

Министерство науки и высшего образования РФ
Федеральное государственное автономное
образовательное учреждение высшего образования
«СИБИРСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»
Институт математики и фундаментальной информатики
Кафедра высшей и прикладной математики

УТВЕРЖДАЮ
Заведующий кафедрой
_____ С. Г. Мысливец
«____» _____ 2025г

**ОТЧЕТ О НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКОЙ РАБОТЕ
1 СЕМЕСТР**

01.03.02 – Прикладная математика и информатика

Сравнительная характеристика математических моделей распространения
инфекции

Руководитель _____ доцент, к.ф.-м.н. Д. В. Семенова
Выпускник _____ И. Ф. Нетесов

Красноярск 2025

СОДЕРЖАНИЕ

1	СОДЕРЖАНИЕ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКОЙ РАБОТЫ	3
1.1	АННОТАЦИЯ	3
1.2	ВВЕДЕНИЕ	3
1.3	КЛАССИЧЕСКАЯ SIR-МОДЕЛЬ	4
1.3.1	Описание модели	4
1.3.2	Вычислительный эксперимент	5
1.4	МОДИФИКАЦИИ МОДЕЛИ SIR	7
1.4.1	Модель SEIR: учет инкубационного периода	7
1.4.2	Модель SIRS: временный иммунитет	8
1.4.3	Модель SIR с носителями (Carriers)	9
1.5	ОСНОВНЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ	11
	Список использованных источников	12

1 СОДЕРЖАНИЕ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКОЙ РАБОТЫ

1.1 АННОТАЦИЯ

В научно-исследовательской работе выполняется сравнение существующих методов моделирования распространения инфекции. Под инфекцией стоит понимать некоторую распространяющуюся в обществе систему, которая каким-то образом меняет его. Исследуется эффективность отдельных методов, их применимость и алгоритмическая сложность. Ведется поиск новых методов моделирования.

1.2 ВВЕДЕНИЕ

Эпидемии – верные спутники человеческого общества на протяжении всей его истории. Борьба же с эпидемиями всегда являлась первостепенной задачей для выживания и продолжения существования. Математики с определенного момента стали активно включаться в эту борьбу, создавая различные модели для описания распространения инфекций. Большинство моделей представляют собой динамические системы с некоторыми параметрами. В качестве первой модели для рассмотрения была выбрана SIR-модель, так как сама по себе эта модель является основой для других, более сложных моделей.

Фундаментальная значимость SIR-модели заключается в ее способности абстрактно и наглядно формализовать ключевые процессы любой эпидемии, описывая переход людей из состояния восприимчивости (S) в состояние зараженности (I) и далее — в состояние приобретения иммунитета или удаления (R). Эта простота позволяет понять базовые закономерности, такие как скорость распространения и порог коллективного иммунитета.

Практическая востребованность этих моделей была убедительно продемонстрирована во время пандемии COVID-19, когда они активно использовались для прогнозирования нагрузки на систему здравоохранения, оценки сроков наступления пика волн и, что наиболее важно, для планирования и анализа эффективности противоэпидемических мероприятий.

1.3 КЛАССИЧЕСКАЯ SIR-МОДЕЛЬ

1.3.1 Описание модели

Классическая модель SIR — это детерминированная модель, которая делит популяцию на три ключевые компартмента (группы) и описывает потоки между ними с помощью системы обыкновенных дифференциальных уравнений.

Компартменты модели

S (Susceptible) — Восприимчивые к инфекции

I (Infected) — Инфицированные

R (Recovered) — Переболевшие

Параметры модели

β — **коэффициент заражения.** Это произведение среднего числа контактов на человека в единицу времени и вероятности заражения при контакте с заразным индивидуумом. Параметр β управляет скоростью распространения.

γ — **коэффициент выздоровления.** Это величина, обратная среднему времени заразности d (т.е., $\gamma = 1/d$). Если человек болеет в среднем 7 дней, то $\gamma = 1/7$.

$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$ — **базовое репродуктивное число.** Это среднее число людей, которых заразит один инфицированный человек за всё время своей болезни в полностью восприимчивой популяции.

Постановка задачи

Динамика модели описывается следующей системой уравнений [1]:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta \cdot I \cdot S}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta \cdot I \cdot S}{N} - \gamma \cdot I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I, \end{array} \right.$$

где первое уравнение системы описывает динамику убывания восприимчивых к инфекции, второе — динамику инфицированных, а третье — динамику выздоровевших.

