

УДК 519.876.5

## МАТЕМАТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ЭПИДЕМИЙ (SIR-МОДЕЛЬ)

*Житко Р.В., студент*

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

*Лобанок Л.В. - старший преподаватель*

**Аннотация.** В работе рассматривается классическая SIR-модель Кермака–Маккендрика, описывающая распространение инфекционного заболевания в замкнутой популяции. Приводится постановка модели в виде системы обыкновенных дифференциальных уравнений, анализируются её основные качественные свойства: закон сохранения численности популяции, монотонность решений, затухание эпидемии, пороговое условие начала вспышки и существование пика числа инфицированных. Для конкретных параметров проводится численное моделирование методом Эйлера, результаты которого сопоставляются с аналитическими оценками. Показано, что SIR-модель, несмотря на простоту, адекватно отражает ключевые закономерности эпидемического процесса и служит основой для более сложных моделей математической эпидемиологии.

**Ключевые слова.** SIR-модель, математическая эпидемиология, дифференциальные уравнения, базовое репродуктивное число, пик эпидемии, численное моделирование, метод Эйлера, коллективный иммунитет.

**Введение.** Математическое моделирование эпидемий – одно из важнейших приложений дифференциального исчисления к реальным задачам. Пандемия COVID-19 наглядно продемонстрировала, что математические модели играют ключевую роль в прогнозировании динамики заболеваний и принятии управленческих решений. Цель данной работы – изучить классическую SIR-модель Кермака–Маккендрика, исследовать её свойства средствами математического анализа и провести численное моделирование.

SIR-модель была предложена У. Кермаком и А. Маккендриком в 1927 году. Всё население численностью  $N$  делится на три группы:

$S(t)$  – восприимчивые (здоровые, способные заразиться);

$I(t)$  – инфицированные (больные, распространяющие инфекцию);

$R(t)$  – выздоровевшие (приобрели иммунитет).

Основные допущения: численность популяции постоянна ( $S+I+R=N$ ), каждый индивид контактирует с остальными равновероятно, после выздоровления приобретает пожизненный иммунитет, латентный период отсутствует.

Модель описывается системой обыкновенных дифференциальных уравнений:

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

Где  $\beta$  – скорость передачи инфекции (число заражающих контактов в единицу времени),  $\gamma=1/T_{inf}$  – скорость выздоровления ( $T_{inf}$  – средняя продолжительность болезни). Отношение  $R_0 = \beta/\gamma$  называется базовым репродуктивным числом и равно среднему числу людей, которых заражает один больной за всё время болезни в полностью восприимчивой популяции.

**Закон сохранения.** Сложив все три уравнения, получим:

$$\frac{d}{dt}(S + I + R) = -\frac{\beta SI}{N} + \frac{\beta SI}{N} - \gamma I + \gamma I = 0,$$

Следовательно,  $S(t) + I(t) + R(t) = N = \text{const}$ . Это позволяет исключить  $R$  и работать с двумя уравнениями.

**Монотонность.** Поскольку  $S'(t) = -\frac{\beta SI}{N} \leq 0$  и  $R'(t) = \gamma I \geq 0$ , функция  $S(t)$  монотонно убывает, а  $R(t)$  монотонно возрастает. Обе функции ограничены отрезком  $[0, N]$ , значит, по теореме Вейерштрасса существуют пределы  $S_\infty = \lim_{t \rightarrow +\infty} S(t)$  и  $R_\infty = \lim_{t \rightarrow +\infty} R(t)$ .

**Затухание эпидемии.** Из равенства  $R(t) - R(0) = \gamma \int_0^t I(\tau) d\tau$  и ограниченности  $R(t) \leq N$  следует сходимость интеграла  $\int_0^{+\infty} I(\tau) d\tau < \infty$ . По лемме Барбалата (производная  $I'(t)$  ограничена,  $I(t)$  непрерывна) получаем  $\lim_{t \rightarrow +\infty} I(t) = 0$ : эпидемия всегда заканчивается.

**Фазовые траектории.** Разделив второе уравнение на первое:

$$\frac{dI}{dS} = -1 + \frac{N}{R_0 S}.$$

Интегрируя, получаем первый интеграл системы:

$$I(S) = I_0 + S_0 - S + \frac{N}{R_0} \ln \frac{S}{S_0}.$$

**Пороговая теорема.** Из второго уравнения при  $t = 0$  и  $S_0 \approx N$ :

$$I'(0) = I_0 \left( \frac{\beta S_0}{N} - \gamma \right) \approx \gamma I_0 (R_0 - 1).$$

Если  $R_0 > 1$ , то  $I'(0) > 0$  – число заражённых растёт, эпидемия развивается. Если  $R_0 < 1$ , то  $I'(0) < 0$  – эпидемия затухает с самого начала. Это пороговая теорема Кермака–Маккендрика.

Пик эпидемии. Исследуем  $I(S)$  на максимум  $dI/dS = 0$  при  $S^* = N/R_0$ . Вторая производная

$$\frac{d^2I}{dS^2} = -\frac{N}{R_0 S^2} < 0 \text{ при } S > 0$$

Так как вторая производная всегда отрицательна, найденная точка  $S^* = \frac{N}{R_0}$  является точкой строгого максимума. Подставив значение  $S^*$  в уравнение фазовой траектории, получим выражение для пикового числа инфицированных  $I_{max}$ :

$$I_{max} = I_0 + S_0 - \frac{N}{R_0} + \left(1 + \ln \frac{R_0 S_0}{N}\right)$$

Из этого следует важный эпидемиологический вывод: пик эпидемии наступает в тот момент, когда доля восприимчивых в популяции снижается до величины  $1/R_0$ . Величина  $1 - 1/R_0$

называется порогом коллективного иммунитета. Как только переболевшие и вакцинированные составляют эту долю популяции, число активных больных начинает снижаться.

