

ISSN 1561-2430 (Print)

ISSN 2524-2415 (Online)

УДК 519.8:51-76

<https://doi.org/10.29235/1561-2430-2026-62-1-38-47>

Поступила в редакцию 17.12.2025

Received 17.12.2025

А. Н. Авлас, А. К. Деменчук, Е. К. Макаров*Институт математики Национальной академии наук Беларуси, Минск, Республика Беларусь***УПРОЩЕННАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ МОДЕЛИ ЭПИДЕМИЧЕСКОГО ПРОЦЕССА**

Аннотация. Базовой моделью эпидемического процесса в настоящее время остается модель SIR. Она и ее многочисленные обобщения (SEIR, SEIRD и др.), а также некоторые аналогичные модели относятся к классу компартментальных моделей, описывающих динамику эпидемического процесса как взаимодействие «компарментов», т. е. различных групп, на которые, в соответствии с их ролью в передаче инфекции (восприимчивые, инфицированные, выздоровевшие и др.) разбивается вся совокупность людей, среди которых распространяется эпидемия. Идентификация параметров этих моделей зачастую представляет собой довольно сложную задачу. Эта задача несколько облегчается при проведении ретроанализа эпидемий, когда полностью доступны данные о заболеваемости на всех этапах процесса. В работе предлагается упрощенная методика идентификации стационарной модели SIR с использованием минимального набора наблюдаемых данных, допускающих относительно надежное определение. На основе разработанной методики показана неприменимость стационарной модели SIR для описания первой волны пандемии COVID-19 в Германии и Италии.

Ключевые слова: математическая эпидемиология, компартмент, модель SIR, COVID-19, идентификация параметров

Для цитирования. Авлас, А. Н. Упрощенная идентификация модели эпидемического процесса / А. Н. Авлас, А. К. Деменчук, Е. К. Макаров // Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Сэрыя фізіка-матэматычных навук. – 2026. – Т. 62, № 1. – С. 38–47. <https://doi.org/10.29235/1561-2430-2026-62-1-38-47>

Artsiom N. Avlas, Aleksandr K. Demenchuk, Evgenii K. Makarov*Institute of Mathematics of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus***SIMPLIFIED IDENTIFICATION OF THE EPIDEMIC PROCESS MODEL**

Abstract. The SIR model currently remains the basic model of the epidemic process. This model and its numerous generalizations (SEIR, SEIRD, etc.), as well as some similar models, belong to the class of compartmental models, that describe the dynamics of the epidemic process as the interaction of “compartments”, i. e., various groups into which, according to their role in transmission infections (susceptible, infected, recovered, etc.) break up the entire population of people among whom the epidemic is spreading. Identifying the parameters of these models is often a challenging task. This task is somewhat simplified when conducting retrospective analyses of epidemics, where full incidence data are available at all stages of the process. We propose a simplified method for identifying a stationary SIR model using a minimal set of observed data that allows for relatively reliable determination. Based on the proposed methodology, the inapplicability of the stationary SIR model to describe the first wave of the COVID-19 pandemic in Germany and Italy is shown.

Keywords: mathematical epidemiology, compartment, SIR model, COVID-19, parameter identification

For citation. Avlas A. N., Demenchuk A. K., Makarov E. K. Simplified identification of the epidemic process model. *Vestsi Natsyonal'nai akademii navuk Belarusi. Seryya fizika-matematychnykh navuk = Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Physics and Mathematics series*, 2026, vol. 62, no. 1, pp. 38–47 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-2430-2026-62-1-38-47>

Введение. Модели эпидемических процессов, разрабатываемые в математической эпидемиологии, многочисленны и многообразны, что обусловлено разнообразием условий, в которых эти процессы протекают [1]. Набор используемых в этой области науки моделей постоянно пополняется по мере выявления новых инфекционных заболеваний или возникновения их новых вариантов. Тем не менее базовой моделью эпидемического процесса в настоящее время остается модель SIR (susceptible–infected–recovered, т. е. восприимчивые – инфицированные – выздоровевшие), сформулированная в 1927 г. А. Г. МакКендриком и У. О. Кермаком [2, 3]. Эта модель и ее многочисленные обобщения (SEIR, SEIRD и др.), а также некоторые аналогичные модели относят-

ся к классу компартментальных моделей [3], описывающих динамику эпидемического процесса как взаимодействие «компарментов», т. е. различных групп, на которые, в соответствии с их ролью в передаче инфекции: восприимчивые, инфицированные (с возможным подразделением на находящихся в инкубационном периоде заболевания и уже заболевших), выздоровевшие, умершие и др. – разбивается вся совокупность людей, среди которых распространяется эпидемия. Практика использования модели SIR и ее модификаций показывает, что при правильном выборе параметров и типа модели возможно получение достаточно адекватных прогнозов развития эпидемий некоторых инфекционных заболеваний. В то же время, как отмечается в ряде публикаций (см. напр., [4, 5] и др.) вопрос идентификации параметров этих моделей зачастую представляет собой довольно сложную задачу. Эта задача несколько облегчается при проведении ретроанализа эпидемий, когда полностью доступны данные о заболеваемости на всех этапах процесса.

