

Міністерство освіти і науки України
Національний технічний університет
«Дніпровська політехніка»

Факультет інформаційних технологій

(факультет)

Кафедра системного аналізу та управління

(повна назва)

ПОЯСНЮВАЛЬНА ЗАПИСКА
кваліфікаційної роботи ступеня магістра

Студента Норця Романа Михайловича
академічної групи 124м – 23 – 1
спеціальності 124 Системний аналіз

на тему: «Моделювання та аналіз розповсюдження інфекційних захворювань серед населення»

Керівники	Прізвище, ініціали	Оцінка за шкалою		Підпис
		рейтинговою	Інституційною	
кваліфікаційної роботи	<i>к.т.н., доц. Станіна О.Д.</i>			
розділів:				
Інформаційно- аналітичний	<i>к.т.н., доц. Станіна О.Д.</i>			
Спеціальний розділ	<i>к.т.н., доц. Станіна О.Д.</i>			
Рецензент				
Нормоконтролер	<i>к.ф.-м.н., доц. Хом'як Т.В.</i>			

Дніпро
2024

ЗАТВЕРДЖЕНО:

завідувач кафедри

Системного аналізу та управління
(повна назва)

_____ к.т.н., доц. Желдак Т.А.
(підпис) (прізвище, ініціали)

« _____ » _____ 20 ____ року

ЗАВДАННЯ
на кваліфікаційну роботу
ступеня магістра

студенту Норець Р.М. академічної групи 124м -23-1
спеціальності: 124 Системний аналіз
на тему «Розробка бізнес-логіки та алгоритмів програми-бота пасажирських
перевезень»
затверджену наказом ректора НТУ «Дніпровська політехніка»
від 16.10.2024 р. №1388 – С

Розділ	Зміст	Терміни виконання
1. Інформаційно-аналітичний розділ	Дослідити можливі види моделей для конструювання процесу поширення інфекцій та обрати найкращу модель для подальшого використання, описати статистичні дані.	10.09.2024 – 01.11.2024
2. Спеціальний розділ	Побудувати математичну модель з урахуванням розподілу населення на групи за віком; реалізувати її. Проаналізувати результати обчислювальних експериментів щодо доцільності врахування поділу населення на групи за віком під час складання моделей розповсюдження інфекційних захворювань.	01.11.2024 – 30.12.2024

Завдання видано _____ доц. Желдак Т.А.
(підпис) (прізвище, ініціали)

Дата видачі: 06.09.2024 р.

Дата подання до екзаменаційної комісії: 20.12.2024 р.

Прийнято до виконання _____ Норець Р.М.

(підпис студента)

(прізвище, ініціали)

РЕФЕРАТ

Пояснювальна записка: 86 с., 16 рис., 3 табл., 3 додатка, 17 джерел.

Об'єктом дослідження є процес розповсюдження інфекційного захворювання (на прикладі ВІЛ в Україні), враховуючи соціальну активність населення.

Предметом дослідження є вплив соціальної активності населення на швидкість поширення інфекцій.

Метою роботи є обґрунтування важливості врахування соціальної активності населення під час математичного моделювання розповсюдження захворювань.

Методи дослідження: моделювання епідеміологічних процесів на основі диференційних рівнянь, використовуючи SIR модель та її модифікацію; підбір коефіцієнтів моделі за допомогою методу половинного ділення; аналіз похибки.

В інформаційно-аналітичному розділі представлено огляд відомих підходів до моделювання епідеміологічних процесів, такі як моделювання за допомогою SIR моделі і їх різновидів, наведено аналіз предметної області, сформульовано постановку задачі.

У спеціальному розділі подано інформацію про математичні моделі, використані для аналізу поширення ВІЛ в Україні та досліджено оптимальні ймовірності передачі інфекції для поставленої задачі.

Практична цінність отриманих результатів полягає у побудові модифікованої SIR моделі з урахуванням різної соціальної активності людей; досліджено вплив поділу населення на вікові групи при моделюванні розповсюдження інфекційних хвороб.

Ключові слова: соціальна активність, групи населення, інфекційна модель, система диференціальних рівнянь, віл.

ЗМІСТ

ВСТУП.....	5
1 ІНФОРМАЦІЙНО-АНАЛІТИЧНИЙ РОЗДІЛ	7
1.1 Актуальність дослідження епідемій	7
1.2 Епідемія ВІЛ (СНІД) в Україні та світі	9
1.3 Моделювання на основі диференційних рівнянь	17
1.3.1 SIR модель	19
1.3.2 SIRD модель.....	22
1.3.3 SEIR модель	23
1.3.4 SIR модель з життєвою динамікою	24
1.3.5 SIR модель з вакцинацією.....	24
1.4 Моделювання на основі клітинних автоматів.....	25
1.5 Вибір моделі	27
1.6 Постановка задачі	28
Висновки до розділу 1	28
2 СПЕЦІАЛЬНИЙ РОЗДІЛ	31
2.1 Побудова математичної моделі розповсюдження ВІЛ з врахування поділу населення на групи за віком.....	31
2.2 Метод розв’язання	36
2.2.1 Метод Рунге-Кутта 4-го порядку	36
2.2.2 Метод половинного ділення	38
2.2.3 Результат роботи програмного коду та аналіз отриманих результатів.....	40
Висновки до розділу 2	47
ВИСНОВКИ.....	49
СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ	51
Додаток А. Відомість матеріалів кваліфікаційної роботи	54
Додаток Б. Офіційна статистика з поширення ВІЛ в Україні з сайту Міністерства Охорони Здоров’я України.....	55
Додаток В. Отримані результати в наслідок моделювання	56
Додаток Г. Лістинг програмного коду	63

ВСТУП

Протягом усієї своєї історії перед людством ставали чисельні виклики, які ставили під загрозу саме його існування та подальший розвиток. Серед них — природні катаклізми, війни, а також епідемії, багато з яких виникають через людську діяльність. Епідемії поширюються через такі фактори, як висока щільність населення, недостатній рівень гігієни, низький рівень обізнаності та соціальна нерівність. Однією з найбільш серйозних епідемій сучасності, яка впливає на здоров'я, соціальні зв'язки, економіку та демографічну ситуацію, є поширення вірусу імунодефіциту людини (ВІЛ). ВІЛ став глобальною проблемою, що загрожує стабільності розвитку багатьох країн світу, включаючи Україну.

Україна входить до переліку країн з високим рівнем поширення ВІЛ. Ця проблема стає особливо актуальною через вплив різних соціальних, економічних і демографічних факторів, таких як урбанізація, трудова міграція, низький рівень медичної культури серед населення та обмежений доступ до профілактичних заходів. У зв'язку з цим виникає необхідність проведення глибокого аналізу динаміки розповсюдження ВІЛ із врахуванням соціальної активності населення, що дозволяє отримати більш точні дані для розробки ефективних стратегій боротьби з епідемією.

Таким чином, об'єктом дослідження є процес розповсюдження інфекційного захворювання (на прикладі ВІЛ в Україні), враховуючи соціальну активність населення.

Предметом дослідження є вплив соціальної активності населення на швидкість поширення інфекцій.

Метою роботи є обґрунтування важливості врахування соціальної активності населення під час математичного моделювання розповсюдження захворювань.

Для досягнення поставленої мети виокремлені наступні задачі роботи: вивчити об'єкт дослідження; виконати аналіз відомих підходів до моделювання

епідеміологічних процесів та існуючих методів і засобів вирішення поставленої задачі; побудувати математичну модель з урахуванням розподілу населення на групи за віком та реалізувати її; проаналізувати результати обчислювальних експериментів щодо доцільності врахування поділу населення на групи за віком під час складання моделей розповсюдження інфекційних захворювань.

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

Наукова новизна полягає в удосконаленні моделі розповсюдження інфекційних захворювань серед населення за рахунок розподілу населення на групи за рівнем соціальної активності.

Практичне значення отриманих у роботі результатів полягає у побудові модифікованої SIR моделі з урахуванням різної соціальної активності людей; досліджено вплив поділу населення на вікові групи при моделюванні розповсюдження інфекційних хвороб.

1 ІНФОРМАЦІЙНО-АНАЛІТИЧНИЙ РОЗДІЛ

1.1 Актуальність дослідження епідемій

Згідно з енциклопедією сучасної України, епідемія – це “масова захворюваність населення на інфекційну хворобу, що прогресує в часі та просторі в межах певного регіону і значно перевищує рівень, зареєстрований на даній території впродовж низки років” [1]. Серед найвідоміших на сьогодні епідемій, можна зазначити наступні [2]:

- Чума (1855–1960) знищила в цілому більше 12 мільйонів чоловік (приблизно 1% від всього населення планети);
- Іспанський грип (1918–20) знищив більше 50 мільйонів чоловік (приблизно 3% від всього населення планети);
- ВІЛ (з 1981 – по нині) – на сьогоднішній день знищив більше 35 мільйонів чоловік (приблизно 0,8% від всього населення планети);
- COVID-19 (з 2019 – по нині) – на сьогоднішній день знищив більше 7 мільйонів чоловік (приблизно 0,01% від всього населення планети).

Як видно з цього переліку, перед людством наразі стоять дві масштабні епідемії: ВІЛ та COVID-19. У випадку з COVID-19 можна говорити про значний прогрес у боротьбі з хворобою завдяки розробці вакцин, ефективним протиепідемічним заходам та широкій міжнародній співпраці. Натомість ситуація з ВІЛ залишається складною: незважаючи на значні досягнення в розробці антиретровірусної терапії та профілактичних програм, поширення інфекції триває, особливо у вразливих групах населення.

На сьогодні епідемія ВІЛ/СНІД, яка була вперше виявлена у 1980 році, залишається однією з найбільших глобальних проблем охорони здоров'я. Незважаючи на значний прогрес у лікуванні завдяки антиретровірусній терапії, яка дає можливість людям із ВІЛ жити повноцінним життям, масштаби поширення інфекції та щоденна смертність від СНІДу роблять це захворювання

світовою епідемією. ВІЛ і далі становить серйозний виклик для систем охорони здоров'я, вимагаючи не лише медичних рішень, але й ефективних соціальних, інформаційних та профілактичних заходів.

Вивчення проблеми поширення ВІЛ є надзвичайно важливим через низку факторів:

- глобалізація та висока ступінь мобільності населення. У сучасному світі інфекційні захворювання можуть швидко поширюватися поза межами окремих регіонів через зростаючу мобільність людей і глобальні зв'язки між країнами. Це робить надзвичайно актуальним дослідження шляхів передачі інфекцій, включаючи ВІЛ. Глибше розуміння механізмів поширення інфекцій дозволяє вчасно вживати ефективні заходи для їхнього стримування та мінімізувати ризики виникнення і розвитку масштабних епідемій;

- підвищення стійкості організму до антибіотиків та антивірусних препаратів. Зростання стійкості до антибіотиків та антивірусних препаратів є серйозним викликом у сучасній медицині. Як показують дослідження [3], припинення антиретровірусної терапії (АРТ) – навіть після досягнення позитивної динаміки лікування – може призводити до стрімкого відновлення вірусного навантаження. Це не лише погіршує стан здоров'я пацієнтів, але й створює ризик розвитку стійких до лікування штамів ВІЛ, що ускладнює подальшу терапію [4];

- ефективність профілактичних мір. Дослідження розповсюдження ВІЛ дозволяє оцінити результативність існуючих профілактичних програм. Завдяки таким аналізам стає можливим краще орієнтувати ресурси, спрямовані на допомогу, та зосередитися на найуразливіших групах і регіонах, де заходи профілактики та лікування є найбільш необхідними;

- економічна ефективність. Не є секретом, що щорічно на боротьбу з ВІЛ/СНІДом витрачаються значні фінансові ресурси. Згідно з даними ЮНЕЙДС, для досягнення цілей припинення епідемії СНІДу лише у 2025 році знадобиться 29,3 мільярда доларів США у країнах із низьким та середнім рівнем доходу, включаючи ті, що раніше вважалися країнами з високим доходом. Глибше

розуміння динаміки поширення ВІЛ допоможе не лише підвищити ефективність заходів боротьби з епідемією, але й оптимізувати витрати, що сприятиме економії значних коштів.

Отже, ВІЛ залишається однією з ключових задач, яку необхідно вирішити сучасній медицині, незважаючи на десятиліття, протягом яких ця проблема стоїть перед людством. Дослідження та побудова моделей поширення ВІЛ мають важливе значення для глибшого розуміння епідемії, дозволяючи оцінити масштаб розповсюдження хвороби та визначити ефективність існуючих профілактичних заходів. Такі моделі також сприяють кращій організації профілактичних програм і оптимізації ресурсів для боротьби з епідемією.

1.2 Епідемія ВІЛ (СНІД) в Україні та світі

Згідно з даними Об'єднаної програми Організації Об'єднаних Націй з ВІЛ/СНІДу (ЮНЕЙДС) в 2023 році [5]:

- 39,9 млн людей живуть в світі із ВІЛ (табл.1.1);
- близько 5,4 млн людей дізналися про свій ВІЛ-позитивний статус;
- 1,3 млн. нових випадків інфікування ВІЛ;
- 30,7 млн. осіб отримували антиретровірусну терапію;
- 630 000 людей, які вже мали СНІД, померли в цей же рік від хвороб, які з ним пов'язані. Це значить, що кожную хвилину, хтось помирає від ВІЛ;
- жінки та дівчата складають 44% всіх нових випадків зараження ВІЛ (причому 62% всіх нових випадків, приходиться на країни Африки), в той час як більш ніж 73% нових випадків зараження ВІЛ в інших регіонах було зареєстровано серед чоловіків та хлопців;
- 86% всіх людей, що мають ВІЧ знали про це, з них 89% мали доступ до лікування;
- 93% тих людей, що отримували терапію, досягли вірусної супресії (пригнічено вірусне навантаження).

Таблиця 1.1

Глобальні дані по ВІЛ (згідно [5])

Рік	2000	2005	2010	2020	2022	2023
Люди, які живуть із ВІЛ, млн. чол.	27,2	29,4	32	38,7	39,5	39,9
Нові випадки інфікування ВІЛ, млн. чол.	2,8	2,5	2,1	1,5	1,4	1,3
Смертність внаслідок СНІДУ, млн. чол.	1,8	2	1,3	0,73	0,67	0,63
Нові випадки інфікування ВІЛ (дорослі віком 15+ років), млн. чол.	2,3	2	1,8	1,3	1,2	1,2
Нові випадки інфікування ВІЛ (діти віком 0–14 років), млн. чол.	0,53	0,47	0,3	0,15	0,13	0,12
Люди, які живуть з ВІЛ і отримують антиретровірусну терапію, млн. чол.	0,51	1,9	7,7	26,2	29,3	30,7
Доступність ресурсів, млрд дол. США	5,1	9,3	16,7	21,5	20,8	19,8

Крім того, згідно з оцінками ЮНЕЙДС [6] в країнах Східної Європи (куди відноситься і Україна) та центральної Азії, на відміну від всіх інших регіонів світу підвищився відсоток щорічної кількості смертей від СНІДУ в 2023 році в порівнянні з 2010 роком на 34% (рис. 1.1.). Причому, як зазначає те саме джерело, в цьому регіоні тільки половини інфікованих ВІЛ отримують АРТ (рис. 1.2.).

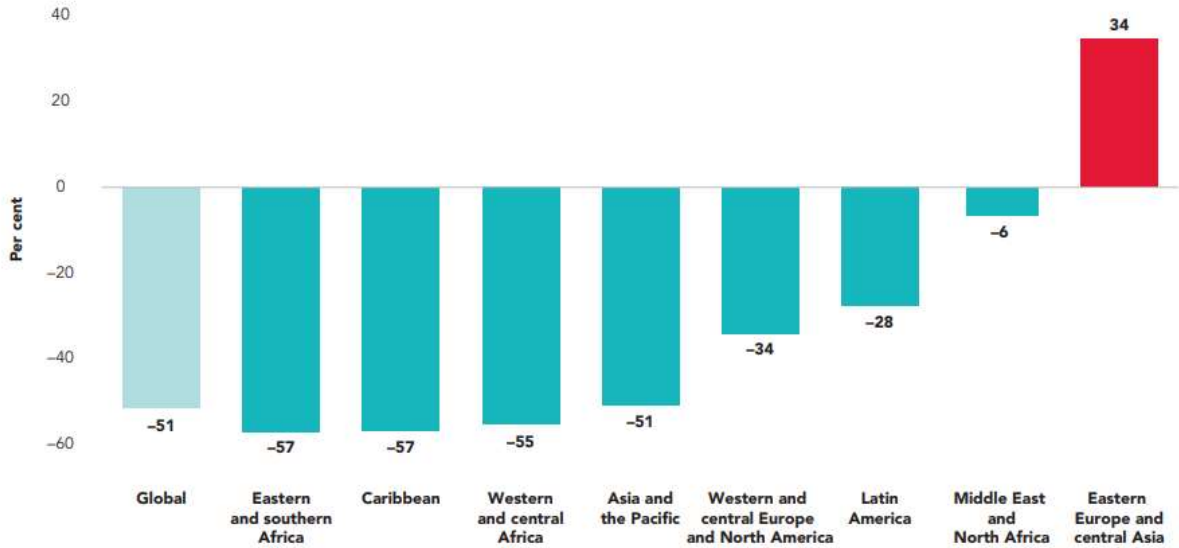


Рисунок 1.1 – Відсоткова зміна щорічної кількості смертей від СНІДу в період з 2010 по 2023 рік, у світі та регіонах (згідно ЮНЕЙДС [6])

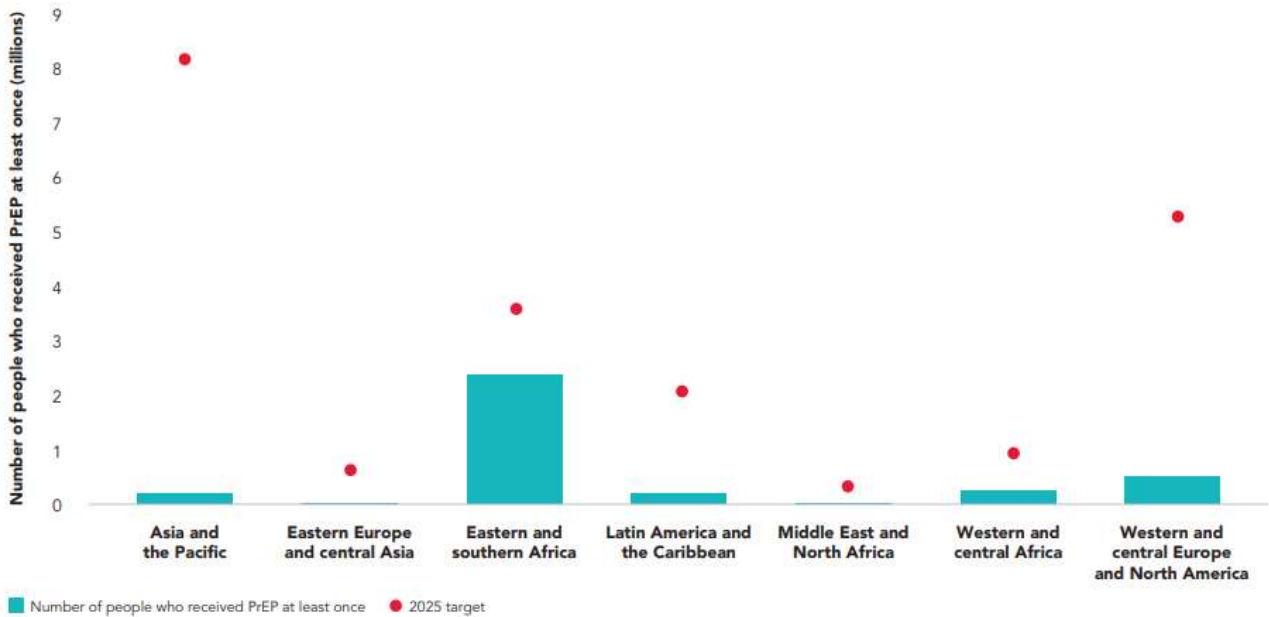


Рисунок 2.2 – Число людей, які хоча б раз використали АРТ, та цільовий показник на 2025 рік, по регіонах, 2023 рік (згідно ЮНЕЙДС [6])

Якщо говорити безпосередньо про ситуацію в Україні, то згідно з даними Центру громадського здоров'я МОЗ України (<https://phc.org.ua/>) “протидія ВІЛ-інфекції/СНІДу в Україні є одним із пріоритетних напрямів державної політики у

сфері охорони здоров'я і соціального розвитку та предметом міжнародних зобов'язань" [7].

