

Міністерство освіти і науки України  
Національний технічний університет  
«Дніпровська політехніка»  
Інститут електроенергетики  
Факультет інформаційних технологій  
системного аналізу та управління

Кафедра

### ПОЯСНЮВАЛЬНА ЗАПИСКА

кваліфікаційної роботи ступеню магістра

(бакалавра, магістра)

студентки

Антоненко Єлизавети Олексіївни

(ПІБ)

академічної групи

124М-21-1

(шифр)

спеціальності

124 - Системний аналіз

(код і назва спеціальності)

на тему «Математичне моделювання епідемії з урахуванням мобільності»

(назва за наказом ректора)

| Керівники                    | Прізвище,<br>ініціали    | Оцінка за шкалою |               | Підпис |
|------------------------------|--------------------------|------------------|---------------|--------|
|                              |                          | рейтинговою      | інституційною |        |
| Кваліфікаційної<br>роботи    | Гец Т.<br>Коряшкіна Л.С. |                  |               |        |
| розділів:                    |                          |                  |               |        |
| Інформаційно-<br>аналітичний | Гец Т.<br>Коряшкіна Л.С. |                  |               |        |
| Спеціальний                  | Гец Т.<br>Коряшкіна Л.С. |                  |               |        |
|                              |                          |                  |               |        |
| Рецензент                    |                          |                  |               |        |
|                              |                          |                  |               |        |
| Нормоконтролер               | Хом'як Т.В.              |                  |               |        |

Дніпро

2022

**ЗАТВЕРДЖЕНО:**

завідувач кафедри  
Системного аналізу та управління

Желдак Т.А. (підпис) (прізвище,  
ініціали) К.Т.Н, доц.

« \_\_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 20\_\_\_\_  
року

**ЗАВДАННЯ**

на кваліфікаційну роботу  
ступеня магістра

студентці Антоненко Є.О. академічної групи 124м-21-1  
спеціальності 124 Системний аналіз

на тему «Математичне моделювання епідемії з урахуванням мобільності»  
затверджену наказом ректора НТУ «Дніпровська політехніка»  
від 31.10.2022 р. № 1200-с

| Розділ                             | Зміст   | Термін виконання |
|------------------------------------|---|------------------|
| 1. Інформаційно-аналітичний розділ | Дослідити можливі види моделей для конструювання процесу поширення інфекцій та обрати найвлучнішу модель для подальшого використання, описати статистичні дані. |                  |
| 2. Спеціальний розділ              | Побудувати математичну модель з урахуванням мобільності населення, апроксимувати коефіцієнт бета. Розробити програму та зробити аналіз отриманих даних          |                  |

**Завдання видано**

(підпис керівника)

(прізвище, ініціали)

**Дата видачі** 09.07.2022

**Дата подання до екзаменаційної комісії** 16.12.2022

**Прийнято до виконання** Антоненко Є.О.

## РЕФЕРАТ

Пояснювальна записка: 70 с., 8 рис., 2 табл., 3 додатка, 23 джерела.

*Об'єктом дослідження* є процес розповсюдження інфекційного захворювання (на прикладі коронавірусу) з в умовах обмеження переміщення людей між населеними пунктами.

*Предметом дослідження* є зв'язок між маятниковою міграцією та поширенням інфекцій

*Метою роботи* є обґрунтування важливості врахування маяткової міграції (регулярного переміщення населення між двома і більше населеними пунктами, пов'язаного з метою роботи) під час математичного моделювання розповсюдження захворювань.

*Методи дослідження:* моделювання епідеміологічних процесів на основі диференціальних рівнянь, використовуючи SIR модель; підбір коефіцієнтів моделі за допомогою метод половинного ділення; аналіз похибки за допомогою методу найменших квадратів.

*В інформаційно-аналітичному розділі* були розглянуті відомі підходи до моделювання епідеміологічних процесів, такі як моделювання за допомогою SIR моделі і їх різновидів та на основі клітинних автоматів, після аналізу яких було обрано використання SIR моделі у даній кваліфікаційній роботі.

*У спеціальному розділі* за допомогою урахування фактору мобільності населення при моделюванні за допомогою SIR моделі, а також апроксимації на основі вихідних даних, було отримано коефіцієнт бета для умов поставлених задач.

Практична цінність отриманих результатів полягає у тому, що побудовано модифіковану SIR модель з урахуванням маяткового переміщення осіб з одного міста/району до інших, що відбуваються кожного дня; досліджено вплив міграції населення на швидкість поширення інфекції.

*Ключові слова:* ПОЛІГАМНІ МОДЕЛІ В ЕПІДЕМІОЛОГІЇ, МАЯТНИКОВА МІГРАЦІЯ, ІНФЕКЦІЙНА МОДЕЛЬ, СИСТЕМА ДИФЕРЕНЦІАЛЬНИХ РІВНЯНЬ

## ABSTRACT

Explanatory note: 70 pp., 8 figs., 2 tables, 3 annexes, 23 sources.

*The object of the study* is the process of replacing telecommunication equipment by an Internet and communication service provider.

*The subject of the study* is the connection between pendulum migration and the spread of infections.

*The aim of the study* is to justify the importance of taking into account pendulum migration (regular movement of the population between two or more settlements, related to the purpose of work) during mathematical modeling of the spread of diseases.

*Research methods:* modeling of epidemiological processes based on differential equations, using the SIR model; selection of model coefficients using the method of half-division; error analysis using the method of least squares.

*In the first chapter*, well-known approaches to modeling of epidemiological processes were considered, such as modeling using the SIR model and their variants, and cellular automata, after the analysis of which the use of the SIR model was chosen in this paper.

*In the second chapter*, by taking into account the factor of population mobility in modeling using the SIR model, as well as approximation based on the initial data, the beta coefficient was obtained for the conditions of the tasks.

The practical value of the results lies in the fact that a modified SIR model was built taking into account the pendulum movement of people from one city/region to another, which occurs every day; the influence of population migration on the rate of spread of infection was investigated.

*Keywords:* COMPARTMENTAL MODELS IN EPIDEMIOLOGY, PENDULUM MIGRATION, INFECTION MODEL, SYSTEM OF DIFFERENTIAL EQUATIONS

## ЗМІСТ

|   |    |
|---|----|
| <b>ВСТУП</b> .....  | 6  |
| <b>РОЗДІЛ 1. ІНФОРМАЦІЙНО-АНАЛІТИЧНИЙ РОЗДІЛ</b> .....                          | 8  |
| 1.1 Моделювання на основі диференціальних рівнянь .....                         | 10 |
| 1.1.1 SIR модель .....  | 11 |
| 1.1.2 SEIR модель.....  | 14 |
| 1.1.3 SIR модель з життєвою динамікою.....                                      | 15 |
| 1.1.4 SIR модель з вакцинацією.....   | 16 |
| 1.2 Моделювання на основі клітинних автоматів.....                              | 17 |
| 1.3 Вибір моделі .....  | 18 |
| 1.4 Опис статистичних даних .....   | 19 |
| 1.5 Постановка задачі .....   | 21 |
| Висновки до розділу .....   | 25 |
| <b>РОЗДІЛ 2. СПЕЦІАЛЬНИЙ РОЗДІЛ</b> .....                                       | 27 |
| 2.1. Побудова математичної моделі з урахуванням матриці мобільності .....       | 27 |
| 2.2. Метод розв'язання .....  | 35 |
| 2.2.1 Метод Рунге-Кутта 4-го порядку .....                                      | 35 |
| 2.2.2 Модифікований метод половинного ділення.....                              | 38 |
| 2.2.3 Результат роботи програмного коду та аналіз отриманих<br>результатів..... | 41 |
| Висновки до розділу .....   | 47 |
| <b>ВИСНОВКИ</b> .....   | 49 |
| <b>СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ</b> .....   | 51 |
| <b>Додаток А. Відомість матеріалів кваліфікаційної роботи</b> .....             | 54 |
| <b>Додаток Б. Відгук керівника кваліфікаційної роботи</b> .....                 | 55 |
| <b>Додаток В. Лістинг програмного коду</b> .....                                | 56 |

## ВСТУП

Протягом усієї історії, на долю людства випадало багато випробувань, які ставили під питання його виживання та подальший розвиток. Прикладами можуть стати події, які не підконтрольні людям, тобто природні катаклізми, та й ті, що були спровоковані безпосередньо самими людьми, тобто війни та епідемії різних масштабів. Останні, як би це не здавалося дивним, виникають саме через дії населення. Причинами появи частіше за все є щільність населення, вплив на екологію, контакт з попередньо невідомим організму мікробом та недотримання заходів гігієни [12].

Ще декілька років тому складно було уявити, що людство зіткнеться із вірусом, який не тільки стане загрозою для здоров'я людини, але й фундаментально змінить спосіб життя, спілкування та кардинально вплине на взаємодію та переміщення населення. Заради уповільнення поширення інфекції, яка потім носитиме назву COVID-19 та переросте у пандемію, будуть прийняті різноманітні протиепідемічні заходи, але одним із першим та найбільш очевидних та дієвих способів перешкоджання розповсюдження інфекції стало обмеження контакту осіб між собою.

У даній кваліфікаційній роботі розглядаються процеси розповсюдження коронавірусу серед семи міст землі Рейнланд-Пфальц, Німеччина, та досліджується вплив маятникової міграції (регулярного переміщення населення між двома і більше населеними пунктами, пов'язаного з метою роботи) під час математичного моделювання полігамної моделі в епідеміології. Дані про кількість задокументованих випадків виникнення інфекції отримано з Державного інспекційне агентство землі Рейнланд-Пфальц (Landesuntersuchungsamt Rheinland-Pfalz), інформація про переміщення населення з метою роботи здобута з

Федерального агентства з праці (Bundesagentur für Arbeit), статистичні дані обрані за 2019 рік. Для аналізу будуть взяті два періоди: 1) вересень - жовтень 2020-го року, 2) січень - лютий 2021-го року, як наглядні приклади для необмеженого пересування між містами (до запровадження локдауну) та зменшеного переміщення населення (під час локдауну).

## РОЗДІЛ 1

### ІНФОРМАЦІЙНО-АНАЛІТИЧНИЙ РОЗДІЛ

Залежно від природи вірусу, кількості людей, їх місцезнаходження, клімату, санітарних умов, розповсюдження інфекції набувало різних масштабів, найкрупніші з яких уносили життя більше десятків або навіть сотень мільйонів людей.

Завдяки сучасній медицині людство навчилося боротися з різними типами хвороб, які були дуже тяжко виліковними або навіть смертельними століття тому. За кожним виписаним лікарем препаратом пацієнтові стоять роки досліджень, експериментів та моделювань усіх можливих напрямів розвитку того чи іншого вірусу, інфекції та захворювання.

Щоб зрозуміти причини виникнення та поведінку розвитку хвороби, вчені використовують такий прийом як моделювання хвороб. Існують різні види підходів до цього. Один із них це експериментальне моделювання хвороби, тобто штучне відтворення хвороби у лабораторних умовах з метою її дослідження шляхом впливу на неї різними факторами, щоб зрозуміти характер цього захворювання та виявлення способів для його лікування. Одним із найрозповсюдженіших способів дослідити ту чи іншу інфекцію є експерименти на лабораторних тваринах. Але цей процес є дуже складним через комплексність самого факту дослідження впливу хвороби на людину через зараження нею тварини, тому що реакція людини і тварини на один і той же вірус все ж таки відрізняється через різну будову людини і тварини як у фізіологічному, так і в гормонному плані [2, 3].



Другим не менш розповсюдженим способом вивчення інфекції є її математичне моделювання. Саме такі моделі використовують для передбачення поведінки, розвитку та поширення інфекційних захворювань у суспільстві. Саме одну з таких моделей буде використано у цій роботі для аналізу інфекційних даних на прикладі COVID-19. Перші спроби змоделювати базову епідеміологічну модель належать двом шотландським вченим, Андерсону МакКендірку та Вільяму Кермаку, які представили світу математичну модель, що мала успіх у коректному передбаченні та моделюванні інфекційних процесів з-поміж різних груп населення.

Початком коронавірусної пандемії, що триває і досі, прийнято вважати з фіксацією першого випадку невідомого тоді вірусу у місті Ухань, що знаходиться у провінції Хубей, КНР у грудні 2019 року. Через невідомі на той момент характеристики та поведінку цього вірусу, вченим не вдалося ізолювати даний штам, що почав стрімко ширитись по населенню.

SARS-CoV-2, який став причиною пандемії коронавірусу, належить до сімейства коронавірусних, спричиняє захворювання у деяких тварин, таких як ссавці та птахів, та у людей. Слід зауважити, що це захворювання може передаватися від тварин до людини, тим самим вірус, мутуючи та змінюючись, перетинає міжвидовий бар'єр, що робить його набагато складнішим для ізоляції. SARS-CoV-2 також є схожим із SARS-CoV-1, що спричинив спалах хвороби у 2002-2004 роках.

Через швидке поширення коронавірусної хвороби, також відомою під назвою COVID-19, населенням за рахунок різноманітних транспортних засобів по всіх континентах, 11 березня Всесвітня організація охорони здоров'я оголосила поширення COVID-19 пандемією після того, як було задокументовані випадки 118 тисяч захворювань та більше ніж 4 тисячі загиблих у 114 країнах [22].

На момент кінця 2022 року, було зафіксовано декілька хвиль коронавірусу, тобто швидкого зростання випадків захворювань та смертей від того ж самого або іншим мутованим варіантом COVID-19. Задля уповільнення розповсюдження інфекції світом, були вжиті різноманітні заходи, перш за все це майже тотальне обмеження пересування людей між країнами та зменшення переміщення населення всередині держав між містами [10]. Можна впевнено сказати, що таке тотальне обмеження всесвітньої транспортної системи відбулося вперше за весь період існування людства, виходячи з того факту, наскільки вона була розвинена станом на 2019 рік і наскільки скоротилася кількість пасажирських подорожей усіма способами пересування, враховуючи як міжнародні, так і внутрішні. І хоча зараз завдяки декільком локдаунів, дотриманням масочного режиму, дистанціювання та масовій вакцинації темпи поширення коронавірусу уповільнились, але через постійну мутацію COVID-19 та його адаптації до змінюючогося середовища не можна повністю відмовлятися від вищевказаних засобів перешкодження поширення інфекції.