Одной из существенных причин сложностей, возникающих при определении значений параметров стационарной модели SIR, состоит в отсутствии явного представления решений входящих в нее дифференциальных уравнений. Это не позволяет определить искомые значения непосредственно путем аппроксимации натурных данных с помощью фиксированного параметрического семейства функций. Использование же для идентификации модели самих дифференциальных уравнений требует аппроксимации приращений наблюдаемых величин, что, в связи с высокой степенью зашумленности реальных данных о заболеваемости практически невозможно без применения достаточно агрессивного их сглаживания, неизбежно приводящего к большим неконтролируемым искажениям.

В настоящей работе мы предлагаем упрощенную методику идентификации стационарной модели SIR с использованием минимального набора наблюдаемых данных, допускающего относительно надежное определение.

Свойства стационарной модели SIR. Модель SIR основана на следующей системе трех дифференциальных уравнений:

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha SI, \quad (1)$$

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

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

Здесь S – число восприимчивых к заболеванию; I – число инфицированных; R – число выздоровевших. Положительные коэффициенты α и γ определяют интенсивность инфицирования и скорость выздоровления соответственно. Мы будем считать их постоянными, т. е. будем рассматривать стационарную систему (1)–(3).

З а м е ч а н и е 1. Коэффициент α обычно записывается в виде $\alpha = \beta/N_0$, где параметр N_0 принимается равным общей численности населения региона, охваченного эпидемией и, соответственно, $\beta = \alpha N_0$. При такой записи коэффициенты α и γ , как правило, будут являться величинами одного порядка, что имеет некоторые преимущества при практическом использовании модели.

Несмотря на сильную зашумленность, данные о заболеваемости позволяют с определенной степенью надежности определить такие величины, как общее число переболевших $M = R(+\infty)$ и число вовлеченных в эпидемический процесс на его пике $X_p = R(t_p) + I(t_p)$, где t_p – момент наступления пика заболеваемости, а также оценить скорость разрастания эпидемии в ее начальной стадии λ_- и скорость ее затухания на стадии завершения λ_+ . Оценка этих величин может быть осуществлена либо с помощью известных методик [6, 7], либо непосредственно по данным о заболеваемости.

Если перечисленные величины известны, то в предположении представимости процесса развития эпидемии принятым вариантом модели SIR коэффициенты системы уравнений (1)–(3) и параметры ее решения, описывающего наблюдаемый эпидемический процесс, могут быть явно вычислены. Для получения соответствующих расчетных формул нам понадобится несколько вспомогательных утверждений.

Утверждение 1. Любое решение системы (1), (2) с положительными начальными данными $S(t_0) > 0$, $I(t_0) > 0$ продолжимо на всю числовую ось. При этом для всех $t \in \mathbb{R}$ выполнены неравенства $S(t) > 0$, $I(t) > 0$ и существуют конечные пределы $+\infty > S(-\infty) > S(+\infty) \geq 0$, $I(-\infty) = I(+\infty) = 0$.

Доказательство. Рассматривая уравнения (1) и (2) как линейные однородные уравнения, получим соотношения

$$\begin{aligned} S(t) &= S(t_0) \exp \int_{t_0}^t (-\alpha) I(t) dt, \\ I(t) &= I(t_0) \exp \int_{t_0}^t (\alpha S(t) - \gamma) dt, \end{aligned} \quad (4)$$

гарантирующие положительность величин $S(t)$ и $I(t)$ на всей области их определения. Отсюда в силу (1) следует, что функция $S(t)$ является строго монотонно убывающей.

Уравнение траекторий на плоскости (S, I) для системы уравнений (1), (2) имеет вид

$$\frac{dI}{dS} = -1 + \frac{\gamma}{\alpha S}. \quad (5)$$

Интегрируя уравнение (5) с учетом начальных условий рассматриваемого решения, получим уравнение кривой, содержащей его траекторию:

$$I = I(t_0) + S(t_0) - S + \frac{\gamma}{\alpha} \ln \frac{S}{S(t_0)}. \quad (6)$$

Дважды дифференцируя равенство (6), получим соотношение

$$\frac{\partial^2 I}{\partial S^2} = -\frac{\gamma}{\alpha S^2} < 0.$$

Кроме того, в силу (6) имеет место стремление $I \rightarrow -\infty$ как при $S \rightarrow 0$, так и при $S \rightarrow +\infty$. Это означает, что при любых положительных значениях параметров α , γ , $S(t_0)$, $I(t_0)$ кривая, определяемая уравнением (6), пересекает координатную ось $I = 0$ в двух точках с координатами $(S_1, 0)$ и $(S_2, 0)$, где $0 < S_1 < S_2 < +\infty$, оставаясь при $S \in]S_1, S_2[$ в верхней полуплоскости $I > 0$.

