксимирующей функции в виде

$$F(t) = \frac{Q^{-1}}{1 + \sum_{i=1}^n Q^{-1} B_i e^{-\alpha_i t}}.$$

Шаг 8. Построение прогноза развития эпидемического процесса путем вычисления значений полученной функции $F(t)$ при $t > N$.

Комментарии. *К шагу 0.* Сглаживание исходных данных является необходимым предварительным этапом выполнения предлагаемой процедуры. При этом для слабо зашумленных исходных данных оказывается достаточным применение обычного усреднения с подвижным окном. В более сложных случаях необходимо применять более агрессивное сглаживание. Используемые операторы сглаживания должны обладать свойствами консервативности и детерминированности в следующем смысле: при их применении случаи инфицирования могут сдвигаться в прошлое на отрезок времени, не превышающий продолжительность инкубационного периода, но не должны ни рождаться, ни уничтожаться. Варианты таких операторов нами разработаны, однако их конструкция и теоретико-вероятностные аспекты применения находятся за рамками настоящей статьи.

К шагу 1. Согласно [11, с. 533] справедливо следующее

Утверждение 2. Система экспонент $\{e^{\mu_i t}\}$, $i = 1, \dots, \infty$, с вещественными показателями μ_i , $i = 1, \dots, \infty$, такими, что ряд $\sum_{i=1}^{\infty} \mu_i^{-1}$ расходится, полна в пространстве непрерывных функций на любом отрезке вещественной оси.

Из этого утверждения следует, что в отсутствие ограничений на количество экспоненциальных слагаемых в формуле (3) задача отыскания показателей $\alpha_1, \dots, \alpha_n$, обеспечивающих приближение имеющихся данных с некоторой фиксированной точностью, не является корректно поставленной. Действительно, условие расходимости ряда $\sum_{i=1}^{\infty} \mu_i^{-1}$ накладывает ограничения лишь на его остатки, поэтому в качестве его начального отрезка любой длины можно выбрать произвольный конечный набор чисел, дополнив его затем любой последовательностью с расходящимся рядом обратных величин. Согласно утверждению 2 сформированная таким образом последовательность экспонент будет обеспечивать возможность аппроксимации любой непрерывной функции на любом конечном отрезке с любой заданной точностью.

Таким образом, выбор числа n является необходимым условием выполнимости всех последующих шагов процедуры. Рациональная стратегия такого выбора заключается в пошаговом увеличении числа экспонент от минимального значения $n = 2$ до величины, обеспечивающей требуемое качество аппроксимации, либо до значения, при котором выполнение последующих шагов процедуры становится трудноисполнимым по причине недостаточной длины отрезка $t = 1, \dots, N - nl$ на шаге 3.

К шагу 2. Величина сдвига l должна быть достаточно большой, чтобы обеспечить существенное различие между сдвигами $Y(t + jl)$, $j = 1, \dots, n - 1$ на их общей области определения $t = 1, \dots, N - nl$, и достаточно малой, для того чтобы отрезок $t = 1, \dots, N - nl$ имел приемлемую длину для надежного построения регрессии на шаге 3. При проведении расчетов с использованием реальных эпидемических данных по COVID-19 длиной 100–200 дней величина сдвига менее 10 дней приводила к неудовлетворительным результатам. Наиболее предпочтительным при этом оказалось использование максимально возможных значений сдвига, близких к $N / (n - 1)$.

К шагу 4. Получаемые на этом шаге корни должны быть вещественными, положительными и не превосходящими 1. Наличие других корней свидетельствует либо о плохом сглаживании исходных данных, либо об их несоответствии модели стационарной изолированной волны эпидемического процесса.

Результаты применения метода к реальным данным. На основании сравнения фактического протекания эпидемии и результатов проведенных расчетов по аппроксимации данных о заболеваемости во время первых волн эпидемии COVID-19 в ряде стран Европы, в том числе и в Республике Беларусь, Италии, Бельгии, Германии, выполненных с использованием информации, доступной на определенные промежуточные даты до завершения этих волн, можно указать следующие характеристики предлагаемого подхода.

1. Показатель разрастания изолированной волны эпидемии на ее начальном этапе определяется достаточно надежно в первый период эпидемии при условии наличия качественной медицинской статистики.

2. Динамика развития изолированной волны эпидемии вплоть до пика заболеваемости может быть спрогнозирована на ее начальных этапах.

3. Показатель затухания изолированной волны эпидемии не может быть определен до наступления пика заболеваемости.

