

## ПРИМЕНЕНИЕ СТОХАСТИЧЕСКОЙ SIR-МОДЕЛИ ДЛЯ МОДЕЛИРОВАНИЯ ЭПИДЕМИЧЕСКОГО ПРОЦЕССА

А. Б. Борисенко<sup>1</sup>, В. А. Немтинов<sup>1</sup>, А. А. Борисенко<sup>2</sup>

*Кафедра «Компьютерно-интегрированные системы в машиностроении» (1);  
borisenko.ab@mail.tstu.ru; ФГБОУ ВО «ТГТУ», Тамбов, Россия;  
кафедра гигиены условий воспитания, обучения, труда и радиационной гигиены (2),  
ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет  
им. И. И. Мечникова», Санкт-Петербург, Россия*

**Ключевые слова:** компартментные модели; моделирование эпидемического процесса; метод Эйлера–Маруямы; стохастическая модель SIR; SMath Studio.

**Аннотация:** Представлено моделирование развития эпидемического процесса с использованием стохастической компартментной модели SIR (модели Кермака–МакКендрика). Математическая модель процесса показана в виде системы стохастических дифференциальных уравнений. Рассмотрена возможность практического применения программы SMath Studio для решения системы стохастических дифференциальных уравнений математической модели с использованием метода Эйлера–Маруямы. Приведены результаты численных экспериментов.

---

### Введение

Задачи прогнозирования играют важную роль в самых различных областях человеческой деятельности, в том числе науке, экономике, производстве и пр. [1, 2]. При этом прогнозирование – один из ключевых моментов при принятии решений [3, 4]. Прогнозирование эпидемической ситуации позволяет разработать и обосновать мероприятия по предупреждению распространения инфекционных болезней среди населения, а также ликвидировать негативные последствия, вызванные эпидемиями [5]. Один из методов исследования динамики эпидемических процессов – математическое моделирование [6]. Применение адекватных математических моделей распространения заболеваний играет важную роль в понимании динамики передачи различных патогенов и позволяет описать пространственные и временные закономерности распространения, а также помочь в изучении факторов, влияющих на передачу и лечение той или иной инфекции.

Одним из видов математических моделей, широко используемых в эпидемиологии, являются компартментные (камерные) модели (англ. – *compartmental model*) [7, 8]. В данных математических моделях вся исследуемая популяция или сообщество разбивается на несколько групп (компартментов). К таким группам относятся: восприимчивые (*Susceptible*), инфицированные (*Infectious*), выздоровевшие (*Recovered*). В более сложных моделях могут учитываться умершие (*Died*), а также скрытые (латентные) носители в инкубационном периоде (*Exposed*) [9, 10]. В каждый конкретный момент времени развитие эпидемического процесса в сообществе или популяции зависит от текущего распределения индивидов по группам.

Эпидемическая ситуация при этом описывается, как правило, системой дифференциальных уравнений (обыкновенных или стохастических), которая определяет динамику перехода индивидуумов из одной группы в другую. В некоторых моделях учитываются также число инфицированных, находящихся в инкубационном периоде, число умерших и пр. [5].

### Детерминированная SIR-модель

Одной из простейших моделей является детерминированная SIR-модель (*Susceptible – Infectious – Recovered*) с формированием устойчивого иммунитета, предложенная шотландскими учеными У. Кермаком и А. МакКендриком (*Kermack–McKendrick model*) [11]. Рассматриваемая модель не учитывает число умерших и носителей в инкубационном периоде [8, 12].

Вся популяция, состоящая из  $N$  индивидуумов, делится на три группы: восприимчивые к заболеванию  $S$ ; зараженные, инфицирующие восприимчивых  $I$ ; выздоровевшие, получившие долговременный иммунитет  $R$  (рис. 1). Передача инфекции в популяции осуществляется от инфицированных индивидов  $I$  к восприимчивым  $S$ . Переболевшие индивиды  $R$  приобретают иммунитет и не могут быть заражены повторно. При этом  $S + I + R = N$ .

Детерминированная модель SIR описывается системой обыкновенных линейных дифференциальных уравнений (1):

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta \frac{S(t)I(t)}{N}; \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta \frac{S(t)I(t)}{N} - \gamma I(t); \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t), \end{cases} \quad (1)$$

где  $\beta(S(t)I(t))/N$  – скорость, с которой восприимчивая популяция сталкивается с инфицированной популяцией, что приводит к передаче болезни (скорость распространения инфекции в популяции), человек/сут.;  $\gamma I(t)$  – скорость, с которой инфицированная популяция выздоравливает и становится устойчивой к дальнейшему заражению (скорость выздоровления), человек/сут.;  $S(t)$ ,  $I(t)$ ,  $R(t)$  – численности соответственно восприимчивой, инфицированной и выздоровевшей групп, человек;  $\beta$  и  $\gamma$  – параметры математической модели, сут.<sup>-1</sup>. При этом  $S(t) + I(t) + R(t) = N$ , где  $N$  – численность популяции, человек.

