

УДК 517.9

<http://dx.doi.org/10.30970/vam.2025.34.00000>

СИМУЛЯЦІЯ ДИНАМІКИ ЕПІДЕМІЙ НА ОСНОВІ SIR-МОДЕЛЕЙ

К. Яцюк, Ю. Щербина

*Львівський національний університет імені Івана Франка,
вул. Університетська 1, Львів, 79000, Україна
e-mail: kateryna.yatsiuk@lnu.edu.ua, yuriy.shcherbina@lnu.edu.ua*

Сучасні виклики, пов'язані з глобалізацією, високою мобільністю населення та постійною загрозою виникнення нових патогенів, вимагають використання передових інструментів для прогнозування й управління поширенням інфекційних захворювань. Математичне моделювання виявилось одним із найефективніших підходів, оскільки дозволяє описувати епідеміологічні процеси, оцінювати потенційний вплив профілактичних та інтервенційних стратегій, а також підтримувати ухвалення обґрунтованих рішень у сфері громадського здоров'я. Ця робота зосереджена на класичній SIR-моделі як базовій структурі та досліджує кілька її поширених модифікацій, які враховують важливі реальні фактори, такі як вакцинація, карантин, госпіталізація та періоди латентності. Окрім математичного формулювання моделі, реалізовано обчислювальне симуляційне рішення. Симуляція дозволяє здійснювати детальний покроковий аналіз динаміки епідемії за різних значень параметрів і стратегій втручання. Числові експерименти демонструють, як різні заходи суттєво змінюють епідемічну криву, зменшуючи пік захворюваності та відтерміновуючи його настання, тим самим знижуючи навантаження на систему охорони здоров'я. Дослідження підкреслює гнучкість і застосовність компартментних моделей для аналізу динаміки захворювань та наголошує на їхній ролі в ефективному реагуванні на епідемії, прогнозуванні сценаріїв спалахів і формуванні політик вакцинації чи карантину. Отримані результати підтверджують, що математичні моделі є цінним інструментом як для теоретичного розуміння, так і для практичного планування в епідеміології.

Ключові слова: математичне моделювання, епідеміологічні процеси, SIR-модель.

1. ВСТУП

Проблема поширення інфекційних захворювань постійно перебуває під спостереженням науковців та фахівців у сфері охорони здоров'я. Особливої актуальності вона набула в останнє десятиліття, коли світ зіштовхнувся з новими масштабними пандеміями. Для розуміння механізмів поширення захворювань та вибору ефективних заходів боротьби дедалі частіше застосовують математичні моделі.

SIR-модель, одна з найвідоміших в епідеміології, дозволяє описувати основні закономірності передачі хвороби в популяції. Проте, базова структура моделі не завжди в змозі відобразити реальні сценарії, тому вона часто модифікується з урахуванням втручання чи поведінкових змін.

2. ВИКОРИСТАННЯ МАТЕМАТИЧНОГО МОДЕЛЮВАННЯ В ЕПІДЕМІОЛОГІЇ

У певному сенсі вся математика є формою моделювання. Адже усе, що було створено за історію розвитку цієї науки, бере свій початок із прагнення людини зрозуміти ті чи інші фізичні процеси або явища. Навіть сьогодні, коли в математиці

існує надзвичайно багато абстрактних напрямків, вони все ще походять від реальних явищ і процесів. Математичне моделювання – це потужний інструмент для вивчення складних систем і явищ, які важко або неможливо дослідити експериментальним шляхом.

2.1. РОЛЬ ПРИПУЩЕНЬ В МАТЕМАТИЧНОМУ МОДЕЛЮВАННІ ЕПІДЕМІОЛОГІЧНИХ ПРОЦЕСІВ

Основу математичного моделювання складає набір припущень – умов, які вважаються істинними, включаючи спрощення, які застосовуються щодо середовища чи системи, яка вивчається.