Так, згідно до статистики, що представлена на сайті Центру громадського здоров'я МОЗ України станом на 01.07.2024 року в Україні 156 529 людей, мають статус ВІЛ, причому найвищий рівень поширеності ВІЛ спостерігаються у Одеській, Дніпропетровській та Миколаївській областях (рис. 1.2). В цей же час 117 679 осіб (75%) отримують антиретровірусну терапію (АРТ).



Рисунок 1.3 – Поширення ВІЛ-інфекції в Україні (згідно [8])

Станом на червень 2024 року майже в 5 разів збільшилася кількість осіб, яку тестуються на ВІЛ (в більшості своєму за рахунок призовників). Проте кількість протестованих осіб в ключових групах (споживачів ін'єкційних наркотичних речовин, осіб, які мали гомосексуальні контакти з особами з не відомим ВІЛ-статусом, осіб, які надають сексуальні послуги за винагороду тощо) знизилася в середньому більше ніж на 23%.

За перше півріччя 2024 року виявлено 5513 нових випадки ВІЛ-інфекцій, і найвищі показники займає Дніпропетровська, Одеська та Кіровоградська області

(рис. 1.3). Причому найвищий рівень смертності від СНІД спостерігається в Одеській, Дніпропетровській та Чернігівській областях.



Рисунок 1.4 – Захворюваність на ВІЛ-інфекцію в Україні (згідно [8])

Якщо казати про шляхи інфікування, то найбільша частика перепадає на статевий шлях (80%), на другому місці (19.2%) – інфікування внаслідок вживання наркотичних препаратів в ін’єкційний спосіб. Також слід зазначити той факт, що станом, наприклад на 01.10.2024 р. 147599 чол. ВІЛ-позитивні (29040 чол. в Дніпропетровській області) [9], з них лише 118529 чол. (26692 чол. в Дніпропетровській області) або 80% (92% відповідно) отримують АРТ [10].

Оцінка вікової та гендерної структури ВІЛ-інфікованих є важливим етапом у вивченні поширення ВІЛ, оскільки дозволяє зрозуміти, у яких соціальних групах присутній найбільший ризик інфікування. Оцінка вікової структури, предсталвен на рис. 1.4. Зведена таблиця гендерної структури згідно зі звіту “Національна оцінка ситуації з ВІЛ/СНІД в Україні” [11] за 2021 рік приведено в таблиці 1.2.

Таблиця 1.2

Зведена кількість ВІЛ-позитивних людей за 2021 рік

	Чоловіки	Жінки	Разом
Діти до 14 років			2 700
Молодь від 15 до 24 років	2 200	2 400	4 600
Дорослі віком від 15 до 49 років	98 000	94 000	190 000
Старше 50 років	20 000	30 000	50 000

В цьому ж звіті приведено вікову структуру (рис. 1.4, 1.5, 1.6). Легко побачити, що в середньому починаючи з 20 років до 70 років основна кількість ВІЛ-інфікованих. Причому найбільша кількість нових випадків ВІЛ-інфекції припадає на людей віком від 20 до 40 років, а найбільша кількість померлих – від 40 до 60 років.



Рисунок 1.3 – Вікова структура ВІЛ-інфікованих (згідно [11])



Рисунок 1.4 – Вікова структура нових ВІЛ-випадків (згідно [11])

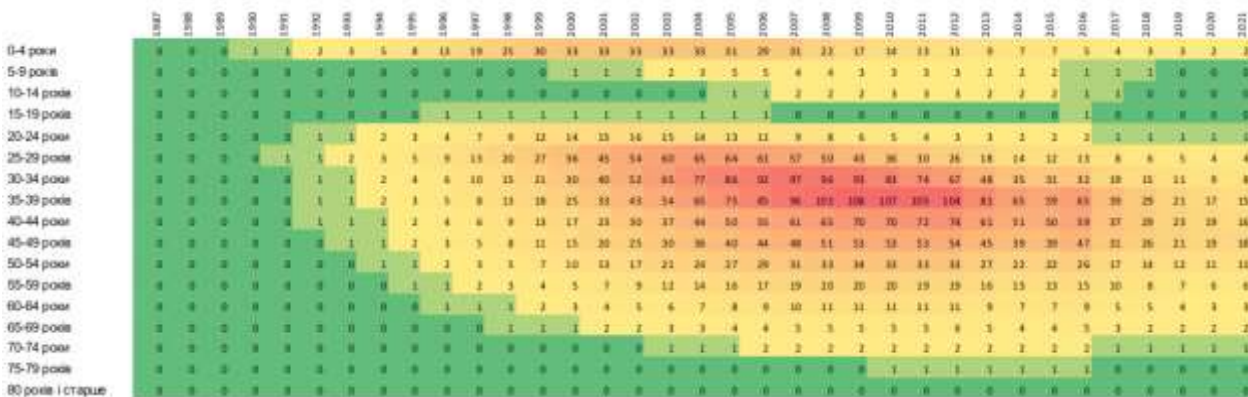


Рисунок 1.5 – Вікова структура померлих, від хвороб, пов'язаних із СНІД (згідно [11])

Такий розподіл кількості нових випадків ВІЛ, а саме їх значне збільшення у віковому діапазоні від 20 до 40 років, можна пояснити підвищеною соціальною активністю цієї групи населення у цей період. Це включає більш часте встановлення нових знайомств, активне формування міжособистісних зв'язків, зокрема інтимних стосунків, та помітну участь у суспільному житті. Зростання кількості контактів без належного дотримання заходів безпеки, таких як використання презервативів чи тестування на ВІЛ, збільшує ймовірність передачі інфекції.

Для подальшого побудови математичної моделі розповсюдження ВІЛ, важливо розуміти особливості його розповсюдження та ефективність поточного лікування.

Не дивлячись на досить довгу історію ВІЛ/СНІД (згідно з новими даними [12]) вона починає свій відлік з початку 20го сторіччя), ми все ще не маємо

способу її вилікувати. Як відомо, ВІЛ є невиліковною хворобою, але використання антиретровірусних (АР) препаратів значно продовжує життя людини та знижує ймовірність подальшої передачі хвороби. Справа в тому, що в сучасних медичних стандартах, в тих випадках, коли в результаті прийому АРТ (або частіше ВАРТ - високоактивної антиретровірусної терапії) кількість вірусу в крові знижується до рівня нижче аніж 50 копій/мл, вважається, що такий вірус вже не передається оточуючим і ВІЛ-позитивна людина може вести нормальний спосіб життя за умову щоденного прийому препаратів проти ВІЛ.

Здавалося б, що активне використання АР терапії та рання діагностика захворювання, допоможе значно знизити розповсюдження захворювань, але дослідження 2008 року [13] показують, що при наявності цих факторів часто підвищується коефіцієнт ризикової поведінки в результаті чого розповсюдження не знижується. Натомість дослідження 2020 року [14] показують, що зміна поведінки, є в перший рік після постановки діагнозу ВІЛ, після чого люди повертається до звичного їй образу життя, більш того, люди яким поставлено негативний ВІЛ статус взагалі ніяким чином не змінюють своєї поведінки щодо використання засобів безпеки.

Натомість результати досліджень [15] кажуть про те, що рання АР терапія дозволяє знижувати показники передачі ВІЧ статевим шляхом. З іншого боку, як зазначають деякі дослідження [16] майже 20% людей, які знаходяться на четвертій стадії ВІЛ та потребують АР терапії відмовляються від неї через “гарне самопочуття”.

Натомість, важливими є дослідження представлені в [17], щодо розповсюдження ВІЛ. Так, автори зазначаються, що первинна інфекція (в середньому до 3 місяців з моменту зараження і, частіше за все, до встановлення діагнозу) та інфекція на пізній стадії (за 1-2 роки до смерті) у 26 та 7 разів відповідно більш заразніша ніж безсимптомна інфекція. Але остання в свою чергу вносить значний вклад в результаті більшої продовжуваності (в середньому 6-7 років).

Отже, в підсумку можна зазначити, що не дивлячись на те, що будь-яка людина може бути хворою на ВІЛ, в залежності від віку людини ймовірність цієї хвороби різна, причому найчастіше захворюють їй люди в віці від 20 до 40 років. Важливим з точки зору швидкості розповсюдження є той факт, що первинна інфекції та інфекція на пізній стадії набагато заразніша, ніж цей показник в середньому. Окреме слід підкреслити важливість використання АРТ, адже не дивлячись на те що люди, які приймають АРТ є розповсюджують хворобу далі, але при завершенні прийому препаратів хвороба дуже швидко “повертається” і, навіть, стає ще більш агресивною.

1.3 Моделювання на основі диференціальних рівнянь

Для вивчення причин виникнення та особливостей розвитку хвороб широко застосовується метод моделювання. Серед численних підходів одним із ключових є експериментальне моделювання, коли хворобу штучно відтворюють у лабораторних умовах. Такий підхід дозволяє досліджувати механізми її поширення, властивості вірусу та можливі методи лікування. Зазвичай експерименти проводять на лабораторних тваринах, однак цей метод має обмеження через відмінності у фізіології та імунній відповіді людини і тварини.

Альтернативним і не менш ефективним методом є математичне моделювання, яке дозволяє прогнозувати розвиток та динаміку поширення інфекцій у суспільстві. Математичні моделі дозволяють оцінювати вплив різних факторів на поширення захворювань, розробляти сценарії розвитку епідемій та формулювати рекомендації для їх стримування. Саме цей підхід буде використаний для моделювання процесів розповсюдження ВІЛ в Україні.

Математичне моделювання епідеміологічних захворювань має багаторічну історію. Перші значні успіхи у цій сфері належать шотландським вченим Андерсону МакКендріку та Вільяму Кермаку, які розробили основи математичного опису інфекційних процесів. В результаті цього одним із

ключових підходів до математичного моделювання епідеміологічних процесів є модель Кермака-МакКендріка, представлена у 1927 році. Ця модель залишається основою для багатьох сучасних досліджень у сфері епідеміології, оскільки дозволяє достатньо точно описувати динаміку поширення інфекційних захворювань. Вона використовується як базова структура, на основі якої створено численні варіації, що враховують специфічні особливості різних інфекцій, демографічні характеристики населення та вплив зовнішніх факторів.

Оригінальна модель поділяє населення на три основні групи: сприйнятливі до інфекції (S), інфіковані (I) та видужалі або ті, що вибули з процесу передачі інфекції (R). У сучасних дослідженнях ця структура була значно розширена. Наприклад, моделі можуть включати проміжні стани, такі як інкубаційний період або стан часткової імунізації після вакцинації. Деякі модифікації враховують специфіку впливу профілактичних заходів, таких як вакцинація, яка дозволяє частині сприйнятливого населення уникнути зараження, переходячи безпосередньо до групи "видалених".

Існують також варіації, які враховують соціальні, демографічні чи вікові особливості, поділяючи населення на підгрупи з різними параметрами інфікування, одужання або летальності. Такі підходи є особливо цінними для вивчення складних інфекційних захворювань, зокрема ВІЛ, де важливу роль відіграють тривала динаміка інфекції та нерівномірний розподіл ризиків серед різних груп населення.

У цій роботі базова модель Кермака-МакКендріка використовується як основа для моделювання поширення ВІЛ серед населення України. Застосування модифікованої версії, яка враховує поділ на вікові групи, дозволить врахувати специфіку епідеміологічної ситуації в країні та обґрунтувати (або спростити) важливість врахування соціальної активності населення під час математичного моделювання розповсюдження захворювань. Подробиці базової моделі та її варіацій будуть розглянуті у наступних розділах.

1.3.1 SIR модель

Епідеміологічна базова модель є математичним підходом до опису поширення інфекційних захворювань і складається з трьох диференціальних рівнянь. Вона поділяє населення на три групи:

1. Група «S» (Susceptible) або «сприйнятливі»: особи, які ще не були інфіковані, але можуть заразитися під час контакту з вже інфікованими;
2. Група «I» (Infected) або «інфіковані»: це кількість осіб, які вже захворіли від вірусу і можуть заразити осіб з групи сприйнятливих (групу «S») під час контакту з ними;
3. Група «R» (Removed) або «видалені»: це кількість осіб, які вибули з процесу передачі хвороби – одужали та отримали імунітет або померли. У цій моделі не визначено, чи особа одужала, чи померла, але в будь-якому випадку вона більше не бере участі у поширенні інфекції.

Ця модель відома як модель SIR, оскільки її назва складається з початкових літер трьох груп, що відповідає першим літерам груп населення, що піддаються зараженню. Важливим моментом є те, що математичне моделювання проводиться на прикладі закритого суспільства, де сума кількостей груп S, I і R залишається постійною:

$$S + I + R = N \quad (1.1)$$

При цьому, N відноситься до загальної чисельності населення, яка включає суму усіх трьох груп населення, тобто сприйнятливих, інфікованих та видалених осіб на будь-який момент часу під час симуляції моделі. Це число залишається постійним і незмінним протягом всього розглянутого часового періоду, що свідчить про те, що система є закритою. Це означає, що протягом усього часу моделювання до системи не додаються нові особи і не відбувається їх видалення [16].

Швидкість передачі інфекційного захворювання між інфікованою та сприйнятливою особою визначається коефіцієнтом інтенсивності контактів, який відіграє ключову роль у моделюванні епідеміологічних процесів. Цей коефіцієнт, що позначається грецькою літерою β (бета), відображає ймовірність того, що сприйнятлива особа буде заражена після контакту з інфікованою. Величина β залежить від багатьох факторів, таких як частота взаємодії між людьми, їхній спосіб життя, доступність медичних заходів, дотримання санітарно-гігієнічних норм та інші особливості. Значення β , які будуть використовуватися у даній роботі, детально розглядаються у наступних розділах.

Крім того, важливим елементом моделі є коефіцієнт γ (гама), який характеризує частку інфікованих осіб, що одужують або вибувають з інфекційного процесу протягом певного проміжку часу. Зворотне значення γ визначає середню тривалість захворювання, тобто скільки часу необхідно для того, щоб інфікована особавилікувалась або вибула з групи «інфікованих».

У класичній SIR-моделі, де населення поділено лише на три групи — сприйнятливих, інфікованих та видалених, результатом процесу є переміщення особи в групу "видалених". Однак модель не розрізняє, чи ця особа одужала, набувши імунітет, чи померла від захворювання. Головне, що для обох випадків характерна відсутність можливості повторного інфікування чи повернення до групи «сприйнятливих».

Також слід зазначити, що коефіцієнти β і γ є узагальненими параметрами, які можуть змінюватися залежно від конкретного захворювання, умов середовища та інших впливів. У контексті цієї роботи саме ці параметри будуть використовуватися для моделювання поширення ВІЛ серед різних вікових груп населення України. Точне визначення значень β і γ , їх аналіз та адаптація до реальних даних дозволять побудувати максимально точну математичну модель динаміки інфекції.

Для зручності аналізу поширення інфекційних захворювань, зокрема ВІЛ, використовується важливий показник — базове репродукційне число (R_0). Цей

показник відображає середню кількість нових інфікованих осіб, які можуть заразитися від однієї хворої особи в умовах повної відсутності імунітету в популяції та без вживання профілактичних заходів. Його розраховують за формулою:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (1.2)$$

Репродукційне число використовується для визначення динаміки інфекційного процесу, тобто оцінки того, чи буде хвороба поширюватися в популяції, чи її поширення зупиниться. Його значення може мати два основні сценарії:

$$1) R_0 > 1$$

Якщо значення R_0 перевищує одиницю, це означає, що кожна інфікована особа передає хворобу більше ніж одній сприйнятливій особі. В такому разі інфекція активно поширюється серед населення, що призводить до зростання кількості хворих.

$$2) R_0 < 1$$

Коли R_0 менше одиниці, це свідчить про те, що одна інфікована особа заражає менше ніж одну нову людину в середньому. У такій ситуації захворювання поступово згасає, адже інфекція не може підтримувати своє поширення в популяції.

Щодо розповсюдження ВІЛ, значення R_0 може варіюватися залежно від багатьох факторів, таких як поведінкові особливості населення, доступність медичної допомоги, використання профілактичних засобів (наприклад, бар'єрних засобів контрацепції або профілактичної терапії), а також рівень інформованості про шляхи передачі вірусу.

Оцінка R_0 для ВІЛ є складнішою, ніж для багатьох інших інфекцій, оскільки вірус характеризується тривалим латентним періодом і може передаватися через кілька різних шляхів: статевий контакт, вживання наркотичних речовин в ін'єкційний спосіб, контакт із кров'ю або від матері до

дитини. Таким чином, підхід до розрахунку R_0 для ВІЛ вимагає врахування множинних факторів, включаючи соціальні, демографічні та медичні аспекти.

Важливим є розуміння, що значення R_0 для ВІЛ в Україні також може залежати від доступності сучасної антиретровірусної терапії (АРТ), яка не тільки продовжує життя інфікованих, але й значно знижує їхню здатність передавати вірус іншим. Це підкреслює роль профілактичних і лікувальних програм у боротьбі з поширенням ВІЛ у країні.

SIR модель включає систему трьох диференціальних рівнянь і має наступний вигляд:

$$\begin{aligned} S_{n+1} &= S_n - \frac{S_n \cdot I_n \cdot \beta}{N} \\ I_{n+1} &= I_n + \frac{I_n \cdot S_n \cdot \beta}{N} - I_n \cdot \gamma \\ R_{n+1} &= R_n + I_n \cdot \gamma \end{aligned} \quad (1.3)$$

Перше рівняння описує зміну кількості сприйнятливих осіб протягом певного часового періоду, друге рівняння описує зміну кількості інфікованих осіб протягом цього часу, а третє рівняння описує "видалених" осіб, тобто тих, хто одужав або помер.

Вищезазначена модель є стандартним базовим варіантом моделі, що використовується для опису епідеміологічних процесів. Проте, крім цього варіанту, існують й інші варіації цієї системи.

Безсумнівним плюсом використання саме SIR моделі є простота її використання, але важливим мінусом (особливо якщо говорити в контексті ВІЛ) є відсутність врахування тих, хто є інфікованим, але не розповсюджує хворобу далі.

1.3.2 SIRD модель

Модель SIRD є модифікацією SIR-моделі, яка враховує можливість смерті від захворювання (D – Dead, померлі). Тобто ця модель поділяє населення на чотири групи: сприйяття (S), інфікування (I), видалення (R) та смерть (D).

Відмінністю цієї моделі від попередньої є коефіцієнт δ , який відповідає за ймовірність смерті. В такому випадку математична модель прийме вигляд:

$$\begin{aligned} S_{n+1} &= S_n - \frac{S_n \cdot I_n \cdot \beta}{N} \\ I_{n+1} &= I_n + \frac{I_n \cdot S_n \cdot \beta}{N} - I_n \cdot (\gamma + \delta) \\ R_{n+1} &= R_n + I_n \cdot \gamma \\ D_{n+1} &= D_n + I_n \cdot \delta \end{aligned} \tag{1.4}$$

де перше рівняння відповідає за здорових людей, друге – інфікованих, третє – одужавших та четверте – померлих.

1.3.3 SEIR модель

Модель SEIR по суті своїй є модифікацією SIR-моделі, яка враховує інкубаційний період захворювання (E – exposed, контактні особини, що хворіють, але не заразні та можуть з часом повністю захворіти). Тобто ця модель поділяє населення на чотири групи: сприйняття (S), контакт (E), інфікування (I) та видалення (R).

Відмінністю цієї моделі від попередньої є коефіцієнт α , який відповідає за ймовірність переходу людини із групи E (контактні особи) в I (інфіковані особи) і обернено пропорційне інкубаційному періоду.

