

МОДЕЛИРОВАНИЕ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ИНФЕКЦИОННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ С УЧЕТОМ ДВУХФАКТОРНОГО ТАКСИСА

А.В. Будянский, Донской государственный технический университет, г. Ростов-на-Дону, Российская Федерация

В работе изучается математическая модель массового инфекционного заболевания, записываемая в виде системы нелинейных уравнений реакции-диффузии-адвекции. Рассматривается пространственно-временное взаимодействие двух групп населения: восприимчивых к инфекции и инфицированных. Учитывается локальное взаимодействие, определяющее взаимный переход из одной группы в другую, и миграционные потоки, обусловленные диффузией и направленной миграцией. Моделирование проводится без учета рождаемости и смертности населения. Для пространственной аппроксимации задачи применялся метод конечных разностей на основе смещенных сеток. Компьютерные эксперименты проводились в системе matlab. В ходе исследования установлено существование аналитического решения, отвечающего стационарному распределению обеих групп населения. С помощью вычислительных экспериментов установлены параметрические зависимости, влияющие на формирование эпидемиологических структур и соотношение долей инфицированного и здорового населения.

Ключевые слова: математическое моделирование; эпидемия; компартментальная модель; нелинейные параболические уравнения; направленная миграция.

Введение

Инфекционные заболевания сопровождали человечество на протяжении всей истории. Однако возросшая международная коммуникация и перенаселенность мегаполисов сделали проблему массовых заражений одним из наиболее серьезных вызовов современности [1]. Помимо прямых медицинских последствий эпидемии способны нести экономические, социальные и даже политические проблемы. Данный факт делает актуальным развитие математических моделей, позволяющих исследовать динамику распространения инфекции в биологических сообществах [2].

Для изучения процессов, лежащих в основе распространения инфекционных заболеваний, часто используются детерминированные модели, также известные как компартментальные [3, 4]. При этом происходит разделение населения на группы в зависимости от риска заражения – восприимчивые к инфекции, инфицированные, имеющие иммунитет и т.д. Данные модели, основанные на системах дифференциальных уравнений, обычно не учитывают распределение населения по ареалу, а описывают усредненные данные по каждой группе [5, 6]. Однако учет пространственных эффектов оказывает значительное влияние на понимание многих биологических процессов [7] и представляет интерес для математического моделирования [8–10]. Именно неравномерное распределение населения, приводящее к перенаселенности некоторых областей, является причиной распространения вирусных инфекций. Для учета пространственной неоднородности компартментальные модели могут дополняться слагаемыми, определяющими диффузионное распространение населения и перемещение, вызванное некоторым стимулом [11, 12]. При этом возникают закономерные вопросы определения областей миграционных (таксисных) параметров, для которых могут реализовываться различные эпидемиологические сценарии.

В настоящей работе исследуется модель распространения инфекционного заболевания без учета получения иммунитета переболевшими. Таким образом все население разделено на две группы: восприимчивые к инфекции (Susceptible) и инфицированные (Infected). Предполагается возможным обоюдный переход из одной группы в другую, что относит рассматриваемую задачу к классу SIS-моделей [13, 14]. В отличие от работы [15], где изучалось влияние таксиса, вызванного некоторым постоянным стимулом на заболеваемость населения, данное исследование посвящено изучению роли двухфакторной миграции. В миграционных потоках учитывается как неоднородность жизненных условий, так и неравномерность распределения по ареалу обеих групп населения. Модели эпидемий с учетом миграции, обусловленной эпидемиологической обстановкой, на данный момент мало изучены и, по мнению автора, представляют интерес.

1. Модель распространения вирусной инфекции

В данном разделе описывается модель пространственно-временного взаимодействия двух непересекающихся групп населения – восприимчивых к инфекции и инфицированных. Функция $S(x, t)$ описывает плотность восприимчивых к инфекции, а $I(x, t)$ – плотность инфицированных. Для описания динамики по каждой группе используются два компонента: локальное взаимодействие, определяющее переход из одной группы в другую и перенос за счет миграционных потоков. В работе [16] было показано, что при моделировании динамики биологических сообществ одномерная и двухмерная пространственные постановки дают схожие результаты. Для краткости в статье рассматривается случай с одной пространственной переменной:

$$\frac{\partial S}{\partial t} = -\frac{\partial Q_1}{\partial x} - \beta \frac{SI}{N} + \gamma I, \quad Q_1 = -d_1 \frac{\partial S}{\partial x} + a_1 S \frac{\partial P}{\partial x} + b_1 S \frac{\partial I}{\partial x}, \quad (1)$$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = -\frac{\partial Q_2}{\partial x} + \beta \frac{SI}{N} - \gamma I, \quad Q_2 = -d_2 \frac{\partial I}{\partial x} + a_2 I \frac{\partial P}{\partial x} + b_2 I \frac{\partial S}{\partial x}. \quad (2)$$

Здесь $N(x, t) = S(x, t) + I(x, t)$. Присутствие в знаменателях (1), (2) функций S и I определяет вероятности контакта здорового и инфицированного населения [14]. Имеется ввиду, что в данной точке ареала инфицированный индивид может контактировать не только с представителями группы восприимчивых к инфекции, но и с другими инфицированными. Интенсивность контактов с последующим инфицированием и интенсивность выздоровления определяются коэффициентами β и γ соответственно. Полагается, что оба параметра неотрицательны.

Положительные коэффициенты d_j определяют диффузионное распространение. Также в потоках Q_1, Q_2 учитывается направленная миграция, вызванная некоторым стимулом $P(x)$ (слагаемые с коэффициентами a_j), и миграция вследствие неравномерности распределения населения (слагаемые с коэффициентами b_j). Данный подход аналогичен [17], когда перенос плотности S , вызванный неравномерностью распределения плотности I , описывается слагаемым $b_1 S \frac{\partial I}{\partial x}$. Аналогично для плотности I миграция, вызванная неравномерностью распределения S , описывается слагаемым $b_2 I \frac{\partial S}{\partial x}$. Знаки коэффициентов a_j, b_j могут быть различны и определяют разные виды реакции. В дальнейшем функцию $P(x)$ будем понимать как неравномерность распределения жизненных условий.