У світі існує безліч факторів, які можуть вплинути на розвиток певного процесу, і, очевидно, далеко не всі з них можна одночасно врахувати при моделюванні, адже існують різноманітні обмеження: обчислювальні ресурси, складність, кількість даних. Відповідно, факт, що не всі припущення справедливі для реального світу, вважається прийнятним, адже це полегшує побудову моделі, спрощує розуміння та аналіз [4]. Наприклад, для деякої епідеміологічної базової моделі може бути зазначено, що індивіди не можуть повторно інфікуватись, хоча повторні інфікування можуть виникнути для багатьох справжніх захворювань, таких як грип. Більш того, залежно від мети дослідження можна спростити поведінку всієї популяції, припускаючи, що всі індивіди однакові, тобто хвороба для всіх протікає без унікальних випадків, або передача інфекції є лінійним та детермінованим процесом. А це означає, що така модель ігнорує такі важливі чинники, як зміни в характеристиках патогенів, різноманітну соціальну взаємодію тощо. Очевидно, що спрощення та реалістичність варто балансувати, адже надмірний рівень абстракції може вплинути на точність отриманих результатів.

Отже, припущення роблять моделі більш керованими, але важливо розуміти, що жодна модель не може повністю відобразити реальний світ у всіх його різноманітних аспектах. Однак, це допомагає зосередитись на основних закономірностях та процесах, а також на меті дослідження.

2.2. ВИЗНАЧЕННЯ ПОНЯТТЯ “ЕПІДЕМІОЛОГІЯ”. ОСНОВИ УТВОРЕННЯ ТА ПОШИРЕННЯ ЕПІДЕМІЙ

Поняття “епідемія” визначає захворювання, яке одночасно вражає багатьох людей та поширюється від людини до людини в місцевості, де воно не є постійно поширеним. Іншими словами, захворювання тимчасово з’являється, триває певний час і потім зникає за якихось умов, наприклад, через набуття населенням імунітету. Зрозуміло, що епідемія може бути локалізована в межах одного міста або навіть країни. Якщо масштаби значно більші, наприклад, весь континент, тоді це вважається пандемією. Отже, пандемія – це своєрідний вид епідемії, яка виходить за межа окремих регіонів та охоплює велику територію. Щоб зрозуміти, як боротись з цими явищами, науковці звертаються до епідеміології – науки, яка вивчає епідемії та фактори, які впливають на їх розповсюдження, розподіл і контроль інфекційних захворювань.

Епідемії виникають в результаті взаємодії трьох ключових компонентів: збудника (патогена), сприйнятливої особини та навколишнього середовища [3]. Для того,

щоб збудник поширювався, він має передаватись серед популяції сприйнятливих осіб. Також необхідне і середовище, яке сприяє передачі збудника від однієї особи до іншої.

Велика кількість патогенів постійно присутня в популяціях на переважно стабільному контрольованому рівні. Відповідно, кожен такий постійний збудник має очікувану кількість випадків захворювання, яку він спричиняє в певній популяції за визначений період часу. Іноді ця кількість перевищує допустимий рівень, що може сигналізувати про раптове зростання захворюваності або епідемії.

Усі ці процеси – від інфікування до поширення та навіть одужання – можуть бути змодельовані з використанням систем диференціальних рівнянь, імовірністних підходів, агентного моделювання тощо.

2.3. КЛАСИФІКАЦІЯ ЕПІДЕМІОЛОГІЧНИХ МОДЕЛЕЙ

Математичні моделі можна поділити в корені на два класи: детерміновані та стохастичні. Детерміновані моделі характеризуються відсутністю випадковості, де результат однозначно визначається початковими умовами та параметрами. Натомість стохастичні моделі враховують варіативність та випадковість у процесах [4].

Детерміновані моделі класифікуються за часовою дискретизацією. Моделі з дискретним часом описують епідеміологічні процеси як послідовність кроків, де стани системи оновлюються через певні часові інтервали. Вони можуть бути двовимірними або багатовимірними. Моделі, що описують епідемічний процес як неперервну зміну стану системи, є моделями з неперервним часом, які найчастіше представлені двовимірними моделями [4].

Основою цієї роботи було обрано багатокомпонентні детерміновані моделі. SIR-модель є класичною детермінованою моделлю епідемічних процесів. Існує багато різних розгалужень таких моделей, як-от модель SEIR та інші її модифікації. SIR-моделі представляють прозору математичну структуру, що забезпечує чітку інтерпретацію результатів та ефективне визначення ключових епідеміологічних параметрів. Більш того, модель дозволяє розглянути деяку біологічну природу досліджуваних захворювань. Наприклад, є можливість врахувати постійний імунітет після одужання, інкубаційний період тощо. Що стосується обмежень, які містить цей вид моделей, то на перший погляд їх наявність здається недоліком, однак вони дозволяють краще зрозуміти принципи математичного моделювання в епідеміології, зокрема вплив обмежень, роль початкових умов, структури системи та параметрів у формуванні динаміки.

