

**КИЇВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ  
ІМЕНІ ТАРАСА ШЕВЧЕНКА**

Факультет комп'ютерних наук і кібернетики  
Кафедра дослідження операцій

**Кваліфікаційна робота  
на здобуття ступеня магістра**

за спеціальністю 113 Прикладна математика

на тему:

**ДИНАМІЧНІ СИСТЕМИ  
З ВНУТРІШНІМ КОНФЛІКТОМ**

Виконав студент 2-го курсу  
Сало Назар Михайлович

\_\_\_\_\_  
(підпис)

Науковий керівник:  
доцент, доктор фіз.-мат. наук  
Самойленко Ігор Валерійович

\_\_\_\_\_  
(підпис)

Роботу розглянуто й допущено до захисту  
на засіданні кафедри дослідження  
операцій

«\_\_»\_\_\_\_\_2021р.,

протокол №

Завідувач кафедри

О. М. Іксанов

# ЗМІСТ

ВСТУП.....	3
РОЗДІЛ 1: МОДЕЛЬ SIR ТА ЇЇ МОДИФІКАЦІЇ .....	5
1.1 Модель SIR.....	5
1.2 Розв’язки SIR моделі .....	7
1.3 Прості модифікації базової моделі SIR.....	11
1.4 Практична епідеміологічна модель .....	15
РОЗДІЛ 2: МОДЕЛЬ КОНФЛІКТНОЇ ВЗАЄМОДІЇ МІЖ СКЛАДНИМИ СИСТЕМАМИ.....	23
2.1 Визначення конфлікту .....	23
2.2 Закон конфліктної взаємодії між субстанціями.....	24
2.3 Принципи внутрішнього конфлікту в епідеміологічній моделі.....	27
2.4 Алгоритм роботи програми.....	30
2.5 Результати .....	33
ВИСНОВКИ.....	50
ДЖЕРЕЛА.....	52

## ВСТУП

Протягом всієї своєї історії людство стикалося з різними хворобами. Одні були звичною річчю і не несли за собою великих небезпек, як от всім нам звична застуда, інші, в свою чергу, являлися настільки смертоносними і швидкими в поширенні, що вражали мільйони. Щоб мати змогу протистояти подібним ситуаціям, потрібно вміти передбачати різні варіанти розгортання подій, і реагувати відповідно.

Одним з інструментів, який дозволяє це зробити, є математичне моделювання. Воно дозволяє спроектувати поширення інфекції і ймовірні наслідки епідемії. Важливість такої інформації, коли йде мова про здоров'я і людські життя важко переоцінити.

В таких моделях використовуються базові припущення чи статистичні дані в парі з математичними підходами для обрахування швидкості поширення хвороби, смертності і інших параметрів, які описують характер епідемій. Знаючи цю інформацію, можна розробити стратегію боротьби, і таким же чином перевірити її ефективність в рамках моделі. Ефективність таких передбачень, окрім як від точності і свіжості даних, залежить також від врахування нею всіх важливих факторів і правил. Чим більше таких деталей закладено в модель, тим більш показовою і корисною вона є.

Метою цієї роботи є розгляд основної епідеміологічної моделі – SIR, з деякими її модифікаціями, в особливості, нетривіальної моделі з розділом населення на 11 груп, сформульованої в статті [1], яка дозволила з великою точністю змодельовувати поведінку поширення COVID-19 на території Індії в квітні 2020 року. Для подальшої роботи, основні статистичні параметри, коефіцієнти і інші дані, будуть

взяті з іншої роботи, яка є у вільному доступі на даний момент: INDSCI-SIM – першої детальної моделі поширення COVID-19 в Індії [2].

Також, окремо буде розглянуто поняття внутрішнього конфлікту динамічної системи і один з варіантів його реалізації між незнищеними суперниками у вигляді міжрегіональної міграції, в чому ми будемо посилатися на статтю [3]. І основним завданням буде створення і дослідження складної системи, яка описуватиме нетривіальну епідеміологічну модель з інтегрованим в неї внутрішнім конфліктом (міжрегіональна міграція) за прикладом моделі Лотки-Вольтера з циклічною міграцією, яка описана у статті [4], за допомогою програмного засобу. Для цього поставлено такі завдання.

- Розглянути модель SIR і її основні модифікації
- Розглянути нетривіальну модель з поділом населення на 11 груп
- Описати принцип конфлікту
- Побудувати модель епідеміологічну модель з внутрішнім конфліктом
- Дослідити поведінку моделі в різних сценаріях за допомогою програмного засобу
- Зробити висновки щодо важливості впливу міграцій на епідеміологічні моделі

В якості інструменту створення програмного засобу було обрано JetBrains PyCharm Community Edition 2020.3.3 – інтегроване середовище розробки (IDE) мовою програмування Python, яке є безкоштовним і з відкритим вихідним кодом. Для відображення графічних результатів використовувалась бібліотека Matplotlib.

# РОЗДІЛ 1: МОДЕЛЬ SIR ТА ЇЇ МОДИФІКАЦІЇ

## 1.1 Модель SIR



SIR є однією з найпростіших полігамних моделей, які використовуються для математичного моделювання поширення інфекційних захворювань. В цій моделі популяція поділена на три групи: сприйнятливі до захворювання ( $S$  – susceptible), інфіковані ( $I$  – infectious) та особи, які одужали ( $R$  – recovered).

Перші дві групи – Сприйнятливі та Інфіковані мають очевидні значення. “Одужалі”, в свою чергу, можуть мати ширше поняття. Узагальнюючи, ми можемо сказати, що  $R$  складається з усіх осіб, що вже не можуть захворіти, тобто тих, хто одужав чи помер, бо жоден з них вже не зможе заразитися чи інфікувати інших. Величини кожної з цих груп є залежними від часу, відповідно до характеру самого захворювання.

Диференціальні рівняння, які описують цю модель (без врахування життєвої динаміки – народжуваності і смертності) виглядають наступним чином:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\alpha SI}{N} \quad (1);$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\alpha SI}{N} - \beta I \quad (2);$$

$$\frac{dR}{dt} = \beta I \quad (3)$$

Приріст інфікованих визначається добутком кількостей сприятливих і інфікованих індивідів. Тут  $\alpha$  є коефіцієнтом поширення хвороби, а  $\beta$  – одужання. Швидкість, з якою кількість інфікованих осіб зростає з часом, є пов’язана з розміром деякої події,

яка відповідає тому, що інфіковані і сприйнятливі особи знаходяться близько один біля одного і взаємодіють. Величина цієї події  $\epsilon$ , очевидно, пропорційна добутку кількості сприйнятливих осіб ( $S$ ) і інфікованих ( $I$ ). Очевидно, кількість сприйнятливих осіб зменшується з тією ж швидкістю, як вони перестають бути сприйнятливими, стаючи інфікованими.

В рівнянні (1) показано, що кількість сприйнятливих осіб зменшується з ростом інфікованих. А оскільки швидкість росту кількості інфікованих ніколи не є нульовою, то виходить що функція  $S(t)$  є спадною. Рівняння (2) показує, що швидкість росту інфікованих, очевидно, збільшується з приростом інфікованих і спадає, коли все більше осіб інфікується. І в рівнянні (3) показано, що кількість осіб, що одужали є прямо пропорційною до кількості інфікованих. Тобто  $R(t)$  – зростаюча.

Оскільки загальна кількість осіб повинна залишатися незмінною, накладається додаткова умова  $S(t) + I(t) + R(t) = N$ .

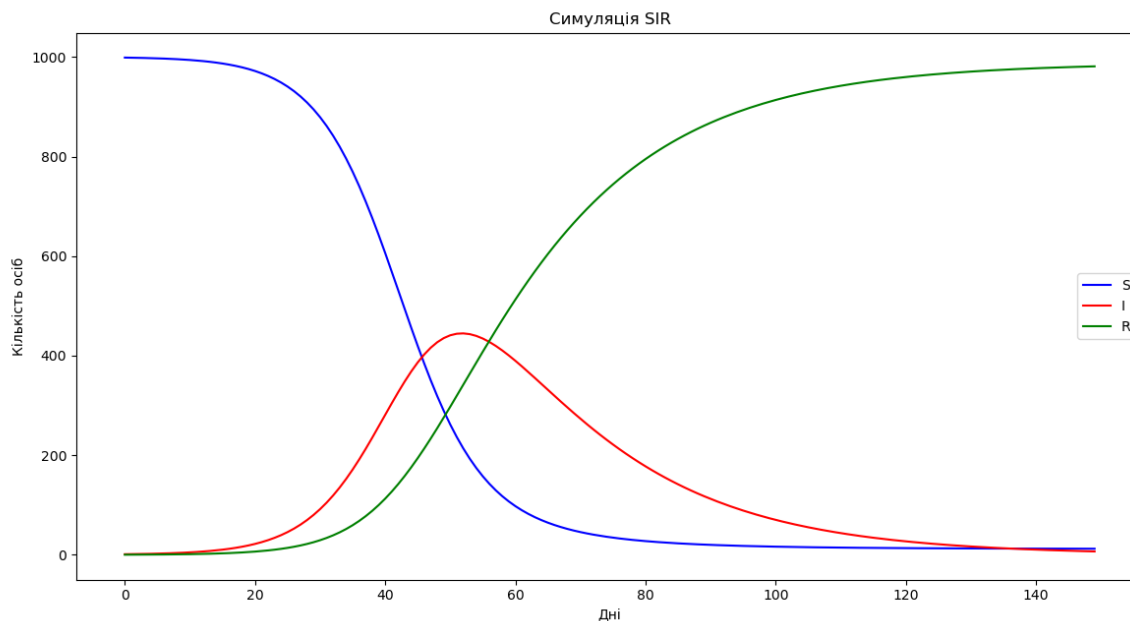


Рисунок 1

Для наочності, на Рисунку 1 показаний графік поведінки моделі протягом 150 днів при заданих початкових параметрах:  $\alpha = 0.218$ ,  $\beta = 0.05$ ,  $N = 1000$ ,  $S(0) =$

999,  $I(0) = 1, R(0) = 0$ . Варто відзначити, що свого піку епідемія досягла на 52 день, і всього 18 осіб за весь час не уникнули інфікування.

## 1.2 Розв'язки SIR моделі

### Точний аналітичний розв'язок

Незважаючи на те, що SIR модель була сформульована ще у 1927 році, донедавна для її розв'язку використовували лише чисельні методи. Проте у 2014 році Т. Харко і його співавтори запропонували перший аналітичний розв'язок [5].

*Диференціюємо рівняння (1) по  $t$ . Отримаємо:*

$$\frac{dI}{dt} = \frac{N}{\alpha} \left[ \frac{S''}{S} - \left( \frac{S'}{S} \right)' \right]$$

*Тепер перетворимо рівняння (2):*

$$\frac{S''}{S} = \left( \frac{S'}{S} \right)^2 - \beta \frac{S'}{S} + \frac{\alpha}{N} S'$$

*Відповідно заберемо також  $I$  з рівняння (3):*

$$\frac{dR}{dt} = -\frac{N\beta}{\alpha} \left( \frac{S'}{S} \right) \quad (4)$$

*(4) є простим диференціальним рівнянням першого порядку, розв'язком якого є:*

$$S = S_0 \exp\left(-\frac{\alpha}{N\beta} R\right)$$

*де  $S_0$  є константою інтегрування. Продеференціювавши це рівняння, отримаємо:*

$$S' = -\frac{S_0 \alpha}{N\beta} R' \exp\left(-\frac{\alpha}{N\beta} R\right)$$

Далі диференціюємо рівняння (4) і замінюємо значення  $S$ :

$$\frac{d^2 R}{d^2 t} = \frac{S_0 \alpha}{N} \frac{dR}{dt} \left( -\frac{\alpha}{N\beta} R \right) - \beta \frac{dR}{dt}$$

Проведемо також наступні заміни:

$$\exp(-\alpha/N\beta R(t)) \equiv u(t)$$

$$u'(t) \left( \beta - \frac{\alpha S_0 u(t)}{N} \right) + u''(t) = \frac{u'(t)^2}{u(t)}$$

$$\varphi(t) = \frac{1}{u'(t)}; \quad \frac{d}{dt} u'(t) = -\frac{\varphi'(u)}{\varphi(u)^3}$$

Отримаємо в результаті диференціальне рівняння Бернуллі:

$$\varphi'(u) = \varphi(u) \left( \varphi(u) \left( \beta - \frac{\alpha S_0 u}{N} \right) - \frac{1}{u} \right)$$

загальним розв'язком якого є:

$$\frac{d}{dt} = \varphi(u) \rightarrow \frac{N}{u(c_1 N - \beta N \log(u) + \alpha S_0 u)}$$

$$t(u) - t_0 = \int_0^u \frac{N}{s(c_1 N - \beta N \log(s) + \alpha S_0 s)} ds$$

З цього розв'язку можна зробити деякі висновки про часову залежність моделі. Та, незважаючи на це, такий розв'язок залишається корисним лише в рамках академічної цікавості, оскільки його складно узагальнити для використання в комп'ютерних обчисленнях.

## Чисельні методи

### Метод диференціального перетворення

Застосовуючи подібні моделі на практиці, набагато зручніше вважати час дискретним, оскільки дані, які використовуються, часто записуються не частіше, ніж раз в день, чи навіть рідше. Враховуючи це, перепишімо рівняння (1)-(3) у дискретному вигляді:

$$S(k+1) = \frac{1}{k+1} \left[ -\frac{\alpha}{N} \sum_{n=0}^k S(k)I(k-n) \right] \quad (5)$$

$$I(k+1) = \frac{1}{k+1} \left[ \frac{\alpha}{N} \sum_{n=0}^k S(k)I(k-n) - \beta I(k) \right] \quad (6)$$

$$R(k+1) = \frac{1}{k+1} [\beta I(k)] \quad (7)$$

Такі рівняння легко можна використати для знаходження результатів, запрограмувавши на комп'ютері.