При любом $S^* \in \mathbb{R}$ точка $(S^*, 0)$ на плоскости (S, I) , является положением равновесия для системы уравнений (1), (2). Такие точки заполняют всю координатную ось $I = 0$. Поскольку для системы (1), (2) имеет место единственность решений, то решение, проходящее через внутреннюю точку положительного квадранта плоскости (S, I) , не может за конечное время войти в какую бы то ни было точку равновесия. Поэтому траекторией рассматриваемого решения является часть кривой (6) между точками ее пересечения с осью $I = 0$. Направление движения по ней определяется монотонным убыванием функции $S(t)$. Эта траектория с двух сторон примыкает к точкам равновесия $(S_1, 0)$ и $(S_2, 0)$, поэтому время движения по ней не может быть конечным. Это обеспечивает двустороннюю бесконечную продолжимость рассматриваемого решения и существование конечных пределов $I(-\infty) = I(+\infty) = 0$, $S(-\infty) = S_2$, $S(+\infty) = S_1$.

Следствие 1. Для любого решения системы (1)–(3) с положительными начальными данными $S(t_0) > 0$, $I(t_0) > 0$, $R(t_0) > 0$ существуют конечные пределы $R(-\infty) < R(+\infty)$.

Доказательство. В силу (3) для компоненты R имеем представление

$$R(t) = R(t_0) + \gamma \int_{t_0}^t I(s) ds,$$

обеспечивающее монотонное возрастание функции $R(t)$ при всех $t \in \mathbb{R}$ и, следовательно, существование пределов $R(-\infty) < R(+\infty)$, конечных или бесконечных.

Система уравнений (1)–(3) имеет очевидный первый интеграл $S(t) + I(t) + R(t) = \text{const}$. Для рассматриваемого решения он дает соотношение $S(t) + I(t) + R(t) = S(t_0) + I(t_0) + R(t_0)$. Отсюда, используя утверждение 1, получаем равенства

$$R(-\infty) = S(t_0) + I(t_0) + R(t_0) - S(-\infty), \quad R(+\infty) = S(t_0) + I(t_0) + R(t_0) - S(+\infty),$$

означающие конечность пределов $R(-\infty)$ и $R(+\infty)$.

З а м е ч а н и е 2. Мы предполагаем, что до начала эпидемии случаи заболевания отсутствуют. Поэтому принимаем, что для любого решения, описывающего процесс развития эпидемии, должно выполняться условие $R(-\infty) = 0$. В этом случае первый интеграл системы уравнений (1)–(3) имеет вид

$$S(t) + I(t) + R(t) = S(-\infty). \quad (7)$$

Величина $S(-\infty)$ имеет смысл начального (до начала распространения инфекции) количества восприимчивых и является одним из основных параметров модели эпидемического процесса. В дальнейшем мы используем для нее обозначение $N := S(-\infty)$.

Таким образом, любые решения системы уравнений (1)–(3) с положительными начальными данными описывают необратимо затухающую изолированную волну эпидемического процесса. Для этой волны имеет место жесткая зависимость между начальным количеством восприимчивых $N := S(-\infty)$ и общим числом переболевших $M = R(+\infty)$. Эта зависимость устанавливается следующим хорошо известным [3] утверждением.

С л е д с т в и е 2. Для любого решения системы (1), (2) с положительными начальными данными справедливо равенство

$$S(-\infty) \exp\left(-\frac{\alpha}{\gamma} S(-\infty)\right) = S(+\infty) \exp\left(-\frac{\alpha}{\gamma} S(+\infty)\right).$$

Д о к а з а т е л ь с т в о. Полагая в (6) $t_0 = -\infty$ и учитывая, что $I = I(t)$ и $S = S(t)$, при $t \rightarrow +\infty$ получим соотношение

$$S(-\infty) - S(+\infty) + \frac{\gamma}{\alpha} \ln \frac{S(+\infty)}{S(-\infty)} = 0, \quad (8)$$

эквивалентное требуемому.

Имеют место также следующие утверждения.

С л е д с т в и е 3. Для любого решения системы (1), (2) с положительными начальными данными справедливо равенство $M = \frac{\gamma}{\alpha} \ln \frac{N}{N-M}$.

Д о к а з а т е л ь с т в о. В силу (7) имеем равенство

$$M = R(+\infty) = N - I(+\infty) - S(+\infty) = S(-\infty) - S(+\infty).$$

Отсюда и из (8) получаем соотношения

$$M = \frac{\gamma}{\alpha} \ln \frac{S(-\infty)}{S(+\infty)} = \frac{\gamma}{\alpha} \ln \frac{N}{N-M}.$$

С л е д с т в и е 4. Для любого решения системы (1), (2) с положительными начальными данными справедливы равенства

$$\lambda_- = \alpha N - \gamma, \quad \lambda_+ = \alpha(N - M) - \gamma.$$

Д о к а з а т е л ь с т в о. Требуемые равенства вытекают непосредственно из представления (4):

$$\lambda_- = \lim_{t \rightarrow -\infty} \frac{1}{t} \ln I(t) = \lim_{t \rightarrow -\infty} \frac{1}{t} \int_{t_0}^t (\alpha S(t) - \gamma) dt = \alpha S(-\infty) - \gamma = \alpha N - \gamma,$$

$$\lambda_+ = \lim_{t \rightarrow +\infty} \frac{1}{t} \ln I(t) = \lim_{t \rightarrow +\infty} \frac{1}{t} \int_{t_0}^t (\alpha S(t) - \gamma) dt = \alpha S(+\infty) - \gamma = \alpha(N - M) - \gamma.$$