2.4. КОМПАРТМЕНТНІ МОДЕЛІ В ЕПІДЕМІОЛОГІЇ. ЗАКОН МАСОВОЇ ДІЇ

Клас детермінованих моделей, які дозволяють описувати динаміку захворювань через певні математичні закономірності, називається полігамними (відсіковими) моделями. В їх основі лежить розподіл всього населення на окремі групи (відсіки), кожен з яких представляє певний етап перебігу епідемії.

Компартментні моделі базуються на припущенні, що для динаміки епідемії виконується закон масової дії. Його суть полягає у тому, що у випадку рівномірного змішування населення, швидкість поширення інфекції C в популяції прямопропорційна добутку кількості осіб I , які є заразними, і кількості осіб S , які сприйнятливі до інфекції [8]. Це означає, що чим більше інфікованих у популяції, тим вищий

ризик зараження для сприйнятливих осіб. Відповідно, чим більше сприйнятливих осіб, тим швидше вірус поширюється.

$$C = \beta IS, \quad (1)$$

де β є константою.

Однак на практиці рівномірне змішування не завжди відповідає реальності. Наприклад, при таких дитячих інфекційних захворюваннях, як кір, ризик зараження в сім'ї вищий, ніж у шкільному класі, а у школі він, своєю чергою, вищий, ніж у межах всієї громади. Отже, сприйнятливі та інфіковані особи взаємодіють неоднорідно. Попри це, практична користь припущення про рівномірне змішування підтверджується апостеріорним спостереженням: якщо правильно вибрати значення коефіцієнта β , то отримана математична модель дає теоретичну криву нових випадків, яка добре узгоджується зі спостережуваними даними. Таке значення β , ймовірно, є певним усередненим значенням, яке відображає різні рівні контакту між інфікованими та сприйнятливими групами в популяції [8].

При застосуванні рівняння (1) аналітичні розрахунки змінюються залежно від спеціальних припущень, зроблених щодо конкретного захворювання. Наприклад, якщо розглядати малярію (характеризується хронічним перебігом, є імовірність рецидивів) та припустити, що інфіковані особи залишаються такими необмежено довго, а також нехтувати припливом і відтоком населення та інкубаційним періодом як у людини, так і в комара, то рівняння записується як:

$$\begin{aligned} C &= \frac{dI}{dt} = \beta IS, \\ S &= S_b - I, \end{aligned} \quad (2)$$

де S_b – кількість сприйнятливих на початку. Отже, отримано:

$$C = \frac{dI}{dt} = \beta I(S_b - I). \quad (3)$$

Закон масової дії використовується в прогнозуванні поширення хвороб і визначенні ефективних заходів контролю, а саме визначення порогу колективного імунітету – скільки людей переохворіли або вакцинувалися, щоб інфекція більше не поширювалася; оцінка ефективності карантинних заходів – зменшення контактів між людьми знижує ефективний коефіцієнт передачі, що уповільнює епідемію; моделювання ефекту вакцинації – якщо частка сприйнятливих різко зменшується за рахунок вакцинації, то ризик зараження всього суспільства теж значно падає.

3. SIR-МОДЕЛЬ ТА ЇЇ МОДИФІКАЦІЇ

Для більш точного моделювання епідемічних процесів існують варіації класичної SIR-моделі, які враховують додаткові аспекти, такі як нові категорії популяції або зміни в параметрах передачі інфекції. Ці модифікації дозволяють детальніше аналізувати специфічні характеристики поширення інфекцій, враховуючи різні умови епідемій, що можуть змінюватися в часі або залежати від інших факторів.

3.1. SIR-МОДЕЛЬ

SIR є фундаментальною математичною моделлю, яка описує поширення інфекційних захворювань у закритій популяції, використовуючи систему диференціальних рівнянь. Попри свою структурну простоту, модель здатна відтворити важливі

характеристики перебігу захворювання та є основою для складніших епідеміологічних моделей.

