

КОСОВИЧ І.Т., ЧЕРЕВКО І.М., ШКІЛЬНЮК Д.В.

МАТЕМАТИЧНИЙ АНАЛІЗ SIR МОДЕЛЕЙ ЕПІДЕМІОЛОГІЧНИХ ПРОЦЕСІВ

Наведено базові припущення та структуру узагальненої епідеміологічної SIR моделі. Досліджено ряд якісних властивостей SIR моделі: існування розв'язку початкової задачі, аналіз динаміки здорових, інфікованих та одужавших осіб, які дозволяють зробити висновки про поведінку пандемії на макрорівні. Досліджено граничні властивості розв'язків SIR моделі, одержано співвідношення яке дозволяє оцінити максимальне число можливих інфікованих осіб.

Ключові слова і фрази: SIR модель, структура популяції при пандемії, моделювання процесів епідеміології, математичний аналіз SIR моделі.

Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University, Chernivtsi, Ukraine

e-mail: *kosovych.ihor@chnu.edu.ua, i.cherevko@chnu.edu.ua, d.skilnjuk@chnu.edu.ua*

ВСТУП

Складність та різноманітність процесів, що відбуваються у живих організмах, часто перевищують можливості отримати повний та докладний опис їх функціонування. Враховуючи цю обмеженість при розробці нових методів дослідження та діагностики процесів, часто звертаються до заміни реального об'єкта дослідження (оригіналу) іншим, схожим об'єктом (моделлю). За допомогою моделі можна моделювати та вивчати найрізноманітніші процеси, змінюючи часові масштаби, встановлюючи різні початкові умови, змінюючи характеристики об'єкта дослідження та впливи на нього. Це дозволяє спостерігати та аналізувати, як зміни впливають на систему та які результати можуть бути отримані.

Поширення інфекційних захворювань являє собою складне явище з великою кількістю непередбачуваних факторів. Створення математичних моделей поширення інфекцій є важливим елементом для дослідження складної динаміки захворювання. У цій роботі ми розглядатимемо версію SIR моделі Кермака–Маккендріка, представлену в багатьох класичних виданнях [1, 2, 3, 4], як прототип моделі інфекційної хвороби в якій адаптована Мальтузіанська модель зростання популяції.

УДК 519.87:574.3

2010 *Mathematics Subject Classification*: 34D20, 34K06, 34K20.

Поширеним підходом для моделювання процесів у епідеміології є імітаційне моделювання за допомогою мультиагентного методу, який забезпечує можливість експериментувати з параметрами моделі та отримати різні сценарії розвитку подій [5, 6, 7].

Дослідження SIR моделей у вигляді системи диференціальних рівнянь дозволяє описати поведінку динаміки захворювання на макрорівні зберігаючи високий рівень абстрагування [8, 9, 10, 11].

1 ПОВБУДОВА МАТЕМАТИЧНИХ МОДЕЛЕЙ ЕПІДЕМІОЛОГІЇ

У найпростіших SIR моделях здійснюються базові припущення, наприклад, що кожен має однакові шанси підхопити вірус від інфікованої людини, оскільки популяція ідеально і рівномірно змішана, і що всі люди з хворобою однаково заразні, поки не помруть або не одужають.

Згідно класичної SIR моделі є набір агентів, які рухаються і тим самим імітують місто. Населення в моделі ділиться на три групи в залежності від статусу: S (susceptible) – здоровий і сприйнятливий до хвороби (особи, які ще не піддавалися цьому захворюванню і, отже, ризикують заразитися), I (infected) – інфікований (це ті, хто зараз є носіями хвороби та можуть передати її іншим), R (recovered) – особи, що вже перенесли інфекцію та виробили імунітет, тому вони більше не можуть підхопити чи поширити хворобу. В даній задачі люди переходять із фази у фазу поступово

$$S \rightarrow I \rightarrow R.$$

Ця базова модель інфекційного захворювання має багато різних модифікацій та базується на ряді припущень щодо швидкостей зміни агентів у виділених групах [12]:

1. Зміна чисельності сприйнятливих осіб S пропорційна до кількості контактів між сприйнятливими особами та інфікованими.
2. Зміна чисельності інфікованих осіб I залежить від швидкості інфікування осіб S та швидкості одужання осіб I .
3. Зміна чисельності осіб, що одужали R пропорційна чисельності інфікованих осіб I .

Кількість осіб у кожному з цих класів змінюється з часом, тобто $S(t)$, $I(t)$ і $R(t)$ є функціями часу t . Загальний розмір популяції припускаємо N є сумою кількостей осіб цих трьох класів

$$N = S(t) + I(t) + R(t).$$

Одержимо диференціальні рівняння, які описують динаміку осіб в кожному класі, які вперше були отримані Кермаком і Маккендріком в роботі [13]. Для цього будемо розглядати як чисельність осіб змінюється з часом.

