

## Резюмета на публикациите за участие в конкурса

за **доцент** в област на висше образование 4. *Природни науки, математика и информатика*, професионално направление 4.5. *Математика*, научна специалност „*Математическо моделиране и приложение на математиката*“ (*Математическа биология*)  
обявен от ИМИ-БАН в „Държавен вестник“, бр. 14 от 10.02.2023 г.  
на кандидата **гл. ас. д-р Милен Колев Борисов** от ИМИ-БАН

[1] Borisov, M. K., N. S. Dimitrova, M. I. Krastanov. Global asymptotic stability of a functional differential model with time delay of an anaerobic biodegradation process. *Serdica Journal of Computing*, 11, 1, 2017, ISSN:1314-7897 (Online); ISSN: 1312-6555 (Print), 9-29

**Abstract.** We study a nonlinear functional differential model of an anaerobic digestion process of wastewater treatment with biogas production. The model equations of biomass include two different discrete time delays. Mathematical analysis of the model is fulfilled including existence and local stability of nontrivial equilibrium points, existence and boundedness of the model solutions as well as global stabilizability towards an admissible equilibrium point. We propose a numerical extremum seeking algorithm for maximizing the biogas flow rate in real time. Numerical simulation results are also included.

**Резюме.** В тази работа изучаваме нелинеен диференциален модел на процес за пречистване на отпадъчни води чрез анаеробна биодеградация с производство на биогаз. Уравненията на модела за биомасата съдържат две различни дискретни закъснения във времето. Направен е математически анализ на модела, при който са установени: съществуване на локално устойчиви нетривиални (без отмиване на биомасата) равновесни точки, съществуване и ограниченост на решенията на модела, както и глобалната асимптотична устойчивост на решенията на модела към предварително избрана оперативна (равновесна) точка. Предложен е числен алгоритъм за търсене на екстремум, който може да се приложи за максимизиране на добива на метан в реално време. Представени са също резултати от числени симулации.

[2] Anguelov, R., Borisov, M., Iliev, A., Kyurkchiev, N., Markov, S.. On the chemical meaning of some growth models possessing Gompertzian-type property. *Mathematical Methods in the Applied Sciences*, 41, 18, 2018, ISSN:1099-1476, DOI:10.1002/mma.4539, 8365-8376. JCR-IF (Web of Science):1.1

**Abstract.** Growth models are often used when modelling various processes in life sciences, ecology, demography, social sciences, etc. Dynamical growth models are usually formulated in terms of an ODE (system of ODS's) or by an explicit solution to an ODE, such as the logistic, Gompertz, and Richardson growth models. To choose a suitable growth model it is useful to know the physics-chemical meaning of the model. In many situations this meaning is best expressed by means of a reaction network that possibly induces the dynamical growth model via mass action kinetics. Such reaction networks are well known for a number of growth models, such as the saturation-decay and the logistic Verhulst models. However, no such reaction networks exist for the Gompertz growth model. In this work we propose some reaction networks using mass action kinetics that induce growth models that are (in certain sense) close to the Gompertz model. The discussion of these reaction networks aims to a better understanding of the chemical properties of the Gompertz model and “Gompertzian-type” growth models. Our method can be considered as an extension of the work of previous authors who “recasted” the Gompertz differential equation into a dynamical system of two differential equations that, a part of the basic species variable, involve an additional variable that can be interpreted as a “resource.” Two new growth models based on mass action kinetics are introduced and studied in comparison with the Gompertz model. Numerical computations are presented using some specialized software tools.

**Резюме.** Растящите модели се използват често за моделиране на различни процеси в науките за живота, екологията, демографията, социалните науки и други. Обикновено динамичните растящи модели се формулират чрез системи от обикновени диференциални уравнения или техните експлицитни решения, като например растящите модели на Верхълст (логистичен модел), Гомперц и Ричардсон. За да се избере подходящ растящ модел е добре да се знае физико-химичното значение на модела. В много ситуации това значение е най-добре видимо и разбираемо от реакционната мрежа, която включва динамичния растящ модел, прилагайки закона за действие на масите. Такива реакционни мрежи са известни за някои растящи модели, като например за модела за експоненциален разпад и логистичния модел на Верхълст. Но за някои все още не са, като например за модела на Гомперц. В тази работа предлагаме и разглеждаме някои реакционни мрежи и техните съответни растящи модели, получени чрез закона за действие на масите, които са (в известен смисъл) близки до растящия модел на Гомперц. Дискусията на тези реакционни мрежи цели да се постигне по-добро разбиране на химичните свойства на модела на Гомперц и растящите модели от Гомперцов тип. Нашият метод може да се разглежда като продължение на предишните работи на авторите по темата, в които Гомперцовото диференциално уравнение е преработено в динамична система от две диференциални уравнения, описващи динамиката на базовата видова променлива плюс динамиката на една допълнителна променлива, която може да се разглежда като „ресурс“. Два нови растящи модела, базирани на закона за действието на масите, са представени и изучени сравнявайки ги с модела на Гомперц. Представени са и числови изчисления направени с помощта на някои специализирани софтуерни инструменти.

