

УДК 004.934.2

## МАТЕМАТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ ДИНАМИКИ ЭПИДЕМИЙ: РЕАЛИЗАЦИЯ ДЕТЕРМИНИРОВАННЫХ КОМПАРТМЕНТАЛЬНЫХ МОДЕЛЕЙ В МОБИЛЬНОМ ПРИЛОЖЕНИИ «EPIDEMICLAB»

Железняков А.М., Смаловская А.В., студенты

Белорусский государственный университет информатики и радиоэлектроники  
г. Минск, Республика Беларусь

Цегельник В.В. – д-р физ.-мат. наук, профессор

**Аннотация.** Рассмотрены математические основы классических эпидемиологических моделей ( $SIR$ ,  $SEIR$ ,  $SEIRD$ ). Описан процесс разработки и функциональные возможности программного комплекса «EpidemicLab», предназначенного для интерактивной визуализации и анализа динамики инфекционных заболеваний. Особое внимание уделено численным методам решения систем дифференциальных уравнений и анализу чувствительности параметров модели.

**Ключевые слова.** Математическое моделирование, эпидемиология, модель  $SIR$ , Рунге-Куты 4-го порядка, мобильная разработка, EpidemicLab.

Математическое моделирование биологических систем и социальных процессов стало неотъемлемой частью современной науки. Эпидемиологические кризисы последних десятилетий, включая пандемию  $COVID-19$ , вспышки лихорадки Эбола и сезонные эпидемии гриппа, подчеркнули острую необходимость в инструментах быстрого и точного прогнозирования. Основная проблема современных профессиональных аналитических систем (таких как  $MATLAB$ ,  $Wolfram Mathematica$  или библиотеки  $Python$  типа  $SciPy$ ) заключается в их высоком пороге входа. Для работы с ними требуются глубокие навыки программирования и понимание синтаксиса, что делает их недоступными для широкого круга медицинских работников, студентов и общественных аналитиков.

Создание мобильной среды моделирования «EpidemicLab» призвано решить эту проблему, перенести мощный математический аппарат в интуитивно понятный интерфейс смартфона. Мобильные устройства позволяют проводить интерактивные симуляции «на лету», исследуя влияние различных факторов.

**Математический аппарат компартментальных моделей.** В основе функционирования «EpidemicLab» лежат детерминированные компартментальные модели. Их фундаментальный принцип заключается в разделении популяции объемом  $N$  на несколько непересекающихся групп (компарментов) в зависимости от стадии заболевания [2]. Модель  $SIR$ , предложенная Кермаком и Маккендриком в 1927 году, является базисом эпидемиологии. Она оперирует тремя классами:  $S$  (*Susceptible* — восприимчивые),  $I$  (*Infected* — инфицированные) и  $R$  (*Recovered* — выздоровевшие). Динамика описывается следующей системой обыкновенных дифференциальных уравнений (ОДУ):

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \frac{-\beta \cdot S \cdot I}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta \cdot S \cdot I}{N} - \gamma \cdot I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I. \end{cases} \quad (1)$$

Здесь ключевую роль играют параметры  $\beta$  (коэффициент интенсивности контактов) и  $\gamma$  (коэффициент интенсивности выздоровления). Важным биологическим параметром является величина  $\frac{1}{\gamma}$ , отражающая среднюю продолжительность инфекционного периода. Легко видеть, что система (1) обладает законом сохранения  $S(t) + I(t) + R(t) = N$ , что характеризует её как закрытую детерминированную систему [3].

Для многих инфекций, таких как корь, характерен значительный инкубационный период. Модель  $SEIR$  добавляет компартмент  $E$  (*Exposed*) — люди, которые уже заражены, но еще не способны передавать вирус. В систему вводится параметр  $\sigma$ , определяющий скорость перехода из латентного состояния в активное. Это существенно меняет фазовый портрет эпидемии: пик заболеваемости смещается по времени, а «размах» эпидемии становится более предсказуемым для систем здравоохранения.

Для анализа особо опасных инфекций необходимо учитывать летальность. Модель  $SEIRD$  добавляет класс  $D$  (*Deceased* — умершие) и коэффициент смертности  $\mu$ . В этом случае

инфицированные индивиды с определенной вероятностью либо переходят в класс  $R$ , либо в класс  $D$ . Сравнительный анализ моделей в приложении наглядно показывает, как высокая смертность может парадоксальным образом «сдерживать» распространение эпидемии за счет быстрого выбывания носителей из активной фазы [1, 2].

