YUQIMLI KASALLIKLAR RIVOJLANISH DINAMIKASINI MATEMATIK MODELLASHTIRISH

A.T.Xaydarov
G.B.Barliqbaeva
Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy universiteti, magistrant
abdugapparxaydarov1953@gmail.com
gulibakhadirovna0509@gmail.com
https://doi.org/10.5281/zenodo.19590837

ARTICLE INFO

Qabul qilindi: 05-aprel 2026 yil
Ma’qullandi: 10- aprel 2026 yil
Nashr qilindi: 15- aprel 2026 yil

KEY WORDS

matematik modellashtirish, SEIR modeli, Runge–Kutta usuli, epidemiologik dinamika, sonli yechim, yashirin davr, differensial tenglamalar sistemasi, prognozlash.

ABSTRACT

Ushbu maqolada yuqumli kasalliklar tarqalish dinamikasini o‘rganishda SEIR kompartment modelining ahamiyati va uning sonli yechimini olish masalalari tadqiq etilgan. SIR modelidan farqli o‘laroq, SEIR modelida kasallikning yashirin (latent) davri hisobga olingan bo‘lib, bu epidemiya cho‘qqisini aniqroq bashorat qilish imkonini beradi. Tadqiqotda chiziqli bo‘lmagan differensial tenglamalar sistemasini yechish uchun to‘rtinchi tartibli Runge–Kutta usuli qo‘llanildi. Olingan natijalar va grafik tahlili modelning real epidemiologik jarayonlarni tavsiflashdagi yuqori aniqligini hamda sog‘liqni saqlash tizimi uchun prognozlash vositasi bo‘la olishini ko‘rsatdi.

Kasallanish va o‘limning yuqori o‘sish dinamikasi nafaqat dunyoning deyarli barcha mamlakatlarida sog‘liqni saqlash tizimiga jiddiy yuk tushishiga, balki epidemiya va pandemiyalarni modellashtirishning ilmiy usullarini rivojlantirishga ham olib keldi [4, 5].

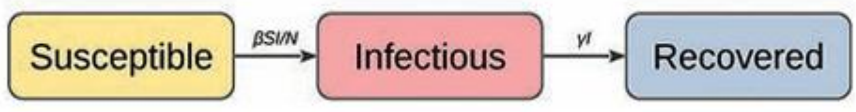
Infeksiyalar tarqalishining matematik modellarini ulardan foydalanish maqsadiga ko‘ra quyidagi toifalarga ajratish mumkin [6]:

- real vaqt rejimidagi ma’lumotlar bo‘yicha epidemiyalar avj olishini aniqlash modellari;
- infeksiya tarqalishini bashorat qilish uchun mashinali o‘qitish usullari;
- turli xil epidemiyaga qarshi chora-tadbirlarda infeksiya tarqalishini tahlil qilish va bashorat qilish uchun modellar.

Kompartment modellari deb ataladigan modellar virusli infeksiyalarning tarqalish dinamikasini bashorat qilish va epidemiyaga qarshi choralarning samaradorligini tahlil qilish uchun ishlatilishi mumkin.

Kompartmentli modellar holatlar fazosi (kompartmentlar) va ular orasidagi o‘tish qoidalari tavsifining mavjudligi bilan tavsiflanadi. Holatlar soni va turi turlicha bo‘lishi mumkin, eng oddiy holatda 1920-yillarda shotlandiyalik epidemiologlar Kermak va Makkendrik tomonidan taklif etilgan: moyil, infeksiyalangan, sog‘aygan (holatlarning birinchi harflari bo‘yicha nomlangan klassik **SIR** modeli: S - susceptible, I - infected, R - Recovered) holatlar qo‘llaniladi [3].

SIR-modelning ishlash prinsipial sxemasi 1-rasmda keltirilgan.



1-rasm.SIR modeli.

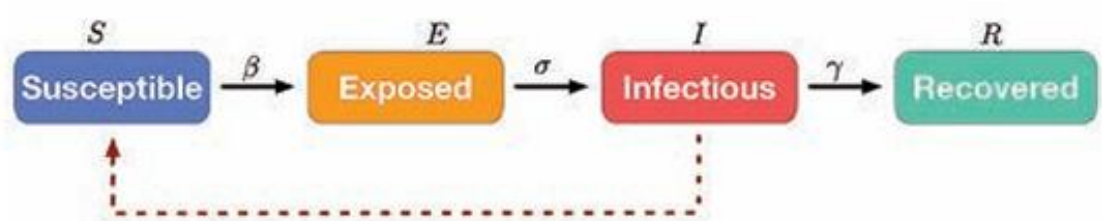
SIR modellarining kamchiligi moslashuvchanlikning yo‘qligi - virus va shtammning yangi mutatsiyalari, cheklov choralari, emlash va shu kabi parametrlarning o‘zgarishini hisobga olish imkoniyatining yo‘qligidir.

