Міністерство освіти і науки України

Управління освіти і науки Рівненської облдержадміністрації

Рівненська Мала академія наук учнівської молоді

Відділення математика

Секція «Математичне моделювання»

**Модель поширення інфекційного захворювання з урахуванням просторових ефектів**

**Роботу виконав:**

Джигар Володимир Євгенійович

учень 11-Д класу

Обласного наукового ліцею

в м. Рівне

Рівненської обласної ради

**Наукові керівники:**

Барановська Ірина Анатоліївна,

вчитель математики Рівненської

гімназії «Гармонія»;

Бойчук Олена Миколаївна,

вчитель математики Обласного

наукового ліцею в м. Рівне

**РІВНЕ-2023**

Рівненська Мала академія наук учнівської молоді

Секція «Математичне моделювання»

**АНОТАЦІЯ**

Джигар Володимир Євгенійович, учень 10-Д класу Обласного наукового ліцею в м. Рівне Рівненської обласної ради

Наукові керівники: Барановська Ірина Анатоліївна, учитель математики РГ«Гармонія», Бойчук Олена Миколаївна, вчитель математики Обласного наукового ліцею в м. Рівне

**Модель поширення інфекційного захворювання з урахуванням просторових ефектів**

Математичне моделювання все більше визнається громадською медициною як важливий інструмент дослідження для боротьби з інфекційними захворюваннями. Математичні моделі широко використовуються для оцінки ефективності стратегій боротьби з туберкульозом, ВІЛ, грипом, вірусом Західного Нілу та вірусом Зіка, що розвивається, для аналізу економічного ефекту від програм вакцинації та для контролю інфекцій, набутих у стаціонарі.

Завдання математичної моделі інфекційного захворювання полягає в описі процесу передачі захворювання, яке можна визначити загалом так: при потраплянні інфікованих осіб до групи здорових та таких, що можуть захворіти, інфекція передається до них через свої шляхи передачі збільшуючи в результаті кількість інфікованих. Якщо кількість випадків захворювання протягом деякого невеликого проміжку часу перевищує середнє значення, що спостерігається у звичайних умовах, то відбувається спалах захворювання. Коли хвороба швидко поширюється серед великої кількості людей, то маємо епідемію. Якщо хвороба поширюється просторово в глобальному масштабі в багатьох країнах і континентах, виникає пандемія. Іспанський грип 1918 року, який поширився на всіх континентах і вбив понад 50 мільйонів людей та COVID-19, який є зараз – це класичні приклади глобальної пандемії. Завдяки сучасним авіаперельотам одночасно можуть з’явитись досить багато нових осередків захворювання, що може спричинити глобальну пандемію.

У даній роботі здійснено дослідження особливостей поширення інфекційних захворювань та впливу просторових ефектів на швидкість розповсюдження інфекції. При цьому: дослідженно закономірності поширення інфекційних захворювань; схематизовано та формалізовано результати досліджень; розроблено математичну модель та реалізовано її мовою програмування Python.

**Ключові слова:** інфекційне захворювання, моделювання, SIR та SEIR моделi, комп'ютерні експерименти, просторові ефекти.

**Зміст**

[Вступ 3](#_Toc93869911)

[Розділ 1. Епідеміологічні моделі поширення інфекційних захворювань 7](#_Toc93869912)

[1.1. Поняття інфекційного захворювання і захворюваності 7](#_Toc93869913)

[1.2. SIR модель 8](#_Toc93869914)

[1.3. Моделі з урахуванням тривалості латентного періоду та набутого тимчасового імунітету. 12](#_Toc93869915)

[1.4. Модель поширення COVID-19 13](#_Toc93869916)

[Розділ 2. Просторові ефекти та зосереджені джерела захворювання 16](#_Toc93869917)

[2.1. Поняття та підходи щодо урахуванням просторових ефектів при дослідженні поширення інфекційного захворювання 16](#_Toc93869918)

[2.2. Модифікація класичних епідеміологічних моделей для урахуванням просторових ефектів 19](#_Toc93869919)

[2.3. Урахування зосереджених впливів при моделюванні процесів поширення інфекційних захворювань 21](#_Toc93869920)

[Розділ 3. Числова та програмна реалізація моделей. Комп’ютерні експерименти 24](#_Toc93869921)

[3.1. Алгоритм числового розв’язання модифікованих моделей розповсюдження інфекційних захворювань 24](#_Toc93869922)

[3.2. Комп’ютерне моделювання поширення інфекційного захворювання з урахуванням просторових ефектів 29](#_Toc93869923)

[Висновки 33](#_Toc93869924)

# Вступ

Хвороба є інфекційною, якщо її збудник (вірус, бактерія, токсин тощо) може передаватися від одного хазяїна до іншого певним каналом передачі, наприклад, прямим фізичним контактом, повітряно-крапельним шляхом, водою чи їжею, переносниками хвороби чи матір’ю новонародженому.

Математичне моделювання все більше визнається офіційною медициною як важливий інструмент дослідження інфекційними захворюваннями з метою пошуку більш ефективних способів боротьби з ними. Математичні моделі широко використовуються для оцінки ефективності стратегій боротьби з туберкульозом, ВІЛ, грипом, вірусом Західного Нілу, новим вірусом Зіка тощо, зокрема, для аналізу ефекту від програм вакцинації та контролю інфекцій, набутих у стаціонарі.

Завдання математичної моделі інфекційного захворювання полягає в описі *процесу передачі* захворювання, який можна визначити в загальному так: при появі інфікованих осіб серед групи здорових та сприйнятливих до захворювання людей інфекція передається іншим особам через свої канали та таким чином поширюється серед населення. Інфікована людина на ранній стадії інфікування може залишатися безсимптомною, лише через деякий час проявляться клінічні симптоми, які забезпечать діагностування *захворювання*. Якщо кількість випадків захворювання перевищить звичайну у відповідних умовах спостереження середню кількість протягом певного короткого проміжку часу, то кажуть, що відбувається *спалах захворювання*. Коли ж хвороба швидко поширюється серед багатьох людей, то маємо *епідемію* . Інфіковані особи одужують від інфекції, як шляхом лікування, так і завдяки дії імунної системи, і набувають різного ступеня набутого імунітету проти повторного зараження. Коли ж кількість осіб без імунітету зменшиться до певного мінімуму, то нові зараження припиняться, епідемія сповільниться та зупиниться. Якщо ж кількість здорових та сприйнятливих до захворювання осіб збільшуватиметься внаслідок народження чи міграції, або у разі видужання та втрати набутого імунітету, то акти зараження відбуватимуться і надалі, епідемія може зберігатися і інфекція може залишатися в популяції протягом тривалого періоду часу. У цьому випадку захворювання вважається *ендемічним* серед населення. Якщо хвороба просторово поширюється в глобальному масштабі на багато країн і континентів, виникає *пандемія* . Іспанський грип 1918 року, який поширився на всіх континентах і вбив понад 50 мільйонів людей – є класичним прикладом глобальної пандемії. Завдяки сучасним авіаперельотам у всьому світі можуть одночасно виникати багато нових осередків зараження та підвищують ймовірність виникнення глобальної пандемії.

У зв’язку з неминучою епідемією органи охорони здоров’я будуть стикатися з нею та шукатимуть відповіді на такі важливі питання:

1. Наскільки важкою буде епідемія? Важкість може бути виміряна двома різними способами:

а) загальна кількість інфікованих людей, яким може знадобитися медична допомога;

б) максимальна кількість інфікованих людей у будь-який момент часу.

1. Скільки це триватиме? Коли буде досягнуто пік? Яким буде його тривалість?
2. Наскільки ефективними будуть карантин чи вакцинація?
3. Яку кількість вакцини чи противірусних препаратів слід створити?
4. Які ефективні заходи для стримування, контролю та ліквідації ендемічної хвороби?

Окремі відповіді можна отримати за допомогою різних підходів. Математичне моделювання є важливим інструментом у наданні допомоги органам охорони здоров’я у прийнятті обґрунтованих рішень.

