

Пандемия COVID-19: анализ возможных сценариев развития эпидемии заболевания в России

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2020

УДК 614.446

<https://doi.org/10.35825/2587-5728-2020-4-2-116-130>

С.В. Борисевич, Т.Е. Сизикова, В.Н. Лебедев

Федеральное государственное бюджетное учреждение
«48 Центральный научно-исследовательский институт»
Министерства обороны Российской Федерации,
141306, Российская Федерация, г. Сергиев Посад, ул. Октябрьская, д. 11

Поступила 20.05.2020 г. Принята к публикации 08.06.2020 г.

Пандемия COVID-19 поставила перед мировым здравоохранением множество вопросов, ответы на которые можно дать только в ходе ее тщательного изучения. В начальном периоде пандемии (первые числа января 2020 г.) она рассматривалась как локальная вспышка эмерджентной коронавирусной инфекции с неустановленной возможностью передачи от человека к человеку. Однако уже 11 марта 2020 г. ВОЗ объявила пандемию COVID-19. Цель работы – анализ возможных сценариев развития эпидемии заболевания в России. Заражение COVID-19 происходит, в основном, на ранней стадии болезни, когда больные еще не диагностированы. Это обстоятельство является кардинальным отличием COVID-19 от SARS и MERS, при которых больные становятся заразными уже после проявления признаков заболевания. На основании изучения динамики изменения ряда эпидемиологических характеристик проведено сравнение эпидемии в России с эпидемиями в КНР, Италии, Германии и США. Сделан вывод о том, что эпидемия COVID-19 в России отличается тем, что ее эпицентром в России стал столичный регион (Москва и Московская область), являющийся крупнейшим центром транспортных коммуникаций. Рассмотрены варианты развития эпидемии в России в зависимости от интенсивности проводимых противоэпидемических мероприятий. Для описания распространения эпидемии была использована модель SIR (англ. Susceptible Infected Recovered – уязвимые, зараженные, выздоравливающие), предложенная шотландскими эпидемиологами Кермаком и Маккендриком (W.O. Kermack, A.G. McKendrick). Полученные данные позволяют ориентировочно определить дату окончания активной фазы эпидемии COVID-19 (после которой возможна регистрация лишь ограниченного количества случаев заболевания, которое не превосходит пороговое значение). Данная дата наступает приблизительно через 6 нед. после завершения фазы выхода эпидемии на плато. Начало фазы выхода на плато эпидемии COVID-19 – первые числа мая 2020 г., схода с плато – середина июня 2020 г. Ориентировочный срок завершения эпидемии – 8–25 августа 2020 г.; общее количество лиц с подтвержденным диагнозом заболевания составит 991–1122 тыс. человек.

Ключевые слова: COVID-19; заболеваемость; пандемия; противоэпидемические мероприятия; сценарии развития эпидемии; эпидемические характеристики.

Библиографическое описание: Борисевич С.В., Сизикова Т.Е., Лебедев В.Н. Пандемия COVID-19: анализ возможных сценариев развития эпидемии заболевания в России // Вестник войск РХБ защиты. 2020. Т. 4. № 2. С. 116–130. <https://doi.org/10.35825/2587-5728-2020-4-2-116-130>

31 декабря 2019 г. власти КНР сообщили ВОЗ о вспышке нового заболевания в г. Ухань – седьмом по численности населения (более

11 млн человек) городе КНР, расположенном в центральной части страны. Он является крупным транспортным узлом, через который

проходят многие маршруты внутренних и международных пассажиропотоков¹ [1].

В начале вспышки COVID-19 рассматривался как эмерджентная коронавирусная инфекция с неустановленной возможностью передачи от человека к человеку. Однако уже 11 марта 2020 г., т.е. через 2 месяца после резкого расширения ареала распространения заболевания, охватившего свыше 200 стран, ВОЗ объявила пандемию COVID-19, оказавшую огромное влияние буквально на все сферы деятельности человечества.

Цель работы – анализ возможных сценариев развития эпидемии заболевания в России.

Первые случаи заболевания COVID-19 в РФ были зарегистрированы 31 января 2020 г. в Тюмени и Чите. Заболевшими были граждане КНР, дальнейшего распространения заболевания отмечено не было. Поэтому датой начала вспышки COVID-19 в России следует считать 2 марта 2020 г., когда в Москве были выявлены случаи заболеваний граждан РФ, вернувшихся из зарубежных туристических поездок в то время, когда вспышка COVID-19 находилась там в экспоненциальной стадии.

Вспышка в России началась на 1,5 месяца позже, чем в США, и на 1 месяц позже, чем в Италии и Германии. Необходимо отметить, что в тех условиях, когда заболевание распространилось практически на все части света (кроме Антарктиды), эффективно препятствовать его проникновению в Россию было практически невозможно. В распространении вспышки COVID-19 в России сыграли свою роль следующие факторы^{2,3}:

- возможность варьирования длительности инкубационного периода (от 2 до 20 суток);
- большое число бессимптомных форм заболевания, при которых, однако, возможна передача возбудителя от инфицированных людей здоровым. В России около 50 % заболевших не имеют никаких клинических проявлений, или же имеют минимальные⁴.

При анализе возможных сценариев развития эпидемии COVID-19 в России представлялось целесообразным рассмотреть динамику развития и эпидемические характеристики заболевания в ряде стран, столкнув-

шихся с новой эмерджентной коронавирусной инфекцией ранее России, в которых заболевание достигло значительных масштабов. В качестве таких стран рассмотрены КНР как исходный центр развившейся пандемии, Италия как страна в которой показатель летальности среди заболевших COVID-19 был максимальным по сравнению с другими европейскими странами, Германия как страна ЕС с наиболее развитым уровнем общественного здравоохранения, а также США, которые по основному эпидемическому показателю, характеризующему вспышку – количеству заболеваний, в том числе и завершившихся летальным исходом, занимают первое место в мире с большим отрывом от других стран.

При проведении количественной оценки динамики развития и эпидемических характеристик COVID-19 в России и других странах использованы следующие показатели:

N_i – интегральная величина количества случаев заболевания на i -е сутки после начала вспышки, рассчитывают по формуле:

$$N_i = \Delta_1 + \Delta_2 + \Delta_3 + \dots \Delta_i, \quad (1)$$

где Δ_i – прирост количества заболевших на i -е сутки после начала вспышки, рассчитывают по формуле:

$$\Delta_i = N_i - N_{i-1}, \quad (2)$$

N_{i-1} – интегральная величина количества выявленных случаев заболевания на предшествующий день;

R_i – количество выздоровевших на i -е сутки после начала вспышки;

D_i – интегральная величина количества случаев заболевания на i -е сутки после начала вспышки, завершившихся летальным исходом;

ΔD_i – количество умерших от заболевания на i -е сутки после начала вспышки;

DI – коэффициент прироста интегральной величины выявленных случаев заболевания, рассчитывают по формуле:

$$DI = N_i / N_{i-1}. \quad (3)$$

¹ Shih, Gerry; Sun, Lena H. (8 January 2020). Specter of possible new virus emerging from central China raises alarms across Asia // Washington Post. Archived from the original on 8 January 2020 (дата обращения: 09.01.2020).

² Урманцева А. Нулевой пациент, вероятно, появился в октябре 2018 г. // Известия. 10.04.2020. URL: <https://iz.ru/997856/anna-urmantceva/nulevoi-pacient-veroiatno-poiavilsia-v-oktiabre-2019-goda> (дата обращения: 19.05.2020).