У класичній SIR-моделі виділяють кілька груп у популяції, які позначаються таким чином:

- Сприйнятливі (англ. Susceptible, S) – люди, які ще не контактували з вірусом і можуть заразитися.
- Інфіковані (англ. Infected, I) – особи, які вже заразилися вірусом і передбужують у стані хвороби на даний момент.
- Одужалі або вилучені (англ. Recovered або Removed, R) – ті, хто вже подолав хворобу і сформував імунітет.

Саме ці три категорії використовуються для опису SIR-моделей. Перехід між цими групами відбувається поступово: спочатку людина є сприйнятливою до вірусу (S), після контакту із вірусом вона переходить у категорію інфікованих (I), а після одужання – у категорію тих, хто вилікувався (R) [2]. У класичній SIR-моделі зворотний перехід із групи R до S не передбачений, хоча в розширених варіантах моделі можливо врахувати поступову втрату імунітету [1].



Рис. 1. Діаграма SIR-моделі

Для опису динаміки поширення хвороби, вводяться параметри:

- β – коефіцієнт передачі інфекції, перехід сприйнятливого індивіда до інфікованих після контакту з хворим.
- γ – коефіцієнт одужання, що характеризує перехід з групи інфікованих до одужалих.
- N – загальна чисельність населення, що визначається як сума всіх групових індивідів:

$$N = S + I + R.$$

Величина N є сталою, оскільки у цьому класичному варіанті не враховується народжуваність чи природна смертність, адже розглядається модель без життєвої динаміки. У ході розвитку епідемії індивіди переходять між групами.

Опишемо диференціальні рівняння, які складають систему SIR-моделі:

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

яке відображає, як зменшується кількість сприйнятливих індивідів через зараження інфекцією;

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

що представляє зміну кількості інфікованих, тобто певна частина заражається ($\beta \frac{S}{N}$), а інша одужує (γI);

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

яке описує зростання кількості одужалих внаслідок лікування, природного перебігу хвороби чи інших факторів.

Сума всіх трьох рівнянь рівна нулю, що демонструє збереження загальної чисельності населення. Якщо об'єднати ці рівняння у систему, то зрозуміло, що вона є нелінійною системою диференціальних рівнянь, які мають зв'язок між собою, і для системи не існує аналітичного (замкненого) розв'язку. Нелінійність проявляється через добуток S та I , адже це залежні невідомі змінні. Система є взаємопов'язною, оскільки кожне рівняння містить змінні з інших рівнянь. Це означає, що рівняння неможливо розв'язати окремо – щоб знати S потрібно знати I .

3.2. SEIR-МОДЕЛЬ

SEIR-модель базується на початковій схемі SIR, але ще додається нова категорія E (англ. Exposed, тобто “піддані впливу”). Індивід вважається підданим впливу, якщо відбувся контакт із зараженим, але симптоми ще не з'явилися. Індивід переходить у категорію інфікованих після інкубаційного періоду.

Цю модель розглядали з метою наближення до реальних умов перебігу хвороби: для більшості інфекційних захворювань існує латентний період між зараженням і фактичним перебуванням у стані хвороби: група, що піддається впливу (E). Система рівнянь моделі SEIR виглядає наступним чином [2]:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}, \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \sigma E, \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I, \end{cases}$$

де σ – коефіцієнт переходу від E до I , що залежить від середнього інкубаційного періоду.

3.3. МОДЕЛІ SEIQR, SEIHR, SEIRV

У модифікаціях SIR окрім таких факторів, як латентний період, повторне зараження, ще також розглядають інші, як от карантин, вікові групи, просторовий розподіл, вакцинація, госпіталізація тощо. Розглянемо ще деякі моделі:

- **SEIQR** – модель, яка враховує карантин. Тут додано клас Q (англ. Quarantined, тобто “ізолювані”), що дозволяє описати ситуацію, коли інфіковані особи швидко виявляються та ізолюються, що зменшує поширення захворювання. Система диференціальних рівнянь, де δ – коефіцієнт переходу в ізоляцію, а μ_q – коефіцієнт виходу з карантину, виглядає так [9]:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}, \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \sigma E, \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - (\gamma + \delta)I, \\ \frac{dH}{dt} = \delta I - \mu_q Q, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I + \mu_q Q; \end{array} \right.$$

