Хатамов Фирдавсжон Ибодуллоевич (филиал Санкт-Петербургского Педагогического Университета имени А.И.Герцена в г. Ташкенте, кафедра Педагогики и психологии)

МОДЕЛЬ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ИНФЕКЦИИ (SIR)

Аннотация. *В данном исследовании рассматривается математическая модель SIR, анализирующая динамику распространения болезней среди населения. Модель SIR классифицирует людей на подверженных инфекции, инфицированных и излеченных, руководствуясь дифференциальными уравнениями и нахождения параметров* β *и* γ*. Рассматривается вычислительная оценка спуска уровня заразимости, заболеваемости методом градиентного спуска. Использован метод Рунге-Кутта 4-го порядка для прогнозирования значений искомых данных относительно к действительному значению.*

Ключевые слова: *математическая модель, параметры, дифференциальные уравнения.*

(SIR) INFEKSIYASINING TARQALISH MODELI

Annotatsiya. *Ushbu tadqiqotda aholi o'rtasida kasalliklarning tarqalish dinamikasini tahlil qiluvchi SIR matematik modeli ko'rib chiqiladi. SIR modeli differensial tenglamalar hamda β va γ parametrlarini topishga asoslanib, odamlarni infeksiyaga moyil, kasallangan va davolanganlarga ajratadi. Gradiyent pasayish usuli bilan kasallanishning yuqumlilik darajasini pasayishini hisoblash orqali baholash ko'rib chiqiladi. Izlanayotgan ma'lumotlar qiymatini haqiqiy qiymatga nisbatan bashorat qilish uchun 4-tartibli Runge-Kutt usulidan foydalanildi.*

Kalit so'zlar: *matematik model, parametrlar, differensial tenglamalar.*

SITUATION INFECTION SPREAD MODEL (SIR)

Annotation. *This study examines the SIR mathematical model, which analyzes the dynamics of disease spread among the population. The SIR model classifies people into susceptible to infection, infected, and cured, guided by differential equations and finding parameters β and γ. A computational assessment of the decrease in infectiousness levels using the gradient decrease method is considered. The 4-order Runge-Kutt method was used to predict the value of the sought data relative to the actual value.*

Keywords: *Mathematical model, parameters, differential equations.*

Введение. Математическое моделирование эпидемий является одним из разделов популяционной динамики, используемой как в биологии, так и в других науках, например, социологии. Классические модели распространения инфекций представляют собой системы обыкновенных дифференциальных уравнений (ОДУ). Наиболее известной из них является модель SIR, предложенная в 1920-х годах Кермаком и МакКендриком [4], а также ее расширения SIRS-модель. В SIRSмодели популяцию разбивают на группы здоровых и восприимчивых (S – Susceptible), больных (I – Infectious) и выздоровевших (R – Recovered) особей и строят системы ОДУ, определяющие закон изменения относительного числа особей в каждой из групп, опираясь на предположение о случайном и равномерном распределении особей в популяции.

Результаты и обсуждения. Одна из простейших моделей распространения эпидемий – **SIR-модель**. Это модель ящикового вида, в которой все особи популяции разделяются на группы –*"ящики"*, – внутри которых особи неразличимы.

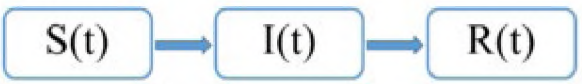


Рис. 1. Диаграмма эволюции особи популяции в SIR-модели.

Описание классической модели. Модель SIR является одной из классических математических моделей для описания распространения инфекционных заболеваний в популяциях.

В SIR-модели все особи поделены на 3 группы:

1. S(t) – подверженные заболеванию особи (от англ. *susceptible*).
2. I(t) – заражённые особи (от англ. *infected*).
3. R(t) – переболевшие или приобрели иммунитет к болезни. (от англ. *resistant*).

