

# ÁP DỤNG MÔ HÌNH TOÁN HỌC SIR ĐỂ DỰ ĐOÁN VÀ ĐÁNH GIÁ QUÁ TRÌNH TRUYỀN NHIỄM BỆNH COVID-19 TẠI HÀ NỘI

APPLICATION OF THE SUSCEPTIBLE-INFECTED-REMOVED MODEL FOR FORECASTING AND EVALUATING COVID-19 INFECTION IN HANOI

Lê Thị Hương Giang<sup>1,\*</sup>

## TÓM TẮT

Sự lây lan của các căn bệnh truyền nhiễm đã được nghiên cứu ở các ngành dịch tễ học, toán học ứng dụng và ngành thống kê... Hiện nay, nhiều mô hình toán học được xây dựng để dự đoán quá trình phát triển của dịch bệnh, cụ thể là mô hình SIR - mô hình đơn giản nhất nghiên cứu quá trình lây truyền 3 ngăn là nhạy cảm (S-susceptible), nhiễm bệnh (I-infected) và phục hồi (R-removed) giữa các cá thể. Trong mô hình này, dân số được chia thành các ngăn và được sử dụng để dự đoán cách dịch bệnh lây lan trong thời gian hiện tại và tương lai. Bằng cách sử dụng các dữ liệu về dịch bệnh COVID-19 xảy ra tại Hà Nội trong thời gian vừa qua, ta có thể tạo ra một mô hình SIR mô tả khả năng lây nhiễm bệnh, từ đó đưa ra cách sử dụng chính sách cách ly xã hội và các phương tiện bảo vệ phù hợp với mức độ lây lan của dịch bệnh COVID-19 ngoài cộng đồng.

**Từ khóa:** Mô hình SIR; mô hình SEIR; COVID-19; phương trình vi phân.

## ABSTRACT

The spread of infectious diseases has been studied in many fields of epidemiology, mathematic and statistics... Today, lots of mathematical models have been used to predict the development of diseases, specifically, the SIR model - the simplest way to study the transmission process of 3 compartments is susceptible (S), infected (I) and recovered (R) between individuals. In this model, the population is divided into compartments and used to predict how epidemics will grow in current and future times. By using the data on the COVID-19 epidemic that occurred in Hanoi recently, we can create an SIR model describing the possibility of disease transmission. Hence, we can use the policy of social isolation and means of protection appropriately to prevent the spread of the COVID-19 epidemic in the community.

**Keywords:** SIR model; SEIR model; Nonlinear differential equations.

<sup>1</sup>Khoa Khoa học Cơ bản, Trường Đại học Mở - Địa chất Hà Nội

\*Email: huonggiangle87@gmail.com

Ngày nhận bài: 25/02/2022

Ngày nhận bài sửa sau phản biện: 15/4/2022

Ngày chấp nhận đăng: 25/4/2022

## 1. GIỚI THIỆU

Virus corona (COVID-19) là một chủng loại virus mới, lần đầu tiên xuất hiện vào tháng 12 năm 2019 tại Vũ Hán,

Trung Quốc và từ đó, lây lan trở thành đại dịch [6]. Virus này có thể lây từ người này sang người khác. Virus COVID-19 tác động vào hệ hô hấp cả con người, dẫn đến các biểu hiện lâm sàng như sốt cao, khó thở và tổn thương nhiều lớp ở phổi. Các báo cáo cho thấy, người nhiễm bệnh sẽ có triệu chứng khoảng 5 ngày kể từ khi bị nhiễm. Các triệu chứng có xu hướng nặng hơn theo thời gian, một số trường hợp đã tử vong, tuy nhiên cũng có nhiều trường hợp khỏi bệnh. Trong hai năm qua, nhiều biện pháp đã được chính phủ đưa ra thực hiện như khử trùng, đeo khẩu trang, cách ly xã hội và gần đây là đưa ra vắc-xin để giảm nguy cơ tiếp xúc của con người và tăng khả năng miễn dịch với virus. Sử dụng các dữ liệu có sẵn để ngoại suy và tạo ra các mô hình đường cong dịch bệnh, từ đó có thể dự đoán xu hướng dịch bệnh và kiểm soát dịch bệnh bằng các chính sách công. Nghiên cứu này sử dụng mô hình Dịch ứng - Nhiễm trùng - Loại bỏ (SIR), mô hình Dịch ứng - Phơi nhiễm - Nhiễm trùng - Loại bỏ (SEIR) cùng dẫn xuất của nó để minh họa sự lây lan bệnh COVID-19 tại Hà Nội (Việt Nam).