[3] Borisov, M, Dimitriu, G, Rashkov, P. Modelling the Host Immune Response to Mature and Immature Dengue Viruses. *Bulletin of Mathematical Biology*, 81, 12, Springer US, 2019, ISSN:0092-8240, DOI:10.1007/s11538-019-00664-3, 4951-4976. SJR (Scopus):0.652, JCR-IF (Web of Science):1.812

**Abstract.** Immature dengue virions contained in patient blood samples are essentially not infectious because the uncleaved surface protein prM renders them incompetent for membrane fusion. However, the immature virions regain full infectivity when they interact with anti-prM antibodies, and once opsonised virion fusion into Fc receptor-expressing cells is facilitated. We propose a within-host mathematical model for the immune response which takes into account the dichotomy between mature infectious and immature noninfectious dengue virions. The model accounts for experimental observations on the different interactions of plasmacytoid dendritic cells with infected cells producing virions with different infectivity. We compute the basic reproduction number as a function of the proportion of infected cells producing noninfectious virions and use numerical simulations to compare the host's immune response in a primary and a secondary dengue infections. The results can be placed in the immunoregulatory framework with plasmacytoid dendritic cells serving as a bridge between the innate and adaptive immune response, and pose questions for potential experimental work to validate hypothesis about the evolutionary context whereby the virus strives to maximise its chance for transmission from the human host to the mosquito vector.

**Резюме.** Известно е, че незрелите вириони на денга, съдържащи се в кръвни проби от пациенти, по същество не са инфекциозни, тъй като неразрязаният (неразцепен) белтък prM от обвивката им не позволява сливане с клетъчната мембрана. От друга страна, незрелите вириони обаче възвръщат пълната си инфекциозност, когато взаимодействат с анти-prM антитела, а щом се опсонизират, се улеснява сливането им с клетки, експресиращи Fc-рецептори. В настоящата работа предлагаме математически модел на имунен отговор при треска денга, който взема предвид дихотомията между зрели (инфекциозни) и незрели (неинфекциозни) вириони на денга. Моделът отчита експериментални наблюдения, които установяват, че плазмоцитоидните дендритни клетки взаимодействат различно с клетките, които произвеждат вириони с различна инфекциозност. Изчисляваме базовото репродуктивно число като функция от дела на заразените клетки, произвеждащи неинфекциозни вириони, и използваме числени симулации, за да сравним имунния отговор при първично и вторично заразяване с денга. Резултати могат да бъдат поставени в контекста на имунорегулаторната система, където плазмоцитоидните дендритни клетки играят ролята на арбитър между вродения и придобит имунен отговор, и да поставят въпроси за потенциална експериментална работа за потвърждаване на хипотезата на еволюционния контекст, при който вирусът се стреми да максимизира възможността за своето предаване от човешкия гостоприемник към преносителя-комар.

[4] Borisov, Milen K., Neli S. Dimitrova, Mikhail I. Krastanov. Model-based stabilization of a fermentation process using output feedback with discrete time delay. Lecture Notes in Computer Science, 11189, Springer, 2019, ISBN:978-3-030-10692-8, ISSN:0302-9743, DOI:10.1007/978-3-030-10692-8\_38, 342-350. SJR (Scopus):0.295

**Abstract.** The present study is devoted to the stabilization of a bioreactor model, describing an anaerobic fermentation process for biological degradation of organic wastes with methane production. The stabilization is realized by means of a feedback control law related to the model output and involving a discrete time delay. We determine a non-trivial equilibrium point of the closed-loop system and investigate its asymptotic stability as well as the appearance of bifurcations with respect to the delay parameter. We establish the existence of an attracting and invariant region around the equilibrium such that all trajectories enter this region in finite time for some values of the delay and remain there. An iterative numerical extremum seeking algorithm is applied to the closed-loop system aimed to maximize the methane flow rate in real time. Simulation results are presented to illustrate the theoretical studies.