Це підводить нас до питання: чому математичне моделювання інфекційних захворювань корисне? Частина відповіді така: традиційні методи з використанням експериментальних та статистичних підходів можуть бути неадекватними з різних причин:

1. Інфекційні захворювання часто вражають окрему популяцію на великій географічній території. Проведені експерименти в лабораторіях часто неадекватні просто через величезну різниця в масштабах.
2. Для інфекційних захворювань у людей, проведення масштабних експериментів може бути неможливим або неетичними.
3. Існуючі набори даних про хворобу можуть бути неповними або недостатньо точними, щоб статистичний аналіз був надійним. Наприклад, даних спостереження за інфікованими людьми, які хворіють безсимптомно, буде мало або взагалі не буде.
4. Оскільки повторні експерименти зі спалахами захворювань у популяції можливі рідко, дані спостережень за захворюваннями часто представляють один спалах (вибірку) з великою кількістю інформації. Статистичний аналіз високорозмірних даних з малих вибірок є проблемою, оскільки теорія статистики спирається на великі вибірки.

Математичне моделювання може дати розуміння основних механізмів передачі та поширення хвороби, допомогти визначити ключові фактори в процесі передачі хвороби, запропонувати ефективні заходи контролю та профілактики, а також надати оцінку важкості та потенційного масштабу епідемії. Простіше кажучи, математичне моделювання має стати частиною інструментарію досліджень у сфері охорони здоров’я та прийняття рішень. Наступне питання, на яке ми хотіли б відповісти: що таке загальний процес математичного моделювання? Загалом процес моделювання включає в себе наступні шість етапів:

1. Формулювання припущень щодо процесу передачі захворювання на основі найкращих наявних біологічних знань про патогенез інфекції та епідеміологію захворювання.
2. Створення математичної моделі для процесу передачі на основі цих припущень. Зазвичай це починається з побудови діаграми передачі, а потім виведення математичних рівнянь.
3. Виконання математичного аналізу моделі, щоб зрозуміти всі можливі якісно відмінні результати моделі. Зазвичай це робиться шляхом застосування існуючих математичних теорій у поєднанні з чисельним моделюванням.
4. Інтерпретації математичних висновків в контексті моделювання. Ці інтерпретації формують наше розуміння процесу передачі захворювання, яке тягне за собою набір припущень, зроблених на кроці (1).
5. Збирання доступних даних про захворювання від агенцій охорони здоров’я та з дослідницьких публікацій. Перевірка моделі за допомогою даних.
6. Покращення моделі шляхом зміни попередніх припущень на кроці 1), і забезпечення більш точного розуміння процесу захворювання.

Важливо мати на увазі, що математична модель є наближенням реального процесу захворювання. Це математичний переклад наших гіпотез про передачу хвороби. Іншою важливою роллю математичних моделей є перевірка гіпотез: порівнюючи результати моделі з наявними знаннями або даними про хворобу, ми можемо використовувати модель для перевірки різних гіпотез щодо захворювання. У порівнянні з експериментальними підходами, підхід моделювання має перевагу, заощаджуючи величезну кількість часу та ресурсів. Зауважимо, що математична модель не є чарівною паличкою. З математичним моделюванням часто виникає багато труднощів. Нижче наведено перелік важливих питань, пов'язаних з процесом математичного моделювання:

1. Через наші обмежені знання про інфекційне захворювання не завжди можливо зробити реалістичні припущення щодо процесу його передачі. Необхідно зробити різні спрощення. Дуже часто наші припущення є просто гіпотезами. Інтерпретуючи результати моделі, ми завжди повинні пам’ятати про ці обмеження.
2. Перевірка моделі з використанням даних про захворювання є важливою, оскільки вона забезпечує перевірку наших гіпотез моделювання. Це не завжди можливо або може бути важко зробити, залежно від доступності та якості даних

**Мета науково-дослідної роботи:** розробка математичної моделі тадослідження процесу поширення інфекційного захворювання з урахуванням просторових ефектів.

Для досягнення поставленої мети необхідно виконати ряд завдань:

1. дослідити закономірності поширення інфекційних захворювань;
2. проаналізувати закономірності поширення інфекції з урахуванням просторових ефектів;
3. розробити математичну модель;
4. здійснити верифікацію моделі.

**Об’єкт дослідження:** процеси поширення інфекційних захворювань.

**Предмет дослідження:** методи математичного моделювання процесів поширення інфекційних захворювань з урахуванням просторових ефектів.

**Методи дослідження**:

1. математичний аналіз;
2. узагальнення та порівняння;
3. системний аналіз.

**Наукова новизна** полягає у розробці математичної моделі поширення інфекційних захворювань з урахуванням просторових ефектів та зосереджених джерел інфікування.

**Практичне значення:** результати дослідження можуть бути використані при прогнозуванні поширення інфекційних захворювань ефектів просторового «розповзання» інфекції.

# Розділ 1. Епідеміологічні моделі поширення інфекційних захворювань

## Поняття інфекційного захворювання і захворюваності

Хвороба є інфекційною, якщо її збудник (вірус, бактерія, токсин тощо) може передаватися від одного хазяїна до іншого, наприклад, прямим фізичним контактом, повітряно-крапельним шляхом, водою чи їжею, переносниками хвороби чи матір’ю новонародженому.

*Інфекційні захворювання* – розлади здоров'я людей, тварин, рослин у вигляді хвороби, які спричиняють збудники – віруси, різноманітні бактерії, найпростіші, паразитичні гриби, гельмінти, продукти їхньої життєдіяльності (екзотоксини, ендотоксини), патогенні білки – пріони, здатні передаватися від заражених організмів здоровим і схильні до масового поширення.

Зараження інфекційним захворюванням починається з передачі збудника хвороби від одного хазяїна до іншого. Після того, як патогенні мікроорганізми проникають в організм хазяїна, вони повинні мати можливість уникнути або подолати імунну відповідь хазяїна, а також бути здатними розмножуватися або реплікуватися. Коли патогени накопичуються у достатній кількості та досягають цільових органів, вони починають завдавати шкоди організму хазяїна, так що у нього виникають симптоми захворювання, і хазяїн набуває здатності передавати патогени іншим. Для деяких інфекцій симптоми можуть з’явитися після того, як хазяїн стає заразним. Період від моменту зараження до моменту появи симптомів називається інкубаційним періодом. Період від моменту зараження до моменту появи здатності заражати інших називається латентним періодом. Період, протягом якого хазяїн може інфікувати інших, називається інфекційним періодом. Протягом латентного періоду у хазяїна можуть проявлятися або не проявлятися симптоми, але хазяїн у цей період не здатний передавати патогени іншим хазяїнам. Зауважимо, для деяких захворювань інкубаційний період може бути коротшим, ніж латентний період.

Коли інфікований хазяїн одужує від інфекції, він зазвичай зберігає певний ступінь імунітету проти повторного зараження тим же штамом збудника. Якщо інфекція викликала гуморальну імунну відповідь, антитіла, вироблені хазяїном, зазвичай залишаються в організмі протягом певного періоду часу і захищають організм від тих самих антигенів. *Т*-лімфоцити пам’яті в імунній системі, що мають здатність розпізнавати специфічний антиген, проти якого вони спеціально створені, зберігаються протягом тривалого періоду часу після первинної інфекції для забезпечення швидкої імунної відповіді, коли той самий патогенний антиген розпізнається. Помірні імунні реакції також можуть бути викликані інокуляцією або імунізацією, які забезпечують підтримку певного рівня відповідних антитіл або *Т*-клітин пам’яті для боротьби зі збудниками інфекцій, що проникають в організм.

Без повторного зараження імунітет проти певного захворювання буде слабнути та з часом може зникнути. Відомо, що деякі захворювання, такі як кір, викликають постійний імунітет у людей, тому після одужання не відбувається повторного зараження.