### **1.1 Моделювання на основі диференційних рівнянь**

Як було згадано вище, одним із способів математичного моделювання епідеміологічних процесів є моделювання на основі моделі Кермака - МакКендріка, які у 1927 році вперше представили світу модель, яка найбільш точно описала поведінку та характер розповсюдження інфекції у порівнянні із даними, що зберіглись з попередніх інфекцій. Базуючись на цій моделі, наразі існують безліч її різновидів, які передбачають не тільки наявність лише трьох груп, на які можна поділити населення, серед якого панує вірус, тим самим додаючи проміжні стани або навпаки, додаючи інші стани, тим самим створюючи

альтернативні шляхи переходу з однієї групи до іншої. Яскравим прикладом може стати ефект вакцинації, який дозволяє оминати стадію інфікованих і опинитися у «видалених». Більш детально ці різновиди описано нижче [23].

### 1.1.1 SIR модель

Базова епідеміологічна модель являє собою систему, що складається із трьох диференціальних рівнянь, кожне з яких описує зміну кожної з груп населення за обраний проміжок часу. Для цієї моделі населення поділяється на три групи:

1. S - Susceptible, або “сприйнятливі”: тобто ті люди, які потенційно можуть захворіти при контакті з хворою особою;
2. I - Infected, або “інфіковані”: тобто кількість осіб, які вже захворіли вірусом і потенційно можуть заразити сприйнятливу (S) до цієї хвороби людину при контакті з нею;
3. R - Removed, або “видалені”: тобто кількість осіб, які або одужали після перенесення хвороби з отриманням імунітету або загинули. У даному випадку при запуску симуляції є неможливим точно сказати чи людина успішно пережила хворобу чи померла від неї.

Такий тип моделі носить назву SIR модель, аббревіатура якої відповідає першим літерам назв груп населення, що піддаються зараженню. Важливим пунктом є те, що математичне моделювання відбувається на прикладі закритого суспільства, тобто:

$$S + I + R = N \quad (1)$$

де  $N$  - це загальне число населення, яке включає у себе суму всіх сприйнятливих, інфікованих та видалених осіб на кожному моменті часу симуляції моделі. Це число є постійним і незмінним протягом усього часового відрізка, що розглядається, тим самим вказуючи на те, що система є закритою. Закрита система не передбачає додавання або видалення, в нашому випадку, осіб із загального числа населення [9].

При цьому, кількість людей в кожній з груп із плином часу буде змінюватись, оскільки буде перехід осіб із однієї групи в іншу через розповсюдження інфекції, але загальна кількість людей залишається незмінною.

За швидкість передачі захворювання між інфікованою та сприйнятною особою відповідає коефіцієнт інтенсивності контактів індивідуумів з подальшою передачею інфекції, тобто це число вказує на ймовірність того, що сприйнятлива людина захворіє при контакті з інфікованою особою. В літературі цей коефіцієнт прийнято позначати грецькою літерою бета,  $\beta$ . Значення  $\beta$ , що будуть використані у цій роботі будуть описані нижче.

У свою чергу, у даній моделі існує коефіцієнт, що вказує на частину інфікованих людей, що одужує від хвороби за проміжок часу. Він позначається грецькою літерою гама,  $\gamma$ . Обернене значення цього коефіцієнту показує, скільки днів необхідно для того, щоб заражена людина позбулася хвороби. Слід уточнити, що у базовому випадку, тобто при наявності тільки трьох груп, на які поділяється населення, а саме на сприйнятливих, інфікованих та видалених, при переході до останньої категорії ми не можемо сказати, чи людина одужала і отримала імунітет, чи вона померла від хвороби. Але в обох випадках, якщо особа опинилась у групі “видалених”, вона не може знову стати сприйнятною та захворіти.

Значення  $\gamma$  може варіюватися в залежності від різних факторів, але для моделювання системи у даній роботі було використано  $\gamma = 0.1$ , так само як і було взято це значення для дослідження у статті Контрераса та ін. [4].

Для більш зручного оцінювання активність розповсюдження інфекції використовується інший показник, що носить назву базового репродукційного числа. Він вказує на те число нових інфікованих людей, що з'являються після їхнього контакту із вже захворілою людиною. Цей коефіцієнт позначається як  $R_0$  та вираховується за наступною формулою:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (3)$$

$R_0$  використовують для характеристики напряму (чи хвороба буде поширюватись, чи кількість захворювань буде навпаки зменшуватись) та швидкості розповсюдження. Так, наприклад, розділяють два випадка значень  $R_0$ :

1)  $R_0 > 1$

У цьому випадку, коли бета більше за гаму, можна зробити висновок, що кількість нових інфікованих людей за одиницю часу буде більшою, аніж кількість людей, що буде одужувати від хвороби, тим самим спричиняючи розповсюдженню інфекції серед усього населення [18];

2)  $R_0 < 1$

У цьому випадку, коли бета менше за гаму, можна зробити висновок, що кількість нових інфікованих людей за одиницю часу буде меншою, аніж кількість людей, що буде одужувати від хвороби, тим самим уповільнюючи розвиток інфекції, тобто приводячи її до “згасання”.

Щодо репродуктивного числа COVID-19, значення цього коефіцієнта поки неможливо чітко визначити, оскільки, по-перше, пандемія досі панує у світі і постійно з'являються нові мутовані варіанти коронавірусу, що ускладнюють дослідження та, можна сказати, унеможливають узагальнення цього значення для всього періоду існування пандемії коронавірусу.

SIR модель складається з системи трьох диференціальних рівнянь та має наступний вигляд:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta IS}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta IS}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \end{aligned} \quad (3)$$

Перше диференціальне рівняння описує зміну кількості сприйнятливих осіб у даний період часу, друге описує зміну кількості інфікованих людей у даний період часу, і третє - “видалених” із системи осіб, тобто тих, які або видужали, або померли.

Вищеописана модель є стандартним базовим випадком моделі, що використовується для опису епідеміологічних процесів. Але окрім цього варіанту існують й інші різновиди перетворень цієї системи.

### 1.1.2 SEIR модель

Доволі розповсюдженим типом є SEIR модель, в яку, окрім вже знайомих трьох груп населення, додається врахування групи E - Exposed, що означає тих

осіб, які знаходяться у так званому інкубаційному періоді. Інакше кажучи, це ті люди, в яких вже зафіксовано випадок зараженням інфекцією, але вони не можуть заразити інших сприйнятливих людей при контакті з ними. Тобто це стадія переходу між вразливим до хвороби станом до інфікованого зі здатністю заражати оточуючих.

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta IS}{N}$$

$$\frac{dS}{dt} = \frac{\beta IS}{N} - \alpha E$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha E - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

### 1.1.3 SIR модель з життєвою динамікою

Попередньо описана SIR модель для коректної симуляції передбачала собою роботу у закритому суспільстві, що відкидало сумарну зміну кількості населення на всіх періодах часу. Така модель не враховує кількість людей, що народжується за увесь час моделювання, та кількість людей, що помирає природньою смертю. Цей випадок як раз включено до структури SIR моделі із життєвою динамікою. Для спрощення моделі, будемо враховувати, що коефіцієнт народжуваності та смертності є однаковим і позначається він грецькою літерою  $\mu$ , а  $N$  – це кількість населення згідно з рівнянням (1).

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta S + \mu N - \mu S \\ \frac{dI}{dt} &= \beta S - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R\end{aligned}$$

#### 1.1.4 SIR модель з вакцинацією

Окрім безпосередньо лікування хвороби, коли вона вже вразила людину, було винайдено спосіб зміцнити імунну систему того моменту, як цей вірус потрапить до організму. Перші спроби створити вакцину датуються кількома століттями тому, але засновником та винахідником вакцини вважається англійський лікар Едвард Дженнер, що у 1796 році завдяки багатьом експериментам відкрив спосіб, як можна протистояти зараженню натуральною віспою, епідемія якої на той час вже декілька століть панувала по всьому світові [20].

Принцип вакцинації полягає в тому, щоб підготувати організм до потенційної «зустрічі» із вірусом. Людині, що роблять щеплення, вводиться вакцина, яка містить патоген того чи іншого вірусу, до якого хочуть виробити стійкість імунітету, тим самим спричиняючи антигени реагувати на це втручання. Після того, як організм переборює цю так звану міні-версію хвороби, спеціальні Т-клітини «запам'ятовують», які саме патогени спричинили це захворювання і як на нього реагувати, тобто як позбутися цього вірусу [17, 21].

Також існує SIR модель з урахуванням вакцинації. Саме цей підхід дозволяє убезпечити людей від можливості бути зараженим і заражати інших на



який певний, визначений лікарями та науковцями-дослідниками період часу. Ці строки та властивості можуть бути різними та залежати від типу хвороби, від якої відбувається щеплення, наскільки ця хвороба є дослідженою та наскільки людина піддається впливу вірусу. Включаючи вакцинацію до SIR моделі, людина переходить із групи S у групу R оминаючи стадію інфікування. Для наглядної демонстрації, позначимо кількість людей, що отримали вакцину літерою A, вважаючи, що вакцина дає 100% захист від хвороби без можливості повторного захворювання, а це означає те, що для цієї моделі особи, які були вакцинованими одразу переходять до групи R, що є їх останнім станом.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta S - A \\ \frac{dI}{dt} &= \beta S - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I + A\end{aligned}$$

## 1.2 Моделювання на основі клітинних автоматів

Ще одним підходом до формулювання та дослідження процесу поширення інфекції є моделювання на основі клітинних автоматів. Клітинні автомати базується на дискретній моделі, що передбачає собою розглядання елементів моделі у вигляді решітки певного розміру. Якщо розглядати варіант вирішення поставлених задач (розділ 1.5) у рамках цієї роботи через метод клітинних автоматів, то елементами решітки цієї дискретної моделі будуть люди, що знаходяться у суспільстві під впливом інфекції.

Як і в методі розв'язання диференційними рівняннями, кожна з клітин (осіб) має кінцеву кількість можливих станів, які вона може приймати. В нашому випадку це ті ж самі три групи: сприйнятливі, інфіковані та «видалені». Також процес дослідження розповсюдження інфекції розглядається дискретно, тобто на кожному кроці зміни часу.

Особливістю роботи із клітинними автоматами є те, що у кожного з елементів решітки є так зване коло сусідів, з якими і тільки з якими ця клітина може контактувати за один період часу. Існують багато можливостей впливу на ці правила з метою обмеження залежності даної клітини від сусідніх, тим самим забезпечуючи велику гнучкість, що дозволяє спроектувати модель якомога ближче до бажаного середовища.

Однак, недоліком клітинних автоматів для даних задач є проблематика побудови моделі згідно з вже відомим розподілом переміщення та взаємодією населення різних міст/районів між собою. Методом клітинних автоматів можна дослідити випадкових рух обраної клітини, що не в змозі задовільнити поставлену мету цієї роботи.

У іншому випадку, коли б розглядання поширення вірусу проводилося серед одного населення без наявності переміщень між «сусідніми» суспільствами, то з аналітичної точки зору, за умовою, що кількість населення та кількість інфікованих є досить великим числом, різниця між використанням клітинних автоматів та SIR моделі є мінімальною [11].

### **1.3 Вибір моделі**

Можна із впевненістю сказати, що саме від вибору моделі для подальшої роботи та дослідження залежить якість отриманих у результаті даних та їх придатність для майбутнього адекватного аналізу. Важливість вибору ще полягала в тому, що треба було оцінити наперед, чи буде можливість ускладнити обрану модель згідно з потребами обраного напряму дослідження.

Моделювання на основі клітинних автоматів за точністю не поступається моделюванню на основі диференційних рівнянь. Але, враховуючи поставлені задачі (розділ 1.5) щодо вивчення впливу мобільності між різними окремими суспільствами, було зроблено вибір на користь моделювання за допомогою SIR моделі, оскільки нам вже відома статистика і задача полягає в тому, щоб правильно її вбудувати у концепт вже існуючої моделі, коли як клітинні автомати краще підходять для дослідження випадкового переміщення осіб у невідомій нам кількості та за випадковим маршрутом.

#### **1.4 Опис статистичних даних**

Для даного дослідження були використані наступні вихідні дані:

- Інформація про маятникову міграцію за 2019 та 2020 роки

Це являє собою так звані матриці мобільності, які описує регулярне переміщення населення між двома і більше населеними пунктами, що пов'язане з метою роботи, між сімома містами землі Рейнланд-Пфальц, Німеччина за періоди 2019 та 2020 років. Ці матриці є квадратними і мають однакові назви рядків та стовпчиків. Діагональні елементи матриць містять кількість людей, що залишилися в даному місті, тобто працюють вони в тому ж самому населеному пункті, в якому і мешкають. А саме кількість

індивідуумів, що пересувається, знаходиться поза діагоналлю: переміщення відбувається із міста-строки (тобто, фактично, містом проживання) до міста-стовпчика (міста, де цей індивідуум працює).

- Експериментальні дані про активність переміщень людей

Ці дані являють собою двомірний масив, в одному з яких містяться дати, а в іншому кількість процентів. Ці проценти показують наскільки знизилась або, навпаки, збільшилась мобільність людей у землі Рейнланд-Пфальц у порівнянні із середнім показником відповідного місяця у 2019 році. Ці дані отримані з інформації про дані мобільних мереж і є експериментальними, тому вони не можуть гарантувати стовідсоткову правдивість відображення ситуації на обраний період [5].