С л е д с т в и е 5. Для любого решения системы (1), (2) с положительными начальными данными справедливо равенство

$$\frac{\gamma}{\alpha} = N - X_p.$$

Доказательство. При $t = t_p$ величина $I(t)$ достигает максимума, поэтому выполнено равенство $\frac{dI}{dt} = 0$, которое в силу уравнения (2) эквивалентно условию $\alpha S(t_p)I(t_p) - \gamma I(t_p) = 0$. Так как $I(t_p) \neq 0$, имеем соотношения

$$\frac{\gamma}{\alpha} = S(t_p) = N - R(t_p) - I(t_p) = N - X_p.$$

Сформулированные утверждения позволяют как определить возможность представления наблюдаемого процесса моделью SIR, так и оценить ее параметры. Для этого необходимо из каждого из приведенных условий выразить величину α/γ и приравнять между собой полученные выражения. В результате получим соотношения, связывающие наблюдаемые параметры процесса:

$$\frac{1}{M} \ln \frac{N}{N-M} = \frac{1}{N-X_p} = \frac{\lambda_- - \lambda_+}{N(\lambda_- - \lambda_+) - M\lambda_-}. \quad (9)$$

Среди равенств (9) только первое является уравнением, позволяющим определить значение величины N . Условие его разрешимости дает необходимое условие применимости модели SIR, т. е. возможности представления (фактически, аппроксимации) наблюдаемого эпидемического процесса с помощью какого-либо решения системы уравнений (1)–(3).

Утверждение 2. Уравнение

$$\ln \frac{N}{N-M} = \frac{M}{N-X_p} \quad (10)$$

как уравнение относительно N имеет положительное решение, удовлетворяющее условию $N > M$, тогда и только тогда, когда $M > X_p > M/2$.

Доказательство. Для удобства введем новые переменные $x = N/M$ и $a = X_p/M$. В этих переменных после простых преобразований уравнение (10) примет вид

$$F(x) := x - \frac{1}{\ln \left(1 + \frac{1}{x-1} \right)} = a.$$

Функция F определена и непрерывна при всех $x > 1$ и является убывающей, при этом существуют конечные пределы $F(1+0) = 1$, $F(+\infty) = 1/2$. Поэтому $F(]1, +\infty[) =]1/2, 1[$, а это и означает, что уравнение $F(x) = a$ разрешимо и имеет решение, удовлетворяющее условию $x > 1$, тогда и только тогда, когда $a \in]1/2, 1[$. Возвращаясь к исходным переменным, имеем требуемое.

Следствие 6. Выполнение неравенства $X_p > M/2$ является необходимым условием представимости наблюдаемого эпидемического процесса с помощью стационарной модели SIR.

Утверждение 3. Выполнение соотношения

$$M = \frac{\lambda_- - \lambda_+}{\lambda_-} X_p \quad (11)$$

является необходимым условием представимости наблюдаемого эпидемического процесса с помощью стационарной модели SIR.

Доказательство. Второе из равенств (9) эквивалентно доказываемому соотношению.

Замечание 3. При выполнении условия (11) третье из возможных парных равенств (9) эквивалентно уравнению (10) и не накладывает никаких дополнительных условий на параметры процесса.

Замечание 4. При выполнении условия (11) неравенство $X_p > M/2$ эквивалентно условию $\lambda_- > -\lambda_+$.

Используя приведенные выше условия, можно сформулировать методику идентификации стационарной модели SIR по натурным данным следующим образом.

Шаг 1. Определить величины M , X_p , λ_+ , λ_- непосредственно либо путем аппроксимации данных по методике, приведенной в [6].

Шаг 2. Проверить применимость модели SIR на основании следствия 5 путем проверки условия $X_p > M/2$ или условия (11).

Шаг 3. Решая уравнение (10) относительно N , определить начальную численность восприимчивых.

Шаг 4. С помощью следствия 4 определить параметры α и γ по формулам

$$\alpha = \frac{\lambda_- - \lambda_+}{M}, \quad \gamma = \frac{\lambda_- - \lambda_+}{M} N - \lambda_- \quad (12)$$

Применение данной методики к модельным примерам данных, соответствующих решениям системы (1)–(3), позволяет восстанавливать коэффициенты системы с любой требуемой точностью. Влияние случайных искажений на процесс применения предлагаемой методики требует отдельного исследования.