### Варіаційно-ітераційний метод

Нехай є деяке (нелінійне) просте диференціальне рівняння:

$$x'(t) = f(x, x(t)); \quad x(t_0) = x_0; \quad t_0 < t < t_f$$

Ідея методу полягає в тому, щоб підібрати деяку послідовність функцій  $u_n(t)$  таку, що  $\lim_{n \rightarrow \infty} u_n(t) \equiv x(t)$ . Ця послідовність виглядатиме наступним чином:

$$u_{n+1}(t) = u_n(t) + \int_{t_0}^t \lambda_n(s) (u_n'(s) - f(s, u_n(s))) ds \quad (8)$$

Далі потрібно підібрати  $\lambda(s)$ , що називається множником Лагранжа, таким чином, що  $\lim_{n \rightarrow \infty} u_n(t) \equiv x(t)$  завжди виконуватиметься.

Означимо  $\delta u_n(t) \equiv u_n(t) - x(t)$ . Припускаючи, що  $u_n(t)$  є близьким до  $x(t)$ , значення  $u_{n+1}(t)$  повинне бути ще ближчим. Ігноруючи великі степені  $\delta u_n(t)$ , отримаємо:

$$\delta u_{n+1}(t) \approx (1 + \lambda_n(t))\delta u_n(t) - \int_{t_0}^t (\lambda_n'(s) + f_x(s, x(s))\lambda_n(s))\delta u_n(s)ds$$

Для того, щоб  $u_{n+1}$  було ще ближчим по значенню до  $x(t)$ , достатньо переконатися, що  $\delta u_{n+1}(t) \approx 0$ , що в свою чергу досягається за наступних умов:

$$\begin{aligned} 1 + \lambda_n(t) &= 0 \\ \lambda_n'(s) + f_x(s, x(s))\lambda_n(s) &= 0 \end{aligned}$$

що означає:

$$\lambda_n(s, t) = -\exp\left(\int_x^t f_x(\tau, u_n(\tau))d\tau\right)$$

Зафіксувавши множник Лагранжа, рівняння (8) можна ітерувати до отримання потрібної точності.

До появи сучасних комп'ютерів, аналітичні/напів-аналітичні методи, як цей, були досить корисними. Проте зараз існує безліч набагато кращих варіантів.

Застосувавши варіаційно-ітераційний метод до рівнянь (1)-(3), отримаємо:

$$s_{n+1}(t) = s_n(t) + \int_0^t \lambda_1 \left[ s_n'(w) + \frac{\alpha}{n} x_n(w) y_n(w) \right] dw \quad (9)$$

$$i_{n+1}(t) = i_n(t) + \int_0^t \lambda_2 \left[ i_n'(w) - \frac{\alpha}{n} x_n(w) y_n(w) + \beta y_n(w) \right] dw \quad (10)$$

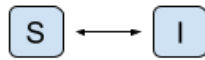
$$r_{n+1}(t) = r_n(t) + \int_0^t \lambda_3 [r_n'(w) - \beta y_n(w)] dw \quad (11)$$

### 1.3 Прості модифікації базової моделі SIR

Модель SIR в оригінальній формі далеко не завжди має практичне застосування, оскільки описує найпростіший теоретичний варіант поширення інфекції, без врахування багатьох чинників та додаткових умов. Для вирішення цієї проблеми, базову модель модифікують в залежності від характеру розгортання епідеміологічної ситуації, враховуючи різні специфічні фактори.

Далі буде розглянуто основні варіанти модифікації моделі SIR, на основі яких і будують складніші варіанти, поведінки яких дозволяють передбачати реальні сценарії поширення хвороби.

#### Модель SIS



Як відомо, існує безліч захворювань, включаючи звичайну застуду, після яких людина не отримує довготривалого імунітету, і можуть захворіти знову. Для моделювання такої поведінки, групу осіб, що одужали ( $R$ ) прибирають з моделі SIR.

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\alpha SI}{N} + \beta I; \quad (12)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\alpha SI}{N} - \beta I \quad (13)$$

Графік, який описує поведінку моделі SIS на протязі 150 днів з параметрами  $\alpha = 0.218, \beta = 0.05, N = 1000, S(0) = 999, I(0) = 1$ , зображено на рисунку 2.

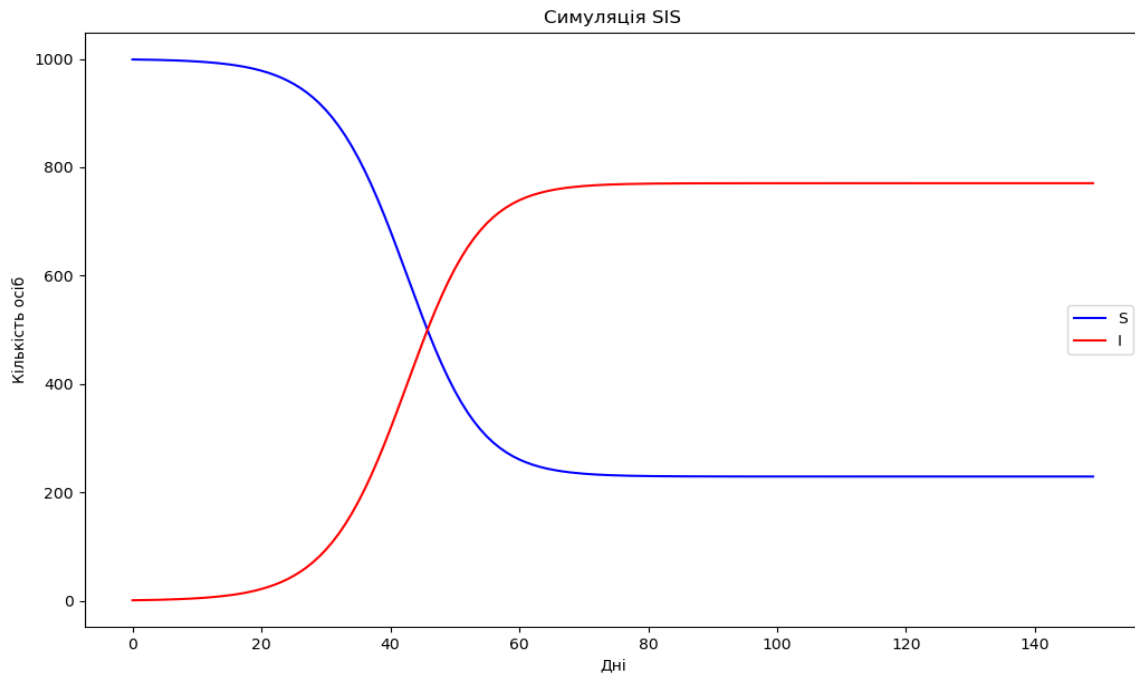
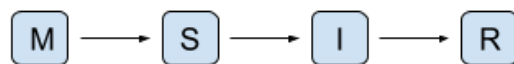


Рисунок 2

З такими параметрами, пік епідемії був досягнутий приблизно на 72 день. Всього було інфіковано 770 осіб і, відповідно, 130 ніколи не захворіли.

### Модель MSIR



Безліч інфекційних захворювань часто не зустрічаються серед малих дітей, що пов'язують з успадкованим імунітетом, завдяки якому антитіла були передані від матері.

Для моделювання цього фактору вводять додаткову групу – Материнський імунітет ( $M$  – maternally-derived immunity). З втратою цього імунітету, особи в групі  $M$  перейдуть в групу  $S$ . Після чого, з часом, деяка частка цих осіб перейде в групу інфікованих.

Проте, очевидно, не всі діти отримують цей імунітет. Для врахування цього, припустимо, що частка  $q$  з усіх народжених дітей успадкувала потрібні антитіла, тоді, відповідно, частина  $1 - q$  народилися сприйнятливими до інфікування.

Диференціальні рівняння, які описують дану модель виглядають наступним чином:

$$\frac{dM}{dt} = q\Omega - \gamma M - \delta M; \quad (14)$$

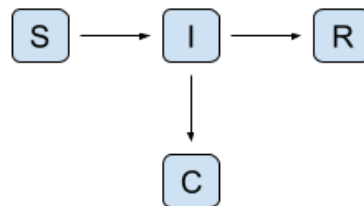
$$\frac{dS}{dt} = (1 - q)\Omega - \frac{\alpha SI}{N} + \gamma M - \delta S; \quad (15)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\alpha SI}{N} - \beta I - \delta I; \quad (16)$$

$$\frac{dR}{dt} = \beta I - \delta R \quad (17)$$

Тут  $\Omega$  – народжуваність,  $\delta$  – смертність, а  $\gamma$  – швидкість втрати імунітету. Оскільки, основною відмінністю цієї моделі є врахування імунітету в народжених дітей, моделювання без врахування життєвих динамік не мало б сенсу. Тому народжуваність була додана в рівнянні (15), а смертність врахована для кожної групи.

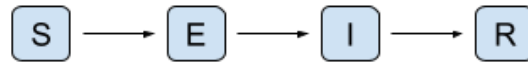
### Стан Носія



У випадках певних інфекцій, таких як туберкульоз, деякі особи можуть ніколи повністю не одужати, тим самим залишаючись носіями. Тобто з часом вони можуть знову захворіти або інфікувати інших сприйнятливих осіб.

Для моделювання такої поведінки вводять групу “Носії” ( $C$  - carriers).

## Модель SEIR



У багатьох інфекційних захворювань є так званий інкубаційний період, після інфікування, під час якого відсутні симптоми і можливість інфікувати інших. Для врахування цього вводять проміжну групу осіб ( $E$  - exposed).

Якщо середній інкубаційний період вважати  $\frac{1}{\mu}$ , то диференціальні рівняння для опису моделі виглядатимуть так:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\alpha SI}{N}; \quad (18)$$

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\alpha SI}{N} - \mu E; \quad (19)$$

$$\frac{dI}{dt} = \mu E - \beta I; \quad (20)$$

$$\frac{dR}{dt} = \beta I \quad (21)$$

## Модель SEIS



Деякі інфекції мають характеристики поширення, спільні для обох SIS і SEIR моделей. Тобто є присутня проміжна група ( $E$ ), а отримання довготривалого імунітету не відбувається. Рівняння, які її описують, виглядають наступним чином:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\alpha SI}{N} + \beta I; \quad (22)$$

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\alpha SI}{N} - \mu E; \quad (23)$$

$$\frac{dI}{dt} = \mu E - \beta I \quad (24)$$

## 1.4 Практична епідеміологічна модель

Далі буде розглянута модель, яка симулює реальну поведінку поширення COVID-19 на території Індії протягом квітня 2020 року.

Моделі подібного рівня складності використовуються для симуляції розгортання подій для оцінки можливих наслідків, розробки стратегії протидії та мінімізації жертв. Також, як показує практика, сценарій розвитку епідемії постійно змінюється, і врахувати всі можливі варіанти розгортання подій неможливо, тому для відповідності, моделі часто модифікують з отриманням нових даних, а прогнозувати намагаються тільки невеликі проміжки часу – від тижня до кількох місяців. Саме тому результат симуляції цієї моделі відповідає реальному перебігу подій тільки під час одного конкретного місяця.

В рамках ж цієї роботи, оскільки ми не маємо на меті передбачити реальну епідеміологічну ситуацію, ця модель не буде використовуватися в її оригінальному поданні, а з деякими спрощеннями та модифікаціями, для кращого розуміння основних її принципів і ідей, перед подальшим ускладненням міжрегіональною міграцією.

## Опис моделі

На рисунку 3 зображено схематичний вигляд моделі, яку надалі ми розглядатимемо.

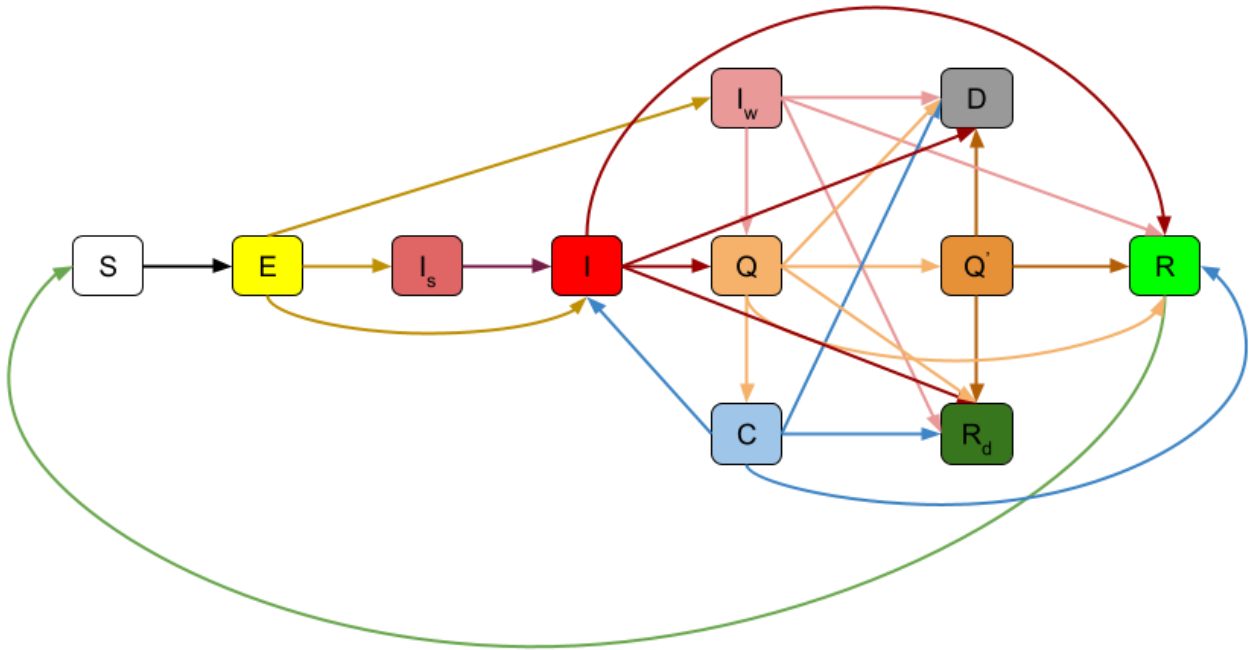


Рисунок 3

Як бачимо, в ній населення поділене на 11 груп/станів, кожен з яких, ми надалі опишемо.

