

МАТЕМАТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ЭПИЗООТИИ: SIR МОДЕЛЬ И ЕЁ МОДИФИКАЦИИ

Шевченко Н.С., Фролов Г.С., Закиров Т.М., Трубкин А.И.
ФГБОУ ВО Казанский ГАУ Институт «Казанская академия ветеринарной
медицины имени Н. Э. Баумана»; г. Казань, Российская Федерация

*В статье рассматривается применение математического моделирования для прогнозирования распространения инфекционных болезней среди животных. Основное внимание уделено классической SIR модели (Susceptible–Infected–Recovered) и её модификациям, адаптированным к ветеринарным задачам. Описаны основные уравнения модели, параметры, влияющие на динамику эпизоотии, и способы их оценки. Приведены примеры практического применения модели для прогнозирования вспышек ящура и африканской чумы свиней. Показаны преимущества и ограничения метода, а также перспективы его развития с использованием современных вычислительных технологий [1,2,4]. **Ключевые слова:** эпизоотология, математическое моделирование, SIR модель, распространение инфекций, прогнозирование эпизоотий, репродуктивное число R_0 , вакцинация животных, инфекционные болезни животных.*

MATHEMATICAL MODELING OF THE SPREAD OF EPIZOOTICS: THE SIR MODEL AND ITS MODIFICATIONS

Shevchenko N.S., Frolov G.S., Zakirov T.M., Trubkin A.I.
Kazan State Agrarian University, Institute «Kazan Bauman Academy of Veterinary Medicine», Kazan, Russian Federation

*The article examines the application of mathematical modelling for forecasting the spread of infectious diseases among animals. The focus is on the classical SIR model (Susceptible–Infected–Recovered) and its modifications adapted to veterinary tasks. The paper describes the main equations of the model and the parameters influencing the dynamics of an epizootic, as well as methods for estimating them. Examples of the model's practical use for predicting outbreaks of foot-and-mouth disease and African swine fever are provided. The advantages and limitations of the method are discussed, along with prospects for its development using modern computational technologies. **Keywords:** epizootiology, mathematical modelling, SIR model, infection spread, epizootic forecasting, basic reproduction number R_0 , animal vaccination, infectious animal diseases.*

Введение. Математическое моделирование стало важным инструментом в эпизоотологии, позволяя прогнозировать развитие вспышек инфекционных болезней, оценивать эффективность профилактических мероприятий и оптимизировать распределение ресурсов [3,8]. Одной из наиболее распространённых моделей является SIR модель, предложенная в 1927 году Кермаком и Маккендриком [7]. Она описывает динамику распространения инфекции через три основные группы популяции:

- S (Susceptible) — восприимчивые особи;
- I (Infected) — инфицированные особи;
- R (Recovered) — выздоровевшие (или иммунные) особи.

Основная часть. 1. Классическая SIR модель

Модель описывается системой дифференциальных уравнений:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \cdot S \cdot I, \quad \frac{dI}{dt} = \beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I, \quad \frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I, \text{ где:}$$

- $S(t), I(t), R(t)$ — доли восприимчивых, инфицированных и выздоровевших особей в момент времени t ;
- β — коэффициент передачи инфекции (зависит от частоты контактов и вероятности заражения);
- γ — коэффициент выздоровления (обратная величина средней длительности инфекционного периода: $\gamma = 1/T_1$).

Ключевой параметр модели — базовое репродуктивное число R_0 :

$$R_0 = \gamma \beta$$

Оно показывает, сколько новых инфекций вызывает один заражённый индивид в полностью восприимчивой популяции. Если $R_0 > 1$, эпизоотия развивается; если $R_0 < 1$ — затухает [2, 7, 8].

2. Модификации SIR модели для эпизоотологии

Классическая модель часто требует адаптации к реальным условиям. Рассмотрим основные модификации [2, 3, 8]:

1. SEIR модель (с латентным периодом): Добавляется класс E (Exposed) — особи, инфицированные, но ещё не заразные. Уравнения дополняются членом $\sigma \cdot E$, где σ — скорость перехода из латентного в заразное состояние.

2. Модель с учётом смертности: В уравнение для $I(t)$ вводится член $-\mu \cdot I$, где μ — коэффициент смертности от болезни.

3. Модель с вакцинацией: Часть популяции переводится из класса S в R до начала эпизоотии. Это снижает начальное значение $S(0)$ и, соответственно, R_0 .