В такому випадку математична модель прийме вигляд:

$$\begin{aligned}
 S_{n+1} &= S_n - \frac{S_n \cdot I_n \cdot \beta}{N} \\
 E_{n+1} &= E_n + \frac{S_n \cdot I_n \cdot \beta}{N} - E_n \cdot \alpha \\
 I_{n+1} &= I_n + E_n \cdot \alpha - I_n \cdot \gamma \\
 R_{n+1} &= R_n + I_n \cdot \gamma
 \end{aligned}
 \tag{1.5}$$

де перше рівняння відповідає за здорових людей, друге – за тих, хто хворіє, але не заражає, третє – інфікованих та четверте – за одужавших.

1.3.4 SIR модель з життєвою динамікою

Початково описана SIR модель, яка використовується для точної симуляції, працювала з врахуванням закритого суспільства, де загальна зміна кількості населення на всіх проміжках часу була відкинута. Така модель не враховувала кількість народжених людей протягом всього періоду моделювання і кількість людей, які природньо померли. Однак цей випадок включений до структури SIR моделі з життєвою динамікою. Для спрощення моделі ми будемо припускати, що коефіцієнт народжуваності та смертності однаковий і позначається грецькою літерою μ , а N - це кількість населення, яка відповідає рівнянню (1).

$$\begin{aligned}
 S_{n+1} &= S_n - \beta S_n I_n + \mu N - \mu S_n \\
 I_{n+1} &= I_n + \beta S_n I_n - \gamma I_n - \mu I_n \\
 R_{n+1} &= R_n + \gamma I_n - \mu R_n
 \end{aligned}
 \tag{1.6}$$

де перше рівняння відповідає за здорових людей, друге – інфікованих, третє – "видалених" осіб, тобто тих, хто одужав або помер.

1.3.5 SIR модель з вакцинацією

Існує також SIR модель, яка враховує вакцинацію. Цей підхід дозволяє захистити людей від можливості зараження і передачі вірусу протягом певного, визначеного лікарями та науковцями-дослідниками періоду. Тривалість і характеристики цих етапів можуть різнитися залежно від типу хвороби, від якої здійснюється щеплення, від рівня вивченості хвороби та вразливості людини до впливу вірусу. Включення вакцинації до SIR моделі призводить до переходу людини з групи S (вразливі) в групу R (виліковані), оминаючи етап інфікування. Для наглядної демонстрації позначимо кількість вакцинованих осіб літерою A , припускаючи, що вакцина забезпечує 100% захист від хвороби без можливості повторного зараження. Це означає, що в рамках цієї моделі особи, які були вакциновані, одразу переходять у групу R , яка є їх кінцевим станом.

$$\begin{aligned} S_{n+1} &= S_n - \beta S_n - A \\ I_{n+1} &= I_n + \beta S_n - \gamma I_n \\ R_{n+1} &= R_n + \gamma I_n + A \end{aligned} \tag{1.7}$$

де перше рівняння відповідає за здорових людей, друге – інфікованих, третє – "видалених" осіб, тобто тих, хто одужав або помер.

1.4 Моделювання на основі клітинних автоматів

Ще одним підходом до моделювання поширення інфекцій є використання клітинних автоматів. Цей метод базується на дискретній моделі, в якій населення розглядається як решітка певного розміру, де кожна клітина представляє окрему людину. Клітинні автомати дозволяють врахувати взаємодію осіб у локальному середовищі та зміну їх станів у часі.

Подібно до класичних диференціальних моделей, клітинні автомати оперують обмеженим набором станів, які може мати кожна клітина. У класичній моделі SIR станами є:

- S (вразливі) – особи, які можуть бути інфіковані при контакті з інфікованими;

- I (інфіковані) – особи, які заразилися ВІЛ та можуть передавати інфекцію;

- R (видалені) – особи, які більше не передають інфекцію (наприклад, через застосування антиретровірусної терапії, що знижує вірусне навантаження, або через природне завершення життєвого циклу).

Процес поширення інфекції розглядається дискретно, і кожен часовий крок моделі відповідає зміні станів клітин залежно від встановлених правил взаємодії.

Головною характеристикою цього підходу є локальність взаємодії. Кожна клітина має "сусіднє оточення", тобто набір клітин, з якими вона взаємодіє протягом одного часового кроку. Це оточення може бути налаштоване різними способами: наприклад, включати лише найближчих сусідів або мати більший радіус охоплення. Гнучкість у налаштуванні правил взаємодії дозволяє адаптувати модель до специфічних умов, що є важливим для врахування регіональних особливостей поширення ВІЛ в Україні.

Крім того, клітинні автомати дають змогу моделювати як детерміновані, так і стохастичні процеси, додаючи елемент випадковості до передачі інфекції чи змін станів. Це може бути корисним для врахування варіабельності індивідуальної поведінки та ефективності профілактичних заходів.

Однак клітинні автомати мають і певні недоліки. Один із них — це складність моделювання процесів, що передбачають переміщення населення між різними містами чи регіонами. Врахування мобільності населення є важливим для моделювання ВІЛ, оскільки інфекція часто поширюється між регіонами через міграційні процеси, як внутрішні, так і зовнішні.

У разі, якщо вірус поширюється в межах однієї популяції з обмеженими переміщеннями між регіонами, результати клітинно-автоматної моделі та SIR-моделі є подібними за умов великої кількості населення та достатньої кількості інфікованих. Однак, якщо необхідно врахувати складну структуру взаємодій та

мобільність, клітинні автомати можуть потребувати значних обчислювальних ресурсів і розширених налаштувань для досягнення точності.

1.5 Вибір моделі

Вибір моделі є критично важливим етапом, оскільки від нього залежить якість отриманих результатів та їхня придатність для подальшого аналізу. Основним критерієм вибору стало врахування специфіки поставлених завдань, а також можливість адаптації моделі до особливостей досліджуваного явища — поширення ВІЛ в Україні.

Серед доступних підходів було розглянуто моделювання на основі клітинних автоматів та використання диференціальних моделей, зокрема класичної SIR-моделі. Клітинні автомати дійсно можуть забезпечити високу точність моделювання за рахунок дискретного підходу до взаємодій між особами та можливості включення стохастичних процесів. Проте цей метод має певні обмеження, які ускладнюють його застосування для наших задач. Зокрема, клітинні автомати краще підходять для вивчення локальних сценаріїв або випадкових переміщень осіб у межах закритих спільнот, що не відповідає нашим потребам.

Основною метою дослідження є аналіз поширення ВІЛ з урахуванням соціальної активності населення, а також впливу профілактичних заходів. Для цього моделювання на основі диференціальних рівнянь виявилось найбільш прийнятним інструментом з кількох причин:

1. Простота інтеграції статистичних даних. Моделювання на основі диференціальних рівнянь дозволяє безпосередньо використовувати наявну статистику про кількість вразливих, інфікованих та видалених осіб, що є ключовим для нашого аналізу.

2. Гнучкість у налаштуванні параметрів. Моделі, подібні SIR, легко адаптуються до різних сценаріїв, включаючи варіації рівня інфікування (β) та

одужання (γ), що дозволяє моделювати як загальнонаціональні тенденції, так і локальні спалахи.

3. Можливість модифікації. Моделі, подібні SIR, можна доповнити новими компонентами, такими як окремі групи ризику або вплив специфічних факторів, зокрема антиретровірусної терапії, що є важливим для глибшого розуміння динаміки поширення ВІЛ.

4. Широке використання в епідеміології. Моделювання на основі диференціальних рівнянь є загальновизнаним стандартом для аналізу інфекційних захворювань, що спрощує порівняння результатів мого дослідження з іншими роботами у цій сфері.

1.6 Постановка задачі

Спираючись на обраний для моделювання спосіб, а саме проектування поширення інфекції з використанням моделювання на основі диференціальних рівнянь, було сформульовано ряд наступних задач:

1. Провести аналіз статистичних даних та провести їх попередню обробку для використання у подальшому в моделі розповсюдження інфекцій.

2. Побудувати математичну модель розповсюдження інфекції, узагальнюючи певну відому модель на випадок урахування розподілу населення на групи за віком.

3. Знайти величини параметрів моделі, які забезпечують найменше відхилення отриманих результатів від даних спостережень. Порівняти параметри моделі з розподілом населення на групи за віком та без її розглядання.

Висновки до розділу 1

Досягнення науки відкривають нові горизонти у боротьбі з серйозними захворюваннями, які ще кілька десятиліть тому могли вважатися смертельними.

Вивчення епідемій і пандемій дозволяє краще зрозуміти механізми поширення інфекцій та розробляти ефективні стратегії для їхнього стримування. Однією з таких серйозних загроз для сучасного суспільства є ВІЛ/СНІД. Незважаючи на досягнення у лікуванні, проблема поширення інфекції залишається актуальною, особливо в Україні, де епідемія ВІЛ набула значних масштабів.

Зважаючи на специфіку ВІЛ-інфекції, її поширення та вплив на різні вікові групи населення, було прийнято рішення використовувати моделювання на основі диференційних рівнянь з урахуванням вікової структури суспільства. Такий вибір дозволяє не лише відслідковувати динаміку розповсюдження інфекції, але й аналізувати відмінності в процесах інфікування та одужання у різних вікових категоріях. Поділ населення на групи за віком має стати важливим компонентом моделі, оскільки швидкість розповсюдження хвороби (параметр β) варіюється залежно від соціальної активності людей різного віку.

Моделювання на основі клітинних автоматів також могло б бути застосоване для цієї задачі, однак воно більше підходить для аналізу випадкового переміщення осіб у просторі, що не є ключовим фактором у даному дослідженні. ВІЛ передається не через випадкові контакти, а в результаті специфічних ризикованих поведінкових актів. Тому для розв'язання поставлених задач більш доцільним є використання моделювання на основі диференційних рівнянь, яке вже добре зарекомендувало себе в аналізі поширення інфекцій.

У цьому дослідженні увагу зосереджено на адаптації SIR-моделі до умов епідемії ВІЛ в Україні. Це дозволяє не лише отримати більш точні прогнози поширення інфекції, але й краще зрозуміти, як вікові особливості населення впливають на динаміку епідемії. Такий підхід відкриває перспективи для розробки більш ефективних стратегій протидії ВІЛ, зокрема завдяки можливості більш точного моделювання епідеміологічної ситуації та оцінки ризиків для різних груп населення. Це дозволяє оптимізувати ресурси, спрямовані на профілактику, виявлення нових випадків інфекції та покращення доступу до лікування.

2 СПЕЦІАЛЬНИЙ РОЗДІЛ

2.1 Побудова математичної моделі розповсюдження ВІЛ з врахування поділу населення на групи за віком

Для побудови математичної моделі розповсюдження ВІЛ за основу візьмемо модель SEIR, в наступній інтерпретації (SIED): до першої групи (S) – будемо відносити здорове населення, з ризиком інфікування; до другої групи (E) – групу людей, яка хворіє на ВІЛ, але використовує АРТ в повній мірі; до третьої групи (I) – відповідно людей, які знають про свій ВІЛ-позитивний статус, але не використовують АРТ та до четвертої групи (D) – померлих людей, тобто:

$$S_{n+1} = S_n - \frac{\beta(S_n \cdot I_n)}{N}$$

$$I_{n+1} = I_n + E_n \cdot \alpha - I_n \cdot \delta$$

$$E_{n+1} = E_n + \frac{\beta(S_n \cdot I_n)}{N} - E_n \cdot \alpha$$

$$D_{n+1} = D_n + I_n \cdot \delta$$

де $S + I + R = N$.

У цьому контексті все населення буде поділено на чотири вікові групи, враховуючи рівень їх соціальної активності. Так, якщо розділити показники захворюваності на чотири групи згідно вікової структури за 2015-2021 рр. можна отримати групування, представлене в таблиці 2.1.

Таблиця 2.1

Розповсюдження ВІЛ по групах за 2015-2021 рр.

Група	Вік	Нові захворювання		Хворіють		Померли	
		Кількість ¹	Всього в групі	Кількість	Всього в групі	Кількість	Всього в групі

¹ кількість захворювань на 100 тисяч населення

Група	Вік	Нові захворювання		Хворіють		Померли	
		Кіл-ть ¹	Всього в групі	Кіл-ть	Всього в групі	Кіл-ть	Всього в групі
Група 1	0-4	6	13	36	196	3	5
	5-9	0		42		1	
	10-14	0		53		1	
	15-19	7		65		0	
Група 2	20-24	34	188	205	3415	1	45
	25-29	65		615		6	
	30-34	53		1101		13	
	35-39	36		1494		25	
Група 3	40-44	24	57	1495	3520	25	69
	45-59	16		1053		23	
	50-54	11		616		13	
	55-59	6		356		8	
Група 4	60-64	3	3	204	391	4	8
	65-69	0		110		3	
	70-74	0		51		1	
	75-79	0		21		0	
	80+	0		5		0	

Таким чином, в подальшому будемо користуватися наступним групуванням:

- перша група (від 0 до 20 років) – мають низьку ймовірність захворіти на ВІЛ та бути розповсюджувачем хвороби. В першу чергу тут йдеться про тих людей, які або не мають позитивного ВІЛ-статуса або мають статус ВІЛ з народження. Також ця група буде характеризуватися високим відсотком використання АРТ;

- друга група (від 20 до 39 років) – найбільш соціально активна частина населення, яка має найбільшу (високу) ймовірність захворіти на ВІЛ та бути розповсюджувачем хвороби. Також ця група буде характеризуватися середнім відсотком використання АРТ;

- третя група (від 40 до 59 років) – середня ймовірність захворіти на ВІЛ та бути розповсюджувачем хвороби. Ця група характеризується значно меншою ймовірністю захворіти на ВІЛ ніж минула, але саме в цій групі є найбільша кількість ВІЛ-інфікованих людей. Особливістю цієї групи є висока смертність, а при відмові від АРТ – висока ймовірність бути розповсюджувачем хвороби через найбільший відсоток хворих на ВІЛ саме у цій групі;

- четверта група (старше 60 років) – найнижча ймовірність захворіти на ВІЛ та низка ймовірність бути розповсюджувачем хвороби. Скоріш за все, люди, які відносяться до цієї групи, досить уважно слідкують за своїм здоров'ям та прийомом АРТ, а відповідно і смертність від хвороб, пов'язаних з ВІЛ, тут теж буде нижче, ніж в попередніх двох групах.

В такому випадку загальну систему рівнянь для чотирьох вікових груп можна представити у вигляді:

$$S_{n+1} = \sum_{m=1}^4 S_{n+1}^m$$

$$I_{n+1} = \sum_{m=1}^4 I_{n+1}^m$$

$$E_{n+1} = \sum_{m=1}^4 E_{n+1}^m$$

$$D_{n+1} = \sum_{m=1}^4 D_{n+1}^m$$

ЯКЩО

$$S_{n+1}^m = S_n^m - \frac{\beta^m (S_n^m \cdot I_n^m)}{N}$$

$$I_{n+1}^m = I_n^m + E_n^m \cdot \alpha - I_n^m \cdot \delta^m$$

$$E_{n+1}^m = E_n^m + \frac{\beta^m (S_n^m \cdot I_n^m)}{N} - E_n^m \cdot \alpha^m$$

$$D_{n+1}^m = D_n^m + I_n^m \cdot \delta^m$$

де n – номер кроку для якого розраховується значення; m – номер групи для якої розраховується рівняння; S – число здорових осіб; β – ймовірність захворіти; N – загальна чисельність населення; I – кількість інфікованих; E – кількість людей, що використовують АРТ; δ – рівень смертності; α – ймовірність відмовитися від терапії; D – кількість померлих.

Отже, для першої вікової групи будемо мати наступні припущення:

- ймовірність захворіти $\beta^1 = 0,00013$ (з розрахунки 13 чоловік, які захворіли на 100 тисяч населення);
- ймовірність відмовитися від терапії $\alpha = 0,0055$;
- рівень смертності $\delta^1 = 0,00005$, що відповідає смерті 5 чоловік на 100 тисяч населення.

Таким чином, система рівнянь для першої групи прийме вид:

$$S_{n+1}^1 = S_n^1 - \frac{0,00013 (S_n^1 \cdot I_n^1)}{N}$$

$$I_{n+1}^1 = I_n^1 + 0,0055 \cdot E_n^1 - 0,00005 \cdot I_n^1$$

$$E_{n+1}^1 = E_n^1 + \frac{0,00013 (S_n^1 \cdot I_n^1)}{N} - 0,0055 \cdot E_n^1$$

$$D_{n+1}^1 = D_n^1 + 0,00005 \cdot I_n^1$$

Для другої вікової групи маємо:

- ймовірність захворіти $\beta^2 = 0,0019$ (з розрахунки 188 чоловік, які захворіли на 100 тисяч населення);
- ймовірність відмовитися від терапії $\alpha = 0,0075$;
- рівень смертності $\delta^2 = 0,0045$, що відповідає смерті 45 людей на 100 тисяч населення.

Таким чином, система рівнянь для другої групи прийме вид:

$$S_{n+1}^2 = S_n^2 - \frac{0,0019 (S_n^2 \cdot I_n^2)}{N}$$

$$I_{n+1}^2 = I_n^2 + 0,0075 \cdot E_n^2 - 0,0045 \cdot I_n^2$$

$$E_{n+1}^3 = E_n^3 + \frac{0,0019 (S_n^3 \cdot I_n^3)}{N} - 0,0075 \cdot E_n^3$$

$$D_{n+1}^3 = D_n^3 + 0,0045 \cdot I_n^3$$

Для третьої вікової групи маємо:

- ймовірність захворіти $\beta^3 = 0,00057$ (з розрахунку 57 чоловік, які захворіли на 100 тисяч населення);
- ймовірність відмовитися від терапії $\alpha = 0,065$;
- рівень смертності $\delta^3 = 0,00069$, що відповідає смерті 69 людей на 100 тисяч населення.

Таким чином система рівнянь для третьої групи прийме вид:

$$S_{n+1}^3 = S_n^3 - \frac{0,00057 (S_n^3 \cdot I_n^3)}{N}$$

$$I_{n+1}^3 = I_n^3 + 0,0065 \cdot E_n^3 - 0,00069 \cdot I_n^3$$

$$E_{n+1}^3 = E_n^3 + \frac{0,00057 (S_n^3 \cdot I_n^3)}{N} - 0,0065 \cdot E_n^3$$

$$D_{n+1}^3 = D_n^3 + 0,00069 \cdot I_n^3$$

Для четвертої вікової групи маємо:

- ймовірність захворіти $\beta^4 = 0,00003$ (з розрахунки 3 чоловіка, які захворіли на 100 тисяч населення);
- ймовірність відмовитися від терапії $\alpha = 0,05$;
- рівень смертності $\delta^4 = 0,00008$, що відповідає смерті 8 чоловік на 100 тисяч населення.

Таким чином система рівнянь для третьої групи прийме вид:

$$S_{n+1}^4 = S_n^4 - \frac{0,00003 (S_n^4 \cdot I_n^4)}{N}$$

$$I_{n+1}^4 = I_n^4 + 0,05 \cdot E_n^4 - 0,00008 \cdot I_n^4$$

$$E_{n+1}^4 = E_n^4 + \frac{0,00003 (S_n^4 \cdot I_n^4)}{N} - 0,05 \cdot E_n^4$$

$$D_{n+1}^4 = D_n^4 + 0,00008 \cdot I_n^4$$

Таким чином, були побудовані всі системи рівнянь, необхідні для визначення міри розповсюдження ВІЛ серед населення з урахуванням вікових груп.

2.2 Метод розв'язання

2.2.1 Метод Рунге-Кутта 4-го порядку

Крім питань, що виникають при безпосередньому моделюванні задачі, важливим є питання коректності використання зазначених коефіцієнтів розповсюдження хвороби, інфікування та відмови від АРТ. Отже, окремим завданням є дослідження значень цих параметрів. Оскільки ця робота зосереджена на аналізі рівня поширення інфекцій, далі увагу буде сконцентровано на вивченні параметра β . Таким чином, для моделювання SIED-моделі з урахуванням поділу населення за віковими групами, окрім класичної SIR-моделі та модифікованої SIED-моделі, також була поставлена задача апроксимації значення β .