- **SEIRV** – модель для врахування вакцинації. Тут V від англ. Vaccinated, тобто “вакциновані”. Люди з цієї групи мають або повний імунітет, або значно нижчий ризик зараження. Система диференціальних рівнянь, де v – коефіцієнт вакцинації, виглядає так [5]:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} - vS, \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \sigma E, \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I, \\ \frac{dV}{dt} = vS, \end{array} \right.$$

- **SEIHR** – модель, у якій вводиться клас H (англ. Hospitalized, тобто “госпіталізовані”). Це дозволяє оцінити навантаження на медичну систему та передбачати, коли лікарні можуть бути переповнені. Система рівнянь, де h – коефіцієнт госпіталізації, μ_h – коефіцієнт одужання з лікарні [6]:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}, \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \sigma E, \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - (\gamma + h)I, \\ \frac{dH}{dt} = hI - \mu_h H, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I + \mu_h H; \end{array} \right.$$

Узагальнюючи варіації перерахованих вище моделей, можна зробити висновок, що модифікації SIR є гнучкими та можуть адаптуватись до реальних умов поширення інфекції. Важливо розуміти, що різні фактори можуть бути поєднані в одній моделі для більш точного опису епідеміологічного процесу. Наприклад, можна врахувати одночасно і карантинні заходи, і вакцинацію, і втрату імунітету, створивши модель, яка більш реалістично відображатиме поширення інфекції в суспільстві, але водночас ускладнить математичні маніпуляції. Очевидно, що саме комбінування та ускладнення моделей наближає науковців до кращих прогнозів.

3.4. ЕПІДЕМІОЛОГІЧНІ ПОКАЗНИКИ

У контексті епідеміологічних моделей, зокрема і SIR, однією з важливих характеристик епідемії є базове репродуктивне число R_0 , що визначає кількість осіб, яку в середньому заражає один хворий індивід [7]. Число представляє початкову здатність вірусу поширюватися у повністю сприйнятливій популяції. Показник обчислюється як відношення коефіцієнта передачі інфекції до коефіцієнту одужання:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}.$$

Очевидно, що якщо $R_0 > 1$, то кількість інфікованих зростає, отже епідемія розвивається, якщо $R_0 < 1$ – захворювання поступово згасає [7].

Варто зазначити, що для кожної моделі формула базового репродуктивного числа може мати різний вигляд, залежно від структури моделі – зокрема, які класи включені, які переходи між ними можливі, які параметри ці переходи визначають. Наведемо оновлені формули R_0 для SEIQR, SEIHR:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma + \delta}, \quad R_0 = \frac{\beta}{\gamma + h},$$

де β – коефіцієнт передачі інфекції, γ – коефіцієнт одужання, δ – коефіцієнт ізоляції інфікованих (перехід від групи інфікованих I до групи ізованих Q), h – коефіцієнт госпіталізації (перехід від I до H). Щодо SEIRV, то вакцинація зменшує кількість сприйнятливих осіб, а базове репродуктивне число не змінюється, адже воно описує ситуацію на початку, коли всі ще сприйнятливі, іншими словами, теоретичну заразність інфекції без втручання на сприйнятливих.

Колективний імунітет – ще один ключовий показник. Він виникає, коли значна частина популяції вакцинована або має імунітет завдяки якійсь іншій причині, що призводить до захисту сприйнятливих осіб. Чим більше людей у популяції мають імунітет, тим менша ймовірність того, що сприйнятлива особа контактуватиме з інфекцією. Хвороби важче поширюються між особами, якщо велика кількість осіб вже має імунітет, оскільки ланцюг інфекції розривається.

Поріг колективного імунітету (англ. Herd immunity threshold) – це частка популяції, яка повинна мати імунітет, щоб інфекційне захворювання стабілізувалось у популяції.

$$HIT = \frac{R_0 - 1}{R_0}.$$

Якщо поріг колективного імунітету досягнуто шляхом імунізації, то кожен випадок призводить до одного нового випадку, і інфекція з часом стане стабільною. Якщо поріг перевищено, то кількість випадків інфекції зменшується. Зі збільшенням базового репродуктивного числа збільшується поріг. Це важливий показник, який використовується в рамках контролю інфекційних захворювань та імунізації.