³ Нодельман В. Бессимптомников до 50% и они могут распространять вирус // Известия. 10.04.2020. URL: <https://iz.ru/994913/valeriia-nodelman/bessimptomnikov-do-50-i-oni-mogut-rasprostraniat-virus> (дата обращения: 19.05.2020).

⁴ Число бессимптомных случаев коронавируса в РФ увеличилось до 50% // Интерфакс. 17.04.2020. URL: <https://www.interfax.ru/russia/704738> (дата обращения: 19.05.2020).

Таблица 1 – Показатели, характеризующие динамику развития вспышки COVID-19 в КНР, Италии, Германии, США и России

Показатель	Количество больных в странах ..., чел.				
	КНР	Италия	Германия	США	Россия
Дата начала вспышки	01.12.2019	31.01.2020	27.01.2020	15.01.2020	02.03.2020
t_0 ($N_i \approx 100$)	18.01.2020 (87)	22.02.2020 (79)	01.03.2020 (117)	04.03.2020 (111)	17.03.2020 (114)
N_{t_0+5}	544	660	639	645	367
N_{t_0+10}	2882	2036	1567	2825	1036
N_{t_0+15}	11871	5883	6012	12022	2777
N_{t_0+20}	30553	15113	16662	55690	6343
N_{t_0+25}	44321	31506	36508	140223	13584
N_{t_0+30}	70446	59138	61913	273808	27938
N_{t_0+35}	75472	86498	91714	425746	52736
N_{t_0+40}	78065	110574	113525	578171	80949
N_{t_0+45}	79826	132547	127584	724705	114431
N_{t_0+50}	80735	152271	141602	862605	165929
N на 15.05.2020	82929	323096	174909	1450496	272043

Примечание.
 1. t_0 – дата достижения отметки «≈100 больных» в каждой конкретной стране.
 2. N_{t_0+5} – количество лиц с подтвержденным диагнозом COVID-19 через 5 суток после даты t_0 .

Проанализированы следующие фазы развития эпидемического процесса:

Экспоненциальная фаза. Для данной фазы:

$$\Delta_{i+1} > \Delta_i. \quad (4)$$

Различия $\Delta_{i+2} - \Delta_i$ статистически достоверны с вероятностью $P < 0,05$.

Фаза выхода на плато. Для данной фазы: при проведении ранжирования величин Δ_i от $\Delta_{\min}$ (минимальное значение) до $\Delta_{\max}$ (максимальное значение) при любом значении величины i из интервала, определяющего продолжительность данной фазы, величины $\Delta_{\min}$ и $\Delta_{\max}$ не являются выскакивающими с вероятностью $P < 0,05$.

Фаза 1 схода с плато. Для данной фазы:

$$\Delta_{i+2} < \Delta_i$$

$$\{(\Delta R_i + \Delta D_i) / \Delta_i\} < 1,0. \quad (5)$$

Фаза 2 схода с плато. Для данной фазы:

$$\Delta_{i+1} < \Delta_i$$

$$\{(\Delta R_i + \Delta D_i) / \Delta_i\} > 1,0. \quad (6)$$

На первом этапе нами проведено сравнение динамики развития вспышки COVID-19 в КНР (как страны, в которой эпидемия уже завершилась), Италии, Германии, США и России. Для этого мы проанализировали изменение количества лиц с подтвержденным диагнозом COVID-19 в пятидневные интервалы после до-

стижения отметки «≈100 больных» в каждой конкретной стране. Полученные данные представлены в таблице 1.

Как следует из представленных данных, наибольший уровень схождения (в течение всего 50-суточного периода после достижения отметки «≈100 больных») динамики развития вспышки COVID-19 отмечен в Италии и Германии. Вплоть до времени t_0+15 суток отмечены близкие показатели динамики вспышки в КНР и США, однако после данного периода в КНР проходит постепенная стабилизация, а в США – стремительный рост показателя N_i .

Для России отмечена своя собственная, трудно сопоставимая с любой другой из рассматриваемых нами стран, динамика развития вспышки COVID-19. Вплоть до периода t_0+30 суток количество инфицированных в разы меньше, чем в любой другой из рассматриваемых стран. Однако затем наблюдается резкое увеличение показателя N_i , темпы которого являются сопоставимыми с наблюдаемыми в США.

Основной проблемой при определении величины N_i является то, что выявленное по результатам проведения диагностики количество случаев инфицирования лишь в какой-то степени отражает их общее количество.

При проведении диагностики заболевания с последующим определением масштаба вспышки возможно использование следующих методических подходов:

- проведение тестирования только лиц с выраженными признаками заболевания⁵;
- тестирование лиц с выраженными признаками заболевания и всех контактировавших с ними;
- тестирование всего круга лиц, контактировавших с носителями вируса SARS-CoV-2, независимо от степени выраженности симптомов заболевания;
- тестирование репрезентативной выборки для определения уровня распространения заболевания.

При использовании первых трех перечисленных выше подходов при тестировании проводят выявление геномной РНК вируса, в последнем тесте проводят выявление специфических антител к возбудителю заболевания.

Возможным подходом для корректного определения величины N_i является использование для расчетов показателя D_i , объективность определения которого существенно выше.

Однако для проведения корректного определения величины N_i по показателю D_i необходимо знание величины показателя летальности заболевания, который в настоящее время для COVID-19 еще в точности не установлен. Более того, существующие на настоящее время данные указывают на то, что показатель летальности COVID-19 значительно варьирует для различных стран. Так, по состоянию на 10 мая 2020 г. в России и Италии выявлено сопоставимое количество заболевших COVID-19 (221344 и 229070 соответственно). Однако количество погибших в Италии (30560) примерно в 15 (!) раз выше, чем в России (2009).

Возможные причины этого могут быть следующие.

Одним из факторов, обуславливающих высокую летальность, является возраст больных. По показателю среднего возраста населения Италия занимает первое место в Европе, примерно 23 % ее населения старше 65 лет. Имунная система пожилых людей часто осложнена такими заболеваниями, как рак и диабет, частота которых в данной возрастной группе существенно выше. Возможно, что именно это обстоятельство и определяет такой высокий уровень летальности среди заболевших COVID-19 в Италии.

Другой возможной причиной высокого уровня летальности является высокая концентрация больных людей в одном регионе. Во время эпидемии в КНР уровень летальности в целом по стране составлял 0,7 %, в то время как в Ухане – 5,8 %. Данное обстоятельство оказывает влияние вследствие перегрузки региональной системы здравоохранения и связанной с ней проблемой оказания квалифицированной медицинской помощи всем заболевшим. Однако в этой связи следует отметить наличие и в Италии (север страны), и в России (Москва и Московская область) регионов с высокой концентрацией больных COVID-19.

Следует отметить, что уровень летальности будет существенно меняться в зависимости от регистрации (или отсутствия регистрации) заболеваний, протекающих в легкой форме, т.е. от объема тестирования. В ряде стран объем тестирования является недостаточным, что влечет за собой повышение показателя летальности⁶.

