

Stochastic modelling and estimation of COVID-19 population dynamics

Nikolay M. Yanev, Vessela K. Stoimenova, Dimitar V. Atanasov

Конструиран е специален клас разклоняващи се процеси с два типа индивиди като епидемичен модел за развитие на заразата (вирусна инфекция) от Covid-19. Заразата се предава от първия тип индивиди, носители на вируса, които с определени вероятности $p(k)$ могат да заразят k индивида, $k=0,1,2,\dots,n$, или с вероятност q да се трансформират във втория тип, при които заразата вече е излявена и те са регистрирани като официални носители на вируса. Всъщност това са статистическите данни, които официално се обявяват всеки ден и с които се работи в модела. Изполвайки тези данни, са конструирани три типа оценки за средния брой m заразени индивиди от един носител от първи тип. Да отбележим, че всъщност m се определя от разпределението $\{p(k)\}$, т.е. $m=p(1)+2p(2)+3p(3)+\dots+np(n)$. Намерените непараметрични оценки за m не зависят обаче от вида на разпределението и са дадени с 95% доверителни интервали. Тези оценки ни дават възможност да прогнозираме развитието на средния брой заразени индивиди от първи тип в дните след направената оценка за m , а това е без съмнение най-важната епидемиологична характеристика.

Основното достоинство на този модел е, че използва само официално регистрираните статистики, за разлика от други по-сложни модели, които имат нужда от допълнителна информация.

От друга страна, така намерените оценки за m могат вече да бъдат използвани в други по-сложни модели, където не е възможно директното оценяване на m .

Резултатите от проведените изследвания използват собствено създаден софтуер и са представени чрез графики и таблици за България и някои от най-засегнатите страни.