4. РЕЗУЛЬТАТИ ЧИСЛОВИХ ДОСЛІДЖЕНЬ ТА ЇХ АНАЛІЗ

Числові дослідження моделей поширення інфекційних захворювань базуються на системах звичайних диференціальних рівнянь, які описують динаміку змін у популяції, зокрема перехід осіб між різними епідеміологічними станами. Це

дозволяє відтворити процес поширення інфекції та отримати прогнози щодо основних епідеміологічних показників, таких як час досягнення піку захворюваності, максимальне навантаження на систему охорони здоров'я та вплив різних факторів на динаміку епідемії.

Для чисельного розв'язання систем використано функцію `odeint` Python-бібліотеки `SciPy`, яка застосовує адаптивні методи інтегрування, зокрема метод `LSODA`. Розв'язок систем здійснюється на дискретній сітці часу $\{t_0, t_1, \dots, t_n\}$, а результатом є масив векторів стану систем у кожний момент часу (базова одиниця виміру часу – день).

Кожна з модифікацій моделей параметризується на основі вхідних значень, які визначають початкові умови, коефіцієнти передачі, тривалості інкубаційних та інфекційних періодів, рівень охоплення вакцинацією тощо. Відповідно, у кожній з моделей змінюється структура правих частин рівнянь, набір змінних стану та параметрів. При цьому обчислювальна процедура залишається уніфікованою: формується вектор початкових умов, визначається відповідна функція моделі та її параметри, і здійснюється інтегрування на заданому часовому проміжку.

Програмна реалізація дозволяє не лише чисельно розв'язувати моделі, а й проводити порівняльний аналіз за статистичними метриками, зокрема: визначення пікового навантаження (максимальне значення $I(t)$), визначення дня досягнення пікового навантаження, кінцева кількість одужалих та сприйнятливих осіб, базове репродуктивне число R_0 , поріг колективного імунітету.

Таблиця 1

Вхідні параметри симуляцій

Модель	SEIR	SEIQR	SEIHR
Кількість днів	100	100	100
Коефіцієнт зараження (β)	0.5	0.5	0.5
Коефіцієнт одужання (γ)	0.1	0.1	0.1
Кількість початково сприйнятливих (S)	995	995	995
Кількість початково інфікованих (E/I)	5	5	5
Коефіцієнт інкубації (σ)	0.2	0.2	0.2
Коефіцієнт карантину (q)	–	0.1	–
Коефіцієнт госпіталізації (h)	–	–	0.15
Коефіцієнт одужання з карантину/лікарні (μ)	–	0.15	0.07

Для оцінки поведінки різних епідеміологічних моделей проведено чисельні симуляції на основі варіантів SEIR, SEIQR, SEIHR. Метою аналізу було порівняння динаміки поширення захворювання при різних умовах, а також визначення впливу інтервенційних заходів на основі характеристики епідемічного процесу.

Вхідні дані, використані у симуляціях наведено у табл. 1. Результати обчислень представлені у табл. 2 та на рис. 2–4.

Як видно з табл. 1, включення інтервенційних механізмів до моделі має суттєвий вплив на зменшення пікової кількості інфікованих індивідів, а також зсув піку в часі. Модель SEIHR з заданими параметрами демонструє згладжену динаміку: вона забезпечує зменшення амплітуди піку інфікованих на понад 75% порівняно з базовою SEIR-моделлю, а також затримку моменту досягання піку на 15 днів. Такі

Таблиця 2

Результати моделювання динаміки епідемії для моделей SEIR, SEIQR та SEIHR

Модель	SEIR	SEIQR	SEIHR
Пік інфікованих	305	116	69
День піку інфікованих	41	50	56
Кінцева кількість сприйнятливих (S)	7	109	211
Кінцева кількість одужалих (R)	989	880	726
Базове репродуктивне число (R_0)	5	2.5	2
Поріг колективного імунітету (НІТ)	0.8	0.6	0.5