Рассматривается случай одномерного изолированного ареала $\Omega = [0, a]$, на границе которого ставятся условия отсутствия потоков:

$$Q_1(0, t) = Q_1(a, t) = Q_2(0, t) = Q_2(a, t) = 0. \quad (3)$$

Модель дополняется начальными распределениями плотностей:

$$S(x, 0) = S^0(x), \quad I(x, 0) = I^0(x). \quad (4)$$

2. Анализ модели

В данном разделе проводится поиск стационарных распределений восприимчивых к инфекции и инфицированных групп населения без использования вычислительного эксперимента. Заметим, что для нелинейных уравнений математической физики отыскание явных аналитических решений является достаточно редким событием. Приведенные ниже параметрические зависимости соответствуют безразмерной задаче и не несут иного смысла, кроме выявления неочевидных свойств модели. При этом полученные стационарные распределения могут служить отправной точкой для дальнейших исследований.

Лемма 1. Система (1) – (4) при $d_1 a_2 = a_1 d_2$ и $b_1 = b_2 = 0$ имеет равновесие:

$$S = c_1 e^{a_1/d_1 P}, \quad I = c_2 e^{a_2/d_2 P}, \quad \text{где } c_1, c_2 - \text{const} : (\beta - \gamma)c_1 = \gamma c_2. \quad (5)$$

Доказательство. Стационарное решение должно удовлетворять условиям:

$$0 = -\frac{\partial Q_1}{\partial x} - \beta \frac{SI}{N} + \gamma I, \quad (6)$$

$$0 = -\frac{\partial Q_2}{\partial x} + \beta \frac{SI}{N} - \gamma I. \quad (7)$$

Рассмотрим уравнение, описывающее динамику восприимчивых к инфекции, переписав правую часть (6) в виде $\kappa_1 + \kappa_2$, где

$$\kappa_1 = -\frac{\partial Q_1}{\partial x}, \quad \kappa_2 = -\beta \frac{SI}{N} + \gamma I.$$

Подставив $S = c_1 e^{a_1/d_1 P}$ в выражение Q_1 при $b_1 = 0$ имеем:

$$Q_1 = -d_1 \frac{\partial(c_1 e^{a_1/d_1 P})}{\partial x} + a_1 c_1 e^{a_1/d_1 P} \frac{\partial P}{\partial x} = -c_1 a_1 e^{a_1/d_1 P} \frac{\partial P}{\partial x} + c_1 a_1 e^{a_1/d_1 P} \frac{\partial P}{\partial x} = 0.$$

Очевидно, что $Q_1 = 0$ отвечает условию $\kappa_1 = 0$ и соответствует краевым условиям рассматриваемой задачи. В случае S и I , удовлетворяющих (5), κ_2 переписывается в виде:

$$\kappa_2 = -\beta \frac{c_1 e^{a_1/d_1 P} c_2 e^{a_1/d_1 P}}{c_1 e^{a_1/d_1 P} + c_2 e^{a_1/d_1 P}} + \gamma c_2 e^{a_1/d_1 P} = c_2 e^{a_1/d_1 P} \left(-\beta \frac{c_1}{c_1 + c_2} + \gamma \right).$$

Подставив в выражение в скобках $c_2 = (\beta/\gamma - 1)c_1$ получаем $\kappa_2 = 0$.

Аналогичные выкладки справедливы для правой части (7), что доказывает лемму. \square

Система (1) – (4) также допускает полное отсутствие инфицированных индивидуумов на ареале. Этой ситуации соответствует решение $S = c_1 e^{a_1/d_1 P}$, $I = 0$ для любого набора параметров.

Лемма 2. *Общая средняя плотность восприимчивых к инфекции и инфицированных не меняется во времени:*

$$\frac{d(\bar{N})}{dt} = 0.$$

Доказательство.

$$\frac{d\bar{N}}{dt} = \frac{d(\overline{S+I})}{dt} = \frac{1}{a} \frac{d}{dt} \int_0^a (S+I) dx. \quad (8)$$

После подстановки (1), (2) в (8), приведения подобных слагаемых и учета краевых условий (3) выражение (8) переписывается в виде:

$$\frac{d(\bar{N})}{dt} = \frac{1}{a} \left(Q_1 \Big|_0^a + Q_2 \Big|_0^a \right) = 0.$$

\square

Леммы 1 и 2 показывают, что коэффициенты c_1, c_2 определяют набор стационарных распределений, а величина \bar{N} может интерпретироваться как параметр, что приводит к следующему заключению.

Теорема 1. *Пусть выполняются условия леммы 1 и $\bar{N} = \Phi$, тогда система (1) – (4) будет иметь решение*

$$S = c_1 e^{a_1/d_1 P}, \quad I = c_2 e^{a_2/d_2 P},$$

где

$$c_1 = \frac{a\Phi\gamma}{\beta \int_0^a e^{a_1/d_1 P} dx}, \quad c_2 = c_1(\beta - \gamma)/\gamma. \quad (9)$$

Доказательство. В силу то, что группы S и I не пересекаются $\bar{S} + \bar{I} = \bar{N}$. При переходе к интегралам имеем $\int_0^a S + \int_0^a I = a\Phi$. Подстановка S и I из (5) дает

$$\int_0^a c_1 e^{a_1/d_1 P} + \int_0^a c_2 e^{a_2/d_2 P} = a\Phi.$$

В силу соотношений $d_1 a_2 = a_1 d_2$ и $(\beta - \gamma)c_1 = \gamma c_2$ получается

$$\int_0^a c_1 e^{a_1/d_1 P} + \int_0^a \frac{c_1(\beta - \gamma)e^{a_1/d_1 P}}{\gamma} = a\Phi.$$