**Резюме.** Настоящата работа е посветена на асимптотичната стабилизируемост на математически модел на биореактор, описващ анаеробен ферментационен процес за биологично разграждане на органични отпадъци с добив на биогаз (метан). Стабилизируемостта на модела е реализирана с помощта на обратна връзка, която е пряко свързана с изхода от модела (процеса) и която съдържа дискретно закъснение във времето. Намерена е нетривиална равновесна точка на затворената система, изследвана е нейната асимптотична устойчивост и поява на бифуркации в зависимост от стойностите на закъснението. Доказано е съществуването на положително инвариантно множество в околност на равновесната точка, такова че траекториите достигат това множество за крайно време и остават в него за някои стойности на закъсняващия параметър. За достатъчно малки стойности на закъснението е показано, че решенията са сходящи към равновесната точка. На базата на тези теоретични изследвания е приложен итерационен числен алгоритъм за търсене на екстремум, който оптимизира изхода (добива на метан) в реално време. Представени са резултати от числови симулации и графична визуализация за илюстриране на теоретичните изследвания.

[5] Borisov, M. K., Dimitrova, N. S., Krastanov, M. I.. Global stabilizability of an anaerobic biodegradation process via piecewise constant feedback. International Journal of Robust and Nonlinear Control, 30, 7, John Wiley & Sons Ltd, 2020, ISSN:1049-8923 (Print), 1099-1239 (Online), DOI:10.1002/rnc.4914, 2777-2795. SJR (Scopus):1.631, JCR-IF (Web of Science):3.503

**Abstract.** We consider a nonlinear model of an anaerobic digestion process with methane production. We propose a stabilizing control law involving piecewise constant feedback and study the asymptotic stability of the obtained closed-loop system. An extremum seeking algorithm is applied to maximize the output. Numerical simulation results are also presented to illustrate the theoretical investigations.

**Резюме.** Разгледан е нелинеен математически модел на анаеробен ферментационен процес с добив на метан. Предложена е частично-постоянна обратна връзка за стабилизируемост на модела и е изследвана асимптотичната устойчивост на получената затворена система. Приложен е числен алгоритъм за търсене на екстремум за максимизиране на изхода (добива на метан). Представени са също и резултати от числени симулации за илюстриране на теоретичните изследвания.

[6] Borisov, M., Dimitrova, N., Simeonov, I. Mathematical Modeling and Stability Analysis of a Two-Phase Biosystem. Processes, 8, 7, MDPI, 2020, ISSN:2227-9717, DOI:10.3390/pr8070791, 791. SJR (Scopus):0.403, JCR-IF (Web of Science):2.753

**Abstract.** We propose a new mathematical model describing a biotechnological process of simultaneous production of hydrogen and methane by anaerobic digestion. The process is carried out in two connected continuously stirred bioreactors. The proposed model is developed by adapting and reducing the well-known Anaerobic Digester Model No 1 (ADM1). Mathematical analysis of the model is carried out, involving existence and uniqueness of positive and uniformly bounded solutions, computation of equilibrium points, investigation of their local stability with respect to practically important input parameters. Existence of maxima of the input–output static characteristics with respect to hydrogen and methane is established. Numerical simulations using a specially elaborated web-based software environment are presented to demonstrate the dynamic behavior of the model solutions.

**Резюме.** В настоящата работа разглеждаме нов математически модел описващ биотехнологичния процес на анаеробна биодеградация с получаване на водород и метан. Процесът се извършва в два свързани помежду си биореактора с непрекъснато разбъркване. Предложеният модел е разработен чрез адаптирането и опростяването на добре известния Anaerobic Digester Model No-1 (ADM1). Направен е математически анализ на модела, който включва съществуване и единственост на равномерно ограничени положителни решения, намиране на равновесните точки на модела и изследване на тяхната локална устойчивост по отношение на някои практически важни входни параметри. Установено е наличието на максимум на входно-изходните статични характеристики по отношение на добива на водород и метан. С помощта на специално разработено уеб-приложение са направени числови симулации за демонстриране на динамичното поведение на решенията на модела.