Для вирішення цієї задачі було обрано чисельний метод четвертого порядку точності – метод Рунге-Кутта. Цей метод є широко використовуваним для розв'язування систем звичайних диференціальних рівнянь та різних задач, побудованих на їх основі. Він також відомий своєю високою точністю.

Узагальнений вигляд методу Рунге-Кутта четвертого порядку може бути представлений наступним чином [18]:

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

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

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

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

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

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

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

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 застосовують при вирішенні задачі Коші, де необхідно знайти рішення системи з відомими початковими значеннями.

Таким чином, для моделювання SIED моделі ми використовуємо метод Рунге-Кутта четвертого порядку. У цьому випадку вихідні дані є початковими значеннями кількості сприйнятливих, інфікованих, відмовившихся від АРТ та померлих осіб на перший день конкретного періоду. Функцією, для якої застосовується цей метод, є сама SIED модель, структура якої була описана у розділі 2.1. Таким чином, на кожному кроці ітерації методу Рунге-Кутта ми отримуємо нові значення кількості сприйнятливих, інфікованих, відмовившихся від АРТ та померлих осіб для кожної групи або загальної кількості населення.

При моделюванні розглянуто три варіанти SIED моделі:

1. класична SIR модель, коли для моделювання використовується розрахункова бета та за відсутності поділу населення.

2. SEIR модель, коли для моделювання використовується вже поділ населення на групи за віком, але все ще використовується розрахункова бета для кожної групи відповідно;

3. SEIR модель, коли для моделювання використовується поділ населення на групи та апроксимована бета, яка вираховується для кожної групи окремо за допомогою методу половинного ділення, який буде описаний нижче.

2.2.2 Метод половинного ділення

Для наступних моделей будемо використовувати метод половинного ділення для апроксимації бета.

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 ε .

Алгоритм цього методу представлено на рисунку 2.1.

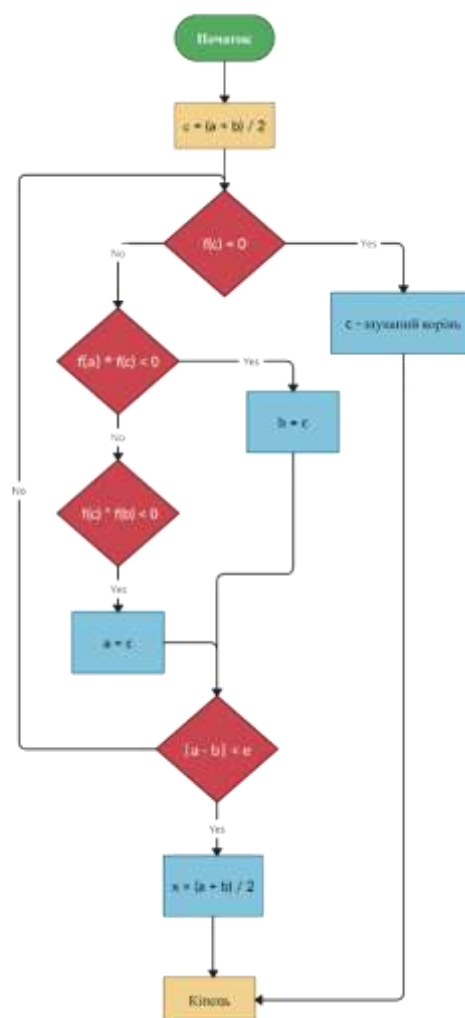


Рисунок 2.1 – Алгоритм звичайного метода половинного ділення

У даній роботі використовується модифікований метод половинного ділення. Оскільки наша мета знайти найближче значення бети для даних про

кількість інфікованих за відповідний період, то функція, для якої ми і шукаємо найкраще значення бети, має наступний вигляд:

$$F(\beta) = \sum_{i=1}^n (I_i - \hat{I}_i)^2 \rightarrow \min_{0 \leq \beta \leq 2}$$

де:

$i = \overline{1, n}$ – кількість днів періоду, що розглядається;

I_i – це сумарна кількість інфікованих станом на i -тий місяць, отриманих за допомогою SEIR моделі з методом Рунге-Кутта 4-го порядку;

\hat{I}_i – це сумарна кількість інфікованих станом на i -тий місяць згідно з вихідних даних, отриманих з офіційної статистики на сайті МОЗ України;

$0 \leq \beta \leq 2$ – 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 SEIR моделі на основі методу Рунге-Кутта 4-го порядку.

Алгоритм модифікованого методі половинного ділення представлено на рисунку 2.2.

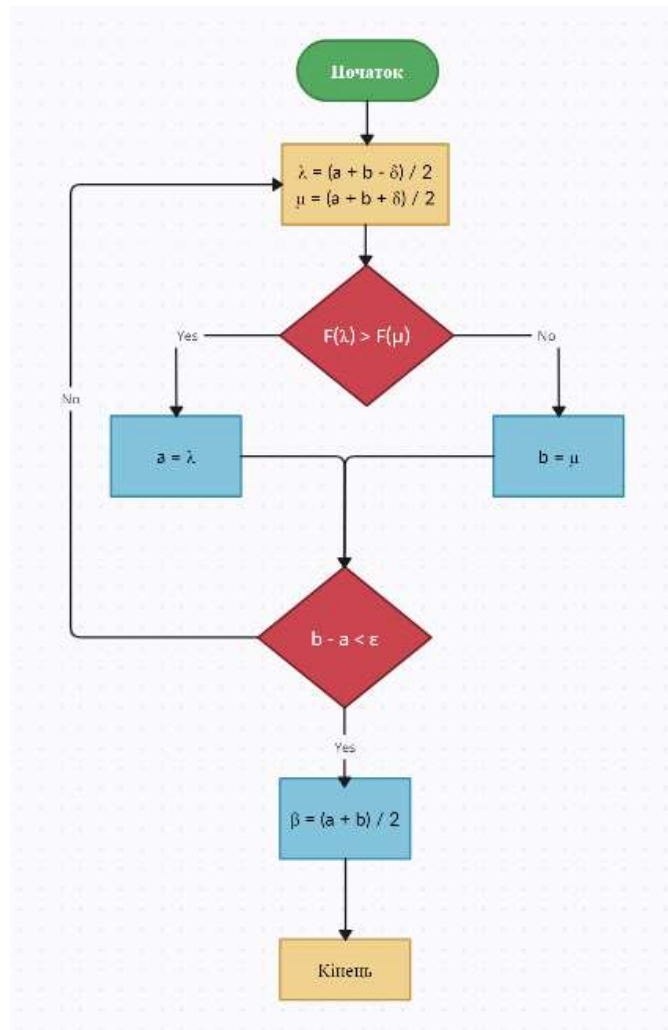


Рисунок 2.2 – Алгоритм модифікованого метода половинного ділення

2.2.3 Результат роботи програмного коду та аналіз отриманих результатів

Для вивчення впливу розподілу населення на групи за віком на точність моделювання поширення інфекції порівняємо відхилення між вихідними статистичними даними і результатами, отриманими в результаті моделювання трьох типів моделей, які були описані у розділі 2.2.1.

Тобто, таким чином, будемо порівнювати, яким є відхилення при наступних сценаріях для одного періоду, що розглядаються:

1. Без будь-якого врахування розподілу населення на групи за віком та при використанні розрахункової бети;

2. З врахуванням розподілу населення на групи за віком та при використанні розрахункової бети для кожної окремої групи;

3. З врахуванням розподілу населення на групи за віком та при апроксимації бети для кожної окремої групи.

Відхилення для кожного з випадків розраховуються за наступними формулами:

$$Deviation_science = \sqrt{\frac{F_science(\beta)}{n}}$$

$$Deviation_science_group = \sqrt{\frac{Fm_science(\beta)}{n}}$$

$$Deviation_aprox_group = \sqrt{\frac{Fm_aprox(\beta)}{n}}$$

де:

Deviation_science – змінна, що відповідає за відхилення статистичних даних від даних, що були отримані при моделюванні моделі на основі розрахункової бети без врахування розподілу населення на групи за віком;

Deviation_science_group – змінна, що відповідає за відхилення статистичних даних від даних, що були отримані при моделюванні моделі на основі розрахункової бети з врахування розподілу населення на групи за віком;

Deviation_aprox_group – змінна, що відповідає за відхилення статистичних даних від даних, що були отримані при моделюванні моделі на основі апроксимації бети з врахуванням розподілу населення на групи за віком.

Кожна з цих змінних містить цільову функцію методу половинного ділення, а змінна, що показує відхилення при апроксимації бети, містить середнє значення функцій на кінцях відрізка, отриманого за допомогою даного методу. Крім того, для отримання помилки, яка відображає середньомісячне відхилення кількості інфікованих для всіх методів, використовується квадратний корінь, оскільки значення функції *F* були попередньо піднесені до квадрату.

Отже, за основу були взяті статистичні дані за період січень 2022 – жовтень 2024 (див. додаток Б). На рисунку 2.3 для періоду січень 2022 – жовтень 2024 року зображений графік, з яких демонструє як змінюється кількість інфікованих на ВІЛ згідно з кожною з трьох варіантів моделей, що описані вище. Додатково на графік було виведено лінію, що показує реальну кількість інфікованих згідно з вихідних даних з офіційного сайту МОЗ України.

Колір ліній на графіках відповідає даним отриманим конкретним методом:

- рожевий – статистичні дані з офіційного сайту МОЗ України;
- синій – дані отримані при використанні класичної SIR моделі з розрахунковою бетою. Оскільки в даному випадку необхідна лише одна бета, замість розрахункових чотирьох, в моделі було взято середню арифметичну;
- червоний – дані отримані при використанні SEIR моделі виведеної у розділі 2.1 та при використанні розрахункових бет, для кожної групи відповідно;
- фіолетовий – дані отримані при використанні SEIR моделі та апроксимованих бет, для кожної групи відповідно.

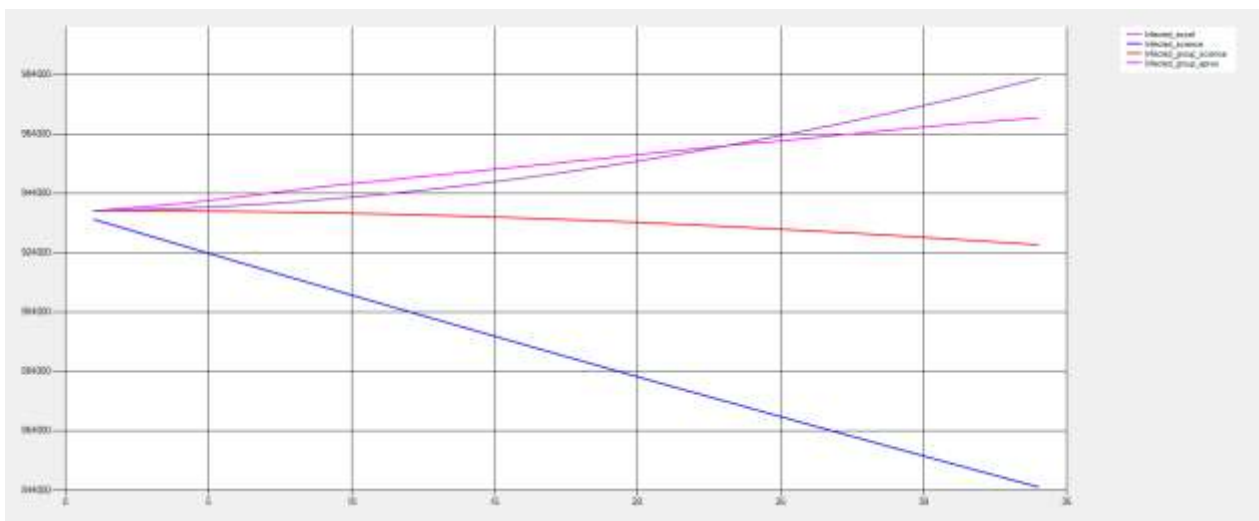


Рисунок 2.3 – Графічне відображення отриманих результатів трьох симуляцій SIR моделей і статистичних даних за період січень 2022 – жовтень 2024 року

Результати обчислень відхилень для цього періоду наведені на рисунку 2.4:

Deviation_science:	52593,9755
Dev._science_group:	16933,23258
Dev._aprox_group:	3558,03248

Рисунок 2.4 – Відхилення від статистичних даних у трьох випадках для періоду січень 2022 – жовтень 2024 року

Як видно з результатів аналізу, найбільші відхилення спостерігаються при застосуванні класичної SIR моделі, яка не враховує розподіл населення на вікові групи та використовує стандартну оцінку параметра β для моделювання поширення інфекції. Найменші відхилення виявляються при використанні моделі SEIR, де здійснюється поділ населення за віковими групами, а значення β апроксимується з допомогою методу половинного ділення, що дозволяє більш точно враховувати специфіку епідеміологічних процесів.

Результати апроксимованої бети для усіх чотирьох груп населення відображені на рисунку 2.5.

Beta_aprox1:	0,0004940185
Beta_aprox2:	0,0004940185
Beta_aprox3:	0,0385609130
Beta_aprox4:	0,0004940185

Рисунок 2.5 – Апроксимовані бети для кожної групи населення

Як показують результати, різниця між апроксимованими значеннями β для груп один, два та чотири є незначною, на відміну від групи три, де ця різниця виявляється суттєвою. Такий результат підтверджується статистикою та припущенням, що саме третя група є найбільш чисельною через кілька факторів. Зокрема, статистичні дані вказують на те, що найбільша кількість нових випадків

ВІЛ спостерігається в групах 2 та 3, що корелює з високим рівнем соціальної активності цих осіб. Для групи 2 характерне переважно нове інфікування, в той час як в третій групі відзначається не тільки високий рівень нових випадків, але й значний перехід людей з групи 2, що додатково збільшує загальну кількість хворих у цій категорії.

Для аналізу динаміки поширення інфекції з урахуванням вікового фактора на загальний рівень захворюваності також додатково розглянемо результати, отримані в процесі моделювання для всіх чотирьох груп населення. Результати цих моделювань детально представлені на рисунках 2.6 – 2.9, а також у додатку В.

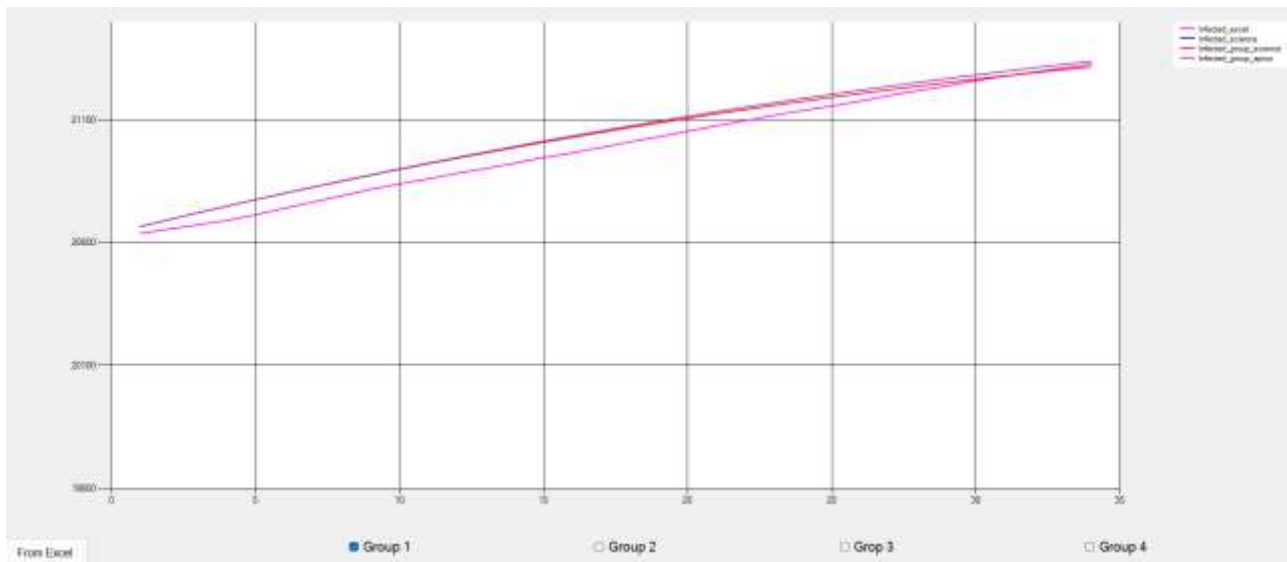


Рисунок 2.6 – Графічне відображення отриманих результатів трьох симуляцій SIR моделей і статистичних даних для групи 1

Як видно з рисунка 2.6, результати моделювання за допомогою всіх трьох методів для першої групи дають майже однакові результати. Це можна пояснити тим, що для цієї групи ймовірність передачі ВІЛ поза контекстом вертикального шляху передачі (від матері до дитини) є надзвичайно низькою, що забезпечує мінімальний рівень захворюваності. Крім того, майже 100% ймовірність прийому антиретровірусної терапії (АРТ) також знижує варіативність результатів, що робить моделі SIR та SEIR практично однаковими в цьому випадку.

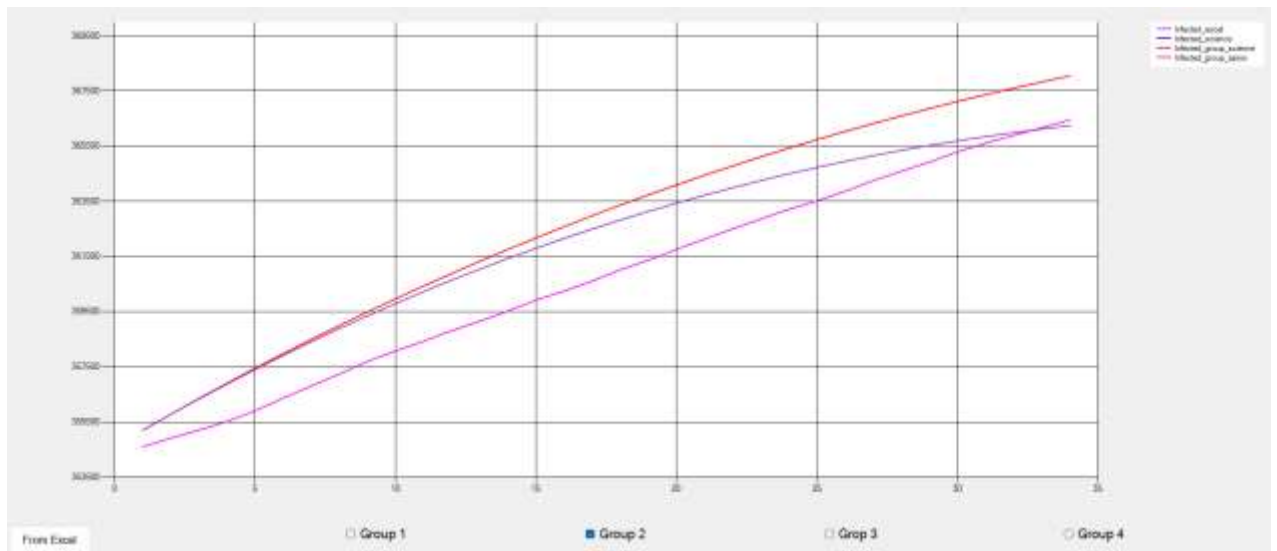


Рисунок 2.7 – Графічне відображення отриманих результатів трьох симуляцій SIR моделей і статистичних даних для групи 2

Як показано на рисунку 2.7, результати моделювання для другої групи за допомогою різних методів мають деякі варіації. Це свідчить про вплив вибору моделі на точність прогнозів, оскільки кожен метод враховує різні аспекти епідеміологічної динаміки. Зокрема, модель SEIR, яка включає апроксимацію параметра β , демонструє найкращу узгодженість з фактичними даними та найбільш точні результати у порівнянні з іншими підходами. Це може бути пов'язано із врахуванням саме вікових факторів.