Kermack và Mc Kendrick là những người tiên phong đưa ra các phương trình vi phân dành cho mô hình SIR vào năm 1927 [5], nhằm nghiên cứu tốc độ lây lan của các dịch bệnh trong dịch tễ học. Gần đây, mô hình SIR đã có thêm rất nhiều mô hình dẫn xuất như SEIR, SIRmp, SEIRqqr, dự đoán chính xác dịch bệnh hơn, nhưng lại cần rất nhiều thông số đầu vào. Ở Việt Nam, tháng 1 năm 2021, GS. Nguyễn Tuấn đã đưa ra mô hình SIR phân tích về dịch bệnh tại Sài Gòn khi căn bệnh COVID-19 bùng phát mạnh [2]. Hội thảo quốc tế về SIR cũng được tổ chức tại Tuần Châu, Hạ Long từ ngày 12 đến 14 tháng 12 năm 2020. Nhưng, hiện tại, mô hình SIR cùng các dẫn xuất của nó chưa được nghiên cứu mạnh ở Việt Nam.

Nghiên cứu này sử dụng mô hình Nhạy cảm - Nhiễm trùng - Loại bỏ (SIR), mô hình Nhạy cảm - Phơi nhiễm - Nhiễm trùng - Loại bỏ (SEIR) cùng dẫn xuất của nó để minh họa sự lây lan COVID-19 tại Hà Nội trong khoảng thời gian từ 01/12/2021 đến 28/2/2022, cũng là khoảng thời gian mà Hà Nội đang đối mặt với nguy cơ lây lan dịch bệnh trên diện rộng.

**2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU**

Trong nghiên cứu này, nguồn mở dữ liệu COVID-19 do Bộ Y tế Việt Nam cung cấp được sử dụng [1]. Dữ liệu nằm trong khoảng từ ngày 01 tháng 12 năm 2021 đến ngày 28 tháng 02 năm 2022, thống kê số trường hợp được xác nhận nhiễm bệnh và khỏi bệnh trên phạm vi thủ đô Hà Nội.

**2.1. Mô hình 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 [3]. 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). Trong mô hình này, trạng thái của một người chỉ có thể chuyển từ S sang I (nhiễm bệnh), hoặc từ I sang R (bình phục hoặc chết, nhưng không thể nhiễm lại).

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 [4], tổng dân số được coi là không đổi, có nghĩa S(t) + I(t) + R(t) = N không phụ thuộc vào t. Đại lượng được quan tâm nhất là I(t): chiều tăng hay giảm (theo t) và độ lớn của nó cho biết xu hướng lây lan và quy mô của dịch bệnh [7].

Giờ, ta xét các phân số sau:

$$s = \frac{S}{N} \tag{1}$$

$$i = \frac{I}{N} \tag{2}$$

$$r = \frac{R}{N} \tag{3}$$

trong đó, s, i, r tương ứng là tỉ lệ số người có khả năng nhiễm bệnh, tỉ lệ số người đang nhiễm bệnh và tỉ lệ số người không còn khả năng nhiễm bệnh trong cộng đồng.

Như vậy, ta có:  $s + i + r = 1$  (4)

Sự vận động của hệ SIR có thể được xấp xỉ bằng hệ phương trình vi phân sau:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta si \tag{5}$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta si - \gamma i \tag{6}$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma i \tag{7}$$

Các phương trình lần lượt biểu diễn tốc độ thay đổi (vế trái) của các đại lượng S, I và R tại thời điểm t theo trạng thái của hệ tại thời điểm đó (vế phải). Tham số  $\beta$  biểu diễn tỷ lệ lây nhiễm (theo đầu người), có thể được hiểu là xác suất (trung bình) để một người khỏe mạnh bị nhiễm bệnh (chuyển từ S sang I). Tham số  $\gamma$  biểu diễn tỷ lệ hồi phục, nói cách khác, khoảng thời gian mắc bệnh trung bình (tức là ở trong trạng thái I) là  $1/\gamma$ .

$$\text{Đặt } \lambda = \frac{\beta}{\gamma} \tag{8}$$

biểu thị tỉ số giữa tỉ lệ lây nhiễm và tỉ lệ hồi phục. Giá trị  $\lambda$  càng cao thì bệnh càng dễ lây nhiễm.