4. Динамика затухания эпидемии надежно прогнозируется лишь после прохождения пика заболеваемости и лишь при условии правильного определения показателя затухания.

5. Время наступления пика заболеваемости, его высота и длительность во всех случаях прогнозируются недостаточно ненадежно.

Наиболее точно удалось спрогнозировать развитие первичной волны эпидемии в Беларуси на основе данных за период от начала эпидемии до 12 июня 2020 г. Этот прогноз (см. рис. 2 и 3.) основан на использовании функций вида (3) с количеством экспонент $n = 2$ и соответствует

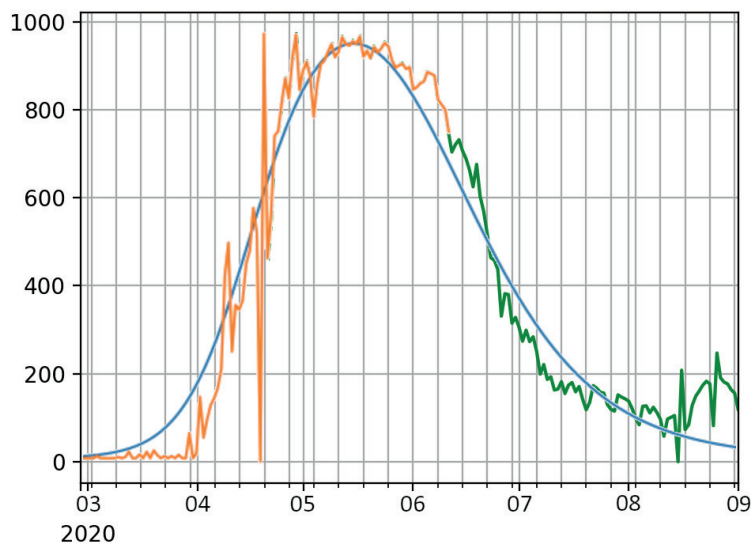


Рис. 2. Прогноз ежедневных приростов количества заболевших COVID-19 в Республике Беларусь от 12 июня 2020 г. в сравнении с фактическими данными

Fig. 2. Forecast of a daily increase in the number of COVID-19 cases in the Republic of Belarus from June 12, 2020 compared to the actual data

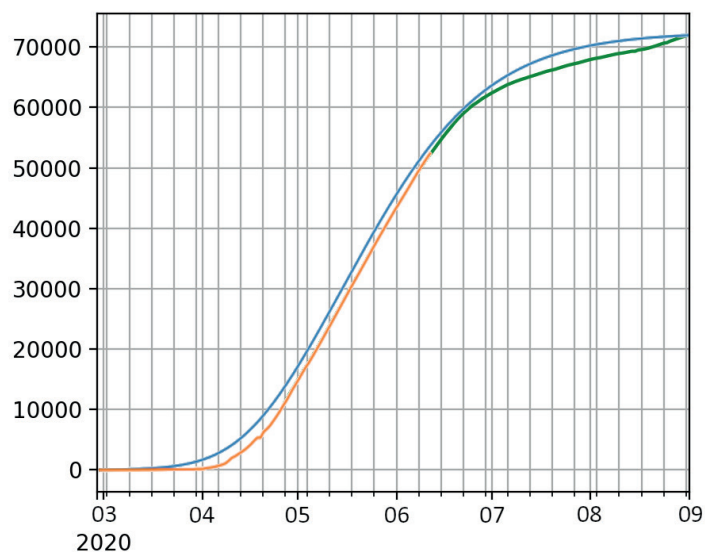


Рис. 3. Прогноз суммарного количества заболевших COVID-19 в Республике Беларусь от 12 июня 2020 г. в сравнении с фактическими данными

Fig. 3. Forecast of the total number of cases of COVID-19 in the Republic of Belarus from June 12, 2020 compared to the actual data

значениям параметров $\alpha_1 = 0,0485$; $\alpha_2 = 0,17$; $M = 71721$. Существенное отклонение фактических данных от предсказанных значений началось лишь при подъеме заболеваемости в августе 2020 г. в связи с началом новой волны эпидемии, а вычисленный уровень насыщения был превзойден только в сентябре. Прогнозы, составленные на основе данных, заканчивавшихся на более ранних датах, продемонстрировали существенно меньшую оправдываемость.