*Захворюваність –* медико-статистичний показник, що характеризує чисельність хворих, виявлених при зверненні населення до лікувально-профілактичних закладів або при профілактичному огляді протягом поточного року (швидкість, з якою виникають нові інфекції; а саме, кількість нових інфікованих осіб (як зареєстрованих випадків, так і осіб безсимптомних) за одиницю часу).

## 1.2. SIR модель

Щоб отримати модель, нам потрібно зробити ряд припущень та спрощень. Найважливішим є те, що ми розглядаємо не окремих людей, а лише популяції. Будемо вважати, що популяція ідеально перемішується на обмеженій території, а це означає, що будемо розглядати не просторове перенесення хвороби, а лише часову еволюцію. SIR модель передбачає поділ населення на три групи:

*S* – чутливі хазяї;

*I* – інфекційні хазяїни;

*R* – відновлені господарі.

Метою моделювання є відстеження кількості особин у кожній з трьох груп у будь-який момент часу *t.* Позначимо ці числа через *S*(*t*) *, I*(*t*) і *R*(*t*) відповідно. Для побудови моделі, розглянемо малий інтервал часу [*t, t*+Δ*t*] і чисту зміну кількості особин у кожному відділі. На діаграмі переходів (рис.1.1) стрілки вказують напрям переходу особин між групами. Термін «траснфер» включає втрату людей через смерть або міграцію. Чиста зміна кількості особин у відсіку – це число, яке дорівнює різниці кількостей особин які надходять до групи та кількості, що залишають групу протягом малого інтервалу часу. Застосовуючи цей принцип для кожної групи, приходимо до таких рівнянь:

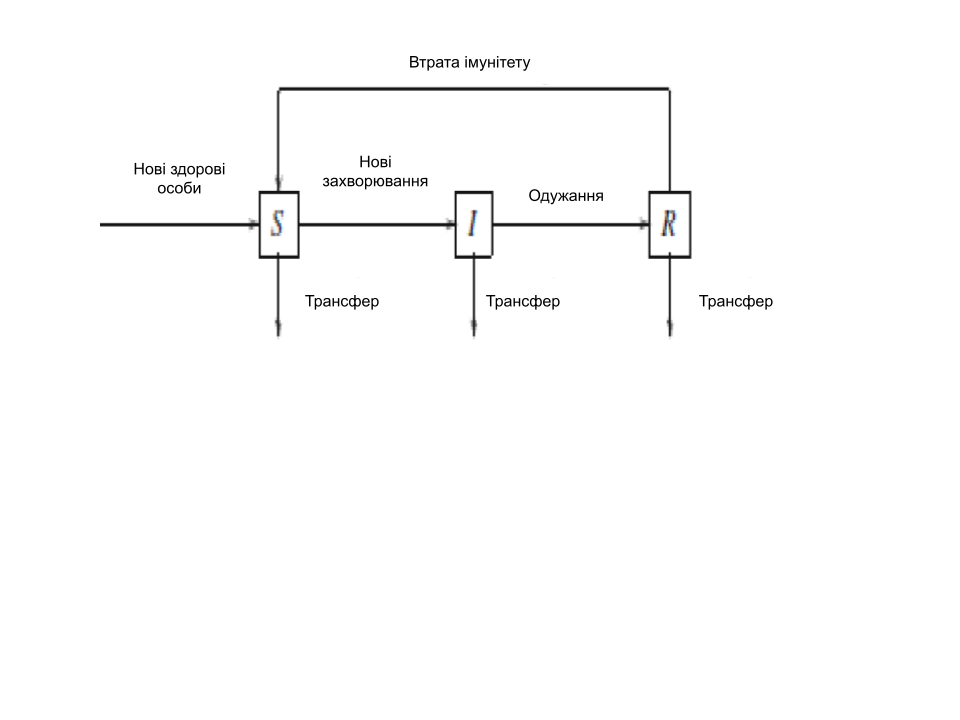


Рис. 1.1. Схема переходів між групами для моделі *SIR*.

 (1.1)

Якщо поділити обидві частини цих рівнянь на , то зліва отримаємо

; ; .

Вирази з правого боку визначать темпи відновлення кількості здорових, зміни кількості інфікованих та таких, що одужали. Отже, маємо такі рівняння для знаходження кількості здорових та сприйнятливих до захворювання, інфікованих та тих, що одужали через малий інтервал часу :

 (1.2)

Якщо виразити всі доданки в правій частині як функції від *S*(*t*), *I*(*t*) і *R*(*t*), то отримаємо систему рівнянь для *S*(*t*), *I*(*t*) і *R*(*t*), які сформують нашу математичну модель. Важливо зазначити, що форма функціональної залежності темпів зміни кількості особин у кожній групі від значень *S*(*t*), *I*(*t*) і *R*(*t*) ґрунтується на наших гіпотезах щодо біологічних процесів передачі хвороби та переходу особин між групами. Тому різні гіпотези призведуть до різних форм моделі і можуть призвести до різних результатів моделювання. Якщо доступні дані реальних спостережень, то модель можна використовувати для перевірки обґрунтованості наших гіпотез щодо процесу передачі захворювання.

Щоб продемонструвати, як різні показники рівняння (1.2) можуть залежати від *S*(*t*), *I*(*t*) і *R*(*t*), приймемо такі гіпотези щодо процесу передачі інфекційної хвороби від інфікованого хазяїна до здорового:

1). Передача відбувається через прямий контакт між хазяїнами.

2). Розподіл особин окремих груп є однорідним, і, таким чином, діє закон масової дії: кількість контактів між особами з різних груп залежить лише від кількості особин у кожній групі. Зокрема, рівень захворюваності – кількість нових інфекцій за одиницю часу – можна виразити як β*I*(*t*)*S*(*t*), де β називають коефіцієнтом передачі.

3). Інтенсивність переходу з однієї групи пропорційна кількості особин у цій групі. Наприклад, інтенсивність переходу від *I* до *R*, кількість тих, одужали, можна записати як μ*I*(*t*), де μ деякий середній темп одужання.

4). Інфіковані особи стають заразними після зараження без латентного періоду.

5). Немає втрати імунітету та можливості повторного зараження. Це означає, що швидкість передачі від *R* назад до *S* дорівнює нулю.

6). Немає надходження нових сприйнятливих до зараження особин та трансферу з будь-яких груп. Надходження нових сприйнятливих до захворю­вання особин дорівнює нулю, як і інтенсивність трансферу з усіх груп.

7). Загальна популяція хазяїнів залишається постійною. Це прямий результат попереднього припущення, але тут викладаємо його явно, щоб підкреслити цей факт. Динамічна модель епідемії може бути складнішою, якщо загальна чисельність населення змінюється з часом.

Хоча ці припущення можуть здатися надто ідеалізованими, вони є цілком правдоподібними для захворювання, яке поширюється серед учнів у школі, де контакти відбувається переважно в класах, їдальнях, бібліотеках та інших громадських місцях. На основі цих припущень, діаграму переходів для концептуальної моделі, наведеної на рис. 1.1, можна спростити до схеми, яка наведена на рис. 1.2.

*S*

*I*

*R*

β*IS*

μ*I*

Рис. 1.2. Схема переходів для простої моделі SIR.

Підставивши всі доданки в (1.2), отримаємо таку систему рівнянь:

 (1.3)

з початковими умовами



У моделі функції *S*(*t*), *I*(*t*) і *R*(*t*) є змінними. Оскільки вони позначають кількість людей, очікується, що вони будуть приймати невід’ємні значення. Константи λ і γ є параметрами моделі, і вони вважаються невід’ємними, оскільки позначають сталі інтенсивності переходів. Якщо значення параметрів моделі λ і γ відомі, то для кожного набору початкових умов  і  модель (1.3) має єдиний розв’язок (*S*(*t*), *I*(*t*), *R*(*t*)), що дає можливість прогнозувати протікання епідемії для *t* > 0. Тут *t* = 0 означає початок епідемії.

Навіть коли значення параметрів невідомі, можна зробити деякі прості дослідження щодо розв’язків системи (1.3), які виконуються для всіх або великого набору можливих значень параметрів.