Đặt  $R_0 =$  số người không còn khả năng nhiễm bệnh tại thời điểm  $t = t_0$ . Luôn luôn có một số khả năng miễn dịch tự nhiên, vì vậy ta hoàn toàn có thể giả sử  $R_0 \geq 0$ .

Đặt C = Tổng số ca mắc kể từ khi dịch bắt đầu bùng phát.  $C_0 =$  Tổng số ca mắc từ thời điểm dịch bắt đầu bùng phát đến thời điểm  $t = t_0$ . Khi đó, số ca mắc mới mỗi ngày là:

$$j = \frac{dC}{dt} \tag{9a}$$

$$\text{Do vậy, } j = \beta si \tag{9b}$$

Trong nhóm R, có nhiều cá thể miễn dịch tự nhiên hoặc miễn dịch do đã tiêm phòng, chứ không phải do phục hồi. Do đó, số người trong nhóm S sẽ biến động theo xu hướng giảm. Vì vậy, ta có thể coi s là biến và i là hàm số theo biến s như sau:

$$i(s) = 1 - s - r(s) \tag{10a}$$

trong đó,  $r(s) = r_0 - \frac{1}{\lambda} \ln\left(\frac{s}{s_0}\right)$ .

Khi đó,  $i(s) = 1 - s - r_0 + \frac{1}{\lambda} \ln\left(\frac{s}{s_0}\right)$  (10b)

Chia (6) cho (5) ta được:

$$\frac{di}{ds} = \frac{\gamma - \beta s}{\beta s} \tag{11}$$

Nghiệm của phương trình này cho ta hàm i, chính là hàm Lambert W và

$$s = -\frac{1}{\lambda} W(-\lambda c e^{\lambda i}) \tag{11a}$$

trong đó,  $c = i_0 + r_0 - \frac{1}{\lambda} \ln(s_0)$  là hằng số tích phân được xác định từ các điều kiện ban đầu bằng cách giải phương trình (11) với điều kiện ban đầu là  $i(s_0) = i_0$ .

Tiếp tục, ta có thể sử dụng r là biến độc lập và biểu diễn s theo r:

$$s(r) = s_0 e^{-\lambda(r-r_0)} \tag{12a}$$

Phương trình (12a) có thể thay thành phương trình:

$$\frac{di}{dr} = \frac{\beta s - \gamma}{\gamma} = \lambda s - 1 \tag{12b}$$

Do đó:  $\frac{di}{dr} = \lambda s_0 e^{-\lambda(r-r_0)} - 1$  (12c)

Khi đó:

$$i(r) = i_0 + s_0 \left\{ 1 - e^{-\lambda(r-r_0)} \right\} - (r - r_0) \tag{13a}$$

$$i(r) = 1 - r - s_0 e^{-\lambda(r-r_0)} \tag{13b}$$

Nếu có rất ít người lây nhiễm, nhóm I trở thành phần rất nhỏ của dân số, do đó  $s + r \approx 1$ . Ngoài ra, đỉnh lây nhiễm xảy ra khi  $\frac{di}{dr} = 0$ , thời điểm mà nhóm I là lớn nhất, giả sử I

lớn nhất tại thời điểm  $t = t_1$ . Ta viết lại phương trình lây nhiễm như sau:

$$\beta s(t_1)i(t_1) = \gamma(t_1)i(t_1) \tag{14a}$$

$$\beta s(t_1) = \gamma \tag{14b}$$

$$s(t_1) = \frac{\gamma}{\beta} = \frac{1}{\lambda} \tag{14c}$$

Do đó, giá trị của  $\lambda$  càng thấp thì số những người vào nhóm R càng cao lên. Điều này có nghĩa là tỷ lệ loại bỏ sẽ thay thế tỷ lệ cá nhân vào nhóm I.