- Дані про кількість інфікованих

Дана статистика взята з сайту Інституту Роберта Коха та охоплює діапазон з 5-го червня 2020 року по 24 червня 2022 року. Вона представлена у вигляді таблиці, що знаходиться у файлі Microsoft Excel XML-формату. Дані вже оброблені таким чином, що показують сумарну кількість виявлених інфікованих людей за останні 7 днів на кожен день, при цьому ця кількість нормована для кожних 100000 осіб населення кожного з міст.

- Населення кожного міста

У даному випадку, замість реальних даних про населення кожного з семи міст, які будуть включені до моделювання, було прийнято рішення взяти сумарну кількість людей з матриці мобільності задля зручності розрахунків. Такий підхід суттєво не вплине на якість моделі, оскільки похибка від задокументованої кількості населення в середньому є 2%, якою можна знехтувати.

- Коефіцієнти швидкості поширення інфекції

Дані коефіцієнти взяті із сайту інституту Роберта Коха, на якому, починаючи із 15-го вересня 2020 року, публікуються щоденні звіти (окрім вихідних днів) про кількість інфікованих, тих, що одужали, померлих тощо, а також коефіцієнти, що описують поширення інфекції, у тому числі і базове число репродукцій станом на обраний день [14].

Оскільки дані про кількість інфікованих надані як сума нових захворювань за останні 7 днів з оновленням кожного дня, то під час розробки програмного коду ця матриця мобільності буде збільшена у 7 разів. Таким чином, ми отримаємо сумарну кількість переміщень людей за останній тиждень, тим самим зберігаючи формат вихідних даних з Інституту Роберта Коха.

### 1.5 Постановка задачі

Спираючись на обраний для моделювання спосіб, а саме проектування поширення інфекції за використанням SIR моделі, було сформульовано ряд наступних задач:

1. Реалізувати класичну SIR модель без урахування міграції, використовуючи науково встановлені коефіцієнти поширення інфекцій та одужання на основі вихідних даних;
2. Побудувати модифіковану SIR модель, включивши до неї вплив міграції населення із використанням тих самих вже відомих коефіцієнтів;
3. Настроїти параметри модифікованої SIR моделі. Підібравши коефіцієнт інтенсивності контактів індивідуумів з подальшим їх інфікуванням, спираючись на реальні дані про кількість людей, що захворіли;

#### 4. Порівняти отримані результати, зробити висновки

Дослідження впливу маятникової міграції проводиться у двох напрямках. Перший – порівняння результатів моделювання поширення інфекції коронавірусу за допомогою класичної SIR-моделі та її узагальнення на випадок врахування міграції, коли параметри моделі (коефіцієнт інтенсивності контактів індивідуумів з подальшим інфікуванням та коефіцієнт інтенсивності одужання інфікованих індивідів) є відомими, отриманими з наукових джерел. Другий – настроювання на реальні статистичні дані параметрів моделі без урахування міграції та з введенням до неї матриці мобільності, розрахунок і порівняння чисельності групи інфікованих за допомогою отриманих моделей. Підбір коефіцієнту рівню зараження (за умови фіксованого коефіцієнту інтенсивності одужання) здійснювався за допомогою методу дихотомії для мінімізації функції середньоквадратичного відхилення між даними з Інституту Роберта Коха та даними, що були отримані в результаті симуляції SIR – моделі (класичної та ускладненої).

Для аналізу впливу регулярного переміщення населення та його обмеження на розповсюдження інфекції для моделювання та імплементування поставлених задач було обрано два періоди для порівняння:

- 1) з 1-го вересня 2020 року по 15 жовтня 2020 року (45 днів)

Цей період було обрано як яскравий приклад стабільного (згідно з відомих даних) зросту кількості інфекції. Також у ці дати ще не було запроваджено обмеженості на пересування між містами, що робить даний проміжок часу вдалим прикладом для аналізу розповсюдження вірусу при тому рівню переміщень людей, який був ще до спалаху пандемії. Перше повідомлення про впровадження різних коронавірусних обмежень,

наприклад, обмеження контактів людей шляхом заборони розважальних заходів та масових зборів на квартирах або інших публічних площах; а також інформація про закриття ресторанів і готелів були оголошені федеральним урядом тільки з 28-го жовтня 2020 року [6, 7].

Також саме для цього періоду була обрана матриця мобільності за 2020 рік загалом, тому що на момент 2020 року в Німеччині як посилювались, так і послаблювались різноманітні обмеження, в результаті чого вони і впливали на переміщення людей, оскільки, наприклад, в період одного з найсуворіших локдаунів, що відбувався у березні-квітні 2020 року, люди повинні були мати вагому причину для того, щоб покинути домівку [15]; також були закриті деякі магазини, готелі тощо [16]. Водночас із тим, коли на літній період уряд відмінив майже всі коронавірусні обмеження, окрім масочного режиму, то активність життя і, відповідно, пересування людей з метою роботи повертались до майже звичайного темпу. Тому, беручи статистику за 2020 рік, для моделювання будуть використані так звані усереднені дані по мобільності населення.

2) з 1-го січня 2021 року по 15 лютого 2021 року (45 днів)

Цей період було обрано як яскравий приклад впливу обмеження переміщення людей на швидкість поширення інфекції. На відміну від першого періоду, на той час вже були запроваджені обмежуючі заходи. Також більшість компаній перейшли з безпосередньо роботи у офісі на онлайн або, так званий, гібридний режим, тобто коли працівники частково працюють у офісі, а частково залишаються вдома і працюють онлайн. А так як матриця мобільності являє собою переміщення осіб з метою роботи, то можна зробити припущення, що зміни у даних тим чи іншим способом вплинуть на кінцевий результат моделювання.

Для моделювання SIR моделі за період січня-лютого 2021 року в якості матриці переміщення населення було обрано матрицю, яка базується на експериментальних даних про активність переміщень людей. Як було сказано вище, дані цієї матриці вираховувались для кожного дня відносно відхилення від середнього значення у відносному місяці 2019 року. Але, через відсутність цих так званих помісячних даних за 2019 рік, замість них використовується матриця маятникових міграцій за 2019 рік, тобто ці значення є фіксованими та незмінними упродовж всього періоду моделювання. Саме відносно останньої матриці і буде вираховуватись матриця мобільності для періоду січень-лютий 2021 року, детальне пояснення знаходиться у розділі 2.2.1.

Оскільки ключовим моментом, від якого залежить успіх даного моделювання епідемії, є вибір моделі, то при вирішенні цього питання бралися до уваги усі вищевказані параметри та умови. Для обох випадків для моделювання було обрано стандартну SIR модель, яка не передбачає впливу на процес розвитку и поширення інфекції шляхом вакцинації та також опущено врахування інкубаційного періоду хвороби разом із обов'язковою самоізоляцією при виявленні вірусу в людини.

Додатково, для того, щоб змоделювати процес поширення інфекції, ще необхідно знати коефіцієнт ймовірності передачі захворювання. Оскільки нам вже відомий коефіцієнт про швидкість одужання людей від коронавірусу (він дорівнює 0.1, розділ 1.1.1), то при знайденні середнього значення усіх значень бета за обраний період та користуючись формулою (2), можна знайти середнє значення бета, яке у даній роботі матиме назву «наукова».

Варто зазначити, що при використанні SIR моделі не було враховано впровадження карантинних заходів, тобто обов'язкова самоізоляція до 2х тижнів або раніше при наявності негативного тесту на COVID-19. Також у даній моделі



не було враховано вплив вакцинації, яка на той момент вже почалась на території Німеччини через той факт, що станом на кінець другого періоду, що розглядається у даній роботі, а саме 14 лютого 2021 року, було вакциновано у загальній кількості 4,27 мільйона людей по всій Німеччині [8, 13]. А враховуючи те, що населення Німеччини є приблизно 83,13 мільйона людей (тобто таким чином кількість вакцинованих складає приблизно 5 відсотків), а на початку введення вакцинації в першу чергу її вводили групам ризику (люди з хронічними захворюваннями та люди літнього віку, що автоматично виключає появу їхньої переважної більшості у матриці переміщень населення з метою роботи) та працівникам медичних закладів, то було рішення не враховувати ці дані у моделюванні.

### **Висновки до розділу**

Досягнення науки допомагають людству еволюціонувати та переборювати хвороби, які були фатальними або тяжко переносимими для попередніх поколінь. Серед просто звичайних хвороб багато уваги приділялось епідеміям, їх характерам, поведінкам, способам розповсюдження та можливим методам лікування. Але у сучасному світі ніхто і не міг собі уявити, що навіть маючи найвищий рівень медицини у порівнянні з усіма етапами розвитку людства, увесь світ буде охоплений масштабною хворобою COVID-19, яка потім буде класифікована як пандемія. Особливістю пандемії є те, що, на відміну від епідемії, яка зазвичай виникає локально у якомусь регіоні, вона шириться з високою швидкістю та виходить за рамки однією країни або, як це є у випадку з пандемією коронавірусу, за межі континентів.

Недостатні знання про сімейство коронавірусних та новизну самого різновиду вірусу дозволили йому у короткий час досягти усіх куточків планети. І щоб цей процес хоч якось уповільнити, було прийнято рішення введення тотального локдауну, що передбачало собою повне закриття міжнародних кордонів і обмеженість пересування всередині країн.

Серед багатьох способів моделювання і прогнозування поведінки епідемій, для дослідження було обрано використовувати SIR модель на основі диференціальних рівнянь, яку потім буде модифіковано для урахування впливу мобільності людей на швидкість розповсюдження та поведінки вірусу. І хоча метод, що використовує клітинні автомати за точністю майже не відрізняється від методу диференціальних рівнянь, оскільки поставлена задача передбачає не випадкову міграцію осіб, як це властиво методу клітинних автоматів, а вже конкретно визначену кількість осіб, що пересувається, то для більш простої та зрозумілої реалізації моделі та досягнення поставлених цілей.

Отже, в даній роботі розглядається найбільш базовий випадок поширення інфекції. Зазначену модель узагальнено на випадок врахування зміни численності груп, пов'язаної з міграцією населення. Ускладнення системи диференціальних рівнянь йде за рахунок додавання складових, що описують взаємодії осіб із різних міст, тобто обмін інфекцією відбувається не тільки в рамках закритого суспільства, а з-поміж низки міст.

## РОЗДІЛ 2

### СПЕЦІАЛЬНИЙ РОЗДІЛ

У цьому розділі описується побудова математичної моделі, методи, що були використані під час цього процесу та їх модифікації для вирішення поставлених задач, та за допомогою яких способів відбувалась оцінка отриманих результатів та їх аналіз.

#### **2.1. Побудова математичної моделі з урахуванням матриці мобільності**

Основою для математичного моделювання обрано детерміністичну популяційну SIR модель, в якій населення певного регіону розглядається як сукупність груп, що відображають різний статус індивідів по відношенню до захворювання: 1) кількість сприйнятливих до хвороби осіб (Susceptible – S); 2) інфікованих (Infected – I); 3) «видалених» осіб із системи, маючи на увазі як тих, хто одужав, так і тих, хто помер від хвороби (Removed – R), і, таким чином, виключаючи можливість повторного для них захворювання.

Усередині кожної групи індивіди вважаються нерізними між собою. Чисельності груп змінюються згодом внаслідок переходу індивідів з однієї групи до іншої. Вибір цієї моделі обумовлений її простотою в побудові й використанні, можливістю аналітичного дослідження й легкістю настройки на реальні дані, хоча вона й не враховує інкубаційний період коронавірусу, який прийнято вважати 2 тижнями.

Будуючи дану модель, нашою метою є включення до неї мобільності, або переміщення, населення. Як відомо, стандартна SIR модель створюється для одного суспільства і ефект розглядається тільки для, грубо кажучи, закритого (або майже закритого, як у випадку з SIR моделі з урахуванням життєвої динаміки) суспільства. У даній же роботі, ми розглядатимемо взаємодію семи окремих міст та районів землі Рейнланд-Пфальц, Німеччина. Усі ці міста та райони є сусідами, тому доволі активне маятникове переміщення населення між ними можна спостерігати через дане географічне положення.

Наступні міста:

- Кобленц
- Нойвід

та райони:

- Арвайлер
- Маєн-Кобленц
- Рейн-Гунсрюк
- Рейн-Лан
- Вестервальд

були включені до побудови моделі розповсюдження інфекції.

Нехай є відомі дані по переміщенню населення з метою роботи станом на 2019 та 2020 роки, що далі будуть носити назву матриці мобільності за 2019 і 2020 рік. Таблиці зі значеннями показані в Таблиці 2.1 і Таблиці 2.2 відносно:

Таблиця 2.1

**Матриця переміщення населення з метою роботи за 2019 рік**

|                           | Koblenz, kreisfreie Stadt | Ahrweiler | Mayen-Koblenz | Neuwied | Rhein-Hunsrück-Kreis | Rhein-Lahn-Kreis | Westerwaldkreis |
|---------------------------|---------------------------|-----------|---------------|---------|----------------------|------------------|-----------------|
| Koblenz, kreisfreie Stadt | 101579                    | 303       | 5444          | 1907    | 831                  | 1562             | 1369            |
| Ahrweiler                 | 1365                      | 122371    | 3443          | 1123    | 84                   | 86               | 203             |
| Mayen-Koblenz             | 19688                     | 3061      | 177899        | 6054    | 1301                 | 1215             | 1829            |
| Neuwied                   | 5019                      | 901       | 6426          | 163592  | 198                  | 410              | 2869            |
| Rhein-Hunsrück-Kreis      | 3108                      | 54        | 1125          | 257     | 92084                | 273              | 172             |
| Rhein-Lahn-Kreis          | 5872                      | 77        | 1535          | 649     | 421                  | 110340           | 2419            |
| Westerwaldkreis           | 5564                      | 98        | 2264          | 3185    | 189                  | 2285             | 183598          |

Таблиця 2.2

**Матриця переміщення населення з метою роботи за 2020 рік**

|                           | Koblenz, kreisfreie Stadt | Ahrweiler | Mayen-Koblenz | Neuwied | Rhein-Hunsrück-Kreis | Rhein-Lahn-Kreis | Westerwaldkreis |
|---------------------------|---------------------------|-----------|---------------|---------|----------------------|------------------|-----------------|
| Koblenz, kreisfreie Stadt | 102152                    | 308       | 5444          | 1952    | 820                  | 1601             | 1361            |
| Ahrweiler                 | 1388                      | 121805    | 3509          | 1122    | 87                   | 67               | 168             |
| Mayen-Koblenz             | 19517                     | 3061      | 181752        | 6142    | 1284                 | 1197             | 1833            |
| Neuwied                   | 5021                      | 933       | 6371          | 168529  | 189                  | 404              | 2943            |
| Rhein-Hunsrück-Kreis      | 3135                      | 64        | 1143          | 253     | 98774                | 259              | 172             |
| Rhein-Lahn-Kreis          | 5879                      | 75        | 1578          | 643     | 427                  | 111429           | 2543            |
| Westerwaldkreis           | 5679                      | 115       | 2309          | 3106    | 191                  | 2125             | 188379          |

Даний порядок міст та районів, що вказаний по строках Таблиці 2.1 та Таблиці 2.2, зберігатиметься для усіх подальших змінних, що будуть описані нижче, тобто при присвоєнні кількості загального населення або кількості інфікованих, перший елемент буде відповідати за Кобленц, другий за Арвайлер і так далі.