Рассмотрим подробнее параметры математической модели  $\beta$  и  $\gamma$ . Параметр  $\beta$  – константа скорости заражения (интенсивность заражения), связанная с передачей инфекции. Соответствующая постоянная времени  $\tau_{\text{infect}} = \beta^{-1}$  (человек)

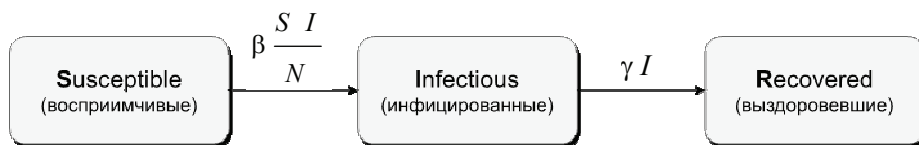


Рис. 1. Схема камерной модели SIR

определяет контагиозный (*лат.* *contagiosus* – заразный) период, соответствующий экспоненциальному росту числа новых инфекций в начальный момент времени, когда популяция состоит целиком из восприимчивой группы  $S(0) = N$ . Параметр  $\gamma$  – константа скорости выздоровления (интенсивность выздоровления). Соответствующая постоянная времени  $\tau_{\text{recov}} = \gamma^{-1}$  представляет собой среднее время выздоровления после инфицирования, сут. По известным значениям  $\beta$  и  $\gamma$  можно рассчитать такой важный для эпидемического процесса показатель, как базовое репродуктивное число (*Basic Reproduction Number*), определяющее контагиозность (заразность) инфекционного заболевания  $R_0 = \beta/\gamma$ . Базовое репродуктивное число (индекс репродукции) показывает среднее число индивидуумов, которых заразит один инфицированный, попавший в полностью неиммунизированное окружение. Если  $R_0 > 1$ , то скорость заражения растет и эпидемия активно развивается, если  $R_0 < 1$ , то скорость заражения снижается и эпидемия затухает. Следует отметить, что на значение базового репродуктивного числа можно влиять путем проведения различных санитарно-противоэпидемических мероприятий (масочный режим, социальная дистанция, карантин, вакцинация и т.п.).

Для обобщения математической модели (1) можно перейти от непосредственного количества человек в группах к долям (фракциям). Для этого определим доли соответственно восприимчивой, инфицированной и выздоровевшей групп:

$$s(t) = S(t)/N; \quad i(t) = I(t)/N; \quad r(t) = R(t)/N.$$

При этом  $s(t) + i(t) + r(t) = 1$  – инвариант. В результате система уравнений (1) приобретает вид:

$$\begin{cases} \frac{ds(t)}{dt} = -\beta s(t) i(t); \\ \frac{di(t)}{dt} = \beta s(t) i(t) - \gamma i(t); \\ \frac{dr(t)}{dt} = \gamma i(t). \end{cases} \quad (2)$$

После добавления к системе обыкновенных дифференциальных уравнений (2) начальных условий  $s(0) = s_{\text{init}}$ ,  $i(0) = i_{\text{init}}$ ,  $r(0) = r_{\text{init}}$  будет получена задача Коши.

В модели (2) используется ряд следующих допущений: численность популяции считается неизменной на всем временном отрезке моделирования (не учитывается изменение размера популяции за счет естественных рождений и смертей); инкубационный период заболевания пренебрежимо мал (заражение происходит мгновенно); после болезни выздоровевшие приобретают постоянный иммунитет (повторного заражения никогда не происходит); болезнь никогда не приводит к смерти.

Таким образом, модели SIR применяются для описания эпидемических процессов, вызываемых вирусами с относительно легким течением: группы вирусов, вызывающих острые респираторные вирусные инфекции (**ОРВИ**), и некоторые штаммы вируса гриппа (*influenza virus*) [7, 13].

### Стохастическая SIR-модель

В детерминированной математической модели (2) предполагается, что все параметры математической модели известны: число новых заразившихся пропорционально числу зараженных и восприимчивых к заражению индивидуумов.

При этом при одинаковых начальных условиях и одинаковых параметрах математической модели всегда будет получено одинаковое решение. Однако в действительности эпидемический процесс подвержен случайным флуктуациям. Новые случаи заражения фактически происходят в условиях неопределенности, которую детерминированная модель учесть не может [14]. Таким образом, становится актуальным применение стохастических математических моделей, учитывающих случайную составляющую. В качестве примеров исследований стохастических моделей для моделирования развития эпидемий можно привести обзорные работы [14 – 16]. При этом стохастическая модель подразумевает, что при одинаковых начальных условиях и параметрах математической модели решение каждый раз будет случайным образом изменяться [17].