Khi  $\lambda < 1, \gamma > \beta$ . Điều này cho thấy rằng đường cong  $s(t)$  sẽ giảm, đường cong  $r(t)$  sẽ tăng lên. Khi  $\lambda = 1$ , tỷ số  $s(t)$  và  $r(t)$  bằng nhau và sẽ nghịch biến sau điểm bằng nhau. Khi  $\lambda < 1$ , tỉ số  $s(t)$  lớn hơn  $r(t)$ . Điều này cho thấy giá trị  $i(t)$  đang tăng lên khi tỷ lệ lây nhiễm,  $\beta$ , lớn hơn tỷ lệ loại bỏ,  $\gamma$ . Điểm uốn xảy ra ở đường cong  $i(t)$  tại  $t_{max} = t_1$  minh họa tỷ lệ giữa các đường cong  $s(t)$  và  $r(t)$ . Giá trị  $\lambda$  giảm, cho thấy giá trị  $\beta$  thấp; ngụ ý thành viên trong nhóm I giảm và đường cong  $i(t)$  giảm dần. Giá trị của các điểm uốn được tìm bằng đạo hàm cấp 2 của  $s$  với  $t$ :

$$\frac{d^2s}{dt^2} = -\beta \frac{d}{dt} [si] \tag{15}$$

### 2.2. Mô hình SEIR

Trên thực tế, có nhiều người bị nhiễm bệnh nhưng không biểu hiện triệu chứng. Do vậy, mô hình SEIR là mô hình mở rộng của mô hình SIR, bổ sung thêm những trường hợp nhiễm bệnh không triệu chứng. Trong mô hình SEIR, dân số được chia thành 4 nhóm, dựa theo trạng thái đối với bệnh [10]: 1) những người có khả năng mắc bệnh (Susceptible); 2) những người đang nhiễm bệnh, nhưng không có triệu chứng (Exposed); 3) những người đang nhiễm bệnh và có thể lây cho người khác (Infected); và 4) những người không còn khả năng mắc bệnh, bao gồm hồi phục và đã chết (Removed hay Recovered). Trong mô hình này, trạng thái của một người chỉ có thể chuyển từ S sang E, E sang I, hoặc từ I sang R. Các hệ phương trình của mô hình SEIR như sau:

$$\frac{ds}{dt} = -\rho\beta si \tag{16}$$

$$\frac{de}{dt} = \rho\beta si - ae \tag{17}$$

$$\frac{di}{dt} = ae - \gamma i \tag{18}$$

$$\frac{dr}{dt} = \gamma i \tag{19}$$

trong đó, các tham số được định nghĩa như [9]:

$\alpha$ : tỉ lệ ủ bệnh từ nhóm phơi nhiễm sang nhóm nhiễm bệnh,

$\beta$ : tỉ lệ nhiễm bệnh,

$\gamma$ : tỉ lệ bình phục từ nhóm nhiễm bệnh sang nhóm phục hồi,

$\rho$ : tốc độ lan truyền ( $0 \leq \rho < 1$ ).

Tất cả các phương trình trên đều xét trong giả thiết dân số là không đổi. Nghiên cứu này sử dụng mô hình SEIR kết hợp với hàm Lambert W [11], là hàm ngược của hàm:

$$W(z)e^{W(z)} = z \tag{20}$$

Hàm Lambert W mặc dù được định nghĩa như một hàm sơ cấp nhưng nó có rất nhiều ứng dụng trong nhiều lĩnh vực khác nhau, từ vật lý lượng tử, hóa học, khoa học vật liệu đến việc lây lan dịch bệnh trong dịch tễ học. Corless và các cộng sự đã đưa ra bài báo sử dụng hàm Lambert W để nghiên cứu, khảo sát các dịch bệnh [11]. Giả sử trong quần thể  $n$  người, mỗi người có thể tiếp xúc với  $\alpha$  người bất kỳ. Nếu bệnh được truyền từ người này qua người khác bằng tiếp xúc và giả sử  $\gamma$  là tỉ lệ nhiễm bệnh thì số người nhiễm bệnh là  $\gamma n$  khi  $n$  đủ lớn, ở đó:  $\gamma = 1 - e^{-\alpha\gamma}$  (21)

Công thức này có thể áp dụng với các trường hợp  $\alpha$  là một số nguyên cố định,  $\alpha$  không cố định hay  $\alpha$  không nguyên. Viết lại công thức trên, ta thu được kết quả sau:

$$\alpha e^\alpha = \alpha(1 - \gamma)e^{\alpha(1-\gamma)} \tag{22a}$$

$$\text{Ta xác định được: } \gamma = 1 - T \frac{(\alpha e^{-\alpha})}{\alpha} = 1 - W \frac{(\alpha e^{-\alpha})}{\alpha} \tag{22b}$$

trong đó  $\alpha \geq 1$ ,  $T$  là hàm cây và  $W$  là hàm Lambert W [11].