Коли сприйнятлива до захворювання особа вступає в контакт з інфекційною то ця сприйнятлива особа з певною ймовірністю заражається і переходить із класу сприйнятливих до класу інфікованих. Сприйнятлива популяція зменшується за одиницю часу на всіх індивідів, які інфікуються за цей час. При цьому клас інфекційних збільшується на стільки ж нових інфікованих осіб. Кількість осіб, які інфікуються за одиницю часу в

епідеміології, називається швидкістю захворюваності, та характеризує швидкість зміни класу сприйнятливих осіб $S(t)$.

Розглянемо представника класу $I(t)$ (заражена особа) і будемо припускати, що cN кількість контактів цього представника за одиницю часу є пропорційна загальній чисельності популяції з показником пропорційності c . Оскільки S/N – це імовірність того, що відбувся контакт із сприятливою особою, тоді cS – це кількість контактів із сприятливими особами, яку здійснює один представник класу $I(t)$ за одиницю часу.

Припустимо, що p – це імовірність того, що контакт сприятливої особи із інфікованою особою призведе до її зараження. Позначивши

$$\beta = cp$$

маємо, що βS – це кількість сприятливих осіб, що будуть інфіковані однією особою із класу $I(t)$ за одиницю часу. Тоді βSI – це кількість усіх інфікованих осіб за одиницю часу.

Таким чином дістаємо таке диференціальне рівняння, що описує динаміку в класі S :

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta SI. \quad (1)$$

Сприйнятливі особи, що інфікувалися, переходять до класу I , в той же час особи, що одужали, покидають клас I та переходять в клас R . Нехай α – це частка інфікованих осіб, що одужали за одиницю часу, тоді маємо диференціальні рівняння, що описують динаміку в класах інфікованих осіб I :

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta SI - \alpha I, \quad (2)$$

та в класі осіб, що перенесли інфекцію і одужали

$$\frac{dR(t)}{dt} = \alpha I. \quad (3)$$

Таким чином, одержали систему диференціальних рівнянь

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= -\beta SI, \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta SI - \alpha I, \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \alpha I, \end{aligned} \quad (4)$$

яка відома в літературі як SIR модель Кермака–Маккендріка [1]-[4], [8]-[13].

2 ІСНУВАННЯ ТА ЄДИНІСТЬ РОЗВ'ЯЗКУ SIR МОДЕЛІ

Введемо позначення

$$x = \begin{pmatrix} S \\ I \\ R \end{pmatrix}, \quad f = \begin{pmatrix} f_1 \\ f_2 \\ f_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\beta SI \\ \beta SI - \alpha I \\ \alpha I \end{pmatrix}. \quad (5)$$

Тоді систему диференціальних рівнянь (4) запишемо у вигляді

$$\frac{dx}{dt} = f(x). \quad (6)$$

Встановимо одну допоміжну нерівність для векторної функції

$$f(x) = (f_1(x_1, \dots, x_n), \dots, f_n(x_1, \dots, x_n)),$$

що визначено на випуклій множині $x \in D$.

Лема. Якщо справджуються нерівності

$$\left\| \frac{\partial f_i(x_1, \dots, x_n)}{\partial x_j} \right\| \leq K, \quad i, j = \overline{1, n}, \quad x \in D, \quad K > 0, \quad (7)$$

тоді має місце нерівність

$$\|f(x) - f(y)\| \leq n^{\frac{3}{2}} K \|x - y\|, \quad x, y \in D. \quad (8)$$

Доведення. Нехай $x, y \in D$, введемо відрізок, що їх з'єднує

$$u(t) = y + t(x - y).$$

Якщо $0 \leq t \leq 1$, то $u(t)$ пробігає відрізок, що з'єднує точки x та y , оскільки множина D випукла. Застосуємо формулу Лагранжа

$$f_i(x) - f_i(y) = f_i(u(1)) - f_i(u(0)) = \left. \frac{df_i(u(t))}{dt} \right|_{t=0}.$$

Для похідної $\frac{df_i(u(t))}{dt}$ маємо співвідношення

$$\frac{df_i(u(t))}{dt} = \sum_{k=1}^n \frac{\partial f_i(u_i(t), \dots, u_n(t))}{\partial x_k} \cdot \frac{du_k(t)}{dt} = \sum_{k=1}^n \frac{\partial f_i(u_i(t), \dots, u_n(t))}{\partial x_k} (x_k - y_k).$$