Различия по показателю летальности заболевания в различных регионах можно объяснить за счет различий циркулирующих в них штаммов возбудителя по вирулентности для человека. Для вируса SARS-CoV-2 выявлена более вирулентная для человека линия L, и менее вирулентная линия S, являющаяся ее предком. Полногеномное секвенирование показало, что геномы данных линий различаются заменами в позициях 8782 (ген ORF-1A) и 28144 (ген ORF-8). Замена в позиции 8782 (линия S-T, линия L-C) является синонимической. Замена в позиции 28144 (линия S-C, линия L-T) приводит к замене серина (для линии S) в позиции 84 аминокислотной последовательности белка, кодируемого геном ORF-8, на лейцин (для линии L)⁷. Однако поскольку вирус SARS-CoV-2, вызвавший эпидемию в России, проник из Италии, возможное объяснение несопоставимости показателя летальности среди заболевших в России и Италии только за счет различий циркулирующих в них штаммов возбудителя представляется неубедительным.

Характер проводимых противоэпидемических мероприятий, в том числе режим самоизоляции, достаточно схож в России и Италии. Так, принятые в Италии карантинные меры включали:

⁵ Special report Italy and South Korea virus outbreaks reveal disparity in deaths and tactics // Reuters 13.03.2020. URL: <https://www.reuters.com/article/us-health-coronavirus-response-specialre/italy-and-south-korea-virus-outbreaks-reveal-disparity-in-deaths-and-tactics-idUSKBN20Z27P> (дата обращения: 30.03.2020).

⁶ Why are death from coronavirus so high in Italy? URL: <https://www.livescience.com/Why-Italy-coronavirus-death-so-high.html> (дата обращения: 10.05.2020).

⁷ On the origin and evolution of SARS-CoV-2 / X. Tang, C. Wu, X. Li et al. URL: <https://academic.oup.com/nsr/advance-article-abstract/doi/10.1093/nsr/nwaa038/57775463> (дата обращения: 09.03.2020).

- ограничение передвижения при сохранении возможности возвращения на место постоянного проживания;

- бары и рестораны после 18:00 должны быть закрыты, в дневное время находящиеся там люди должны соблюдать социальную дистанцию 1 м;

- при повышении температуры тела выше 37,5 °C выход из дома был строго запрещен⁶.

При поиске возможных причин различий по уровню летальности необходимо иметь в виду, что разные этнические группы могут иметь неодинаковую чувствительность к SARS-CoV-2 и различия в симптоматике COVID-19, вследствие различного количества рецепторов ACE2 на поверхности пневмоцитов II типа, энтероцитов кишечника и сосудистого эпителия других органов [2].

В инициации тяжелой легочной инфекции, вызванной вирусом SARS-CoV-2, играют роль не только свойства возбудителя заболевания, но и наличие в популяции носителей специфических аллелей генов, в первую очередь аллели гена фактора некроза опухолей – TNF2, транскрипционный активатор которого способствует увеличению повышенного синтеза макрофагами фактора некроза опухолей, накопление которого в легочной ткани приводит к ее некрозу⁸.

Возможно, что представители разных этносов имеют неодинаковую частоту встречаемости указанной аллели гена TNF2, что будет обуславливать их различную восприимчивость к COVID-19.

С нашей точки зрения, следует проанализировать предположение о том, что у лиц, ранее перенесших заболевание, вызванное коронавирусами HCoV-OC43 и/или HCoV-229E (род *Alphacoronavirus*), COVID-19 может проходить в более легкой форме. При доле коронавирусных инфекций (15 %) в общем спектре острых респираторных вирусных инфекций (ОРВИ), вероятность того, что человек, 10 раз заболевший ОРВИ на протяжении определенного временного интервала, хотя бы один раз перенес коронавирусную инфекцию, составляет $(1-0,85^{10}) \times 100 \% = 80 \%$. Не исключена возможность того, что в географических регионах, расположенных в более высоких широтах, в силу климатических особенностей частота коронавирусных инфекций и, в соответствии с этим, доля иммунной прослойки выше, чем в регионах, расположенных в более низких широтах.

В связи с тем, что все представленные выше предположения носят пока что сугубо гипотетиче-

ский характер, а также исходя из того, что показатель летальности среди заболевших для COVID-19 будет с необходимым уровнем точности определен только после завершения пандемии, можно сделать вывод о том, что показатель D_p , несмотря на объективность определения, не может быть использован для оценки масштаба эпидемии.

В связи с изложенным, при сравнении сценариев развития эпидемии COVID-19 в России и других странах главным образом использовали показатели DI и T_2 . Использование этих показателей предполагает, что анализу подвергается не вся чувствительная популяция в целом, но ее репрезентативная выборка.

Показатель DI позволяет отслеживать динамику развития эпидемической вспышки. При устойчивом снижении данного показателя в течение 4 и более суток можно приблизительно определить возможное время ликвидации вспышки (значение $DI - 1,00$).

При этом можно использовать эмпирически установленную формулу [3]:

$$DI_{(i)} = 1 + (DI_{(1)} - 1) / \sqrt{i}, \quad (7)$$

где $DI_{(1)}$ и $DI_{(i)}$ – значения показателя DI на первые и i -е сутки соответственно.

При использовании этой формулы, при задании фиксированных значений показателя $DI_{(i)}$, можно ориентировочно рассчитать время достижения данным показателем заданного значения по формуле:

$$i = [(DI_{(1)} - 1) / (DI_{(i)} - 1)]^2. \quad (8)$$

При этом за первый день отсчета следует брать дату, после которой отчетливо выявлена тенденция к снижению показателя DI .

Использование данного подхода наиболее эффективно при анализе данных, относящихся к фазе 2 схода с плато.

Нами проанализирована динамика изменения показателя DI в каждой из рассматриваемых стран. Полученные данные представлены в таблице 2.

Определение показателя T_2 имеет большое значение при проведении эпидемиологических исследований, так как с помощью данного показателя можно с высоким уровнем точности рассчитать параметр R_0 , являющийся важнейшей характеристикой инфекционного процесса.

Связь между R_0 и T_2 выражается формулой:

$$R_0 = [1 + (T_{II} / T_2) \ln 2] [1 + (T_E / T_2) \ln 2], \quad (9)$$

⁸ Роль отдельных аллелей генов в инфекционном процессе, в частности, роль гена TNF2 в тяжелом течении коронавирусной инфекции, обсуждалась в печати М.В. Супотницким в самом начале пандемии. См.: Комсомольская правда. 01.02.2020. URL: <https://www.kp.ru/daily/27086.5/4158238/> html (дата обращения: 10.03.2020).

Таблица 2 – Динамика изменения показателя DI в КНР, Италии, Германии, США и России

Диапазон DI	Продолжительность сохранения указанного диапазона DI при эпидемии COVID-19 в ...				
	КНР	Италии	Германии	США	России
>1,3	7	1	4	9	6
1,2-1,3	3	6	5	11	12
1,1-1,2	4	10	13	7	20
1,05-1,10	4	9	8	17	20
1,02-1,05	5	15	12	15	12.05.2020**
1,005-1,02	9	20	18	3	-
<1,005	33*	09.05.2020 г.**	09.05.2020 г.**	11.05.2020 г.**	-

Примечание.

Представлены данные, полученные при достижении показателем N_i значения > 1000.

* Величина определена по декларированной руководством государства дате завершения эпидемии (для КНР – 29.03.2020).