- Сприйнятливі ( $S$ ): включає всіх тих осіб, які на даний момент не є інфікованими, але можуть так чи інакше контактувати з людьми, які захворіли.
- “Не заразні інфіковані” ( $E$ ): включає всіх осіб, які піддалися зараженню, але ще не мають симптомів і не здатні передати інфекцію іншим.
- Інфіковані, які ігнорують симптоми ( $I_s$ ): включає осіб, у яких проявилися симптоми хвороби, але вони їх ігнорують і поки не звертаються в медичні установи. Проте, як тільки їхній стан погіршиться, вони все ж звернуться по допомогу, після чого їх ізолюють, помістивши у карантинні умови.

- Інфіковані ( $I$ ): включає всіх осіб, які є інфіковані і найближчим часом звернуться по допомогу (будуть поміщені карантин). Також з деякою ймовірністю, хвороба у них може пройти досить легко, через що вони можуть одужати, уникнувши карантину, або навпаки ускладнення можуть призвести до смерті.
- Безсимптомні інфіковані ( $I_w$ ): включає осіб, які є інфіковані, але не мають симптомів, через що не звертаються в медичні установи і не ізолюють себе. Проте вони будуть відразу поміщені в карантин, як тільки тестування покаже позитивний результат, якщо до цього часу вони не одужають чи стануть жертвою епідемії.
- В карантині ( $Q$ ): включає всіх осіб, які знаходяться на карантині вдома, чи у медичній установі. З деякою ймовірністю можуть одужати, померти чи, при погіршенні стану, бути переведені у відділ інтенсивної терапії.
- У відділенні інтенсивної терапії ( $Q'$ ): включає осіб, які були поміщені під нагляд лікарів, після погіршення стану в карантині. Можуть в результаті одужати або померти.
- Носії ( $C$ ): включає всіх осіб, які “одужали”, покинувши карантин, після того як отримали негативний результат при тестуванні, але, насправді, повністю не одужали. Тобто, вони можуть інфікувати сприйнятливих осіб, не усвідомлюючи того. З часом носії інфекції можуть повністю одужати, знову захворіти, чи померти.
- Одужалі ( $R$ ): включає осіб, які одужали і не можуть більше нікого інфікувати. Але з деякою малою ймовірністю через певний період часу, вони можуть втратити набутий імунітет, через що стануть сприйнятливими до інфікування.
- Одужалі іммобілізовані ( $R_d$ ): включає осіб, які одужали і не можуть більше нікого інфікувати, проте з певних причин, вони більше не взаємодіють з іншими людьми. Відповідно у них не має жодних шансів знову захворіти.
- Померлі ( $D$ ): включає всіх осіб, які стали жертвами епідемії.

## Диференційні рівняння і параметри

Диференційні рівняння, які описують дану модель, а також основні параметри виглядають наступним чином:

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha \frac{S(I + I_s + I_w + C)}{N} + gR \quad (25)$$

де  $\alpha$  – коефіцієнт поширення хвороби, а  $g$  – коефіцієнт втрати імунітету у видужалих осіб.

$$\frac{dE}{dt} = \alpha \frac{S(I + I_s + I_w + C)}{N} - \mu E \quad (26)$$

$\mu$  – коефіцієнт переходу з групи ( $E$ ) в один з інфікованих станів.

$$\frac{dI_s}{dt} = r(1 - s)\mu E - hI_s \quad (27)$$

$r$  – значення, яке визначає яка частка осіб при переході з групи ( $E$ ) стане інфікованими з симптомами, а не безсимптомними;  $s$  – частка інфікованих осіб з симптомами, які не ігнорують їх;  $h$  – коефіцієнт погіршення стану осіб, які ігнорують хворобу – перехід до групи ( $I$ ).

$$\frac{dI}{dt} = rs\mu E - \varepsilon I + fC - \xi_1 I - \eta_1 I - \beta_5 I + hI_s \quad (28)$$

$\varepsilon$  – частка інфікованих, яка буде переведена в карантин;  $f$  – частка носіїв, які знову захворіли;  $\xi_1$  – смертність інфікованих;  $\beta_5$  – коефіцієнт одужання;  $\eta_1$  – коефіцієнт одужання інфікованих з наступною іммобілізацією.

$$\frac{dI_w}{dt} = (1 - r)\mu E - \xi_3 I_w - \eta_3 I_w - \beta_3 I_w - \lambda I_w \quad (29)$$

$\xi_3$  – смертність безсимптомних інфікованих;  $\beta_3$ ,  $\eta_3$  – коефіцієнти одужання;  $\lambda$  – частка виявлення інфікованих для подальшого поміщення в карантин, серед осіб без симптомів.

$$\frac{dQ}{dt} = \varepsilon I - \beta_1 Q - \nu Q - \rho Q - \xi_2 Q - \eta_2 Q + \lambda I_w \quad (30)$$

$\nu$  – частка осіб в карантині, які повністю не одужали, але покинули ізоляцію (стали носіями);  $\rho$  – коефіцієнт погіршення стану (переходу на інтенсивну терапію);  $\xi_2$  – смертність;  $\beta_1$  і  $\eta_2$  – коефіцієнти одужання.

$$\frac{dQ'}{dt} = \rho Q - \beta_4 Q' - \xi_5 Q' - \eta_5 Q' \quad (31)$$

$\xi_5$  – смертність;  $\beta_4$  і  $\eta_5$  – одужання.

$$\frac{dC}{dt} = \nu Q - fC - \beta_2 C - \xi_4 C - \eta_4 C \quad (32)$$

$\xi_4$  – смертність;  $\beta_2$  і  $\eta_4$  – одужання.

$$\frac{dR}{dt} = \beta_1 Q + \beta_2 C + \beta_3 I_w + \beta_4 Q' + \beta_5 I - gR \quad (33)$$

$$\frac{dR_d}{dt} = \eta_1 I + \eta_2 Q + \eta_3 I_w + \eta_4 C + \eta_5 Q' \quad (34)$$

$$\frac{dD}{dt} = \xi_1 I + \xi_2 Q + \xi_3 I_w + \xi_4 C + \xi_5 Q' \quad (35)$$

Параметр	Значення	Параметр	Значення
$N$	1.400.000.000	$f$	0.2
$\beta_1$	0.5	$\alpha$	0.53
$\beta_2$	0.1458	$h$	0.6
$\beta_3$	0.1458	$\eta_1$	0.1
$\beta_4$	0.05	$\eta_2$	0.1
$\beta_5$	0.09	$\eta_3$	0.05
$\mu$	0.5	$\eta_4$	0.01
$\nu$	0.05	$\eta_5$	0.1
$\varepsilon$	0.5	$\xi_1$	0.25
$r$	0.3	$\xi_2$	0.2
$g$	0.0001	$\xi_3$	0.1
$\rho$	0.01	$\xi_4$	0.05
$\lambda$	0.025	$\xi_5$	0.2
$s$	0.5		

Параметри були підібрані, в основному, спираючись на наукову роботу INDSCI-SIM [2], в якій моделювалось поширення COVID-19.

### Приклади симуляцій

Для симуляції типової пандемії будемо використовувати модель з дискретним часом. Щоб перетворити раніше описані диференціальні рівняння в ітеративні, скористаємося означенням похідної:

$$\frac{dX_i}{dt} = \frac{\Delta X}{\Delta t} = \frac{X^{(n-1)} - X^{(n)}}{1},$$

де  $n \in (0, \infty)$  – час. Тобто:

$$X^{(n+1)} = \Delta X + X^{(n)}$$

### Приклад 1

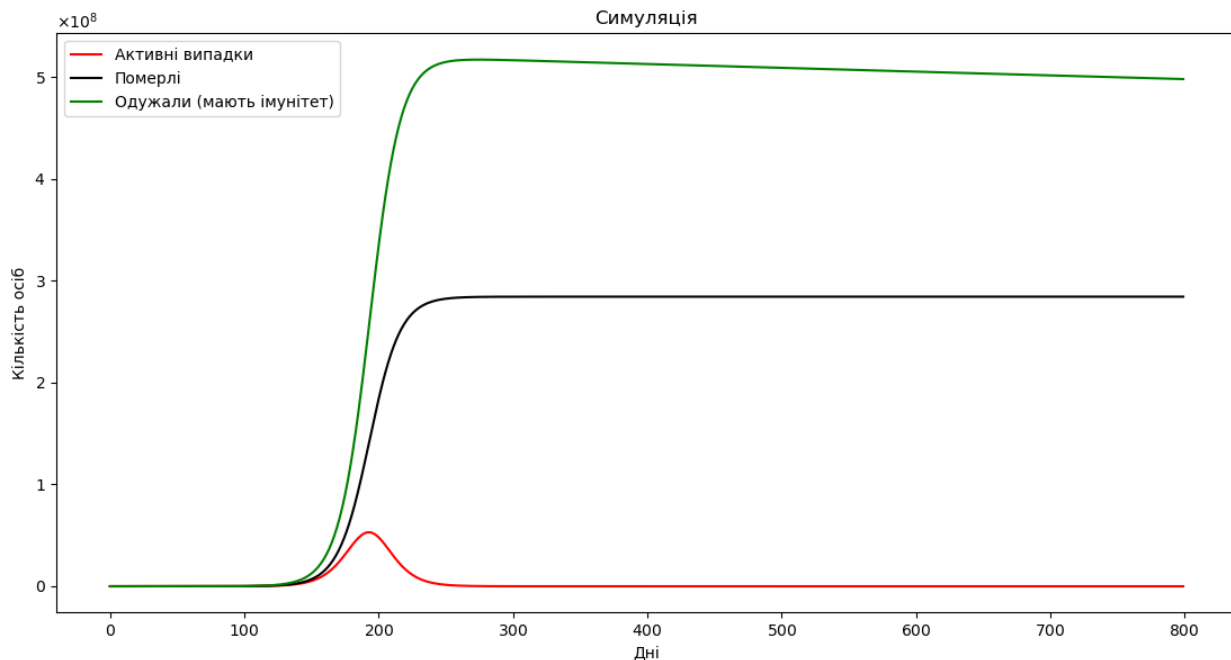


Рисунок 4

На рисунку 4 показано розв'язок раніше описаних рівнянь, з вказаними параметрами, а також початковими умовами:  $E(0) = 25$ ;  $I_s(0) = 2$ ;  $I_w(0) = 2$ ;  $I(0) = 0$ ;  $Q(0) = 2$ ;  $S(0) = 1399999969$ , решта дорівнюють 0.

В такій конфігурації епідемія охопила практично 801,5 мільйони осіб з 1.4 мільярда, що є 57,3% від всього населення. Жертвами хвороби стали близько 284.4 мільйони (20.3%), а одужали і отримали імунітет (включно з іммобілізованими) більше 517 мільйонів (37% від всієї чисельності). Також, як видно на графіку, після піку епідемії, кількість осіб з імунітетом повільно зменшується, відповідно до моделі. Кількість активних випадків ( $I_s + I_w + I + C + Q + Q'$ ) була найбільшою на 193 день і становила близько 53 мільйони, що відповідає 3.8%. Середня ж смертність у інфікованих – 35.5%.