Нехай матриця мобільності позначається як  $M$  і має розмірність 7 на 7, тоді:

$M_{ij}$  – це кількість людей, що регулярно їздить з міста/району  $i$  до міста/району  $j$ ;

якщо  $i = j$ , то ця кількість людей залишається працювати у місті  $i$ ;

$\sum_{j=1}^7 M_{ij} \quad \forall i = \overline{1,7}$  – загальна кількість населення міста/району  $i$ .

Так як у процесі моделювання використовуються два періоди, для кожного з них використовується окрема бета. Завдяки даним про базове репродукційне число (результати розрахунків яких показані на рисунку 2.1), отриманих зі звітів інституту Роберта Коха (розділ 1.4), були розраховані наступні бета (рис. 2.2):

$$\beta_{science} = R_{avg_0} \cdot \gamma$$

де:

$R_{avg_0}$  – середнє базове репродукційне число. Для вересня-жовтня розраховувалось з 15-го вересня, оскільки це є найпершою датою, для якої розраховувалась дана статистика, по 15-те жовтня; для січня-лютого – з 2-го січня по 14 лютого;

$\gamma$  – гама, коефіцієнт швидкості одужання, що дорівнює 0.1 (розділ 1.4).

```
In [14]: R_0_sep
Out[14]: 1.12
```

```
In [15]: R_0_jan
Out[15]: 0.9325
```

Рисунок 2.1. Значення середніх базових репродукційних чисел для обох періодів

```
In [7]: beta_sep_science
Out[7]: 0.112000000000000002
```

```
In [8]: beta_jan_science
Out[8]: 0.09325
```

Рисунок 2.2. Значення наукових бет для двох періодів

Перейдемо безпосередньо до побудови SIR моделі.

Наша модель складається з 21 диференційного рівняння, а саме 7 рівнянь, що описують зміну сприйнятливих осіб; 7 рівнянь, що описуються інфікованих осіб; та 7 рівнянь, що описують «видалених» осіб для кожного з міст/районів.

У класичній SIR моделі (3) дріб  $\frac{I}{N}$  являв собою відношення кількості інфікованих до загальної кількості населення, показуючи тим самим ймовірність сприйнятливою  $S$  зустрітися з інфікованим  $I$ , якщо загальне число населення становить  $N$ . Користуючись тією ж логікою, отримуємо наступний вигляд SIR моделі з урахуванням мобільності:

$$\frac{dS_i}{dt} = -\beta \cdot S_i \cdot \left( \sum_{j=1, \overline{n}}^n \frac{M_{ji}}{N_j} \cdot \frac{I_j}{N_j} \right)$$

$$\frac{dI_i}{dt} = \beta \cdot S_i \cdot \left( \sum_{j=1, \overline{n}}^n \frac{M_{ji}}{N_j} \cdot \frac{I_j}{N_j} \right) - \gamma I_i \quad \text{для всіх } i = \overline{1, n}$$

$$\frac{dR_i}{dt} = \gamma I_i$$

де:

$n$  – кількість міст/районів,  $n = 7$ ;

$i$  – індекс міста/району, який розглядається в даний момент. У матриці мобільності  $M$ , що описана вище, це є місто/район, з якого виїжджають з метою роботи;

$j$  – індекс міста/району, що в матриці мобільності  $M$ , що описана вище, являє собою пункт призначення з метою роботи;

$\frac{I_j}{N_j}$  – це відношення кількості інфікованих до загальної кількості населення міста/району  $j$ ;

$\frac{M_{ji}}{N_i}$  – це відношення кількості населення, відповідно до матриці мобільності  $M$ , до загальної кількості населення міста/району  $j$ . У випадку, коли  $j = i$ , значення матриці мобільності відповідає кількості людей, які залишаються працювати у даному місті/районі  $j$ , в інших випадках це кількість людей, які подорожують до даного міста/району  $i$  з міста/району  $j$ ;

Відтак, ми замінюємо простий дріб  $\frac{I}{N}$  у рівняннях, що описують зміну сприйнятливих та інфікованих осіб для кожного з міст/районів, на суму, що складається з двох доданків:

- добутку ймовірності зустріти інфікованих у місті/районі  $i$  та ймовірності, що це будуть саме ті люди, які залишились працювати в даному місті
- сума добутків ймовірностей того, що частина людей з міста  $j$ , що подорожують до міста  $i$ , матимуть контакт з інфікованими з міста  $j$

Саме ці доданки враховують вплив постійної маятникової міграції населення між містами.

Для коректного функціонування моделі, необхідно задати початкові значення. У якості вхідних даних були взяті числа, отримані з файлу про кількість інфікованих. Оскільки далі буде розглянуто два випадки за два періоди часу, наша модель буде мати два початкових значення. Варто зауважити, що щоденні дані



про кількість інфікованих надані як сума за попередні 7 днів, тому матриця мобільності (кількість населення кожного з міст/районів) буде збільшена у 7 разів, щоб зберегти вихідне форматування даних.

Початкові дані для періоду з 1 вересня 2020 року по 15 жовтня 2020 року:

- кількість інфікованих взята станом на 1 вересня 2020 року:

$$I0_{sep} = \begin{pmatrix} 4.5198 \\ 24.4483 \\ 14.7733 \\ 21.5298 \\ 8.73657 \\ 8.49191 \\ 13.8028 \end{pmatrix}$$

- кількість «видалених» осіб задля спрощення моделі порахована як сума усіх інфікованих з початку ведення статистики і до 31 серпня 2020 року включно:

$$R0_{sep} = \begin{pmatrix} 421.471 \\ 1024.25 \\ 430.536 \\ 629.747 \\ 280.541 \\ 252.331 \\ 944.507 \end{pmatrix}$$

- кількість сприйнятливих осіб це різниця між загальною кількістю населення та кількістю інфікованих та «видалених» разом:

$$S0_{sep} = \begin{pmatrix} 790539 \\ 899676 \\ 1476880 \\ 1255250 \\ 679222 \\ 848930 \\ 1379320 \end{pmatrix}$$

Початкові дані для періоду з 1 січня 2021 року по 15 лютого 2021 року:

- кількість інфікованих взята станом на 1 вересня 2020 року:

$$I0_{jan} = \begin{pmatrix} 107.006 \\ 118.638 \\ 169.26 \\ 277.734 \\ 80.9589 \\ 167.655 \\ 260.676 \end{pmatrix}$$

- кількість «видалених» осіб задля спрощення моделі порахована як сума усіх інфікованих з початку ведення статистики і до 31 серпня 2020 року включно:

$$R0_{jan} = \begin{pmatrix} 11313.2 \\ 12277.9 \\ 16197 \\ 21707.6 \\ 7709.63 \\ 10088.6 \\ 16473.5 \end{pmatrix}$$

- кількість сприйнятливих осіб це різниця між загальною кількістю населення та кількістю інфікованих та «видалених» разом:

$$S0_{jan} = \begin{pmatrix} 779545 \\ 888328 \\ 1460960 \\ 1233920 \\ 671720 \\ 838935 \\ 1362550 \end{pmatrix}$$

Таким чином, ми отримуємо задачу Коші з початковими даними для обох періодів та системою рівнянь, що складається з 21 диференційного рівняння.

## 2.2. Метод розв'язання

### 2.2.1 Метод Рунге-Кутта 4-го порядку

Для моделювання SIR моделі із маятниковою міграцією було обрано метод Рунге-Кутта 4-го порядку. Цей метод є одним із найчастіше уживаних чисельних методів для розв'язування систем звичайних диференціальних рівнянь та різноманітних задач, що побудовані на їх основі. Також цей метод є одним із найточніших.

Метод Рунге-Кутта 4-го порядку має такий загальний вигляд [19]:

$$y' = f(x, y), \quad y(x_0) = y_0$$

$$y_{n+1} = y_n + \frac{h}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4)$$

$$x_{n+1} = x_n + h$$

$$k_1 = f(x_n, y_n)$$

$$k_2 = f\left(x_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{h}{2}k_1\right)$$

$$k_3 = f\left(x_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{h}{2}k_2\right)$$

$$k_4 = f(x_n + h, y_n + h \cdot k_3)$$

де:

$h$  – це крок інтегрування;

$k$  – коефіцієнти методу Рунге-Кутта;

$x_{n+1}$  – значення в невідомій точці.

Так, розрахування кожного зі значень у відбувається для кожного кроку від  $t_0$  до  $t_1$  із кроком  $h$ .

Зазвичай метод Рунге-Кутта використовують для вирішення задачі Коші, тобто коли треба знайти рішення системи, що має певні вихідні значення.

Таким чином, ми використовуємо метод Рунге-Кутта 4-го порядку для моделювання SIR моделі. Вихідні дані в цьому випадку є початковими даними про кількість інфікованих, сприйнятливих та «видалених» станом на перший день кожного з періодів. Функцією, для якої ми будемо застосовувати цей метод, є безпосередньо SIR модель, структура якої була описана у розділі 2.1. Тому на кожному кроці ітерації методу Рунге-Кутта, ми будемо отримувати нові значення про кількість сприйнятливих, інфікованих та «видалених» осіб для кожного з 7 обраних міст та районів.

При моделюванні розглядатимуться 3 варіанти SIR моделі для кожного з двох обраних періодів:

1. SIR модель, коли для моделювання використовується наукова бета за повною відсутності мобільності. Повна відсутність мобільності представляє собою матрицю, основу на матриці мобільності населення відповідного періоду, де діагональні елементи містять у собі суму усіх елементів рядка, а усі інші елементи дорівнюють нулю. Таким

чином, ми отримуємо 7 окремих міст/районів, які ніяким чином не комунікують між собою, що дає нам можливість побачити нереальний випадок повного перекриття транспортного сполучення між містами та як би відрізнялись результати про кількість інфікованих від реальних даних за наявності переміщень населення між населеними пунктами;

2. SIR модель, коли для моделювання знову використовується наукова бета, але вже враховується пересування людей між містами/районами, беручи відповідну матрицю мобільності;
3. SIR модель, коли для моделювання використовується відповідна матриця мобільності та апроксимована бета, яка вираховується за допомогою методу половинного ділення, який буде описаний нижче. При чому, для періоду вересня-жовтня 2020 року використовується матриця про переміщення населення з метою роботи за 2020 рік, а для періоду з січня по лютий 2021 року, ця матриця будується на основі матриці мобільності 2019 року, змінюючи її відповідно до інформації з експериментальних даних.

Так як усі дані показані у форматі сумарного результату за останні 7 днів, і дана матриця мобільності буде розрахована належним чином, щоб зберегти цю розмірність.

Так, для кожної ітерації, яка являє собою кожен день з 2го по 14 лютого, методу Рунге-Кутта, з матрицею мобільності відбувається наступне:

- а) Рахується 7 окремих матриць мобільності, кожна з яких відповідатиме за матрицю кожного з останніх 7 днів відносно дати, що розглядається під час даної ітерації, змінюючи вихідні дані 2019 року на ту кількість процентів, що містяться у відповідних датах експериментальних даних.

- б) Потім усі ці 7 матриць підсумовуються, що в результаті дає нам матрицю мобільності. Що враховує переміщення за останні 7 днів, тим самим зберігаючи розмірність усіх інших даних у SIR моделі.

### 2.2.2 Модифікований метод половинного ділення

Також, для 3-го варіанту SIR моделі для обох періодів використовується модифікований метод половинного ділення для апроксимації бета [1].

Звичайний метод половинного ділення використовується для знаходження кореню безперервної функції  $f(x)$ , що має значення різні за знаками на кінцях обраного відрізка  $[a, b]$ , із точністю  $\varepsilon$ .