### 3. KẾT QUẢ

Tất cả các biểu đồ bên dưới là kết quả của mô hình SIR, SEIR dựa trên số liệu COVID-19 tại Hà Nội trong thời gian từ ngày 01/12/2021 đến 28/02/2022 bằng cách giải các hệ phương trình vi phân bằng phần mềm Microsoft Excel. Mở đầu, là biểu đồ tổng quan dịch bệnh COVID-19 tại Hà Nội, bao gồm số ca nhiễm bệnh, số ca khỏi bệnh và đường cong nguy cơ dịch bệnh trong 200 ngày kể từ ngày 01/12/2021 (hình 1). Ở hình 2 ÷ 5, đường cong liên màu đỏ biểu diễn số người nhiễm bệnh dự đoán, đường cong liên màu xanh biểu diễn số người khỏi bệnh dự đoán còn đường cong đứt màu đỏ biểu diễn số người nhiễm bệnh thực tế và đường cong đứt màu xanh biểu diễn số người khỏi bệnh thực tế tại Hà Nội.

#### 3.1. Mô hình SIR

Dân số Hà Nội hiện nay khoảng 8 triệu dân và các số liệu ban đầu là:

$S_0 = 7.980.044$  (số người có khả năng bị nhiễm tại Hà Nội vào 01/12/2021)

$I_0 = 11.087$  (số người bị nhiễm bệnh tại Hà Nội vào 01/12/2021)

$R_0 = 8.869$  (số người khỏi bệnh tại Hà Nội vào 01/12/2021)

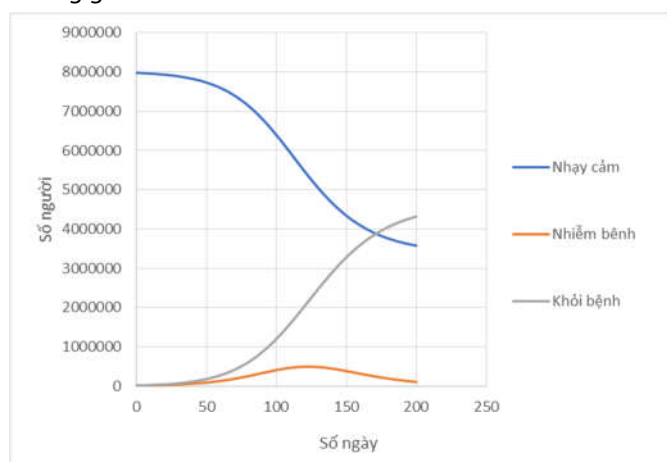
Bảng 1. Các tham số của mô hình SIR sử dụng cho hình 1,2.

Số ngày	Tham số	Ước tính	Sai số	t	P
200	$\beta$	0,135	0,0067	27,41	$2,61.10^{-48}$
	$\gamma$	0,0909	0,0070	10,07	$6,97.10^{-17}$

Trong mô hình SIR, các tham số theo thời gian được nghiên cứu xây dựng theo [12]. Với trường hợp dịch Covid-

19 tại Hà Nội, tham số  $\beta$  được ước tính là 0,135 và tham số  $\gamma$  được ước tính là 0,0909 để khớp với số người bị bệnh và khỏi bệnh ban đầu (bảng 1).

