

ФГАОУ ВО «Сибирский федеральный университет»
Институт математики и фундаментальной информатики
Кафедра высшей и прикладной математики

Сравнительная характеристика математических моделей распространения инфекции

Нетесов Иван Федорович

01.03.02 Прикладная математика и информатика

Научный руководитель к.ф.-м.н., доцент, Семенова Д.В.

Красноярск
2025

Актуальность темы исследования

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.

Цель и задачи

Цель

Исследование моделей SIR и разработка программного комплекса для моделирования распространения инфекций

Задачи

- 1) Изучить классическую SIR модель
- 2) Рассмотреть другие детерминированные модели из семейства SIR
- 3) Изучить стохастические модификации SIR модели
- 4) Разработать программную реализацию выбранных моделей
- 5) Оценить сложность полученных алгоритмов

Классическая SIR модель

Классическая модель SIR — это детерминированная модель, которая делит популяцию на три ключевые компартменты (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

Компартментные модели — это математические и концептуальные модели, которые делят изучаемую систему (например, организм, популяцию, экосистему) на отдельные «отсеки» или «компартменты» для упрощения анализа динамики, описывая переходы веществ или индивидов между ними, широко применяются в фармакокинетике (движение лекарств) и эпидемиологии (распространение болезней), представляя собой набор связанных зон с разными свойствами.

Классическая SIR модель

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:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta \cdot I \cdot S}{N}, & \leftarrow \text{Убывание восприимчивых} \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta \cdot I \cdot S}{N} - \gamma \cdot I, & \leftarrow \text{Болеющие} \\ \frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I. & \leftarrow \text{Выздоровевшие} \end{cases}$$

Пояснения

- **Восприимчивые** теряются только за счет заражения
- **Болеющие** пополняются из S и уменьшаются за счет перехода в R
- **Не восприимчивые** только увеличиваются