** Дата выхода показателя DI на определенный уровень.

**Таблица 3 – Расчет показателя R_0
(среднее число людей, заражаемых одним больным) в зависимости от величин T_i и T_2**

Показатель		
T_i	T_2	R_0
5	2	5,5
5	3	3,6
5	4	2,8
5	5	2,4
5	6	2,1
5	7	1,9
5	8	1,8
14	2	11,8
14	3	7,1
14	4	5,2
14	5	4,2
14	6	3,5
14	7	3,1
14	8	2,7

Примечание.

При проведении расчетов величину T_E принимали равной 3 суткам [4, 5].

где R_0 – базовое репродуктивное число инфекции (среднее число людей, заражаемых одним больным);

T_2 – время удвоения интегральной величины количества случаев заболевания, сутки;

T_i – продолжительность инкубационного периода, сутки;

T_E – продолжительность периода от заражения до способности инфицированного к трансмиссии возбудителя, сутки.

Расчет по данной формуле величины R_0 представлен в таблице 3.

При проведении расчетов использованы величины среднего значения T_i – 5 суток и максимального значения – 14 суток⁹.

Далее мы проанализировали изменение показателя T_2 в каждой из рассматриваемых стран при достижении показателем N_i определенной величины. Полученные данные представлены в таблице 4.

⁹ Lauer S.A. et al. Ann. Intern. Med. 2020 Mar 10. URL: https://www.prezent_24032020_avdeev.pdf (дата обращения: 10.05.2020).

Таблица 4 – Изменение показателя T_2 в КНР, Италии, Германии, США и России при росте числа лиц с подтвержденным диагнозом COVID-19

N_i	Изменение показателя T_2 при эпидемии COVID-19 в ...				
	КНР	Италии	Германии	США	России
1000	1,8	3,2	3,4	2,7	3,4
2000	1,5	3,5	2,0	2,9	3,2
5000	3,6	3,0	2,9	2,0	4,2
10000	3,0	4,1	2,6	2,2	4,8
20000	5,9	5,1	6,1	2,6	4,9
50000	НР	8,1	6,8	3,9	8,9
100000	То же	24,3	НР	4,1	10,0
200000	-//-	НР	То же	10,1	НР
500000	-//-	НР	-//-	15,6	То же
1000000	-//-	НР	-//-	НР	-//-

Примечание.
НР расчет не проводили ввиду недостигнутого показателя $N \times 2$.

Таблица 5 – Значения показателей T_2 и DI для различных фаз эпидемического процесса (по данным эпидемии COVID-19 в КНР)

Фаза эпидемического процесса	Продолжительность фазы эпидемического процесса, сутки	T_2 , сут	DI
Экспоненциальная фаза	29	3,0	>1,1
Фаза выхода на плато	20	6,0	1,05-1,10
Фаза 1 схода с плато	9	>32*	1,02-1,005
Фаза 2 схода с плато	33	>97*	<1,005

* Величина определена по декларированной руководством государства дате завершения эпидемии (для КНР – 29.03.2020 г.).

Как следует из представленных данных, динамика изменения показателя T_2 является индивидуальной для каждой из рассмотренных стран. Наиболее близкая динамика выявлена при сравнении изменения показателя T_2 в Италии и Германии. Что касается России, то до достижения показателем N_i значения 20 тыс. человек, значения параметра T_2 были даже лучше, чем в КНР. Однако при достижении показателем N_i значения 100 тыс. человек значения параметра T_2 были примерно в 2,4 раза хуже, чем в Италии (но все-таки в 2,5 раза лучше, чем в США).

Величины показателей T_2 и DI для различных фаз эпидемического процесса объективно можно привести только по данным эпидемии COVID-19 в КНР (как уже завершившейся). Данные расчетов представлены в таблице 5.

Данные, представленные в таблице 5, позволяют ориентировочно определить дату окончания активной фазы вспышки (после которой возможна регистрация лишь ограничен-

ного количества случаев заболевания, которое не превосходит порогового значения). Данная дата наступает приблизительно через 6 недель после завершения фазы выхода на плато.

Все рассмотренные зарубежные страны уже прошли фазу выхода на плато. Для Германии и Италии эта величина составила 21 сут, для США – 24 сут.

Что же касается России, то она в настоящий момент переживает фазу выхода на плато, началом которой можно определить 1 мая 2020 г.

Главный вопрос, который сейчас волнует не только ученых, но и все население России, состоит в том, когда закончится эпидемия COVID-19 и страна вернется к нормальному руслу жизни. Перед представлением обоснованного прогноза о сроках завершения и масштабах вспышки рассмотрим различные высказанные мнения по этому поводу.

Ведущими специалистами были высказаны различные прогнозы относительно сроков завершения вспышки COVID-19 в России. Согласно прогнозу главного инфекциониста Фе-

дерального медико-биологического агентства (ФМБА) В. Никифорова, вспышка в России завершится к началу лета¹⁰. По прогнозу доцента МГУ М. Тамма, к концу мая число инфицированных в России достигнет 1 млн¹¹.

По мнению Л. Попович, директора Института экономики здравоохранения, развитие вспышки COVID-19 вышло за рамки оптимистического сценария, в России наблюдается собственный, отличный от других стран сценарий развития эпидемического процесса^{12,13}.

Заведующий лабораторией инженерии белка Института биоорганической химии академик РАН М. Кирпичников прогнозировал пик эпидемии в конце апреля – начале мая 2020 г. По его мнению, самый успешный опыт борьбы с распространением заболевания был продемонстрирован в КНР¹⁴.

Ретроспективный анализ показывает справедливость мнений Л. Попович относительно сценария развития вспышки COVID-19 в России и М. Кирпичникова – относительно сроков выхода на плато.

Наряду с ожиданиями того, что эпидемия COVID-19 может пойти на убыль с наступлением теплых солнечных дней, высказан прогноз, что количество заражений вирусом SARS-CoV-2 может резко возрасти с приходом жары, когда люди начнут чаще нарушать режим самоизоляции и выходить на улицу. По мнению профессора Института вирусологии им. Д.И. Иванова М. Щелкунова, скопление большого количества людей может спровоцировать рост заражения и всплеск заболеваемости COVID-19¹⁵.

В этой связи необходимо отметить, что величина инфицирующей дозы (ИД) при наиболее распространенном при COVID-19 аэрозольном пути инфицирования для каждого отдельного индивида можно рассчитать по формуле:

$$\text{ИД} = C \times T \times V, \quad (10)$$

где C – концентрация биологически активного возбудителя в аэрозоле, выраженная в условных единицах (УЕ) в л (УЕ/л⁻¹);

T – время экспонирования объекта в аэрозоле, мин;

V – объем легочной вентиляции, л/мин⁻¹.

При нахождении человека на открытом пространстве при условии соблюдения социальной дистанции величина $C \rightarrow 0$, особенно в солнечную погоду, когда на снижение концентрации биологически активного возбудителя в аэрозоле оказывает влияние как ультрафиолетовая составляющая солнечного спектра, так и конвекция атмосферы.

Возможность инфицирования коррелирует с возрастанием уровня скопления значительных по численности групп людей в замкнутых пространствах (общественный транспорт, магазины, медицинские учреждения и т.д.). В этом случае при нахождении в группе хотя бы одного человека, потенциально способного к трансмиссии вируса, определяет возможность достижения показателя C , достаточного для того, чтобы другие лица данной группы подверглись бы ощутимому риску заражения.

Величина ИД для отдельного индивида данной группы (при постоянном значении показателя V) будет определяться величиной T и может быть снижена при использовании средств индивидуальной защиты (маски, респираторы).