1. Нехай *N*(*t*) = *S*(*t*) + *I*(*t*) + *R*(*t*) позначає загальну популяцію хазяїнів.

Тоді, додавши рівняння (1.3)–(1.5), маємо

,

тобто загальна сукупність залишається постійною.

1. З першого рівняння (1.3) маємо



Отже, *S*(*t*) завжди зменшується. Зокрема, *S*(*t*) ≤ *S*0.

1. Перепишемо друге рівняння системи (1.3) у вигляді



Тоді маємо такі два випадки:

а) якщо , то . Оскільки при , маємо  для всіх , отже *I*(*t*) строго зменшується. В результаті в цьому випадку не може виникнути епідемія.

б) якщо , то  для  та деякого . Звідси випливає, що , і, отже *I*(*t*) строго зростає для . В результаті виникає епідемія.

## 1.3. Моделі з урахуванням тривалості латентного періоду та набутого тимчасового імунітету.

Як вже зазначалось протягом латентного періоду хазяїн не здатний передавати патогени іншим хазяїнам. Щоб включити латентність захворювання у математичну модель, потрібно зробити деякі додаткові припущення щодо латентності захворювання. Найпростішим є розділити групу заражених особин на дві групи: групу заражених особин у латентному періоді *E* та групу особин в інфекційному періоді *I*. Приймемо також припущення, що перехід від *E* до *I* здійснюється з швидкістю, яка пропорційна *E* зі сталим коефіцієнтом . В результаті отримаємо схему переходів, яку наведено на рис. 1.3.

*E*

*I*

*R*

λ*E*

μ*I*

*S*

*bN*

*d*1*S*

*d*2*E*

*d*3*I*

*d*4*R*

β*IS*

Рис. 1.3. Схема переходів для моделі SEIR.

З урахуванням наведеної вище схеми переходів, аналогічно до попереднього отримаємо таку систему рівнянь:

 (1.4)

Система рівнянь носить назву SEIR моделі. При використанні різних характеристик захворюваності та демографічних показників можуть бути виведені різні варіанти моделі.

Як зазначалось раніше, після одужання хазяїн набуває певного ступеня імунітету щодо повторного зараження. Як правило, такий імунітет є тимчасовим та захищає хазяїна певний проміжок часу. З точки зору моделювання, втрата імунітету призводить до переходу особин, що одужали назад у групу здорових та сприйнятливий до інфікування, як показано на малюнку 1.4.

*S*

*R*

ν*R*

Рис. 1.4. Втрата імунітету, внаслідок чого особи з групи *R* переходять в *S*.

Тоді, прийнявши додаткове припущення про відсутність надходження нових сприйнятливих до зараження особин та трансферу з будь-яких груп отримаємо схему переходів між групами, яка наведена на рис. 1.5.

*E*

*I*

*R*

λ*E*

μ*I*

*S*

ν*R*

β*IS*

Рис. 1.5. Схема переходів для простої моделі SIR.

Відповідна система рівнянь моделі матиме вигляд:

 (1.5)

## 1.4. Модель поширення COVID-19

Розглянуті вище моделі, як правило, можна адаптувати для опису більш складної поведінки при хворобах, додаючи більше категорій людей і, можливо, більше взаємодій між різними категоріями. Тепер ми розглянемо розширення моделі SEIR, наведеної вище, на модель, яку використовували норвезькі органи охорони здоров’я для прогнозування поширення пандемії Covid19 у 2020 році. Щоб описати динаміку Covid19, представлену вище модель SEIR модифіковано з метою включення таких двох важливих характеристик захворювання:

* у певної кількості людей, інфікованих Covid19, немає симптомів. Ці безсимптомні люди все ж можуть інфікувати інших, але з нижчою інфекційністю, ніж група з симптомами, і їх потрібно лікувати як окрему категорію.
* заражена особа здатна інфікувати велику кількість здорових осіб ще до того, як вона починає відчувати симптоми. Тобто маємо додаткову категорію інфікованих, коли люди заразні, але ще не відчувають симптомів.

Ці характеристики можна змоделювати, додавши більше категорій до моделі SEIR, представленої раніше. Включимо дві категорії заражених  і , причому перша є неінфекційною, а друга здатна інфікувати інших. Категорія *I* також поділяється на дві частини: хворі з симптомами *I* та безсимптомно заражені . Перехід від *S* до  подібний до прийнятих гіпотез у моделі SEIR, але з  особи рухатимуться за однією з двох можливих траєкторій. Деякі перейдуть до , потім до *I* і, нарешті, до *R*, тоді як інші перейдуть безпосередньо до , а потім до *R*. Схема переходів моделі наведена на рис. 1.6.

*E*1

*I*

*R*

*S*

*E*2

*Ia*

Рис. 1.6. Схема переходів моделі епідемії Covid19 з двома  
альтернативними траєкторіями захворювання.

Найважливішим розширенням з наведених вище моделей є те, що модель SEEIIR має три категорії інфекційних людей: , *I* та . Усі вони взаємодіють з категорією *S*, що призводить до генерування нових інфікованих. Кожну з цих взаємодій моделюємо точно так, як це робили вище. За інтервал часу  маємо три підгрупи осіб, що переходять від *S* до :

• заражені людьми з *І*: ;

• заражені людьми в : ;

• заражені людьми в : 

Тут припускається, що інфекційність трьох категорій є різною, що відображено введенням основного параметру інфекційності та двох параметрів , , які масштабують інфекційність для двох відповідних груп.

Систему рівнянь моделі SEEIIR можна записати так:

 (1.6)

Значення параметрів для моделі за замовчуванням можуть бути такими (табл.1):

Таблиця 1.

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Параметр | значення |  | Параметр | значення |
|  | 0,5 |  |  | 0,5 |
|  | 0,1 |  |  | 0,4 |
|  | 1,25 |  |  | 0,2 |
|  | 0,33 |  |  |  |

Ці параметри відповідають ранній фазі спалаху Covid19. Параметри ,  і  наведені в одиницях , тому середня тривалість симптоматичного періоду захворювання становить п’ять днів (), неінфекційний інкубаційний період триває в середньому три дні, тоді як середня тривалість інфекційного інкубаційного періоду () становить дві доби. Крім того, бачимо, що середня заразність безсимптомно хворих становить 10% заразності симптоматичних випадків. Проте заразність категорії  на 25% вища за інфекційність категорії *I*. Ця підвищена інфекційність, швидше за все, є результатом того, що категорія  протікає безсимптомно, тому ці люди будуть пересуватися набагато частіше, ніж люди категорії з симптомами *I*. Захворювання групи  також протікає безсимптомно, а, отже, вона також більше рухається, проте передбачається, що ці люди мають дуже низьку кількість вірусів і тому менш інфекційні, ніж люди, у яких з’являються симптоми.

# Розділ 2. Просторові ефекти та зосереджені джерела захворювання

## Поняття та підходи щодо урахуванням просторових ефектів при дослідженні поширення інфекційного захворювання

Переміщення людини відіграє ключову роль у поширенні інфекційних захворювань, що призводить до просторової неоднорідності передачі інфекції. Розуміння причин цих неоднорідностей є важливим при розробці, застосуванні та оцінці заходів громадського здоров’я. У цій роботі ставиться завдання з’ясувати особливості прояву просторових ефектів поширення інфекції в різних популяціях та вбудувати у принципову структуру існуючих моделей компоненти просторового «розсіювання» інфекції.

Рух можна визначити як переміщення людей з місця постійного перебування в інші місця різного призначення. У цілому його можна розділити на короткострокові та довгострокові рухи. Під час короткочасних переміщень люди проводять невелику кількість часу в місці призначення, зазвичай менше доби, перш ніж повернутися до місця постійного проживання; поїздка на роботу – це ще один термін, який широко використовується для позначення цих короткострокових моделей руху. Цей тип руху може включати не тільки поїздки на роботу, але й переміщення необхідні для здійснення покупки, отримання соціальних, культурних, медичних послуг тощо. З іншого боку, довгострокове переміщення, коли особа, яка здійснює поїздку, проводить довгий час у місці призначення, як правило, від місяця і більше, краще описати як міграцію. Обидва типи переміщення можуть сприяти географічному поширенню хвороби, але за багатьох епідемічних обставин вважається, що короткострокові переміщення домінують у динаміці захворювання.