Дана модель, которая записывается в виде уравнений.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt}=\gamma I$$

- β – коэффициент заразности, который показывает скорость, с которой болезнь передается от инфицированных к восприимчивым;
- γ – коэффициент выздоровления, который определяет скорость, с которой инфицированные выздоравливают и переходят в класс выздоровевших;
- N – общая численность популяции, N= S+I+R

Динамика модели SIR:

Начальное распространение: при наличии большого числа восприимчивых и небольшом числе инфицированных инфекция начинает распространяться. Скорость новых инфекций высока, если $\boldsymbol{\beta}$ больше, чем $\boldsymbol{\gamma}$.

Достижение пика эпидемии: количество инфицированных достигает пика, когда темпы новых заражений замедляются, что происходит из-за уменьшения числа восприимчивых.

Затухание эпидемии: по мере того, как большинство инфицированных переходит в класс выздоровевших, количество новых случаев заражения уменьшается, и эпидемия затухает.

2. **Исследование и вычисление.** Эта модель содержит параметры, которые характеризуются болезни и местности. Нужно определить значение параметров

С начальными условиями:

$$S(0)=N\text{-}1$$

$$I(t_0) = 1, \qquad R(t_0) = 0.$$

Здесь $S(t), I(t), R(t)$ – численности восприимчивых, инфицированных и переболевших индивидов в момент времени t соответственно; В этой модели $\boldsymbol{\beta}$ – коэффициент заражения восприимчивых; $\boldsymbol{\gamma}$ – коэффициент интенсивности выздоровления инфицированных индивидов.

Из системы уравнений видно, что выполняется закон сохранения общей численности популяции M:

$$\frac{dS}{dt}+\frac{dI}{dt}+\frac{dR}{dt}=0$$

Значит выполняется соотношение

$S(t) + I(t) + R(t) = M = const.$

Общее число заболевших в модели SIR определяется по формуле:

$I(t) = M - S(t) - R(t).$

Чтобы определить эти параметры изначально были выбраны исходные данные о числе заболевших в Германии и рассмотрели результаты среди 4-х регионов этой страны.

Некоторые исследователи предпочитают использовать SIR из-за небольшого количества требуемых на входе параметров. Однако, это преимущество возникает из-за порой чрезмерного упрощения модели за счет относительно нереалистичных предположений. Например, модель предполагает однородное смешивание популяции, а это означает, что все особи в популяции имеют равную вероятность вступить в контакт друг с другом. Это не отражает человеческие социальные структуры, в которых большинство контактов происходит в ограниченных сообществах. Модель SIR также предполагает замкнутую популяцию.

Для того что бы идентифицировать параметры модели, вычислим значения производных в начальный момент времени:

Во-первых, определяем соотношение между параметрами и данными.

Тогда $\frac{dS(0)}{dt} = -\beta\frac{N\text{-}1}{N} = -\beta+\frac{\beta}{N}$

$\frac{dI(0)}{dt} = \beta\frac{N\text{-}1}{N} - \gamma = \beta-\gamma - \frac{\beta}{N}$

Найдём

$\frac{d^2S}{dt^2} = -\beta\frac{dS(t)}{dt} * \frac{I}{N} - \beta\frac{S(t)}{N} * \frac{dI}{dt}$

$\frac{d^2S}{dt^2} = \beta\frac{dS(t)}{dt} * \frac{I}{N} + \beta\frac{S(t)}{N} * \frac{dI}{dt} - j\frac{dI}{dt}$ (1)

Используя данные о количестве заболевших, находим коэффициенты β, j

Тогда $\frac{d^2S(0)}{dt^2} = \beta\left(-\beta+\frac{B}{N}\right)\frac{I}{N} + \beta\frac{N\text{-}1}{N} - j\left(\beta-j-\frac{\beta}{N}\right) =$

$$= \beta 2 - \frac{\beta 2}{N} + \beta - \frac{B}{N} - j^{\beta} + j^2 + \frac{j^{\beta}}{N}$$

$$\frac{d^2 I(0)}{dt^2} = \beta \left(-\beta + \frac{S}{N}\right) \frac{I}{N} + \beta \frac{N-1}{N} * \left(-\beta - j - \frac{\beta}{N}\right) =$$

$$= \frac{\beta S}{N} + \beta 2 - \beta j \frac{(N-1)}{N} - \beta^2 \frac{N-1}{N^2}$$