Одним из способов моделирования стохастических процессов является использование марковских цепей [18], то есть последовательности случайных событий, характеризующейся тем свойством, что при известном настоящем будущее независимо от прошлого. Цепи Маркова часто называют системами без последствия или системами с отсутствием памяти [19].

Другим способом моделирования является применение стохастических дифференциальных уравнений. Стохастическое дифференциальное уравнение (СДУ) – дифференциальное уравнение, в котором один или несколько членов представляют собой стохастический процесс, приводящий к решению, которое само по себе является стохастическим процессом. В данной работе используется простейшая система стохастических дифференциальных уравнений, представленная в источниках [20, 21]:

$$\begin{cases} \frac{ds(t)}{dt} = -\beta s(t) i(t) - \sigma_1 s(t) i(t) dW(t); \\ \frac{di(t)}{dt} = \beta s(t) i(t) - \gamma i(t) + \sigma_1 s(t) i(t) dW(t) - \sigma_2 i(t) dW(t); \\ \frac{dr(t)}{dt} = \gamma i(t) + \sigma_2 i(t) dW(t), \end{cases} \quad (3)$$

где  $dW(t)$  – производная стохастического винеровского процесса, введенная в систему дифференциальных уравнений исходя из предположения, что внешние случайные возмущения представляют собой белый шум;  $\sigma_1, \sigma_2$  – константы, описывающие интенсивность стохастического окружения для процессов заражения и выздоровления соответственно [22].

При этом стохастический винеровский процесс (броуновское движение)  $W(t)$  является гауссовским процессом с независимыми приращениями, нулевым математическим ожиданием и дисперсией  $\text{Var } W(t) = t$ . В дальнейшем на этот факт следует обратить внимание при компьютерной реализации решения системы стохастических дифференциальных уравнений, так как часто стандартные датчики псевдослучайных чисел реализуют не нормальный (*normal*), а равномерный (*uniform*) закон распределения. Следует также отметить, что при  $\sigma_1 = 0; \sigma_2 = 0$  стохастическая модель (3) становится детерминированной (2).

#### Алгоритм решения задачи

Существует несколько численных методов для решения СДУ, в том числе метод Эйлера–Маруямы (*Euler–Maruyama method*), метод Мильштейна (*Milstein method*), стохастический метод Хойна (*stochastic Heun's method*), стохастический метод Рунге–Кутты (*stochastic Runge-Kutta method*) [23].

В данной статье используем метод Эйлера–Маруямы, являющийся одним из простейших численных методов для решения системы СДУ [24]. Для стохастической SIR-модели (3) схема Эйлера–Маруямы выглядит следующим образом [20, 21]:

$$\begin{cases} t_{j+1} = t_j + \Delta t; \\ W_{j+1} = RND_{\text{Normal}}(0; \sqrt{\Delta t}); \\ \Delta W_{j+1} = W_{j+1} - W_j; \\ s_{j+1} = s_j + (-\beta s_j i_j) \Delta t - \sigma_1 s_j i_j \Delta W_{j+1}; \\ i_{j+1} = i_j + (\beta s_j i_j - \gamma i_j) \Delta t + \sigma_1 s_j i_j \Delta W_{j+1} - \sigma_2 i_j \Delta W_{j+1}; \\ r_{j+1} = r_j + \gamma i_j + \sigma_2 i_j \Delta W_{j+1}. \end{cases} \quad (4)$$

При этом  $s_0 = s_{\text{init}}$ ,  $i_0 = i_{\text{init}}$ ,  $r_0 = r_{\text{init}}$ ,  $W_0 = RND_{\text{Normal}}(0; \sqrt{\Delta t})$ ,  $\Delta W_0 = W_0$ . Выражение  $RND_{\text{Normal}}(0; \sqrt{\Delta t})$  обозначает функцию, генерирующую псевдослучайные числа с нормальным законом распределения (математическое ожидание равно 0, стандартное отклонение  $\sqrt{\Delta t}$ ).

В настоящее время Правительство Российской Федерации проводит политику последовательного перехода организаций в различных областях деятельности на преимущественное использование отечественного и свободного программного обеспечения [25].