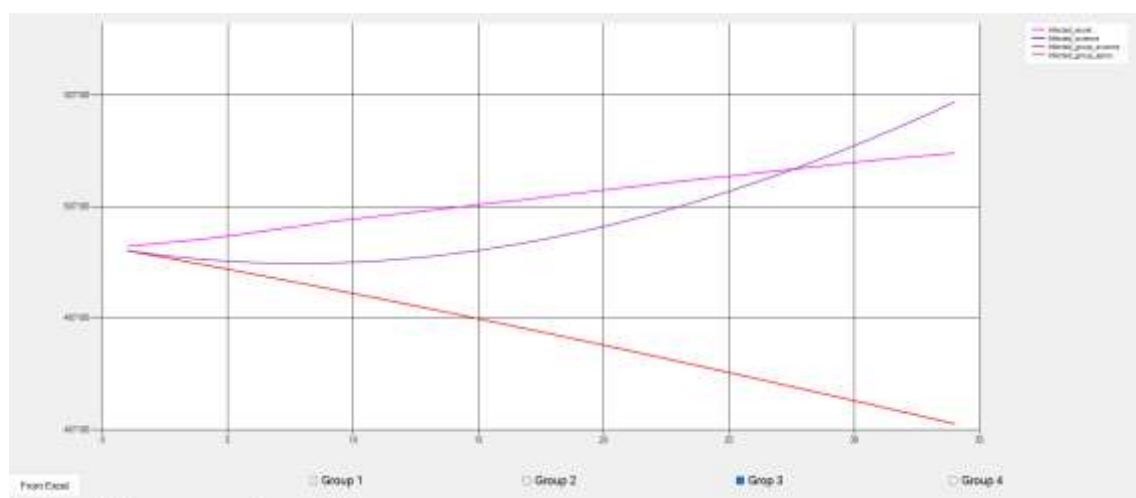


Рисунок 2.8 – Графічне відображення отриманих результатів трьох симуляцій SIR моделей і статистичних даних для групи 3

Аналіз моделювання поширення ВІЛ для третьої групи, результати якого представлені на рисунку 2.8, досить схожий із загальними тенденціями, відображеними на рисунку 2.3. Це можна пояснити тим, що, як зазначалося раніше, третя група є найбільш значущою в контексті поширення епідемії через її чисельність та високу соціальну активність, а отже, має значний вплив на динаміку інфікування як всередині своєї групи, так і поза її межами.

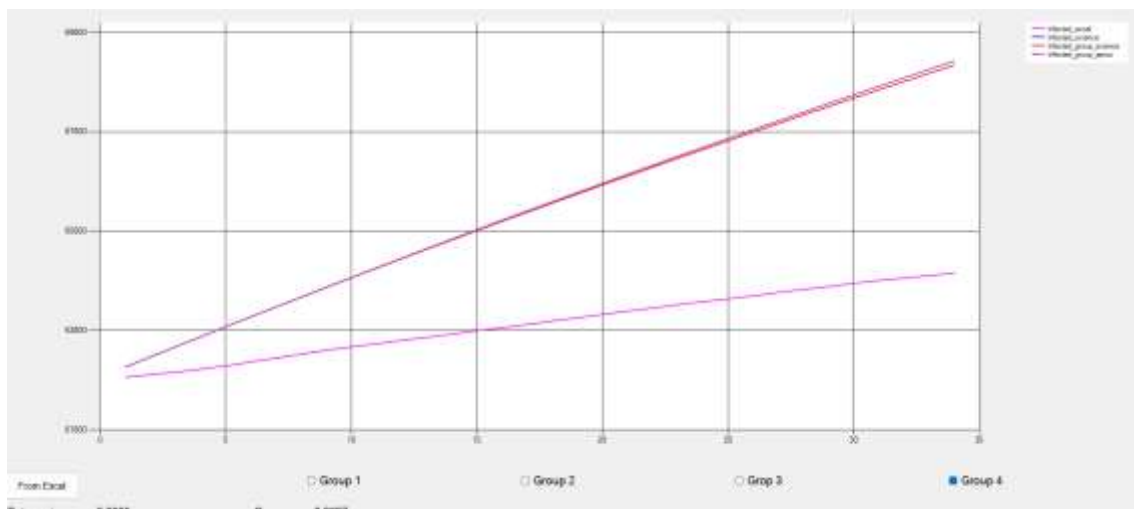


Рисунок 2.9 – Графічне відображення отриманих результатів трьох симуляцій SIR моделей і статистичних даних для групи 4

Особливо цікавим є аналіз результатів моделювання для четвертої групи, що представлено на рисунку 2.9. Ця група виділяється тим, що результати моделювання для всіх застосованих методів значно перевищують реальні показники захворюваності. Це можна пояснити специфічними характеристиками вікової категорії, до якої належить четверта група. Віковий фактор сприяє більшій свідомості щодо стану власного здоров'я, що підтверджується високим рівнем прийому антиретровірусної терапії (АРТ). Додатково зниження рівня соціальної активності в цій групі суттєво зменшує ризик нових інфікувань, що також впливає на загальні показники.

Висновки до розділу 2

У даному розділі було розглянуто побудову математичної моделі розповсюдження ВІЛ з урахуванням поділу населення на вікові групи, методи її реалізації, а також аналіз отриманих результатів.

Основою моделювання стало використання модифікованої SEIR моделі, адаптованої до специфіки епідемії ВІЛ. В рамках цієї моделі населення було поділено на чотири вікові групи, що дозволило врахувати відмінності у ймовірностях зараження, смертності та відмови від антиретровірусної терапії (АРТ). Такий підхід забезпечує підвищену точність у прогнозуванні динаміки епідемії в різних вікових сегментах населення.

Для кожної вікової групи було сформульовано систему диференціальних рівнянь, яка враховує такі параметри, як ймовірність зараження, смертність, використання АРТ та відмову від терапії. Це дозволяє моделювати динаміку здорових, інфікованих, осіб на АРТ і померлих окремо для кожної групи.

Для чисельного розв'язання системи диференціальних рівнянь було обрано метод Рунге-Кутта четвертого порядку. Цей метод забезпечує високу точність і стабільність обчислень, що є важливим для довгострокового моделювання епідеміологічних процесів.

Для оцінки параметру β (ймовірності зараження) у кожній віковій групі було застосовано модифікований метод половинного ділення. Цей метод дозволяє мінімізувати різницю між емпіричними даними та результатами моделювання, забезпечуючи точнішу апроксимацію епідеміологічних процесів.

Порівняння трьох підходів до моделювання (без розподілу на групи, з розрахунковою бета для кожної групи та з апроксимацією бета) дозволило виявити такі закономірності:

Модель без вікового поділу – такий підхід демонструє значні відхилення від емпіричних даних, особливо у вікових групах із різко відмінними характеристиками (наприклад, молодь і літні люди).

Модель із розрахунковою бета – врахування вікового поділу з використанням розрахункових значень β для кожної групи дозволило зменшити відхилення, проте залишилися неточності через узагальнений характер параметру β .

Модель із апроксимацією бета – використання апроксимації β для кожної вікової групи забезпечило менші відхилення від емпіричних даних, що вказує на високу ефективність підходу. Така модель найточніше відображає реальну динаміку епідемії.

Врахування вікового поділу є критично важливим для моделювання епідемії ВІЛ, оскільки різні вікові групи мають суттєві відмінності в показниках зараження, смертності та поведінкових факторах.

Аналіз результатів моделювання вказує на доцільність подальшого використання SEIR моделей із віковим поділом для прогнозування динаміки ВІЛ та оцінки ефективності профілактичних заходів.

Таким чином, проведене дослідження демонструє, що вдосконалені методи математичного моделювання можуть слугувати потужним інструментом для аналізу та прогнозування епідемічних процесів, а також для прийняття обґрунтованих рішень у сфері громадського здоров'я.

ВИСНОВКИ

На сьогоднішній день епідемія ВІЛ / СНІД (синдром надбаного імунodefіциту) є однією з глобальних проблем людства, починаючи із 1980 року, коли він був виявлений. Не дивлячись на значний прорив в сфері лікування ВІЛу внаслідок розробки антиретровірусної терапії (яка дозволяє людям з ВІЛ вести повноцінне життя), масштаби розповсюдження ВІЛ та кількість людей, які щоденно помирають від СНІДу робить це захворювання епідемією світового масштабу.

У рамках даної роботи було проведено дослідження процесу поширення ВІЛ серед населення України з використанням математичного моделювання, що враховує поділ населення на вікові групи. Основна мета полягала у розробці ефективної моделі, яка дозволяє аналізувати особливості епідеміологічного процесу та оцінювати вплив вікової структури населення на динаміку розповсюдження інфекції.

У першому розділі було здійснено огляд існуючих підходів до моделювання епідеміологічних процесів. Вивчено класичні моделі, такі як SIR, SIRD та SEIR, а також моделі на основі клітинних автоматів. Після аналізу переваг і недоліків цих підходів, для дослідження було обрано модифіковану SIR-модель, яка враховує специфіку вікових груп та соціальну активність населення. Це рішення обґрунтовано простотою інтеграції статистичних даних, гнучкістю моделі у налаштуванні параметрів, а також її широким застосуванням у сучасних епідеміологічних дослідженнях.

У другому розділі побудовано математичну модель SEID, що враховує чотири основні групи населення: здорових, інфікованих, осіб, які отримують антиретровірусну терапію (АРТ), та померлих. Населення також було розділено на чотири вікові категорії, що дозволило деталізувати модель і врахувати особливості соціальної активності та фізіологічного стану кожної групи. Для чисельного розв'язання моделі використано метод Рунге-Кутта 4-го порядку, який забезпечує високу точність обчислень. Крім того, для апроксимації значень

параметра β , що визначає ймовірність зараження, застосовано модифікований метод половинного ділення.

Аналіз результатів показав, що врахування вікової структури населення дозволяє значно підвищити точність прогнозування поширення ВІЛ. Найменші відхилення між реальними статистичними даними та результатами моделювання спостерігалися у випадку використання апроксимованих значень β для кожної вікової групи. Це підтверджує важливість індивідуального підходу до оцінки ризиків зараження для різних вікових категорій.

Практична цінність роботи полягає у створенні адаптивної моделі, яка може бути використана для оцінки ефективності профілактичних заходів, планування ресурсів для лікування та формулювання рекомендацій щодо боротьби з епідемією. Зокрема, результати роботи можуть бути застосовані для розробки цільових стратегій профілактики ВІЛ у найбільш уразливих вікових групах.

Загалом, виконана робота робить значний внесок у розуміння динаміки поширення ВІЛ в Україні та демонструє важливість використання математичного моделювання для оцінки і планування заходів у сфері охорони здоров'я.

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Bezemer D., de Wolf F. A resurgent HIV-1 epidemic among men who have sex with men in the era of potent antiretroviral therapy - PubMed. PubMed. URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18520351/>.
2. Department of Nutrition and Food Engineering, Faculty of Allied Health Science, Daffodil International University, Dhaka, Bangladesh. An overview of global epidemics and the challenges faced - PMC. PMC Home. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8342595/>.
3. Division of Women's Health and Infectious Diseases, Brigham and Women's Hospital, Boston, USA. Antiretroviral refusal among newly diagnosed hiv-infected adults in soweto, south africa - PMC. PMC Home. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC3272300/>.
4. UNAIDS. Fact sheet 2024 - Latest global and regional HIV statistics on the status of the AIDS epidemic. UNAIDS. URL: https://www.unaids.org/sites/default/files/media_asset/UNAIDS_FactSheet_en.pdf.
5. Faria NR, et al. The early spread and epidemic ignition of HIV-1 in human populations. Science. 2014;346:56–61. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4254776/>
6. Hollingsworth T. D. HIV-1 transmission, by stage of infection. Oxford Academic. URL: <https://academic.oup.com/jid/article-abstract/198/5/687/865839?redirectedFrom=fulltext>.
7. Kermack WO, McKendrick AG, Walker GT. A contribution to the mathematical theory of epidemics. Proc. R. Soc. Lond. Ser. A Contain. Pap. Math. Phys. Charact. 1927;115(772):700–721.
8. May MT, Ingle SM, Costagliola D, et al. Cohort profile: Antiretroviral Therapy Cohort Collaboration (ART-CC). Int J Epidemiol. 2014;43(3):691-702. URL: <https://academic.oup.com/ije/article-abstract/43/3/691/757695>

9. МОЗ України. Національна оцінка ситуації з віл/снід в Україні. URL: https://phc.org.ua/sites/default/files/users/user90/Natsionalna_otsinka_sytuatsyi_z_VIL_SNIDu_v_Ukraini_na_pochatok_2022.pdf.
10. Cohen M. S. Prevention of HIV-1 infection with early antiretroviral therapy - PubMed. PubMed. URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21767103/>.
11. Tiwari R. Sexual behaviour change following HIV testing services: a systematic review and meta - analysis - PMC. PMC Home. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7649006/>
12. Управління проектною командою [Електронний ресурс] : методичні рекомендації до практичних занять з дисципліни «Управління проектною командою» для здобувачів ступеня магістра освітньо-професійної програми «Системний аналіз» зі спеціальності 124 Системний аналіз / В. М. Молоканова, Ю. О. Шевченко ; М-во освіти і науки України, Нац. техн. ун-т «Дніпровська політехніка». – Дніпро : НТУ «ДП», 2024. – 19 с. <https://ir.nmu.org.ua/handle/123456789/167646>
13. Joint United Nations Programme on HIV/AIDS (UNAIDS). The Urgency of Now: AIDS at a Crossroads – 2024 global AIDS update. unaids. URL: https://www.unaids.org/sites/default/files/media_asset/2024-unaids-global-aids-update-summary_en.pdf.
14. Епідемія. Енциклопедія Сучасної України. URL: <https://esu.com.ua/article-17931>
15. Кваліфікаційна робота магістра [Електронний ресурс] : методичні рекомендації для здобувачів ступеня магістра освітньо-професійної програми «Системний аналіз» зі спеціальності 124 Системний аналіз / уклад.: Т.А. Желдак, Т.В. Хом'як, А.В. Малієнко ; М-во освіти і науки України, Нац. техн. ун-т «Дніпровська політехніка». – Дніпро : НТУ «ДП», 2024. – 33 с. <https://ir.nmu.org.ua/handle/123456789/167921>

16. Лікування як профілактика (H = H) | Центр громадського здоров'я. Центр громадського здоров'я України | МОЗ. URL: <https://phc.org.ua/kontrol-zakhvoryuvan/vilsnid/profilaktika-vilsnidu/likuvannya-yak-profilaktika-n-n#:~:text=Якщо%20у%20вас%20є%20ВІЛ,контролювати%20кількість%20вірусу%20у%20крові>
17. Практикум з диференційних рівнянь [Електроний ресурс] : навчальний посібник / Л.С. Коряшкіна, О.Д. Станіна, Ю.О. Шевченко; М-во освіти і науки України, Нац. техн. ун-т «Дніпровська політехніка» - Дніпро : НТУ «ДП», 2024 – 178 с. <https://ir.nmu.org.ua/handle/123456789/167658>
18. Статистика з ВІЛ/СНІДу | Центр громадського здоров'я. Центр громадського здоров'я України | МОЗ. URL: <https://phc.org.ua/kontrol-zakhvoryuvan/vilsnid/statistika-z-vilsnidu>.
19. Статистичні довідки про ВІЛ/СНІД | Центр громадського здоров'я. Центр громадського здоров'я України | МОЗ. URL: <https://phc.org.ua/kontrol-zakhvoryuvan/vilsnid/statistika-z-vilsnidu/statistichni-dovidki-pro-vilsnid>

Додаток А. Відомість матеріалів кваліфікаційної роботи

№ з/п	Позначення	Найменування	Кількість аркушів	Примітки
1				
2		Документація		
3				
4	САУ.КР.24.14.ПЗ	Пояснювальна записка	86	Формат А4
5				
6		Демонстраційний матеріал	13	Презентація на CD-R
7				
8		Копія роботи	1	Диск CD-R
9				
10				
11				
12				
13				
14				
15				
16				

17								
18								
					САУ.КР.24.14.ДА.ПЗ.			
Змін.	Аркуш	№ докум.	Підпис	Дата				
Розроб.		Норець			Матеріали кваліфікаційної роботи	Літ.	Аркуш	Аркушів
К. розд.		Станіна						
Керівн.		Станіна				НТУ «ДП», 12; 124М-23-1		

**Додаток Б. Офіційна статистика з поширення ВІЛ в Україні з сайту
Міністерства Охорони Здоров'я України**

Дата	Нові ВІЛ	Померлі від СНІД	Поточна кількість людей з ВІЛ
01.2022	987	126	938094
02.2022	820	93	938914
03.2022	782	111	939696
04.2022	834	74	940530
05.2022	1030	89	941560
06.2022	1194	104	942754
07.2022	1166	117	943920
08.2022	1152	116	945072
09.2022	1208	103	946280
10.2022	998	112	947278
11.2022	938	115	948216
12.2022	1014	116	949230
01.2023	919	113	950149
02.2023	970	114	951119
03.2023	1042	174	952161
04.2023	878	99	953039
05.2023	966	129	954005
06.2023	1059	145	955064
07.2023	940	79	956004
08.2023	1032	112	957036
09.2023	1003	112	958039

10.2023	960	121	958999
11.2023	948	141	959947
12.2023	936	134	960883
01.2024	808	116	961691
02.2024	911	114	962602
03.2024	1037	95	963639
04.2024	892	90	964531
05.2024	889	102	965420
06.2024	968	89	966388
07.2024	841	91	967229
08.2024	746	103	967975
09.2024	740	96	968715
10.2024	739	74	969454

Додаток В. Отримані результати в наслідок моделювання

Таблиця В.1

Результати отримані класичною SIR моделлю

Дата	Інфіковані	Сприйнятливі	Померлі
01.2022	935216	40469716	3466
02.2022	932348	40469130	3455
03.2022	929488	40468545	3444
04.2022	926636	40467963	3434
05.2022	923794	40467382	3423
06.2022	920960	40466803	3413
07.2022	918135	40466226	3402
08.2022	915319	40465650	3392
09.2022	912511	40465077	3381
10.2022	909712	40464505	3371
11.2022	906921	40463935	3361
12.2022	904139	40463366	3350
01.2023	901365	40462800	3340
02.2023	898600	40462235	3330
03.2023	895844	40461671	3320
04.2023	893096	40461110	3310
05.2023	890356	40460550	3299
06.2023	887625	40459992	3289

07.2023	884902	40459436	3279
08.2023	882187	40458882	3269
09.2023	879481	40458329	3259
10.2023	876783	40457778	3249
11.2023	874093	40457228	3239
12.2023	871412	40456681	3229
01.2024	868738	40456135	3219
02.2024	866073	40455590	3209
03.2024	863416	40455048	3200
04.2024	860768	40454507	3190
05.2024	858127	40453967	3180
06.2024	855495	40453430	3170
07.2024	852870	40452894	3160
08.2024	850254	40452359	3151
09.2024	847645	40451826	3141
10.2024	845045	40451295	3131

Таблиця В.2

Загальні результати отримані SEIR моделлю при використанні розрахункових бет

Дата	Інфіковані	Сприйнятливі	Померлі	Використовують АРТ
01.2022	938120	40469397	5029	746326
02.2022	938122	40468490	5027	742206
03.2022	938098	40467582	5024	738114
04.2022	938050	40466673	5021	734049
05.2022	937978	40465764	5018	730013
06.2022	937882	40464854	5014	726004
07.2022	937762	40463944	5011	722023
08.2022	937619	40463034	5008	718069
09.2022	937453	40462123	5004	714142
10.2022	937264	40461212	5000	710241
11.2022	937053	40460300	4997	706367
12.2022	936820	40459388	4993	702520
01.2023	936565	40458476	4989	698698
02.2023	936289	40457564	4984	694903
03.2023	935991	40456651	4980	691133
04.2023	935672	40455738	4976	687389
05.2023	935333	40454825	4971	683670
06.2023	934973	40453912	4967	679976
07.2023	934593	40452998	4962	676308
08.2023	934193	40452085	4957	672664