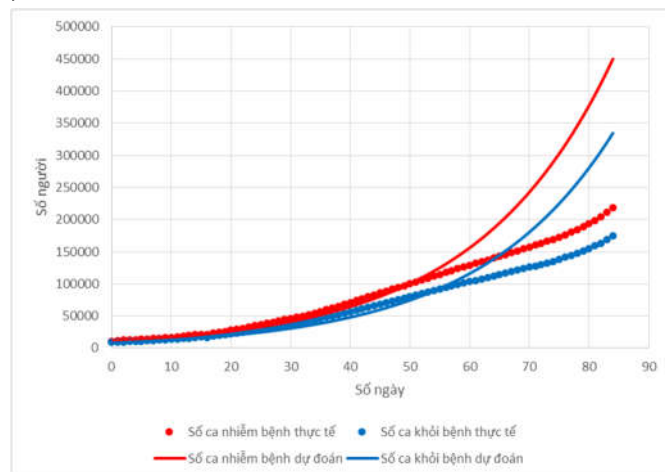
Bằng cách sử dụng Microsoft Excel, ta có mô hình SIR như hình 1, tổng quan tình hình dịch bệnh tại Hà Nội trong 200 ngày kể từ ngày 01/12/2021. Trong mô hình này, đường màu xanh biểu diễn số người có khả năng bị bệnh, đường màu đỏ biểu diễn số người bị bệnh và đường màu xám biểu diễn số người khỏi bệnh. Từ tháng 5/2021, Hà Nội bắt đầu triển khai tiêm vắc xin COVID-19 mũi đầu tiên cho cộng đồng. Đến 23/11/2021, Hà Nội bắt đầu triển khai tiêm mũi vắc xin đầu tiên cho trẻ em từ 12-17 tuổi và đến ngày 28/02/2022, Hà Nội đã tiêm 16 triệu liều vắc xin, 99% dân số trên 18 tuổi đã được tiêm ít nhất 1 liều, tỉ lệ tiêm chủng vắc xin phân bổ là 130% [8]. Chính vì tỉ lệ tiêm chủng diện rộng cao nên đường cong dịch bệnh COVID-19 tại Hà Nội khá phẳng. Tuy nhiên, do từ 8/02/2022, Hà Nội chính thức mở cửa trường học, đón các học sinh từ lớp 7 đến lớp 12 học trực tiếp tại trường, nên mở ra một đợt dịch mới, số lượng ca mắc COVID-19 tăng cao mỗi ngày, kể từ ngày 15/02/2022, số ca mắc COVID-19 trung bình mỗi ngày tại Hà Nội đạt 7.000 đến 10.000 ca. Mô hình SIR này mô phỏng và dự đoán làn sóng dịch này tại Hà Nội sẽ đạt đỉnh tại ngày 120 kể từ ngày 1/12/2021, tức là sẽ đạt đỉnh vào khoảng cuối tháng 3/2022, nâng tổng số ca mắc từ trước đến nay lên 490.000 ca. Từ ngày 121 đến ngày 200, dịch có xu hướng giảm dần.



Hình 1. Mô hình SIR dự đoán tổng quan số người có khả năng nhiễm bệnh, số người nhiễm bệnh và khỏi bệnh trong 200 ngày kể từ 01/12/2021 tại Hà Nội

Nhìn vào mô hình SIR (hình 2) biểu diễn tình hình dịch bệnh trong 90 ngày kể từ 01/12/2021 đến 28/02/2022, ta thấy đường cong dự đoán số ca nhiễm bệnh và khỏi bệnh trong 50 ngày đầu tính toán chính xác với số ca thực tế tương ứng. Nhưng sau đó, kể từ ngày 50 đến ngày 90, đường cong dự đoán không còn chính xác với số lượng ca thực tế nữa, cụ thể đến ngày 90, số ca nhiễm bệnh dự đoán (561.080 ca) vượt quá cao so với số ca nhiễm bệnh thực tế (272.404 ca), số ca khỏi bệnh dự đoán (417.188 ca) vượt quá cao so với số ca khỏi bệnh thực tế (217.923 ca). Tại thời điểm này, số ca dự đoán gần như gấp đôi (200%) số ca thực tế. Như vậy, mô hình SIR chỉ dự đoán chính xác xu hướng

dịch bệnh trong khoảng thời gian ngắn, còn trong khoảng thời gian dài sẽ không chính xác nữa. Vì thực tế có nhiều ca mắc bệnh nhưng không có triệu chứng, mô hình SIR không xét đến đối tượng này. Hơn nữa, trong khoảng thời gian dài, sẽ có nhiều tác động khách quan như có nhiều chính sách công được thực hiện hoặc do sự phát triển của dịch vụ y tế, dịch bệnh sẽ được kiểm soát tốt hơn.