Отже,

$$|f_i(x) - f_i(y)| \leq \sum_{k=1}^n K |x_k - y_k| \leq nK \|x - y\|.$$

Тепер одержуємо потрібну нерівність

$$\begin{aligned} \|f(x) - f(y)\| &= \left[\sum_{i=1}^n [f^i(x) - f^i(y)]^2 \right]^{\frac{1}{2}} \leq \left[\sum_{i=1}^n n^2 K^2 \|x - y\|^2 \right]^{\frac{1}{2}} = \\ &= (n^3 K^2 \|x - y\|^2)^{\frac{1}{2}} = n^{\frac{3}{2}} K \|x - y\|. \end{aligned}$$

Наслідок 1. Якщо частинні похідні функції $f(x) = (f_1(x_1, \dots, x_n), \dots, f_n(x_1, \dots, x_n))$ обмежені на випуклій множині D , то ця функція є локально Ліпшицевою в довільному обмеженому циліндрі, що міститься в D .

Дійсно, із нерівності (8) маємо

$$\|f(x) - f(y)\| \leq L\|x - y\|,$$

де $L = n^{\frac{3}{2}}K$, тобто виконується умова Ліпшиця.

Наслідок 2. ([14] Теорема 5.6) Якщо функція $f(x)$ є локально ліпшицевою на випуклій множині D , тоді існує єдиний розв'язок задачі Коші для рівняння (6).

Повертаємось тепер до SIR моделі (4).

Враховуючи позначення (5), можемо виписати Якобіан для функції $f(x)$:

$$\begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial I} & \frac{\partial f_1}{\partial R} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial I} & \frac{\partial f_2}{\partial R} \\ \frac{\partial f_3}{\partial S} & \frac{\partial f_3}{\partial I} & \frac{\partial f_3}{\partial R} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\beta i & -\beta S & 0 \\ \beta i & \beta S - \alpha & 0 \\ 0 & \alpha & 0 \end{pmatrix}. \quad (9)$$

Оскільки Якобіан складається із лінійних функцій змінних S, I, R , то вони є неперервними, а отже і обмеженими на обмеженій множині D . Тоді функція f , визначена співвідношенням (5), є локально Ліпшицевою.

На підставі наслідка 2 одержуємо наступне твердження про існування розв'язку для системи диференціальних рівнянь (4).

Теорема. Розв'язок початкової задачі для SIR моделі Кермака–Маккендріка (4) існує та єдиний.

3 МАТЕМАТИЧНІ ВЛАСТИВОСТІ SIR МОДЕЛІ

Модель епідемії Кермака–Маккендріка (4) – це система нелінійних диференціальних рівнянь із специфічною динамікою розв'язків. У роботах [8]–[10] представлено наближення аналітичних розв'язків, виходячи з їх інтегральних зображень.

У попередньому підпункті встановлено, що розв'язки моделі (4) існують локально, хоча очевидно, що система (4) має глобальний розв'язок.

Позначимо через N загальний об'єм популяції в початковий момент часу

$$N = S(0) + I(0) + R(0).$$

Додавши всі три рівняння системи (4), маємо

$$\frac{dN(t)}{dt} = \frac{dS(t)}{dt} + \frac{dI(t)}{dt} + \frac{dR(t)}{dt} = 0.$$

Отже, $N(t)$ є сталою, яка дорівнює своєму початковому значенню: $N(t) = N$.

Оскільки $\frac{dS(t)}{dt} < 0$ для всіх t , то кількість осіб, сприятливих до захворювання, завжди зменшується, незалежно від початкової умови $S(0)$.

Так як $S(t)$ є монотонно спадною і додатною функцією, то існує [15]

$$\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S_{\infty}.$$

Оскільки $\frac{dR(t)}{dt} > 0$ для всіх t , то число осіб, що одужали, завжди монотонно зростає, незалежно від початкових умов. Таким чином, $R(t)$ монотонна і обмежена функція, тоді існує

$$\lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R_{\infty}.$$

З іншого боку, число інфікованих $I(t)$ може мати немонотонну поведінку, спочатку збільшуватись до деякого максимального рівня, а потім зменшуватись до нуля.