[7] Borisov, M., Denchev, D., Simeonov, I.. Mathematical Modelling of a Two-stage Anaerobic Digestion Process with Hydrogen and Methane Production Using ADM1. Ecological Engineering and Environment Protection, 1, National Society of Ecological Engineering and Environment Protection, 2020, ISSN:1311–8668, DOI:10.32006/eeep.2020.1.1829, 18-29

**Abstract.** The aim of this study is to implement a mathematical model to simulate the dynamic behaviour of a two-stage anaerobic digestion process for simultaneous production of hydrogen and methane. The process is carried out in two connected continuously stirred bioreactors. The proposed model is developed by reducing the well-known IWA Anaerobic Digester Model No 1 (ADM1). In the present study the original model concept was adapted and applied to replicate a two-stage process. The proposed model involves 13 ODEs for the 1-st stage and 7 ODEs for the 2-nd stage. The numerical coefficient values in the model are taken from specified literature and adapted to the case of wheat straw AD. Important input-output static characteristics and existence of maxima of the input-output static characteristics concerning the biohydrogen and biomethane production in function of the control variable (dilution rate) are presented. Supposing that both bioreactors are operating nearby these maxima the optimal ratio of the working volumes was obtained. Numerical simulations using a specially elaborated web-based software environment are presented to demonstrate the dynamic behavior of the model solutions.

**Резюме.** Целта на изследването е да се имплементира математически модел за симулиране на динамиката и поведението на двуфазна анаеробна биодеградация (АБД) с получаване на водород и метан. Процесът се извършва в два свързани помежду си биореактора с непрекъснато разбъркване. Предложеният модел е разработен чрез опростяването на добре известния Anaerobic Digester Model No-1 (ADM1). В настоящата работа концепцията на оригиналния ADM1 модел, който е за еднофазна АБД, е адаптирана и приложена към двуфазния процес на АБД. Моделът се състои от 13 ОДУ за първата фаза (с добив на водород) и 7 ОДУ за втората фаза (с добив на метан). Числовите стойности на параметрите на модела са взети от научната литература по темата и са адаптирани към случая с АБД на пшенична слама. Показано е съществуването на максимум на входно-изходните статични характеристики по отношение на производството на био-водород и био-метан спрямо функцията на контролната променлива (скоростта на разреждане на биореакторите). Допускайки, че и двата биореактора оперират около тези максимуми, е получено оптималното съотношение на работните им обеми. С помощта на специално разработено уеб-приложение са направени числови симулации за демонстриране на динамичното поведение на решенията на модела.



[8] Borisov, M. K., Markov, S.. The two-step exponential decay reaction network: analysis of the solutions and relation to epidemiological SIR models with logistic and Gompertz type infection contact patterns. *Journal of Mathematical Chemistry*, 59, 5, Springer, 2021, ISSN:0259-9791, DOI: 10.1007/s10910-021-01240-8, 1283-1315. SJR (Scopus):0.421, JCR-IF (Web of Science):2.357

**Abstract.** We mathematically analyze the solutions to the dynamical system induced by the two-step exponential (growth-)decay (2SED) reaction network involving three species and two rate parameters. We study the influence of the rate parameters on the shape of the solutions. We compare the latter to those of the classic Kermack–McKendrick epidemiological SIR model. We then discuss the similarities and differences between the 2SED and the SIR models from the perspective of chemical reaction network theory (CRNT), as well as from epidemiological modelling view-point. The CRNT approach suggests that the classical SIR model, based on the logistic reaction mechanism, describes well epidemic events related to diseases spreading via a ‘one-to-one’ contact pattern between individuals. On the other side, the 2SED model can be used to simulate epidemic data coming from non-communicable diseases. Our comparative analysis naturally suggests the formulation of a SIR-type model, which is situated between the classic SIR model and the 2SED model, such that the logistic ‘one-to-one’ contact mechanism is replaced by a catalytic (Gompertzian) one. The proposed G-SIR model can be considered as an intermediate step between the SIR and the 2SED models. We compare the shapes of the solutions to the three discussed models and formulate a hypothesis that relates the characteristics of the solution shapes to the model reaction mechanism, resp. to the contact patterns of the particular disease.