Поскольку уровень контактов в закрытых помещениях в течение года остается практически неизменным, возрастание интенсивности в жаркое время года следует признать маловероятным.

Указами президента РФ № 206 от 25.03.2020 г. и № 239 от 03.04.2020 г. приняты ограничительные меры по борьбе с распространением эпидемии COVID-19 в России. В связи с этим рассмотрены возможные сценарии развития эпидемического процесса при различном уровне снижения социальных кон-

¹⁰ В ФМБА заявили об окончании вспышки коронавируса в России к лету // Известия. 2 апреля 2020 г. URL: <https://iz.ru/994763/2020-04-02/v-fmba-zaivili-ob-okonchani-vspyski-koronavirusa-v-rossii-k-letu> (дата обращения: 14.04.2020).

¹¹ Соколов А. Готово ли российское здравоохранение к борьбе с коронавирусом // Ведомости. 08.04.2020 г. URL: <https://www.vedomosti.ru/society/articles/2020/04/09/827471-gotovo-rossiiskoe> (дата обращения: 14.04.2020).

¹² Эксперт ВШЭ заявила о смене динамики распространения COVID-19 в России // РИА «Новости» 13 апреля 2020 г. URL: <https://ria.ru/20200413/1569943348.html> (дата обращения: 14.04.2020).

¹³ Эксперт ВШЭ заявила об особом сценарии распространения COVID-19 в России // РИА Новости. 14.04.2020 г. URL: <https://ria.ru/20200414/1569999722.html> (дата обращения: 16.04.2020).

¹⁴ Академик Кирпичников рассказал, когда эпидемия в России достигнет пика // Парламентская газета 13.04.2020 г. URL: <https://www.pnp.ru/social/akademik-kirpichnikov-rasskazal-kogda-epidemiya-koronavirusa-v-rossii-dostignet-pika.html> (дата обращения: 16.04.2020).

¹⁵ Профессор спрогнозировал всплеск эпидемии коронавируса в России // Seldon News. 10 мая 2020 г. URL: <https://news.myseldon.com/ru/news/index/229440409> (дата обращения: 12.05.2020).

Таблица 6 – Возможное развитие COVID-19 в РФ при условии введения ограничительных мер с 1 апреля 2020 г.

Показатель	Сценарий				
	А	Б	В	Г	О
Количество заболевших, тыс. чел.	2044	956	620	56	2600
Выход на плато	15.05.	25.05.	10.06.	30.04.	05.05.
Окончание эпидемии	15.07.	25.07.	10.08.	15.06.	05.07.
Риск второй волны эпидемии	нет	заметный	высокий	высокий	нет

Примечание.

При проведении расчетов использовали следующие показатели: Исходное количество заболевших, госпитализированных и умерших от COVID-19 в России взято по данным на 01.04.2020 г. Расчеты проводили, исходя из величины $T_{\text{и}} = 5$ суток и $I_c = 0,5$. I_c – индекс контагиозности – доля лиц из числа восприимчивых, которые заболели клинически выраженной формой болезни после их контакта с источником возбудителя в пределах эпидочага. Корректность использования последнего показателя подтверждается при анализе вспышек заболевания на круизном лайнере «Diamond Princess» и авианосце «Теодор Рузвельт».

тактов. Как известно, для снижения величины R_0 (как одного из основных показателей, характеризующего эпидемический процесс) необходимо либо:

- изоляция больных (малоэффективный прием ввиду большого числа легких и асимптоматических случаев). Заражение COVID-19 происходит в основном на ранней стадии, когда больные еще не диагностированы. В этой связи необходимо еще раз отметить, что именно это обстоятельство является кардинальным отличием COVID-19 от SARS и MERS, при которых больные становятся заразными уже после проявления признаков заболевания;

- общее снижение числа социальных контактов в популяции.

Рассмотрены следующие значения последнего показателя:

А – все население снижает уровень социальных контактов на 25 %;

Б – все население снижает уровень социальных контактов на 50 %;

В – все население снижает уровень социальных контактов на 75 %;

Г – снижение уровня социальных контактов на 95 %, что означает практически полный локдаун;

О – полное отсутствие режима самоизоляции.

Для проведения расчетов в качестве базовой модели для описания распространения эпидемий была использована модель SIR (англ. Susceptible Infected Recovered – уязвимые, зараженные, выздоравливающие), предложенная шотландскими эпидемиологами Кермаком и Маккендриком (W.O. Kermack, A.G. McKendrick) в 1927 г. [цит. по 6].

Данная модель предполагает количественную оценку переходов

$S \rightarrow I \rightarrow R$

Использование данной модели предполагает, что:

- количество выздоровевших в единицу времени пропорционально общему числу зараженных;

- количество зараженных пропорционально произведению ($S \times I$).

В модели SIR есть два наиболее существенных параметра:

t – среднее время выздоровления (время, в течение которого заболевший остается заразным);

R_0 – среднее число людей, заражаемое одним больным.

При $R < 1$ вспышка затухает, при $R = 2$ величина $I = 0,8S$, т.е. заражаются 80 % чувствительных к инфицированию людей.

При проведении расчета с применением данной модели используют данные о количестве восприимчивых лиц в популяции, количестве инфицированных с проявлениями и без проявлений заболевания, количестве госпитализированных, количестве лиц, не распространяющих инфекцию, доле заболевших при экспонировании в условиях заведомо инфицирующей дозы [6].

Важной особенностью COVID-19 является способность инфицированных передавать заболевание, поэтому для описания распространения эпидемии нами использована модель SEIR (E (exposed) –экспонированные), предполагающая переход:

$S \rightarrow E \rightarrow I \rightarrow R$

Возможное развитие COVID-19 в РФ при указанных вариантах при условии введения ограничительных мер с 1 апреля 2020 г. представлено в таблице 6.

Как следует из данных, представленных в таблице 6, принципиальным недостатком сценариев В, Г и, в какой-то степени, Б (с практически полным или частичным локдауном) является высокая (для вариантов В и Г) и заметная для варианта Б вероятность второй волны заболевания.

Важное значение имеет то обстоятельство, что в случае с COVID-19 мы имеем дело с принципиально новым заболеванием, к которому восприимчива большая часть населения (отсутствует коллективный иммунитет).

Именно формирование коллективного иммунитета и будет ключевым фактором противодействия возможной второй волне COVID-19.

Помимо естественного механизма приобретения коллективного иммунитета в ходе пандемии COVID-19, необходимо рассмотреть и возможность формирования искусственного иммунитета вследствие вакцинации населения.

На возможность заблаговременного проведения вакцинации против COVID-19 в будущем могут влиять несколько факторов, из которых главным является материальное обеспечение. Согласно оценочному анализу, стоимость разработки вакцины против COVID-19 от доклинических исследований до конца клинических исследований по фазе IIa может составлять 319–469 млн долларов США, при этом используемая технологическая платформа для создания вакцины не оказывает существенного влияния на затраты. Следовательно, при разработке вакцин против COVID-19 основной движущей силой будет являться финансирование проводимых исследований.

Вакцинации в первую очередь подлежит группа риска, к которой при возникновении эпидемии относятся, в первую очередь, медицинские работники, а также лица, непосредственно контактировавшие с больными (члены семей, друзья, коллеги по работе) [7].

Рассмотрим проблему создания вакцины против COVID-19, пригодной для массового применения. Облик вакцины против COVID-19 в целом хорошо прогнозируем.