Пример. Для системы уравнений (1)–(3) при $\alpha = 10^{-7}$, $\gamma = 10^{-1}$ с начальными условиями $S(0) = 2000000$, $I(0) = 10$, $R(0) = 0$ пик заболеваемости наступает при $t_p = 120,7$. Он характеризуется следующими значениями переменных: $S(t_p) = 999725,76$; $I(t_p) = 306862,78$; $R(t_p) = 693421,46$; $X_p = I(t_p) + R(t_p) = 1000284,24$. Эпидемическая волна в основном затухает при $t > 300$, так как при $t = 250$ имеем $I(250) = 394,87$, а уже при $t = 300$ имеем $I(300) = 20,3$. Поэтому принимаем следующие оценки величин, необходимых для восстановления параметров системы:

$$M = X(300) = I(300) + R(300) = 1593627,21;$$

$$\lambda_+ = \ln(I(300) / I(250)) / 50 = -0,059354478;$$

$$\lambda_- = \ln(I(10) / I(0)) / 10 = 0,999985.$$

Для этих оценочных величин условие (11) выполнено, так как

$$\frac{\lambda_- - \lambda_+}{\lambda_-} X_p = 1594080,183,$$

что достаточно близко к оценке величины M . Решение уравнения (10) дает достаточно точную оценку величины $N = 1998780,01$, а по формулам (12) получаем значения $\alpha = 0,999939 \cdot 10^{-7}$, $\gamma = 0,099989$, почти совпадающие с истинными.

Замечание 5. Если величины λ_+ и λ_- известны, но оценка величины M по каким-либо причинам невозможна (например, из-за быстрого начала следующей волны эпидемии), ее предполагаемое значение может быть вычислено по формуле (11), после чего можно будет восстановить остальные параметры в общем порядке. В этом случае проверка применимости стационарной модели SIR должна производиться путем сравнения решения системы уравнений (1)–(3) с совокупностью натурных данных.

Результаты применения метода к реальным данным. Для проверки применимости приведенных выше условий для реальных эпидемических процессов нами были использованы общедоступные опубликованные данные о заболеваемости COVID-19 в Италии и Германии, размещенные на сайте Университета Джонса Хопкинса (<https://coronavirus.jhu.edu>). С целью исключения влияния таких значимых факторов, как массовая вакцинация и перекрестный иммунитет к более ранним вариантам вируса SARS-CoV-2, мы ограничиваемся лишь данными о ходе первой волны пандемии, протекавшей в этих странах в первой половине 2020 г. Выбор именно этих стран в качестве источника проверочных данных обусловлен также характером протекания в них эпидемического процесса в форме, близкой к теоретической, – в виде хорошо оформленной изолированной волны с крутым подъемом и более пологим спадом.

Во всех случаях оценки величин M , λ_- и λ_+ осуществлены с помощью методики, предложенной в [6], без применения дополнительного сглаживания для данных по Германии и с дополнительным сглаживанием данных по Италии.

Первые пациенты с COVID-19 были зарегистрированы в Германии 2 февраля 2020 г. Через 137 дней после указанной даты данные о ежедневном приросте числа инфицированных показали

прекращение спада первой волны и начало нового подъема заболеваемости. На этом отрезке времени для величины $X(t)$ получена следующая аппроксимирующая функция (рис. 1):

$$X(t) = \frac{190119}{1 + 12 \exp(-0,045t) + 270603 \exp(-0,2t)}.$$

Из нее получаем следующие оценочные значения для требуемых величин: $M = 190119$; $\lambda_- = 0,2$; $\lambda_+ = -0,045$. Исходя из данных о величине ежедневных приростов числа инфицированных, для момента достижения пика заболеваемости имеем интервал $t_p = 57 \div 63$. Отсюда для величины X_p получаем оценку $X_p \leq 79698$, что намного меньше, чем $M/2 = 95059,5$. Это позволяет сделать вывод о неприменимости стационарной модели SIR для описания первой волны COVID-19 в Германии.

Вычисляя согласно замечанию 4 предполагаемое количество переболевших за весь период первой волны эпидемии с помощью формулы (11), получаем оценку $M = 97196,92$. Соответствующее этому значению начальное количество восприимчивых получаем, решая уравнение (10): $N = 97629,16$. Эти значения очень близки, что означает быстрое завершение эпидемического процесса, описываемого моделью SIR, после достижения максимальной скорости распространения. Восстанавливая коэффициенты системы (1)–(3) по формулам (12), получаем значения $\alpha = 0,258 \cdot 10^{-5}$, $\gamma = 0,046$. Соотношение динамики реального эпидемического процесса и его модели показано на рис. 2 и 3.

Первые пациенты с COVID-19 были зарегистрированы в Италии 7 февраля 2020 г. Через 120 дней данные о ежедневном приросте числа инфицированных показали прекращение спада первой волны и начало нового подъема заболеваемости. На этом отрезке времени для величины $X(t)$ получена следующая аппроксимирующая функция (рис. 4):

$$X(t) = \frac{238540}{1 + 50 \exp(-0,0635t) + 88216 \exp(-0,223t)}.$$

Исходя из этой аппроксимации, можно получить следующие оценочные значения для требуемых величин: $M = 238540$; $\lambda_- = 0,223$; $\lambda_+ = -0,0635$. Исходя из данных о величине ежедневных приростов числа инфицированных, для момента достижения пика заболеваемости имеем интервал $t_p = 50 \div 55$. Отсюда для величины X_p получаем оценку $X_p \leq 80589$, что намного меньше, чем $M/2 = 119270$. Это позволяет сделать вывод о неприменимости стационарной модели SIR для описания первой волны COVID-19 в Италии.