В итоге

$$c_1 = \frac{a\Phi\gamma}{\beta \int_0^a e^{a_1/d_1 P} dx}, \quad c_2 = c_1(\beta - \gamma)/\gamma.$$

□

Рассмотрим пример. Пусть выполняются условия:

$$\begin{aligned} \Omega = [0, 2], \quad d_1 = d_2 = 0,01, \quad a_1 = a_2 = 0,02, \quad b_1 = b_2 = 0, \\ \beta = 0,9, \quad \gamma = 0,6 \quad \text{и} \quad \bar{N} = 1,2. \end{aligned} \tag{10}$$

Функция неравномерности жизненных условий дается формулой:

$$P(x) = \ln(6 \sin^2(\pi x/a) + 1). \tag{11}$$

Тогда для интеграла в знаменателе (9) справедливо следующее:

$$\begin{aligned} \int_{\Omega} e^{a_1/d_1 P} dx &= \int_0^2 e^{2 \ln(6 \sin^2(\pi x/2) + 1)} dx = \int_0^2 (6 \sin^2(\pi x/2) + 1)^2 dx = \\ &= \frac{(9 \cos(\pi x) - 48) \sin(\pi x) + 41\pi x}{2\pi} \Big|_0^2 = 41. \end{aligned}$$

Таким образом система (1) – (4) при выполнении условий (10) будет иметь решение:

$$S = \frac{1,6}{41} e^{2P}, \quad I = \frac{0,8}{41} e^{2P}. \tag{12}$$

В случае миграционных параметров, не удовлетворяющих условию Леммы 1, получить решение аналитически затруднительно и требует вычислительных экспериментов, результаты которых рассмотрены в следующем разделе.

3. Численное исследование влияния направленной миграции на заболеваемость населения

Вычислительные эксперименты пространственно-временной динамики задачи (1) – (4) основаны на методе прямых с дискретизацией на основе смещенных сеток. По пространственной переменной x вводится сетка с узлами $x_r = rh$, $r = 0, \dots, n$, $h = a/n$. Через S_r и I_r определяются плотности в узле x_r . Для вычисления потоков Q_1 и Q_2 в (1), (2) вводится вспомогательная сетка $x_{r-1/2} = -h/2 + rh$, $r = 0, \dots, n + 1$.

С применением дифференциального оператора первого порядка и оператора вычисления среднего

$$(\sigma w)_{r+\frac{1}{2}} = \frac{w_{r+1} - w_r}{h}, \quad (\delta w)_{r+\frac{1}{2}} = \frac{w_{r+1} + w_r}{2}$$

система (1), (2) может быть записана как система обыкновенных дифференциальных уравнений

$$\frac{\partial S_r}{\partial t} = \left[-\sigma Q_1 - \beta \frac{SI}{N} + \gamma I \right]_r, \quad \frac{\partial I_r}{\partial t} = \left[-\sigma Q_2 + \beta \frac{SI}{N} - \gamma I \right]_r.$$

Потоки $Q_{1,r+1/2}, Q_{2,r+1/2}$ ($r = 0, \dots, n-1$) определяются формулами:

$$(Q_1)_{r+1/2} = -[d_1\sigma S - a_1\delta S\sigma P - b_1\delta S\sigma I]_{r+1/2}, \quad (Q_2)_{r+1/2} = -[d_2\sigma I - a_2\delta I\sigma P - b_2\delta I\sigma S]_{r+1/2}.$$

Дискретные варианты граничных условий формулируются с использованием фиктивных узлов:

$$Q_{i,-1/2} = -Q_{i,1/2}, \quad Q_{i,n+1/2} = -Q_{i,n-1/2}, \quad i = 1, 2.$$

Из (4) следуют начальные условия:

$$S_r = S^0(x_r), \quad I_r = I^0(x_r), \quad r = 0, \dots, n.$$

Компьютерные эксперименты с полученной системой ОДУ проводились для различных значений параметров миграции a_j, b_j . Остальные параметры были фиксированы:

$$d_1 = 0,01, \quad d_2 = 0,01, \quad \beta = 0,9, \quad \gamma = 0,6.$$

Функция неравномерности жизненных условий $P(x)$ задавалась формулой (11), соответствующей ареалу с одной благоприятной зоной в центральной части.

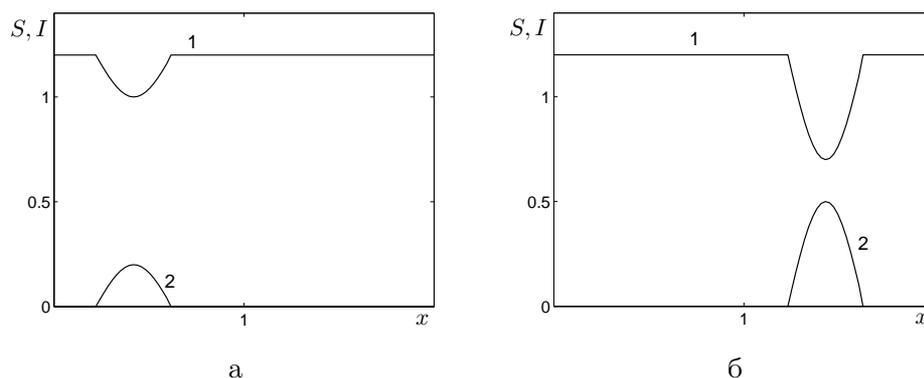


Рис. 1. Начальные распределения восприимчивых к инфекции (линии 1) и инфицированных (2)

Обычно массовые заболевания начинаются с небольшого локального субрегиона. На рис. 1, 2 представлены результаты моделирования эпидемии для двух начальных распределений, отличавшихся количеством и положением на ареале инфицированных. Начальные распределения восприимчивых к инфекции определялись как $S^0 = 1, 2 - I^0$, см. рис. 1. Вычислительные эксперименты проводились для $a_1 = a_2 = 0,02$ и $b_1 = b_2 = 0$, что делает набор параметров в расчетах соответствующим (10). Эволюцию во времени плотностей обеих групп населения демонстрирует рис. 2. Расчеты показывают, что в условиях замкнутого ареала и свободного перемещения индивидуумов, разница начальных распределений не влияет на финальные состояния. Рис. 3 демонстрирует идентичность полученных в ходе вычислительных экспериментов стационарных распределений и аналитического решения (12).