Алгоритм цього методу має наступний вигляд:

1. На обраному відрізку  $[a, b]$  знаходиться середина  $c$ , тобто

$$c = \frac{a + b}{2}$$

2. Перевіряємо три умови:

- а. якщо  $f(c) = 0$ , то  $c$  і є коренем
- б. якщо  $f(a) \cdot f(c) < 0$ , робимо висновок, що корінь знаходиться на відрізку  $[a, c]$ , тому перепривласнюємо  $b$  значення  $c$ , тобто  $b := c$
- с. якщо  $f(c) \cdot f(b) < 0$ , робимо висновок, що корінь знаходиться на відрізку  $[c, b]$ , тому перепривласнюємо  $a$  значення  $c$ , тобто  $a := c$

3. Перевіряється умова зупинки алгоритму:

$$|a - b| < \varepsilon$$

- а. Якщо ця умова не виконується, то перехід до кроку 2

б. Якщо ця умова виконується, то перехід до кроку 4

4. Шуканий корінь буде знаходитись на середині отриманого відрізка, тобто

$$x = \frac{a + b}{2}$$

У даній кваліфікаційній роботі використовується модифікований метод половинного ділення. Оскільки наша мета знайти найближче значення бети для даних про кількість інфікованих за відповідний період із впливом на взаємодію населення даною матрицею мобільності, то функція, для якою ми і шукаємо найкраще значення бети, має наступний вигляд:

$$F(\beta) = \sum_{i=1}^7 \sum_{j=1}^{45} (I_{ij} - \hat{I}_{ij})^2 \rightarrow \min_{0 \leq \beta \leq 4}$$

де:

$i = \overline{1,7}$  – кількість міст/районів, що розглядаються;

$j = \overline{1,45}$  – кількість днів кожного з періодів, що розглядається;

$I_{ij}$  – це сумарна кількість інфікованих у місті  $i$  за останні 7 днів станом на  $j$ -тий день, отриманих за допомогою SIR моделі з методом Рунге-Кутта 4-го порядку;

$\hat{I}_{ij}$  – це сумарна кількість інфікованих у місті  $i$  за останні 7 днів станом на  $j$ -тий день згідно з вихідних даних, отриманих з сайту інституту Роберта Коха;

$0 \leq \beta \leq 4$  – граничні значення бети, які можуть бути отримані в результаті моделювання процесу поширення інфекції.

Мета цієї функції є мінімізувати сумарну квадратичну різницю між статистичними (вихідними) даними та отриманими даними в результаті роботи SIR моделі на основі методу Рунге-Кутта 4-го порядку.

Алгоритм модифікованого методі половинного ділення:

1. Умова закінчення алгоритму:

$$b - a < \varepsilon$$

Якщо вона не виконується, перехід до кроку 2. В іншому випадку перехід до кроку 5.

2. Вводимо нові змінні  $\lambda$  та  $\mu$ , значення яких розраховуються за наступними формулами:

$$\lambda = \frac{a + b - \delta}{2}$$

$$\mu = \frac{a + b + \delta}{2}$$

де  $\delta$  – дуже маленьке число, яке дозволяє відхилитися від середини відрізка

3.
  - а. Встановлюємо  $\beta = \lambda$  та запускаємо SIR модель
  - б. Встановлюємо  $\beta = \mu$  та запускаємо SIR модель
4. Розраховуємо  $F(\lambda)$  та  $F(\mu)$ . Якщо  $F(\mu) > F(\lambda)$ , то  $b := \mu$ , інакше  $a := \mu$ . Перехід до кроку 1.
5. Шукане значення бети встановлюється згідно формули нижче:

$$\beta = \frac{a + b}{2}$$



### 2.2.3 Результат роботи програмного коду та аналіз отриманих результатів

Для дослідження впливу маятникової мобільності населення на швидкість поширення інфекції, порівняємо відхилення між вихідними статистичними даними та результатами, отриманими в результаті моделювання трьох типів моделей, що були описані у розділі 2.2.1.

Тобто, таким чином, ми порівнюємо, яким є відхилення при наступних сценаріях для обох з періодів, що розглядаються:

1. За повної відсутності пересування населення між містами/районами та при використанні наукової бети
2. За наявності пересування населення між містами/районами та при використанні наукової бети
3. За наявності пересування населення між містами/районами та з апроксимацією бети, що спирається на матрицю мобільності, що відповідає кожному з обраних періодів часу

Відхилення для кожного з випадків розраховуються за наступними формулами:

$$sir\_science\_no = \sqrt{\frac{F\_science\_no(\beta)}{7 \cdot 45}}$$

$$sir\_science\_with = \sqrt{\frac{F\_science\_with(\beta)}{7 \cdot 45}}$$

$$sir\_approx\_with = \sqrt{\frac{F(\lambda) + F(\beta)}{2 \cdot 7 \cdot 45}}$$

де:

*sir\_science\_no* – змінна, що відповідає за відхилення статистичних даних від даних, що були отримані при моделюванні моделі на основі наукової бети без наявності мобільності;

*sir\_science\_with* – змінна, що відповідає за відхилення статистичних даних від даних, що були отримані при моделюванні моделі на основі наукової бети із наявністю мобільності;

*sir\_approx\_with* – змінна, що відповідає за відхилення статистичних даних від даних, що були отримані при моделюванні моделі на основі апроксимації бети з наявністю мобільності відповідно до періоду часу

Кожна з цих змінних містить цільову функцію методу половинного ділення, а змінна, що показує на відхилення у разі апроксимації бети, містить середнє значення функцій на кінцях відрізка, отриманого в результаті роботи даного методу. Також, для того щоб отримати помилку, яка буде характеризувати, яким є середньоденне відхилення кількості інфікованих для усіх міст, витягується квадратний рівень, оскільки попередньо для розрахування значення функції  $F$  значення були зведені у квадрат.

Результати обчислень відхилень для періодів вересня-жовтня 2020 року та січня-лютого 2021 року наведені на рисунку 2.3 та 2.4 відповідно:

```

In [207]: sir_sep_science_no
Out[207]: 13.995675498460121

In [208]: sir_sep_science_with
Out[208]: 13.805323970141693

In [209]: sir_sep_approx_with
Out[209]: 13.56947825385649

```

Рис. 2.3. Відхилення від статистичних даних у трьох випадках для вересня-жовтня 2020 року

```

In [210]: sir_jan_science_no
Out[210]: 52.33320563652787

In [211]: sir_jan_science_with
Out[211]: 47.33379240208764

In [212]: sir_jan_approx_with
Out[212]: 46.292473092572266

```

Рис. 2.4. Відхилення від статистичних даних у трьох випадках для січня-лютого 2021 року

Як можна побачити, найбільше відхилення для обох періодів спостерігається у випадку, коли для моделювання поширення інфекції між містами відсутнє переміщення людей, але використовується наукова бета. Найменшим відхиленням для обох періодів є, коли у SIR моделі ми враховуємо як і мобільність населення, так і апроксимуємо бету за допомогою методу половинного ділення. Різниця між похибками випадків з мобільністю та науковою бетою та з мобільністю та апроксимованою бетою є найменшими. Це можна пояснити тим, що апроксимована бета найбільш влучно підходить до ситуації, коли у суспільстві існує тільки переміщення людей з метою роботи. Наукова бета, в свою чергу, включає в себе вплив не тільки «робочого» переміщення, але й пересування з різними цілями, наприклад, з метою шопінгу, візитів до родичів тощо. Результати апроксимованих бета для обох періодів часу зображено на рисунку 2.5.

```
In [184]: beta_sep_with_approx
Out[184]: 0.1137529296875
```

```
In [185]: beta_jan_with_approx
Out[185]: 0.0903212890625
```

Рисунок 2.5. Апроксимовані бета для обох періодів

Так, порівнюючи отримані значення апроксимованих бета (рис. 2.5) з науковими бета для кожного з періодів, отримуємо наступний результат:

$$beta\_sep\_with\_approx - beta\_sep\_science = 1,75297 \cdot 10^{-3}$$

$$beta\_jan\_with\_approx - beta\_jan\_science = -2,92871 \cdot 10^{-3}$$

Як можна бачити, різниця між апроксимованими та науковими бета є малою, але розрахункові бета відрізняються у різні напрямки, тобто для періоду вересня-жовтня 2020 року було отримано бету, яка є більшою за наукову для цього періоду, а для січня-лютого 2021 року навпаки: наукова бета виявилась більшою за апроксимовану.

Подібним чином можемо розрахувати отримане базове репродукційне число для двох періодів на основі апроксимованих бета. Результати розрахунків зображені на рисунку 2.6:

```
In [6]: R0_sep_approx
Out[6]: 1.137529296875
```

```
In [7]: R0_jan_approx
Out[7]: 0.903212890625
```

Рисунок 2.6. Базові репродукційні числа для двох періодів на основі апроксимованих бета

Дану різницю можна пояснити різними початковими даними, на основі яких вираховувалась наукова та апроксимована бета. Так, наприклад, наукова бета вираховувалась на основі даних інституту Роберта Коха, з чого можна зробити

висновок, що для встановлення базового репродукційного числа використовувалась набагато більша кількість різноманітних даних з джерел, доступ до яких дуже складно або неможливо отримати для написання даної кваліфікаційної роботи. Водночас, для апроксимування бети були використані загальні дані про мобільність тільки з метою роботи, тим самим не враховуючи можливі переміщення населення з метою шопінгу, візитів до родичів або інших персональних причин.

Таким чином, отримане базове репродукційне число за період вересня-жовтня 2020 року (рис. 2.6) є більшим за середнє базове репродукційне число за той же період, що розраховувалось за науковими даними (рис. 2.1), тому що, як було сказано вище, матриця мобільності у моделюванні враховувала лише регулярну маятникову мобільність населення з метою роботи, чим в результаті зменшувала загальну кількість людей, що враховувались під час моделювання. Оскільки апроксимація відбувалась на основі вже відомих даних про кількість інфікованих, з точки зору математики хвороба мала поширюватись швидше, щоб у підсумку кількість захворілих була якнайближчою до реальних даних.

Аналогічним образом можна пояснити, чому апроксимоване базове репродукційне число за січень-лютий 2021 року є меншим за середнє базове репродукційне число за той же період. Через ті самі причини про різницю інформації про переміщення населення і мету про пошуки найближчого значення до відомих даних про кількість інфікованих, оскільки кількість людей, яка використовувалась в моделюванні переміщення, є насправді меншою, аніж приймало участь у цьому процесі в реальному житті, хвороба розповсюджувалась менше, ніж було прораховано вченими.

На рисунках 2.7 та 2.8 для вересня-жовтня 2020 року та січня-лютого 2021 року відповідно зображені 7 графіків, кожен з яких демонструє для кожного

міста/району окремо, як змінюється кількість інфікованих на коронавірус згідно з кожною з трьох варіантів моделей, що описані вище. Додатково, на кожен з графіків було виведено лінію, що показує реальну кількість інфікованих згідно з вихідних даних з інституту Роберта Коха.

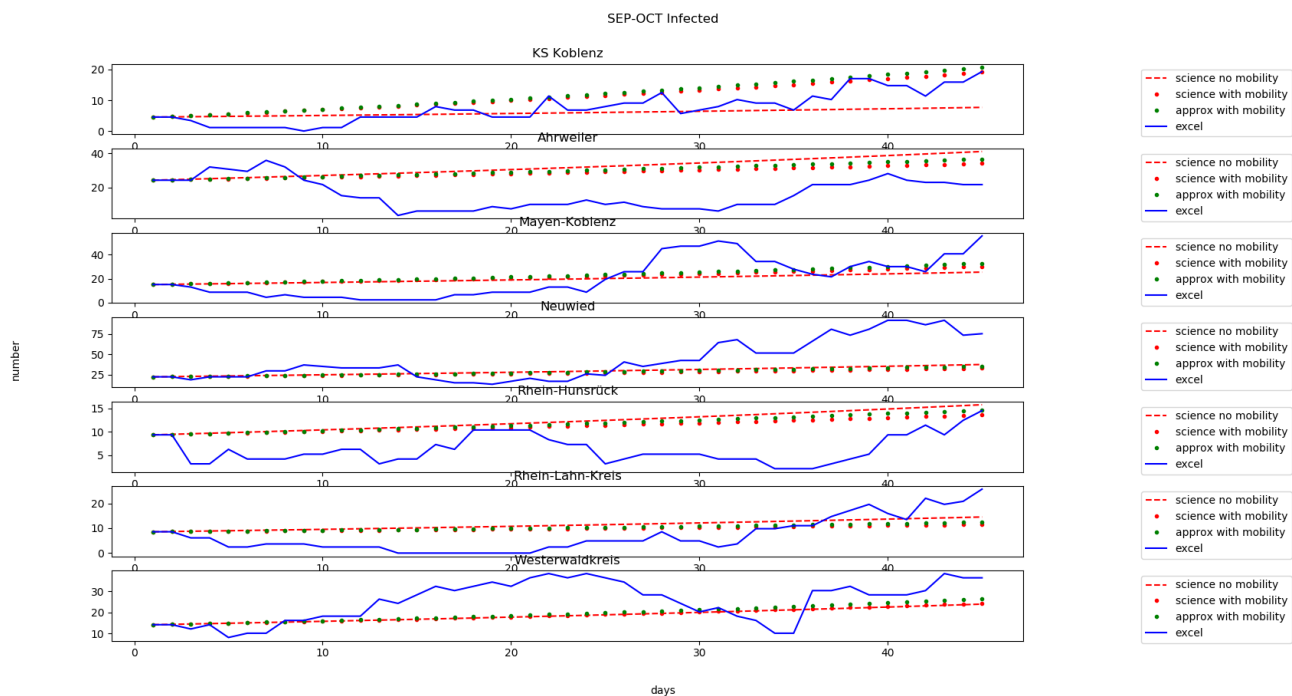


Рис. 2.7. Графічне відображення отриманих результатів трьох симуляцій SIR моделей і статистичних даних за період вересня-жовтня 2020 року