Людський рух покращує зв’язок між віддаленими громадами людей, тим самим сприяючи поширенню інфекцій. Через різні індивідуальні особливості траєкторії руху, по яких люди переміщуються в просторі, також можуть бути унікальними. Наприклад, деякі можуть подорожувати дуже далеко, щоб встановити декілька контактів, тоді як більшість можуть подорожувати лише до найближчих місць і встановлювати багато контактів. Незважаючи на цю різницю, моделі подорожей людини можна узагальнити. Було помічено, що люди схильні дотримуватися простих відтворюваних моделей рухів, властивість, яка може відігравати ключову роль у контролі епідемії.

Рух людини володіє просторовим, часовим та контактними характеристиками. Просторовий компонент фіксує такі характеристики, як пройдена відстань. Часовий компонент стосується того, як рухова поведінка змінюється з часом, наприклад час перебування в певному місці. Нарешті, контактна відноситься до взаємодій, які можуть відбуватися між особами в певному місці, в тому числі між тими, хто в даному місці проживає постійно та мандрівниками. З точки зору пройденої відстані, більшість населення не подорожує дуже далеко від свого місця постійного проживання. Недавнє дослідження показало, що більшість соціальних контактів у Китаї знаходяться в межах 1 км від дому людини, а деякі – на відстані понад 500 км. Цей розподіл описує загальне спостереження, що більшість часу люди здійснюють короткі подорожі з кількома випадковими довгими подорожами.

Різні моделі мобільності можуть призвести до різних моделей взаємодії між людьми. Таким чином, соціальна поведінка, яка регулює як мобільність, так і моделі взаємодії, може визначати характер контактної області, в межах якої може поширюватися інфекція. Для інфекційних захворювань, що передаються безпосередньо, ця поведінка може в кінцевому підсумку визначити, наскільки швидко буде поширюватися хвороба. Щоб врахувати можливі просторові неоднорідності у передачі хвороби, використовують різні підходи моделювання, зокрема, статистичні чи на основі процесу.

У моделі короткостроковий рух людини можемо описати як дифузію. Поняття дифузії в класичному розуміння пов’язують з процесом взаємного проникнення речовини при безпосередньому контакті чи крізь пористу перегородку. Таке проникнення відбувається у напрямку зменшення концентрації речовин і триває до рівномірного розподілу речовини в усьому об’ємі, який вона займає.

Розглянемо рух особин вздовж осі *x*. Позначимо через  кількість особин на одиницю довжини в момент часу *t* в точці з координатою *x*. Через  кількість особин, що проходять через точку з координатою *x* за одиницю часу у момент часу *t*. Якщо всередині відрізка  не народжуються і не вмирають, то кількість особин, що знаходяться всередині відрізка  за час  можна обчислити так

. (2.1)

Перша частина цієї формули представляє число особин, які знаходились всередині відрізка  в момент часу *t*, а друга – число особин у відрізку в момент часу .

Таке ж саме число особин з допомогою функцію потоку можемо записати у вигляді

. (2.2)

Тут перший вираз у правій частині представляє собою кількість особин, що покинули відрізок за час  в точці , другий – кількість особин, що надійшли у відрізок за час  в точці .

Отже, з одного боку зміна кількості особин всередині відрізка за час  згідно (2.1) складає

,

А з іншого боку за різницею потоку через кінці відрізка  (згідно (2.2):

.

Зрозуміло, що мова йде про одну і ту ж зміну кількості особин всередині відрізка . Тому приходимо до такого закону збереження:

. (2.3)

Припустимо, що між функцією потоку і кількістю особин має місце співвідношення (згідно закону Фіка)

, (2.4)

де  – деякий сталий (у першому наближенні) коефіцієнт просторової дифузії.

Тоді зміну кількості особин за час  в точці  внаслідок дифузійного «розсіювання» згідно (2.3) з урахуванням (2.4) можемо визначити так:

 (2.5)

або .

## Модифікація класичних епідеміологічних моделей для урахуванням просторових ефектів

Використовуючи наведену вище «дифузійну» концепцію для опису короткострокового переміщення особин можемо наступним чином модифікувати класичні епідеміологічні моделі для урахування просторових ефектів. Для урахування короткострокових переміщень особин в межах деякого модельного середовища введемо у класичні епідеміологічні моделі (див. розділ 1) відповідні дифузійні компоненти. На початку будемо вважати, що модельне середовище в якому перебувають усі особини є одновимірним. В результаті отримаємо такі модифіковані моделі (у випадку необмеженого середовища).

1. Модифікація простої SIR моделі:

 (2.6)

за умов 

1. Модифікація SЕIR моделі з урахуванням міграції та сталого імунітету:

 (2.7)

за умов 

1. Модифікація SЕIR моделі без урахування міграції та тимчасового імунітету:

 (2.8)

за умов 

Зазначимо, що на практиці при прогнозуванні поширення інфекційного захворювання на основі математичного моделювання з урахуванням просторових ефектів виникає необхідність обмежити середовище поширення інфекції. В цьому випадку для коректного математичного опису процесу необхідно додатково визначити умови на межі області поширення захворювання. Такі умови можуть бути пов’язані з відомими для дослідника даними щодо кількості особин кожної групи на границі, величини потоку особин кожної групи через границю, чи відомостями про взаємо обмін особинами із зовнішнім середовищем на границі області. Наприклад, якщо відомо, що через границю немає переміщення особин, то це означає, що потік на границі має дорівнювати нулю. Для одновимірного випадку, коли модельне середовище описується деяким відрізком , ця вимога означає, що на кінцях відрізка (з урахуванням закону Фіка) мають виконуватись рівності:

, або ;

, або .

В якості середовища поширення інфекції далі будемо розглядати деякий відрізок . Побудуємо деяку сіткову область  та ведемо позначення:

, , .

З урахуванням введених позначень та умовою щодо відсутності потоку особин через границю перепишемо модель (2.6) у дискретній формі:

 (2.9)

Аналогічним чином представимо модифікацію SEIR моделі (2.8) у дискретній формі з урахуванням умови щодо відсутності потоку особин через границю:

 (2.10)

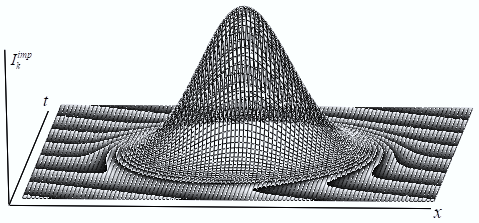
## Урахування зосереджених впливів при моделюванні процесів поширення інфекційних захворювань

Процес розповсюдження інфекційного захворювання розпочинається з появи так званого нульового пацієнта –першої особи в популяції, що заразилася збудником інфекційного захворювання. Нульовий пацієнт може вказувати на джерело захворювання, можливі шляхи розповсюдження, а також бути резервуаром хвороби між спалахами захворювання. Як вже зазначалось (див. п.2.1) латентний період залежно від виду захворювання може бути меншим за інкубаційний період. А це означає, що після завершення латентного періоду до кінця інкубаційного інфікована особа, не відчуваючи симптомів хвороби, здатна заразити досить широке коло осіб з числа своїх контактерів. Інфіковані ним особи також після завершення свого латентного періоду заражатимуть власних контактерів. Враховуючи те, що особи як правило здійснюють короткострокові переміщення на невеликі відстані, то у просторовому аспекті в деякій області популяційного середовища може виникнути умовно локалізований спалах захворювання, який фактично починається саме з нульового пацієнта. Осіб, які заразилися від нульового пацієнта називають первинними пацієнтами. За наявності довгострокових переміщень спалахи захворювання можуть виникати в різних і відокремлених один від одного областях, що спричиняє швидке поширення інфекції на великій території.