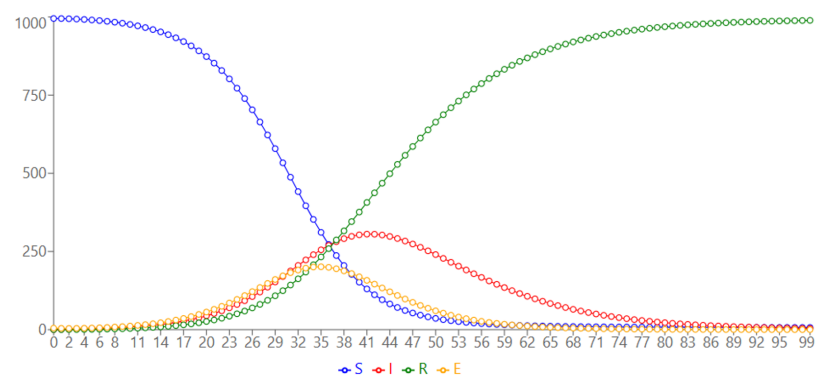


Рис. 2. Результати симуляції SEIR-моделі

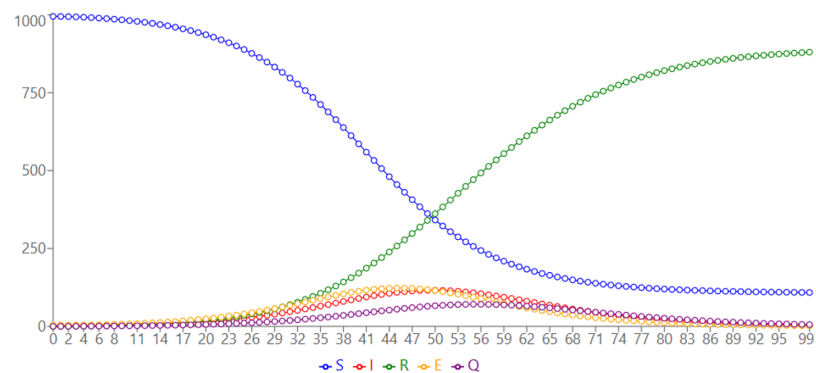


Рис. 3. Результати симуляції SEIQR-моделі

результати підтверджують ефективність госпіталізації зазначеного рівня як способу зменшення навантаження на систему охорони здоров'я через принцип розтягування хвилі епідемії в часі, уникаючи значних спалахів захворювань.

Величини базового репродуктивного числа R_0 вказують на позитивну динаміку введення втручань. При додаванні карантину значення R_0 знижується вдвічі, що відповідно знижує значення порогу колективного імунітету, необхідного для

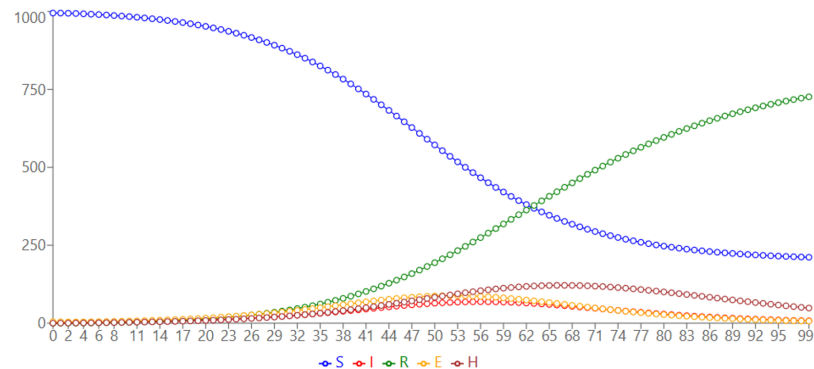


Рис. 4. Результати симуляції SEIHR-моделі

припинення епідемії.

5. ВИСНОВКИ

У ході дослідження розроблено програмну систему симуляції на основі модифікацій SIR-моделей, яка дозволила кількісно оцінити ефект різних заходів контролю на динаміку епідеміологічного процесу у популяції. Проведені числові експерименти продемонстрували вплив введення карантинних умов та госпіталізації заданої інтенсивності на зменшення загального числа інфікованих, зниження піку навантаження на систему охорони здоров'я та покращення ключових епідеміологічних показників. Отримані результати підтверджують, що SIR-моделі є ефективним інструментом для планування оптимізації заходів протидії інфекційним захворюванням.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ

1. Alanazi S.A. Measuring and Preventing COVID-19 Using the SIR Model and Machine Learning in Smart Health Care [Електронний ресурс] / S.A. Alanazi, M.M. Kamruzzaman, M. Alruwaili, N. Alshammari, S.A. Alqahtani, A. Karime. – 2020. – Режим доступу до ресурсу: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7643377>.
2. Bjørnstad O.N. The SEIRS model for infectious disease dynamics [Електронний ресурс] / O.N. Bjørnstad, K. Shea, M. Krzywinski, N. Altman // Nature Methods – 2020 – С. 557–558 – Режим доступу до ресурсу: <https://www.nature.com/articles/s41592-020-0856-2>.
3. Keeling M.J. Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals [Електронний ресурс] / M.J. Keeling, P. Rohani. – 2008 – С. 92–97. – Режим доступу до ресурсу: <https://www.jstor.org/stable/j.ctvc4gk0>.
4. Marion G. An Introduction to Mathematical Modelling [Електронний ресурс] / G. Marion, D. Lawson. – 2008. – С. 1–16. – Режим доступу до ресурсу: https://people.maths.bris.ac.uk/~madjl/course_text.pdf.
5. Nadia, Zikri A. Data-Driven Generating Operator in SEIRV Model for COVID-19 Transmission [Електронний ресурс] / Nadia, A. Zikri, S. Rizqina, K.K. Sukandar, M. Fakhruddin, C.J. Tay, N. Nuraini // Communication in Biomathematical Sciences. – 2023. – Vol. 6, № 1. – P. 77–78. – Режим доступу до ресурсу: <https://journals.itb.ac.id/index.php/cbms/article/view/20678>.
6. Niu R. Modeling the COVID-19 Pandemic Using an SEIHR Model With Human Migration [Електронний ресурс] / R. Niu, E.W.M. Wong, Y.-C. Chan, M.A. Van Wyk,

- G. Chen // IEEE Access. – 2020. – Vol. 8. – P. 195503–195514. – Режим доступу до ресурсу: <https://ieeexplore.ieee.org/document/9233432>.
7. Rodrigues H.S. Application of SIR epidemiological model: new trends [Електронний ресурс] / H.S. Rodrigues // International Journal of Applied Mathematics and Informatics. – 2016. – Вип. 10. – С. 92–97. – Режим доступу до ресурсу: <https://core.ac.uk/download/pdf/78556409.pdf>.
 8. Wilson E.D. The Law of Mass Action in Epidemiology [Електронний ресурс] / E.D. Wilson, J. Worcester // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. – 1945. – Вип. 31, № 1. – С. 24–34. – Режим доступу до ресурсу: <https://www.pnas.org/doi/pdf/10.1073/pnas.31.1.24>.
 9. Youssef H. Study on the SEIQR model and applying the epidemiological rates of COVID-19 epidemic spread in Saudi Arabia [Електронний ресурс] / H. Youssef, N. Alghamdi, M.A. Ezzat, A.A. El-Bary, A.M. Shawky // Infectious Disease Modelling. – 2021. – P. 679–680. – Режим доступу до ресурсу: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2468042721000348>.

Стаття: надійшла до редколегії 23.06.2025

доопрацьована 08.10.2025

прийнята до друку 15.10.2025

SIMULATION OF EPIDEMIC DYNAMIC BASED ON SIR MODELS

K. Yatsiuk, Yu. Shcherbyna

*Ivan Franko National University of Lviv,
1, Universytetska str., 79000, Lviv, Ukraine,*

e-mail: kateryna.yatsiuk@lnu.edu.ua, yuriy.shcherbyna@lnu.edu.ua

Modern challenges associated with globalization, high population mobility, and the constant threat of emerging pathogens require advanced tools for predicting and managing the spread of infectious diseases. Mathematical modeling has proven to be one of the most effective approaches, as it allows researchers to describe epidemiological processes, evaluate the potential impact of preventive and intervention strategies, and support evidence-based decision-making in public health. This paper focuses on the classical SIR model as a fundamental framework and explores several of its widely used modifications, which incorporate important real-world factors such as vaccination, quarantine, hospitalization, and latency periods. In addition to the mathematical formulation of the model, a computation simulation solution has been implemented. The simulation enables a detailed point-by-point analysis of epidemic dynamics under varying parameter values and intervention strategies. Numerical experiments demonstrate how different measures significantly alter the epidemic curve, reducing the infection peak and delaying its occurrence, thereby decreasing the burden on healthcare systems. The study highlights the flexibility and applicability of compartmental models for analyzing disease dynamics and emphasizes their role in guiding effective epidemic response, forecasting outbreak scenarios, and informing vaccination or quarantine policies. The results confirm that mathematical models are a valuable tool for both theoretical understanding and practical planning in epidemiology.

Key words: mathematical modeling, epidemiological processes, SIR-model.