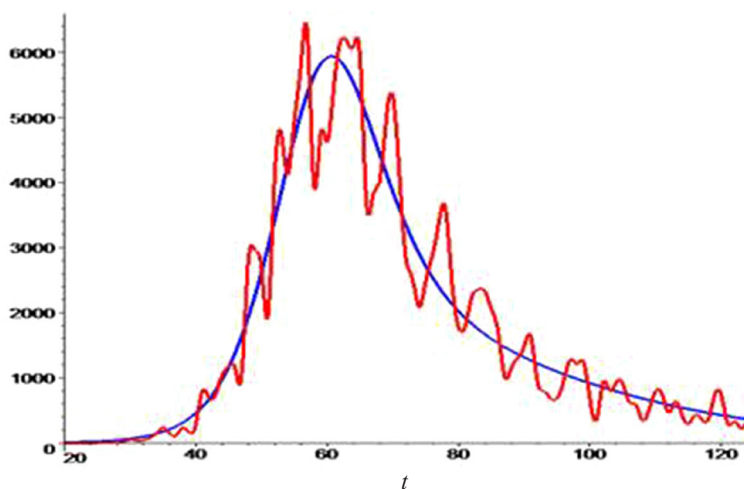


Рис. 1. Ежедневный прирост выявленных заражений COVID-19 в Германии в феврале – июле 2020 г. и график приращений аппроксимирующей функции

Fig. 1. Daily increase in detected COVID-19 infections in Germany in February – July 2020 and the graph of the increments of the approximating function

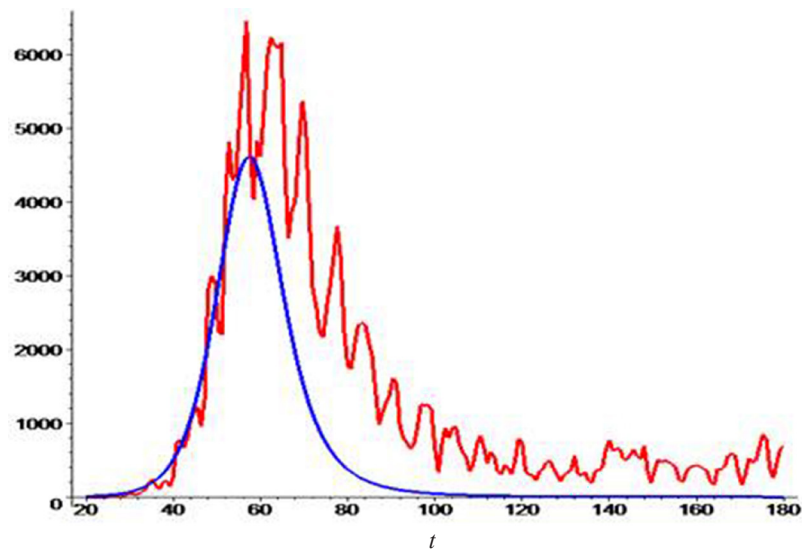


Рис. 2. Ежедневный прирост выявленных заражений COVID-19 в Германии в феврале – июле 2020 г. и соответствующее решение системы (1)–(3)

Fig. 2. Daily increase in detected COVID-19 infections in Germany in February – July 2020 and the corresponding solution of the system (1)–(3)

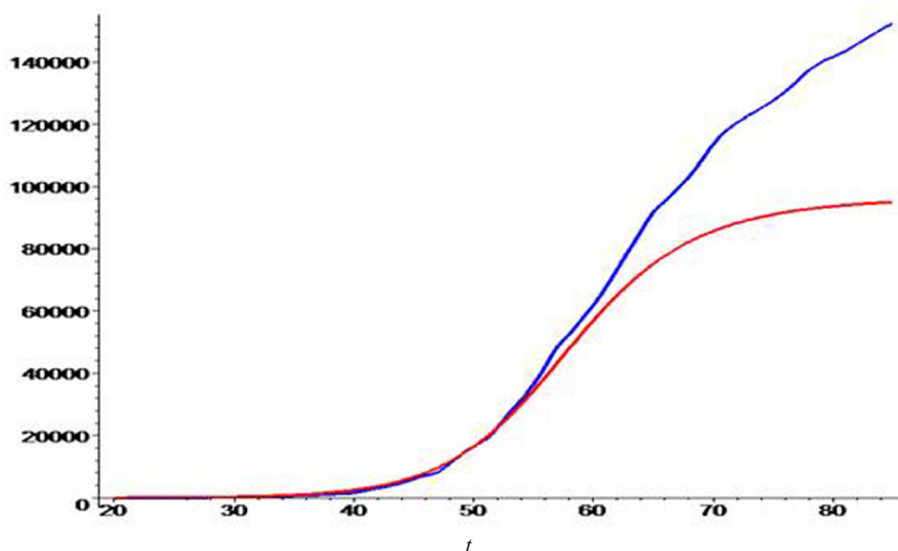


Рис. 3. Общее количество выявленных заражений COVID-19 в Германии в феврале – июле 2020 г. и соответствующее решение системы (1)–(3)

Fig. 3. Total number of detected COVID-19 infections in Germany in February – July 2020 and the corresponding solution of the system (1)–(3)

Вычисляя согласно замечанию 4 предполагаемое количество переболевших за весь период первой волны эпидемии с помощью формулы (11), получаем оценку $M = 103555$. Соответствующее этому значению начальное количество восприимчивых получаем, решая уравнение (10): $N = 105089$. Эти значения также очень близки, что, как и в случае данных по Германии, означает быстрое завершение эпидемического процесса, описываемого моделью SIR, после достижения максимальной скорости распространения. Восстанавливая коэффициенты системы (1)–(3) по формулам (12), получаем значения $\alpha = 0,292 \cdot 10^{-5}$, $\gamma = 0,076$. Соотношение динамики реального эпидемического процесса и его модели показано на рис. 5.