**Резюме.** В настоящата статия анализираме математически решенията на динамичната система индуцирана от дву-стъпкова реакционна мрежа на експоненциален разпад (2SED) с участието на три елемента и два скоростни параметъра. Изучаваме въздействието на скоростните параметри върху геометричната форма на решенията. По-нататък сравняваме този модел с класическия епидемиологичен SIR модел на Kermack–McKendrick и обсъждаме приликите и разликите между 2SED и SIR модела от гледна точка на теорията за химичните реакционни мрежи, както и от гледна точка на епидемиологичното моделиране. Подходът на реакционните химични мрежи подсказва, че класическият SIR модел, базиран на логистичен реакционен механизъм описва добре епидемиологичните събития, свързани с разпространението на болестта при индивидуални контакти от типа човек–към–човек (комуникативни болести). От друга страна 2SED моделът може да се използва за моделиране и симулиране на епидемиологични данни, идващи от не-комуникативни болести. Направения сравнителен анализ естествено води до формулиране на SIR-тип модели, които се намират между класическите SIR и 2SED модели, така че логистичният контактен механизъм от типа човек–към–човек е заменен с каталитичен (Гомперцов) такъв. Предложеният G-SIR модел може да се разглежда като промеждутъчна стъпка между SIR и 2SED модела. Накрая сравняваме графиките на решенията на трите дискутирани модела и формулираме хипотеза за различните видове контакти модели на предаване на заразите на всеки един от моделите базирайки се на характеристиките на графиките на техните решения.



[9] Borisov, M., Dimitrova, N., Zlateva, P.. Time-Delayed Bioreactor Model of Phenol and Cresol Mixture Degradation with Interaction Kinetics. *Water*, 13, 3266, MDPI, 2021, ISSN:2073-4441, DOI:10.3390/w13223266, JCR-IF (Web of Science):3.53

**Abstract.** This paper is devoted to a mathematical model for phenol and p-cresol mixture degradation in a continuously stirred bioreactor. The biomass specific growth rate is presented as sum kinetics with interaction parameters (SKIP). A discrete time delay is introduced and incorporated into the biomass growth response. These two aspects—the mutual influence of the two substrates and the natural biological time delay in the biomass growth rate—are new in the scientific literature concerning bioreactor (chemostat) models. The equilibrium points of the model are determined and their local asymptotic stability as well as the occurrence of local Hopf bifurcations are studied in dependence on the delay parameter. The existence and uniqueness of positive solutions are established, and the global stabilizability of the model dynamics is proved for certain values of the delay. Numerical simulations illustrate the global behavior of the model solutions as well as the transient oscillations as a result of the Hopf bifurcation. The performed theoretical analysis and computer simulations can be successfully used to better understand the biodegradation dynamics of the chemical compounds in the bioreactor and to predict and control the system behavior in real life conditions.

**Резюме.** Настоящата работа е посветена на математическия модел описващ биологично разграждане на смес от замърсители фенол (phenol) и 4-метилфенол (p-cresol) в непрекъснат биореактор. Специфичната скорост на растеж на микроорганизмите е от тип SKIP (Sum Kinetics with Interaction Parameters) с инхибиращ ефект. Дискретно закъснение по времето е въведено в диференциалното уравнение, описващо развитието на биомасата (микроорганизмите). Тези два аспект—взаимното влияние на двата субстрата и естественото биологично закъснение по времето в скоростта на растеж на биомасата—са нови в научната литература относно моделите на биореактор (хемостат). Намерени са стационарните (равновесни) точки на модела и е изследвана тяхната локална асимптотична устойчивост, и поява на локални бифуркации на Хопф в зависимост от стойностите на закъснението. Приложено е доказателство за съществуване и единственост на равномерно ограничени положителни решения на динамичната система, както и глобалната стабилност на динамиката на модела за определени стойности на закъснението. Проведени са числови симулации, които илюстрират и подкрепят глобалното поведение на решенията на модела, както и наличието на гранични цикли породени от бифуркации на Хопф. Направения теоретичен анализ и компютърни симулации може успешно да се използва за по-добро разбиране на динамиката на биологичното разграждане на химичните съединения в биореактора, както и за прогнозиране и контролиране поведението на биореактора в реални условия.