На початку відбувається збільшення числа інфікованих $I(t)$, якщо

$$\frac{dI(0)}{dt} = (\beta S(0) - \alpha)I(0) > 0. \quad (10)$$

Таким чином, необхідною і достатньою умовою збільшення кількості інфікованих є

$$\beta S(0) - \alpha > 0,$$

або

$$\frac{\beta S(0)}{\alpha} > 1. \quad (11)$$

Щоб оцінити межі граничних значень S_{∞} та R_{∞} , розглянемо систему рівнянь

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= -\beta IS, \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \alpha I. \end{aligned} \quad (12)$$

Розділивши рівняння одне на друге, одержимо

$$\frac{dS}{dR} = -\frac{\beta}{\alpha} S.$$

Розв'язуючи одержане рівняння, маємо

$$S = S(0)e^{-\frac{\beta}{\alpha}R} \geq S(0)e^{-\frac{\beta}{\alpha}N} > 0.$$

Ми бачимо, що не всі сприйнятливі особи захворіють. Цей факт підтверджується спостереженнями, зробленими під час пандемії COVID-19.

Проінтегрувавши перше рівняння системи (12)

$$\int_0^{\infty} S'(t)dt = -\beta \int_0^{\infty} S(t)I(t)dt.$$

Одержимо

$$S(0) - S_{\infty} = \beta \int_0^{\infty} S(t)I(t)dt > \beta S_{\infty} \int_0^{\infty} I(t)dt.$$

Із останньої нерівності, оскільки $\int_0^{\infty} I(t)dt$ збіжний, то

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0.$$

Таким чином, це означає, що епідемія з часом спадає і закінчується.

Зауважимо, що змінна $R(t)$ не входить у перші два рівняння системи (4). Тому спочатку розглянемо тільки перші два рівняння для змінних $S(t)$ та $I(t)$.

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\beta IS, \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta IS - \alpha I.\end{aligned}\tag{13}$$

Змінну $R(t)$ можна буде отримати із співвідношення

$$R(t) = N - S(t) - I(t).\tag{14}$$

Поділивши друге рівняння системи (13) на перше, дістаємо

$$\frac{dI(t)}{dS(t)} = \frac{\beta IS - \alpha I}{-\beta SI} = -1 + \frac{\alpha}{\beta S}.$$

Розділивши змінні, маємо

$$dI(t) = \left(-1 + \frac{\alpha}{\beta S}\right) dS.$$

Інтегруючи тепер, дістаємо

$$I(t) = -S(t) + \frac{\alpha}{\beta} \ln S(t) + C,$$

де C – довільна стала.

Таким чином, орбіти розв'язку задані неявно

$$I + S - \frac{\alpha}{\beta} \ln S(t) = C.\tag{15}$$

Припустимо, що початкові умови $S_0 = S(0)$ та $I_0 = I(0)$ задані. Ми також маємо, що $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$, а $S_\infty = \lim_{t \rightarrow \infty} S(t)$ визначає кількість сприйнятливих осіб на кінець епідемії.

Співвідношення (15) вірне для точок (S_0, I_0) та $(S_\infty, 0)$. Тоді

$$I_0 + S_0 - \frac{\alpha}{\beta} \ln S_0 = S_\infty - \frac{\alpha}{\beta} \ln S_\infty.$$

Із останньої рівності одержуємо

$$\frac{\beta}{\alpha} = \frac{\ln \frac{S_0}{S_\infty}}{S_0 + I_0 - S_\infty}.\tag{16}$$

Оскільки функція $S(t)$ є спадною, то

$$S_\infty < S_0 + I_0.$$

Неявне співвідношення (15) дозволяє нам оцінити максимальну кількість інфікованих осіб. Це досягається, коли $\frac{dI(t)}{dt} = 0$, тобто

$$S = \frac{\alpha}{\beta}.\tag{17}$$

Тепер у співвідношенні

$$I + S - \frac{\alpha}{\beta} \ln S = I_0 + S_0 - \frac{\alpha}{\beta} \ln S_0,$$

замінюючи S виразом (17), одержуємо максимальну кількість інфікованих, що може досягатися при епідемії

$$I_{\max} = -\frac{\alpha}{\beta} + \frac{\alpha}{\beta} \ln \frac{\alpha}{\beta} + S_0 + I_0 - \frac{\alpha}{\beta} \ln S_0. \quad (18)$$

Якщо на практиці можна оцінити $I_{\max}$, то можна спрогнозувати, коли почне зменшуватися пік епідемії.

Зауваження. Відзначимо, що досліджена в цьому пункті SIR модель є дещо спрощеною. Вона не враховує таких факторів як народжуваність та смертність, передбачає добру змішуваність популяції та її закритість.

В основі цих моделей є система диференціальних рівнянь, яка описує поведінку динаміки захворювання на макрорівні зберігаючи високий рівень абстрагування від реальності. При цьому не враховуються індивідуальні властивості об'єктів, оскільки процес поширення інфекції дискретний та неможливо передбачити наслідки системи обмежувальних заходів, які активно впроваджуються.