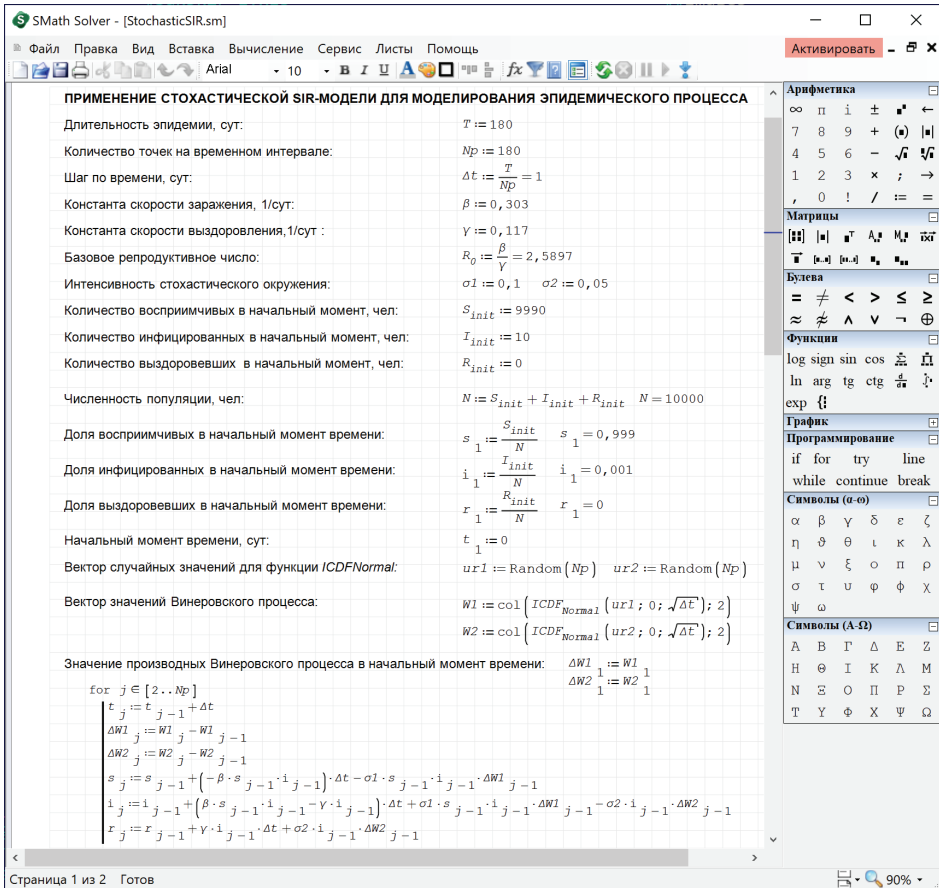


Рис. 2. Фрагмент решения задачи (4) в системе SMATH Studio

При проведении имитационных экспериментов использован программный пакет для вычисления математических выражений и построения графиков функций SMath Studio [26] с установленным дополнением Statistical Tools.

Программа SMath Studio функционально является аналогом коммерческого пакета PTC MathCAD и обладает следующими преимуществами: доступность, малый занимаемый объем, возможность установки на различные платформы, в том числе на стационарные компьютеры под управлением Windows или Linux, а также на мобильные устройства под управлением Android или iOS. Уникальной возможностью пакета SMath Studio является сохранение расчетов в формате автономных исполняемых exe-файлов. Кроме того, к основным возможностям программы относятся: мультиязычный интерфейс; поддержка единиц измерений (как встроенных, так и пользовательских); поддержка программирования (конструкций *if, for, while*); выполнение расчетов как в символьной, так и численной форме; работа с бесконечностью и др. Программа зарегистрирована в реестре российского программного обеспечения.

Дополнение Statistical Tools содержит программные средства, позволяющие в том числе генерировать нормально распределенные псевдослучайные числа.

На рисунке 2 представлен фрагмент решения задачи (4) в программе SMath Studio.

### Результаты экспериментов

Исходные значения параметров модели взяты из работы [27]:  $\beta = 0,303$ ,  $\gamma = 0,117$ .

На рисунке 3, *a* представлен результат использования модели SIR при значениях параметров  $\sigma_1 = 0$ ;  $\sigma_2 = 0$  (в этом случае стохастические члены в модели (4) обнуляются и модель функционирует как детерминированная). На рисунке 3, *б* представлен результат использования модели SIR при значениях параметров  $\sigma_1 = 0,1$ ;  $\sigma_2 = 0,05$ .

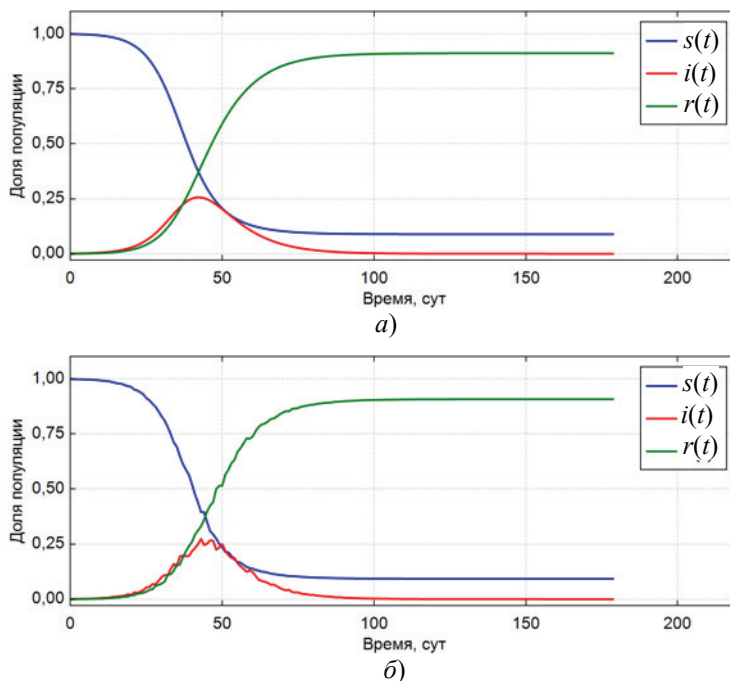


Рис. 3. Примеры использования SIR-модели при  $\beta = 0,303$ ,  $\gamma = 0,117$ :