Кандидаты в вакцины должны использовать в качестве антигенов отдельные субъединицы белков S и N, которые обуславливают выраженный (кроме гуморального, еще и Т-клеточный) иммунный ответ.

В качестве потенциальных вакцин против любых опасных и особо опасных инфекционных заболеваний вирусной этиологии, как правило, рассматриваются:

- аттенуированные вакцины;
- инактивированные вакцины;

- субъединичные (пептидные) вакцины;
- РНК- или ДНК-вакцины;
- векторные рекомбинантные вакцины.

В последней группе вакцин в качестве вектора используют либо вирус везикулярного стоматита, либо человеческий или обезьяний аденовирус, либо вирус вакцины.

Вакцины против COVID-19, лицензированной для применения, в настоящее время не существует.

Сразу необходимо отметить, что в силу различных причин ни аттенуированные, ни инактивированные, ни субъединичные вакцины не могут рассматриваться в качестве кандидатов для разработки вакцины, пригодной для проведения иммунизации населения в масштабах, указанных ниже.

В настоящее время в фазу клинических исследований вступили 8 вакцин против COVID-19 (2 – в США, 4 – в КНР, 1 – в Великобритании и 1 – в Германии).

В РФ над созданием вакцины работают ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора (заявлено о 6 различных платформах для конструирования вакцин), биотехнологическая компания «Biocad» (Санкт-Петербург), ряд учреждений ФМБА и РАН¹⁶, доклинические исследования проходят:

ДНК-вакцина INO-4800 (разработчик – Inovio Pharmaceutical);

Вакцина мРНК-1273 (Разработчик – Институт в Сиэтле и компания Модерна).

Схема применения – 25, 100, 150 мкг 2 раза (0+28 суток).

В феврале 2020 г. в Сиэтле, штат Вашингтон, начаты клинические исследования по фазе I.

Однако достаточно очевидно, что ДНК-или РНК-вакцины могут быть созданы только в количествах, пригодных для иммунизации лишь ограниченных по численности групп риска, но ни в коем случае не для проведения массовой иммунизации.

При оценке возможности искусственного формирования популяционного иммунитета против COVID-19 следует рассмотреть вопрос о необходимом охвате вакцинацией для формирования коллективного иммунитета. При иммунизации определенного процента населения трансмиссия вируса SARS-CoV-2 может быть блокирована посредством коллективного иммунитета, при этом вакцина не только защищает подвергнувшегося вакцинации, но и косвенно – не иммунизированных людей. Концепция «коллективного иммунитета» опирается на непрямую защиту человеческого

¹⁶ Кто первый. Когда и где будет создана вакцина против коронавирусной инфекции COVID-19 // Коммерсант. 27.04.2020 г. URL: <https://www.kommersant.ru/doc/4329343> (дата обращения: 12.05.2020).

коллектива в целом, с помощью иммунизации определенной его части. Посредством коллективного иммунитета происходит обрыв цепочек распространения инфекции, что препятствует расширению масштабов эпидемических вспышек [14]. Вакцинация является наиболее действенным способом предотвращения развития эпидемической вспышки. Она может снизить риск заражения вирусом SARS-CoV-2 и последствия заболевания, включая госпитализацию и летальные исходы.

Данный вопрос достаточно подробно рассмотрен в работе K. Gittings с соавт. [9], в которой проведено установление взаимосвязи между охватом вакцинации и коллективным иммунитетом и на основании этого – установление необходимого охвата вакцинации для формирования коллективного иммунитета против эмерджентного инфекционного заболевания и определение необходимого порога охвата вакцинации при новых его вспышках.

Вирус SARS-CoV-2 первоначально передался человеку от первичного резервуара инфекции (рукокрылые) через промежуточного хозяина (панголины), а затем распространился в популяции при вторичных и последующих заражениях более высокого уровня от больных.

Порог коллективного иммунитета (т.е. доли защищенных лиц), необходимый для прекращения трансмиссии вируса SARS-CoV-2 в популяции, в настоящее время точно не определен. Необходимый и достаточный уровень вакцинации необходимо определить для каждого нового инфекционного заболевания. Например, трансмиссия кори блокируется с помощью вакцинации 92–95 % данного коллектива. Оставшиеся 5–8 %, не вакцинированные и чувствительные к заражению вирусом кори, получают «приобретенный иммунитет» от вакцинированных, тем самым трансмиссия кори внутри коллектива блокируется [8]. Когда доля защищенных лиц ниже порогового значения, число заболевших способно экспоненциально расти, что способствует распространению вируса в популяции.

Для определения порогового значения коллективного иммунитета, требуемого для предотвращения трансмиссии вируса SARS-CoV-2, можно использовать математическую модель, разработанную K. Gittings с соавт. [9], в которой в качестве базового использован показатель R_0 . При проведении иммунизации вакцина, как правило, обеспечивает защиту только определенной доли (E) от общего числа привитых. Величина E определяет эффективность вакцины против трансмиссии инфекции.

С большой долей вероятности можно предположить, что показатели эффективности вакцины и уровня группового иммунитета будут коррелировать с долей людей, у которых

выявлены специфические антитела к вирусу SARS-CoV-2.

Критическое значение доли защищенных лиц в популяции, необходимой для формирования коллективного иммунитета, в полностью восприимчивом коллективе может быть определено по формуле:

$$I_c = 1 \times (-1 / R_0), \quad (11)$$

где I_c – индекс контагиозности – доля лиц из числа восприимчивых, которые заболели клинически выраженной формой болезни после их контакта с источником возбудителя в пределах эпидочага.

Критическое значение охвата вакцинации (V_c) можно определить по формуле [8]:

$$V_c = I_c / E = [1 - 1/R_0] / E. \quad (12)$$

Существует тесная связь между показателями R_0 и E с одной стороны, и величиной V_c – с другой. В силу этого возможно математически определить порог коллективного иммунитета и долю защищенных лиц, необходимых для формирования коллективного иммунитета в полностью чувствительной популяции. При допущении, что величина $R_0 = 3,0$, а E = 90 %, величина охвата вакцинации, необходимая для формирования коллективного иммунитета, составляет 60 (I_{95} 48–72) % от численности всей восприимчивой популяции.

Особо подчеркиваем критическую роль показателя R_0 , значение которого может варьировать не только между различными странами, но и между различными регионами одной и той же страны, причем не только вследствие проводимых противоэпидемических мероприятий, но и в силу ряда других факторов.

При проведении расчетов были приняты следующие допущения:

- полностью восприимчивая к инфицированию вирусом SARS-CoV-2 популяция;
- однородное распределение защищенных вакциной и инфицированных внутри популяции.

Можно предположить, что (в реальной, а не полностью чувствительной популяции) охват вакцинации может быть существенно ниже, чем рассчитанный, исходя из представленных выше допущений. Тем не менее, минимально необходимый запас вакцины для проведения вакцинации 60 % населения РФ (при условии создания вакцины, эффективной при однократном применении) составит 90 млн доз.