1.3.2 Вычислительный эксперимент

SIR-модель была реализована программно на языке Python для более наглядного представления зависимости динамики инфекции от входных параметров. Решение дифференциальных уравнений, представленных выше, было реализовано численно с использованием метода Рунге-Кутта-Фельберга (RK45), сходимость которого доказана [2]. В таблице ниже представлены входные данные программы.

Параметр	Значение	Описание
β	0,300	Скорость заражения
γ	0,100	Скорость выздоровления
R_0	3,000	Среднее число заражений от одного больного
N	1,000	Общая численность населения
Пик зараженных	303	Максимальное число одновременно зараженных
Время пика (дни)	30,2	Время достижения пика эпидемии
Всего переболело	941	Общее число переболевших
Финальное S	59	Люди, которые никогда не болели
Атака (%)	94,1%	Процент населения, который переболел

Таблица 1.1 – Входные данные программы

При таких вводных данных, программа выводит следующее:

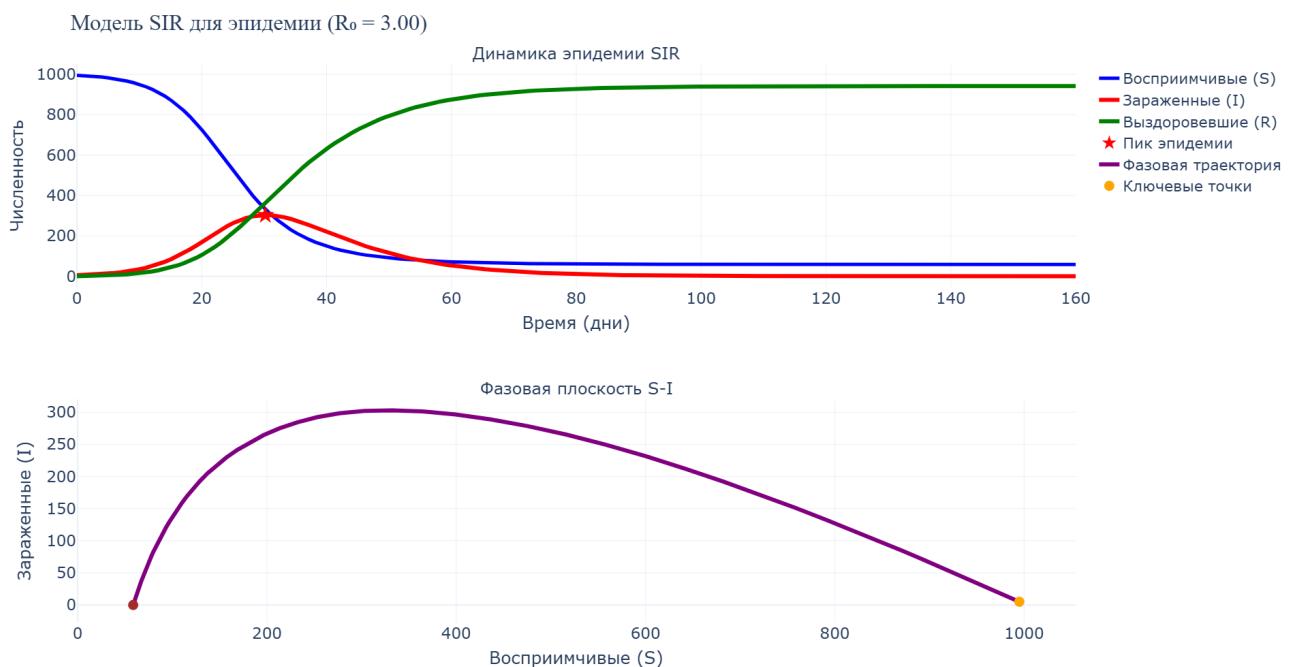


Рисунок 1.1 – График зависимости численности групп от времени и фазовая плоскость

Программа также позволяет сравнить зависимость интенсивности заражения от времени при разных репродуктивных числах R_0