*a* –  $\sigma_1 = 0$ ,  $\sigma_2 = 0$ ; *б* –  $\sigma_1 = 0,1$ ,  $\sigma_2 = 0,05$

Графики показывают состояние популяции в процессе развития эпидемической ситуации.

### Заключение

Для моделирования процесса развития эпидемического процесса с использованием стохастической SIR-модели успешно использован отечественный программный пакет SMath Studio. Изменяя значения параметров модели  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\sigma_1$  и  $\sigma_2$ , возможно проигрывать различные сценарии развития эпидемии.

Документ StochasticSIR.sm в формате SMath Studio доступен для скачивания по ссылке: <https://disk.yandex.ru/d/gTXqg4PEzRPDvA>.

### Список литературы

1. Пахомов, А. Н. Прогнозирование типа кинетической кривой в процессе сушки картофельной мезги / А. Н. Пахомов, Н. Ц. Гатапова, Ю. В. Пахомова // Вестник Тамбовского государственного технического университета. – 2022. – Т. 28, № 1. – С. 076 – 084. doi: 10.17277/vestnik.2022.01.pp.076-084
2. Немтинов, В. А. Оценка геохимического состояния малых рек с использованием теории нечетких множеств / В. А. Немтинов, Ю. В. Немтинова, А. Б. Борисенко // Экология и промышленность России. – 2019. – Т. 23, № 9. – С. 54 – 59. doi: 10.18412/1816-0395-2019-9-54-59
3. Информационная поддержка принятия решений при проведении технологического обслуживания токарных станков / В. А. Немтинов, В. Ю. Бобылев, Ю. В. Немтинова, А. Б. Борисенко // Вестник Тамбовского государственного технического университета. – 2020. – Т. 26, № 2. – С. 220 – 229. doi: 10.17277/vestnik.2020.02.pp.220-229
4. Карпушкин, С. В. Оптимизация функционирования оборудования действующего многоассортиментного производства при реализации заказа на выпуск нового продукта / С. В. Карпушкин, М. Н. Краснянский, А. Б. Борисенко // Вестник Тамбовского государственного технического университета. – 2016. – Т. 22, № 2. – С. 238 – 254. doi: 10.17277/vestnik.2016.02.pp.238-254
5. Моделирование эпидемической ситуации с учетом внешних рисков / Ю. Б. Гришунина, Н. А. Контаров, Г. В. Архарова, Н. В. Юминова // Эпидемиология и вакцинопрофилактика. – 2014. – Т. 78, № 5. – С. 61 – 66.
6. Hethcote, H. W. The Mathematics of Infectious Diseases / H. W. Hethcote // SIAM Review. – 2000. – Vol. 42, No. 4. – P. 599 – 653. doi: 10.1137/S0036144500371907
7. Применение универсальной математической модели эпидемического процесса «SRID» для прогноза развития эпидемии COVID-19 в городе Москва / Ю. С. Букин, Ю. П. Джиев, А. Н. Бондарюк [и др.] // PREPRINTS.RU. – 2020. doi: 10.24108/preprints-3112045
8. Abou-Ismaïl, A. Compartmental Models of the COVID-19 Pandemic for Physicians and Physician-Scientists / A. Abou-Ismaïl // SN Comprehensive Clinical Medicine. – 2020. – Vol. 2, No. 7. – P. 852 – 858. doi: 10.1007/s42399-020-00330-z
9. Mathematical and Computer Modeling of COVID-19 Transmission Dynamics in Bulgaria by Time-Dependent Inverse SEIR Model / S. Margenov, N. Popivanov, I. Ugrinova [et al.] // AIP Conference Proceedings. – 2021. – P. 090024. doi: 10.1063/5.0041868
10. Тамм, М. В. Коронавирусная инфекция в Москве: прогнозы и сценарии / М. В. Тамм // Фармакоэкономика. Современная фармакоэкономика и фармакоэпидемиология. – 2020. – Т. 13, № 1. – С. 43 – 51. doi: 10.17749/2070-4909.2020.13.1.43-51