### Приклад 2

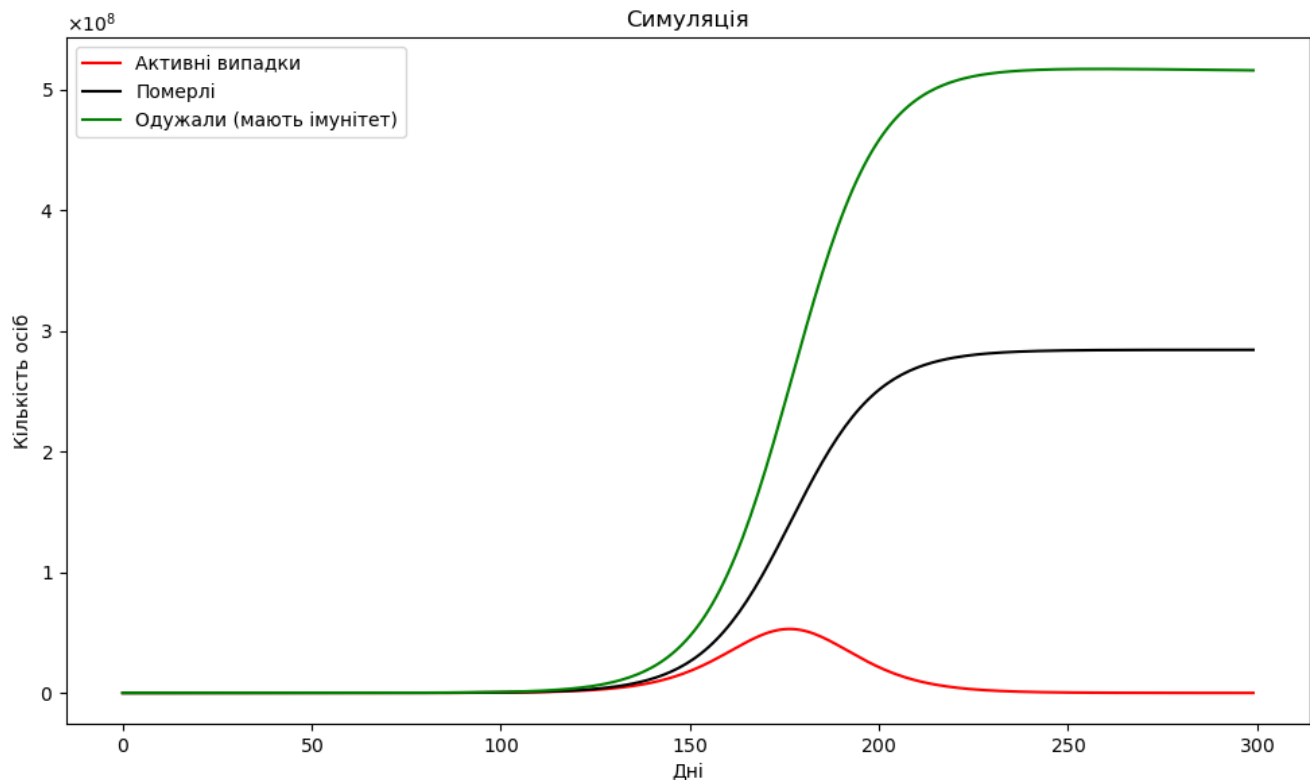


Рисунок 5

На рисунку 5 зображено поведінку моделі з аналогічними початковими даними, що і у Прикладі 1, проте збільшеною у 4 рази початковою кількістю активних випадків:  $E(0) = 100$ ;  $I_s(0) = 8$ ;  $I_w(0) = 8$ ;  $Q(0) = 8$ ;  $S(0) = 1399999876$ . В результаті, якщо опустити мінімальні розбіжності, в отриманих кількостях активних

випадків, смертей і одужалих, єдиною суттєвою відмінністю залишиться настання піку епідемії в 176 день (на 17 днів раніше).

### Приклад 3

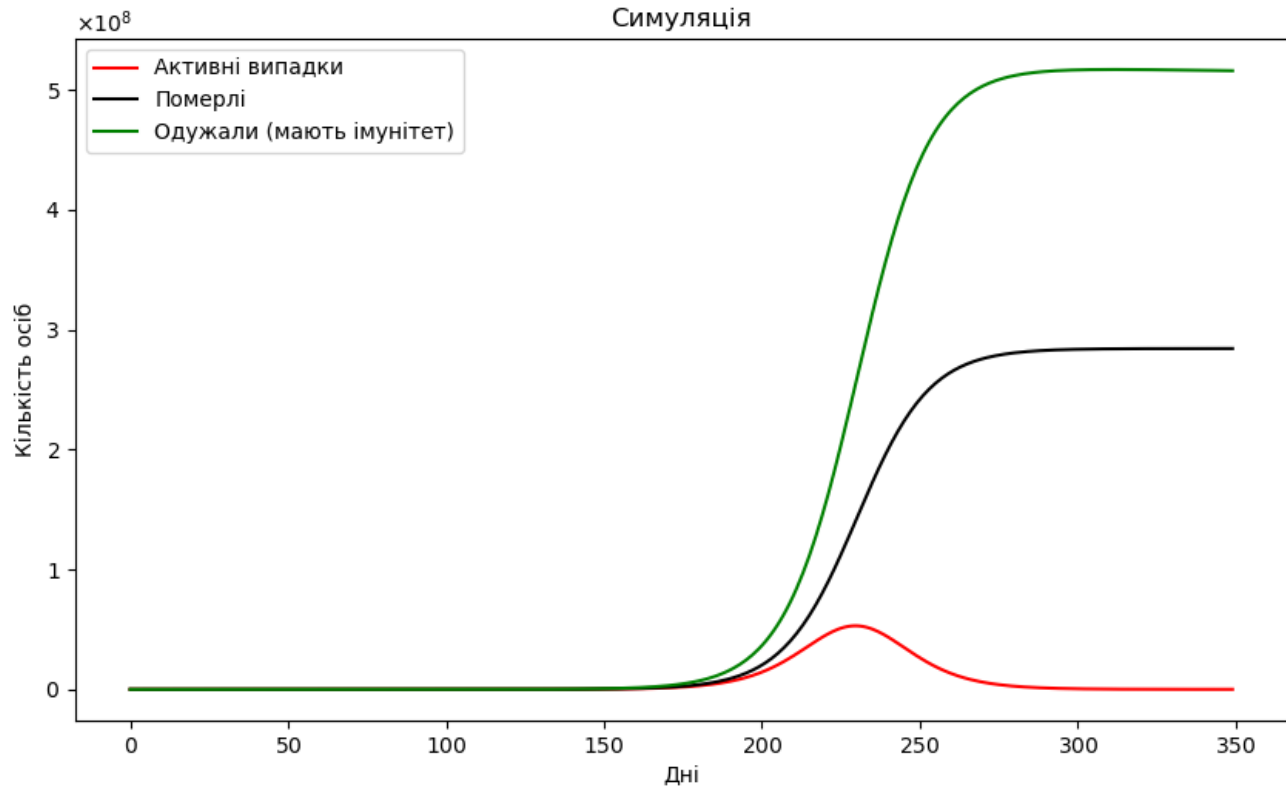


Рисунок 6

На рисунку 6 показана поведінка моделі при єдиному інфікованому на момент початку відліку:  $I_w(0) = 1$ . І знову ж таки, як і в Прикладі 2, єдиною суттєвою відмінністю тут виявився зміщений пік епідемії, проте в протилежну сторону (на 230 день).

З отриманих результатів можна зробити висновок, що епідемія, симульована за допомогою такої моделі практично не залежить від початкових кількостей інфікованих осіб, а єдиним, на що вони впливають, є час настання піку кількості активних випадків захворювання. Суттєвіший вплив на поведінку поширення хвороби мають, відповідно, інші параметри в більшій чи меншій мірі.

## РОЗДІЛ 2: МОДЕЛЬ КОНФЛІКТНОЇ ВЗАЄМОДІЇ МІЖ СКЛАДНИМИ СИСТЕМАМИ

### 2.1 Визначення конфлікту

Під конфліктом будемо розуміти фізичну систему, що складається з кількох субстанцій (опонентів)  $X_1, \dots, X_k$ , і певного поля  $\Omega$ , в якому вони існують. Ми розглядатимемо один з найпростіших варіантів складної системи, в якому це поле є розділеним на скінченну кількість окремих регіонів  $\Omega_i$ :  $\Omega = \bigcup_{i=1}^n \Omega_i$ ,  $n < \infty$ . Кожна субстанція в конкретний момент часу є представлена деякою кількісною характеристикою в тому чи іншому регіоні, що робить цю систему складною. Це означає, що  $X_1, \dots, X_k$  можна описати векторами з невід'ємними координатами:

$$X_1 = (X_{11}, X_{12}, \dots, X_{1n}); X_2 = (X_{21}, X_{22}, \dots, X_{2n}); \dots; X_k = (X_{k1}, X_{k2}, \dots, X_{kn})$$

$$X_{1i}, \dots, X_{ki} \geq 0, \quad i = 1, \dots, n$$

$$X_1 = X_{11} + X_{12} + \dots + X_{1n};$$

$$X_2 = X_{21} + X_{22} + \dots + X_{2n}$$

...

$$X_k = X_{k1} + X_{k2} + \dots + X_{kn}$$

Їхні початкові значення описують стартові позиції опонентів і можуть бути як нульовими, так і не нульовими. При цьому числа  $X_{1i}, \dots, X_{ki}$  дають кількісну характеристику відповідних субстанцій в  $\Omega_i$  в будь-який момент часу.

Зміна векторів  $X_1, \dots, X_k$ , зумовлена конфліктною взаємодією, породжує деяку динамічну систему в дискретному часі:

$$\{X_1^N, \dots, X_k^N\} \xrightarrow{*} \{X_1^{N+1}, \dots, X_k^{N+1}\}, \quad N = 0, 1, \dots, \quad (36)$$

де  $X_1^0, \dots, X_k^0$  характеризують субстанції в початковий момент часу.

Відображення  $*$  позначає ітеративний закон цієї конфліктної взаємодії між субстанціями, який в загальному випадку є невідомим. Тут ми його визначимо згідно з нашим інтуїтивним розумінням фізичного сенсу субстанцій в рамках нашої задачі і відповідно до умов, які досліджувана модель накладає.

## 2.2 Закон конфліктної взаємодії між субстанціями

Нагадаю що основною метою цієї роботи є дослідження впливу внутрішнього конфлікту на раніше описану епідеміологічну модель, під яким ми розуміємо деяку міжрегіональну взаємодію – міграцію, аналогічно до проведеної роботи над моделлю Лотки-Вольтера з циклічною міграцією [4].

Для попереднього опису принципу міграції, який і буде законом взаємодії між субстанціями (в рамках цієї задачі), ми використаємо модель конфліктної взаємодії в системі з дискретним часом між двома незнищеними суперниками [3]. Особливо нас цікавить правило перерозподілу значень, описане формулою нелінійної і не-комутативної конфліктної взаємодії між двома векторами, яку ми пізніше модифікуємо для більшої кількості суперників.

$$p_i^{(n+1)} = \frac{p_i^{(n)} (1 + \gamma r_i^{(n)})}{Z_p^n} \quad (37), \quad n = 0, 1, 2, \dots; \quad i \in \mathbb{N}_+$$

де  $Z_p^n$  – нормуючий знаменник.

Ця формула описує зміну кількісних значень субстанції  $p$  в регіонах під впливом субстанції  $r$  з певним коефіцієнтом в полі інтересів (загальна кількість субстанції не змінюється). Результат такої взаємодії залежить від розподілів субстанцій і коефіцієнту їхньої взаємодії. В рамках незнищенності опонентів ця взаємодія зводиться до переміщення (відтоку) субстанцій з одного регіону в інший. Величина цього відтоку залежить від значення коефіцієнту інтенсивності  $\gamma \in [0, 1]$ , а його знак вказує на напрямок переміщення відносно величини іншої субстанції в регіонах. Ці коефіцієнти не обов'язково мають бути рівними при взаємодії  $p$  з  $r$  і  $r$  з  $p$ , оскільки описують незалежні відтоки. Тобто перша субстанція може взаємодіяти з іншою більше, ніж друга з першою, що робить це правило більш універсальним. При додатному коефіцієнті інтенсивності під час взаємодії субстанцій  $p$  з  $r$  (що і описує формула (37)) деяка частина субстанції  $p$  у всіх регіонах перетече туди, де є більше субстанції  $r$  і навпаки. Наприклад, у випадку двох регіонів, в регіоні з більшою кількістю  $r$ , збільшиться кількість  $p$ , а в другому, де її менше – на ту ж кількість зменшиться. При більшому числі регіонів перерозподіл хоч і відбувається менш очевидно, але ідея принципу зберігається.

Також варто відзначити, що в результаті таких взаємодій в кожен момент часу може змінюватися загальна величина кожного регіону  $\Omega_i =$  субстанція  $r$  + субстанція  $p$  + вільні позиції, але не  $\Omega$ .

У формулі (37) для обчислень використовуються нормовані (стохастичні) вектори. А оскільки ми використовуємо натуральні числа для опису кількості субстанції, то перед і після проведення обрахунків потрібні вектори треба нормувати і денормувати відповідно:

$$\tilde{p}_i = \frac{p_i}{z}, z = \sum_{i=1}^I p_i \quad (38), \quad p_i = \tilde{p}_i z \quad (39),$$

де  $I$  – кількість регіонів,  $p_i$  – абсолютна кількість субстанції  $p$  в  $i$ -ому регіоні, а  $\tilde{p}$  – нормований вектор.

