

## СИСТЕМА ПРОГНОЗИРОВАНИЯ РОСТА ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ НА ПРИМЕРЕ МОДЕЛЕЙ SIR

В работе рассматривается система прогнозирования роста заболеваемости на основе биоматематических моделей SIR.

### ВВЕДЕНИЕ

В связи со сложившейся на данный момент эпидемиологической ситуацией чрезвычайно важным представляется прогнозирование развития инфекций [1]. Наиболее известной моделью распространения эпидемий является модель SIR. Данная модель строится на разделении всей популяции на 3 группы, в зависимости от их эпидемиологического статуса: S (от англ. Susceptible), здоровые, но не имеющие иммунитета; I (от англ. Infected) – инфицированные; R (от англ. Recovered) выздоровевшие и приобретшие иммунитет.

В общем случае модель представлена в виде системы дифференциальных уравнений:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases}$$

где  $N=S+I+R$  – численность популяции;  $\beta$  – интенсивность заражения;  $\gamma$  – интенсивность выздоровления. Для неизлечимых инфекционных заболеваний переход лиц из категории I в категорию R невозможен, поэтому используется упрощённая модель SI. В работе рассматривается применение модели для прогнозирования распространения ВИЧ-инфекции.

### I. АЛГОРИТМ ПРОГНОЗИРОВАНИЯ

Для прогнозирования роста заболеваемости ВИЧ инфекцией проводятся следующие действия. Так как ВИЧ-инфекция является неизлечимым заболеванием, то S можно выразить, как разность  $S = N - I$ . Система прогнозирования имеет вид:

$$\begin{cases} \frac{-dI}{dt} = \frac{dS}{dt} \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta(N-I)I}{N} \end{cases} \quad (1)$$

Для прогнозирования роста заболеваемости достаточно решить только второе уравнение си-

*Кадлубай Вера Александровна*, студент 1 курса факультета информационных технологий и управления БГУИР, tylyla2004@gmail.com.

*Чивель Илья Александрович*, студент 1 курса факультета информационных технологий и управления БГУИР, 22060119@snoochieboochies.wtf.

*Научный руководитель: Навроцкий Анатолий Александрович*, заведующий кафедрой информационных технологий автоматизированных систем БГУИР, кандидат физико-математических наук, доцент, navrotsky@bsuir.by.

стемы (1), так как первое уравнение показывает изменения числа потенциальных больных. Решив его получим:

$$I = N \left( \frac{e^{t\beta}}{1 + e^{t\beta}} \right)$$

Полученная модель была проверена с использованием статистических данных за прошлые годы;

### II. РЕЗУЛЬТАТЫ РАССЧЁТОВ

Результаты расчетов показали, что модель позволяет получить достаточно достоверные результаты. Однако прогнозы распространения заболевания на большие периоды не очень точны, поэтому данная модель хорошо применима только для расчета небольших интервалов. Используя реальные значения  $\beta$ , I, N был рассчитан прогноз роста заболеваемости ВИЧ-инфекции на ближайшие 5 лет (рис. 1).

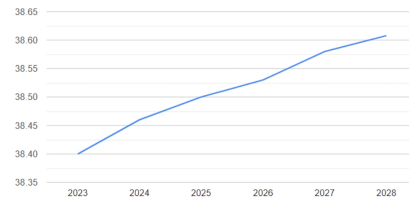


Рис. 1 – Результат вывода программы

### III. ВЫВОД

На основе биоматематической модели SIR была разработана система прогнозирования роста заболеваемости ВИЧ-инфекцией. Модель позволяет получать достаточно точные результаты. Но использование большего числа параметров позволит получить более точный прогноз распространения инфекции.

### Список литературы

1. Бейли, Н. Математика в биологии и медицине / Н. Бейли. – М.: Мир, 1970. – 326 с.