Заметим, что, несмотря на относительно высокую точность представленного прогноза, качество аппроксимации известных на момент его составления данных невысокое. Обращает на себя внимание также специфическое колебание фактических данных о ежедневных приростах относительно прогноза. Основной причиной такого колебания является минимальное количество

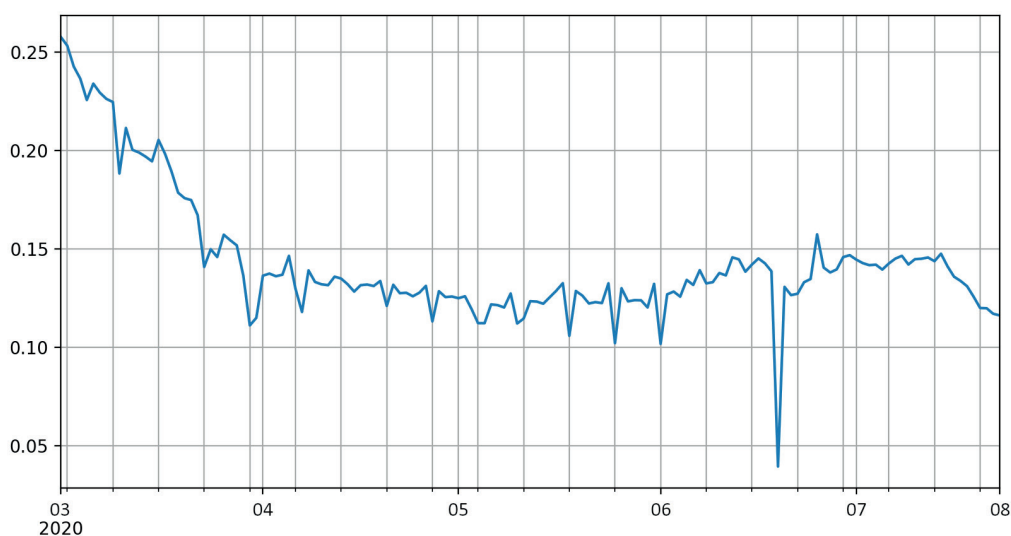


Рис. 4. Зависимость величины W от времени для первой волны COVID-19 в Италии

Fig. 4. Temporal dependence of W for the first wave of COVID-19 in Italy

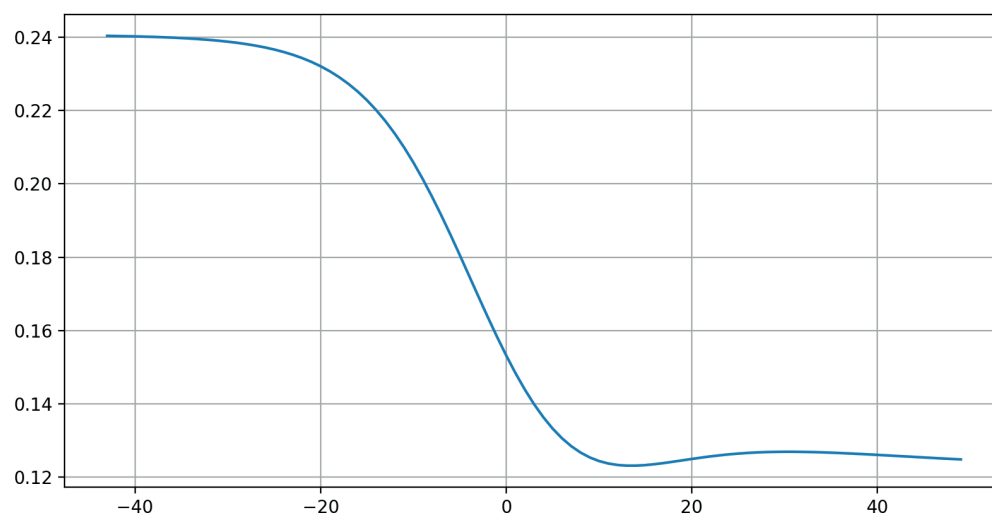


Рис. 5. Зависимость величины W от времени для функции вида (3) при $n = 3$

Fig. 5. Temporal dependence of W for a function of the form (3) with $n = 3$

экспонент в используемом семействе аппроксимирующих функций. В частности, такое количество экспонент не позволяет воспроизвести поведение величины

$$W(t) = \frac{X(t) - X(t-1)}{X(t) - X(t-m)},$$

где m – продолжительность инкубационного периода, которая определяет интенсивность распространения инфекции. Характерное поведение этой величины для естественных данных приведено на рис. 4. Воспроизведение такого поведения с помощью функций вида (3) становится возможным уже при $n = 3$, что хорошо видно на рис. 5.