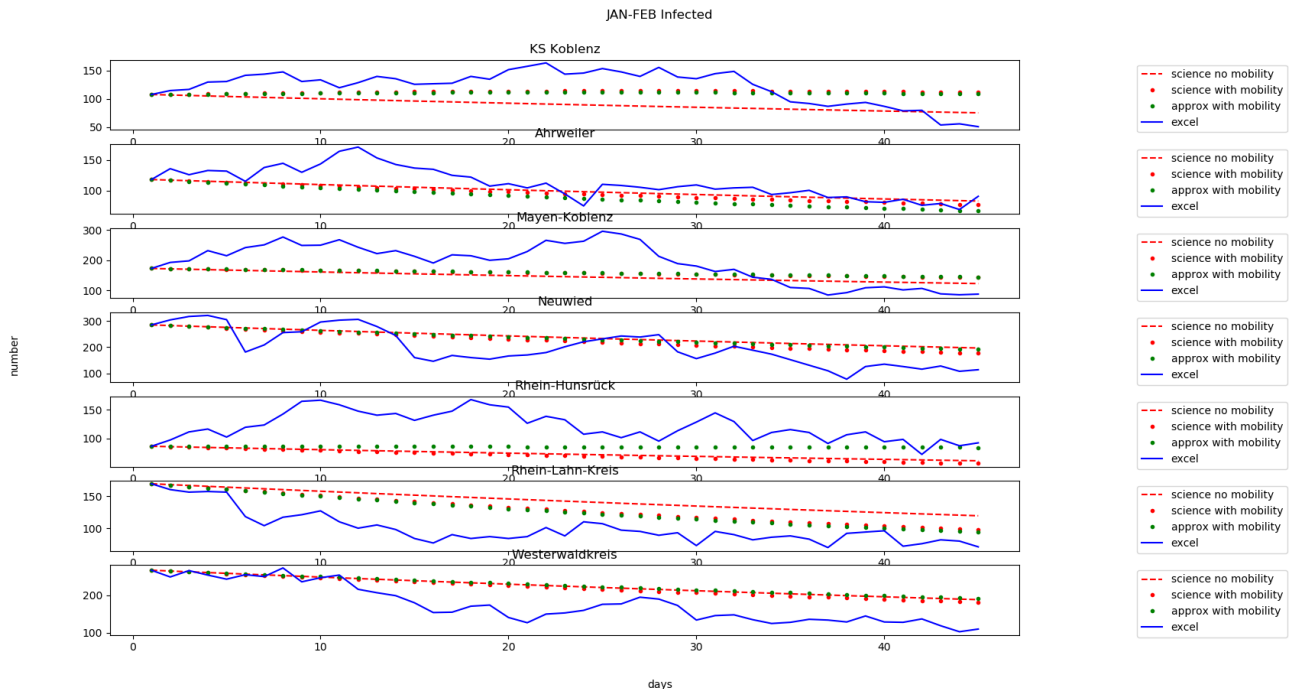


Рис. 2.8. Графічне відображення отриманих результатів трьох симуляцій SIR моделей і статистичних даних за період січня-лютого 2021 року

## Висновки до розділу

У цьому розділі були розглянуті методи, що були використані для виконання задач, сформульованих у розділі 1. Для досягнення поставлених цілей стандартні методи були модифіковані, оскільки початкові їхні варіанти не передбачали вирішення задач, поставлених у даній кваліфікаційній роботі.

Побудова математичної моделі була зроблена на основі SIR моделі із додаванням до складу класичних рівнянь, що характеризують зміну кількості сприйнятливих, інфікованих та «видалених» осіб, доданків, що описують взаємодію людей, тобто процес переміщення людей з одного міста/району в усі

інші. Таких змін зазнали саме рівняння, що описують сприйнятливих та інфікованих, оскільки саме ці групи людей взаємовпливають одна на одну.

Також, у якості чисельного методу для створення SIR моделі було обрано метод Рунге-Кутта 4-го порядку. Слід зазначити, що при обчисленні даних за період січня-лютого 2021 року, матриця мобільності змінювалась на етапі кожної ітерації даного методу, тобто кожного дня вона оновлювалась, оскільки для обчислення нової матриці мобільності на даний період використовувались дані з щоденною зміною у активності переміщення людей.

Для апроксимації бети було використано модифікований метод половинного ділення, який дозволив знайти найближче значення бета, яке мінімізує квадрат відхилення статистичних даних від отриманих в результаті роботи SIR моделі.

Таким чином, було отримано апроксимовані значення бети для двох періодів. Значення цих бета відрізняються від наукових, але є достатньо близькими, що вказує на коректну побудову моделі. На основі апроксимованих бета також були враховані базові репродукційні числа для кожного з періодів. Різниця між отриманими значеннями цих коефіцієнтів та наукових пояснюється різними у кількості людей, що приймали участь у переміщенні і згодом були враховані у матриці мобільності.

Результати про кількість інфікованих, що були отримані в результаті моделювання для трьох випадків, і вихідні результати з інституту Роберта Коха для обох періодів було візуалізовано для наглядної ілюстрації про вплив урахування маятникової міграції на результат моделювання процесу поширення інфекції на прикладі COVID-19.



## ВИСНОВКИ

Завдяки еволюції кожне наступне покоління людство вчилася долати проблеми, які виникали на його шляху, краще, аніж попереднє. Це стосується як технологічного прогресу, умов виживання, так і прориву у сфері медицини. Яскравим прикладом може стати найпростіший факт того, що середня тривалість життя нині є як мінімум удвічі більшою за часів епохи Середньовіччя. Багато хвороб, які спричиняли неминучу смерть, зараз для сучасної людини вони є виліковними, а деякі з тих хвороб вже взагалі не існують.

Однак разом із розвитком людства, еволюціонують і віруси. Так, за багато століть лікарі навчилися боротися із різними типами захворювань або винайшли способи, як мінімізувати вплив або стримати розвиток хвороби. Але у реаліях сучасного світу було важко уявити, що зможе з'явитись такий вірус, до якого ані медики, ані все населення планети Земля не буде готовим.

SARS-CoV-2, або простіше кажучи коронавірус, це інфекційна хвороба, яка паразитувала усі населені ділянки планети. Завдяки тому факту, що на той момент цей тип захворювання не був достатньо вивченим, його розповсюдження було стрімким, наслідки фатальними, що призвело до суворих обмежень транспортної системи земної кулі та контакту людей один з одним, яких досі людство не бачило.

Саме останні пункти і стали одними з основних ключів до відповіді на питання, що впливає на швидке поширення вірусу і як цей процес уповільнити. Таким чином, метою даної кваліфікаційної роботи стало дослідження впливу інтенсивності регулярних переміщень населення між населеними пунктами на характер передачі інфекції серед осіб.

Для моделювання цього процесу було застосовано SIR модель на основі чисельного методу Рунге-Кутта 4-го порядку. Узагалом було розглянуто три

випадки моделі на двох періодах часу. Дані періоди були обрані як протилежність один одному для порівняння результатів поширення інфекції, коли застосування протиепідемічних заходів майже не було і коли вони були одними з найжорсткіших за увесь час, починаючи з березня 2020 року.

Три випадки моделі поділялись на перший, коли для моделювання використовувалась наукова, вже вирахована бета (ймовірність передачі захворювання від інфікованої особи до сприйнятливої) науковцями за відсутності мобільності між містами, другий, коли використовувалась та ж наукова бета, але SIR модель була ускладнена урахуванням переміщення осіб між населеними пунктами, та третій, коли, окрім ускладненої SIR моделі, за допомогою модифікованого методу половинного ділення апроксимувалась бета.

Результати усіх трьох моделей були візуалізовані та прораховані квадратичні відхилення їхніх результатів від реальних результатів кількості інфікованих, отриманих з сайту інституту Роберта Коха.

Проаналізувавши отримані результати, було зроблено висновок, що так, дійсно, врахування регулярних переміщень населення між містами дає можливість значно уточнити вже відому SIR модель, а незначне відхилення підібраної бети від вже прорахованою науковцями свідчить про те, що змінений метод половинного ділення є влучним для підрахунку потенційної ймовірності зараження людей вірусом. Також обґрунтовано наявність різниці між базовими репродукційними числами, які розраховувалися на основі наукових даних, та отриманими в результаті моделювання та апроксимації.

## СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Кветний Р.Н., Богач І.В., Бойко О.Р., Софіна О.Ю., Шушура О.М. Комп'ютерне моделювання системи процесів. Методи обчислень. Частина 1. URL:  
[https://web.posibnyky.vntu.edu.ua/fksa/2kvetnyj\\_komp%27yuterne\\_modelyuvanny\\_a\\_system\\_procesiv/t1/311.htm](https://web.posibnyky.vntu.edu.ua/fksa/2kvetnyj_komp%27yuterne_modelyuvanny_a_system_procesiv/t1/311.htm)
2. ПВНЗ "Київський медичний університет". "Екзаменаційні питання з Патологічної Фізіології". URL: <https://studfile.net/preview/6802261/page:2/>
3. Фармацевтична енциклопедія. "Модель хвороби". URL:  
<https://www.pharmencyclopedia.com.ua/article/1490/model-xvorobi>
4. Contreras S., Dehning J., Loidolt M. et al. The challenges of containing SARS-CoV-2 via test-trace-and-isolate. Nat Commun. 2021. Vol 12. No 378. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-20699-8>
5. Destatis Statistisches Bundesamt. "Experimental data. Mobility indicators based on mobile network data". URL:  
<https://www.destatis.de/EN/Service/EXDAT/Datensaetze/mobility-indicators-mobilephone.html>
6. Deutsche Welle. "Chronology: How COVID has spread in Germany". URL:  
<https://www.dw.com/en/covid-how-germany-battles-the-pandemic-a-chronology/a-58026877>
7. Deutschland.de. "Latest coronavirus updates". URL:  
<https://www.deutschland.de/en/news/coronavirus-in-germany-information>

8. Google Новини. "Коронавірус (COVID-19)". URL: <https://news.google.com/covid19/map?hl=uk&gl=UA&ceid=UA%3Auk&state=4&pinned=%2Fm%2F0345h&mid=%2Fm%2F0345h>
9. Jones J.H. Notes On R0. Stanford University, Department of Anthropological Sciences. 2007. URL: <https://web.stanford.edu/~jhj1/teachingdocs/Jones-on-R0.pdf>
10. Lin L., Zhao Y., Chen B., He D. Multiple COVID-19 Waves and Vaccination Effectiveness in the United States. *Int. J. Environ. Res. Public Health*. 2022. Vol. 19. No 3. 2282 p. <https://doi.org/10.3390/ijerph19042282>
11. Miksch F., Haim C., Schneckenreither G., Breitenecker F. Comparison of Differential Equations and Cellular Automata for Epidemic Simulation. In A. Zemva (Ed.). ERK - International Electrotechnical and Computer Science Conference. 2013. 137-140 pp. <http://hdl.handle.net/20.500.12708/41261>
12. Morse S.S. Factors in the emergence of infectious diseases: *EID Journal*. 1995 Vol 1. No 1. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2626828/>
13. Our World in Data. "Coronavirus (COVID-19) Vaccinations". URL: <https://ourworldindata.org/covid-vaccinations?country=DEU>
14. Robert Koch Institut. "Situation reports from Monday to Friday". URL: [https://www.rki.de/EN/Content/infections/epidemiology/outbreaks/COVID-19/Situationsberichte\\_Tab.html](https://www.rki.de/EN/Content/infections/epidemiology/outbreaks/COVID-19/Situationsberichte_Tab.html)
15. The Berlin Spectator. "Chronology 2020: Germany and the Corona Pandemic". URL: <https://berlinspectator.com/2020/12/20/chronology-germany-and-the-coronavirus-8/>
16. The Berlin Spectator. "Merkel: 'Germany Far Away from Target Values', Corona Restrictions Prolonged". URL: <https://berlinspectator.com/2020/12/03/merkel-germany-far-away-from-target-values-corona-restrictions-prolonged/>
17. Wellcome. "Why do we need vaccines?". URL: <https://wellcome.org/news/why-do-we-need-vaccines>

18. Wikipedia. "Basic Reproduction Number." 13 Apr. 2020. URL: [en.wikipedia.org/wiki/Basic\\_reproduction\\_number](https://en.wikipedia.org/wiki/Basic_reproduction_number).
19. Wikipedia. "Runge-Kutta methods". URL: [https://en.wikipedia.org/wiki/Runge%E2%80%93Kutta\\_methods](https://en.wikipedia.org/wiki/Runge%E2%80%93Kutta_methods)
20. World Health Organization. "A Brief History of Vaccination". URL: <https://www.who.int/news-room/spotlight/history-of-vaccination/a-brief-history-of-vaccination>
21. World Health Organization. "How do vaccines work?". URL: <https://www.who.int/news-room/feature-stories/detail/how-do-vaccines-work>
22. World Health Organization. "WHO Director-General's opening remarks at the media briefing on COVID-19 - 11 March 2020". URL: <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19---11-march-2020>
23. Youtube. The MATH of Epidemics | Variants of the SIR Model. URL: <https://www.youtube.com/watch?v=f1a8JYAixXU>

## Додаток А. Відомість матеріалів кваліфікаційної роботи

### Таблиця А.1 – Відомість матеріалів дипломної роботи

| № з/п    | Позначення          | Назва                            | Кількість | Примітки            |
|----------|---------------------|----------------------------------|-----------|---------------------|
| 1        |                     |                                  |           |                     |
| 2        |                     | Документація                     |           |                     |
| 3        |                     |                                  |           |                     |
| 4        | САУ.КР.22.01.ДА.ПЗ. | Пояснювальна записка             | 70        | Формат А4           |
| 5        |                     |                                  |           |                     |
| 6        |                     | Демонстраційні матеріали         | №2        | Презентація на CD-R |
| 7        |                     |                                  |           |                     |
| 8        |                     | Копія роботи                     | 1         | Диск CD-R           |
| 9        |                     |                                  |           |                     |
| 10       |                     |                                  |           |                     |
| 11       |                     |                                  |           |                     |
| 12       |                     |                                  |           |                     |
| 13       |                     |                                  |           |                     |
| 14       |                     |                                  |           |                     |
| 15       |                     |                                  |           |                     |
| 16       |                     |                                  |           |                     |
| 17       |                     |                                  |           |                     |
| 18       |                     |                                  |           |                     |
|          |                     |                                  |           | САУ.КР.22.01.ДА.ПЗ. |
| Змін.    | Аркуш               | № докум.                         | Підпис    | Дата                |
| Розроб.  |                     | Антоненко                        |           |                     |
| К. розд. |                     | Гец,<br>Коряшкіна                |           |                     |
| Керівн.  |                     | Гец,<br>Коряшкіна                |           |                     |
|          |                     | <b>Матеріали кваліфікаційної</b> | Літ.      | Аркуш               |
|          |                     |                                  |           | Аркушів             |
|          |                     |                                  | НТУ «ДП», |                     |

|           |        |  |  |        |               |
|-----------|--------|--|--|--------|---------------|
| Н.контр.  | Хом'як |  |  | роботи | 12; 124м-21-1 |
| Зав. каф. | Желдак |  |  |        |               |

## Додаток Б. Відгук керівника кваліфікаційної роботи

### Відгук на кваліфікаційну роботу магістра студентки групи 124-21м-1 Антоненко Єлизавети Олексіївни спеціальності 124 Системний аналіз

**Тема** роботи: Математичне моделювання епідемії з урахуванням мобільності

**Обсяг** дипломної роботи: 70 стор., 8 рис., 2 табл., 3 додатка, 23 джерела.

**Мета** дипломної роботи: обґрунтування важливості врахування маятникової міграції (регулярного переміщення населення між двома і більше населеними пунктами, пов'язаного з метою роботи) під час математичного моделювання розповсюдження захворювань

**Актуальність** теми обумовлена необхідністю проведення досліджень, пов'язаних з виявленням суттєвих факторів, що впливають на швидкість поширення різних захворювань, задля своєчасного реагування на появу інфекції.