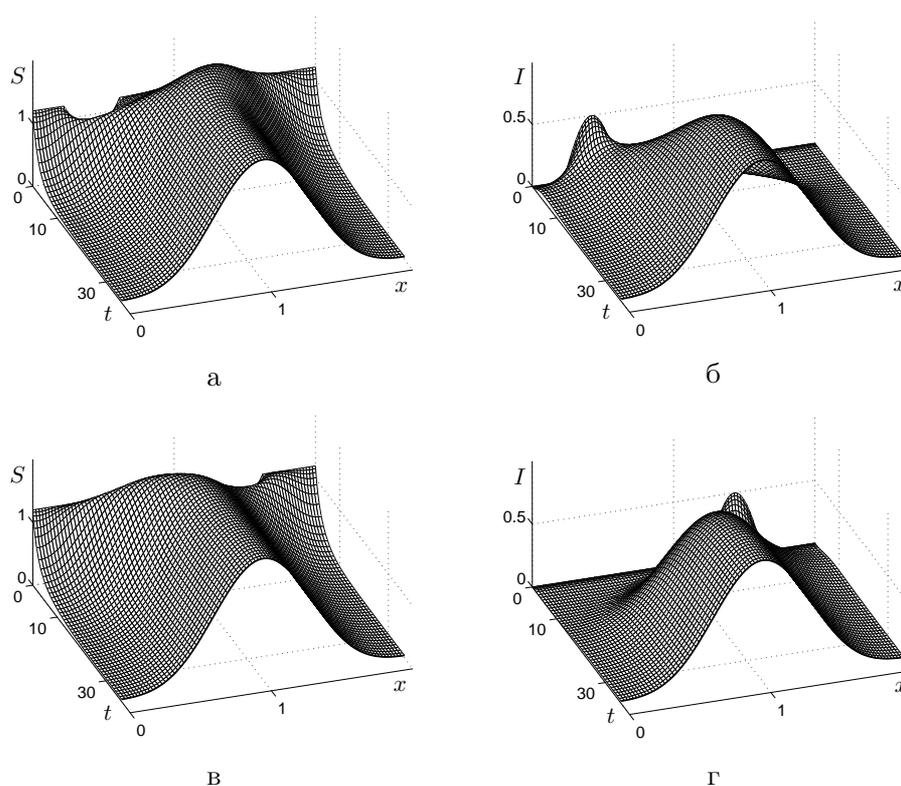


Рис. 2. Установление стационарных распределений S и I для начальных распределений на рис. 1 а (а, б) и рис. 1 б (в, г): $a_1=a_2=0,02$, $b_1=b_2=0$

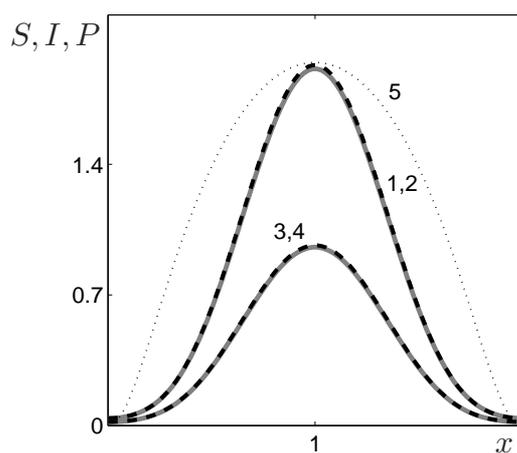


Рис. 3. Стационарные распределения S (линии 1,2) и I (3,4), найденные аналитически (сплошные линии) и численно (штрих); функция неравномерности жизненных условий (5)

Выполнение условий леммы 1 является достаточно редким явлением. Однако найденное стационарное решение может служить началом в исследовании миграционных эффектов. На рис. 4 дана эволюция во времени средних плотностей при ненулевых параметрах b_j для начальных данных (12), см. линии 1 и 3 на рис. 1. Полученные результаты показывают, что учет межгруппового таксиса способен оказывать значительное влияние на ход эпидемии. Это делает интересным исследование влияния миграционных факторов на изменение доли здорового населения в ходе массового заболевания, результаты которого отображены на рис. 5 и рис. 6. Приведенные графики определяют зависимость \bar{S} от параметров миграции

a_1 и a_2 . При этом ненулевому набору b_1 соответствуют данные на рис. 5, а результаты с учетом параметра b_2 отражены на рис. 6. Общей чертой всех рисунков является снижение вариативности графиков при уменьшении исследуемого параметра и достижения максимума при отрицательных значениях, близких к левому краю рассматриваемой области. Это происходит в силу размежевания групп населения, так как при установлении зависимости от параметра $a_1(a_2)$ параметр $a_2(a_1)$ был положителен. При этом $\max(\bar{S}) \approx 1,17$, что составляет 97,5% от общей численности населения. Спад \bar{S} с увеличением исследуемого параметра может быть как плавным (рис. 5 а), так и резким при достижении им определенного значения (рис. 5 б).