Заключение. Возможность аппроксимации и прогнозирования данных о заболеваемости в ходе первичных волн пандемии COVID-19 в некоторых европейских странах с помощью набора функций, определяемых небольшим набором параметров, подтверждает гипотезу о почти стационарности этих процессов.

Предлагаемая процедура аппроксимации устойчиво работает на реальных данных в двух-экспонентном варианте и демонстрирует применимость для построения среднесрочного прогноза течения изолированной волны эпидемического процесса при наличии качественной медицинской статистики. Для повышения качества прогноза в более сложных случаях необходимо увеличение числа экспоненциальных слагаемых в используемых функциях, что в силу ограниченной продолжительности изолированных волн эпидемического процесса требует усовершенствования применяемых методов сглаживания данных и, по-видимому, использования регуляризации при построении регрессий.

Благодарности. Работа выполнена в Институте математики НАН Беларуси при поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований, проект № Ф21КОВИД-012 «Прогнозирование распространения COVID-19 на основе применения новых типов эволюционных уравнений».

Acknowledgements. The work was carried out at the Institute of Mathematics of the National Academy of Sciences of Belarus within the framework of the Belarusian Republican Foundation for Fundamental Research, project no. Ф21КОВИД-012 “Prediction of COVID-19 propagation based on the application of new types of evolutionary equations”.

Список использованных источников

1. Kermack, W. O. A Contribution to the mathematical theory of epidemics / W. O. Kermack, A. G. McKendrick // Proc. Roy. Soc. Lond. Ser. A. – 1927. – Vol. 115, № 772. – P. 700–721. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>
2. Brauer, F. Compartmental Models in Epidemiology / F. Brauer // Mathematical Epidemiology / F. Brauer [et al.] (eds). – Berlin; Heidelberg: Springer, 2008. – P. 19–79. – (Lecture Notes in Mathematics, Vol. 1945). https://doi.org/10.1007/978-3-540-78911-6_2
3. Математическое моделирование эпидемических процессов и оценка их статистических характеристик / Б. М. Десятков [и др.] // Хим. и биол. безопасность. – 2009. – № 1–3 (43–45). – С. 15–20.
4. Моделирование эпидемической ситуации с учетом внешних рисков / Ю. Б. Гришунина [и др.] // Эпидемиология и вакцинопрофилактика. – 2014. – № 5 (78). – С. 61–66.
5. A state space framework for automatic forecasting using exponential smoothing methods / R. J. Hyndman [et al.] // Int. J. Forecasting. – 2002. – Vol. 18, № 3. – P. 439–454. [https://doi.org/10.1016/s0169-2070\(01\)00110-8](https://doi.org/10.1016/s0169-2070(01)00110-8)
6. Колесин, И. Д. Математические модели эпидемий / И. Д. Колесин, Е. М. Житкова. – СПб.: НИИФ СПбГУ, 2004. – 92 с.
7. Richards, F. J. A flexible growth function for empirical use / F. J. Richards // J. Exp. Botany. – 1959. – Vol. 10, № 2. – P. 290–301. <https://doi.org/10.1093/jxb/10.2.290>
8. Lee, S. Y. Estimation of COVID-19 spread curves integrating global data and borrowing information / S. Y. Lee, B. Lei, B. Mallick // PLoS ONE. – 2020. – Vol. 15, № 7. – P. e0236860. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0236860>
9. Wu, K. Generalized logistic growth modeling of the COVID-19 outbreak: comparing the dynamics in the 29 provinces in China and in the rest of the world / K. Wu // Nonlinear Dyn. – 2020. – Vol. 101. – P. 1561–1581. <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05862-6>
10. Семёнычев, В. К. Анализ и предложения моделей экономической динамики с кумулятивным логистическим трендом / В. К. Семёнычев, В. Н. Кожухова. – Самара: СамНЦ РАН, 2013. – 156 с.
11. Левин, Б. Я. Распределение корней целых функций / Б. Я. Левин. – М.: Физматгиз, 1956. – 632 с.