Вычислительные эксперименты

Таблица 1 – 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

Вычислительные эксперименты

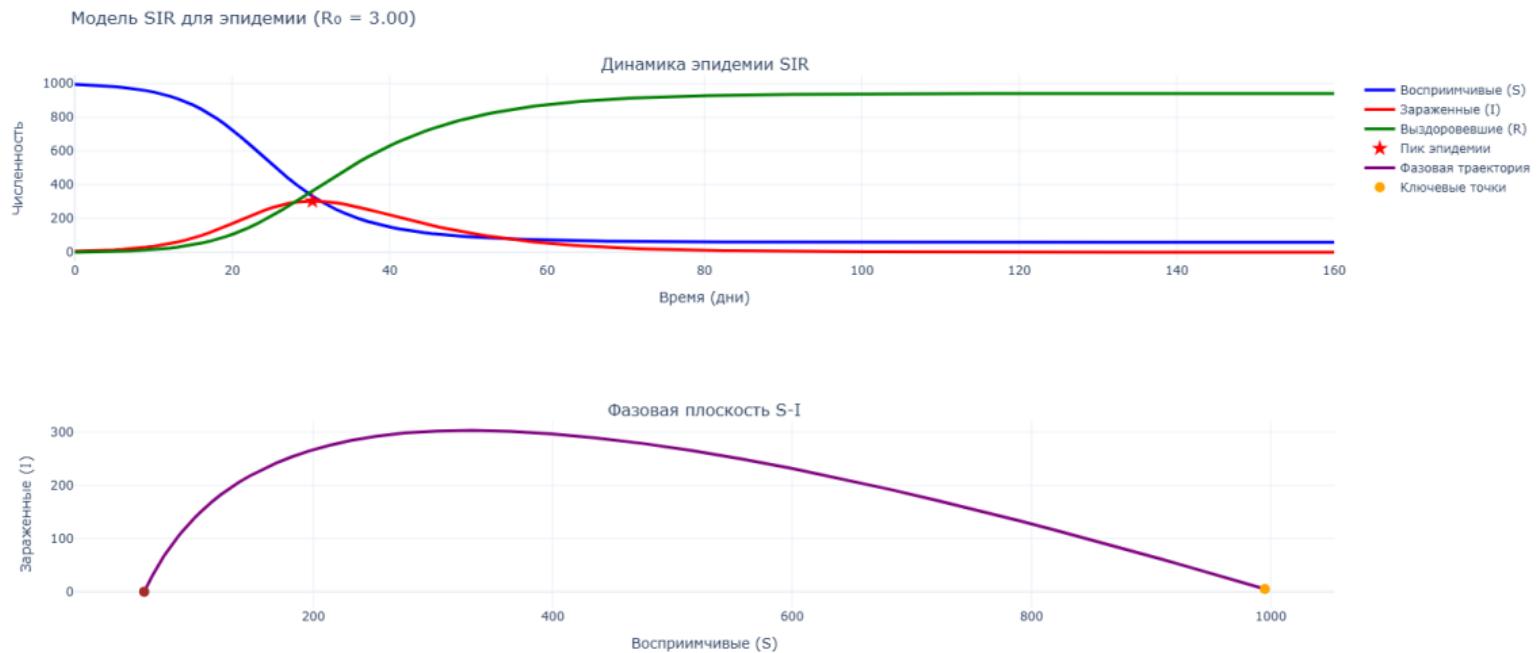


Рисунок 1 – Динамика численности при конкретных входных данных

Вычислительные эксперименты

Сравнение динамики зараженных для разных параметров

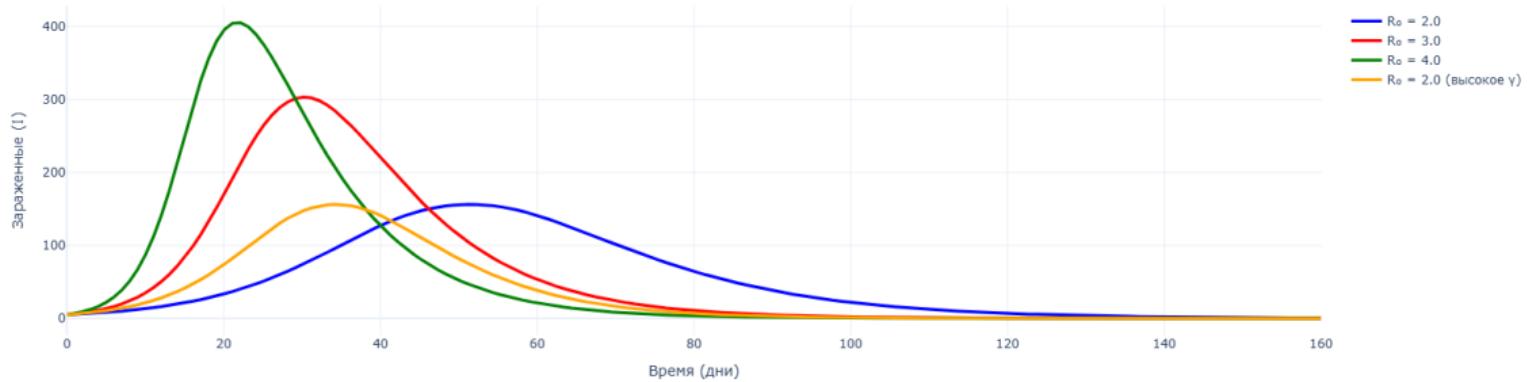


Рисунок 2 – Динамика заражения при разных входных данных

Модификации модели SIR

Для более точного моделирования той или иной инфекции существуют различные модификации модели SIR

- **SEIR.** E — латентно инфицированные (Exposed). Эти люди заражены, но еще не заразны.
- **SIRS.** В модели учитывается потеря иммунитета. Выздоровевшие могут снова заболеть.
- **Учет демографии.** Общее число популяции меняется в зависимости от рождаемости и смертности (не обязательно от болезни).

Также существуют модели, которые делят популяцию на группы (дети, взрослые, старики и т.д.), у которых могут быть разные коэффициенты заражения и выздоровления.

- **Стохастические.** Модели учитывают случайность процессов заражения и выздоровления. Особенно важны на начальной стадии эпидемии (когда I мало) и для оценки вероятности вспышки.

Заключение

Основные результаты

- Изучена классическая модель SIR
- Рассмотрены популярные детерминированные модификации модели SIR, а также стохастическая модель
- Разработана программная реализация модели SIR

Перспективы исследования

- Углубиться в исследования, посвященные стохастическим моделям распространения инфекции
- Провести оценку сложности реализованного алгоритма
- Выбрать следующие модели для программной реализации, реализовать программы, и все изученные модели на предмет алгоритмической сложности и применимости.

Основная литература

-  Жумартова Б. О., Үсмагул Р. С. Применение SIR модели в моделировании эпидемий // Международный журнал гуманитарных и естественных наук. 2021. №12-2.
-  Подзолков П.Н., Захарова И.Г., Киреев И.И., Кулдарев И.В. Программная реализация обобщенного стохастического подхода к компьютерному моделированию распространения эпидемий // Программные продукты и системы. 2025. Т. 38. № 3. С. 499–512. doi: 10.15827/0236-235X.151.499-512
-  Н.Л. Семендеева, М.В. Орлов, Тан Жуй, Ян Эньпин Аналитическое и численное исследование математической модели SIR. — М., Шэньчжэнь: Факультет вычислительной математики и кибернетики МГУ, 2021.
-  В. А. Адарченко и др. Моделирование развития эпидемии короновируса по дифференциальной и статистической моделям // Российского федерального ядерного центра — Всероссийского научно-исследовательского института технической физики имени академика Е. И. Забабахина, 2020.

Благодарю за внимание!