11. Kermack, W. O. A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics / W. O. Kermack, A. G. McKendrick // *Proceedings of the Royal Society of London*. – 1927. – Vol. 115, No. 772. – P. 700 – 721. doi: 10.1098/rspa.1927.0118
12. Piccirillo, V. Nonlinear Control of Infection Spread Based on a Deterministic SEIR Model / V. Piccirillo // *Chaos, Solitons & Fractals*. – 2021. – Vol. 149. – P. 111051. doi: 10.1016/j.chaos.2021.111051
13. Forecasting Seasonal Influenza with a State-Space SIR Model / D. Osthus, K. S. Hickmann, P. C. Caragea [et al.] // *The Annals of Applied Statistics*. – 2017. – Vol. 11, No. 1. – P. 202 – 224. doi: 10.1214/16-AOAS1000
14. Allen, L. J. S. A Primer on Stochastic Epidemic Models: Formulation, Numerical Simulation, and Analysis / L. J. S. Allen // *Infectious Disease Modelling*. – 2017. – Vol. 2, No. 2. – P. 128 – 142. doi: 10.1016/j.idm.2017.03.001
15. Britton, T. Stochastic Epidemic Models: A Survey / T. Britton // *Mathematical Biosciences*. – 2010. – Vol. 225, No. 1. – P. 24 – 35. doi: 10.1016/j.mbs.2010.01.006
16. Gibson, G. J. Comparison and Assessment of Epidemic Models / G. J. Gibson, G. Streftaris, D. Thong // *Statistical Science*. – 2018. – Vol. 33, No. 1. – P. 19 – 33. doi: 10.1214/17-STS615.
17. Sani, A. Connection of CTMC Process, Deterministic and Stochastic Differential Equations in Modeling of Epidemics / A. Sani, Mukhsar, B. Abapihi // *Journal of Physics: Conference Series*. – 2021. – Vol. 1899, No. 1. – P. 012111. doi: 10.1088/1742-6596/1899/1/012111
18. Allen, L. J. S. Comparison of Deterministic and Stochastic SIS and SIR Models in Discrete Time / L. J. S. Allen, A. M. Burgin // *Mathematical Biosciences*. – 2000. – Vol. 163, No. 1. – P. 1 – 33. doi: 10.1016/S0025-5564(99)00047-4
19. Кацман, Ю. Я. Марковские цепи применительно к моделям гетерогенных сред / Ю. Я. Кацман. – Томск : Томский политехнический университет, 2013. – 131 с.
20. Maki, Y. Infectious Disease Spread Analysis Using Stochastic Differential Equations for SIR Model / Y. Maki, H. Hirose // *2013 4th International Conference on Intelligent Systems, Modelling and Simulation*. – IEEE, 2013. – P. 152 – 156. doi: 10.1109/ISMS.2013.13
21. Simha, A. A Simple Stochastic SIR Model for COVID 19 Infection Dynamics for Karnataka: Learning from Europe / A. Simha, R. V. Prasad, S. Narayana // *arXiv:2003.11920v3 [q-bio.PE]* 16 Apr 2020. doi: 10.48550/ARXIV.2003.11920
22. Rao, F. Dynamics Analysis of a Stochastic SIR Epidemic Model / F. Rao // *Abstract and Applied Analysis*. – 2014. – Vol. 2014. – P. 1 – 9. doi: 10.1155/2014/356013
23. Wilkie, J. Numerical Methods for Stochastic Differential Equations / J. Wilkie // *Physical Review E*. – 2004. – Vol. 70, No. 1. – P. 017701. doi: 10.1103/PhysRevE.70.017701
24. Bayram, M. Numerical Methods for Simulation of Stochastic Differential Equations / M. Bayram, T. Partal, G. O. Buyukoz // *Advances in Difference Equations*. – 2018. – Vol. 2018, No. 1. – P. 17. doi: 10.1186/s13662-018-1466-5
25. Об утверждении методических рекомендаций по переходу государственных компаний на преимущественное использование отечественного программного обеспечения, в том числе отечественного офисного программного обеспечения: приказ Минкомсвязи России. – URL : <https://digital.gov.ru/ru/documents/6294> (дата обращения : 20.10.2022).
26. Ивашов, А. SMath Studio. – URL : <https://ru.smath.com/> (дата обращения : 20.10.2022).
27. Risk Assessment of Novel Coronavirus COVID-19 Outbreaks Outside China / P. Boldog, T. Tekeli, Z. Vizi [et al.] // *Journal of Clinical Medicine*. – 2020. – Vol. 9, No. 2. – P. 571. doi: 10.3390/jcm9020571



## Application of the Stochastic SIR Model for Simulation of the Epidemic Process

A. B. Borisenko<sup>1</sup>, V. A. Nemtinov<sup>1</sup>, A. A. Borisenko<sup>2</sup>

*Department of Computer-Integrated Systems in Mechanical Engineering (1);*

*borisenko.ab@mail.tstu.ru; TSTU, Tambov, Russia;*

*Chair of Hygiene of Educational, Training, and Labor Conditions,  
and Radiation Hygiene (2), North-Western State Medical University  
named after I. I. Mechnikov, St. Petersburg, Russia*

**Keywords:** compartmental models; modeling of the epidemic process; Euler–Maruyama method; stochastic SIR model; SMath Studio.