Из тех разработок, результаты которых в дальнейшем могут быть использованы при создании вакцины, пригодной для проведения

Таблица 7 – Прогнозный расчёт продолжительности и масштаба первой волны пандемии COVID-19 в России

Стадия эпидемии	Показатель		
	Дата наступления	Продолжительность (диапазон), сутки	Ni (диапазон), тыс. человек
Фаза выхода на плато	01.05.2020*	30–40	529–578
Фаза 1 схода с плато	30.05.2020–10.06.2020	16–22	761–832
Фаза 2 схода с плато	16.06.2020–26.06.2020	53–60	991–1122

Примечания.
 1. Расчеты проведены по данным на 12.05.2020 г.
 2. Прогнозная величина количества выявленных заболеваний определена, исходя из объема тестирования на COVID-19 порядка 300 тыс. анализов в сутки.
 * Реальная дата выхода на плато.

массовой иммунизации, следует отметить разработку генно-инженерной вакцины против COVID-19 на основе рекомбинантного аденовируса человека 5 типа, проводимую Академией военно-медицинских наук КНР. До конца 2020 г. планируется проведение исследований более чем на 100 добровольцах в Ухане.

Институт Дженнера Оксфордского университета объявил о разработке вакцины ChAdOx1 nCoV-19 на основе аденовирусного вектора. С 27 марта 2020 г. начаты клинические исследования по фазе 1 с участием 510 добровольцев¹⁷.

Кроме того, при оценке возможных последствий вакцинации против COVID-19 необходимо определить риски возникновения феномена АДЕ (антитело-зависимого усиления инфекции, развивающегося в ответ на белок S коронавируса). Он заключается в усилении инфекционного процесса вследствие образования инфекционных комплексов «вирус–антитело», которые потенциально могут привести к изменению тропности возбудителя, т.е. связывание вирионов возможно не только с ACE2 альвеолярных пневмоцитов типа 2, но и (через FcγRIIA-рецептор) с моноцитами и макрофагами [2, 10, 11]. При снижении уровня концентрации вирусспецифических антител в популяции после иммунизации при возникновении «второй волны» эпидемии возрастает риск проявления АДЕ.

Завершая рассмотрение вопроса о возможности борьбы с пандемией COVID-19 посредством формирования искусственного коллективного иммунитета, необходимо подчеркнуть, что на завершение полного цикла клинических исследований вакцины обычно уходит около 10 лет [12].

Согласно прогнозу ВОЗ, на разработку вакцины (даже при ускоренном варианте процесса) потребуется от 15 до 18 месяцев. По имеющимся на настоящее время данным, очевидно, что ори-

ентировочный срок получения вакцины, пригодной для массового применения – середина 2021 г. Таким образом, данная гипотетическая вакцина уже не может оказать существенного влияния на развитие нынешней пандемии.

В заключении приведены прогнозные расчеты продолжительности и масштаба эпидемии COVID-19 в России. При расчете диапазонов расчетных значений показателей использован как оптимистический (максимально ориентированный на данные, полученные по уже завершившейся эпидемии в КНР), так и пессимистический сценарии (с учетом особенностей динамики изменения показателей DI и T₂ для России по сравнению с Италией и Германией и с учетом возможности ухудшения показателей в связи с недостаточным выполнением требований режима самоизоляции). Расчетные показатели представлены в таблице 7.

Данные о масштабе эпидемии COVID-19 в России рассчитаны при допущении того, что основным методом выявления инфицированных будут данные, полученные с помощью ОТ-ПЦР-РВ. При проведении запланированного властями Москвы выборочного тестирования населения на наличие антител к вирусу SARS-CoV-2 с помощью ИФА показатель количества инфицированных может быть скорректирован в сторону увеличения.

Представленные в таблице 7 показатели определяют продолжительность и масштаб первой волны эпидемии COVID-19 в России. Ориентировочный срок завершения эпидемии – 8–25 августа 2020 г.

Выводы

1. Эпидемию COVID-19 в России характеризует особый, отличный от КНР, стран Западной Европы и США сценарий, который во многом определяется тем, что эпицентром эпи-

¹⁷ В Оксфорде начали испытания вакцины от коронавируса на людях. Успех не гарантирован, проблемы – почти наверняка. // BBC News. Русская служба. 23 апреля 2020 г. // <https://www.bbc.com/russian/features-52395916> (дата обращения: 12.05.2020).

демии в России стал Московский регион, играющий определяющую роль в общественной, экономической, политической и культурной жизни России, являющийся крупнейшим центром транспортных коммуникаций.

2. Обоснована возможность использования показателей интегральной величины количества случаев заболевания на i -е сутки после начала вспышки, коэффициент ее еже-

дневного прироста и времени удвоения для анализа динамики развития эпидемического процесса.

3. Прогнозные значения основных параметров эпидемии COVID-19 в России: ориентировочный срок завершения эпидемии – 8–25 августа 2020 г.; общее количество лиц с подтвержденным диагнозом заболевания – 991–1122 тыс. человек.

Информация о конфликте интересов

Авторы заявляют, что исследования проводились при отсутствии любых коммерческих или финансовых отношений, которые могли бы быть истолкованы как потенциальный конфликт интересов.

Сведения о рецензировании

Статья прошла открытое рецензирование двумя рецензентами, специалистами в данной области. Рецензии находятся в редакции журнала и в РИНЦе.

Список источников

1. Hu D.S., Azhar E.I., Madani T.A. et al. The continuing 2019-nCoV epidemic threat of novel coronaviruses in global health – the latest 2019 novel coronavirus outbreak to Wuhan, China // *Int. J. Infect. Dis.* 2020. V. 91. P. 264–266. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.01.009>
2. Супотницкий М.В. Новый коронавирус SARS-CoV-2 в аспекте глобальной эпидемиологии коронавирусных инфекций // *Вестник войск РХБ защиты*. 2020. Т. 4. № 1. С. 32–65. <https://doi.org/10.35825/2587-5728-2020-41-32-65>
3. Сизикова Т.Е., Карулина Н.В., Петров А.А., Лебедев В.Н., Борисевич С.В. Новая опасная эмерджентная коронавирусная инфекция // *Вестник войск РХБ защиты*. 2020. Т. 4. № 1. С. 121–131. <https://doi.org/10.35825/2587-5728-2020-4-1-21-31>
4. Chan J.F.W., Yuan S., Kok K.-H., et al. A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster // *Lancet*. 2020. V. 395. P. 514–523. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30154-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30154-9)
5. Wu J.T., Leung K., Leung G.M. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study // *Lancet*. 2020. V. 395. P. 689–697. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30260-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30260-9)
6. Ижуткин В.С., Семин П.Н. Программная реализация математических моделей распространения эпидемий // *Международный журнал экспериментального образования*. 2015. № 1-2. С. 32–33.
7. Holme P., Masuda N. The basic reproductive number as a predictor for epidemic outbreaks in temporal networks // *Plos ONE*. 2015. <http://dx.doi.org/10.1371/>
8. Fine P., Eames K., Heuman D.L. “Herd immunity”: a rough guide // *Clin. Infect. Dis.* 2011. V. 52. P. 911–916.
9. Gittings K., Gittings K., Matson K.L. Establishing herd immunity against Ebola through vaccination // *Vaccine*. 2016. V. 34. P. 2644–2647.
10. Yip M.S., Leung N.H.L., Cheung C.Y. et al. Antibody-dependent infection of human macrophages by severe acute respiratory syndrome coronavirus // *Virol. J.* 2014. V. 11. P. 82. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-11-82>
11. Jaume M., Yip M.S., Cheung C.Y. et al. Anti-SARS coronavirus spike antibodies trigger infection of human immune cells via a pH and cysteine-protease-independent FcR pathway // *J. Virol.* 2011. V. 85. P. 10592–10597. <https://doi.org/doi:10.1128/JVI.00671-11>
12. Li F. Structure, function and evolution of coronavirus spike proteins // *Ann. Rev. Virol.* 2016. V. 29. P. 237–261. <https://doi.org/10.1146/annurev-virology-110615-042301>

Об авторах

Федеральное государственное бюджетное учреждение «48 Центральный научно-исследовательский институт» Министерства обороны Российской Федерации», 141306, Российская Федерация, г. Сергиев Посад-6, ул. Октябрьская, д. 11.