Якщо ж нас цікавить конфліктна взаємодія між суперниками, кількість яких є більшою, ніж два, то правило перерозподілу значень виглядатиме наступним чином:

$$X_{1,i}^{(n+1)} = \frac{X_{1,i}^{(n)} \left( 1 + \gamma_1 X_{2,i}^{(n)} + \gamma_2 X_{3,i}^{(n)} + \dots + \gamma_{k-1} X_{k,i}^{(n)} \right)}{Z_{X_1}^n} \quad (40)$$

$$|\gamma_1| + |\gamma_2| + \dots + |\gamma_{k-1}| \leq 1$$

Для пошуку знаменника використаємо умову нормованості результуючого вектора, тобто:

$$X_{1,1}^{(n+1)} + X_{1,2}^{(n+1)} + \dots + X_{1,I}^{(n+1)} = 1 \quad (41)$$

Далі розпишемо кожен доданок по формулі (40) і виведемо значення знаменника.

$$\begin{aligned} & \frac{X_{1,1}^{(n)} \left( 1 + \gamma_1 X_{2,1}^{(n)} + \gamma_2 X_{3,1}^{(n)} + \dots + \gamma_{k-1} X_{k,1}^{(n)} \right)}{Z_{X_1}^n} \\ & + \frac{X_{1,2}^{(n)} \left( 1 + \gamma_1 X_{2,2}^{(n)} + \gamma_2 X_{3,2}^{(n)} + \dots + \gamma_{k-1} X_{k,2}^{(n)} \right)}{Z_{X_1}^n} + \dots \\ & + \frac{X_{1,I}^{(n)} \left( 1 + \gamma_1 X_{2,I}^{(n)} + \gamma_2 X_{3,I}^{(n)} + \dots + \gamma_{k-1} X_{k,I}^{(n)} \right)}{Z_{X_1}^n} \\ & = \frac{X_{1,1}^{(n)} + \gamma_1 X_{2,1}^{(n)} X_{1,1}^{(n)} + \gamma_2 X_{3,1}^{(n)} X_{1,1}^{(n)} + \dots + \gamma_{k-1} X_{k,1}^{(n)} X_{1,1}^{(n)}}{Z_{X_1}^n} + \dots \\ & + \frac{X_{1,I}^{(n)} + \gamma_1 X_{2,I}^{(n)} X_{1,I}^{(n)} + \gamma_2 X_{3,I}^{(n)} X_{1,I}^{(n)} + \dots + \gamma_{k-1} X_{k,I}^{(n)} X_{1,I}^{(n)}}{Z_{X_1}^n} = 1 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
Z_{X_1}^n &= X_{1,i}^{(n)} + \dots + X_{1,I}^{(n)} + \gamma_1 \left( X_{2,1}^{(n)} X_{1,1}^{(n)} + \dots + X_{2,I}^{(n)} X_{1,I}^{(n)} \right) + \dots \\
&\quad + \gamma_{k-1} \left( X_{k,1}^{(n)} X_{1,1}^{(n)} + \dots + X_{k,I}^{(n)} X_{1,I}^{(n)} \right) \\
&= 1 + \gamma_1 \sum_{i=1}^I X_{1,i}^{(n)} X_{2,i}^{(n)} + \dots + \gamma_{k-1} \sum_{i=1}^I X_{1,i}^{(n)} X_{k,i}^{(n)}
\end{aligned}$$

Отримали, правило взаємодії суперника  $X_1$  з суперниками  $X_2, X_3, \dots, X_k$ , та коефіцієнтами взаємодії  $\gamma_1, \gamma_2, \dots, \gamma_{k-1}$ :

$$X_{1,i}^{(n+1)} = \frac{X_{1,i}^{(n)} \left( 1 + \gamma_1 X_{2,i}^{(n)} + \gamma_2 X_{3,i}^{(n)} + \dots + \gamma_{k-1} X_{k,i}^{(n)} \right)}{1 + \gamma_1 \sum_{i=1}^I X_{1,i}^{(n)} X_{2,i}^{(n)} + \dots + \gamma_{k-1} \sum_{i=1}^I X_{1,i}^{(n)} X_{k,i}^{(n)}}, n = 0, 1, 2, \dots; i \in \mathbb{N}_+ \quad (41)$$

## 2.3 Принципи внутрішнього конфлікту в епідеміологічній моделі

Оскільки предметом нашого дослідження все ще залишається раніше описана епідеміологічна модель в рамках деякої спільноти, то ми змушені накладати ряд інтуїтивних умовностей, щоб зберегти можливість подальшого ускладнення моделі задля практичного застосування. Як було сказано раніше, під конфліктом ми розуміємо деяку міжрегіональну міграцію. Тому для початку потрібно визначити які групи населення здатні переміщатися.

Відповідно до характеристик цих груп, описаних в пункті 1.4, до потенційних суперників можна віднести: сприйнятливих ( $S$ ), не заразних інфікованих ( $E$ ), інфікованих ( $I$ ), інфікованих, які ігнорують симптоми ( $I_S$ ), безсимптомних інфікованих ( $I_w$ ), носіїв ( $C$ ) і одужалих ( $R$ ). Далі, «розмістимо» все населення на деякій території і розділимо її на регіони. Це, окрім задоволення необхідних умов для інтеграції

конфлікту в модель, наближає задачу до реальних практичних умов. Кожна людина, незалежно від регіону, відповідно до припущень зроблених в розділі 1, може належати до однієї з одинадцяти груп. Сама конфліктна взаємодія відбуватиметься в кожен момент дискретного часу. Взаємодіяти між собою будуть представники груп здатних до переміщення. Проте, впливати на їхню міграцію можуть також й іммобілізовані.

Для початку, було вирішено об'єднати деякі групи в сукупності за характером поведінки, оскільки, на нашу думку, було б не зовсім коректним вважати осіб з кожної з них повністю незалежними і унікальними в своїх намірах, враховуючи той факт, що представникам можуть бути властиві приховані ознаки інфікування. Члени таких сукупностей, відповідно, взаємодіятимуть під впливом спільних для кожного з них коефіцієнтів та/або гратимуть роль окремої субстанції, яка зможе впливати на перерозподіл (міграцію) інших. Завдяки імплементації такого принципу, міграція буде більш наближеною до реальної.

Сукупність “не хочуть захворіти”, відповідно до назви, включає всіх тих хто вважає себе здоровим і остерігається інфікування, а саме сприйнятливих ( $S$ ), не заразних інфікованих ( $E$ ) та безсимптомних інфікованих ( $I_w$ ) – ( $S + E + I_w$ ).

Сукупність “одужали” включає одужалих ( $R$ ), іммобілізованих одужалих ( $R_d$ ), та носіїв ( $C$ ) - ( $C + R + R_d$ ). Останні були додані, через те, що відповідно до моделі, про можливість поширювати інфекцію вони не знають через негативний тест і відсутність симптомів, що робить їхню поведінку аналогічною до осіб з імунітетом, отриманим в результаті повноцінного видужання. А для того щоб врахувати відсутність здатності до переміщення у іммобілізованих, але все ж дати можливість для міграції решті одужалих, виділимо також підсукупність ( $C + R$ ).

Осіб в карантині ( $Q$ ) і у відділені інтенсивної терапії ( $Q'$ ) віднесемо до ( $Q + Q'$ ), оскільки відмінності між цими групами є несуттєві.



Напрямок кожної стрілки вказує на групу або сукупність, під впливом якої відбувається міграція учасника з вихідної її сторони. Двостороння пунктирна стрілка означає взаємний вплив на перерозподіл під час конфліктної взаємодії кожної з сторін. Тобто під час такої конфліктної взаємодії, для прикладу, сукупність “не хочуть захворіти” мігрує під впливом сукупностей “одужали” і “в карантині”, а також груп інфікованих та померлих.

## 2.4 Алгоритм роботи програми

Стан всієї системи фіксуватимемо моментом часу та дванадцятьма векторами - по одному у відповідності для кожної групи, а також вектором загальної кількості осіб в регіоні, оскільки значення останніх може змінюватися в результаті міграцій.

Загальний алгоритм роботи програми під час одного обходу в циклі буде таким:

Перш за все проводимо перерахунок векторів в рамках кожного регіону за формулами з розділу 1 в дискретному вигляді:

$$S_i^{(n')} = -\alpha \frac{S_i^{(n)} (I_i^{(n)} + I_{s,i}^{(n)} + I_{w,i}^{(n)} + C_i^{(n)})}{N_i^{(n)}} + gR_i^{(n)} + S_i^{(n)} \quad (42)$$

$$E_i^{(n')} = \alpha \frac{S_i^{(n)} (I_i^{(n)} + I_{s,i}^{(n)} + I_{w,i}^{(n)} + C_i^{(n)})}{N_i^{(n)}} - \mu E_i^{(n)} + E_i^{(n)} \quad (43)$$

$$I_{s,i}^{(n')} = r(1 - s)\mu E_i^{(n)} - hI_{s,i}^{(n)} + I_{s,i}^{(n)} \quad (44)$$

$$I_i^{(n')} = rs\mu E_i^{(n)} - \varepsilon I_i^{(n)} + fC_i^{(n)} - \xi_1 I_i^{(n)} - \eta_1 I_i^{(n)} - \beta_5 I_i^{(n)} + hI_{s,i}^{(n)} + I_i^{(n)} \quad (45)$$

$$I_{w,i}^{(n')} = (1 - r)\mu E_i^{(n)} - \xi_3 I_{w,i}^{(n)} - \eta_3 I_{w,i}^{(n)} - \beta_3 I_{w,i}^{(n)} - \lambda I_{w,i}^{(n)} + I_{w,i}^{(n)} \quad (46)$$

$$Q_i^{(n+1)} = \varepsilon I_i^{(n)} - \beta_1 Q_i^{(n)} - \nu Q_i^{(n)} - \rho Q_i^{(n)} - \xi_2 Q_i^{(n)} - \eta_2 Q_i^{(n)} + \lambda I_{w,i}^{(n)} + Q_i^{(n)} \quad (47)$$

$$Q_i'^{(n+1)} = \rho Q_i^{(n)} - \beta_4 Q_i'^{(n)} - \xi_5 Q_i'^{(n)} - \eta_5 Q_i'^{(n)} + Q_i'^{(n)} \quad (48)$$

$$C_i^{(n')} = \nu Q_i^{(n)} - f C_i^{(n)} - \beta_2 C_i^{(n)} - \xi_4 C_i^{(n)} - \eta_4 C_i^{(n)} + C_i^{(n)} \quad (49)$$

$$R_i^{(n')} = \beta_1 Q_i^{(n)} + \beta_2 C_i^{(n)} + \beta_3 I_{w,i}^{(n)} + \beta_4 Q_i'^{(n)} + \beta_5 I_i^{(n)} - g R_i^{(n)} + R_i^{(n)} \quad (50)$$

$$R_{d,i}^{(n+1)} = \eta_1 I_i^{(n)} + \eta_2 Q_i^{(n)} + \eta_3 I_{w,i}^{(n)} + \eta_4 C_i^{(n)} + \eta_5 Q_i'^{(n)} + R_{d,i}^{(n)} \quad (51)$$

$$D_i^{(n+1)} = \xi_1 I_i^{(n)} + \xi_2 Q_i^{(n)} + \xi_3 I_{w,i}^{(n)} + \xi_4 C_i^{(n)} + \xi_5 Q_i'^{(n)} + D_i^{(n)} \quad (52)$$

де під  $n'$  розумітимемо проміжний момент еволюційних циклів.

Далі проведемо взаємодію між учасниками конфлікту. Для цього попередньо сформуємо вектори сукупностей:  $SEI^{(n')} = S^{(n')} + E^{(n')} + I_w^{(n')}$ ,  $CR^{(n')} = C^{(n')} + R^{(n')}$ ,  $CRR^{(n+1)} = C^{(n')} + R^{(n')} + R_d^{(n+1)}$ ,  $QQ^{(n+1)} = Q^{(n+1)} + Q'^{(n+1)}$  (додавання по координатне). Перед виконанням обчислень всі вектори нормуються, а самі обчислення виконуються за наступними формулами:

$$\bullet S_i^{(n+1)} = \frac{S_i^{(n')} (1 + a_1 CRR_i^{(n+1)} + a_2 I_i^{(n')} + a_3 D_i^{(n+1)} + a_4 QQ_i^{(n+1)})}{Z_S^n},$$

$$Z_S^n = 1 + a_1 \sum_{i=1}^I S_i^{(n')} CRR_i^{(n+1)} + a_2 \sum_{i=1}^I S_i^{(n')} I_i^{(n')} + a_3 \sum_{i=1}^I S_i^{(n')} D_i^{(n+1)} + a_4 \sum_{i=1}^I S_i^{(n')} QQ_i^{(n+1)};$$

$$\bullet E_i^{(n+1)} = \frac{E_i^{(n')} (1 + a_1 CRR_i^{(n+1)} + a_2 I_i^{(n')} + a_3 D_i^{(n+1)} + a_4 QQ_i^{(n+1)})}{Z_E^n},$$

$$Z_E^n = 1 + a_1 \sum_{i=1}^I E_i^{(n')} CRR_i^{(n+1)} + a_2 \sum_{i=1}^I E_i^{(n')} I_i^{(n')} + a_3 \sum_{i=1}^I E_i^{(n')} D_i^{(n+1)} \\ + a_4 \sum_{i=1}^I E_i^{(n')} QQ_i^{(n+1)} ;$$

$$\bullet I_{w,i}^{(n+1)} = \frac{I_{w,i}^{(n')} (1 + a_1 CRR_i^{(n+1)} + a_2 I_i^{(n')} + a_3 D_i^{(n+1)} + a_4 QQ_i^{(n+1)})}{Z_{I_w}^n},$$

$$Z_{I_w}^n = 1 + a_1 \sum_{i=1}^I I_{w,i}^{(n')} CRR_i^{(n+1)} + a_2 \sum_{i=1}^I I_{w,i}^{(n')} I_i^{(n')} + a_3 \sum_{i=1}^I I_{w,i}^{(n')} D_i^{(n+1)} + a_4 \sum_{i=1}^I I_{w,i}^{(n')} QQ_i^{(n+1)} ;$$

$$\bullet I_{s,i}^{(n+1)} = \frac{I_{s,i}^{(n')} (1 + b_1 SEI_i^{(n')} + b_2 CRR_i^{(n+1)} + b_3 D_i^{(n+1)} + b_4 QQ_i^{(n+1)})}{Z_{I_s}^n},$$

$$Z_{I_s}^n = 1 + b_1 \sum_{i=1}^I I_{s,i}^{(n')} SEI_i^{(n')} + b_2 \sum_{i=1}^I I_{s,i}^{(n')} CRR_i^{(n+1)} + b_3 \sum_{i=1}^I I_{s,i}^{(n')} D_i^{(n+1)} \\ + b_4 \sum_{i=1}^I I_{s,i}^{(n')} QQ_i^{(n+1)} ;$$

$$\bullet I_i^{(n+1)} = \frac{I_i^{(n')} (1 + c_1 SEI_i^{(n')} + c_2 CRR_i^{(n+1)} + c_3 D_i^{(n+1)} + c_4 QQ_i^{(n+1)})}{Z_I^n},$$

$$Z_I^n = 1 + c_1 \sum_{i=1}^I I_i^{(n')} SEI_i^{(n')} + c_2 \sum_{i=1}^I I_i^{(n')} CRR_i^{(n+1)} + c_3 \sum_{i=1}^I I_i^{(n')} D_i^{(n+1)} \\ + c_4 \sum_{i=1}^I I_i^{(n')} QQ_i^{(n+1)} ;$$

$$\bullet C_i^{(n+1)} = \frac{C_i^{(n')} (1 + d_1 SEI_i^{(n')} + d_2 D_i^{(n+1)})}{1 + d_1 \sum_{i=1}^I C_i^{(n')} SEI_i^{(n')} + d_2 \sum_{i=1}^I C_i^{(n')} D_i^{(n+1)}} ;$$

$$\bullet R_i^{(n+1)} = \frac{R_i^{(n')} (1 + d_1 SEI_i^{(n')} + d_2 D_i^{(n+1)})}{1 + d_1 \sum_{i=1}^I R_i^{(n')} SEI_i^{(n')} + d_2 \sum_{i=1}^I R_i^{(n')} D_i^{(n+1)}} ;$$