**Abstract:** Simulation of the development of the epidemic process using the stochastic compartment model SIR (Kermack–McKendrick model) is shown. The mathematical model of the process is presented as a system of stochastic differential equations. The possibility of practical application of the SMath Studio program for solving a system of stochastic differential equations of a mathematical model using the Euler–Maruyama method is considered. The results of numerical experiments are presented.

### References

1. Pakhomov A.N., Gatapova N.Ts., Pakhomova Yu.V. [Prediction of the type of kinetic curve in the process of drying potato pulp], *Transactions of the Tambov State Technical University*, 2022, vol. 28, no. 1, pp. 76-84. doi: 10.17277/vestnik.2022.01.pp.076-084 (In Russ., abstract in Eng.)
2. Nemtinov V.A., Nemtinova Yu.V., Borisenko A.B. [Assessment of the geochemical state of small rivers using the theory of fuzzy sets], *Ekologiya i promyshlennost' Rossii* [Ecology and Industry of Russia], 2019, vol. 23, no. 9, pp. 54-59. doi: 10.18412/1816-0395-2019-9-54-59 (In Russ., abstract in Eng.)
3. Nemtinov V.A., Bobylev V.Yu., Nemtinova Yu.V., Borisenko A.B. [Information support for decision making during technological maintenance of lathes], *Transactions of the Tambov State Technical University*, 2020, vol. 26, no. 2, pp. 220-229. doi: 10.17277/vestnik.2020.02.pp.220-229 (In Russ., abstract in Eng.)
4. Karpushkin S.V., Krasnyanskiy M.N., Borisenko A.B. [Optimization of functioning of the equipment of the existing multi-assortment production in the implementation of an order for the production of a new product], *Transactions of the Tambov State Technical University*, 2016, vol. 22, no. 2, pp. 238-254. doi: 10.17277/vestnik.2016.02.pp.238-254 (In Russ., abstract in Eng.)
5. Grishunina Yu.B., Kontarov N.A., Arkharova G.V., Yuminova N.V. [Modeling the epidemic situation taking into account external risks], *Epidemiologiya i vaktsinoprofilaktika* [Epidemiology and vaccine prevention], 2014, vol. 78, no. 5, pp. 61-66. (In Russ., abstract in Eng.)
6. Hethcote H.W. The Mathematics of Infectious Diseases, *SIAM Review*. 2000, vol. 42, no. 4, pp. 599-653. doi: 10.1137/S0036144500371907.
7. Bukin Yu.S., Dzhioyev Yu.P., Bondaryuk A.N., Tkachev S.Ye., Zlobin V.I. [Application of the universal mathematical model of the epidemic process "SRID" to predict the development of the COVID-19 epidemic in the city of Moscow], PREPRINTS.RU. 2020. doi: 10.24108/preprints-3112045 (In Russ.).
8. Abou-Ismaïl A. Compartmental Models of the COVID-19 Pandemic for Physicians and Physician-Scientists, *SN Comprehensive Clinical Medicine*. 2020, vol. 2, no. 7, pp. 852-858. doi: 10.1007/s42399-020-00330-z