Keyingi yillarda havo-tomchi yo‘li bilan yuqadigan epidemiyalarni bashorat qilish uchun eng keng tarqalgan asosiy model Baroyan-Rvachev modeli bo‘ldi [3].

Model uzluksiz muhitlar mexanikasi usullariga asoslangan, to‘plam elementlari inson populyatsiyasi a’zolari (qabul qiluvchilar, inkubatsiyadagilar, bemorlar) hisoblanadi.

Keyinchalik model turli mamlakatlar olimlari tomonidan u yoki bu epidemiyaga qarab modifikatsiyalangan va hozirgi vaqtda butun dunyoga mashhur SEIR qisqartmasini olgan.

SEIR — vaqtinchalik immunitetli kasalliklar dinamikasini tavsiflash modeli (sog‘aygan shaxslar vaqt o‘tishi bilan yana sezgir bo‘lib qoladi). Model eng xavfli epidemiyalarning rivojlanishini tavsiflaydi, chunki uzoq inkubatsiya davri kasallikni o‘z vaqtida aniqlashga to‘sqinlik qilishi mumkin. Model kasallik populyatsiyadagi ko‘p sonli individlarni qamrab olish xavfi mavjud bo‘lganda oqibatlarni baholash uchun mo‘ljallangan. Ko‘pgina kasalliklar yashirin yoki latent bosqichga ega bo‘lib, bu davrda shaxs allaqachon virusga duch kelgan, ammo hali yuqumli bo‘lmagan. Ushbu kontagenatsiya va kasallik bosqichi o‘rtasidagi davr SIR modeliga yashirin/ekspozitsiya qilingan E populyatsiyasi ko‘rsatkichini qo‘shish orqali kiritilishi mumkin. Kasallik yuqqan, lekin hali boshqalarga yuqtirmaydigan (latent) bosqichning mavjudligi epidemiya cho‘qqisini vaqt bo‘yicha orqaga suradi va uning davomiyligini uzaytiradi. Bunda kontagenatsiya qilingan, ammo hali yuqumli bo‘lmagan individlar S toifadan E ga va E dan I ga o‘tadi (2-rasmga qarang) [3].



2-rasm. SEIR modeli.

SEIR modeli quyidagi tenglamalar tizimi bilan tavsiflanadi [2]:

$$\begin{cases} \dfrac{dS(t)}{dt} = \mu \cdot N - \mu \cdot S(t) - \beta \cdot \dfrac{I(t)}{N} \cdot S(t), \\ \dfrac{dE(t)}{dt} = \beta \cdot \dfrac{I(t)}{N} \cdot S(t) - (\mu + \alpha) \cdot E(t), \\ \dfrac{dI(t)}{dt} = \alpha \cdot E(t) - (\gamma + \mu) \cdot I(t), \\ \dfrac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) - \mu \cdot R(t), \end{cases}$$

bu yerda:

N=S+E+I+R – umumiy aholi soni;

S(t) – sog‘lom (kasallikka moyil) individlar soni;

E(t) – yashirin (inkubatsiya davrdagilar) individlar soni;

I(t) – yuqtirgan individlar soni;

R(t) – sog‘aygan (yoki immunitetga ega) individlar soni;

μ – o‘lim darajasi (mortallik);

α – inkubatsiya tezligi;

β – kasallikni yuqtirish koeffitsiyenti;

γ – sog‘ayish koeffitsiyenti.

Yuqorida keltirilgan SEIR modeli chiziqli emas oddiy differensial tenglamalar sistemasidan iborat bo‘lib, umumiy holda analitik yechimga ega emas. Shu sababli modelning vaqt bo‘yicha dinamikasini o‘rganish uchun sonli usullardan foydalanish zarur. Ushbu ishda SEIR modeli uchun to‘rtinchi tartibli **Runge–Kutta** usuli qo‘llanildi [7].