де  $n = 0, 1, 2, \dots; i \in \mathbb{N}_+$ . Також на коефіцієнти взаємодії накладаються наступні умови:

$$|a_1| + |a_2| + |a_3| + |a_4| \leq 1$$

$$|b_1| + |b_2| + |b_3| + |b_4| \leq 1$$

$$|c_1| + |c_2| + |c_3| + |c_4| \leq 1$$

$$|d_1| + |d_2| \leq 1$$

Після цього результуючі вектори денормуються, проводиться перерахунок вектору всіх осіб по регіонах  $N^{(n)} \rightarrow N^{(n+1)}$  і закінчується обхід.

## 2.5 Результати

В цьому пункті розглянемо поведінку створеної моделі, симулювавши різні сценарії розгортання подій за допомогою програми. А для більшої наочності впливу внутрішнього конфлікту на епідеміологічну модель, основні параметри будуть взяті з пункту 1.4 попереднього розділу.

Початкові розподіли будуть наступними:

$$E^{(0)} = (2, 6, 5, 6), \quad I_s^{(0)} = (1, 3, 2, 0), \quad I_w^{(0)} = (1, 2, 4, 3), \quad Q^{(0)} = (0, 0, 3, 0),$$

$$N^{(0)} = (350 * 10^6, 182 * 10^6, 504 * 10^6, 364 * 10^6)$$

А далі розглянемо поведінку моделі при різних коефіцієнтах конфліктної взаємодії і, що найважливіше, при різних знаках, бо хоч і величина взаємодії важлива, та не настільки як напрямки міграції.

## Приклад 1

Спочатку розглянемо випадок, коли всі коефіцієнти  $a_n, b_n, c_n, d_1, d_2, n = 1, 2, 3, 4$  рівні нулю - тобто конфлікт відсутній, але поділ на регіони залишається.

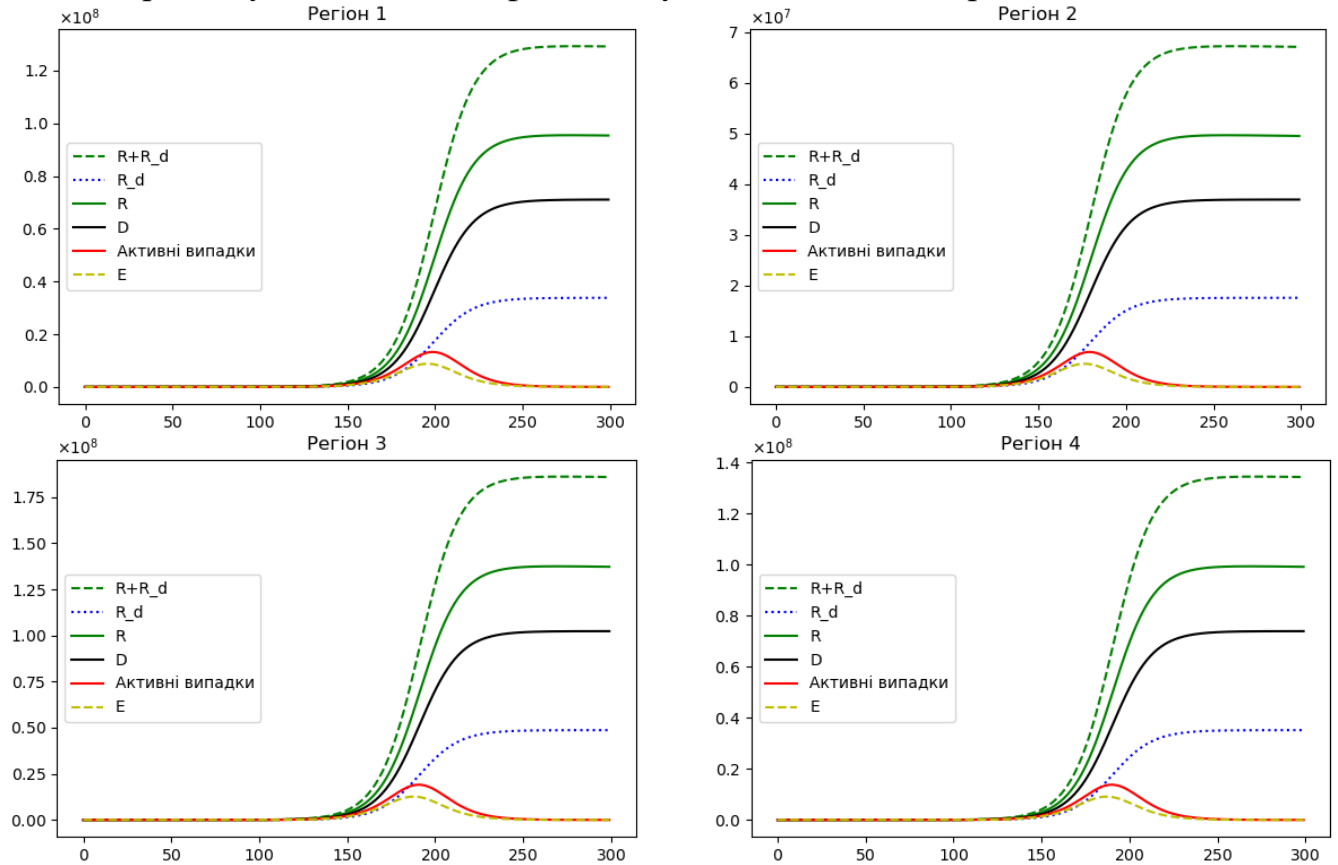


Рисунок 8

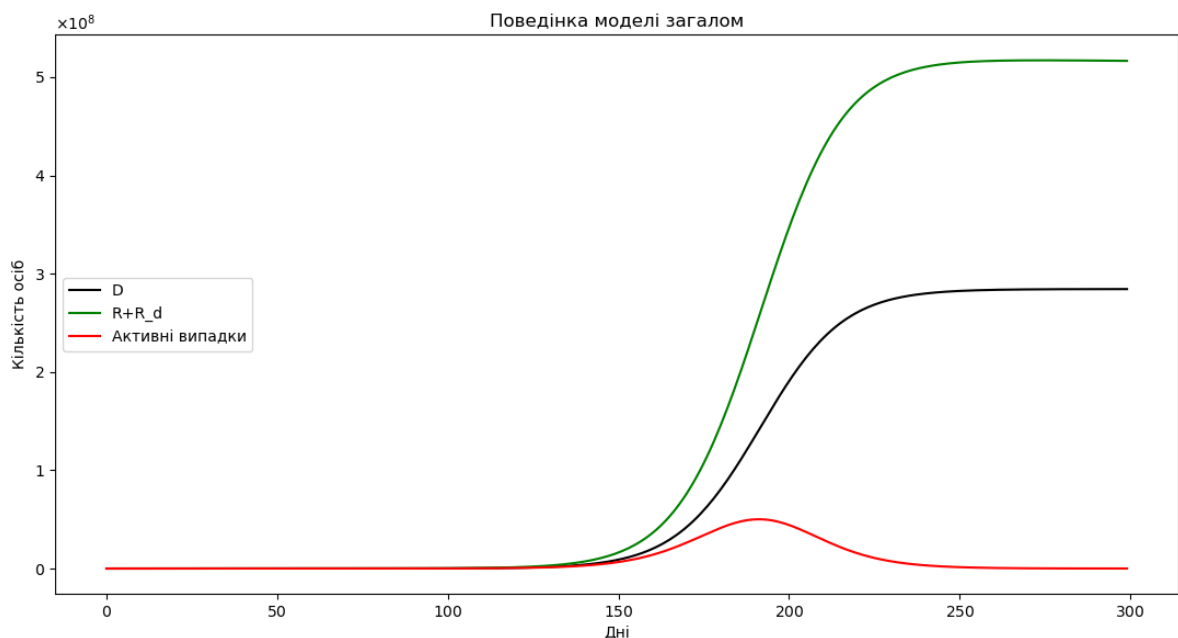


Рисунок 9

Відповідно до відсутності конфлікту ми отримали чотири незалежні епідеміологічні моделі, які в свою чергу впливають на загальну поведінку в цілому в залежності від свого розміру. Проте, як видно графіку, поведінка залишилася практично незмінною відносно моделі без поділу на регіони (приклади 1-3, розділ 1). Це пов'язано з властивістю, виявленою раніше – початкові розподіли осіб практично не впливають на характер поширення інфекції в описаній моделі, окрім як відтягують або прискорюють настання піку кількості активних випадків інфікування, що можна побачити на графіках поведінки для кожного регіону, а оскільки параметри є спільними, то і поширення хвороби в рамках кожного з них є аналогічним.