Конечный размер эпидемии. Рассмотрим состояние системы при  $t \rightarrow +\infty$ . Как было показано ранее,  $I_\infty = 0$ . Подставив  $I = 0$  и  $S = S_\infty$  в первый интеграл системы (полагая  $I_0 \approx 0$ ,  $S_0 \approx N$ ), получаем трансцендентное уравнение для определения конечного числа восприимчивых  $S_\infty$ , которые избежали заражения:

$$\ln \frac{S_0}{S_\infty} = R_0 \left(1 - \frac{S_\infty}{N}\right)$$

Анализ этого уравнения показывает, что при  $R_0 > 1$  всегда выполняется  $S_\infty > 0$ . Это означает, что эпидемия никогда не поражает 100% популяции – всегда остается часть индивидов, которые не заболеют, так как эпидемия затухнет раньше из-за истощения цепочек передачи вируса.

**Численное решение и пример расчета.** Система SIR не имеет решения в элементарных функциях, поэтому применяется метод Эйлера с шагом  $h$ :

$$S_{n+1} = S_n - h \frac{\beta S_n I_n}{N} \quad I_{n+1} = I_n + h \left( \frac{\beta S_n I_n}{N} - \gamma I_n \right) \quad R_{n+1} = R_n + h \gamma I_n$$

Рассмотрим модельную эпидемию:  $N = 10000$ ,  $I_0 = 1$ ,  $\beta = 0,4$  день<sup>-1</sup>,  $\gamma = 0,1$  день<sup>-1</sup>, то есть  $R_0 = 4$ . Средняя продолжительность болезни – 10 дней, время удвоения в начальной фазе –  $T_2 \approx 2,3$  дня.

Аналитические оценки: пик при  $S^* = 2500$ ,  $I_{max} \approx 4000$ , финальная доля переболевших  $\approx 98\%$ .  
Результаты численного моделирования ( $h=0,1$  дня):

День	S	I	R
0	9999	1	0
10	9978	18	4
30	4375	3851	1774
40	682	2321	6997
70	160	19	9821
100	156	$\approx 0$	9844

Динамика подтверждает теоретические выводы: экспоненциальный рост в начале, резкий пик около 30-го дня, затем затухание. Итоговая доля переболевших — 98,4%, что согласуется с решением уравнения  $z = e^{-4(1-z)}$ .

**Значение  $R_0$  и коллективный иммунитет.** Для предотвращения эпидемии необходимо, чтобы доля иммунных в популяции (например, за счёт вакцинации) превысила порог  $p_c = 1 - 1/R_0$ . Для кори ( $R_0 \approx 15$ ) это 93%, для гриппа ( $R_0 \approx 2$ ) – 50%, для исходного штамма COVID-19 ( $R_0 \approx 3$ ) – 67%.

**Заключение.** В работе проведено аналитическое и численное исследование SIR-модели. Показано, что средствами математического анализа (производные, интегралы, исследование на экстремум, несобственные интегралы, предельные теоремы) можно строго доказать основные свойства модели: закон сохранения, монотонность, затухание эпидемии, существование пика и пороговый эффект. Несмотря на простоту, SIR-модель верно отражает ключевые закономерности эпидемического процесса и остаётся фундаментом современной математической эпидемиологии.

**Список использованных источников:**

1. Kermack W. O., McKendrick A. G. A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics // Proc. Roy. Soc. London. Ser. A. – 1927. – Vol. 115. – P. 700–721.
2. Мюррей Дж. Д. Математическая биология. Том I. – М.–Ижевск: ИКИ, 2009.
3. Hethcote H. W. The Mathematics of Infectious Diseases // SIAM Review. – 2000. – Vol. 42, No. 4. – P. 599–653.
4. Братусь А. С., Новожилев А. С., Платонов А. П. Динамические системы и модели биологии. – М.: ФИЗМАТЛИТ, 2010.
5. Фихтенгольц Г. М. Курс дифференциального и интегрального исчисления. Том I. – М.: ФИЗМАТЛИТ, 2001.

UDC 519.876.5

## MATHEMATICAL MODELING OF EPIDEMIC SPREAD (SIR MODEL)

*Zhitko R.V., student*

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

*Lobanok L.V. – Senior Lecturer at the Department of Computational Mathematics*

**Annotation.** This paper examines the classical Kermack–McKendrick SIR model describing the spread of an infectious disease in a closed population. The model formulation as a system of ordinary differential equations is presented, and its main qualitative properties are analyzed: population conservation law, monotonicity of solutions, epidemic fade-out, threshold condition for outbreak initiation, and the existence of a peak in the number of infected individuals. The first integral of the system is also considered, and the condition for achieving the maximum of the infected function is derived. For specific parameters, numerical simulation is performed using the Euler method, and the results are compared with analytical estimates. It is shown that the SIR model, despite its simplicity, adequately reflects the key patterns of the epidemic process and serves as a foundation for more complex models in mathematical epidemiology.

**Keywords.** SIR model, mathematical epidemiology, differential equations, basic reproduction number, epidemic peak, numerical simulation, Euler method, herd immunity.