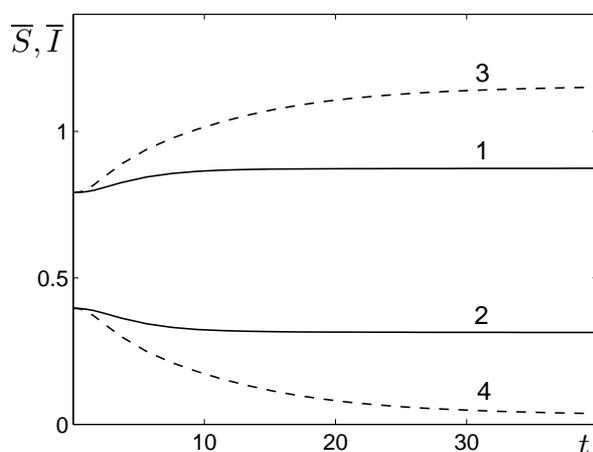


Рис. 4. Выход на стационарный режим средних плотностей восприимчивых к инфекции и инфицированных: соответственно линии 1, 2 при $b_2 = -0,04$ и линии 3, 4 при $b_2 = -0,08$: $a_1 = a_2 = 0,02, b_1 = 0$

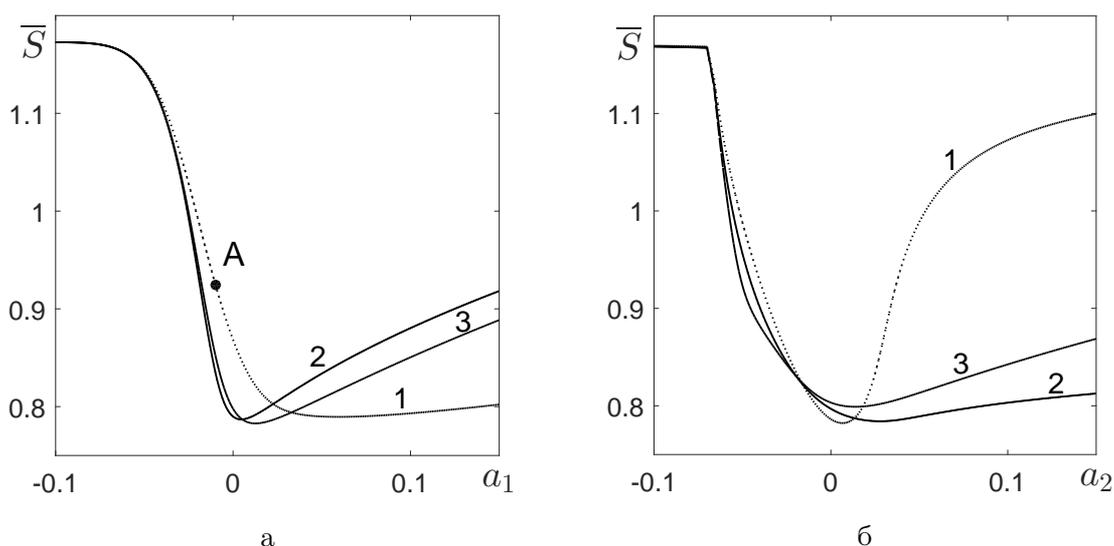


Рис. 5. Влияние параметра направленной миграции a_1 при $a_2 = 0,02$ (а) и a_2 при $a_1 = 0,02$ (б) на среднюю плотность восприимчивых к инфекции: $b_1 = -0,06$ (линии 1), $b_1 = 0,01$ (2), $b_1 = 0,02$ (3): $b_2 = 0$

Расчеты показывают, что существуют значения параметров a_1, a_2 , при которых наблюдается наименьшее значение \bar{S} – худший сценарий развития эпидемии. Например, на графике 3 рис. 5 а минимальному $\bar{S} = 0,79$ отвечает $a_1 = a_{worst} \approx 0,06$. В этом случае возрастание \bar{S} при $a_j > a_{worst}$ незначительно и составляет $\bar{S} = 0,8$ при $a_1 = 1,5$. Рост \bar{S} может быть более выраженным как на графике 3 рис. 5 б, так и с достижением максимума, см. графики 2, 3

на рис. 6 а. Увеличение доли здорового населения на рис. 6 а при $a_1 > a_{worst}$ происходит из-за большей концентрации восприимчивых к инфекции в центре рассматриваемого ареала. Это усиливает отток I из мест скопления S , вызванный отрицательными параметрами b_2 . Таким образом понижается вероятность новых заболеваний, что положительно сказывается на средней плотности восприимчивых к инфекции.

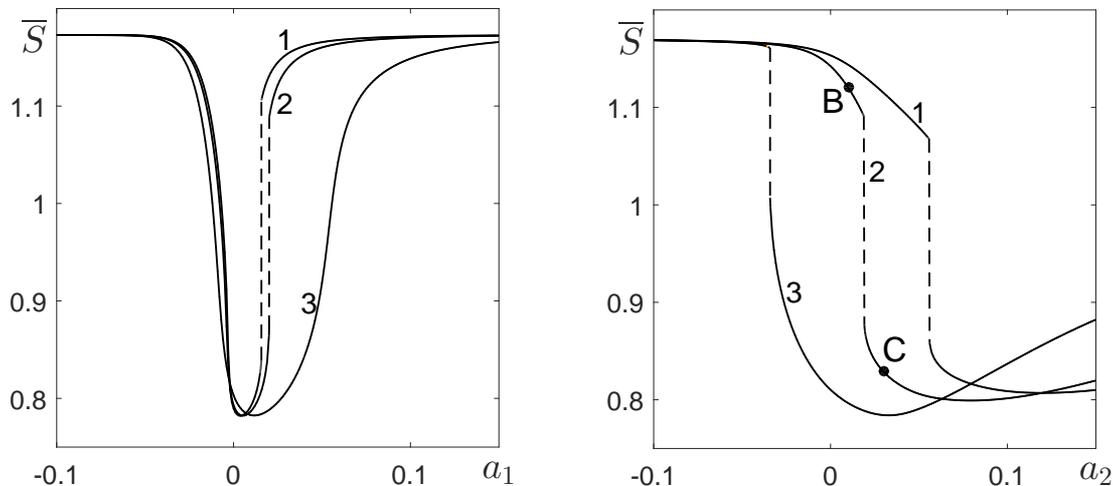


Рис. 6. Влияние параметра направленной миграции a_1 при $a_2 = 0,02$ (а) и a_2 при $a_1 = 0,02$ (б) на среднюю плотность восприимчивых к инфекции: $b_2 = -0,06$ (линии 1), $b_2 = -0,04$ (2), $b_2 = -0,01$ (3): $b_1 = 0$