**Тема** дипломної роботи безпосередньо пов'язана з об'єктом діяльності бакалавра спеціальності 124 «Системний аналіз». В роботі використовуються: теоретичний аналіз літературних джерел, математичне моделювання динамічних процесів, методи розв'язання задачі умовної оптимізації.

Виконані в кваліфікаційній роботі завдання **відповідають** вимогам до професійної діяльності фахівця освітньо-кваліфікаційного рівня магістра.

**Практичне значення** результатів роботи полягає у тому, що було експериментально підтверджено зв'язок між швидкістю поширення інфекції та маятиковою мобільністю населення.

**Висновки** підтверджують можливість використання результатів досліджень на практиці під час обґрунтування превентивних заходів щодо запобігання поширення епідемій.

Результати досліджень представлені на двох науково-практичних конференціях.

До роботи зауважень не маю.

Дипломна робота в цілому заслуговує на оцінку «відмінно» (95 балів).

З урахуванням висловлених зауважень Антоненко Є. заслугоує присвоєння освітньої кваліфікації «магістр з системного аналізу».

Керівник кваліфікаційної роботи магістра  
к.ф.-м.н., доц.

Л.С. Коряшкіна

## Додаток В. Лістинг програмного коду

```

%%
# ІМПОРТ БІБЛІОТЕК
# LIBRARIES IMPORT

import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from scipy.integrate import odeint
import pandas as pd
from datetime import datetime

%%
# =====
#          ЧИТАННЯ З ФАЙЛУ ЗАХВОРЮВАНЬ
#          //
#          READING INFECTION DATA
# =====

def read_inf_data():

    excel_inf = pd.read_excel('Inzidenzen_Corona_RLP.xlsx',
                             sheet_name='7 cities cases',
                             converters={'Date': str})
    excel_inf_list_values = excel_inf.values.tolist()
    list1 = [list(i) for i in zip(*excel_inf_list_values)]
    cities_inf = list1[0]
    infections_t = list1[1:]
    infections = [list(i) for i in zip(*infections_t)]
    data_top = excel_inf.keys()
    dates = data_top[1:].values.tolist()
    return dates, infections, cities_inf

```



```

dates, infections, cities_inf = read_inf_data()
#%%
# =====
#          ЧИТАННЯ З ФАЙЛУ ПЕРЕМІЩЕНЬ
#          //
#          READING MOBILITY MATRIX
# =====

excel_mob_2019 = pd.read_excel('Mobility Matrix_RP.xlsx',
                              sheet_name='7 cities mobility 2019')

excel_mob_2020 = pd.read_excel('Mobility Matrix_RP.xlsx',
                              sheet_name='7 cities mobility 2020')

def read_mob_data(excel_mob):

    excel_mob_list_values = excel_mob.values.tolist()
    list1_mob = [list(i) for i in zip(*excel_mob_list_values)]
    cities_mob = list1_mob[0]
    M_t = list1_mob[1:]
    M_old = [list(i) for i in zip(*M_t)]
    M = np.zeros((7,7))
    for i in range(len(M_old)):
        M[i] = [j * 7 for j in M_old[i]]
    return M

M_2019 = read_mob_data(excel_mob_2019)
M_2020 = read_mob_data(excel_mob_2020)

#%%
# МАТРИЦЯ БЕЗ МОБІЛЬНОСТІ
# NO MOBILITY MATRIX

def no_mobility_matrix(M):

    M_no = np.zeros((7,7))
    row_sum = np.zeros((7))

    for i in range(len(M)):
        row_sum[i]=np.sum(M[i])

    for i in range(len(M_no)):

```

```

    for j in range(len(M_no[0])):
        if i==j:
            M_no[i][j] = row_sum[i]
    return M_no

M_no_2019 = no_mobility_matrix(M_2019)
M_no_2020 = no_mobility_matrix(M_2020)

###
# =====
#          ЧИТАННЯ ДАНИХ ПРО ЗМІНУ МОБІЛЬНОСТІ
#          //
#          READING DATA ABOUT CHANGING MOBILITY
# =====

def read_change_mob_data():

    df=pd.read_csv('C:/Users/lisa2/HTУ ДП/5-й курс/Диплом/daily_change_in_mobility.csv', sep=';')
    df_list_values = df.values.tolist()
    list2 = [list(i) for i in zip(*df_list_values)]
    dates_inf = list2[0]
    mob_inf = list2[1]

    start_mob_jan = dates_inf.index('2021/01/01') # 366
    end_mob_feb = dates_inf.index('2021/02/14') # 410

    M_reduction_destatis = np.zeros(45+7)
    for i in range(len(M_reduction_destatis)):
        M_reduction_destatis[i] = mob_inf[i+start_mob_jan-6]
    return M_reduction_destatis

M_reduction_destatis = read_change_mob_data()

###
# =====
#          SIR МОДЕЛЬ
#          //
#          SIR MODEL
# =====

def dAdt(A, params, M):

    S = np.zeros((7))

```

```

I = np.zeros((7))
R = np.zeros((7))
N = np.zeros((7))
A_S = A[0:7]
A_I = A[7:14]
A_R = A[14:]

for i in range(len(S)):
    S[i] = A_S[i]
for i in range(len(I)):
    I[i] = A_I[i]
for i in range(len(R)):
    R[i] = A_R[i]

beta = params[0]
gamma = params[1]

for i in range(len(N)):
    N[i] = params[2][i]

dSdt = np.zeros((7))
dIdt = np.zeros((7))
dRdt = np.zeros((7))

for k in range(len(dSdt)):
# =====
#         PO3PAXYHOK dSdt
#         //
#         CALCULATION OF dSdt
# =====
    stayed = 0
    arrived = 0
    for i in range(len(M)):
        if i==k:
            stayed = M[k][i]
        else:
            arrived += M[i][k] / N[i] * I[i] / N[i]
    dSdt[k] = -beta * S[k] * (stayed / N[k] * I[k] / N[k]
        + arrived)

# =====
#         PO3PAXYHOK dIdt
#         //

```

```

#          CALCULATION OF dIdt
# =====
      dIdt[k] = beta * S[k] * (stayed / N[k] * I[k] / N[k]
      + arrived) - gamma * I[k]

# =====
#          ПОЗПАХУНОК dRdt
#          //
#          CALCULATION OF dRdt
# =====

      dRdt[k] = gamma * I[k]

model = np.hstack((dSdt, dIdt, dRdt))

return model

###
# МЕТОД РУНГЕ-КУТТА 4ГО ПОРЯДКУ
# RUNGE-KUTTA METHOD OF ORDER 4
# month == 0: sep
# month == 1: jan
# mobility == 0: no mobility
# mobility == 1: with mobility
def runge_kutta(y0, times, params, month, mobility):
    h = times[1] - times[0]
    res=np.zeros((len(times),21))
    res[0,:]=y0
    for i in range (1,len(times)):
        if month==0 and mobility==0:
            M=M_no_2020
        elif month==0 and mobility ==1:
            M = M_2020
        elif month==1 and mobility==0:
            M=M_no_2020
        else:
            M = M_change(M_2020,i)
        k1=dAdt(res[i-1,:],params, M)
        k2=dAdt(res[i-1,:]+h*k1/2,params, M)
        k3=dAdt(res[i-1,:]+h*k2/2,params, M)
        k4=dAdt(res[i-1,:]+h*k3,params, M)
        res[i,:]=res[i-1,:]+(1/6)*h*(k1+2*k2+2*k3+k4)
    return res

```

```

%%
def M_change(M,d):
    M = M / 7
    M_res = np.zeros((7,7))
    for k in range((d),(d+7)):
        day = M_reduction_destatis[k]
        M_mod = np.zeros((7,7))
        stayed_jan = np.zeros(7)
        for i in range(len(M)):
            for j in range(len(M[0])):
                if i != j:
                    M_mod[i][j] = M[i][j] * (100+day) / 100
                    stayed_jan[i] += M[i][j] - M_mod[i][j]

        for i in range(len(M)):
            for j in range(len(M[0])):
                if i == j:
                    M_mod[i][j] = M[i][j] + stayed_jan[i]

        M_res = np.add(M_res,M_mod)
    return M_res

%%
# =====
#          ПОЧАТКОВІ УМОВИ
#          //
#          INITIAL CONDITIONS
# =====

times = np.linspace(1,45,45) # КІЛЬКІСТЬ ДНІВ // NUMBER OF DAYS

gamma = 0.1 # ДЕНЬ ^ (-1) // DAY ^ (-1)
R0_sep = 1.12
beta_sep_science = R0_sep * gamma
R0_jan = 0.9325
beta_jan_science = R0_jan * gamma

start_sep = dates.index(datetime.fromisoformat('2020-09-01')) # 643
end_oct = dates.index(datetime.fromisoformat('2020-10-15')) # 599

```

```

start_jan = dates.index(datetime.fromisoformat('2021-01-01')) # 521
end_feb = dates.index(datetime.fromisoformat('2021-02-14')) # 476

N = np.zeros((7))
N_2019 = np.zeros((7))
# ПОЧАТКОВІ УМОВИ ЗА ВЕРЕСЕНЬ
# INITIAL CONDITIONS FOR SEPTEMBER
S0_sep = np.zeros((7))
I0_sep = np.zeros((7))
R0_sep = np.zeros((7))

# ПОЧАТКОВІ УМОВИ ЗА СІЧЕНЬ
# INITIAL CONDITIONS FOR JANUARY
S0_jan = np.zeros((7))
I0_jan = np.zeros((7))
R0_jan = np.zeros((7))

# ТАБЛІЧНА КОНСТАНТА
# TABLE CONSTANT
table = 100000

for i in range(len(M_2020)):
    N[i]=np.sum(M_2020[i])

for i in range(len(M_2019)):
    N_2019[i]=np.sum(M_2019[i])

for i in range(len(I0_sep)):
    # I0_sep and I0_jan
    I0_sep[i] = infections[i][start_sep] * N[i] / table / 7
    I0_jan[i] = infections[i][start_jan] * N[i] / table / 7

    # R0_sep
    for j in range(start_sep+1,len(dates)):
        R0_sep[i] += infections[i][j] * N[i] / table / 7

    # R0_jan
    for j in range(start_jan+1,len(dates)):
        R0_jan[i] += infections[i][j] * N[i] / table / 7

# S0_sep and S0_jan
# МИ НЕ ДІЛИМО НА 7, ТОМУ ЩО І ТА R ВЖЕ РОЗРАХОВАНІ ДЛЯ ОСТАННІХ 7МИ ДНІВ
# WE DON'T DIVIDE BY 7 BECAUSE I AND R ARE ALREADY CALCULATED FOR THE LAST 7 DAYS

```

```

S0_sep[i] = N[i] - I0_sep[i] - R0_sep[i]
S0_jan[i] = N[i] - I0_jan[i] - R0_jan[i]

y0_sep=np.hstack((S0_sep, I0_sep, R0_sep))
y0_jan=np.hstack((S0_jan, I0_jan, R0_jan))

###
# =====
#           ДАНИ ЕКСЕЛЪ ПРО ИНФЕКЦИЮ ВЕР-ЖОВ
#           //
#           EXCEL DATA INFECTION SEP-OCT
# =====

def read_inf_data_sep_oct():

    I_data_sep_oct = np.zeros((7,45))

    for i in range(len(I_data_sep_oct)):
        for j in range(len(I_data_sep_oct[0])):
            I_data_sep_oct[i][j] = infections[i][j+end_oct] * N[i] / table / 7
        I_data_sep_oct[i] = I_data_sep_oct[i][::-1]
    return I_data_sep_oct

I_data_sep_oct = read_inf_data_sep_oct()

###
# =====
#           ДАНИ ЕКСЕЛЪ ПРО ИНФЕКЦИЮ СІЧ-ЛІУТ
#           //
#           EXCEL DATA INFECTION JAN-FEB
# =====

def read_inf_data_jan_feb():

    I_data_jan_feb = np.zeros((7,45))

    for i in range(len(I_data_jan_feb)):
        for j in range(len(I_data_jan_feb[0])):
            I_data_jan_feb[i][j] = infections[i][j+end_feb] * N[i] / table / 7 # ?+1
        I_data_jan_feb[i] = I_data_jan_feb[i][::-1]