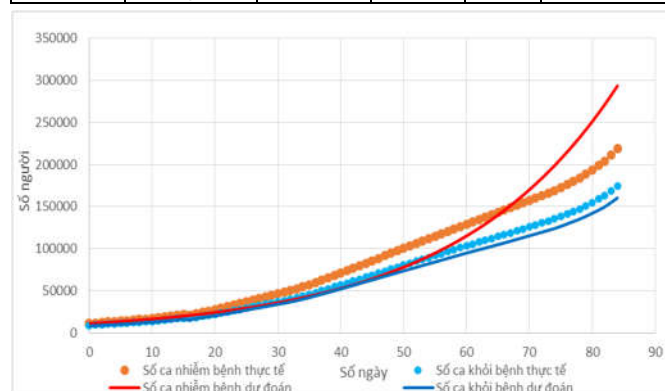
Hình 2. Mô hình SIR dự đoán số ca nhiễm bệnh và khỏi bệnh tại Hà Nội trong 90 ngày kể từ 01/12/2021 đến 28/02/2022

### 3.2. Mô hình SEIR

Đối với mô hình SEIR, ta giả sử  $\rho = 1$ , các tham số ước tính là  $\alpha = 0,030$ ,  $\beta = 0,28$ ,  $\gamma = 0,0045$  (theo bảng 2).

Bảng 2. Các tham số của mô hình SEIR sử dụng cho hình 3

Số ngày	Tham số	Ước tính	Sai số	t	P
90	$\alpha$	0,030	0,0024	12,34	$9,84.10^{-22}$
	$\beta$	0,28	0,026	10,68	$3,54.10^{-18}$
	$\gamma$	0,045	0,0023	19,43	$1,47.10^{-35}$



Hình 3. Mô hình SEIR dự đoán số ca nhiễm bệnh và khỏi bệnh tại Hà Nội trong 90 ngày kể từ 01/12/2021 đến 28/02/2022

Ở mô hình SEIR (hình 3), đường cong dự đoán số ca nhiễm bệnh chính xác trong 70 ngày đầu tiên. Từ ngày 71 đến ngày 90, số ca nhiễm bệnh dự đoán vượt quá số ca nhiễm bệnh thực tế, cụ thể vào ngày 90, số ca nhiễm bệnh dự đoán là 356657 ca, trong khi số ca nhiễm bệnh thực tế là 272.404 ca, vượt 84.253 ca (vượt khoảng 30%). Trong khi đó, đường cong dự đoán số ca khỏi bệnh khá chính xác với

số ca khỏi bệnh thực tế trong suốt 90 ngày, cụ thể vào ngày 90, số ca khỏi bệnh dự đoán là 199.759 ca, trong khi số ca khỏi bệnh thực tế là 217.923 ca, thấp hơn thực tế 18.164 ca (khoảng 8%). Như vậy, mô hình SEIR biểu diễn chính xác hơn xu hướng dịch bệnh so với mô hình SIR.

#### 4. THẢO LUẬN

Để giảm sự lây lan của bệnh, chúng ta cần thực hiện cách ly xã hội, bao gồm cô lập, cấm tụ tập đông người hoặc ra lệnh giãn cách xã hội. Việc thực hiện giãn cách xã hội càng sớm thì tỷ lệ tiếp xúc giữa người với người càng giảm, do đó giảm tỷ lệ lây nhiễm, sẽ làm phẳng đường cong dịch bệnh. Các mô hình cũng chỉ ra rằng, nếu các biện pháp giãn cách xã hội bị dừng lại, dịch bệnh sẽ bùng phát trở lại. Trong nghiên cứu này, mô hình SIR cho thấy ban đầu nó rất thích hợp để làm mô hình lây lan dịch bệnh, nhưng thời gian càng dài thì nó sẽ càng khác xa so với số liệu thực tế. Các giá trị của  $\beta$ , cùng với độ tin cậy của dữ liệu đóng một vai trò quan trọng trong việc xây dựng mô hình. Nhưng để mô hình mô phỏng dịch tốt, chúng ta cần điều chỉnh các giá trị  $\beta$ ,  $\gamma$  thay đổi theo thời gian. Mô hình SEIR được bổ sung thêm các cá thể bị nhiễm bệnh nhưng không có triệu chứng, việc đó đã làm cho đường cong dịch bệnh chính xác hơn [3].