Для определения числа инфицированных, вычисление определяется как решение дифференциального уравнения. (1)

$$\frac{d^2 S}{dt^2} = -\beta \frac{dS(t)}{dt} * \frac{I}{N} - \beta \frac{S(t)}{N} * \frac{dI}{dt}$$

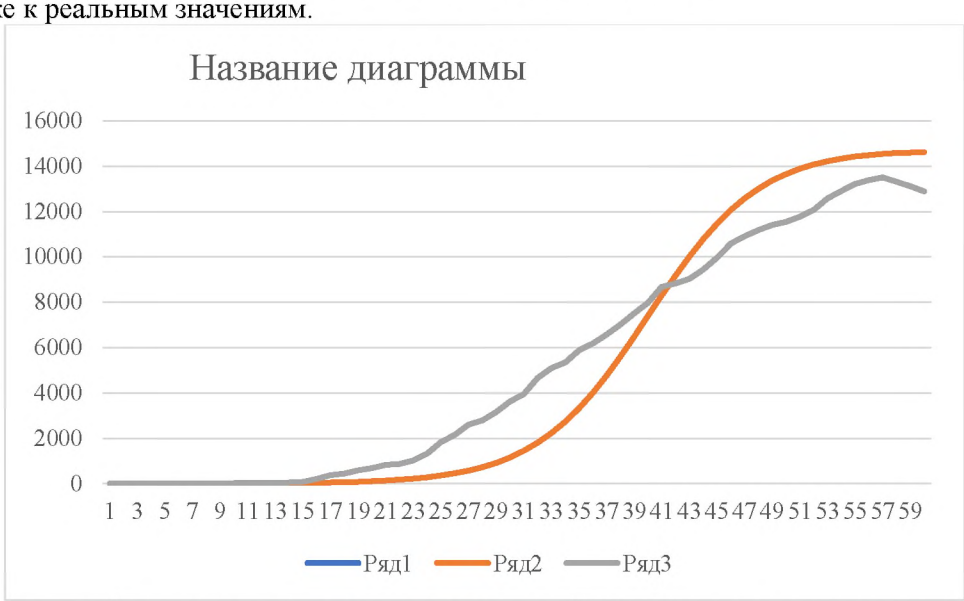
$$\frac{d^2 S}{dt^2} = \beta \frac{dS(t)}{dt} * \frac{I}{N} + \beta \frac{S(t)}{N} * \frac{dI}{dt} - j \frac{dI}{dt}$$

Находим количество заболевших приходящихся на одного человека методом Рунге Кутта четвертого порядка.

На графике () представленны точные данные и решение дифференциального уравнения.

На рисунке показано приближенное значение параметров β и j

ближе к реальным значениям.



Для того, чтобы определить значение параметров $\boldsymbol{\beta}$ и j, нужно выделить минимальное значение невязки. Нахождение минимальной невязки – это процесс определения наименьшей разности между решением системы уравнений и точным значением.

$\boldsymbol{\partial}$I(β, j)= min.

Находим невязку:

Невязка

$\boldsymbol{\partial}$I = $\sum_{k=1}^{N} (I_k^{\text{пр}} - I_k^t)$^2

Для него будем вычислять частные производные этой функции.

Найдём частную производную:

$$\boldsymbol{\Delta} I_{\beta} = \frac{I(\beta+\Delta\beta) - I(\beta)}{\Delta\beta}$$

11

$$\boldsymbol{\Delta} I_{\gamma} = \frac{I(j+\Delta j) - I(j)}{\Delta j}$$

$$\boldsymbol{\Delta} I_{\beta} = \frac{-3I(\beta+2\Delta\beta) + 4I(\beta+\Delta\beta) - I(\beta)}{2\Delta\beta)}$$

$$\boldsymbol{\Delta} I_{\beta} = \frac{-3I(j+2\Delta j) + 4I(j+\Delta j) - I(j)}{2\Delta j)}$$

Минимальное значение невязки будем искать методом градиентного спуска. Для использования этого метода вычислим приближенное значение производных по формуле, задав величины $\Delta\beta$ и Δj примерно 2-5% от их значений.