```

```

return I_data_jan_feb

I_data_jan_feb = read_inf_data_jan_feb()

###
# =====
#           БЕЗ МОБІЛЬНОСТІ З НАУКОВОЮ БЕТОЮ
#           (БЕР - ЖОВ)
#           //
#           NO MOBILITY WITH SCIENTIFIC BETA
#           (SEP - OCT)
# =====

params_sep_new_no_science = [beta_sep_science, gamma, N]
sol_sep_new_beta_no_science = runge_kutta(y0_sep, times, params_sep_new_no_science, 0, 0)

S_sep_new_beta_no_science = np.zeros((7, 45))
I_sep_new_beta_no_science = np.zeros((7, 45))
R_sep_new_beta_no_science = np.zeros((7, 45))

for i in range(len(sol_sep_new_beta_no_science.T)):
    if i < 7:
        for j in range(len(sol_sep_new_beta_no_science.T[0])):
            S_sep_new_beta_no_science[i][j] = sol_sep_new_beta_no_science.T[i][j]
    if (i > 6 and i < 14):
        for j in range(len(sol_sep_new_beta_no_science.T[0])):
            I_sep_new_beta_no_science[i-7][j] = sol_sep_new_beta_no_science.T[i][j]
    if i > 13:
        for j in range(len(sol_sep_new_beta_no_science.T[0])):
            R_sep_new_beta_no_science[i-14][j] = sol_sep_new_beta_no_science.T[i][j]

###
# =====
#           БЕЗ МОБІЛЬНОСТІ З НАУКОВОЮ БЕТОЮ
#           (СІЧ - ЛЮТ)
#           //
#           NO MOBILITY WITH SCIENTIFIC BETA
#           (JAN - FEB)

```



```

# =====

params_jan_new_no_science = [beta_jan_science, gamma, N]
sol_jan_new_beta_no_science = runge_kutta(y0_jan, times, params_jan_new_no_science, 0, 0)

S_jan_new_beta_no_science = np.zeros((7, 45))
I_jan_new_beta_no_science = np.zeros((7, 45))
R_jan_new_beta_no_science = np.zeros((7, 45))

for i in range(len(sol_jan_new_beta_no_science.T)):
    if i < 7:
        for j in range(len(sol_jan_new_beta_no_science.T[0])):
            S_jan_new_beta_no_science[i][j] = sol_jan_new_beta_no_science.T[i][j]
    if (i > 6 and i < 14):
        for j in range(len(sol_jan_new_beta_no_science.T[0])):
            I_jan_new_beta_no_science[i-7][j] = sol_jan_new_beta_no_science.T[i][j]
    if i > 13:
        for j in range(len(sol_jan_new_beta_no_science.T[0])):
            R_jan_new_beta_no_science[i-14][j] = sol_jan_new_beta_no_science.T[i][j]

# %%
# =====
#           3 МОБІЛЬНІСТЮ З АППРОКСИМОВАНОЮ І НАУКОВОЮ БЕТОЮ
#           //
#           WITH MOBILITY WITH APPROXIMATED AND SCIENTIFIC BETA
# =====

def method_half_division(y0, times, month, mobility):

    a_with = 0
    b_with = 4
    Eps = 0.01
    delta = 0.001
    lmbd_with_array = []
    mu_with_array = []
    while b_with - a_with > Eps:
        lmbd_with = (a_with + b_with - delta) / 2
        mu_with = (a_with + b_with + delta) / 2

        beta_with = lmbd_with

    lmbd_with_array.append(lmbd_with)

```

```

mu_with_array.append(mu_with)

S_lmbd_with = np.zeros((7, 45))
I_lmbd_with = np.zeros((7, 45))
R_lmbd_with = np.zeros((7, 45))
params_change_lmbd_with = [beta_with, gamma, N]

sol_lmbd_with = runge_kutta(y0, times, params_change_lmbd_with, month, mobility)
for i in range(len(sol_lmbd_with.T)):
    if i < 7:
        for j in range(len(sol_lmbd_with.T[0])):
            S_lmbd_with[i][j] = sol_lmbd_with.T[i][j]
    if (i > 6 and i < 14):
        for j in range(len(sol_lmbd_with.T[0])):
            I_lmbd_with[i-7][j] = sol_lmbd_with.T[i][j]
    if i > 13:
        for j in range(len(sol_lmbd_with.T[0])):
            R_lmbd_with[i-14][j] = sol_lmbd_with.T[i][j]

beta_with = mu_with

S_mu_with = np.zeros((7, 45))
I_mu_with = np.zeros((7, 45))
R_mu_with = np.zeros((7, 45))
params_change_mu_with = [beta_with, gamma, N]
sol_mu_with = runge_kutta(y0, times, params_change_mu_with, month, mobility)
for i in range(len(sol_mu_with.T)):
    if i < 7:
        for j in range(len(sol_mu_with.T[0])):
            S_mu_with[i][j] = sol_mu_with.T[i][j]
    if (i > 6 and i < 14):
        for j in range(len(sol_mu_with.T[0])):
            I_mu_with[i-7][j] = sol_mu_with.T[i][j]
    if i > 13:
        for j in range(len(sol_mu_with.T[0])):
            R_mu_with[i-14][j] = sol_mu_with.T[i][j]

if month == 0:
    I_data_month = I_data_sep_oct
else:
    I_data_month = I_data_jan_feb

F_lmbd_with = 0

```

```

for i in range(len(I_lmbd_with)):
    for j in range(len(I_lmbd_with[0])):
        F_lmbd_with += (I_lmbd_with[i][j] - I_data_month[i][j])**2

F_mu_with = 0
for i in range(len(I_mu_with)):
    for j in range(len(I_mu_with[0])):
        F_mu_with += (I_mu_with[i][j] - I_data_month[i][j])**2

if F_mu_with > F_lmbd_with:
    b_with = mu_with
else:
    a_with = lmbd_with

beta_with_approx = (a_with + b_with) / 2

return beta_with_approx, F_lmbd_with, F_mu_with

###

beta_sep_with_approx, F_sep_lmbd_with, F_sep_mu_with = method_half_division(y0_sep, times, 0, 1)
params_new_sep_with_approx = [beta_sep_with_approx, gamma, N]
params_new_sep_with_science = [beta_sep_science, gamma, N]

sol_sep_new_beta_with_approx = runge_kutta(y0_sep, times, params_new_sep_with_approx, 0, 1)
sol_sep_new_beta_with_science = runge_kutta(y0_sep, times, params_new_sep_with_science, 0, 1)

###

beta_jan_with_approx, F_jan_lmbd_with, F_jan_mu_with = method_half_division(y0_jan, times, 1, 1)
params_new_jan_with_approx = [beta_jan_with_approx, gamma, N_2019]
params_new_jan_with_science = [beta_jan_science, gamma, N]

sol_jan_new_beta_with_approx = runge_kutta(y0_jan, times, params_new_jan_with_approx, 1, 1)
sol_jan_new_beta_with_science = runge_kutta(y0_jan, times, params_new_jan_with_science, 1, 1)

###

S_sep_new_beta_with_approx = np.zeros((7, 45))
I_sep_new_beta_with_approx = np.zeros((7, 45))
R_sep_new_beta_with_approx = np.zeros((7, 45))

S_sep_new_beta_with_science = np.zeros((7, 45))

```

```

I_sep_new_beta_with_science = np.zeros((7, 45))
R_sep_new_beta_with_science = np.zeros((7, 45))

for i in range(len(sol_sep_new_beta_with_approx.T)):
    if i < 7:
        for j in range(len(sol_sep_new_beta_with_approx.T[0])):
            S_sep_new_beta_with_approx[i][j] = sol_sep_new_beta_with_approx.T[i][j] #/ 7
            S_sep_new_beta_with_science[i][j] = sol_sep_new_beta_with_science.T[i][j]
        if (i > 6 and i < 14):
            for j in range(len(sol_sep_new_beta_with_approx.T[0])):
                I_sep_new_beta_with_approx[i-7][j] = sol_sep_new_beta_with_approx.T[i][j] #/ 7
                I_sep_new_beta_with_science[i-7][j] = sol_sep_new_beta_with_science.T[i][j]
            if i > 13:
                for j in range(len(sol_sep_new_beta_with_approx.T[0])):
                    R_sep_new_beta_with_approx[i-14][j] = sol_sep_new_beta_with_approx.T[i][j] #/ 7
                    R_sep_new_beta_with_science[i-14][j] = sol_sep_new_beta_with_science.T[i][j]

###

S_jan_new_beta_with_approx = np.zeros((7, 45))
I_jan_new_beta_with_approx = np.zeros((7, 45))
R_jan_new_beta_with_approx = np.zeros((7, 45))

S_jan_new_beta_with_science = np.zeros((7, 45))
I_jan_new_beta_with_science = np.zeros((7, 45))
R_jan_new_beta_with_science = np.zeros((7, 45))

for i in range(len(sol_jan_new_beta_with_approx.T)):
    if i < 7:
        for j in range(len(sol_jan_new_beta_with_approx.T[0])):
            S_jan_new_beta_with_approx[i][j] = sol_jan_new_beta_with_approx.T[i][j] #/ 7
            S_jan_new_beta_with_science[i][j] = sol_jan_new_beta_with_science.T[i][j]
        if (i > 6 and i < 14):
            for j in range(len(sol_jan_new_beta_with_approx.T[0])):
                I_jan_new_beta_with_approx[i-7][j] = sol_jan_new_beta_with_approx.T[i][j] #/ 7
                I_jan_new_beta_with_science[i-7][j] = sol_jan_new_beta_with_science.T[i][j]
            if i > 13:
                for j in range(len(sol_jan_new_beta_with_approx.T[0])):
                    R_jan_new_beta_with_approx[i-14][j] = sol_jan_new_beta_with_approx.T[i][j] #/ 7
                    R_jan_new_beta_with_science[i-14][j] = sol_jan_new_beta_with_science.T[i][j]

```

```

%%
# =====
#           СРАВНИТЕЛЬНЫЙ ГРАФИК ЗА СЕНТ-ОКТ
#           //
#           COMPARISON PLOT OF SEP-OCT
# =====

fig_compare_sep, axs_compare_sep = plt.subplots(7, constrained_layout = True)
fig_compare_sep.tight_layout()
fig_compare_sep.suptitle('SEP-OCT Infected')
fig_compare_sep.subplots_adjust(top=0.91)

for i in range(7):
    axs_compare_sep[i].plot(times, I_sep_new_beta_no_science[i], 'r--', label = 'science no mobility')
    axs_compare_sep[i].plot(times, I_sep_new_beta_with_science[i], 'r.', label = 'science with mobility')
    axs_compare_sep[i].plot(times, I_sep_new_beta_with_approx[i], 'g.', label = 'approx with mobility')
    axs_compare_sep[i].plot(times, I_data_sep_oct[i], 'b-', label = 'excel')
    box = axs_compare_sep[i].get_position()
    axs_compare_sep[i].set_position([box.x0, box.y0, box.width * 0.8, box.height])
    axs_compare_sep[i].legend(loc='upper right', bbox_to_anchor=(1.3, 1))
    axs_compare_sep[i].set_title(str(cities_inf[i]))

fig_compare_sep.text(0.5, 0.04, 'days', ha='center', va='center')
fig_compare_sep.text(0.06, 0.5, 'number', ha='center', va='center', rotation='vertical')
%%
# =====
#           СРАВНИТЕЛЬНЫЙ ГРАФИК ЗА ЯНВ - ФЕВ
#           //
#           COMPARISON PLOT OF JAN-FEB
# =====

fig_compare_jan, axs_compare_jan = plt.subplots(7)
fig_compare_jan.suptitle('JAN-FEB Infected')
fig_compare_jan.subplots_adjust(top=0.91)

for i in range(7):
    axs_compare_jan[i].plot(times, I_jan_new_beta_no_science[i], 'r--', label = 'science no mobility')
    axs_compare_jan[i].plot(times, I_jan_new_beta_with_science[i], 'r.', label = 'science with mobility')
    axs_compare_jan[i].plot(times, I_jan_new_beta_with_approx[i], 'g.', label = 'approx with mobility')
    axs_compare_jan[i].plot(times, I_data_jan_feb[i], 'b-', label = 'excel')
    box = axs_compare_jan[i].get_position()
    axs_compare_jan[i].set_position([box.x0, box.y0, box.width * 0.8, box.height])
    axs_compare_jan[i].legend(loc='upper right', bbox_to_anchor=(1.3, 1))
    axs_compare_jan[i].set_title(str(cities_inf[i]))

```

```

fig_compare_jan.text(0.5, 0.04, 'days', ha='center', va='center')
fig_compare_jan.text(0.06, 0.5, 'number', ha='center', va='center', rotation='vertical')
#%%%
# =====
#          ПОРІВНЯННЯ ПОМИЛЮК
#          //
#          COMPARING ERRORS
# =====
def compare_errors(month):
    if month == "sep":
        I_data = I_data_sep_oct
        I_new_beta_with_science = I_sep_new_beta_with_science
        I_new_beta_no_science = I_sep_new_beta_no_science
        F_lmbd_with = F_sep_lmbd_with
        F_mu_with = F_sep_mu_with
    elif month == "jan":
        I_data = I_data_jan_feb
        I_new_beta_with_science = I_jan_new_beta_with_science
        I_new_beta_no_science = I_jan_new_beta_no_science
        F_lmbd_with = F_jan_lmbd_with
        F_mu_with = F_jan_mu_with

    F_science_with = 0
    for i in range(len(I_new_beta_with_science)):
        for j in range(len(I_new_beta_with_science[0])):
            F_science_with += (I_new_beta_with_science[i][j] - I_data[i][j])**2

    F_science_no = 0
    for i in range(len(I_new_beta_no_science)):
        for j in range(len(I_new_beta_no_science[0])):
            F_science_no += (I_new_beta_no_science[i][j] - I_data[i][j])**2

    sir_approx_with = np.sqrt((F_lmbd_with + F_mu_with) / 2 / 315)
    sir_science_with = np.sqrt(F_science_with / 315)
    sir_science_no = np.sqrt(F_science_no / 315)

    return sir_science_no, sir_science_with, sir_approx_with

sir_sep_science_no, sir_sep_science_with, sir_sep_approx_with = compare_errors("sep")
sir_jan_science_no, sir_jan_science_with, sir_jan_approx_with = compare_errors("jan")

```

$R0\_sep\_approx = beta\_sep\_with\_approx/gamma$

$R0\_jan\_approx = beta\_jan\_with\_approx/gamma$