4. Пространственная модель: Учёт миграции животных и географического распределения поголовья через введение

диффузионных членов или разделение популяции на субпопуляции [5,10].

5. Стохастическая версия: Замена детерминированных уравнений стохастическими процессами для учёта случайных факторов (например, единичных завозных случаев) [9].

3. Практическое применение

Пример 1. Прогнозирование ящура

Для крупного рогатого скота параметры модели могут быть следующими:

- $\beta=0,8$ (контактов/день);
- $\gamma=0,2$ (1/день, средняя длительность инфекции — 5 дней);
- $R_0=4$.

Расчёты показывают, что при охвате вакцинации 75% поголовья R_0 снижается до 1, что предотвращает вспышку [4,10].

Пример 2. Африканская чума свиней (АЧС)

Из-за высокой летальности модель дополняется классом D (Dead). Уравнение для инфицированных принимает вид:

$$dtdI = \beta \cdot S \cdot I - (\gamma + \mu) \cdot I,$$

где $\mu \approx 0,9$ (смертность за 10 дней). Расчёты помогают определить критический радиус карантинной зоны [4, 9].

4. Ограничения и перспективы

Ограничения: предположение о равномерном перемешивании популяции [2,8]; неизменность параметров β и γ во времени; игнорирование возрастных и иммунологических различий в стаде.

Перспективы: интеграция с ГИС технологиями для учёта пространственной структуры [5, 10]; использование машинного обучения для калибровки параметров [6]; мультиагентное моделирование поведения животных [3].

Заключение. SIR модель и её модификации предоставляют мощный инструмент для эпизоотологического прогнозирования. Их применение позволяет: оценить масштаб потенциальной вспышки; спланировать меры профилактики (вакцинацию, карантин); распределить ресурсы с максимальной эффективностью. Дальнейшее развитие моделей, включая учёт пространственных и стохастических факторов, повысит точность прогнозов и поможет минимизировать ущерб от инфекционных болезней животных.

Литература.

1. Kermack, W. O. A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics / W. O. Kermack, A. G. McKendrick // Proceedings of the Royal Society A. - 1927. - Vol. 115. - P. 700–721.

2. Anderson, R. M. Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control / R. M. Anderson, R. M. May // Oxford : Oxford University Press. - 1991.

3. Keeling, M. J. Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals / M. J. Keeling, P. Rohani // Princeton : Princeton University Press. - 2008.
4. Методические указания по математическому моделированию эпизоотического процесса / Под ред. В. В. Макарова. – Москва : ВНИИЗЖ, 2015.
5. A Review of Mathematical Models of Rabies Transmission: Applications in Wildlife Management / G. C. Smith [et al.] // Preventive Veterinary Medicine. - 2020. - Vol. 183. - P. 105123.
6. WHO Guide to Sanitary and Phytosanitary Risk Analysis. Chapter 6: Quantitative Risk Assessment Models.- 2022.
7. ВетИС: Информационная система ветеринарного мониторинга РФ. Официальный сайт.
8. Diekmann O., Heesterbeek J.A.P. Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation / O. Diekmann, J. A. P. Heesterbeek // Wiley. - 2000.
9. Белоусов В.И., Петров В.В. Математические методы в эпизоотологии / В. И. Белоусов, В. В. Петров. - СПб. : Лань, 2018.
10. FAO Animal Health Manual: Epidemiological Tools for Disease Control Programmes. Rome, 2021.

УДК 619:616.995.4/7:636.2

МУХИ – ПЕРЕНОСЧИКИ ВИРУСНЫХ ПАТОГЕНОВ

Шепилевич А.А., Столярова Ю.А., Горшков М.Е.

УО «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины», г. Витебск, Республика Беларусь

*Исследования заключались в изучении роли двукрылых насекомых в качестве механического переносчика основных вирусных патогенов крупного рогатого скота. **Ключевые слова:** двукрылые, вирусная контаминация, вектор передачи, ПЦР, ротавирус, коронавирус, вирус парагриппа-3.*

FLIES ARE CARRIERS OF VIRAL PATHOGENS

Shepilevich A.A., Stolyarova Y.A., Gorshkov M.E.

Vitebsk State Academy of Veterinary Medicine, Vitebsk, Republic of Belarus

*The research involved investigating the role of dipteran insects as mechanical vectors of major bovine viral pathogens. **Keywords:** diptera, viral contamination, transmission vector, PCR, rotavirus, coronavirus, parainfluenza-3 virus.*