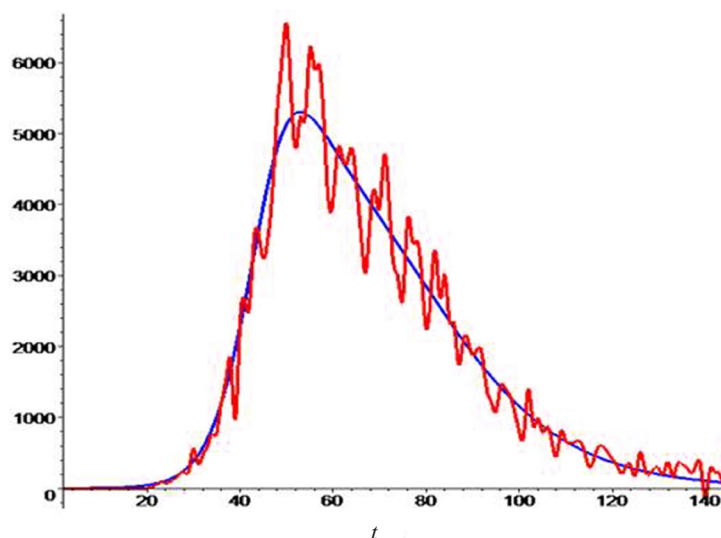


Рис. 4. Ежедневный прирост выявленных заражений COVID-19 в Италии в феврале – июле 2020 г. и график приращений аппроксимирующей функции

Fig. 4. Daily increase in detected COVID-19 infections in Italy in February – July 2020 and the graph of the increments of the approximating function

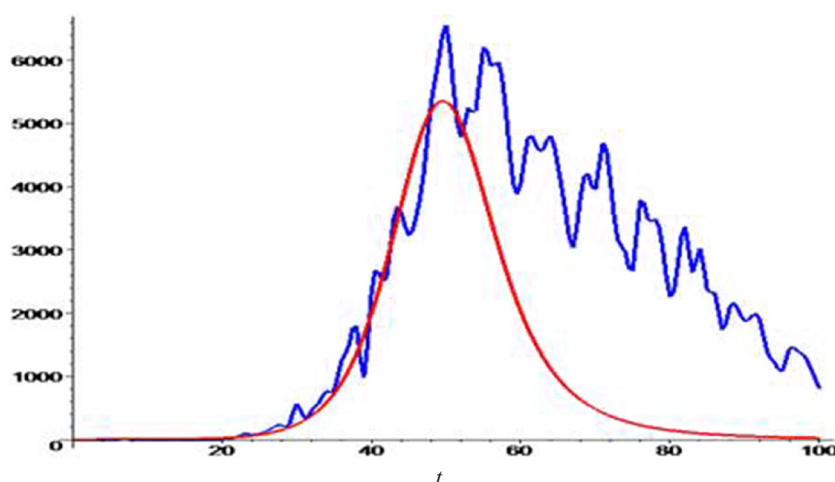


Рис. 5. Ежедневный прирост выявленных заражений COVID-19 в Италии в феврале – июле 2020 г. и соответствующее решение системы (1)–(3)

Fig. 5. Daily increase in detected COVID-19 infections in Italy in February – July 2020 and the corresponding solution of the system (1)–(3)

Выводы. На основе предложенной методики возможна эффективная проверка применимости стационарной модели SIR в каждом конкретном случае, а также оценка ее параметров в случае применимости.

Для моделирования первых волн COVID-19 в Италии и Германии, теоретически наиболее соответствующих условиям применимости стационарной модели SIR благодаря отсутствию значимых внешних воздействий, стационарная модель SIR неприменима.

Благодарности. Работа выполнена в Институте математики НАН Беларуси при поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований, проект № Ф25КИ-015 «Асимптотическое поведение периодических эпидемических динамических моделей».