References

1. Kermack W. O., McKendrick A. G. 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, vol. 115, no. 772, pp. 700–721. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>
2. Brauer F. Compartmental Models in Epidemiology. *Mathematical Epidemiology. Lecture Notes in Mathematics*, vol 1945, F. Brauer [et al.] (eds). Berlin, Heidelberg, Springer, 2008, pp. 19–79. https://doi.org/10.1007/978-3-540-78911-6_2
3. Desyatkov B. M., Borodulin A. I., Kotlyarova S. S., Lapteva N. A., Marchenko M. Yu., Shabanov A. N. Mathematical modeling of epidemic processes and assessment of their statistical characteristics. *Khimicheskaya i biologicheskaya bezopasnost' = Chemical and Biological Safety*, 2009, no. 1–3 (43–45), pp. 15–20 (in Russian).
4. Grishunina Yu. B., Kontarov N. A., Arkharova G. V., Yuminova N. V. Modeling the epidemic situation taking into account external risks. *Epidemiologiya i vaksinoprofilaktika = Epidemiology and Vaccine Prevention*, 2014, no. 5 (78), pp. 61–66 (in Russian).
5. Hyndman R. J., Koehler A. B., Snyder R. D., Grose S. A state space framework for automatic forecasting using exponential smoothing methods. *International Journal of Forecasting*, 2002, vol. 18, no. 3, pp. 439–454. [https://doi.org/10.1016/s0169-2070\(01\)00110-8](https://doi.org/10.1016/s0169-2070(01)00110-8)
6. Kolesin I. D., Zhitkova E. M. *Mathematical Models of Epidemics*. Saint Petersburg, SPbSU Publ., 2004. 92 p. (in Russian).

7. Richards F. J. A flexible growth function for empirical use. *Journal of Experimental Botany*, 1959, vol. 10, no. 2, pp. 290–301. <https://doi.org/10.1093/jxb/10.2.290>

8. Lee S. Y., Lei B., Mallick B. Estimation of COVID-19 spread curves integrating global data and borrowing information. *PLoS ONE*, 2020, vol. 15, no. 7, pp. e0236860. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0236860>

9. Wu K., Darcet D., Wang Q., Sornette D. Generalized logistic growth modeling of the COVID-19 outbreak: comparing the dynamics in the 29 provinces in China and in the rest of the world. *Nonlinear Dynamics*, 2020, vol. 101, pp. 1561–1581. <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05862-6>

10. Semenichev V. K. *Analysis and Proposals of Models of Economic Dynamics with a Cumulative Logistic Trend*. Samara, SamNTs RAN Publ., 2013. 156 p. (in Russian).

11. Levin B. Ya. *Distribution of Zeros of Entire Functions*. Moscow, Fizmatgiz Publ., 1956. 632 p. (in Russian).

Информация об авторах

Авлас Артем Николаевич – младший научный сотрудник отдела вычислительной математики, Институт математики Национальной академии наук Беларуси (ул. Сурганова, 11, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: artolomiay@tut.by

Демечук Александр Константинович – доктор физико-математических наук, доцент, главный научный сотрудник отдела дифференциальных уравнений, Институт математики Национальной академии наук Беларуси (ул. Сурганова, 11, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: demenchuk@im.bas-net.by

Лемешевский Сергей Владимирович – кандидат физико-математических наук, директор Института математики Национальной академии наук Беларуси (ул. Сурганова, 11, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: svl@im.bas-net.by

Макаров Евгений Константинович – доктор физико-математических наук, профессор, заведующий отделом дифференциальных уравнений, Институт математики Национальной академии наук Беларуси (ул. Сурганова, 11, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: jcm@im.bas-net.by

Information about the authors

Artsiom N. Avlas – Junior Researcher of the Department of Computational Mathematics, Institute of Mathematics of the National Academy of Sciences of Belarus (11, Sarganov Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus).

E-mail: artolomiay@tut.by

Aleksandr K. Demenchuk – Dr. Sc. (Physics and Mathematics), Associate Professor, Chief Researcher of the Department of Differential Equations, Institute of Mathematics of the National Academy of Science of Belarus (11, Sarganova Str., Minsk, 220072, Republic of Belarus). E-mail: demenchuk@im.bas-net.by

Sergei V. Lemeshevskii – Ph. D. (Physics and Mathematics), Director, Institute of Mathematics of the National Academy of Sciences of Belarus (11, Sarganov Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: svl@im.bas-net.by

Evgenii K. Makarov – Dr. Sc. (Physics and Mathematics), Professor, Head of the Department of the Differential Equations, Institute of Mathematics of the National Academy of Science of Belarus (11, Sarganova Str., Minsk, 220072, Republic of Belarus). E-mail: jcm@im.bas-net.by