9. Margenov S., Popivanov N., Ugrinova I. Harizanov S., Hristov T. Mathematical and computer modeling of COVID-19 transmission dynamics in Bulgaria by time-depended inverse SEIR model, *AIP Conference Proceedings*. 2021, vol. 2333, Is. 1, pp. 090024. doi: 10.1063/5.0041868
10. Tamm M.V. [Coronavirus infection in Moscow: forecasts and scenarios], *Farmakoekonomika. Sovremennaya farmakoekonomika i farmakoepidemiologiya* [Pharmacoeconomics. Modern pharmacoeconomics and pharmacoepidemiology], 2020, vol. 13, no. 1, pp. 43-51. doi: 10.17749/2070-4909.2020.13.1.43-51 (In Russ.).
11. Kermack W.O., McKendrick A.G. A contribution to the mathematical theory of epidemics, *Proceedings of the royal society of London*, 1927, vol. 115, no. 772, pp. 700-721. doi: 10.1098/rspa.1927.0118
12. Piccirillo V. Nonlinear control of infection spread based on a deterministic SEIR model, *Chaos, Solitons & Fractals*, 2021, vol. 149, pp. 111051. doi: 10.1016/j.chaos.2021.111051
13. Osthus D., Hickmann K.S., Caragea P.C. Higdon D., Del Valle S.Y. Forecasting seasonal influenza with a state-space SIR model, *The Annals of Applied Statistics*, 2017, vol. 11, no. 1, pp. 202-224. doi: 10.1214/16-AOAS1000
14. Allen L.J.S. A primer on stochastic epidemic models: Formulation, numerical simulation, and analysis, *Infectious Disease Modelling*, 2017, vol. 2, no. 2, pp. 128-142. doi: 10.1016/j.idm.2017.03.001
15. Britton T. Stochastic epidemic models: A survey, *Mathematical Biosciences*, 2010, vol. 225, no. 1, pp. 24-35. doi: 10.1016/j.mbs.2010.01.006
16. Gibson G.J., Streftaris G., Thong D. Comparison and Assessment of Epidemic Models, *Statistical Science*, 2018, vol. 33, no. 1, pp. 19-33. doi: 10.1214/17-STS615
17. Sani A., Mukhsar M., Abapihi B. Connection of CTMC process, deterministic and stochastic differential equations in modeling of epidemics, *Journal of Physics: Conference Series*, 2021, vol. 1899, no. 1, pp. 012111. doi: 10.1088/1742-6596/1899/1/012111
18. Allen L.J.S., Burgin A.M. Comparison of Deterministic and Stochastic SIS and SIR Models in Discrete Time, *Mathematical Biosciences*, 2000, vol. 163, no. 1, pp. 1-33. doi: 10.1016/S0025-5564(99)00047-4
19. Katsman Yu.Ya. *Markovskiyey tsepi primenitel'no k modelyam geterogennykh sred* [Markov chains as applied to models of heterogeneous media], Tomsk: Tomskiy politekhnicheskiiy universitet, 2013, 131 p. (In Russ.).
20. Maki Y., Hirose H. Infectious Disease Spread Analysis Using Stochastic Differential Equations for SIR Model, *2013 4th International Conference on Intelligent Systems, Modelling and Simulation*, IEEE, 2013, pp. 152-156. doi: 10.1109/ISMS.2013.13
21. Simha A., Prasad R.V., Narayana S. A simple Stochastic SIR model for COVID-19 Infection Dynamics for Karnataka after interventions – Learning from European Trends, arXiv:2003.11920v3 [q-bio.PE] 16 Apr 2020. doi: 10.48550/ARXIV.2003.11920
22. Rao F. Dynamics Analysis of a Stochastic SIR Epidemic Model, *Abstract and Applied Analysis*, 2014 (SI01), pp. 1-9. doi: 10.1155/2014/356013
23. Wilkie J. Numerical methods for stochastic differential equations, *Physical Review E*, 2004, vol. 70, no. 1, pp. 017701. doi: 10.1103/PhysRevE.70.017701
24. Bayram M., Partal T., Buyukoz G.O. Numerical methods for simulation of stochastic differential equations, *Advances in Difference Equations*, 2018, vol. 2018, no. 1, pp. 17. doi: 10.1186/s13662-018-1466-5
25. <https://digital.gov.ru/ru/documents/6294> (accessed 20 October 2022).
26. Ivashov A. SMATH Studio. URL: <https://ru.smath.com/> (accessed 20 October 2022).
27. Boldog P., Tekeli T., Vizi Z., Dénes A., Bartha F.A., Röst G. Risk Assessment of Novel Coronavirus COVID-19 Outbreaks Outside China, *Journal of Clinical Medicine*, 2020, vol. 9, no. 2, pp. 571. doi: 10.3390/jcm9020571

## **Anwendung des stochastischen SIR-Modells zur Simulation des epidemischen Prozesses**

**Zusammenfassung:** Es ist eine Simulation der Entwicklung des Epidemieprozesses unter Verwendung des stochastischen Kompartimentmodells SIR (Kermack-McKendrick-Modell) gezeigt. Das mathematische Modell des Prozesses wird als System stochastischer Differentialgleichungen dargestellt. Es ist die Möglichkeit der praktischen Anwendung des Programms SMath Studio zur Lösung des Systems stochastischer Differentialgleichungen des mathematischen Modells mit der Euler-Maruyama-Methode betrachtet. Die Ergebnisse numerischer Experimente sind vorgestellt.

---

## **Application du modèle SIR stochastique pour modélisation du processus épidémique**

**Résumé:** Est montrée la modélisation du développement du processus épidémique à l'aide du modèle de compartiment stochastique SIR (modèle de Ker-Mac-McKendrick). Le modèle mathématique du processus est représenté sous la forme d'un système d'équations différentielles stochastiques. Est examinée l'application pratique du logiciel SMath Studio pour résoudre le système d'équations différentielles stochastiques d'un modèle mathématique à l'aide de la méthode Euler-Maruyama. Sont cités les résultats des expériences numériques.

---

**Авторы:** *Борисенко Андрей Борисович* – кандидат технических наук, доцент кафедры «Компьютерно-интегрированные системы в машиностроении»; *Немтинов Владимир Алексеевич* – доктор технических наук, профессор кафедры «Компьютерно-интегрированные системы в машиностроении», ФГБОУ ВО «ТГТУ», Тамбов, Россия; *Борисенко Антон Андреевич* – студент, ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И. И. Мечникова», Санкт-Петербург, Россия.

---