При заданных значений β и γ параметров модели решение системы вычисляется однозначно. Значение параметров, наиболее адекватно описывающее модель, доставляет минимальное значение функции невязки. Значение β= 0,0086, j= 0,00032

3. Численное моделирование и анализ результатов.

Для более глубокого анализа поведения SIR-модели было проведено численное моделирование с использованием метода Рунге–Кутты 4-го порядка. Этот метод позволяет получить устойчивое и достаточно точное приближение решения системы дифференциальных уравнений при заданных начальных условиях.

Численное моделирование показало, что динамика распространения инфекции существенно зависит от значений параметров β и γ. При увеличении коэффициента заражения β наблюдается более резкий рост числа инфицированных, а пик эпидемии достигается быстрее. В то же время увеличение коэффициента выздоровления γ приводит к снижению максимального числа инфицированных и ускоряет затухание эпидемии.

Полученные результаты позволяют сделать следующие наблюдения:

- при $\beta > \gamma$ эпидемия развивается активно и охватывает значительную часть популяции;
- при $\beta \approx \gamma$ наблюдается умеренное распространение инфекции;
- при $\beta < \gamma$ эпидемия быстро затухает и не достигает значительных масштабов.

Особое значение имеет базовое репродуктивное число R_0, которое определяется как отношение β/γ. Если $R_0 > 1$, инфекция распространяется, если $R_0 < 1$ — эпидемия затухает. В проведённом исследовании значение R_0 оказалось больше единицы, что подтверждает возможность распространения заболевания.

Графический анализ результатов моделирования показывает характерную форму эпидемической кривой: быстрый рост числа инфицированных, достижение максимума и последующее снижение. При этом численность восприимчивых уменьшается, а число выздоровевших монотонно возрастает.

Практическое значение модели.

Модель SIR может быть использована для:

- прогнозирования распространения инфекционных заболеваний;
- оценки эффективности мер карантина и вакцинации;
- анализа различных сценариев развития эпидемии;
- принятия управленческих решений в области здравоохранения.

Несмотря на свою простоту, модель позволяет получить важные качественные выводы. Однако для более точного описания реальных процессов необходимо учитывать дополнительные факторы, такие как неоднородность населения, миграция, возрастные группы и социальные контакты.

Выводы. Для исследуемой модели получены данные о параметрах. Эти данные позволяют спрогнозировать количество заболевших на большой период времени. При наличии данных по другому заболеванию возможно получить искомые параметры. Предложенную методику можно применять к большому количеству данных о заболеваниях.

Список использованной литературы:

(1). Лосева А., Нездоймышапко М Моделирование эпидемий: SIR [электронный ресурс]. Режим доступа: https://polit.ru/article/2020/05/06/sir/. 06 мая 2020.

(2). Винницкий Э., Уайт Р. Введение в моделирование инфекционных заболеваний. Учебное пособие, Оксфорд, издательство Оксфордского университета, 2010, 369 с.

(3). Леоненко В.Н. Математическая эпидемиология. Учебно-методическое пособие по выполнению лабораторных работ. Университет ИТМО, Санкт-Петербург, 2018, 39 с.

(4). Абрамова В.В. Лекции по прикладным задачам системного анализа. Задачам биоматематики, 2024.

(5). Братусь А.С., Новожилов А.С., Платонов А.П. Динамические системы и модели биологии, 2011.

(6). Berezovskaya F.S., Novozhilov A.S., and Karev G.P. Traveling fronts, impulses and trains in some taxis models, Neural, Parallel and Scientific Computations. 15(4), 2007, p. 561–571.

(7). Карев Г.П., Березовская Ф.С. Дифференциальные уравнения в математических моделях. М., МИЭМ, 2000.

(8). Kermack W.O., McKendrick A.G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. P.R.Soc. Lond. A. Conta, 1927, vol. 115, Iss. 772, p. 700 –721.

(9). Бейли Н. Математика в биологии и медицине. М., “Мир”, 1970, 327 с.