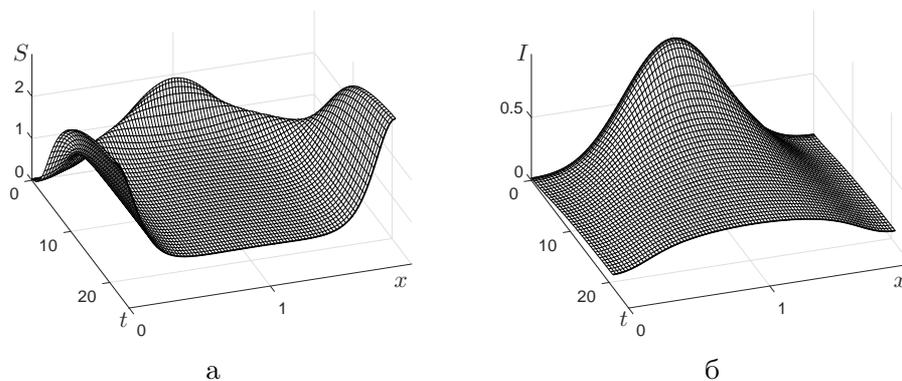


Рис. 7. Установление стационарных распределений плотностей (а, б) при $a_1 = -0,01$, $a_2 = 0,02$, $b_1 = -0,06$, $b_2 = 0$

Рис. 7 а, б демонстрирует установление распределений S и I для набора миграционных параметров, отвечающего точке А на рис. 5 а. В силу того, что начальные распределения были получены как стационарные решения для положительных коэффициентов a_1, a_2 , максимальные значения совпадают с центром ареала – наиболее благоприятной зоной, см. рис. 3. Вследствие отрицательности коэффициентов a_1, b_1 динамика S характеризуется резким оттоком к краям ареала. Это приводит к перераспределению группы инфицированных с меньшей концентрацией в центре ареала.

В расчетах может наблюдаться разрыв по типу «скачок», когда при прохождении a_1 или a_2 некоторого критического значения происходит резкое изменение \bar{S} . На рис. 6 такие переходы отмечены пунктиром. Например, при $b_2 = -0,04$ точке разрыва соответствует $a_2 = a_{crit} = 0,02$, см. график 2 на рис. 6 б.

Рис. 8 демонстрирует пространственно-временную эволюцию S и I , когда миграционные параметры соответствуют точкам В и С на рис. 6. При этом на динамику группы I оказывают влияние два фактора – неравномерность жизненных условий и распределение восприимчивых к инфекции. В случае $a_2 < a_{crit}$ перераспределение инфицированных в большей степени обусловлено параметром $b_2 < 0$, когда осуществляется отток группы I от мест

скопления группы S . Смещение инфицированных к краям рассматриваемой области, где доля восприимчивых к инфекции минимальная, понижает риск заражения и положительно сказывается на \bar{S} . При $a_2 > a_{crit}$ миграционные стимулы образуют паритет. Происходит отток I из мест скопления S , а неравномерность жизненных условий не дает мигрировать к краям области. Динамика распределения I характеризуется более равномерным распределением по ареалу что приведет к увеличению доли инфицированных

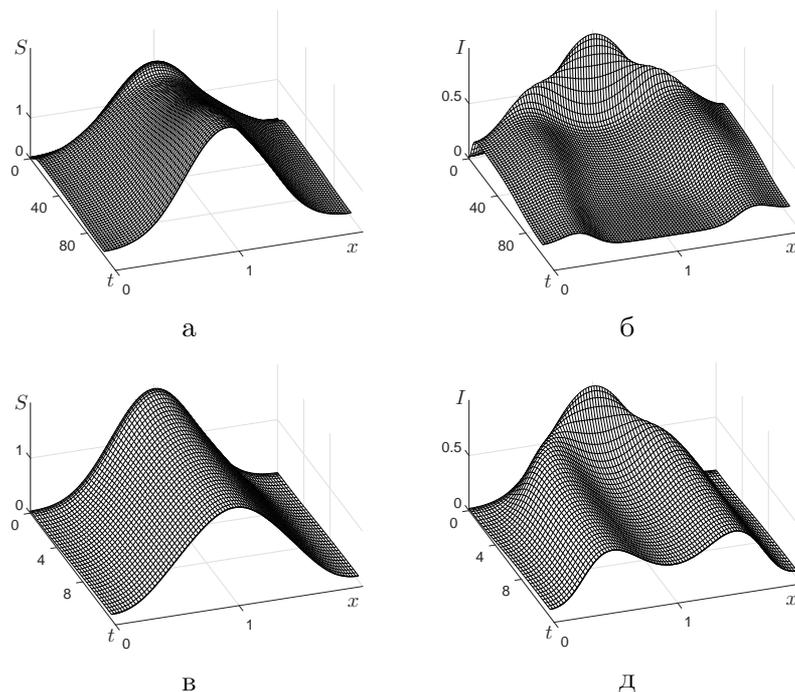


Рис. 8. Установление стационарных распределений плотностей при $a_2 = 0,01$ (а, б) и $a_2 = 0,03$ (в, г): $a_1 = 0,02$, $b_1 = -0,04$, $b_2 = 0$