09.2023	933774	40451171	4953	669044
10.2023	933335	40450257	4948	665449
11.2023	932877	40449343	4943	661878
12.2023	932401	40448430	4937	658331
01.2024	931906	40447516	4932	654808
02.2024	931392	40446602	4927	651308
03.2024	930860	40445688	4922	647832
04.2024	930311	40444775	4916	644379
05.2024	929744	40443861	4910	640949
06.2024	929160	40442948	4905	637542
07.2024	928558	40442034	4899	634158
08.2024	927940	40441121	4893	630796
09.2024	927305	40440208	4887	627457
10.2024	926653	40439295	4881	624140

Таблиця В.3

Загальні результати отримані SEIR моделлю при використанні апроксимованих бет

Дата	Інфіковані	Сприйнятливі	Померлі	Використовують АРТ
01.2022	938178	40451677	5030	763990
02.2022	938349	40433105	5028	777363
03.2022	938607	40414584	5026	790599
04.2022	938949	40396111	5026	803705
05.2022	939375	40377681	5025	816683
06.2022	939882	40359291	5026	829539
07.2022	940471	40340937	5027	842278
08.2022	941138	40322615	5029	854903
09.2022	941883	40304323	5031	867419
10.2022	942706	40286055	5034	879830
11.2022	943603	40267810	5038	892141
12.2022	944575	40249583	5042	904354
01.2023	945620	40231372	5046	916474
02.2023	946737	40213172	5051	928505
03.2023	947924	40194982	5057	940451
04.2023	949182	40176798	5063	952314
05.2023	950508	40158617	5070	964099
06.2023	951903	40140436	5077	975809

07.2023	953364	40122252	5085	987447
08.2023	954891	40104062	5093	999017
09.2023	956483	40085865	5102	1010521
10.2023	958139	40067656	5111	1021963
11.2023	959858	40049433	5120	1033346
12.2023	961640	40031194	5131	1044672
01.2024	963483	40012936	5141	1055946
02.2024	965387	39994657	5152	1067168
03.2024	967352	39976355	5164	1078343
04.2024	969375	39958026	5176	1089473
05.2024	971457	39939669	5188	1100560
06.2024	973598	39921281	5201	1111607
07.2024	975795	39902860	5214	1122617
08.2024	978049	39884404	5228	1133591
09.2024	980359	39865910	5242	1144533
10.2024	982724	39847377	5256	1155445

Таблиця В.4

Детальні результати отримані SEIR моделлю при використанні розрахункових бет

Дата	Інфіковані				Сприйнятливі				Померлі				Використовують АРТ			
	1 група	2 група	3 група	4 група	1 група	2 група	3 група	4 група	1 група	2 група	3 група	4 група	1 група	2 група	3 група	4 група
01.2022	20667	355195	499199	63059	8160319	11070234	11180786	10058058	62	1526	3397	44	16423	282197	397674	50033
02.2022	20695	355778	498385	63264	8160316	11069594	11180524	10058056	62	1529	3392	44	16335	280727	395359	49785
03.2022	20722	356347	497561	63468	8160314	11068952	11180262	10058054	62	1531	3386	44	16248	279268	393058	49539
04.2022	20749	356902	496728	63671	8160311	11068310	11180000	10058052	62	1533	3381	44	16162	277821	390773	49294
05.2022	20775	357445	495886	63872	8160308	11067667	11179739	10058050	62	1536	3375	45	16076	276386	388501	49050
06.2022	20801	357974	495034	64072	8160305	11067022	11179478	10058048	62	1538	3369	45	15990	274963	386244	48807
07.2022	20827	358491	494174	64270	8160303	11066377	11179218	10058046	62	1540	3363	45	15905	273551	384001	48565
08.2022	20851	358994	493306	64468	8160300	11065731	11178958	10058045	63	1543	3357	45	15821	272151	381772	48325
09.2022	20875	359486	492428	64663	8160297	11065084	11178699	10058043	63	1545	3352	45	15737	270762	379557	48086
10.2022	20899	359964	491543	64858	8160295	11064436	11178440	10058041	63	1547	3346	45	15653	269384	377356	47848
11.2022	20922	360431	490649	65051	8160292	11063788	11178182	10058039	63	1549	3339	45	15570	268018	375168	47611
12.2022	20945	360885	489747	65243	8160289	11063138	11177924	10058037	63	1551	3333	46	15487	266662	372995	47376
01.2023	20967	361327	488838	65434	8160287	11062488	11177667	10058035	63	1553	3327	46	15405	265317	370835	47142
02.2023	20989	361757	487920	65623	8160284	11061837	11177410	10058033	63	1555	3321	46	15323	263983	368688	46908
03.2023	21010	362176	486995	65811	8160281	11061186	11177153	10058031	63	1556	3315	46	15242	262660	366555	46676
04.2023	21030	362583	486062	65997	8160278	11060533	11176897	10058029	63	1558	3308	46	15161	261347	364435	46446
05.2023	21050	362978	485122	66183	8160276	11059880	11176642	10058027	63	1560	3302	46	15081	260045	362329	46216
06.2023	21070	363362	484175	66367	8160273	11059227	11176387	10058025	63	1562	3296	46	15001	258753	360235	45987
07.2023	21089	363734	483220	66550	8160270	11058572	11176133	10058023	63	1563	3289	47	14921	257472	358155	45760
08.2023	21107	364096	482259	66731	8160267	11057917	11175879	10058021	63	1565	3283	47	14842	256201	356087	45534
09.2023	21125	364446	481291	66912	8160265	11057262	11175625	10058019	63	1566	3276	47	14763	254939	354033	45309
10.2023	21143	364786	480316	67091	8160262	11056606	11175372	10058017	63	1568	3269	47	14685	253688	351991	45085
11.2023	21160	365114	479334	67269	8160259	11055949	11175120	10058015	63	1569	3263	47	14607	252447	349962	44862
12.2023	21177	365432	478347	67445	8160256	11055292	11174868	10058013	64	1571	3256	47	14530	251215	347946	44640
01.2024	21193	365740	477352	67621	8160254	11054634	11174617	10058011	64	1572	3249	47	14453	249993	345942	44419

Дата	Інфіковані				Сприйнятливі				Померлі				Використовують АРТ			
	1 група	2 група	3 група	4 група	1 група	2 група	3 група	4 група	1 група	2 група	3 група	4 група	1 група	2 група	3 група	4 група
02.2024	21209	366037	476352	67795	8160251	11053976	11174366	10058009	64	1573	3243	47	14376	248781	343951	44200
03.2024	21224	366324	475345	67968	8160248	11053317	11174116	10058007	64	1575	3236	48	14300	247579	341972	43981
04.2024	21238	366600	474333	68139	8160245	11052658	11173866	10058005	64	1576	3229	48	14225	246386	340005	43764
05.2024	21253	366867	473314	68310	8160243	11051998	11173617	10058003	64	1577	3222	48	14149	245202	338050	43548
06.2024	21267	367123	472290	68479	8160240	11051338	11173369	10058001	64	1578	3215	48	14074	244027	336108	43333
07.2024	21280	367370	471261	68647	8160237	11050678	11173120	10057999	64	1579	3208	48	14000	242862	334178	43119
08.2024	21293	367607	470226	68814	8160234	11050017	11172873	10057997	64	1580	3201	48	13926	241706	332259	42906
09.2024	21305	367834	469185	68980	8160232	11049355	11172626	10057995	64	1581	3194	48	13852	240558	330353	42694
10.2024	21317	368052	468139	69145	8160229	11048694	11172380	10057993	64	1582	3187	48	13779	239420	328458	42483

Таблиця В.5

Детальні результати отримані SEIR моделлю при використанні апроксимованих бет

Дата	Інфіковані				Сприйнятливі				Померлі				Використовують АРТ			
	1 група	2 група	3 група	4 група	1 група	2 група	3 група	4 група	1 група	2 група	3 група	4 група	1 група	2 група	3 група	4 група
01.2022	20667	355194	499258	63059	8160311	11070704	11162632	10058029	62	1526	3397	44	16430	281729	415768	50062
02.2022	20695	355771	498619	63265	8160301	11070534	11144272	10057998	62	1529	3393	44	16350	279794	431376	49843
03.2022	20722	356331	498084	63469	8160291	11070363	11125963	10057967	62	1531	3389	44	16271	277873	446831	49626
04.2022	20749	356875	497653	63672	8160281	11070193	11107702	10057935	62	1533	3385	44	16192	275966	462137	49409
05.2022	20776	357402	497323	63874	8160271	11070022	11089484	10057904	62	1536	3383	45	16113	274075	477301	49194
06.2022	20802	357912	497094	64075	8160260	11069851	11071307	10057873	62	1538	3381	45	16035	272197	492327	48980
07.2022	20828	358406	496963	64274	8160250	11069679	11053166	10057841	62	1540	3380	45	15957	270334	507220	48767
08.2022	20853	358885	496928	64472	8160240	11069508	11035058	10057810	63	1542	3379	45	15880	268485	521983	48555
09.2022	20877	359347	496990	64669	8160230	11069336	11016979	10057778	63	1544	3379	45	15803	266650	536621	48345
10.2022	20901	359794	497145	64865	8160219	11069164	10998926	10057746	63	1546	3380	45	15727	264829	551139	48135
11.2022	20925	360226	497393	65060	8160209	11068992	10980895	10057714	63	1548	3381	45	15651	263022	565541	47927
12.2022	20948	360642	497732	65253	8160199	11068819	10962883	10057682	63	1550	3383	46	15575	261229	579830	47720

Дата	Інфіковані				Сприйнятливі				Померлі				Використовують АРТ			
	1 група	2 група	3 група	4 група	1 група	2 група	3 група	4 група	1 група	2 група	3 група	4 група	1 група	2 група	3 група	4 група
01.2023	20970	361043	498161	65446	8160188	11068647	10944887	10057650	63	1552	3386	46	15500	259449	594012	47514
02.2023	20992	361429	498679	65637	8160178	11068474	10926903	10057618	63	1553	3389	46	15425	257682	608089	47309
03.2023	21014	361800	499284	65827	8160168	11068301	10908928	10057586	63	1555	3393	46	15351	255929	622065	47105
04.2023	21035	362156	499975	66016	8160157	11068127	10890960	10057553	63	1557	3397	46	15277	254190	635945	46903
05.2023	21056	362498	500751	66203	8160147	11067954	10872995	10057521	63	1558	3402	46	15204	252463	649731	46701
06.2023	21076	362826	501611	66390	8160136	11067781	10855030	10057488	63	1559	3408	46	15130	250750	663428	46501
07.2023	21096	363139	502553	66576	8160126	11067607	10837063	10057456	63	1561	3414	47	15058	249049	677039	46301
08.2023	21115	363438	503577	66760	8160116	11067433	10819090	10057423	63	1562	3421	47	14986	247361	690567	46103
09.2023	21134	363724	504682	66943	8160105	11067259	10801110	10057390	63	1563	3428	47	14914	245686	704015	45906
10.2023	21152	363996	505865	67125	8160095	11067085	10783118	10057357	63	1565	3436	47	14842	244024	717387	45710
11.2023	21170	364254	507128	67306	8160084	11066911	10765113	10057324	63	1566	3444	47	14771	242374	730686	45515
12.2023	21188	364499	508467	67486	8160074	11066737	10747092	10057291	64	1567	3453	47	14701	240737	743914	45321
01.2024	21205	364730	509883	67665	8160064	11066562	10729053	10057258	64	1568	3462	47	14631	239112	757075	45128
02.2024	21222	364949	511374	67843	8160053	11066388	10710992	10057225	64	1569	3472	47	14561	237499	770173	44936
03.2024	21238	365154	512940	68019	8160043	11066213	10692908	10057191	64	1570	3483	48	14491	235898	783208	44745
04.2024	21254	365347	514580	68195	8160032	11066038	10674797	10057158	64	1571	3494	48	14422	234310	796186	44555
05.2024	21269	365527	516292	68369	8160022	11065864	10656659	10057125	64	1571	3505	48	14354	232733	809107	44366
06.2024	21284	365695	518076	68543	8160011	11065689	10638490	10057091	64	1572	3517	48	14285	231168	821975	44179
07.2024	21298	365850	519932	68715	8160001	11065514	10620288	10057057	64	1573	3529	48	14217	229616	834792	43992
08.2024	21312	365993	521857	68887	8159990	11065339	10602051	10057023	64	1573	3542	48	14150	228074	847561	43806
09.2024	21326	366123	523852	69057	8159980	11065164	10583777	10056990	64	1574	3555	48	14083	226544	860285	43621
10.2024	21339	366242	525916	69226	8159969	11064988	10565464	10056956	64	1575	3569	48	14016	225026	872965	43438

Додаток Г. Лістинг програмного коду

```
using System;
using System.Collections.Generic;
using System.ComponentModel;
using System.Data;
using System.Diagnostics;
using System.Drawing;
using System.IO;
using System.Linq;
using System.Reflection.Emit;
using System.Text;
using System.Threading.Tasks;
using System.Windows.Forms;
using System.Windows.Forms.DataVisualization.Charting;
using OfficeOpenXml; // EPPlus

namespace WindowsFormsApp1
{
    public partial class Main_Form : Form
    {
        private int population = 41418717;
        private int population1 = 8181197;
        private int population2 = 11428796;
        private int population3 = 11687100;
        private int population4 = 10121624;

        private double beta1;
        private double beta2;
        private double beta3;
        private double beta4;

        //private double sigma = 0.2;
        private double sigma1 = 0.0055;
        private double sigma2 = 0.0075;
        private double sigma3 = 0.0065;
        private double sigma4 = 0.005;

        private double gamma1;
        private double gamma2;
        private double gamma3;
        private double gamma4;

        double beta_avarage = 0;
```

```

double gamma_avarage = 0;

int check_group1 = 0;
int check_group2 = 0;
int check_group3 = 0;
int check_group4 = 0;
int check_group5 = 0;

private double[] infected_rezult_for_beta = new double[200];

private ContextMenuStrip chartContextMenu;
public Main_Form()
{
    InitializeComponent();
    chartContextMenu = new ContextMenuStrip();

    var zoomMenuItem = new ToolStripMenuItem("Enlarge to full screen");

    chartContextMenu.Items.Add(zoomMenuItem);

    MainChart.ContextMenuStrip = chartContextMenu;

    MainChart.MouseDown += MainChart_MouseDown;
}

private void MainChart_MouseDown(object sender, MouseEventArgs e)
{
    if (e.Button == MouseButtons.Right)
    {
        chartContextMenu.Show(MainChart, e.Location);
    }
}

private void ZoomMenuItem_Click(object sender, EventArgs e)
{
    // Открываем график на весь экран
    FullScreenChartForm fullScreenChartForm = new FullScreenChartForm(MainChart);
    fullScreenChartForm.ShowDialog(); // Показываем форму в модальном режиме
}

private void button_from_excel_Click(object sender, EventArgs e)
{
    // Открываем диалог для выбора Excel файла
    using (OpenFileDialog openFileDialog = new OpenFileDialog())
    {
        openFileDialog.Filter = "Excel files (*.xlsx)|*.xlsx"; // Фильтр для файлов Excel
    }
}

```



```

if (openFileDialog.ShowDialog() == DialogResult.OK)
{
    string filePath = openFileDialog.FileName;
    LoadDataFromExcel(filePath); // Загружаем данные и строим график
    UpdateChart();
}
}
}

private void LoadDataFromExcel(string filePath)
{
    try
    {
        ExcelPackage.LicenseContext = OfficeOpenXml.LicenseContext.NonCommercial;

        var fileInfo = new FileInfo(filePath);
        using (var package = new ExcelPackage(fileInfo))
        {
            var worksheet1 = package.Workbook.Worksheets[0];
            var worksheet2 = package.Workbook.Worksheets[1];
            var worksheet3 = package.Workbook.Worksheets[2];
            var worksheet4 = package.Workbook.Worksheets[3];
            var worksheet5 = package.Workbook.Worksheets[4];

            GlobalData.rowCountExcel = worksheet1.Dimension.Rows;
            int dataColumnCount = 4;

            for (int row = 1; row <= GlobalData.rowCountExcel; row++)
            {
                if (row <= GlobalData.rowCountExcel)
                {
                    GlobalData.dataExcelAll[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row, 1].Value); // Дни
                    GlobalData.dataForClassicModel[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row, 1].Value); // Дни
                    GlobalData.dataForGroups[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row, 1].Value); // Дни
                    GlobalData.dataFor1Group[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row, 1].Value); // Дни
                    GlobalData.dataFor2Group[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row, 1].Value); // Дни
                    GlobalData.dataFor3Group[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row, 1].Value); // Дни
                    GlobalData.dataFor4Group[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row, 1].Value); // Дни

                    GlobalData.dataFor1GroupScience[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row, 1].Value); //
Дни

                    GlobalData.dataFor2GroupScience[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row, 1].Value); //
Дни

                    GlobalData.dataFor3GroupScience[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row, 1].Value); //
Дни
                }
            }
        }
    }
}

```

```

GlobalData.dataFor4GroupScience[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row, 1].Value); //
Дни

GlobalData.dataForGroupsApprox1Group[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row,
1].Value); // Дни

GlobalData.dataForGroupsApprox2Group[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row,
1].Value); // Дни

GlobalData.dataForGroupsApprox3Group[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row,
1].Value); // Дни

GlobalData.dataForGroupsApprox4Group[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row,
1].Value); // Дни

GlobalData.dataExcelAll[1, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row, 2].Value); // Количество
заболевших

GlobalData.dataExcelAll[2, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row, 3].Value); // Количество
восприимчивых

GlobalData.dataExcelAll[3, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet5.Cells[row, 4].Value); // Количество
выбывших

GlobalData.dataExcel1Group[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet1.Cells[row, 1].Value); // Дни
GlobalData.dataExcel1Group[1, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet1.Cells[row, 2].Value); //
Количество заболевших

GlobalData.dataExcel1Group[2, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet1.Cells[row, 3].Value); //
Количество восприимчивых

GlobalData.dataExcel1Group[3, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet1.Cells[row, 4].Value); //
Количество выбывших

GlobalData.dataExcel2Group[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet2.Cells[row, 1].Value); // Дни
GlobalData.dataExcel2Group[1, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet2.Cells[row, 2].Value); //
Количество заболевших

GlobalData.dataExcel2Group[2, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet2.Cells[row, 3].Value); //
Количество восприимчивых

GlobalData.dataExcel2Group[3, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet2.Cells[row, 4].Value); //
Количество выбывших

GlobalData.dataExcel3Group[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet3.Cells[row, 1].Value); // Дни
GlobalData.dataExcel3Group[1, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet3.Cells[row, 2].Value); //
Количество заболевших

GlobalData.dataExcel3Group[2, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet3.Cells[row, 3].Value); //
Количество восприимчивых

GlobalData.dataExcel3Group[3, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet3.Cells[row, 4].Value); //
Количество выбывших

GlobalData.dataExcel4Group[0, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet4.Cells[row, 1].Value); // Дни
GlobalData.dataExcel4Group[1, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet4.Cells[row, 2].Value); //
Количество заболевших

```

```

        GlobalData.dataExcel4Group[2, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet4.Cells[row, 3].Value); //
Количество восприимчивых
        GlobalData.dataExcel4Group[3, row - 1] = Convert.ToDouble(worksheet4.Cells[row, 4].Value); //
Количество выбывших
    }
}

}
}
catch (Exception ex)
{
    MessageBox.Show($"Ошибка при чтении Excel файла: {ex.Message}");
}
}

private void button_detailed_graphs_Click(object sender, EventArgs e)
{
    Detailed_Form form1 = new Detailed_Form();
    form1.Show();
}

private double [] RungeKutta4_clasic(double beta, string TypeBeta, int number_group, int flag)
{
    double s = 0;
    double i = 0;
    double d = 0;
    double t = 0;
    double h = 1;
    double gamma = 0;
    int population_local = 0;
    double d_test = 0;

    switch (number_group)
    {
        case 1:
        {
            gamma = gamma1;
            i = GlobalData.dataExcel1Group[1, 0];
            s = GlobalData.dataExcel1Group[2, 0];
            d = GlobalData.dataExcel1Group[3, 0];
            population_local = population1;
            break;
        }
        case 2:
        {
            gamma = gamma2;