**Пороговая теорема и анализ чувствительности.** Центральным понятием всех реализованных моделей является базовое репродуктивное число  $R_0$ . Для модели  $SIR$  оно рассчитывается по формуле  $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$ . Значение  $R_0$  определяет судьбу популяции: при  $R_0 > 1$  инфекция распространяется экспоненциально, вызывая вспышку;

при  $R_0 < 1$  эпидемия затухает естественным образом [2, 3].

В «*EpidemicLab*» реализован модуль анализа чувствительности (*sensitivity analysis*), который позволяет пользователю в реальном времени наблюдать, как изменение  $\beta$  (например, при соблюдении дистанции) или  $\gamma$  (при использовании противовирусных препаратов) влияет на  $R_0$ . Визуализация этого процесса помогает понять концепцию «сглаживания кривой» [4, 5].

**Фундаментальное свойство всех этих моделей.** Все они являются детерминированными и автономными системами.

Это означает, что их поведение полностью предопределено начальными условиями и параметрами. Если мы задали  $\beta$ ,  $\gamma$  и начальное количество зараженных, будущее развитие событий предопределено. В этих моделях нет места случайности или хаосу [2].

Математически это выражается в существовании первого интеграла — закона сохранения. Для модели  $SIR$  сумма всех классов постоянна:

$$S + I + R = N, \quad (2)$$

где  $N$  — общая численность населения.

Из этого следует важнейший вывод: система всегда стремится к устойчивому состоянию равновесия. Кривая заболеваемости неизбежно идет на спад не потому, что заканчиваются все восприимчивые (они всегда остаются), а из-за снижения числа инфицированных. График не может быть хаотичным — это строго закономерный процесс.

**Техническая реализация и архитектура системы.** Программный комплекс разработан для платформы *Android* с использованием языка *Kotlin*.

Приложение следует принципам *Clean Architecture* и паттерну *MVVM (Model-View-ViewModel)*. Математическое ядро выделено в отдельный доменный слой, не имеющий зависимостей от *Android*-фреймворка. Это гарантирует точность вычислений и позволяет легко расширять список моделей. Слой представления реализован на *Jetpack Compose* — современном декларативном фреймворке, который обеспечивает реактивное обновление интерфейса при изменении параметров симуляции. Для численного интегрирования систем уравнений (1-3) используется классический метод Рунге-Кутты 4-го порядка (*RK4*). В отличие от метода Эйлера, *RK4* обеспечивает четвертый порядок точности относительно шага дискретизации  $dt$ . В настройках приложения пользователь может выбрать точность от  $dt = 0.5$  до  $dt = 0.01$ , что позволяет найти баланс между скоростью отрисовки графика и математической строгостью. Важной программной надстройкой стали валидаторы, гарантирующие неотрицательность численности популяций на каждом шаге итерации.

**Методология AI-Assisted Development.** Отдельного внимания заслуживает процесс разработки. В качестве эксперимента в проект была интегрирована методология *AI-Assisted Development* с использованием большой языковой модели *Google Gemini 3 Pro*. Искусственный интеллект выполнял функции «парного программиста» на следующих этапах:

1. Генерация шаблонов: ИИ помогал в написании однотипного кода для реализации дифференциальных уравнений на *Kotlin*.
2. Разработка *UI*: Создание сложных кастомных графиков на базе *Canvas* требовало точных геометрических расчетов, где ИИ предлагал эффективные алгоритмы масштабирования.
3. Оптимизация базы данных: Структура *Room DB* для сохранения истории симуляций была спроектирована с учетом рекомендаций модели по нормализации данных. Этот подход позволил сократить время написания кода на 35% и минимизировать количество логических ошибок в реализации математических алгоритмов.

**Функциональный обзор интерфейса (анализ рисунков).** Приложение «*EpidemicLab*» предоставляет пользователю полный цикл работы с эпидемиологическими данными, что отражено на скриншотах программы

На главном экране (Рис. 1, левая часть) отображается история недавних симуляций с миниатюрными графиками (спарклайнами). Это позволяет пользователю мгновенно оценить характер предыдущих расчетов без необходимости их открытия. В каталоге моделей (Рис. 1, правая часть) для каждой системы ( $SIR$ ,  $SEIR$ ,  $SEIRD$ ) приведено схематичное описание, дифференциальные уравнения и формулы расчета  $R_0$ , что превращает приложение в полноценный образовательный инструмент.