Runge-Kutta usuli vektorli sistema uchun yoziladi va SEIR modelini quyidagicha yozamiz:

$$Y(t) = \begin{pmatrix} S(t) \\ E(t) \\ I(t) \\ R(t) \end{pmatrix}, \quad \frac{dY}{dt} = F(t,Y)$$

bu yerda:

$$F(t,Y) = \begin{pmatrix} \mu N - \mu S - \beta \dfrac{I}{N} S \\ \beta \dfrac{I}{N} S - (\mu + \alpha) E \\ \alpha E - (\gamma + \mu) I \\ \gamma I - \mu R \end{pmatrix}$$

Sonli yechimni qurish uchun vaqt o‘qi [0, T] oraliqda diskretlashtirildi va $t_n = nh$ vaqt panjarasi kiritildi. Bu yerda h — vaqt qadami bo‘lib, n=0, 1,..., M. Bu qadam qanchalik kichik bo‘lsa, yechim aniqligi shunchalik yuqori bo‘ladi, lekin hisoblash vaqti ko‘payadi. Har bir t_n nuqtada yechimning taqribiy qiymatlari S_n, E_n, I_n, R_n aniqlanadi. Ushbu diskretlashtirish Runge–Kutta usulini qo‘llash uchun zarur bo‘lib, modelning vaqt bo‘yicha dinamikasini sonli tahlil qilish imkonini beradi.

SEIR modeli chiziqli boʻlmagan differensial tenglamalar sistemasi boʻlganligi sababli, uning vaqt boʻyicha dinamikasini yuqori aniqlikda oʻrganish uchun toʻrtinchi tartibli Runge-Kutta usulidan foydalaniladi. Ushbu usulning mohiyati har bir vaqt qadamida (h) hosilalarni (oʻzgarish tezliklarini) toʻrt marta baholash va ularning oʻrtacha ogʻirlikdagi qiymati asosida keyingi holatni aniqlashdan iborat. Toʻrtinchi tartibli Runge-Kutta formulasi quyidagicha [7]:

$$Y_{n+1} = Y_n + \frac{h}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4),$$

bu yerda:

$$k_1 = F(t_n, Y_n),$$

$$k_2 = F(t_n + \frac{h}{2}, Y_n + \frac{h}{2}k_1),$$

$$k_3 = F(t_n + \frac{h}{2}, Y_n + \frac{h}{2}k_2),$$

$$k_4 = F(t_n + h, Y_n + hk_3).$$

Birinchi koeffitsient k_1 qiymat vaqtning joriy t_n lahzasidagi epidemiya holatiga koʻra oʻzgarish tezligini ifodalaydi. U S, E, I, R guruhlarining ayni damdagi oʻsish yoki kamayish yoʻnalishini belgilab beradi:

$$k_1 = F(t_n, Y_n)$$

ya'ni:

$$k_1 = \begin{pmatrix} \mu N - \mu S_n - \beta \frac{I_n}{N} S_n \\ \beta \frac{I_n}{N} S_n - (\mu + \alpha) E_n \\ \alpha E_n - (\gamma + \mu) I_n \\ \gamma I_n - \mu R_n \end{pmatrix}$$

Ikkinchi koeffitsient k_2 da epidemiya tezligi oʻzgarmas emas. Shu sababli, k_1 orqali yarim qadam (*h/2*) oldinga "boshlab" koʻriladi va oʻsha nuqtadagi yangi tezlik aniqlanadi. Bu trayektoriyaning dastlabki ogʻishini hisobga oladi:

$$k_2 = F(t_n + \frac{h}{2}, Y_n + \frac{h}{2}k_1)$$

Avval oraliq qiymatlar olinadi:

$$S = S_n + \frac{h}{2}k_1^{(S)},$$

$$E = E_n + \frac{h}{2}k_1^{(E)},$$

$$\tilde{I} = I_n + \frac{h}{2}k_1^{(I)},$$

$$R = R_n + \frac{h}{2}k_1^{(R)}.$$

So‘ngra:

$$k_2 = \begin{pmatrix} \mu N - \mu S - \beta \dfrac{\tilde{I}}{N} S \\ \beta \dfrac{\tilde{I}}{N} S - (\mu + \alpha) E \\ \alpha E - (\gamma + \mu)\tilde{I} \\ \gamma \tilde{I} - \mu R \end{pmatrix}$$

Uchinchi koeffitsient k_3 bosqichda yana yarim qadam ($h/2$) oldinga siljish amalga oshiriladi, lekin bu safar yanada aniqroq bo‘lgan k_2 tezligidan foydalaniladi. Bu qadam yechimning egrilik darajasini aniqlashtirishga xizmat qiladi.