#### 5. KẾT LUẬN

Các mô hình SIR và SEIR được trình bày trong nghiên cứu này đều có khả năng ứng dụng tốt nhưng không hoàn hảo. Vì tất cả các phương trình đều được giả định trong các điều kiện lí tưởng (như tổng dân số không đổi, tỉ lệ tiếp xúc, nhiễm bệnh, khỏi bệnh không đổi) nên sẽ không phản ánh chính xác thực tế. Thực tế, tất cả các dữ liệu đều thay đổi hàng ngày và nhu cầu cập nhật thông tin liên tục là rất cần thiết, như vậy cần xây dựng mô hình động, hơn là mô hình tĩnh [13]. Vì vậy, việc thu thập dữ liệu cũng cần được chú ý và phát triển, để có thể đưa ra các tham số hiệu chỉnh chính xác. Tức là cần phải nghĩ ra một phương pháp để ước lượng chính xác các tham số của các mô hình toán học này, để tái tạo dữ liệu, từ đó có thể phản ánh đúng thực tế. Tuy nhiên, nếu xét trong khoảng thời gian ngắn thì kết quả vẫn phản ánh tốt. Kết quả nghiên cứu này có thể áp dụng để nhận biết xu hướng dịch bệnh tại các vùng miền khác trên Việt Nam trong khoảng thời gian ngắn, hoặc cũng có thể áp dụng cho các chủng virus mới như Delta hay Omicron.

[5]. W.O. Kermack, A.G. McKendrick, 1927. *A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics*. Roy. Soc. 700–721, <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>.

[6]. M. Rojas, Y. Rodríguez, D.M. Monsalve, Y. Acosta-Ampudia, B. Camacho, J.E. Gallo, A. Rojas-Villarraga, C. Ramírez-Santana, J.C. Díaz-Coronado, R. Manrique, R.D. Mantilla, Y. Shoenfeld, J.M. Anaya, 2020. *Convalescent plasma in Covid-19: Possible mechanisms of action*. *Autoimmunity Rev.* 19 (7) 102554, <https://doi.org/10.1016/j.autrev.2020.102554>.

[7]. H.A. Rothan, S.N. Byrareddy, 2020. *The epidemiology and pathogenesis of coronavirus disease (COVID-19) outbreak*. *J. Autoimmunity* 109, 102433, <https://doi.org/10.1016/j.jaut.2020.102433>.

[8]. <https://tiemchungcovid19.gov.vn/portal>

[9]. J.M. Carcione, et al., 2020. *A Simulation of a COVID-19 Epidemic Based on a Deterministic SEIR Model*. *Front. Public Health* 8, <https://doi.org/10.3389/fpubh.2020.00230>

[10]. C. Mills, J. Robins, M. Lipsitch, 2004. *Transmissibility of 1918 pandemic influenza*. *Nature* 432 (7019) 904–906, <https://doi.org/10.1038/nature03063>.

[11]. A. Comunian, R. Gaburro, M. Giudici, 2020. *Inversion of a SIR-based model: A critical analysis about the application to COVID-19 epidemic*. in: Elsevier Public Health Emergency Collection, *Physica D: Nonlinear Phenomena*. doi: 10.1016/j.physd.2020.132674. url: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7419377/>.

[12]. R.M. Corless, D.J. Jeffrey, 2002. *The Wright x function. Artificial intelligence, automated reasoning, and symbolic computation*. Springer, Berlin, Heidelberg, pp. 76–89.

[13]. D. Calvetti, A.P. Hoover, J. Rose, E. Somersalo, 2020. *Network Models for Understanding, Predicting, and Managing the Coronavirus Disease COVID-19*. *Front. Phys.* 8, <https://doi.org/10.3389/fphy.2020.00261/full>.

#### AUTHOR INFORMATION

##### Le Thi Huong Giang

Faculty of Basic Sciences, Hanoi University of Mining and Geology

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

[1]. [ncsc.gov.vn](http://ncsc.gov.vn)

[2]. <https://nguyenvantuan.info/tag/mo-hinh-sir/>

[3]. E. Weisstein, 1927. *Kermack-McKendrick Model*. url: <https://mathworld.wolfram.com/Kermack-McKendrickModel.html>.

[4]. B. Jester, T. Uyeki, D. Jernigan, 2018. *Readiness for Responding to a Severe Pandemic 100 Years After 1918*. *Am. J. Epidemiol.*, <https://doi.org/10.1093/aje/kwy165>.