Центральным элементом системы является интерактивный график (Рис. 2, правая часть). Мы реализовали поддержку жестов *pinch-to-zoom* для детального изучения пика заболеваемости. Кольцевой индикатор в правой верхней части динамически меняет цвет в зависимости от  $R_0$ : красный сигнализирует о росте эпидемии, зеленый — о затухании. Также реализован функционал сравнения (Рис. 2, левая часть), где пользователь может запустить две разные модели параллельно, чтобы выявить влияние инкубационного периода на скорость распространения.

Для интеграции результатов в научные работы предусмотрен модуль экспорта. Приложение поддерживает сохранение графиков в форматах *PNG/JPG*, генерацию комплексного *PDF*-отчета со всеми входными параметрами и выгрузку временных рядов в формат *CSV*. Последнее позволяет проводить более глубокий статистический анализ в специализированных пакетах, таких как *R* или *Python*.

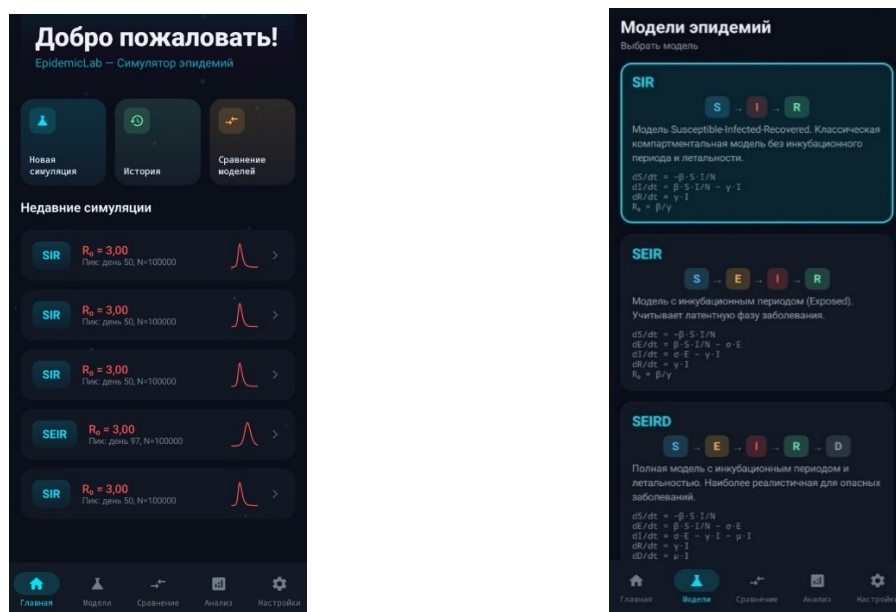


Рисунок 1 — Главное меню приложения и экран выбора математических моделей.

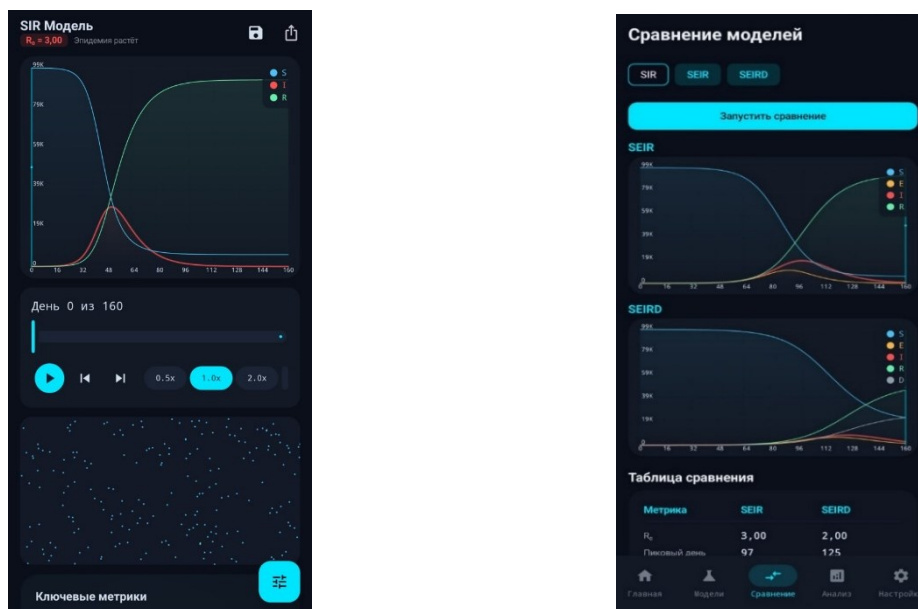


Рисунок 2 — Сравнительный анализ моделей и демонстрация интерактивного графика симуляции

