УДК 004

Хить Я.В., старший преподаватель кафедры
«Высшей математики» Институт фундаментальных наук
Россия, г. Краснодар
Чередниченко М.В., студент 2 курса
Кафедра «информационных систем и программирования»
Институт компьютерных систем и информационной безопасности
Россия, г. Краснодар
Тиликин А.Ю., студент 2 курса
Кафедра «информационных систем и программирования»
Институт компьютерных систем и информационной безопасности
Россия, г. Краснодар

МОДЕЛИРОВАНИЕ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ЭПИДЕМИЙ НА ОСНОВЕ АЛГОРИТМА SIR

Аннотация: *В работе рассматриваются математические модели распространения эпидемий, включая классические SIR, SEIR и SIS, а также программа, основанная на работе алгоритма SIR.*

Ключевые слова: *теория вероятности, моделирование, эпидемии, модель SIR, прогнозирование.*

Abstract: *This paper discusses mathematical models of epidemic spread, including classical SIR, SEIR and SIS, as well as a programme based on the operation of the SIR algorithm.*

Keywords: *probability theory, modelling, epidemics, SIR model, forecasting.*

Классические модели распространения эпидемий

SIR-модель

SIR-модель является одной из наиболее популярных моделей эпидемиологического прогнозирования. Она делит население на три группы: восприимчивые к заболеванию, инфицированные, выздоровевшие.

Визуализация представлена на рисунке ниже (рис. 1).

Рис. 1. Визуализация SIR-модели

Дифференциальные уравнения модели:

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

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

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

$S(t)$ – численность восприимчивых индивидов в момент времени t;

$I(t)$ – численность инфицированных индивидов в момент времени *t*;

$R(t)$ — численность переболевших индивидов в момент времени *t;*

β – коэффициент интенсивности контактов индивидов с последующим инфицированием;

γ– коэффициент интенсивности выздоровления инфицированных.

Первое уравнение демонстрирует уменьшение числа здоровых пропорционально контактам с инфицированными.

Второе уравнение демонстрирует, что рост числа зараженных зависит от контактов здоровых и больных, но снижается за счет выздоровления.

Третье уравнение демонстрирует, что число выздоровевших растет

пропорционально количеству инфицированных.

Модель SIR также использовалась для анализа распространения Вич [1].

SEIR-модель

Является расширением SIR-модели и учитывает инкубационный период болезни. Добавляется новая категория: носители инфекции.

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \mu S - \beta \frac{I}{N} S$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta \frac{I}{N} S - (\mu + \alpha) E$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha E - (\gamma + \mu) I$$

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

Уравнения SEIR-модели:

$E(t)$ — численность носителей заболевания в момент времени t;

α — величина, обратная среднему инкубационному периоду;

μ — уровень смертности;

Первое уравнение показывает уменьшение числа здоровых пропорционально контактам с инфицированными.

Второе уравнение демонстрирует задержку при переходе от контакта к заболеванию, равную инкубационному периоду.

Третье уравнение описывает переход из состояния «контактный» в состояние «инфицированный».

Четвертое уравнение демонстрирует рост числа выздоровевших пропорционально числу инфицированных, учитывая возможность смерти [2].

SEIR-модель более точна для заболеваний с латентной фазой, таких как COVID-19 и грипп.

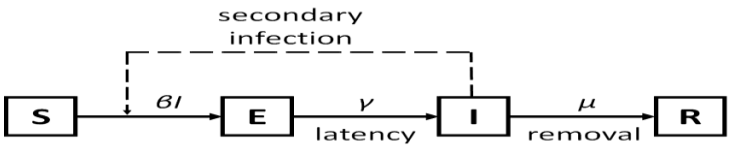

Рис. 2. Визуализация SEIR -модели

SIS-модель

Модель применима при анализе распространения заболеваний, к которым не вырабатывается иммунитет, например гриппа и ОРВИ. Она описывается следующей системой уравнений:

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

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

Первое и второе уравнения показывают, что общее число здоровых и больных постоянно, а заражения зависят от контактов между ними.

Второе уравнение описывает изменение числа заболевших, которое растет за счет контактов и уменьшается из-за выздоровлений.

Модель применяется к болезням без пожизненного иммунитета, например, венерическим инфекциям.

Разработка симуляции распространения эпидемий

Разработка основана на математической модели SIR, которая позволяют описывать динамику инфекционных заболеваний без выработки иммунитета. В рамках данной работы была создана программа, реализующая эту модель.

Симуляция была разработана при помощи языка Java, включая библиотеки для визуализации данных (Java FX) и работе с данными (Spring).