Борисевич Сергей Владимирович. Начальник Федерального государственного бюджетного учреждения «48 ЦНИИ» Минобороны России, д-р биол. наук, проф., чл.-корр. РАН.

Сизикова Татьяна Евгеньевна. Научный сотрудник, канд. биол. наук.

Лебедев Виталий Николаевич. Ведущий научный сотрудник, д-р биол. наук, проф.

Контактная информация для всех авторов: 48cnii@mil.ru
Контактное лицо: Борисевич Сергей Владимирович, 48cnii@mil.ru

COVID-19 Pandemic: Analysis of Possible Scenarios for the Development of the Epidemic in Russia

S.V. Borisevich, T.E. Sizikova, V.N. Lebedev

Federal State Budgetary Establishment «48 Central Scientific Research Institute» of the Ministry of Defense of the Russian Federation, 141306, Moscow region, Sergiev Posad-6, Oktyabrskaya Street 11

The COVID-19 pandemic posed many questions to world health. They could be satisfactorily answered only after a thorough study. During the initial period of the COVID-19 pandemic (early January 2020), it was considered a local outbreak of emergent coronavirus infection with an undetermined possibility of person-to-person transmission. However, on March 11, the World Health Organization (WHO) upgraded the status of the COVID-19 outbreak from epidemic to pandemic. The aim of this article was to analyze possible scenarios of the development of COVID-19 epidemics in Russia. COVID-19 infection occurs mainly in the beginning stage of the disease, when patients are not yet diagnosed. This is the fundamental difference between COVID-19 and SARS or MERS, in which patients become contagious after onset of symptoms of the disease. Based on the study of dynamics of changes in certain epidemiological characteristics, the epidemic in Russia was compared in this article with the same epidemics in China, Italy, Germany and the United States. The authors came to the conclusion, that the COVID-19 epidemic in Russia was different from the above mentioned epidemics, because the capital region (Moscow and Moscow region), the largest center of transport communications, became the epicenter of the epidemic in Russia. They considered different variants of epidemic development in Russia, depending on the intensity of ongoing anti-epidemic measures. To describe the spread of the epidemic, the SIR model (Susceptible Infected Recovered) proposed by Scottish epidemiologists W.O. Kermack and A.G. McKendrick was used. Based on the data obtained, it turned out to be possible to tentatively determine the final date of the active phase of the COVID-19 epidemic (after which it is possible to register only a limited number of cases of the disease). This date should come about 6 weeks after the completion of the plateau phase. The beginning of the plateau phase was early May 2020, and the end of the plateau phase should be mid June 2020. The estimated completion date should be August 8–25, 2020. The total number of people with a confirmed diagnosis could be 991–1122 thousand.

Keywords: COVID-19; morbidity; pandemic; anti-epidemic measures; epidemic scenarios; epidemic characteristics.

For citation: Borisevich S.V., Sizikova T.E., Lebedev V.N. COVID-19 Pandemic: Analysis of Possible Scenarios for the Development of the Epidemic in Russia // *Journal of NBC Protection Corps*. 2020. V. 4. № 2. P. 116–130.  <https://doi.org/10.35825/2587-5728-2020-4-2-116-130>

Conflict of interest statement

The authors declare that the research was conducted in the absence of any commercial or financial relationship that could be construed as a potential conflict of interest.

Peer review information

The article has been peer reviewed by two experts in the respective field. Peer reviews are available from the Editorial Board and from Russian Science Citation Index database.

References

1. Hu D.S., Azhar E.I., Madani T.A. et al. The continuing 2019-nCoV epidemic threat of novel coronaviruses in global health – the latest 2019 novel coronavirus outbreak to Wuhan, China // *Int. J. Infect. Dis.* 2020. V. 91. P. 264–266. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.01.009>
2. Supotnitskiy M.V. Novel coronavirus SARS-CoV-2 in the context of global epidemiology of coronavirus infections // *Journal of NBC Protection Corps.* 2019. V. 4. № 1. P. 32–65. <https://doi.org/10.35825/2587-5728-2020-4-1-32-65>
3. Sizikova T.E., Karulina N.V., Petrov A.A. et al. Novel dangerous emergent coronavirus infection // *Journal of NBC Protection Corps.* 2020. V. 4. № 1. P. 21–31. <https://doi.org/10.35825/2587-5728-2020-4-1-21-31>
4. Chan J.F.W., Yuan S., Kok K.-H., et al. A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster // *Lancet.* 2020. V. 395. P. 514–523. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30154-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30154-9)
5. Wu J.T., Leung K., Leung G.M. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study // *Lancet.* 2020. V. 395. P. 689–697. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30260-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30260-9)
6. Izhutkin V.S., Semin P.N. Software implementation of mathematical models of the spread of the epidemics // *International Journal of Experimental Education.* 2015. № 1-2. P. 32–33 (in Russian).
7. Holme P., Masuda N. The basic reproductive number as a predictor for epidemic outbreaks in temporal networks // *Plos ONE.* 2015. <http://dx.doi.org/10.1371/>
8. Fine P., Eames K., Heuman D.L. «Herd immunity»: a rough guide // *Clin. Infect. Dis.* 2011. V. 52. P. 911–916.
9. Gittings K., Gittings K., Matson K.L. Establishing herd immunity against Ebola through vaccination // *Vaccine.* 2016. V. 34. P. 2644–2647.
10. Yip M.S., Leung N.H.L., Cheung C.Y. et al. Antibody-dependent infection of human macrophages by severe acute respiratory syndrome coronavirus // *Viol. J.* 2014. V. 11. P. 82. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-11-82>
11. Jaume M., Yip M.S., Cheung C.Y. et al. Anti-SARS coronavirus spike antibodies trigger infection of human immune cells via a pH and cysteine-protease-independent FcR pathway // *J. Virol.* 2011. V. 85 P. 10592–10597. <https://doi.org/doi:10.1128/JVI.00671-11>
12. Li F. Structure, function and evolution of coronavirus spike proteins // *Ann. Rev. Virol.* 2016. V. 29. P. 237–261. <https://doi.org/10.1146/annurev-virology-110615-042301>

Authors

Federal State Budgetary Establishment «48 Central Scientific Research Institute» of the Ministry of Defence of the Russian Federation. Oktyabrskiy Street 11, Sergiev Posad 141306, Russian Federation.

Sergey Vladimirovich Borisevich. Head of the FSBE «48 Central Scientific Research Institute». Doctor of Biological Sciences, Corresponding Member of RAS.

Tatyana Eugenievna Sizikova. Researcher. Candidate of Biological Sciences.

Vitaly Nikolayevich Lebedev. Leading Researcher. Doctor of Biological Sciences, Professor.

Contact information for all authors: 48cnii@mail.ru

Contact person: Sergey Vladimirovich Borisevich; 48cnii@mail.ru