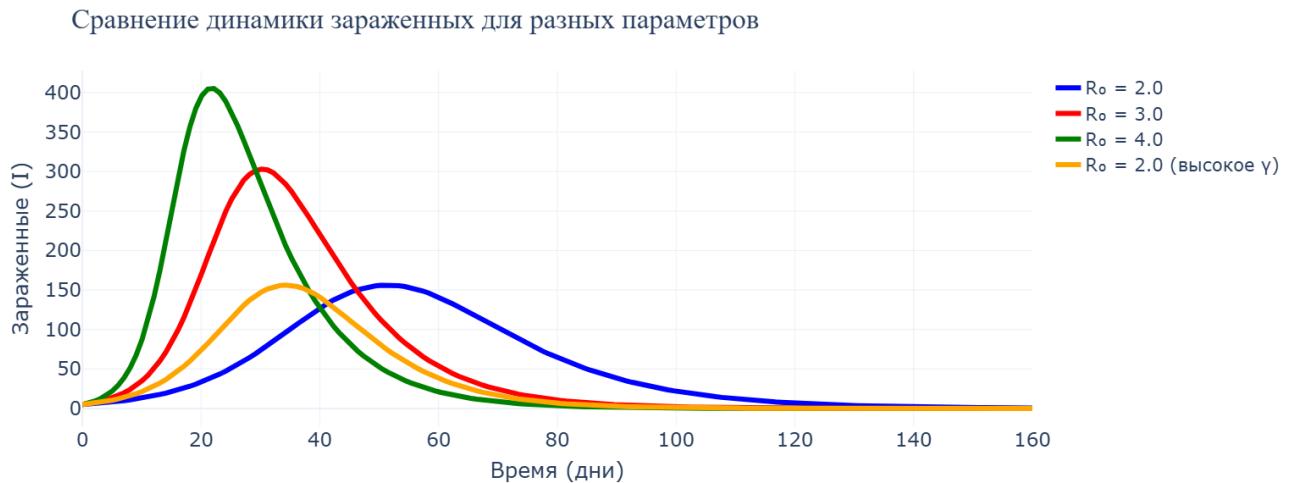


Рисунок 1.2 – График зависимости интенсивности заражения от времени для разных R_0

1.4 МОДИФИКАЦИИ МОДЕЛИ SIR

Помимо классической SIR-модели существует множество модификаций [3, 4], каждая из которых подходит для моделирования отдельного класса инфекций. Был проделан краткий обзор основных модификаций.

1.4.1 Модель SEIR: учет инкубационного периода

Модель SEIR вводит дополнительную группу **E (Exposed)** – заражённые, находящиеся в инкубационном периоде, которые ещё не способны передавать инфекцию.

Схема переходов

$$S \xrightarrow{\beta \frac{SI}{N}} E \xrightarrow{\sigma} I \xrightarrow{\gamma} R$$

Система уравнений

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta \cdot I \cdot S}{N}, \\ \frac{dE}{dt} = \frac{\beta \cdot I \cdot S}{N} - \sigma \cdot E, \\ \frac{dI}{dt} = \sigma \cdot E - \gamma \cdot I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I, \end{array} \right.$$

Новые параметры

- σ – интенсивность перехода из состояния *Exposed* в состояние *Infectious*.
- $\frac{1}{\sigma}$ – средняя длительность инкубационного периода.

Ключевое отличие

Модель адекватно описывает болезни с существенным латентным периодом (корь, COVID-19, Эбола). Введение компартмента E приводит к задержке пика эпидемии по сравнению с классической SIR при прочих равных параметрах, что критически важно для оценки эффективности карантинных мер и отслеживания контактов.

1.4.2 Модель SIRS: временный иммунитет

Модель SIRS учитывает постепенную потерю иммунитета после перенесённого заболевания, что возвращает индивидов обратно в класс восприимчивых.

Схема переходов

$$S \xrightarrow{\beta \frac{SI}{N}} I \xrightarrow{\gamma} R \xrightarrow{\xi} S$$

Система уравнений

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta \cdot I \cdot S}{N} + \xi \cdot R, \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta \cdot I \cdot S}{N} - \gamma \cdot I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I - \xi \cdot R, \end{cases}$$

Новые параметры

- ξ – интенсивность потери иммунитета.
- $\frac{1}{\xi}$ – средняя длительность иммунитета.

Ключевое отличие

Модель позволяет описывать болезни, к которым не формируется стойкий пожизненный иммунитет (грипп, некоторые риновирусы). В отличие от SIR, где эпидемия всегда затухает, модель SIRS может демонстрировать:

- 1) **Демпфирующиеся колебания** с переходом в эндемическое равновесие.
- 2) **Устойчивые периодические колебания** (эпидемические циклы) при определённых соотношениях параметров.