**Результаты и обсуждение: анализ динамики и устойчивости системы.** Важнейшим результатом исследования стало подтверждение того, что все реализованные модели являются детерминированными и автономными системами. На практике это означает, что их поведение полностью предопределено начальными условиями и заданными параметрами ( $\beta, \gamma, \sigma$ ). При проведении повторных симуляций с идентичными входными данными график всегда остается неизменным.

Мы подчеркиваем: в данных математических моделях нет места случайности или хаосу. График заболеваемости не может совершать хаотические колебания. Это строго закономерный процесс, где будущее развитие событий жестко связано с текущим состоянием системы. Пользователь приложения может наглядно убедиться в этом, наблюдая за гладкими кривыми, которые всегда стремятся к устойчивому состоянию.

Математическая стабильность моделей «*EpidemicLab*» выражается в существовании первого интеграла — закона сохранения численности популяции. Для базовой модели *SIR* сумма всех классов остается константой:  $S(t) + I(t) + R(t) = N = const$ . Это фундаментальное свойство гарантирует, что система не «разваливается» со временем. Наличие первого интеграла накладывает жесткое ограничение на фазовое пространство системы: траектории движения всегда лежат на определенной плоскости (в случае трех переменных).

**Заключение.** В данной работе проведен теоретический и практический анализ методов моделирования эпидемий. Разработанное мобильное приложение «*EpidemicLab*» успешно сочетает в себе научную строгость численных методов и удобство мобильной платформы. Экспериментально подтверждена эффективность применения ИИ-ассистентов в разработке сложного научного ПО.

Разработанный инструмент может быть рекомендован к использованию в образовательных целях для изучения эпидемиологии и системного анализа. В качестве перспектив развития планируется интеграция стохастических моделей (алгоритм Гиллеспи) для учета случайных факторов при малых выборках популяции, а также внедрение агентных моделей для пространственного моделирования распространения инфекции.

**Список использованных источников**

1. Brauer, F. *Models for the spread of universally fatal diseases* / F. Brauer // *Journal of Mathematical Biology*. – 2002. – Vol. 45, No. 4. – P. 341–354.
2. Brauer, F. *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology* / F. Brauer, C. Castillo-Chavez. – New York : Springer, 2002. – 508 p.
3. Diekmann, O. *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation* / O. Diekmann, J.A.P. Heesterbeek. – Chichester : Wiley, 2000. – 303 p.
4. Ferguson, N.M. *Transmission intensity and impact of control policies on the foot and mouth epidemic in Great Britain* / N.M. Ferguson, C.A. Donnelly, R.M. Anderson // *Nature*. – 2001. – Vol. 413, No. 6855. – P. 542–548.
5. Gani, R. *The re-emergence of smallpox* / R. Gani, S. Leach // *Clinical Medicine*. – 2001. – Vol. 1, No. 6. – P. 455–459.

UDC 004.934.2

## MATHEMATICAL MODELING OF EPIDEMIC DYNAMICS: IMPLEMENTATION OF DETERMINISTIC COMPARTMENTAL MODELS IN THE MOBILE APPLICATION "EPIDEMICLAB"

Zheleznyakov A.M., Smalovskaya A.V., students

*Belarusian State University of Informatics and Radioelectronics  
Minsk, Republic of Belarus*

*Tsegelnik V.V. – Doctor of Physical and Mathematical Sciences, Professor*

**Annotation.** The article discusses the mathematical foundations of classical epidemiological models (SIR, SEIR, SEIRD). The development process and functionality of the Epidemiclab software package, designed for interactive visualization and analysis of the dynamics of infectious diseases, are described. Special attention is paid to numerical methods for solving systems of differential equations and sensitivity analysis of model parameters.

**Keywords.** Mathematical modeling, epidemiology, SIR model, Runge-Kuta 4th order, mobile development, EpidemioLab.