Ниже представлены основные методы программной оболочки.

```java
private void spreadInfection(Region region) {
    int newInfected = (int) (region.getInfected() * virus.getTransmissionRate());
    newInfected = Math.min(newInfected, region.getPopulation() -
            (int) (region.getInfected() + region.getRecovered() + region.getDead()));
    for (Region neighbor : region.getNeighboringRegions()) {
        if (!neighbor.isQuarantined()) {
            int neighborInfections = newInfected / 2;
            neighbor.setInfected(neighbor.getInfected() + neighborInfections);
        }
    }
    region.setInfected(region.getInfected() + newInfected);
}
```

Рис. 3. Метод spreadInfection

Алгоритм рассчитывает новые случаи заражения, учитывая текущее число инфицированных, заразность вируса и количество здоровых людей. Учитываются также выздоровевшие и умершие для корректировки числа потенциальных заражений. Если у региона есть соседи без карантина, часть зараженных "перемещается" в них, моделируя распространение инфекции. После расчетов обновляется число зараженных в текущем и соседних регионах, отслеживая динамику эпидемии. Алгоритм учитывает скорость вируса, карантин и численность населения.

```java
private void updateRecoveryAndDeaths(Region region) {
    int recoveries = (int) (region.getInfected() * virus.getRecoveryRate());
    int deaths = (int) (region.getInfected() * virus.getMortalityRate());
    region.setInfected(region.getInfected() - (recoveries + deaths));
    region.setRecovered(region.getRecovered() + recoveries);
    region.setDead(region.getDead() + deaths);
}
```

Рис. 4. Метод updateRecoveryAndDeaths

Алгоритм начинает с расчета выздоровевших на основе числа зараженных и коэффициента выздоровления. Затем вычисляется количество умерших через коэффициент смертности. Число зараженных уменьшается на количество выздоровевших и умерших, а соответствующие категории увеличиваются. Это моделирует динамику здоровья населения, учитывая выздоровление и смертность.

Графическая часть приложения визуализирует данные с помощью цветовой градации: синий — все здоровы, красный — более 1000 зараженных на 100 тыс. км², оранжевый — от 500 до 699, и т.д. Программа обеспечивает

наглядную симуляцию эпидемии.

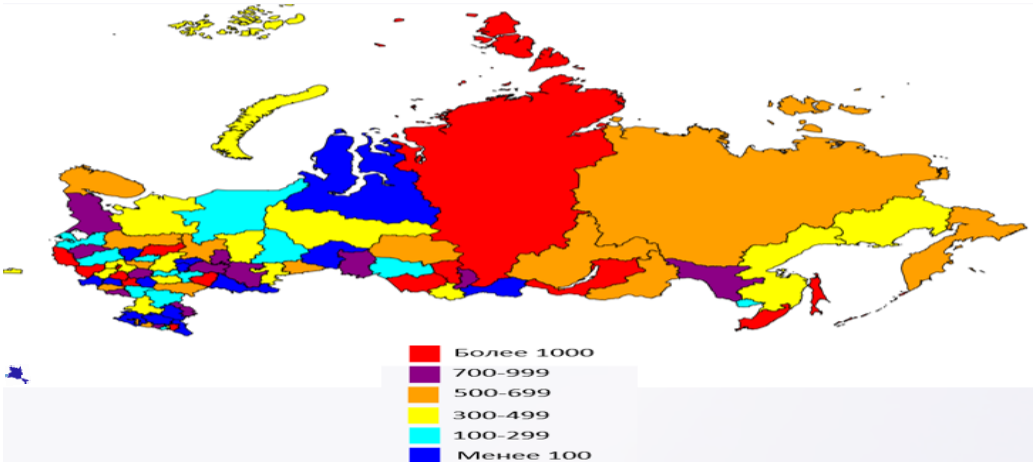

Рис. 5. Графическое представление

На рисунке ниже представлена подтверждённая карта распространения инфекции в России. Сравнивая 2 варианта можно увидеть схожесть, что доказывает работоспособность разработанной программы.

Рис. 6. Карта распространения Вич в России[3]

Заключение

Применение теории вероятностей и математического анализа в моделировании распространения эпидемий открывает широкие возможности для прогнозирования и управления кризисными ситуациями. Современные технологии сбора данных и методы искусственного интеллекта позволяют создавать более точные и адаптивные модели, способные учитывать

множество факторов, влияющих на развитие эпидемий.

Литература

1. Прогнозирование динамики эпидемий вирусов нового типа для обоснования планирования мероприятий региональной системы здравоохранения во время пандемий: 2023 г. этап 1 // Saint Petersburg State University URL: https://pureportal.spbu.ru/ru/publications/-sir----%28a95940d7-063d-4f64-b8df-0e8a6c58716c%29.html?utm_source=chatgpt.com (дата обращения: 13.03.2025).
2. Зараза, гостья наша. Как математика помогает бороться с эпидемиями// N+1 URL: https://nplus1.ru/material/2019/12/26/epidemic-math (дата обращения: 13.03.2025).
3. ВИЧ/СПИД в России// РУВИКИ URL: (дата обращения: 13.03.2025).