Заключение

Рассмотрена эпидемиологическая модель, описывающая взаимодействие двух групп населения – восприимчивых к инфекции и инфицированных. Допускался взаимный переход из одной группы в другую без учета демографических факторов. Помимо локального взаимодействия учитывалось распространение населения в рамках рассматриваемой области. Миграционные потоки обусловлены диффузией и перемещением, вызванным неоднородностью жизненных условий и неравномерностью распределения населения. Установлено существование аналитического решения, которое было использовано в качестве начальных данных в вычислительных экспериментах по выявлению влияния миграционных эффектов на эпидемиологические сценарии. Численное исследование показало, что направленная миграция может существенно влиять на долю здорового населения при массовых заболеваниях. Выявлены параметрические зависимости, отвечающие минимальной средней плотности восприимчивых к инфекции, а также почти полному исчезновению инфицированного населения.

Автор выражает благодарность Одиноквой Татьяне Васильевне за помощь в подготовке статьи.

Литература

1. Snowden, F.M. *Epidemics and Society: from the Black Death to the Present* / F.M. Snowden. – New Haven: Yale University Press, 2019.
2. Brauer, F. *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology* / F. Brauer, C. Castillo-Chavez. – New York: Springer, 2012.
3. Schlickeiser, R. *Mathematics of Epidemics: On the General Solution of SIRVD, SIRV, SIRD, and SIR Compartment Models* / R. Schlickeiser, M. Kroger // *Mathematics*. – 2024. – V. 12, № 7. – 45 p.

4. Бубеев, Ю.А. Математическое моделирование распространения эпидемии covid-19 для превентивных мер защиты жизни и здоровья пожилых людей / Ю.А. Бубеев, Б.М. Владимирский, И.Б. Ушаков и др. // Вестник ЮУрГУ. Серия: Математическое моделирование и программирование. – 2021. – Т. 14, № 3. – С. 92–98.
5. Kumar, P. A Study on Canine Distemper Virus (CDV) and Rabies Epidemics in the Red Fox Population via Fractional Derivatives / P. Kumar, V.S. Erturk, A. Yusuf et al // Results in Physics. – 2021. – V. 25. – Article ID: 104281.
6. Ammi M.R.S. Global Stability of a Caputo Fractional SIRS Model with General Incidence Rate / M.R.S. Ammi, M. Tahiri, D.F.M. Torres // Mathematics in Computer Science. – 2021. – V. 15, № 9. – P. 91–105.
7. Murray, J.D. Mathematical Biology II. Spatial Models and Biomedical Applications / J.D. Murray. – New York: Springer, 2003.
8. Говорухин, В.Н. Популяционные волны и их бифуркации в модели «активный хищник – пассивная жертва» / В.Н. Говорухин, А.Д. Загребнева // Компьютерные исследования и моделирование. – 2020. – Т. 12, № 4. – С. 831–843.
9. Frischmuth, K. Modeling of Invasion on a Heterogeneous Habitat: Taxis and Multistability / K. Frischmuth, A.V. Budyansky, V.G. Tsybulin // Applied Mathematics and Computation. – 2021. – V. 410. – Article ID: 126456.
10. Tyutyunov, Y.V. Predator Overcomes the Allee Effect Due to Indirect Prey-Taxis / Y.V. Tyutyunov, L.I. Titova, D. Sen, M. Banerjee // Ecological Complexity. – 2019. – V. 39. – Article ID: 100772.
11. Fitzgibbon, W.E. A Reaction-Diffusion System Modeling Direct and Indirect Transmission of Diseases / W.E. Fitzgibbon, M. Langlais, J.J. Morgan // Discrete and Continuous Dynamical Systems. Series: B. – 2004. – V. 4, № 4. – P. 893–910.
12. Sidi Ammi, M.R. Optimal Control of a Spatiotemporal *SIR* Model with Reaction-Diffusion Involving ρ -Laplacian Operator / M.R. Sidi Ammi, A. Zinihi, A.A. Raedah, Y. Sabbar // Results in Physics. – 2023. – V. 52. – Article ID: 106895.
13. Allen, L.J.S. Asymptotic Profiles of the Steady States for an SIS Epidemic Disease Patch Model / L.J.S. Allen, B.M. Bolker, Y. Lou, A.L. Nevai // SIAM Journal on Applied Mathematics. – 2007. – V. 67, № 5. – P. 1283–1309.
14. Rui Peng. Global Stability of the Steady States of an SIS Epidemic Reaction-Diffusion Model / Rui Peng, Shengqiang Liu // Nonlinear Analysis. – 2009. – V. 71, № 1–2. – P. 239–247.
15. Будянский, А.В. Влияние направленной миграции на заболеваемость населения в SIS-модели / А.В. Будянский // Вестник ЮУрГУ. Серия: Математическое моделирование и программирование. – 2024. – Т. 17, № 3. – С. 18–28.
16. Будянский, А.В. Влияние направленной миграции на формирование пространственных популяционных структур / А.В. Будянский, В.Г. Цибулин // Биофизика. – 2015. – Т. 60, № 4. – С. 758–768.
17. Будянский, А.В. Численное исследование влияния направленной миграции неаборигенных видов на инвазивные сценарии / А.В. Будянский // Вестник Удмуртского университета. Математика. Механика. Компьютерные науки. – 2023. – Т. 33, № 4. – С. 551–562.

Александр Владимирович Будянский, кандидат физико-математических наук, кафедра «Математика и информатика», Донской государственный технический университет (г. Ростов-на-Дону, Российская Федерация), a_v_budyansky@mail.ru.

Поступила в редакцию 5 сентября 2025 г.