Для моделювання особливостей поширення інфекційного захворювання за умов наявності зосереджених джерел інфікування пропонується ввести у вихідні епідеміологічні моделі відповідні функції джерела. Будемо представляти їх у вигляді спеціальним чином побудованої близької до точково-імпульсної функції:

, (2.11)

де , ,  – параметри, які визначають «потужність», «тривалість» і «просторову протяжність» відповідногозосередженого джерела інфікування. На рис. 2.1 схематично зображено зосередженого джерела інфікування типу  при різних значеннях параметрів, які визначають його «тривалість» і «просторову протяжність».

*а) б)*

Рис. 2.1. Схематичне зображення зосередженого джерела інфікування  
 при різних значеннях параметрів *а)* ; *б)* 

В дискретній формі функція  запишеться так

, (2.12)

Отже, можемо запропонувати модифікацію класичної SIR моделі для урахування дифузійного «розсіювання» та зосереджених джерел інфікування, яку представимо у такій дискретній формі:

 (2.13)

Аналогічна модифікація SEIR моделі (2.8) для урахування дифузійного «розсіювання» та зосереджених джерел інфікування у дискретній формі матиме вигляд:

 (2.14)

Зазначимо, що за наявності зосередженого джерела інфікування уможливлюється розгляд в якості початкових умови відсутності заражених осіб у момент часу : .

# Розділ 3. Числова та програмна реалізація моделей. Комп’ютерні експерименти

## Алгоритм числового розв’язання модифікованих моделей розповсюдження інфекційних захворювань

Перепишемо систему рівнянь (2.9) модифікованої нами класичної моделі SIR для урахування просторових ефектів у більш зручному для числового розв’язання вигляді:

 (3.1)

В результаті такого перегрупування членів системи у нас в правій частині зібрані значення шуканих функцій у момент часу , а в лівій – значення шуканих функцій у момент часу . Таким чином отримуємо досить простий порядок знаходження значень шуканих функцій у вузлах сіткової області : використовуючи значення функцій у початковий момент часу , знаходимо наближені значення цих функцій у момент часу , потім, використовуючи вже знайдені значення функції у момент часу , знаходимо наближені значення шуканих функцій у момент часу , і т.д. На кожному кроці враховуємо умови на границі області.

Отже, можемо сформулювати такий алгоритм числового розв’язання модельної задачі (3.1):

1. Використовуючи початкову умову встановлюємо значення шуканих функцій в початковий момент часу за співвідношеннями:

.

Нехай після виконання певної кількості кроків алгоритму нами знайдені значення шуканих функцій в момент часу : .

1. Використовуючи значення шуканих функцій в початковий момент часу  та рівняння (3.1) знаходимо значення цих функцій в наступний момент часу  для внутрішніх вузлових точок: .
2. Використовуючи вже знайдені значення  та граничні умови, встановлюємо значення шуканих функцій у граничних вузлових точках:



1. Присвоюємо нове значення  та переходимо до кроку 2.

Переписавши систему рівнянь (2.10) у вигляді

 (3.2)

аналогічно до попереднього можемо записати алгоритм числового розв’язання системи рівнянь модифікованої нами SEIR моделі з урахуванням просторових ефектів.

## Комп’ютерне моделювання поширення інфекційного захворювання з урахуванням просторових ефектів

На основі наведеного вище алгоритму числового розв’язання модифікованих модельних задач розроблена програмна реалізація в середовищі Python, програмний код якої наведено в додатку А. На рис. 3.1. представлено частина створеного програмного вікна.

На рис. 3.2 представлено зміни кількості здорових та сприйнятливих до захворювання, інфікованих та тих, що одужали в центрі області зараження згідно

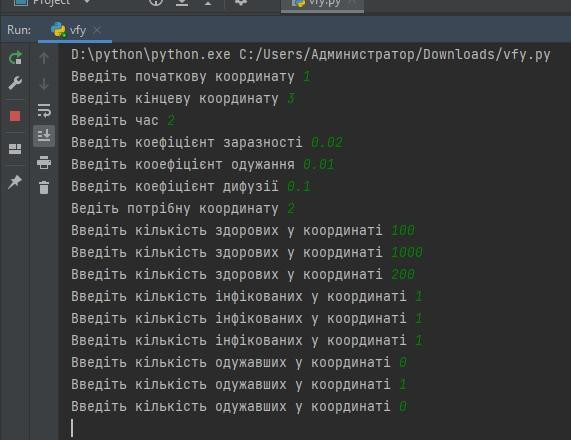


Рис. 3.1. Програмне вікно



Рис. 3.2. Зміна кількості здорових, інфікованих та тих, що одужали з центрі області зараження при різній інтенсивності дифузійного розсіювання



Рис. 3.3. Просторова динаміка кількості інфікованих згідно SIR з   
урахуванням ефекту дифузійного розсіювання

модифікованої SIR моделі при різній інтенсивності дифузійного розсіювання. При проведенні комп’ютерного моделювання використовувались такі початкові умови: , , . Результати комп’ютерного моделювання ілюструють вплив дифузійного розсіювання особин популяції на поширення інфекційного захворювання в популяції. При більшій інтенсивності дифузійного розсіювання кількість здорових особин встановлюється на більш високому рівні, а кількість тих, хто одужав – на нижчому рівні.

На рис. 3.3 представлено просторову динаміку кількості інфікованих особин. Отримані нами результати показують, що інфекційне захворювання поширюється хвилеподібно, збільшуючи з часом область зараження.

На рис. 3.4. представлені результати комп’ютерних експериментів на основі модифікованої SEIR моделі з урахуванням дифузійного розсіювання. При проведенні комп’ютерного моделювання використовувались такі початкові



Рис. 3.4. Зміна кількості здорових, інфікованих у латентному та інфекційному періодах, а також тих, що одужали з центрі області зараження при різній інтенсивності дифузійного розсіювання

умови: ,  , . Згідно отриманих нами результатів комп’ютерного моделювання можемо відзначити, що при урахуванні дифузійного розсіювання з часом кількість інфікованих у латентному і інфекційному періодах та тих, що одужали в центрі зони зараження встановлюється на більш низьких рівнях. Крім того, інфікування відбувається повільніше, що послаблює можливу напруженість епідеміологічної ситуації в зоні зараження. Зменшення кількості інфікованих в початковій зоні зараження пояснюється переміщенням особин у прилеглі області.

На рис. 3.5 представлено просторову динаміку кількості інфікованих особин, отриману в результаті комп’ютерного експерименту на основі модифікованої нами SEIR моделі.



Рис. 3.5. Просторова динаміка кількості інфікованих згідно SEIR з   
урахуванням ефекту дифузійного розсіювання

## Детальний розгляд алгоритму

Для реалізації алгоритму та виведення даних на екран використовуються, як стандартні засоби мови програмування Python, так і бібліотеки matplolib, sys та numpy, що являють собою збірку модулів, об'єктів, підпрограм для вирішення близьких за тематикою задач засобами мови Python.

Бібліотека numpy — бібліотека обчислень для Python з відкритим сирцевим кодом. Містить такі структури даних, як багатовимірні масиви та матриці. Може слугувати для виконання певних математичних операцій над масивами, на зразок тригонометричних, статистичних, алгебраїчних обчислень. Numpy — це розширення numeric та numarray. В роботі бібліотека була використана для створення і проведення необхідних дій над масивами даних.

Бібліотека matplotlib — бібліотека на мові програмування Python для візуалізації даних двовимірною 2D графікою. Отримувані зображення можуть бути використані як ілюстрації в публікаціях. matplotlib написана і підтримується в основному Джоном Хантером і поширюється на умовах BSD-подібної ліцензії. За допомогою неї візуалізовано графік зміни кількості здорових, інфікованих та тих, що одужали груп популяції.

Бібліотека sys надає програмісту набір функцій, які дають інформацію про те, як інтерпретатор Python взаємодіє з операційною системою.