[10] Borisov, M., Dimitrova, N., Zlateva, P.. Stability Analysis of a Chemostat Model for Phenol and Sodium Salicylate Mixture Biodegradation. Processes, 10, MDPI, 2022, ISSN:2227-9717, DOI:10.3390/pr10122571, 2571. SJR (Scopus):0.474, JCR-IF (Web of Science):3.352

**Abstract.** In this paper we consider a mathematical continuous-time model for biodegradation of phenol in the presence of sodium salicylate in a chemostat. The model is described by a system of three nonlinear ordinary differential equations. Based on the dynamical systems theory we provide mathematical investigations of the model including local and global analysis of the solutions. The local analysis consists in computation of two equilibrium points—one interior and one boundary (washout) equilibrium—in dependence of the dilution rate as a key model parameter. The local asymptotic stability of the equilibria is also presented. The global analysis of the model solutions comprises proving existence, uniqueness and uniform boundedness of positive solutions, as well as global asymptotic stabilizability of the dynamics. The theoretical investigations are illustrated by some numerical examples. The results in this study can be used in practice as a tool to control and optimize the chemostat performance of simultaneous biodegradation of mixed substrates in wastewater.

**Резюме.** В настоящата работа разглеждаме математически модел на биологично разграждане на смес от фенол и натриев салицилат в отпадни води. Моделът се описва със система от три нелинейни обикновени диференциални уравнения. Базирайки се на теорията на динамичните систем е представен локален и глобален анализ на решенията на системата. Локалният анализ се състои в намирането на две равновесни точки на модела – една вътрешна (точка на оцеляване) и една гранична (точка на отмиване) – в зависимост от стойностите на скоростта на разреждане на биореактора, разглеждана като ключов параметър на модела. Локалната асимптотична устойчивост на равновесията е разгледана също. Глобалният анализ включва съществуване и единственост на неотрицателни моделни решения, както и глобална асимптотична стабилизируемост на динамиката на модела. Теоретичните изследвания са илюстрирани чрез няколко числови примери. Резултатите в това изследване могат да се използват в практика като средство за управление и оптимизация на биореактор (хемостат) за едновременно биоразграждане на смесени субстрати в отпадни води.

[11] Borisov, M., Markov, S. On the Numerical Simulation of Exponential Decay and Outbreak Data Sets Involving Uncertainties. Lecture Notes in Computer Science, 13858, Springer, 2023, ISSN:0302-9743, SJR:0.41 (2021) - (accepted for publication)

**Abstract.** Measurement data sets collected when observing epidemiological outbreaks of various diseases often have specific shapes, thereby the data may contain uncertainties. A number of epidemiological mathematical models formulated in terms of ODE's (or reaction networks) offer solutions that have the potential to simulate and fit well the observed measurement data sets. These solutions are usually smooth functions of time depending on one or more rate parameters. In this work we are especially interested in solutions whose graphs are either of "decay" shape or of a specific wave-like shape briefly denoted as "outbreak" shape.

Furthermore we are concerned with the numerical simulation of measurement data sets involving uncertainties, possibly coming from one of the simplest epidemiological models, namely the two-step exponential decay process (Bateman chain). To this end we define a basic exponential outbreak function and study its properties as far as they are needed for the numerical simulations. Stepping on the properties of the basic exponential decay-outbreak functions, we propose numerical algorithms for the estimation of the rate parameters whenever the measurement data sets are available in numeric or interval-valued form.

**Резюме.** Данните от измервания, събрани при наблюдение на епидемиологични огнища на различни заболявания, често имат специфични форми, при което в повечето случаи могат да съдържат несигурност. Редица епидемиологични математически модели, формулирани от гледна точка на системи от ОДУ (или реакционни мрежи), предлагат решения, които имат потенциала да симулират и приближават добре наблюдаваните епидемиологични данни. Тези решения обикновено са гладки функции на времето зависещи от един или повече скоростни параметри. В тази работа разглеждаме решенията, чиито графики са или с форма на експоненциално затихване (разпад) или със специфична вълнообразна форма, накратко означена като форма на епидемиологичен взрив. Освен това обръщаме внимание и на числовите симулации на епидемиологични данни (включващи несигурност), използвайки един от най-простите епидемиологични модели, а именно двустъпковия процес на експоненциален разпад (верига на Батеман). За тази цел дефинираме базова експоненциална функция на затихване и базова функция на епидемиологичен взрив и изучаваме техните свойства, доколкото те са необходими за числените симулации. Стъпвайки върху тези свойства, предлагаме числени алгоритми за оценка на скоростните параметри, когато наблюдаваните епидемиологични данни са налични в числова (точна) или интервална (несигурна) форма.