Перевагою цієї SIR моделі є те, що вона достатньо адекватно описує поведінку епідеміологічних процесів на макрорівні. Простота моделі SIR полегшує її як числове так і аналітичне дослідження, але також, ймовірно, надто спрощує складні процеси захворювання.

СПИСОК ЛІТЕРАТУРИ

- [1] Bacaer N. McKendrick and Kermack on epidemic modelling (1926-1927). A Short History of Mathematical Population Dynamics. Springer, London. 2011. 89-96.
- [2] Murray J.D. Mathematical Biology. 3rd edition. New York : Springer, 2002. 576 p.
- [3] Brauer F. Compartmental models in epidemiology, in Mathematical epidemiology. Vol. 1945 of Lecture Notes in Math., Springer, Berlin. 2008. 19-80.
- [4] Brauer F., Driessche P., Wu J., Allen L.J.S. Mathematical epidemiology. Berlin : Springer, 2008. 414 p.
- [5] Chumachenko D.I., Chumachenko T.O. Simulation modeling of epidemic processes: applied aspects : monograph. X.: Individual entrepreneur Panov A.M. 2023. 300 p.
- [6] Cherevko I.M., Kosovych I.T. *Simulation modeling of SIR models using the cellular automaton method*. Scientific Bulletin of Uzhhorod University. Series "Mathematics and Computer Science". Uzhhorod: Publishing House of UzhNU "Hoverla". 2024. **45**(2). 276-285.
- [7] Kosovych I., Cherevko I., Shchur T., Shkilniuk D. *Computer Modeling of the Dynamics of Epidemiological Processes*. 2024 14th International Conference on Advanced Computer Information Technologies (ACIT), Ceske Budejovi ce, Czech Republic. 2024. 32-35.
- [8] Khan H., Mohapatra R.N., Vajravelu K., Liao S.J. *The explicit series solution of SIR and SIS epidemic models*. Appl. Math. Comput. 2009. **38**. 653-669.
- [9] Carvalho A.M., Goncalves S. *An analytical solution for the Kermack–McKendrick model*. Physica A: Statistical Mechanics and its Applications. 2021. **566**(15), 125659.

- [10] Adamu A.A., Muhammad M., Jingi A.M., Usma M.A. *Mathematical modelling using improved SIR model with more realistic assumptions*. International Journal of Engineering and Applied Sciences. 2019. **6**(1). 64-69.
- [11] Kosovych I.T., Cherevko I.M. *Mathematical analysis of the Kermack-McKendrick SIR model*. Materials of the Tenth International Scientific and Practical Conference "Mathematics in a Modern Technical University", February 20-21, 2025, Kyiv, Igor Sikorsky Kyiv Polytechnic Institute. 85-88.
- [12] Martsenyuk V. P., Andreychyn M. A., Sverstyuk A. S., Kopcha V. S., Chaychuk O. T., Panychev V. O. *Identification of parameters in SIR models based on the results of the COVID-19 pandemic in the Ternopil region*. Infectious diseases. 2020. № 2. 15-20.
- [13] Kermack W.O., McKendrick A.G. *A contribution to the mathematical theory of epidemics*. Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character. 1927. **115**. 700-721.
- [14] Samoilenko A. M., Perestyuk M. O., Parasyuk I. O. *Differential equations*. Kyiv: Kyiv University., 2010. 527 p.
- [15] Natanson I. P. *Theory of functions of a real variable*. New York : F. Ungar Pub. Co., 1955. 277 p.

Надійшло 20.05.2025

Kosovych I.T., Cherevko I.M., Shkilnyuk D.V. *Mathematical analysis of SIR models of epidemiology processes*, Bukovinian Math. Journal. **13**, 1 (2025), 83–91.

The construction of mathematical models of infection spread is an important element in the study of complex disease dynamics. In the paper, we investigate the classical mathematical SIR (Susceptible-Infected-Recovered) model of Kermack-McKendrick, in which a population is divided into three distinct groups: susceptible individuals who can contract the infection (S), infected individuals who carry the disease (I), and recovered individuals who are no longer infectious (R). The simplest SIR models rely on fundamental assumptions, such as that everyone has the same chance of contracting the infection from an infected person due to the population being perfectly and evenly mixed, and that all infected individuals are equally contagious until they recover or die.

The conditions for local Lipschitz continuity of the right-hand sides of the considered mathematical models are investigated. Based on this, it is established that the classical Kermack-McKendrick SIR model, which describes the dynamics of the disease at the macro level, has a unique solution. The limit properties of the SIR model solutions are also investigated, and a relationship is derived that allows estimating the maximum possible number of infected individuals.