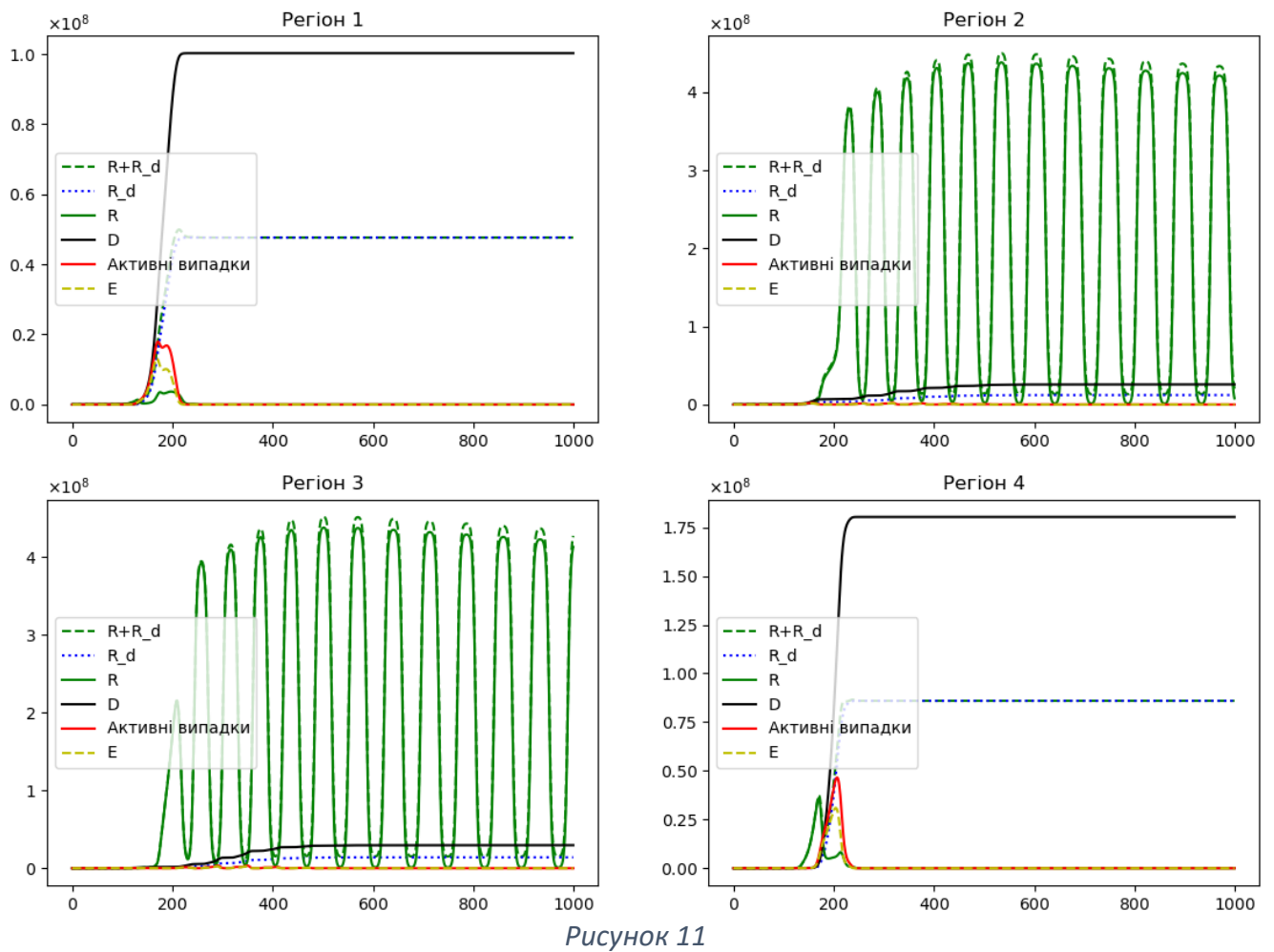
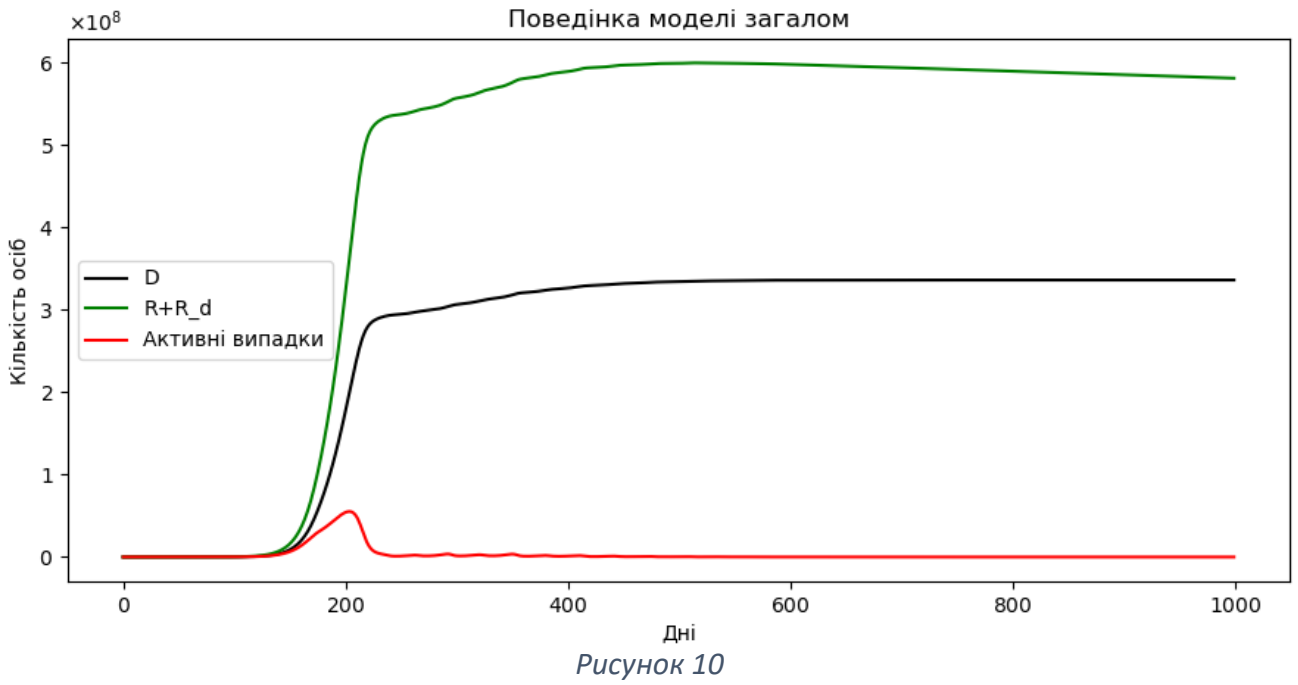
Кінцева кількість померлих у варіанті з поділом на регіони зменшилась на 5920 осіб, що хоч і суттєво, проте становить лише 0.002% покращення, чим можна знехтувати.

Надалі для оцінки впливу конфлікту на модель будемо використовувати саме смертність, оскільки це значення є простим для розуміння та інформативним.

Отже, з отриманих результатів можна зробити висновок, що поведінка такої епідеміологічної моделі, при відсутності зовнішніх впливів, пропорційно масштабується відносно її розмірів.

## Приклад 2

Розглянемо наступний набір параметрів:  $a_1 = 1, b_1 = -0.1, b_4 = 0.05, c_1 = -0.15, c_4 = 0.1, d_1 = -0.3, d_2 = -0.7$ , решта є рівними нулю. Тобто в такій ситуації сукупність “не хочуть захворіти” мігрує в регіони з більшими кількостями одужалих, обидві групи інфікованих ( $I$  і  $I_S$ ), в свою чергу, намагаються від них дистанціюватися, при цьому хочуть бути в місцях з більшою кількістю осіб в карантині, хоча і з меншим пріоритетом ( $|b_4| < |b_1|, |c_4| < |c_1|$ ). Одужалі, здатні до переміщення, з своєї сторони, мігрують в регіони з меншими кількостями летальних випадків і уникають не інфікованих осіб, проте також з меншим пріоритетом.