```

```

        i = GlobalData.dataExcel2Group[1, 0];
        s = GlobalData.dataExcel2Group[2, 0];
        d = GlobalData.dataExcel2Group[3, 0];
        population_local = population2;
        break;
    }
case 3:
    {
        gamma = gamma3;
        i = GlobalData.dataExcel3Group[1, 0];
        s = GlobalData.dataExcel3Group[2, 0];
        d = GlobalData.dataExcel3Group[3, 0];
        population_local = population3;
        break;
    }
case 4:
    {
        gamma = gamma4;
        i = GlobalData.dataExcel4Group[1, 0];
        s = GlobalData.dataExcel4Group[2, 0];
        d = GlobalData.dataExcel4Group[3, 0];
        population_local = population4;
        break;
    }
case 10:
    {
        gamma = gamma_avarage;
        i = GlobalData.dataExcelAll[1, 0];
        s = GlobalData.dataExcelAll[2, 0];
        d = GlobalData.dataExcelAll[3, 0];
        population_local = population;
        break;
    }
default:
    MessageBox.Show("Неверный номер группы", "Ошибка", MessageBoxButtons.OK, MessageBoxIcon.Error);
    break;
}

for (int step = 0; step < GlobalData.rowCountExcel / h; step++)
{
    double k1 = -beta * s * i / population_local;
    double l1 = beta * s * i / population_local - gamma * i;
    double m1 = gamma * i;

    double k2 = -beta * (s + 0.5 * h * k1) * (i + 0.5 * h * l1) / population_local;
    double l2 = beta * (s + 0.5 * h * k1) * (i + 0.5 * h * l1) / population_local - gamma * (i + 0.5 * h * l1);

```

```

double m2 = gamma * (i + 0.5 * h * l1);

double k3 = -beta * (s + 0.5 * h * k2) * (i + 0.5 * h * l2) / population_local;
double l3 = beta * (s + 0.5 * h * k2) * (i + 0.5 * h * l2) / population_local - gamma * (i + 0.5 * h * l2);
double m3 = gamma * (i + 0.5 * h * l2);

double k4 = -beta * (s + h * k3) * (i + h * l3) / population_local;
double l4 = beta * (s + h * k3) * (i + h * l3) / population_local - gamma * (i + h * l3);
double m4 = gamma * (i + h * l3);

s += h * (k1 + 2 * k2 + 2 * k3 + k4) / 6;
i += h * (l1 + 2 * l2 + 2 * l3 + l4) / 6;
d += h * (m1 + 2 * m2 + 2 * m3 + m4) / 6;
d_test = h * (m1 + 2 * m2 + 2 * m3 + m4) / 6;

t += h;
if (flag == 1)
{
    switch (number_group)
    {
        case 1:
            {
                if (TypeBeta == "Science")
                {
                    GlobalData.dataFor1GroupScience[1, step] = i;
                    GlobalData.dataFor1GroupScience[2, step] = s;
                    GlobalData.dataFor1GroupScience[3, step] = d_test;
                }
                if (TypeBeta == "Approx")
                {
                    GlobalData.dataForGroupsApprox1Group[1, step] = i;
                    GlobalData.dataForGroupsApprox1Group[2, step] = s;
                    GlobalData.dataForGroupsApprox1Group[3, step] = d_test;
                }
                break;
            }
        case 2:
            {
                if (TypeBeta == "Science")
                {
                    GlobalData.dataFor2GroupScience[1, step] = i;
                    GlobalData.dataFor2GroupScience[2, step] = s;
                    GlobalData.dataFor2GroupScience[3, step] = d_test;
                }
                if (TypeBeta == "Approx")
                {

```

```

        GlobalData.dataForGroupsApprox2Group[1, step] = i;
        GlobalData.dataForGroupsApprox2Group[2, step] = s;
        GlobalData.dataForGroupsApprox2Group[3, step] = d_test;
    }
    break;
}
case 3:
{
    if (TypeBeta == "Science")
    {
        GlobalData.dataFor3GroupScience[1, step] = i;
        GlobalData.dataFor3GroupScience[2, step] = s;
        GlobalData.dataFor3GroupScience[3, step] = d_test;
    }
    if (TypeBeta == "Approx")
    {
        GlobalData.dataForGroupsApprox3Group[1, step] = i;
        GlobalData.dataForGroupsApprox3Group[2, step] = s;
        GlobalData.dataForGroupsApprox3Group[3, step] = d_test;
    }
    break;
}
case 4:
{
    if (TypeBeta == "Science")
    {
        GlobalData.dataFor4GroupScience[1, step] = i;
        GlobalData.dataFor4GroupScience[2, step] = s;
        GlobalData.dataFor4GroupScience[3, step] = d_test;
    }
    if (TypeBeta == "Approx")
    {
        GlobalData.dataForGroupsApprox4Group[1, step] = i;
        GlobalData.dataForGroupsApprox4Group[2, step] = s;
        GlobalData.dataForGroupsApprox4Group[3, step] = d_test;
    }
    break;
}
case 10:
{
    if (TypeBeta == "Science")
    {
        GlobalData.dataForClassicModel[1, step] = i;
        GlobalData.dataForClassicModel[2, step] = s;
        GlobalData.dataForClassicModel[3, step] = d_test;
    }
}

```

```

        break;
    }
    default:
        MessageBox.Show("Неверный номер группы", "Ошибка", MessageBoxButtons.OK,
    MessageBoxIcon.Error);
        break;
    }
}
d_test = 0;
if (flag == 0)
{
    infected_rezult_for_beta[step] = i;
}

}
return infected_rezult_for_beta;
}

```

```
private double[] RungeKutta4_groups(double beta, string TypeBeta, int flag)
```

```

{
    double.TryParse(textBox_gama1.Text, out double gamma1);
    double.TryParse(textBox_gama2.Text, out double gamma2);
    double.TryParse(textBox_gama3.Text, out double gamma3);
    double initialInfected = GlobalData.dataExcelAll[1, 0];
    double s1, s2, s3;
    s1 = s2 = s3 = (population - initialInfected) / 3;
    double i1, i2, i3;
    i1 = i2 = i3 = initialInfected / 3;
    double s = population - initialInfected;
    double i = initialInfected;
    double r = 0;
    double t = 0;
    double h = 1;

    for (int step = 0; step < GlobalData.rowCountExcel / h; step++)
    {
        double k1 = -beta * (s1 + s2 + s3) * (i1 + i2 + i3) / population;

        double l1_1 = (beta * (s1 + s2 + s3) * (i1 + i2 + i3) / population - gamma1 * (i1 + i2 + i3)) / 3;
        double l1_2 = (beta * (s1 + s2 + s3) * (i1 + i2 + i3) / population - gamma2 * (i1 + i2 + i3)) / 3;
        double l1_3 = (beta * (s1 + s2 + s3) * (i1 + i2 + i3) / population - gamma3 * (i1 + i2 + i3)) / 3;
        double l1 = l1_1 + l1_2 + l1_3;

        double m1_1 = (gamma1 * (i1 + i2 + i3)) / 3;
        double m1_2 = (gamma2 * (i1 + i2 + i3)) / 3;
        double m1_3 = (gamma3 * (i1 + i2 + i3)) / 3;
    }
}

```

```
double m1 = m1_1 + m1_2 + m1_3;
```

```
double k2 = -beta * ((s1 + s2 + s3) + 0.5 * h * k1) * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l1) / population;
```

```
double l2_1 = (beta * ((s1 + s2 + s3) + 0.5 * h * k1) * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l1) / population - gamma1 * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l1)) / 3;
```

```
double l2_2 = (beta * ((s1 + s2 + s3) + 0.5 * h * k1) * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l1) / population - gamma2 * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l1)) / 3;
```

```
double l2_3 = (beta * ((s1 + s2 + s3) + 0.5 * h * k1) * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l1) / population - gamma3 * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l1)) / 3;
```

```
double l2 = l2_1 + l2_2 + l2_3;
```

```
double m2_1 = (gamma1 * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l1)) / 3;
```

```
double m2_2 = (gamma2 * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l1)) / 3;
```

```
double m2_3 = (gamma3 * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l1)) / 3;
```

```
double m2 = m2_1 + m2_2 + m2_3;
```

```
double k3 = -beta * ((s1 + s2 + s3) + 0.5 * h * k2) * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l2) / population;
```

```
double l3_1 = beta * ((s1 + s2 + s3) + 0.5 * h * k2) * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l2) / population - gamma1 * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l2);
```

```
double l3_2 = beta * ((s1 + s2 + s3) + 0.5 * h * k2) * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l2) / population - gamma2 * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l2);
```

```
double l3_3 = beta * ((s1 + s2 + s3) + 0.5 * h * k2) * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l2) / population - gamma3 * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l2);
```

```
double l3 = l3_1 + l3_2 + l3_3;
```

```
double m3_1 = gamma1 * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l2);
```

```
double m3_2 = gamma2 * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l2);
```

```
double m3_3 = gamma3 * ((i1 + i2 + i3) + 0.5 * h * l2);
```

```
double m3 = m3_1 + m3_2 + m3_3;
```

```
double k4 = -beta * ((s1 + s2 + s3) + h * k3) * ((i1 + i2 + i3) + h * l3) / population;
```

```
double l4_1 = beta * ((s1 + s2 + s3) + h * k3) * ((i1 + i2 + i3) + h * l3) / population - gamma1 * (i + h * l3);
```

```
double l4_2 = beta * ((s1 + s2 + s3) + h * k3) * ((i1 + i2 + i3) + h * l3) / population - gamma2 * (i + h * l3);
```

```
double l4_3 = beta * ((s1 + s2 + s3) + h * k3) * ((i1 + i2 + i3) + h * l3) / population - gamma3 * (i + h * l3);
```

```
double l4 = l4_1 + l4_2 + l4_3;
```

```
double m4_1 = gamma1 * ((i1 + i2 + i3) + h * l3);
```

```
double m4_2 = gamma2 * ((i1 + i2 + i3) + h * l3);
```

```
double m4_3 = gamma3 * ((i1 + i2 + i3) + h * l3);
```

```
double m4 = m4_1 + m4_2 + m4_3;
```

```
s += h * (k1 + 2 * k2 + 2 * k3 + k4) / 6;
```

```
i += h * (l1 + 2 * l2 + 2 * l3 + l4) / 6;
```



```

    r += h * (m1 + 2 * m2 + 2 * m3 + m4) / 6;

    t += h;
    if (flag == 1)
    {
        GlobalData.dataForGroups[1, step] = i;
        GlobalData.dataForGroups[2, step] = s;
        GlobalData.dataForGroups[3, step] = r;
    }
    if (flag == 0)
    {
        infected_rezult_for_beta[step] = i;
    }

}
return infected_rezult_for_beta;
}

private double[] RungeKutta4_groups2(double beta, string TypeBeta, int number_group, int flag)
{
    double s = 0;
    double i = 0;
    double e = 0;
    double d = 0;
    double t = 0;
    double h = 1;
    double gamma = 0;
    double sigma = 0;
    int population_local = 0;
    double d_test = 0;
    double e_test = 0;
    switch (number_group)
    {
        case 1:
        {
            gamma = gamma1;
            sigma = sigma1;
            i = GlobalData.dataExcel1Group[1, 0];
            s = GlobalData.dataExcel1Group[2, 0];
            e = i * 0.8;
            d = GlobalData.dataExcel1Group[3, 0];
            population_local = population1;
            break;
        }
        case 2:
        {

```

```

        gamma = gamma2;
        sigma = sigma2;
        i = GlobalData.dataExcel2Group[1, 0];
        s = GlobalData.dataExcel2Group[2, 0];
        e = i * 0.8;
        d = GlobalData.dataExcel2Group[3, 0];
        population_local = population2;
        break;
    }
case 3:
    {
        gamma = gamma3;
        sigma = sigma3;
        i = GlobalData.dataExcel3Group[1, 0];
        s = GlobalData.dataExcel3Group[2, 0];
        e = i * 0.8;
        d = GlobalData.dataExcel3Group[3, 0];
        population_local = population3;
        break;
    }
case 4:
    {
        gamma = gamma4;
        sigma = sigma4;
        i = GlobalData.dataExcel4Group[1, 0];
        s = GlobalData.dataExcel4Group[2, 0];
        e = i * 0.8;
        d = GlobalData.dataExcel4Group[3, 0];
        population_local = population4;
        break;
    }
default:
    MessageBox.Show("Неверный номер группы", "Ошибка", MessageBoxButtons.OK, MessageBoxIcon.Error);
    break;
}

for (int step = 0; step < GlobalData.rowCountExcel / h; step++)
{
    double k1 = -beta * s * i / population_local;
    double l1 = e * sigma - i * gamma;
    double n1 = beta * s * i / population_local - e * sigma;
    double m1 = gamma * i;

    double k2 = -beta * (s + 0.5 * h * k1) * (i + 0.5 * h * l1) / population_local;
    double l2 = (e + 0.5 * h * n1) * sigma - (i + 0.5 * h * l1) * gamma;
    double n2 = beta * (s + 0.5 * h * k1) * (i + 0.5 * h * l1) / population_local - (e + 0.5 * h * n1) * sigma;

```

```

double m2 = gamma * (i + 0.5 * h * l1);

double k3 = -beta * (s + 0.5 * h * k2) * (i + 0.5 * h * l2) / population_local;
double l3 = (e + 0.5 * h * n2) * sigma - (i + 0.5 * h * l2) * gamma;
double n3 = beta * (s + 0.5 * h * k2) * (i + 0.5 * h * l2) / population_local - (e + 0.5 * h * n2) * sigma;
double m3 = gamma * (i + 0.5 * h * l2);

double k4 = -beta * (s + h * k3) * (i + h * l3) / population_local;
double l4 = (e + h * n3) * sigma - (i + h * l3) * gamma;
double n4 = beta * (s + h * k3) * (i + h * l3) / population_local - (e + h * n3) * sigma;
double m4 = gamma * (i + h * l3);

s += h * (k1 + 2 * k2 + 2 * k3 + k4) / 6;
i += h * (l1 + 2 * l2 + 2 * l3 + l4) / 6;
e += h * (n1 + 2 * n2 + 2 * n3 + n4) / 6;
e_test = h * (n1 + 2 * n2 + 2 * n3 + n4) / 6;
d += h * (m1 + 2 * m2 + 2 * m3 + m4) / 6;
d_test = h * (m1 + 2 * m2 + 2 * m3 + m4) / 6;

t += h;
if (flag == 1)
{
    switch (number_group)
    {
        case 1:
        {
            if (TypeBeta == "Science")
            {
                GlobalData.dataFor1Group[1, step] = i;
                GlobalData.dataFor1Group[2, step] = s;
                GlobalData.dataFor1Group[3, step] = d_test;
                GlobalData.dataFor1Group[4, step] = e;
            }
            else if (TypeBeta == "Approx")
            {
                GlobalData.dataForGroupsApprox1Group[1, step] = i;
                GlobalData.dataForGroupsApprox1Group[2, step] = s;
                GlobalData.dataForGroupsApprox1Group[3, step] = d_test;
                GlobalData.dataForGroupsApprox1Group[4, step] = e;
            }
            break;
        }
        case 2:
        {
            if (TypeBeta == "Science")
            {

```

```

        GlobalData.dataFor2Group[1, step] = i;
        GlobalData.dataFor2Group[2, step] = s;
        GlobalData.dataFor2Group[3, step] = d_test;
        GlobalData.dataFor2Group[4, step] = e;
    }
    else if (TypeBeta == "Approx")
    {
        GlobalData.dataForGroupsApprox2Group[1, step] = i;
        GlobalData.dataForGroupsApprox2Group[2, step] = s;
        GlobalData.dataForGroupsApprox2Group[3, step] = d_test;
        GlobalData.dataForGroupsApprox2Group[4, step] = e;
    }
    break;
}
case 3:
{
    if (TypeBeta == "Science")
    {
        GlobalData.dataFor3Group[1, step] = i;
        GlobalData.dataFor3Group[2, step] = s;
        GlobalData.dataFor3Group[3, step] = d_test;
        GlobalData.dataFor3Group[4, step] = e;
    }
    else if (TypeBeta == "Approx")
    {
        GlobalData.dataForGroupsApprox3Group[1, step] = i;
        GlobalData.dataForGroupsApprox3Group[2, step] = s;
        GlobalData.dataForGroupsApprox3Group[3, step] = d_test;
        GlobalData.dataForGroupsApprox3Group[4, step] = e;
    }
    break;
}
case 4:
{
    if (TypeBeta == "Science")
    {
        GlobalData.dataFor4Group[1, step] = i;
        GlobalData.dataFor4Group[2, step] = s;
        GlobalData.dataFor4Group[3, step] = d_test;
        GlobalData.dataFor4Group[4, step] = e;
    }
    else if (TypeBeta == "Approx")
    {
        GlobalData.dataForGroupsApprox4Group[1, step] = i;
        GlobalData.dataForGroupsApprox4Group[2, step] = s;
        GlobalData.dataForGroupsApprox4Group[3, step] = d_test;

```

```

        GlobalData.dataForGroupsApprox4Group[4, step] = e;
    }
    break;
}
default:
    MessageBox.Show("Неверный номер группы", "Ошибка", MessageBoxButtons.OK,
    MessageBoxIcon.Error);
    break;
}
}
d_test = 0;
e_test = 0;
if (flag == 0)
{
    infected_rezult_for_beta[step] = i;
}
}
return infected_rezult_for_beta;
}

```

```

private double FindBeta(string metod, int group)
{
    int tt = 0;
    double a = 0;
    double b = 1;
    double e = 0.001;
    double s = e / 2;
    double A, M;

    double sum1 = 0;
    double sum2 = 0;

    double[] iA = new double[GlobalData.rowCountExcel];
    double[] iM = new double[GlobalData.rowCountExcel];

    while (b - a > e)
    {
        A = (a + b - s) / 2;
        M = (a + b + s) / 2;
        if (metod == "Classic")
        {
            Array.Copy(RungeKutta4_clasic(A, "", group, 0), iA, iA.Length);
            Array.Copy(RungeKutta4_clasic(M, "", group, 0), iM, iM.Length);
        }
    }
}

```

```

if (metod == "ForAgeGroups")
{
    Array.Copy(RungeKutta4_groups(A, "", 0), iA, iA.Length);
    Array.Copy(RungeKutta4_groups(M, "", 0), iM, iM.Length);
}
if (metod == "ForAgeGroups2")
{
    Array.Copy(RungeKutta4_groups2(A, "", group, 0), iA, iA.Length);
    Array.Copy(RungeKutta4_groups2(M, "", group, 0), iM, iM.Length);
}

for (int i = 0; i < iA.Length; i++)
{
    switch (group)
    {
        case 1:
        {
            double summa1 = iA[i] - GlobalData.dataExcel1Group[1, i];
            sum1 += Math.Pow(summa1, 2);

            double summa2 = iM[i] - GlobalData.dataExcel1Group[1, i];
            sum2 += summa2 * summa2;
            break;
        }
        case 2:
        {
            double summa1 = iA[i] - GlobalData.dataExcel2Group[1, i];
            sum1 += Math.Pow(summa1, 2);

            double summa2 = iM[i] - GlobalData.dataExcel2Group[1, i];
            sum2 += summa2 * summa2;
            break;
        }
        case 3:
        {
            double summa1 = iA[i] - GlobalData.dataExcel3Group[1, i];
            sum1 += Math.Pow(summa1, 2);

            double summa2 = iM[i] - GlobalData.dataExcel3Group[1, i];
            sum2 += summa2 * summa2;
            break;
        }
        case 4:
        {
            double summa1 = iA[i] - GlobalData.dataExcel4Group[1, i];
            sum1 += Math.Pow(summa1, 2);