MSC 35Q92

DOI: 10.14529/mmp260101

MODELLING THE SPREAD OF INFECTIOUS DISEASES TAKING INTO ACCOUNT A TWO-FACTOR TAXIS

A. V. Budyansky, Don State Technical University, Rostov-on-Don, Russian Federation, a_v_bydyansky@mail.ru

The paper studies a mathematical model of a mass infectious disease, written as a system of nonlinear reaction-diffusion-advection equations. The spatiotemporal interaction of two population groups is considered: susceptible to infection and infected. Local interaction determining the mutual

transition from one group to another and migration flows caused by diffusion and directed migration are taken into account. The modeling is carried out without taking into account the birth and mortality rates of the population. For spatial approximation of the problem, the finite difference method based on shifted grids was used. Computer experiments were carried out in the MATLAB system.

The study established the existence of an analytical solution corresponding to the stationary distribution of both population groups. Using computational experiments, parametric dependencies were established that affect the formation of epidemiological structures and the ratio of the shares of the infected and healthy population.

Keywords: math modeling; epidemic; compartmental model; nonlinear PDEs; taxis.

References

1. Snowden F.M. *Epidemics and Society: from the Black Death to the Present*. New Haven, Yale University Press, 2019. DOI: 10.12987/9780300249149
2. Brauer F., Castillo-Chavez C. *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology*. New York, Springer, 2012. DOI: 10.1007/978-1-4614-1686-9
3. Schlickeiser R., Kroger M. Mathematics of Epidemics: on the General Solution of SIRVD, SIRV, SIRD, and SIR Compartment Models. *Mathematics*, 2024, vol. 12, no. 7, 45 p. DOI: 10.3390/math12070941
4. Bubeev Yu.A., Vladimirskiy B.M., Ushakov I.B. et al. Mathematical Modeling of Spread COVID-19 Epidemic for Preventive Measures to Protect Life and Health of Elderly. *Bulletin of the South Ural State University. Series: Mathematical Modelling, Programming and Computer Software*, 2021, vol. 14, no. 3, pp. 92–98. DOI: 10.14529/mmp210307
5. Kumar P., Erturk V.S., Yusuf A. et al. A Study on Canine Distemper Virus (CDV) and Rabies Epidemics in the Red Fox Population via Fractional Derivatives. *Results in Physics*, 2021, vol. 25, article ID: 104281. DOI: 10.1016/j.rinp.2021.104281
6. Ammi M.R.S., Tahiri M., Torres D.F.M. Global Stability of a Caputo Fractional SIRS Model with General Incidence Rate. *Mathematics in Computer Science*, 2021, vol. 15, no. 9, pp. 91–105. DOI: 10.1007/s11786-020-00467-z
7. Murray J.D. *Mathematical Biology II. Spatial Models and Biomedical Applications*. New York, Springer, 2003. DOI: 10.1007/b98869
8. Govorukhin V.N., Zagrebneva A.D. Population Waves and Their Bifurcations in a Model “Active Predator - Passive Prey”. *Computer Research and Modelling*, 2020, vol. 12, no. 4, pp. 831–843. DOI: 10.20537/2076-7633-2020-12-4-831-843
9. Frischmuth K., Budyansky A.V., Tsybulin V.G. Modeling of Invasion on a Heterogeneous Habitat: Taxis and Multistability. *Applied Mathematics and Computation*, 2021, vol. 410, article ID: 126456. DOI: 10.1016/j.amc.2021.126456
10. Tyutyunov Y.V., Titova L.I., Sen D., Banerjee M. Predator Overcomes the Allee Effect Due to Indirect Prey-Taxis. *Ecological Complexity*, 2019, vol. 39, article ID: 100772. DOI: 10.1016/j.ecocom.2019.100772
11. Fitzgibbon W.E., Langlais M., Morgan J.J. A Reaction-Diffusion System Modeling Direct and Indirect Transmission of Diseases. *Discrete and Continuous Dynamical Systems, Series: B*, 2004, vol. 4, no. 4, pp. 893–910. DOI: 10.3934/dcdsb.2004.4.893
12. Sidi Ammi M.R., Zinihi A., Raedah A. A., Sabbar Y. Optimal Control of a Spatiotemporal *SIR* Model with Reaction-Diffusion Involving ρ -Laplacian Operator. *Results in Physics*, 2023, vol. 52, article ID: 106895. DOI: 10.1016/j.rinp.2023.106895
13. Allen L.J.S, Bolker B.M., Lou Y., Nevai A.L.. Asymptotic Profiles of the Steady States for an SIS Epidemic Disease Patch Model. *SIAM Journal on Applied Mathematics*, 2007, vol. 67, no. 5, pp. 1283–1309. DOI: 10.1137/060672522
14. Rui Peng, Shengqiang Liu. Global Stability of the Steady States of an SIS Epidemic Reaction-Diffusion Model. *Nonlinear Analysis*, 2009, vol. 71, no. 1–2, pp. 239–247. DOI: 10.1016/j.na.2008.10.043
15. Budyansky A.V. Impact of Directed Migration on the Incidence of the Population in the SIS Model. *Bulletin of the South Ural State University. Series: Mathematical Modelling, Programming and Computer Software*, 2024, vol. 17, no. 3, pp. 18–28. DOI: 10.14529/mmp240302
16. Budyansky A.V., Tsybulin V.G. Impact of Directed Migration on Formation of Spatial Structures of Populations. *Biophysics*, 2015, vol. 60, no. 4, pp. 622–631. DOI: 10.1134/S0006350915040077
17. Budyansky A.V. Numerical Study of the Impact of Directed Migration of Non-Indigenous Species on Invasion Scenarios. *Vestnik Udmurtskogo Universiteta. Matematika. Mekhanika. Komp'yuternye Nauki*, 2023, vol. 33, no. 4, pp. 551–562. DOI: 10.35634/vm230401

Received September 5, 2025