Програмний код складається з декількох частин:

1. Отримання даних

2. Обчислення

3. Виведення даних

Першим етапом є імпортування вище згаданих бібліотек:

*import sys*

*import matplotlib.pyplot as plt*

*import numpy as np*

Наступним кроком є отримання необхідних даних:

*a = int(input("Введіть початкову координату "))*

*b = int(input("Введіть кінцеву координату "))*

*t = int(input("Введіть час "))*

*x = float(input("Введіть коефіцієнт заразності "))*

*y = float(input("Введіть коефіцієнт одужання "))*

*d = float(input("Введіть коефіцієнт дифузії "))*

*e = int(input("Введіть потрібну координату "))*

*for q in range(c):*

*s.append(float(input('Введіть кількість чутливих у координаті ')))*

*for q in range(c):*

*i.append(float(input('Введіть кількість інфікованих у координаті ')))*

*for q in range(c):*

*r.append(float(input('Введіть кількість здорових у координаті ')))*

Для проведення обчислень було створено та надано значення змінним та спискам, що були використанні для проведення обчислень та виведення результатів на екран у вигляді графіку:

*s = []*

*i = []*

*r = []*

*ss = []*

*ii = []*

*rr = []*

*s1 = []*

*i1 = []*

*r1 = []*

*ss = s*

*ii = i*

*rr = r*

*s2 = []*

*i2 = []*

*r2 = []*

*s1 = s*

*i1 = i*

*r1 = r*

*s2.append(ss[e])*

*i2.append(ii[e])*

*r2.append(rr[e])*

В основі алгоритму лежать цикл *for t1 in range(t)*, який повторюється до досягнення змінної t1 значення t, введеної користувачем та вкладеним в попередній цикл *for q in range(c)*, повторюваний с кількість разів. Змінна с обчислюється за формулою: *c = int(abs(a – b) + 1).* Таким чином за допомогою двох циклів ми можемо обчислити зміну кількості особин всіх популяцій у момент *t*.

Для виведення графіку зміни кількості здорових, інфікованих та тих, що одужали груп популяції в певній координаті, було створено умову if q == e, при якій коли значення q дорівнює значенню змінної е, введеної користувачем, відбувається запис потрібних значень у нові списки:

*if q == e:*

*s2.append(ss[q])*

*i2.append(ii[q])*

*r2.append(rr[q])*

Для виключення нерелевантних результатів було створено умову, що завершує цикл та виводить графік при досягненні критичних значень:

*if (ii[q] < 0) or (ss[q] < 0) or (rr[q] < 0):*

*tt = np.arange(0, (t1 + 1))*

*plt.title('Графік зміни кількості чутливих, інфікованих та здорових особин')*

*plt.xlabel('Час')*

*print('i2.1', i2)*

*print('s2.1', s2)*

*print('r2.1', r2)*

*plt.ylabel('Особин')*

*plt.plot(tt, s2, label='Чутливі')*

*plt.plot(tt, i2, label='Інфіковані')*

*plt.plot(tt, r2, label='Здорові')*

*leg = plt.legend(loc='upper left')*

*plt.show()*

*sys.exit()*

Якщо критичні значення не було досягнути виконуються обчислення з різними умовами:

*if a - b == 0:*

*s1[0] = s[0] + (-x \* s[0] \* i[0])*

*i1[0] = i[0] + (x \* s[0] \* i[0] - y \* i[0])*

*r1[0] = r[0] + (y \* i[0])*

*s[0] = s1[0]*

*i[0] = i1[0]*

*r[0] = r1[0]*

*rr.append(r[0])*

*ii.append(i[0])*

*ss.append(s[0])*

－виконується коли користувач ввів одиничний список і не використовує дифузійну компоненту,

в іншому випадку відбуваються обчислення з використанням дифузійної компоненти, які поділяються на 3 випадки:

*if q == 0:*

*s1[0] = s[0] + (-x \* s[0] \* i[0] + d \* ((s[1] - 2 \* s[0]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))*

*i1[0] = i[0] + (x \* s[0] \* i[0] - y \* i[0] + d \* ((i[1] - 2 \* i[0]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))*

*r1[0] = r[0] + (y \* i[0] + d \* ((r[1] - 2 \* r[0]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))*

*s[0] = s1[0]*

*i[0] = i1[0]*

*r[0] = r1[0]*

－ виконується коли координата є гранично малою,

*elif q == int(abs(a - b)):*

*s1[-1] = s[-1] + (-x \* s[-1] \* i[-1] + d \* ((-2 \* s[-1] + s[-2]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))*

*1[-1] = i[-1] + (x \* s[-1] \* i[-1] - y \* i[-1] + d \* ((-2 \* i[-1] + i[-2]) / ((float(a - b))\*\* 2)))*

*r1[-1] = r[-1] + (y \* i[-1] + d \* ((-2 \* r[-1] + r[-2]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))*

*s[-1] = s1[-1]*

*i[-1] = i1[-1]*

*r[-1] = r1[-1]*

－ виконується коли координата є гранично великою та

else:

s1[q] = s[q] + (-x \* s[q] \* i[q] + d \* ((s[q + 1] - 2 \* s[q] + s[q - 1]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))

i1[q] = i[q] + (x \* s[q] \* i[q] - y \* i[q] + d \* ((i[q + 1] - 2 \* i[q] + i[q - 1]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))

r1[q] = r[q] + (y \* i[q] + d \* ((r[q + 1] - 2 \* r[q] + r[q - 1]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))

s[q] = s1[q]

i[q] = i1[q]

r[q] = r1[q]

－ виконується коли координата не є граничною. Перші два випадки включають в себе обмежене використання дифузійної компоненти. Після виконання обчислень відбувається перезапис списків, оскільки для обчислень використовується значення попереньої по часу ітерації списку.

У останній частині виконується створення, виведення графіку на екран та збереження його у файл формату .png за допомогою бібліотеки matplotlib:

*tt = np.arange(0, t, 1)*

*print('i2.2', i2)*

*print('s2.2', s2)*

*print('r2.2', r2)*

*plt.title('Графік зміни кількості чутливих, інфікованих та здорових особин')*

*plt.xlabel('Час')*

*plt.ylabel('Особин')*

*plt.plot(tt, s2, label='Чутливі')*

*plt.plot(tt, i2, label='Інфіковані')*

*plt.plot(tt, r2, label='Здорові')*

*leg = plt.legend(loc='upper left')*

*plt.savefig('my\_plot.png')*

*plt.show()*

# Висновки

При виконанні дослідження було розкрито теоретичні аспекти моделювання процесу розповсюдження інфекційних захворювань. Також на основі статистичного матеріалу здійснено структурний аналіз проблематики впливу просторових ефектів на розповсюдження інфекції. На основі цього було визначено шляхи вдосконалення стандартної SIR моделі.

У першій частині було визначено основні поняття щодо інфекційних захворювань та захворюваності, проаналізовано SIR, SEIR моделі та їх модифікація для моделювання розповсюдження COVID-19. Інфекційні захворювання це розлади здоров'я людей, тварин, рослин у вигляді хвороби, які спричиняють збудники – віруси, різноманітні бактерії, найпростіші, паразитичні гриби, гельмінти, продукти їхньої життєдіяльності (екзотоксини, ендотоксини), патогенні білки – пріони, здатні передаватися від заражених організмів здоровим і схильні до масового поширення.

У другому розділі роботи було здійснено аналіз впливу просторових ефектів на розповсюдження інфекційного захворювання. Рух людини відіграє ключову роль у поширенні інфекційних захворювань, що призводить до просторової неоднорідності передачі захворювань. Людський рух покращує зв’язок між віддаленими громадами людей, тим самим сприяючи поширенню інфекцій. Було помічено, що люди схильні дотримуватися простих відтворюваних моделей рухів, властивість, яка може відігравати ключову роль у контролі епідемії. На цій основі в роботі запропоновано модифікації класичних SIR та SEIR моделей для урахування просторових ефектів, пов’язаних з короткостроковими переміщеннями особин шляхом введення додаткових дифузійних компонентів процесу.