$$k_3 = F(t_n + \frac{h}{2}, Y_n + \frac{h}{2} k_2)$$

bu yerda:

$$Y_n + \frac{h}{2} k_2 = (\hat{S}, E, \hat{I}, R)^T.$$

To‘rtinchi koeffitsient k_4 to‘liq vaqt qadami (h) oxiridagi tezlik k_3 yordamida baholanadi. Bu qadam interval oxiridagi jarayon qanday yo‘nalishda ekanligini ko‘rsatadi.

$$k_4 = F(t_n + h, Y_n + hk_3)$$

Yakuniy bosqichda barcha to‘rtta koeffitsiyent quyidagi formula asosida umumlashtiriladi:

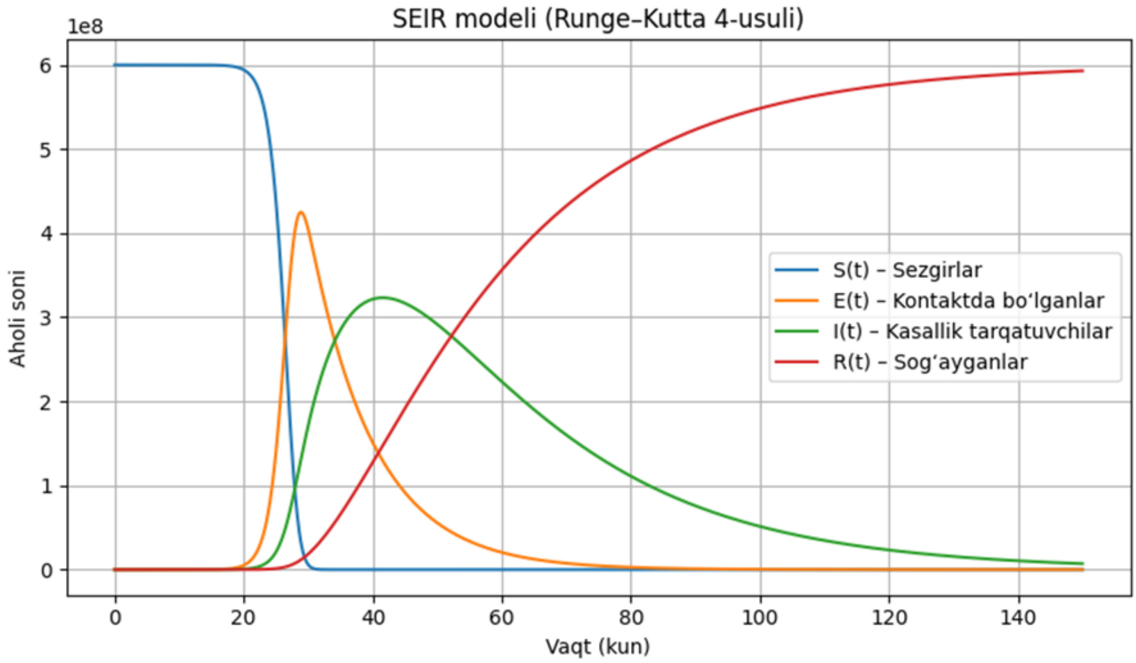
$$Y_{n+1} = Y_n + \frac{h}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4),$$

Bu yerda markaziy nuqtalardagi (k_2 va k_3) tezliklarga kattaroq vazn berilishi hisobiga usulning xatoligi $O(h^4)$ tartibida bo‘lishi ta’minlanadi. Bu esa SEIR modelidagi keskin o‘zgarishlarni (masalan, kasallik cho‘qqisiga chiqish jarayonini) silliq va aniq modellashtirish imkonini beradi.

Tadqiqot doirasida SEIR modelining sonli yechimi to‘rtinchi tartibli Runge-Kutta usuli yordamida olindi. Modellashtirish jarayonida aholining umumiy soni $N=6\cdot10^8$ deb qabul qilindi. Olingan natijalar vaqt bo‘yicha dinamikada quyidagi qonuniyatlarni ko‘rsatdi:

- **Sog‘lomlar dinamikasi (S):** Epidemiya boshlanishida aholining deyarli barchasi infeksiyaga moyil bo‘lib, 20-kundan boshlab bu ko‘rsatkich keskin pasaya boshlaydi va 35-kunga kelib deyarli nolga tushadi.
- Yashirin davrdagilar (E): Kasallikni yuqtirgan, lekin hali tarqatuvchi bo‘lmaganlar soni 28-kunga kelib o‘zining maksimal nuqtasiga ($4\cdot10^8$ dan ortiq) erishdi. Bu SEIR modelining SIR modelidan farqli o‘laroq, epidemiya cho‘qqisini oldindan bashorat qilish imkoniyatini ko‘rsatadi.
- **Kasallik tarqatuvchilar (I):** Infeksiyalanganlar soni yashirin davrdan so‘ng o‘sa boshlaydi va taxminan 40-45 kunlar oralig‘ida maksimal darajaga ($3\cdot10^8$ dan ortiq) chiqadi. Bu davr sog‘liqni saqlash tizimiga eng katta yuk tushadigan bosqich hisoblanadi.