```

```

        double summa2 = iM[i] - GlobalData.dataExcel4Group[1, i];
        sum2 += summa2 * summa2;
        break;
    }
    default:
        MessageBox.Show("Неверный номер группы", "Ошибка", MessageBoxButtons.OK,
    MessageBoxIcon.Error);
        break;
    }
}

if (sum1 > sum2)
    a = A;
else
    b = M;
sum1 = sum2 = 0;
tt += 1;
}
return ((a + b) / 2);
}

public static void SumGroupData()
{
    for (int j = 0; j < GlobalData.rowCountExcel; j++)
    {
        GlobalData.dataForGroups[0, j] = GlobalData.dataFor1Group[0, j];
        GlobalData.dataForGroupsApprox[0, j] = GlobalData.dataFor1Group[0, j];
        GlobalData.dataForGroupsScience[0, j] = GlobalData.dataFor1Group[0, j];
    }

    for (int i = 1; i < 5; i++)
    {
        for (int j = 0; j < GlobalData.rowCountExcel + 1; j++)
        {
            GlobalData.dataForGroups[i, j] = GlobalData.dataFor1Group[i, j]
                + GlobalData.dataFor2Group[i, j]
                + GlobalData.dataFor3Group[i, j]
                + GlobalData.dataFor4Group[i, j];
            GlobalData.dataForGroupsScience[i, j] = GlobalData.dataFor1GroupScience[i, j]
                + GlobalData.dataFor2GroupScience[i, j]
                + GlobalData.dataFor3GroupScience[i, j]
                + GlobalData.dataFor4GroupScience[i, j];
            GlobalData.dataForGroupsApprox[i, j] = GlobalData.dataForGroupsApprox1Group[i, j]
                + GlobalData.dataForGroupsApprox2Group[i, j]
                + GlobalData.dataForGroupsApprox3Group[i, j]

```

```

        + GlobalData.dataForGroupsApprox4Group[i, j];
    }
}

private void UpdateChart()
{
    double.TryParse(textBox_gama1.Text, out gamma1);
    double.TryParse(textBox_gama2.Text, out gamma2);
    double.TryParse(textBox_gama3.Text, out gamma3);
    double.TryParse(textBox_gama4.Text, out gamma4);

    double.TryParse(textBox_beta1.Text, out beta1);
    double.TryParse(textBox_beta2.Text, out beta2);
    double.TryParse(textBox_beta3.Text, out beta3);
    double.TryParse(textBox_beta4.Text, out beta4);

    beta_avarage = (beta1 + beta2 + beta3 + beta4) / 4;
    gamma_avarage = (gamma1 + gamma2 + gamma3 + gamma4) / 4;
    beta_science_text.Text = (beta_avarage.ToString());
    gamma_text.Text = (gamma_avarage.ToString());

    beta_aprox1_text.Text = FindBeta("ForAgeGroups2", 1).ToString();
    beta_aprox2_text.Text = FindBeta("ForAgeGroups2", 2).ToString();
    beta_aprox3_text.Text = FindBeta("ForAgeGroups2", 3).ToString();
    beta_aprox4_text.Text = FindBeta("ForAgeGroups2", 4).ToString();

    RungeKutta4_clasic(beta_avarage, "Science", 10, 1);

    RungeKutta4_groups2(FindBeta("ForAgeGroups2", 1), "Approx", 1, 1);
    RungeKutta4_groups2(FindBeta("ForAgeGroups2", 2), "Approx", 2, 1);
    RungeKutta4_groups2(FindBeta("ForAgeGroups2", 3), "Approx", 3, 1);
    RungeKutta4_groups2(FindBeta("ForAgeGroups2", 4), "Approx", 4, 1);

    RungeKutta4_groups2(beta1, "Science", 1, 1);
    RungeKutta4_groups2(beta2, "Science", 2, 1);
    RungeKutta4_groups2(beta3, "Science", 3, 1);
    RungeKutta4_groups2(beta4, "Science", 4, 1);

    SumGroupData();

    Error();

    SaveMatricesToExcel();
}

```



```

MainChart.Series["Infected_excel"].Points.Clear();
MainChart.Series["Infected_science"].Points.Clear();
MainChart.Series["Infected_group_science"].Points.Clear();
MainChart.Series["Infected_group_aprox"].Points.Clear();

double minValue = double.MaxValue;

for (int row = 0; row < GlobalData.rowCountExcel; row++)
{
    minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataExcelAll[1, row]);
    minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataForClassicModel[1, row]);
    minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataForGroups[1, row]);
    minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataForGroupsApprox[1, row]);
}
int roundedMinValue = (int)Math.Floor(minValue / 100) * 100;

MainChart.ChartAreas[0].AxisY.Minimum = roundedMinValue - 1000;
MainChart.ChartAreas[0].AxisX.Interval = 5;
for (int row = 1; row <= GlobalData.rowCountExcel; row++)
{
    MainChart.Series["Infected_excel"].Points.AddXY(GlobalData.dataExcelAll[0, row - 1],
GlobalData.dataExcelAll[1, row - 1]);
    MainChart.Series["Infected_science"].Points.AddXY(GlobalData.dataForClassicModel[0, row - 1],
GlobalData.dataForClassicModel[1, row - 1]);
    MainChart.Series["Infected_group_science"].Points.AddXY(GlobalData.dataForGroups[0, row - 1],
GlobalData.dataForGroups[1, row - 1]);
    MainChart.Series["Infected_group_aprox"].Points.AddXY(GlobalData.dataForGroupsApprox[0, row - 1],
GlobalData.dataForGroupsApprox[1, row - 1]);
}

}

private void Error()
{
    int t = 0;
    double err, errG, errGA;
    double sum = 0;
    double sumG = 0;
    double sumGA = 0;

    for (int i = 0; i < GlobalData.rowCountExcel; i++)
    {
        sum += Math.Pow(GlobalData.dataForClassicModel[1, i] - GlobalData.dataExcelAll[1, i], 2);
        sumG += Math.Pow(GlobalData.dataForGroups[1, i] - GlobalData.dataExcelAll[1, i], 2);
        sumGA += Math.Pow(GlobalData.dataForGroupsApprox[1, i] - GlobalData.dataExcelAll[1, i], 2);
        t++;
    }
}

```

```

    }
    err = Math.Sqrt(sum / (2*GlobalData.rowCountExcel));
    errG = Math.Sqrt(sumG / (2*GlobalData.rowCountExcel));
    errGA = Math.Sqrt(sumGA / (2*GlobalData.rowCountExcel));
    Deviation_science_text.Text = Math.Round(err, 5).ToString();
    Deviation_science_group_text.Text = Math.Round(errG, 5).ToString();
    Deviation_aprox_group_text.Text = Math.Round(errGA, 5).ToString();
}

private void SaveMatricesToExcel()
{
    try
    {
        ExcelPackage.LicenseContext = OfficeOpenXml.LicenseContext.NonCommercial;

        using (ExcelPackage package = new ExcelPackage())
        {
            ExcelWorksheet sheet1 = package.Workbook.Worksheets.Add("ClassicModel");
            SaveMatrixToWorksheet(sheet1, GlobalData.dataForClassicModel);

            ExcelWorksheet sheet2 = package.Workbook.Worksheets.Add("ForGroups");
            SaveMatrixToWorksheet(sheet2, GlobalData.dataForGroups);

            ExcelWorksheet sheet3 = package.Workbook.Worksheets.Add("ForGroupsAprox");
            SaveMatrixToWorksheet(sheet3, GlobalData.dataForGroupsAprox);

            ExcelWorksheet sheet4 = package.Workbook.Worksheets.Add("ForGroup1Science");
            SaveMatrixToWorksheet(sheet4, GlobalData.dataFor1Group);

            ExcelWorksheet sheet5 = package.Workbook.Worksheets.Add("ForGroup2Science");
            SaveMatrixToWorksheet(sheet5, GlobalData.dataFor2Group);

            ExcelWorksheet sheet6 = package.Workbook.Worksheets.Add("ForGroup3Science");
            SaveMatrixToWorksheet(sheet6, GlobalData.dataFor3Group);

            ExcelWorksheet sheet7 = package.Workbook.Worksheets.Add("ForGroup4Science");
            SaveMatrixToWorksheet(sheet7, GlobalData.dataFor4Group);

            ExcelWorksheet sheet8 = package.Workbook.Worksheets.Add("ForGroup1Aprox");
            SaveMatrixToWorksheet(sheet8, GlobalData.dataForGroupsAprox1Group);

            ExcelWorksheet sheet9 = package.Workbook.Worksheets.Add("ForGroup2Aprox");
            SaveMatrixToWorksheet(sheet9, GlobalData.dataForGroupsAprox2Group);

            ExcelWorksheet sheet10 = package.Workbook.Worksheets.Add("ForGroup3Aprox");
            SaveMatrixToWorksheet(sheet10, GlobalData.dataForGroupsAprox3Group);
        }
    }
}

```

```

ExcelWorksheet sheet11 = package.Workbook.Worksheets.Add("ForGroup4Aprox");
SaveMatrixToWorksheet(sheet11, GlobalData.dataForGroupsApprox4Group);

string exeDirectory = AppDomain.CurrentDomain.BaseDirectory;

string filePath = Path.Combine(exeDirectory, "Result.xlsx");

FileInfo fileInfo = new FileInfo(filePath);
package.SaveAs(fileInfo);
}
}
catch (Exception ex)
{
    MessageBox.Show($"Ошибка при сохранении в Excel файл: {ex.Message}");
}
}

private void SaveMatrixToWorksheet(ExcelWorksheet worksheet, double[,] matrix)
{
    int rowCount = matrix.GetLength(1);
    int colCount = matrix.GetLength(0);

    for (int row = 0; row < rowCount; row++)
    {
        for (int col = 0; col < colCount; col++)
        {
            worksheet.Cells[row + 1, col + 1].Value = matrix[col, row];
        }
    }
}

private void textBox_gama1_TextChanged(object sender, EventArgs e)
{
    UpdateChart();
}

private void textBox_gama2_TextChanged(object sender, EventArgs e)
{
    UpdateChart();
}

private void textBox_gama3_TextChanged(object sender, EventArgs e)
{
    UpdateChart();
}

```

```

private void textBox_gama4_TextChanged(object sender, EventArgs e)
{
    UpdateChart();
}

private void textBox_beta1_TextChanged(object sender, EventArgs e)
{
    UpdateChart();
}

private void textBox_beta2_TextChanged(object sender, EventArgs e)
{
    UpdateChart();
}

private void textBox_beta3_TextChanged(object sender, EventArgs e)
{
    UpdateChart();
}

private void textBox_beta4_TextChanged(object sender, EventArgs e)
{
    UpdateChart();
}

private void checkBox_Group1_CheckedChanged(object sender, EventArgs e)
{
    check_group1 = Convert.ToInt32(checkBox_Group1.Checked);
    if (check_group1 == 1)
    {
        double minValue = double.MaxValue;

        for (int row = 0; row < GlobalData.rowCountExcel; row++)
        {
            minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataExcel1Group[1, row]);
            minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataFor1Group[1, row]);
            minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataForGroupsApprox1Group[1, row]);
        }
        int roundedMinValue = (int)Math.Floor(minValue / 100) * 100;

        MainChart.ChartAreas[0].AxisY.Minimum = roundedMinValue - 1000;
        MainChart.ChartAreas[0].AxisX.Interval = 5;

        checkBox_Group2.Checked = false;
        checkBox_Group3.Checked = false;
    }
}

```

```

        checkBox_Group4.Checked = false;
        MainChart.Series["Infected_excel"].Points.Clear();
        MainChart.Series["Infected_science"].Points.Clear();
        MainChart.Series["Infected_group_science"].Points.Clear();
        MainChart.Series["Infected_group_aprox"].Points.Clear();
        for (int row = 1; row <= GlobalData.rowCountExcel; row++)
        {
            MainChart.Series["Infected_excel"].Points.AddXY(GlobalData.dataExcel1Group[0, row - 1],
GlobalData.dataExcel1Group[1, row - 1]);
            MainChart.Series["Infected_group_science"].Points.AddXY(GlobalData.dataFor1Group[0, row - 1],
GlobalData.dataFor1Group[1, row - 1]);
            MainChart.Series["Infected_group_aprox"].Points.AddXY(GlobalData.dataForGroupsApprox1Group[0, row -
1], GlobalData.dataForGroupsApprox1Group[1, row - 1]);
            //MainChart.Series["Died_science"].Points.AddXY(GlobalData.dataFor1GroupScience[0, row - 1],
GlobalData.dataFor1GroupScience[3, row - 1]);
            //MainChart.Series["Died_aprox"].Points.AddXY(GlobalData.dataForGroupsApprox1Group[0, row - 1],
GlobalData.dataForGroupsApprox1Group[3, row - 1]);
            //MainChart.Series["Died_excel"].Points.AddXY(GlobalData.dataExcel1Group[0, row - 1],
GlobalData.dataExcel1Group[3, row - 1]);
        }
    }
    if (check_group1 == 0 && check_group2 == 0 && check_group3 == 0 && check_group4 == 0)
    {
        UpdateChart();
    }
}

private void checkBox_Group2_CheckedChanged(object sender, EventArgs e)
{
    check_group2 = Convert.ToInt32(checkBox_Group2.Checked);
    if (check_group2 == 1)
    {
        double minValue = double.MaxValue;

        for (int row = 0; row < GlobalData.rowCountExcel; row++)
        {
            minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataExcel2Group[1, row]);
            minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataFor2Group[1, row]);
            minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataForGroupsApprox2Group[1, row]);
        }
        int roundedMinValue = (int)Math.Floor(minValue / 100) * 100;

        MainChart.ChartAreas[0].AxisY.Minimum = roundedMinValue - 1000;
        MainChart.ChartAreas[0].AxisX.Interval = 5;

        checkBox_Group1.Checked = false;

```

```

        checkBox_Group3.Checked = false;
        checkBox_Group4.Checked = false;
        MainChart.Series["Infected_excel"].Points.Clear();
        MainChart.Series["Infected_science"].Points.Clear();
        MainChart.Series["Infected_group_science"].Points.Clear();
        MainChart.Series["Infected_group_aprox"].Points.Clear();
        for (int row = 1; row <= GlobalData.rowCountExcel; row++)
        {
            MainChart.Series["Infected_excel"].Points.AddXY(GlobalData.dataExcel2Group[0, row - 1],
GlobalData.dataExcel2Group[1, row - 1]);
            MainChart.Series["Infected_group_science"].Points.AddXY(GlobalData.dataFor2Group[0, row - 1],
GlobalData.dataFor2Group[1, row - 1]);
            MainChart.Series["Infected_group_aprox"].Points.AddXY(GlobalData.dataForGroupsApprox2Group[0, row -
1], GlobalData.dataForGroupsApprox2Group[1, row - 1]);
        }
    }
    if (check_group1 == 0 && check_group2 == 0 && check_group3 == 0 && check_group4 == 0)
    {
        UpdateChart();
    }
}

private void checkBox_Group3_CheckedChanged(object sender, EventArgs e)
{
    check_group3 = Convert.ToInt32(checkBox_Group3.Checked);
    if (check_group3 == 1)
    {
        double minValue = double.MaxValue;

        for (int row = 0; row < GlobalData.rowCountExcel; row++)
        {
            minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataExcel3Group[1, row]);
            minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataFor3Group[1, row]);
            minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataForGroupsApprox3Group[1, row]);
        }
        int roundedMinValue = (int)Math.Floor(minValue / 100) * 100;

        MainChart.ChartAreas[0].AxisY.Minimum = roundedMinValue - 1000;
        MainChart.ChartAreas[0].AxisX.Interval = 5;

        checkBox_Group1.Checked = false;
        checkBox_Group2.Checked = false;
        checkBox_Group4.Checked = false;
        MainChart.Series["Infected_excel"].Points.Clear();
        MainChart.Series["Infected_science"].Points.Clear();
        MainChart.Series["Infected_group_science"].Points.Clear();
    }
}

```

```

        MainChart.Series["Infected_group_aprox"].Points.Clear();
        for (int row = 1; row <= GlobalData.rowCountExcel; row++)
        {
            MainChart.Series["Infected_excel"].Points.AddXY(GlobalData.dataExcel3Group[0, row - 1],
GlobalData.dataExcel3Group[1, row - 1]);
            MainChart.Series["Infected_group_science"].Points.AddXY(GlobalData.dataFor3Group[0, row - 1],
GlobalData.dataFor3Group[1, row - 1]);
            MainChart.Series["Infected_group_aprox"].Points.AddXY(GlobalData.dataForGroupsApprox3Group[0, row -
1], GlobalData.dataForGroupsApprox3Group[1, row - 1]);
        }
    }
    if (check_group1 == 0 && check_group2 == 0 && check_group3 == 0 && check_group4 == 0)
    {
        UpdateChart();
    }
}

private void checkBox_Group4_CheckedChanged(object sender, EventArgs e)
{
    check_group4 = Convert.ToInt32(checkBox_Group4.Checked);
    if (check_group4 == 1)
    {
        double minValue = double.MaxValue;

        for (int row = 0; row < GlobalData.rowCountExcel; row++)
        {
            minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataExcel4Group[1, row]);
            minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataFor4Group[1, row]);
            minValue = Math.Min(minValue, GlobalData.dataForGroupsApprox4Group[1, row]);
        }
        int roundedMinValue = (int)Math.Floor(minValue / 100) * 100;

        MainChart.ChartAreas[0].AxisY.Minimum = roundedMinValue - 1000;
        MainChart.ChartAreas[0].AxisX.Interval = 5;

        checkBox_Group1.Checked = false;
        checkBox_Group2.Checked = false;
        checkBox_Group3.Checked = false;
        MainChart.Series["Infected_excel"].Points.Clear();
        MainChart.Series["Infected_science"].Points.Clear();
        MainChart.Series["Infected_group_science"].Points.Clear();
        MainChart.Series["Infected_group_aprox"].Points.Clear();
        for (int row = 1; row <= GlobalData.rowCountExcel; row++)
        {
            MainChart.Series["Infected_excel"].Points.AddXY(GlobalData.dataExcel4Group[0, row - 1],
GlobalData.dataExcel4Group[1, row - 1]);

```

```

        MainChart.Series["Infected_group_science"].Points.AddXY(GlobalData.dataFor4Group[0, row - 1],
GlobalData.dataFor4Group[1, row - 1]);
        MainChart.Series["Infected_group_aprox"].Points.AddXY(GlobalData.dataForGroupsApprox4Group[0, row -
1], GlobalData.dataForGroupsApprox4Group[1, row - 1]);
    }
}
if (check_group1 == 0 && check_group2 == 0 && check_group3 == 0 && check_group4 == 0)
{
    UpdateChart();
}
}
}
}

```

```
public static class GlobalData
```

```

{
    public static double[,] dataExcelAll = new double[4, 40];

    public static double[,] dataExcel1Group = new double[4, 40];
    public static double[,] dataExcel2Group = new double[4, 40];
    public static double[,] dataExcel3Group = new double[4, 40];
    public static double[,] dataExcel4Group = new double[4, 40];

    public static double[,] dataForClassicModel = new double[4, 40];

    public static double[,] dataForGroupsApprox = new double[5, 40];

    public static double[,] dataForGroupsApprox1Group = new double[5, 40];
    public static double[,] dataForGroupsApprox2Group = new double[5, 40];
    public static double[,] dataForGroupsApprox3Group = new double[5, 40];
    public static double[,] dataForGroupsApprox4Group = new double[5, 40];

    public static double[,] dataForGroups = new double[5, 40];

    public static double[,] dataFor1Group = new double[5, 40];
    public static double[,] dataFor2Group = new double[5, 40];
    public static double[,] dataFor3Group = new double[5, 40];
    public static double[,] dataFor4Group = new double[5, 40];

    public static double[,] dataForGroupsScience = new double[5, 40];

    public static double[,] dataFor1GroupScience = new double[5, 40];
    public static double[,] dataFor2GroupScience = new double[5, 40];
    public static double[,] dataFor3GroupScience = new double[5, 40];
    public static double[,] dataFor4GroupScience = new double[5, 40];

    public static int rowCountExcel;
}

```


}
}