

УДК 517.928

ИССЛЕДОВАНИЕ БИФУРКАЦИЙ В НЕЛИНЕЙНОЙ ДИНАМИЧЕСКОЙ МОДЕЛИ ИММУНОЛОГИИ

© Коннова К.А., Щепаккина Е.А.

*Самарский национальный исследовательский университет
имени академика С.П. Королева, г. Самара, Российская Федерация*

e-mail: k.a.konnova@mail.ru

На сегодняшний день исследование строения и функционирования иммунной системы человека является востребованным, так как изучение механизмов самозащиты помогает предотвратить распространение различных заболеваний, таких как грипп, пневмония, туберкулез. Недавняя пандемия COVID-19 продемонстрировала важность эпидемиологических исследований и разработки математических моделей для описания поведения инфекционных болезней [1–3].

Данная работа посвящена математическим моделям распространения инфекционных заболеваний на примере кластерной модели развития туберкулеза.

По сравнению с другими заболеваниями, вызываемыми одним инфекционным агентом, туберкулез является вторым по значимости смертельным заболеванием во всем мире. По данным Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ), в 2019 году от этого заболевания умерло 1,4 миллиона человек и заболело 10 миллионов [4].

С одной стороны, у большинства латентно инфицированных людей туберкулез не переходит в активную стадию. С другой стороны, заразные люди остаются таковыми в течение относительно коротких периодов времени. Поскольку вторичные инфекции генерируются заразными людьми, у активно заразных людей есть относительно небольшая возможность заразить других. Следовательно, заражение восприимчивых лиц туберкулезом происходит в те же сроки, что и выздоровление людей от активного туберкулеза [4; 5].

Поэтому считается, что передача туберкулеза происходит в основном в группах близких людей и эпидемиологически активных кластерах, где есть как минимум один активно инфицированный человек.

В данной работе была исследована нелинейная динамическая кластерная модель, позволяющая построить динамику распространения туберкулеза [5]. Используются следующие параметры: n – средний размер рассматриваемого кластера; β – эффективный показатель передачи заболевания; γ – средний инфекционный период; k – скорость роста на душу населения; μ – коэффициент естественной смертности.

Система уравнений, описывающая эту модель:

$$\begin{aligned} \frac{dS_1}{dt} &= -(\beta + \gamma)S_1 + \frac{S_2}{N_2}nkE_2, \\ \frac{dE_1}{dt} &= \beta S_1 - \gamma E_1 + \frac{E_2}{N_2}nkE_2, \\ \frac{dI}{dt} &= kE_2 - \gamma I, \\ \frac{dS_2}{dt} &= \Lambda - \mu S_2 + \gamma S_1 - \frac{S_2}{N_2}nkE_2, \\ \frac{dE_2}{dt} &= \gamma E_1 - (\mu + k)E_2 - \frac{E_2}{N_2}nkE_2. \end{aligned} \quad (1)$$

Здесь $S_1(t)$ – количество восприимчивых внутри кластера в момент времени t ; $E_1(t)$ – количество латентно инфицированных внутри кластера в момент времени t ; $I(t)$ – количество зараженных туберкулезом в момент времени t , которые могут распространять болезнь; $S_2(t)$ – количество восприимчивых, не принадлежащих эпидемиологически активному кластеру в момент времени t ; $E_2(t)$ – количество латентно инфицированных, не принадлежащих эпидемиологически активному кластеру в момент времени t .

При анализе необходимо учитывать ключевые допущения, которые делают модель более реалистичной, такие как учет времени изменения переменных динамической системы, так как процессы передачи туберкулеза на популяционном и индивидуальном уровнях действуют в разных временных масштабах. Установлено, что динамическая система имеет несколько временных масштабов и, следовательно, может быть приведена к сингулярно возмущенной форме.

В данной работе задача определения оптимальной стратегии лечения инфекционного заболевания на основе анализа динамической модели (1) решалась качественными методами теории сингулярно возмущенных дифференциальных уравнений. Результаты данного исследования были подтверждены численными экспериментами.

Библиографический список

1. Криворотько О.И. Математическое моделирование и прогнозирование COVID-19 в Москве и Новосибирской области / О.И. Криворотько [и др.] // Сибирский журнал вычислительной математики. 2020. Т. 23, № 4. С. 395–414.
2. Баран В.И., Баран Е.П. Имитационное моделирование процессов развития пандемии // Вестник РУК. 2021. № 3 (45). URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/imitatsionnoe-modelirovanie-protseessov-razvitiya-pandemii> (дата обращения: 07.03.2023).
3. Романюха А.А. Математические модели в иммунологии и эпидемиологии инфекционных заболеваний. М.: Бином. Лаборатория знаний, 2011. 287 с. URL: https://www.rfbr.ru/rffi/portal/books/o_1779359 (дата обращения: 10.03.2023).
4. Туберкулез. Всемирная организация здоровья. URL: <https://www.who.int/ru/news-room/fact-sheets/detail/tuberculosis> (дата обращения: 27.03.2023).
5. Song B., Castillo-Chavez C., Aparicio J.P. Tuberculosis models with fast and slow dynamics: the role of close and casual contacts // Mathematical Biosciences. 2002. V. 180. P. 187–205.