Acknowledgements. The work was carried out at the Institute of Mathematics of the National Academy of Sciences of Belarus in the framework of Belarusian Republican Foundation for Fundamental Research, project no. Ф25КИ-015 “Asymptotic behavior of periodic epidemic dynamic models”.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ

1. Mathematical Epidemiology / eds.: F. Brauer, P. van den Driessche, Jianhong Wu. – Berlin; Heidelberg: Springer, 2008. – 355 p. – (Lecture Notes in Mathematics, vol. 1945). <https://doi.org/10.1007/978-3-540-78911-6>
2. Kermack, W. O. A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics / W. O. Kermack, A. G. McKendrick // Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character. – 1927. – Vol. 115, № 772. – P. 700–721. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>
3. Brauer, F. Compartmental Models in Epidemiology / F. Brauer // Mathematical Epidemiology / eds.: F. Brauer, P. van den Driessche, Jianhong Wu. – Berlin; Heidelberg: Springer, 2008. – P. 19–79. – (Lecture Notes in Mathematics, vol. 1945). https://doi.org/10.1007/978-3-540-78911-6_2
4. Математическое моделирование эпидемических процессов и оценка их статистических характеристик / Б. М. Десятков, А. И. Бородулин, С. С. Котлярова [и др.] // Химическая и биологическая безопасность. – 2009. – № 1–3 (43–45). – С. 15–20.
5. Моделирование эпидемической ситуации с учетом внешних рисков / Ю. Б. Гришунина, Н. А. Контаров, Г. В. Архарова, Н. В. Юминова // Эпидемиология и вакцинопрофилактика. – 2014. – № 5 (78). – С. 61–66.
6. Аппроксимация изолированной волны эпидемического процесса с помощью комбинации экспонент / А. Н. Авлас, А. К. Деменчук, С. В. Лемешевский, Е. К. Макаров // Весті Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя фізіка-матэматычных навук. – 2021. – Т. 57, № 4. – С. 391–400. <https://doi.org/10.29235/1561-2430-2021-57-4-391-400>
7. Семенычев, В. К. Анализ и предложения моделей экономической динамики с кумулятивным логистическим трендом / В. К. Семенычев, В. Н. Кожухова. – Самара: СамНЦ РАН, 2013. – 156 с.

References

1. Brauer F., van den Driessche P., Wu J. (eds). *Mathematical Epidemiology. Lecture Notes in Mathematics, vol. 1945*. Berlin, Heidelberg, Springer, 2008. 355 p. <https://doi.org/10.1007/978-3-540-78911-6>
2. 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, vol. 115, no. 772, pp. 700–721. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>
3. Brauer F. Compartmental Models in Epidemiology. Brauer F., van den Driessche P., Wu J. (eds). *Mathematical Epidemiology. Lecture Notes in Mathematics, vol 1945*. Berlin, Heidelberg, Springer, 2008, pp. 19–79. https://doi.org/10.1007/978-3-540-78911-6_2
4. Desyatkov B. M., Borodulin A. I., Kotlyarova S. S., Lapteva N. A., Marchenko M. Yu., Shabanov A. N. Mathematical modeling of epidemic processes and assessment of their statistical characteristics. *Khimicheskaya i biologicheskaya bezopasnost' = Chemical and Biological Safety*, 2009, no. 1–3 (43–45), pp. 15–20 (in Russian).
5. Grishunina Yu. B., Kontarov N. A., Arkharova G. V., Yuminova N. V. Modeling the epidemic situation taking into account external risks. *Epidemiologiya i vaksino profilaktika = Epidemiology and Vaccine Prevention*, 2014, no. 5 (78), pp. 61–66 (in Russian).
6. Avlas A. N., Demenchuk A. K., Lemeshevskii S. V., Makarov E. K. The approximation of an isolated epidemic process wave using a combination of exponents. *Vesti Natsyional'noi akademii nauk Belarusi. Seriya fizika-matematichnykh nauk = Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Physics and Mathematics series*, 2021, vol. 57, no. 4, pp. 391–400 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-2430-2021-57-4-391-400>
7. Semenychev, V. K., Kozhukhova V. N. *Analysis and Proposals of Models of Economic Dynamics with a Cumulative Logistic Trend*. Samara, SamNTs RAN, 2013. 156 p. (in Russian).

Информация об авторах

Авлас Артем Николаевич – младший научный сотрудник отдела вычислительной математики, Институт математики Национальной академии наук Беларуси (ул. Сурганова, 11, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: aulas@im.bas-net.by

Деменчук Александр Константинович – доктор физико-математических наук, профессор, главный научный сотрудник отдела дифференциальных уравнений, Институт математики Национальной академии наук Беларуси (ул. Сурганова, 11, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: demenchuk@im.bas-net.by

Макаров Евгений Константинович – доктор физико-математических наук, профессор, заведующий отделом дифференциальных уравнений, Институт математики Национальной академии наук Беларуси (ул. Сурганова, 11, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: jcm@im.bas-net.by

Information about the authors

Artsiom N. Avlas – Junior Researcher of the Department of Computational Mathematics, Institute of Mathematics of the National Academy of Sciences of Belarus (11, Surganov Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: aulas@im.bas-net.by

Aleksandr K. Demenchuk – Dr. Sc. (Physics and Mathematics), Professor, Chief Researcher of the Department of Differential Equations, Institute of Mathematics of the National Academy of Science of Belarus (11, Surganov Str., Minsk, 220072, Republic of Belarus). E-mail: demenchuk@im.bas-net.by

Evgenii K. Makarov – Dr. Sc. (Physics and Mathematics), Professor, Head of the Department of the Differential Equations, Institute of Mathematics of the National Academy of Science of Belarus (11, Surganov Str., Minsk, 220072, Republic of Belarus). E-mail: jcm@im.bas-net.by