- **Sog'ayganlar (R):** Epidemiya rivojlangani sari sog'ayganlar soni barqaror o'sib boradi va 120-kundan keyin umumiy aholi sonining asosiy qismini tashkil etib, jamoaviy immunitet shakllanganini ko'rsatadi.



Ushbu grafik tahlili shuni ko'rsatadiki, model parametrlari (yuqtirish koeffitsiyenti β, inkubatsiya tezligi α va sog'ayish koeffitsiyenti γ) epidemiya davomiyligini va uning intensivligini aniqlashda hal qiluvchi rol o'ynaydi. Runge-Kutta usulining qo'llanilishi esa jarayonning keskin o'zgarish nuqtalarini yuqori aniqlik bilan hisoblash imkonini berdi.

Xulosa. Olib borilgan izlanishlar natijasida quyidagi ilmiy xulosalarga kelindi:

✓ SEIR modeli yashirin davr (E) parametrini kiritish orqali epidemiya dinamikasini SIR modeliga nisbatan mukammalroq aks ettirishi asoslandi.

✓ To'rtinchi tartibli Runge–Kutta usuli SEIR modelining chiziqli bo'lmagan tenglamalarini yechishda yuqori darajadagi barqarorlik va aniqlikni ta'minlashi amaliy hisob-kitoblarda o'z tasdig'ini topdi.

✓ Modellashtirish natijasida olingan grafiklar kasallikning eng yuqori nuqtasi (pik davri) va uning davomiyligini aholi soniga nisbatan bashorat qilish imkonini beradi.

Ushbu model parametrlarni (β, α, γ) o'zgartirish orqali turli xil shtammlar va cheklov choralari sharoitida epidemiyaga qarshi strategiyalarni ishlab chiqishda muhim ilmiy-nazariy asos bo'lib xizmat qiladi.

Foydalanilgan adabiyotlar:

1. Xaydarov A.T., Barliqbaeva G.B., Yuqimli kasalliklar rivojlanish dinamikasini matematik modellashtirish, «Математическая физика и смежные вопросы современного анализа»: Тезисы докладов международной научной конференции посвященной 60-летию со дня рождения профессора Д.К. Дурдиева (10–11 октября 2025 года, Бухара, Узбекистан). – Бухара. Изд–во «Дурдона». 2025. 31-33.

2. Xaydarov A.T., Barliqbaeva G.B., Yuqimli kasalliklar rivojlanish dinamikasini matematik modellashtirish, NEW RENAISSANCE international scientific journal. ResearchBib IF – 11.01,ISSN:3030-3753, Volume 3 Issue 2. 2026. 171-174.
3. В.А. Акимов, М.В. Бедило, Е.О. Иванова, Математические модели эпидемий и пандемий как источников чрезвычайных ситуаций биолого-социального характера, © Технологии гражданской безопасности, 2022.
4. Акимов В. А., Диденко С. Л., Олтян И. Ю. Моделирование биолого-социальных чрезвычайных ситуаций с использованием эпидемиологической модели SIR // Технологии гражданской безопасности. 2020. № 4 (66). С. 4–8.
5. Акимов В. А., Бедило М. В., Сущев С. П. Исследование чрезвычайных ситуаций природного, техногенного и биолого-социального характера современными научными методами: Монография. М.: ФГБУ ВНИИ ГОЧС (ФЦ), 2021. 180 с.
6. Siettos C. I., Russo L. Mathematical modeling of infectious disease dynamics // Virulence. 2013. Vol. 4. No. 4. P. 295–306.
7. Siti Solehah Bakar, Noorhelyna Razali, Solving SEIR Model Using Symmetrized Runge Kutta Methods, DOI 10.2991/978-94-6463-014-5_36, Proceedings of the International Conference on Mathematical Sciences and Statistics 2022 (ICMSS 2022).