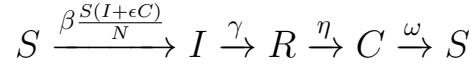
Эндемическое равновесие ($I^* > 0$) достигается при $S^* = \frac{\gamma}{\beta}$, а $I^* = \frac{\xi(N-S^*)}{\gamma+\xi}$.

1.4.3 Модель SIR с носителями (Carriers)

Для болезней, при которых часть переболевших становится хроническими **носителями** (выделяют патоген, но не имеют симптомов), используется модель SIRC или её вариации. Примеры: брюшной тиф, гепатит В, менингококковая инфекция.

Схема переходов (вариант 1)

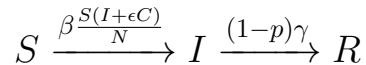
В этом варианте носители C образуются из выздоровевших R и сами могут заражать восприимчивых.



$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{S(I+\epsilon C)}{N} + \omega C, \\ \frac{dI}{dt} = \beta \frac{S(I+\epsilon C)}{N} - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \eta R, \\ \frac{dC}{dt} = \eta R - \omega C. \end{array} \right.$$

Схема переходов (вариант 2)

Носители образуются напрямую из класса инфекционных I .



$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{S(I+\epsilon C)}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = \beta \frac{S(I+\epsilon C)}{N} - \gamma I, \\ \frac{dC}{dt} = p\gamma I - \omega C, \\ \frac{dR}{dt} = (1-p)\gamma I + \omega C. \end{array} \right.$$

Новые параметры

- $C(t)$ – число носителей.
- $\epsilon \in [0, 1]$ – относительная заразность носителей по сравнению с больными в острой фазе (I).
- η или p – интенсивность (или доля) перехода в состояние носительства.
- ω – интенсивность выхода из состояния носительства (выздоровление или смерть).

Ключевое отличие

Модель позволяет изучать долгосрочную динамику болезней с хроническим носительством, которое может служить резервуаром инфекции и поддерживать её циркуляцию даже в отсутствие активных случаев I .

Также были рассмотрены различные стохастические модели [5], которые на данный момент представляют большой интерес из-за недетерминированности.

1.5 ОСНОВНЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ

- 1) Изучена классическая модель SIR
- 2) Рассмотрены популярные детерминированные модификации модели SIR, а также стохастические модели
- 3) Разработана программная реализация модели SIR

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ

1. Жумартова Б. О., Ысмагул Р. С. ПРИМЕНЕНИЕ SIR МОДЕЛИ В МОДЕЛИРОВАНИИ ЭПИДЕМИЙ / Ысмагул Р. С. Жумартова Б. О. // Международный журнал гуманитарных и естественных наук. – 2021.
2. Dormand, J. R. A family of embedded Runge-Kutta formulae / J. R. Dormand, P. J. Prince // Journal of Computational and Applied Mathematics,. – 1980. – Т. 6, № 1. – С. 19–26.
3. Н.Л. Семендеева М.В. Орлов, Тан Жуй Ян Эньпин. ПРИМЕНЕНИЕ SIR МОДЕЛИ В МОДЕЛИРОВАНИИ ЭПИДЕМИЙ / Тан Жуй Ян Эньпин Н.Л. Семендеева, М.В. Орлов // ПРИКЛАДНАЯ МАТЕМАТИКА И ИНФОРМАТИКА. – 2022. – С. 38–55.
4. Подзолков П.Н. Захарова И.Г., Киреев И.И. Кулдарев И.В. Программная реализация обобщенного стохастического подхода к компьютерному моделированию распространения эпидемий / Киреев И.И. Кулдарев И.В. Подзолков П.Н., Захарова И.Г. // Программные продукты и системы. – 2025. – С. 499—512.
5. В. А. Адарченко С. А. Бабань, А. А. Брагин К. Ф. Гребёнкин О. В. Зацепин А. С. Козловских В. В. Легоньков Е. Н. Липилина И. А. Литвиненко П. А. Лобода А. А. Овчинин Г. Н. Рыкованов С. И. Самарин М. С. Ураков А. Л. Фальков К. Е. Хатунцев. resreport: / А. А. Брагин К. Ф. Гребёнкин О. В. Зацепин А. С. Козловских В. В. Легоньков Е. Н. Липилина И. А. Литвиненко П. А. Лобода А. А. Овчинин Г. Н. Рыкованов С. И. Самарин М. С. Ураков А. Л. Фальков К. Е. Хатунцев В. А. Адарченко, С. А. Бабань: Российский федеральный ядерный центр – Всероссийского научно-исследовательского института технической физики имени академика Е. И. Забабахина, 2020.