У третьому розділі було встановлено шляхи реалізації модифікованих епідеміологічних моделей в середовищі програмування Python. З метою графічного представлення результатів дослідження процесів поширення захворювання на основі запропонованих моделей були використані бібліотеки numpy та matplotlib, які орієнтовані на використання заданої множини значень.

# Список використаних джерел

1. Michael Y. Li An Introduction to Mathematical Modeling of Infectious Diseases : Springer’s Mathematics of Planet Earth Київ: Gewerbestrasse 11, 6330 Cham, Switzerland, 2018. 155 ст.
2. Joakim Sundnes Solving Ordinary Differential Equations in Python: Simula Research Laboratory and Department of Informatics, University of Oslo.: ВМВ, 2020. 6-7 с, 48 с.
3. James John Chirombo Modelling spatial processes of infectious diseases: Faculty of Health and Medicine Lancaster Medical School: 2018. 154 с.
4. Brauer F., Castillo-Chavez C., Feng Z. (2019). Mathematical Models in Epidemiology. New York: Springer.
5. Kermack W.O. McKendrick A.G. (1991). Contributions to the mathematical theory of epidemics–I. Bulletin of Mathematical Biology, Vol. 53, Iss. 1-2, pp. 33–55.
6. Källén A., Arcuri P., Murray J.D. (1985). A simple model for the spatial spread and control of rabies. J. Theor. Biol. Vol. 116, Iss. 3, pp. 377–393.
7. Кристиан Хилл Научное программирование на Python / пер. С анг. А. В. Снастина. – М.: ДМК Пресс, 2021. – 646 с.: ил.
8. Програмування числових методів мовою Python : підруч. / А. В. Анісімов, А. Ю. Дорошенко, С. Д. Погорілий, Я. Ю. Дорогий ; за ред. А. В. Анісімова. – К. : Видавничо-поліграфічний центр «Київський університет», 2014. – 640 с.
9. Епідеміологія [Текст] : Навчальний посібник / Ю. Д. Гоц, І. П. Колеснікова, Г. А. Мохорт. — К. : ВД «Асканія», 2008. — 360 с. — 39-00.
10. Загальна епідеміологія / Н.О. Виноград, З.П. Василишин, Л.П. Козак, Т.А. Романенко. — К. : ВСВ «Медицина», 2010. — 176 с.
11. Куркіна Е.С., Кольцова E.М. Математическое моделирование и прогнозирование распространения эпидемии коронавируса COVID-19 // Проектирование будущего. Проблемы цифровой реальности: труды 4-й Международной конференции (2021 г., Москва). — М.: ИПМ им. М.В.Келдиша, 2021. — С. 178-192.
12. Елкин И.И. Очерки теории эпидемиологии.- М.:Медицина,1960.- 215 с.

# Додаток А

*import sys*

*import matplotlib.pyplot as plt*

*import numpy as np*

*a = int(input("Введіть початкову координату "))*

*b = int(input("Введіть кінцеву координату "))*

*t = int(input("Введіть час "))*

*x = float(input("Введіть коефіцієнт заразності "))*

*y = float(input("Введіть коефіцієнт одужання "))*

*d = float(input("Введіть коефіцієнт дифузії "))*

*e = int(input("Введіть потрібну координату "))*

*c = int(abs(a - b) + 1)*

*e = int(e - a)*

*s = []*

*i = []*

*r = []*

*ss = []*

*ii = []*

*rr = []*

*s1 = []*

*i1 = []*

*r1 = []*

*for q in range(c):*

*s.append(float(input('Введіть кількість чутливих у координаті ')))*

*for q in range(c):*

*i.append(float(input('Введіть кількість інфікованих у координаті ')))*

*for q in range(c):*

*r.append(float(input('Введіть кількість здорових у координаті ')))*

*s1 = s*

*i1 = i*

*r1 = r*

*ss = s*

*ii = i*

*rr = r*

*s2 = []*

*i2 = []*

*r2 = []*

*print('ii1', ii)*

*print('ss1', ss)*

*print('rr1', rr)*

*s2.append(ss[e])*

*i2.append(ii[e])*

*r2.append(rr[e])*

*for t1 in range(t):*

*for q in range(c):*

*if q == e:*

*s2.append(ss[q])*

*i2.append(ii[q])*

*r2.append(rr[q])*

*if (ii[q] < 0) or (ss[q] < 0) or (rr[q] < 0):*

*tt = np.arange(0, (t1 + 1))*

*plt.title('Графік зміни кількості чутливих, інфікованих та здорових особин')*

*plt.xlabel('Час')*

*print('i2.1', i2)*

*print('s2.1', s2)*

*print('r2.1', r2)*

*plt.ylabel('Особин')*

*plt.plot(tt, s2, label='Чутливі')*

*plt.plot(tt, i2, label='Інфіковані')*

*plt.plot(tt, r2, label='Здорові')*

*leg = plt.legend(loc='upper left')*

*plt.show()*

*sys.exit()*

*else:*

*if a - b == 0:*

*s1[0] = s[0] + (-x \* s[0] \* i[0])*

*i1[0] = i[0] + (x \* s[0] \* i[0] - y \* i[0])*

*r1[0] = r[0] + (y \* i[0])*

*s[0] = s1[0]*

*i[0] = i1[0]*

*r[0] = r1[0]*

*rr.append(r[0])*

*ii.append(i[0])*

*ss.append(s[0])*

*else:*

*if q == 0:*

*s1[0] = s[0] + (-x \* s[0] \* i[0] + d \* ((s[1] - 2 \* s[0]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))*

*i1[0] = i[0] + (x \* s[0] \* i[0] - y \* i[0] + d \* ((i[1] - 2 \* i[0]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))*

*r1[0] = r[0] + (y \* i[0] + d \* ((r[1] - 2 \* r[0]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))*

*s[0] = s1[0]*

*i[0] = i1[0]*

*r[0] = r1[0]*

*elif q == int(abs(a - b)):*

*s1[-1] = s[-1] + (-x \* s[-1] \* i[-1] + d \* ((-2 \* s[-1] + s[-2]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))*

*i1[-1] = i[-1] + (x \* s[-1] \* i[-1] - y \* i[-1] + d \* ((-2 \* i[-1] + i[-2]) / ((float(a-b))\*\*2)))*

*r1[-1] = r[-1] + (y \* i[-1] + d \* ((-2 \* r[-1] + r[-2]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))*

*s[-1] = s1[-1]*

*i[-1] = i1[-1]*

*r[-1] = r1[-1]*

*else:*

*s1[q] = s[q] + (-x \* s[q] \* i[q] + d \* ((s[q + 1] - 2 \* s[q] + s[q - 1]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))*

*i1[q] = i[q] + (x \* s[q] \* i[q] - y \* i[q] + d \* ((i[q + 1] - 2 \* i[q]+i[q- 1])/((float(a-b))\*\*2)))*

*r1[q] = r[q] + (y \* i[q] + d \* ((r[q + 1] - 2 \* r[q] + r[q - 1]) / ((float(a - b)) \*\* 2)))*

*s[q] = s1[q]*

*i[q] = i1[q]*

*r[q] = r1[q]*

*ss[q] = s1[q]*

*ii[q] = i1[q]*

*rr[q] = r1[q]*

*tt = np.arange(0, (t+1), 1)*

*print('i2.2', i2)*

*print('s2.2', s2)*

*print('r2.2', r2)*

*plt.title('Графік зміни кількості чутливих, інфікованих та здорових особин')*

*plt.xlabel('Час')*

*plt.ylabel('Особин')*

*plt.plot(tt, s2, label='Чутливі')*

*plt.plot(tt, i2, label='Інфіковані')*

*plt.plot(tt, r2, label='Здорові')*

*leg = plt.legend(loc='upper left')*

*plt.savefig('my\_plot.png')*

*plt.show()*