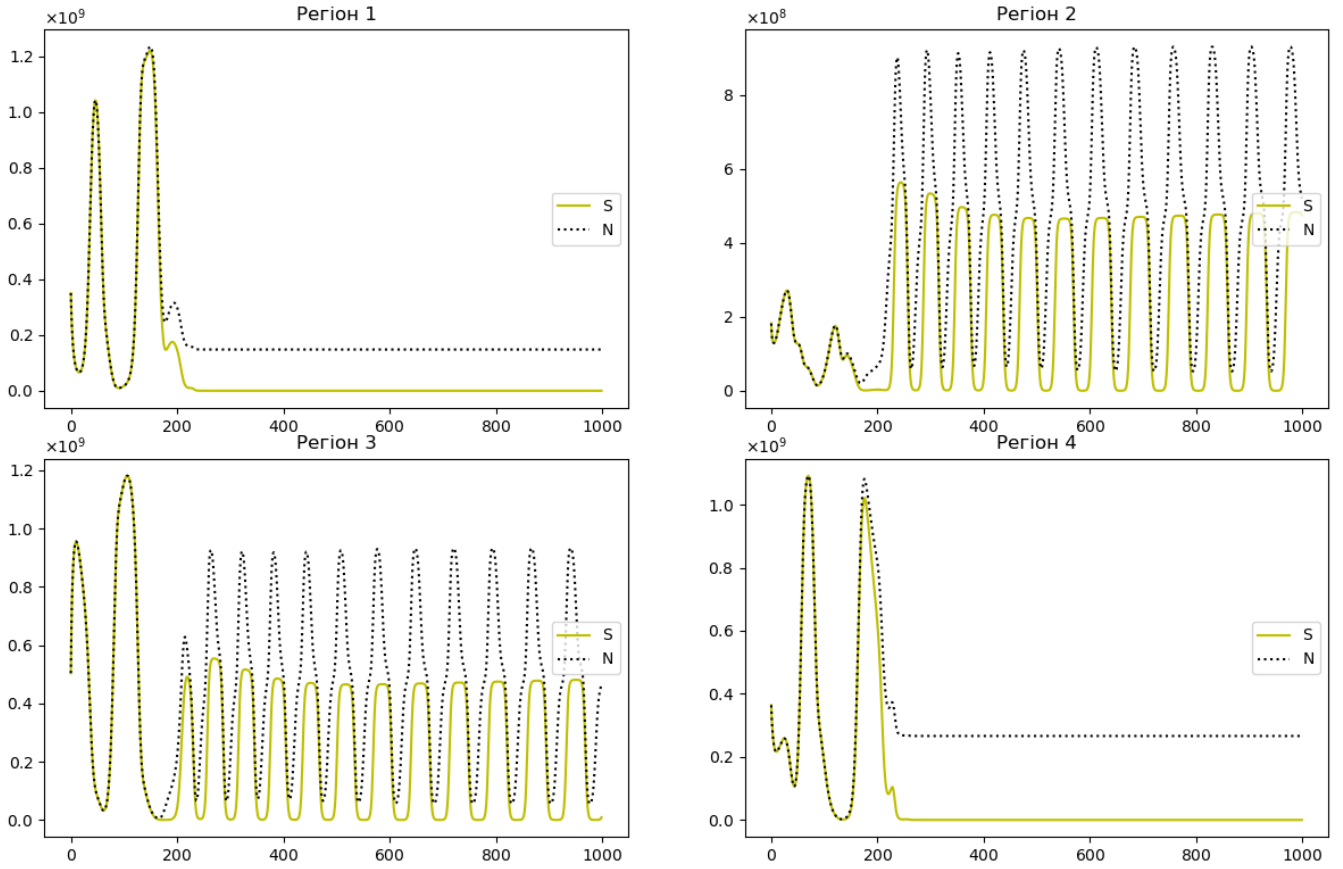


Рисунок 12

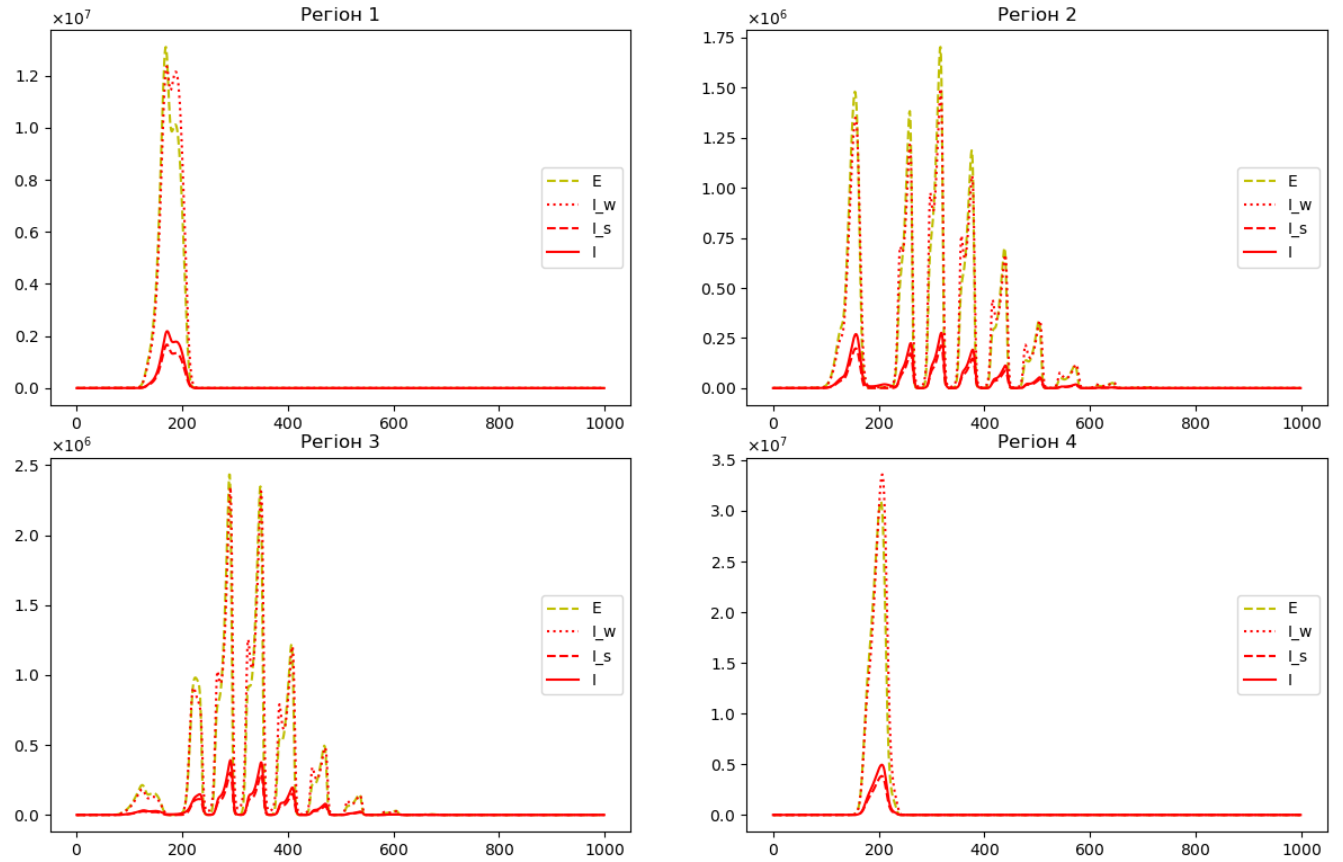


Рисунок 13

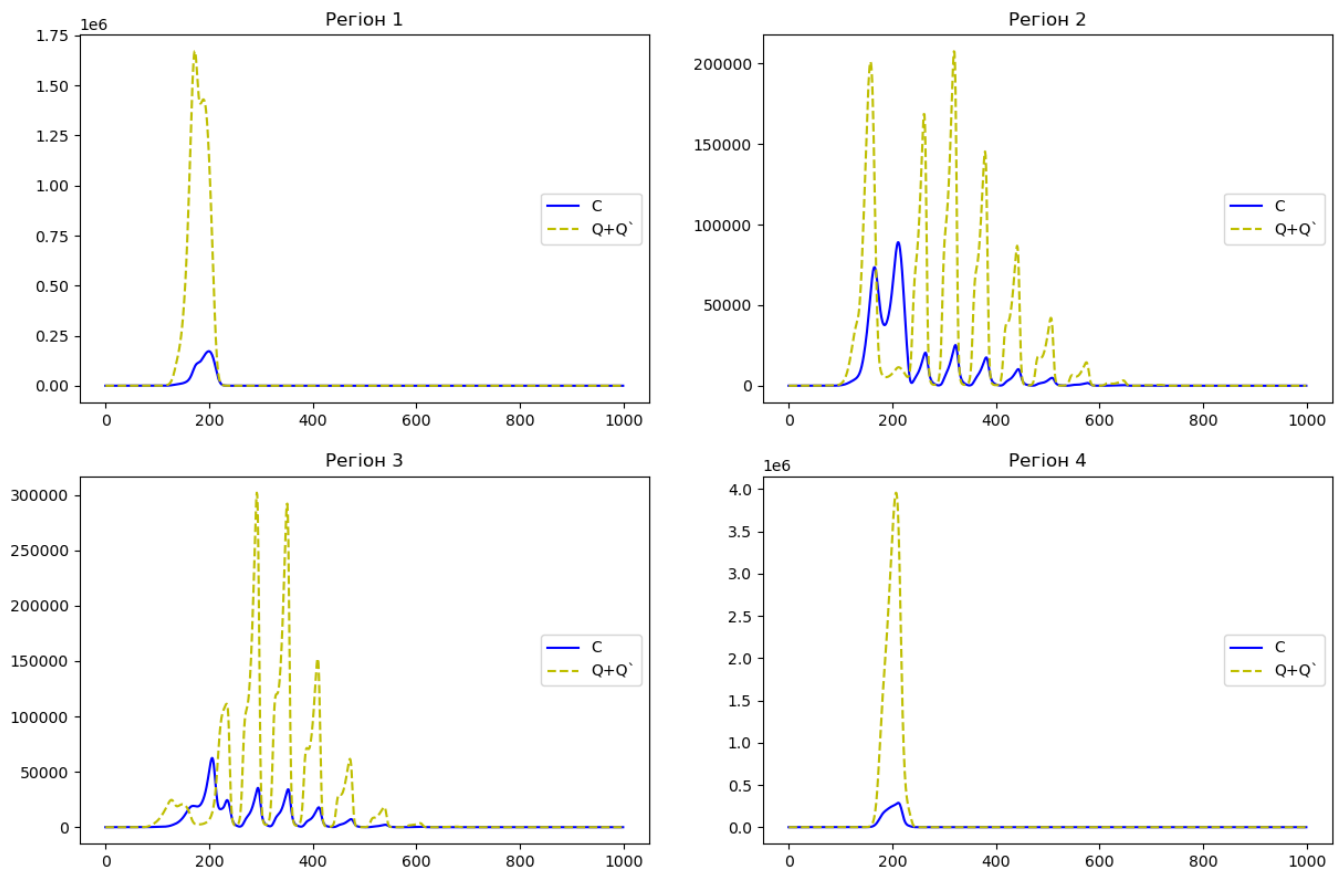


Рисунок 14

Цього разу результати є набагато цікавішими. З графіку загальної поведінки моделі (рисунок 10) видно, що кількість активних випадків зростає не так плавно як у випадку з відсутністю конфлікту, після чого різко спадає.

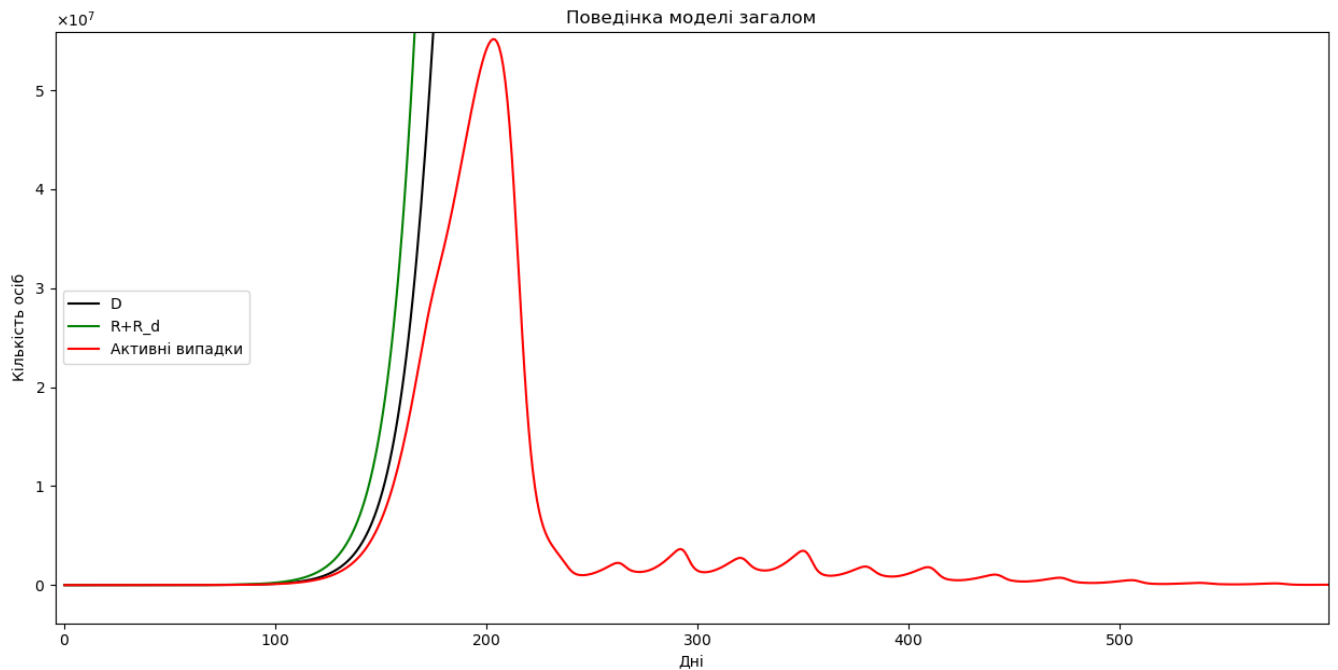


Рисунок 15

Проте, як видно на рисунку 15, епідемія на цьому не закінчується, продовжуючи то зростати, то спадати у вигляді затухаючих коливань. Це, відповідно, вплинуло на кількість одужалих і померлих, графіки яких по закінченню піку епідемії ще тривалий час зростали.

В результаті цього конфлікту кінцева кількість летальних випадків зросла на 51603004, що становить 18% від смертності у звичайній моделі.

Тепер проаналізуємо ситуацію в кожному регіоні в особливості.

Перш за все регіони по характеру поведінки можна поділити на два типи. До першого відносяться перший з четвертим – ситуація в них стабілізувалася близько 245 і 265 днів. На цей момент і надалі їхня сумарна частка населення становить близько 30% від усіх і входять до них тільки нерухомі одужалі і померлі. Їхня кількість в цих регіонах є найбільшою серед усіх. Тобто, не зважаючи на те, що початковий розподіл визначив для них в сукупності 51% від всього населення, їхня мобільна частка населення була повністю розподілена серед інших регіонів.

До стабілізації поведінки в цих регіонах була найгірша епідеміологічна ситуація – найбільші пікові значення по кожній з груп, які формують значення активних хворих. Що і пояснює найбільші числа летальних випадків серед регіонів. Це, відповідно до міграції заданої коефіцієнтом  $d_2$ , “відлякало” одужалих здатних до переміщення. А вони, в свою чергу, будучи привабливим фактором для сукупності осіб, які не бажають захворіти ( $a_1$ ), непрямо перетягли за собою і їх, хоча і не бажали цього відповідно до коефіцієнта взаємодії  $d_1$ . Він в цій симуляції є меншим по модулю, ніж  $d_2$ , що спричинило таку поведінку і підтверджує важливість його величини, особливо в сценаріях, коли наявні кілька факторів впливу.

Перед настанням піку епідемії, переважаюча більшість населення відноситься до групи сприйнятливих ( $S$ ), а отже знаходиться під впливом конфліктної взаємодії для сукупності осіб, що не бажають захворіти. Тобто вони намагаються

рухатися в сторону регіонів з найбільшою кількістю одужалих. Оскільки на цей момент епідемія тільки починає набирати обороти, то і одужалих є однаково небагато в кожному регіоні. Завдяки цьому практично все населення деякий час мігрує між всіма регіонами, що відображається у вигляді коливань на графіках з рисунку 12. Далі в околі 200 дня відбувається пік епідемії і найбільшими осередками стають перший і четвертий регіони, через що, населення здатне до переміщення з часом їх покинуло.

Другий і третій регіони в свою чергу, не зважаючи на початкові значення чисельності найменшого і найбільшого, стали практично рівними в своїх розмірах по завершенню епідемії. Як видно з рисунків 11 і 12, вони в собі розмістили всю мобільну частину населення. Що найцікавіше, відповідно до заданого конфлікту, покинувши регіони один і чотири, міграції між регіонами не припинилися, з часом утворивши коливання, що, судячи з усього, можна пояснити однаково низькою кількістю смертей по завершенню епідемії, а також періодами самих коливань, які збіглися, при наявному фазовому зсуві (рисунок 16).

Проте виникають питання про причини появи таких зсувів і збігу періодів. Поки що вони залишаються відкритими.

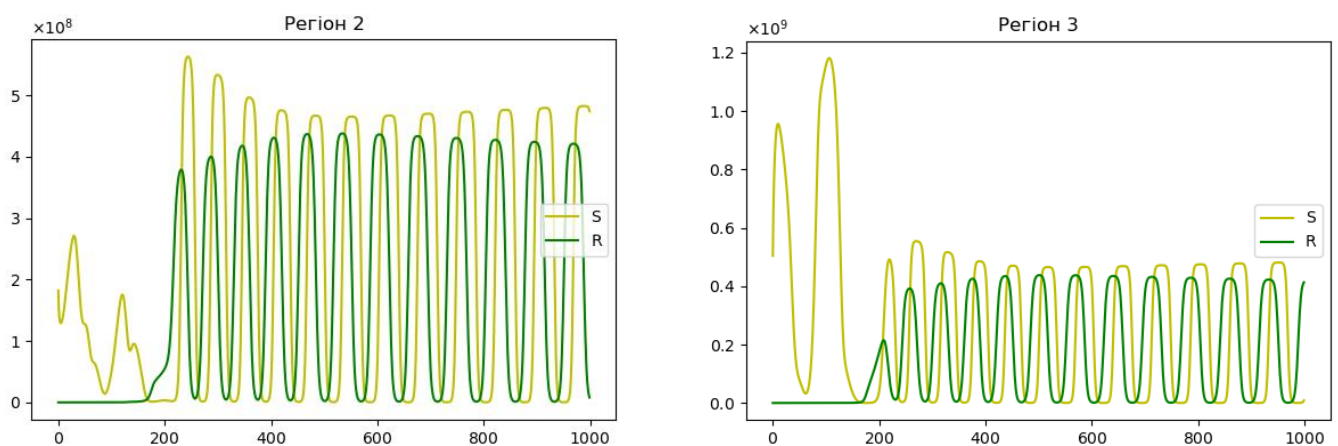


Рисунок 16

В кожному циклі таких коливань всі одужалі “втікають” від сприйнятливих, відповідно до знаку коефіцієнту  $d_1$  з другого (третього) регіону в третій (другий).

За ними слідує сприйнятливості, які і провокують одужалих мігрувати назад, де сприйнятливих стало менше.

На рисунках 13 і 14 також можна побачити як ці коливання вплинули на групи, які формують загальну кількість активних випадків інфікування. В той час як великі кількості інфікованих в першому та четвертому регіонах сформували основну хвилю та пік епідемії, мешканці двох інших є відповідальні за подальші менші хвилі (коливання з рисунку 15). Проаналізувавши час появи цих коливань, можна помітити, що після закінчення епідемій в першому і четвертому регіонах відразу почався ріст інфікованих в інших. З цього можна зробити висновок, що різке закінчення епідемій в них частково був пов'язаний з міграцією інфікованих до двох інших регіонів. Після цього, через наявність великих кількостей людей сприйнятливих до інфікування, і, у відповідності до їхніх міграцій, відбулися наступні рости інфікованих в другому і третьому регіонах. Це відбулося протягом кількох хвилю-коливань, під час яких інфіковані мігрували між ними. Їхні кількості, спочатку, під час перших двох коливань, зросли до найбільших своїх значень, після чого - стали затухати.

### Приклад 3

Розглянемо тепер конфлікт, заданий наступними параметрами:  $a_1 = -0.4$ ,  $a_3 = -0.2$ ,  $b_1 = 0.3$ ,  $b_2 = 0.2$ ,  $b_3 = -0.05$ ,  $b_4 = 0.05$ ,  $c_1 = 0.45$ ,  $c_2 = 0.23$ ,  $c_3 = -0.1$ ,  $c_4 = 0.1$ ,  $d_1 = 0.4$ ,  $d_2 = -0.4$ , решта є рівними нулю. Такі значення можна інтерпретувати як уникання особами, які не хочуть захворіти, регіонів з великими кількостями одужалих і померлих, проте з меншою пріоритетністю останнього фактору. Інфіковані прагнуть перебувати в регіонах з великими кількостями осіб в карантині, не хворих (з найбільшим пріоритетом), одужалих (друге місце по пріоритетності), а також з меншими летальними випадками. Одужалі, в свою чергу, уникають високої смертності та тяжіють до регіонів з переважанням осіб, які не хочуть захворіти в однаковій мірі.

В такій конфігурації, як видно з рисунку 17, модель поводитья практично так само, як і при відсутності конфлікту. Це також підтверджує кінцева кількість летальних випадків, яка зростає на 2269030, що є погіршенням ситуації всього на 0.8%.

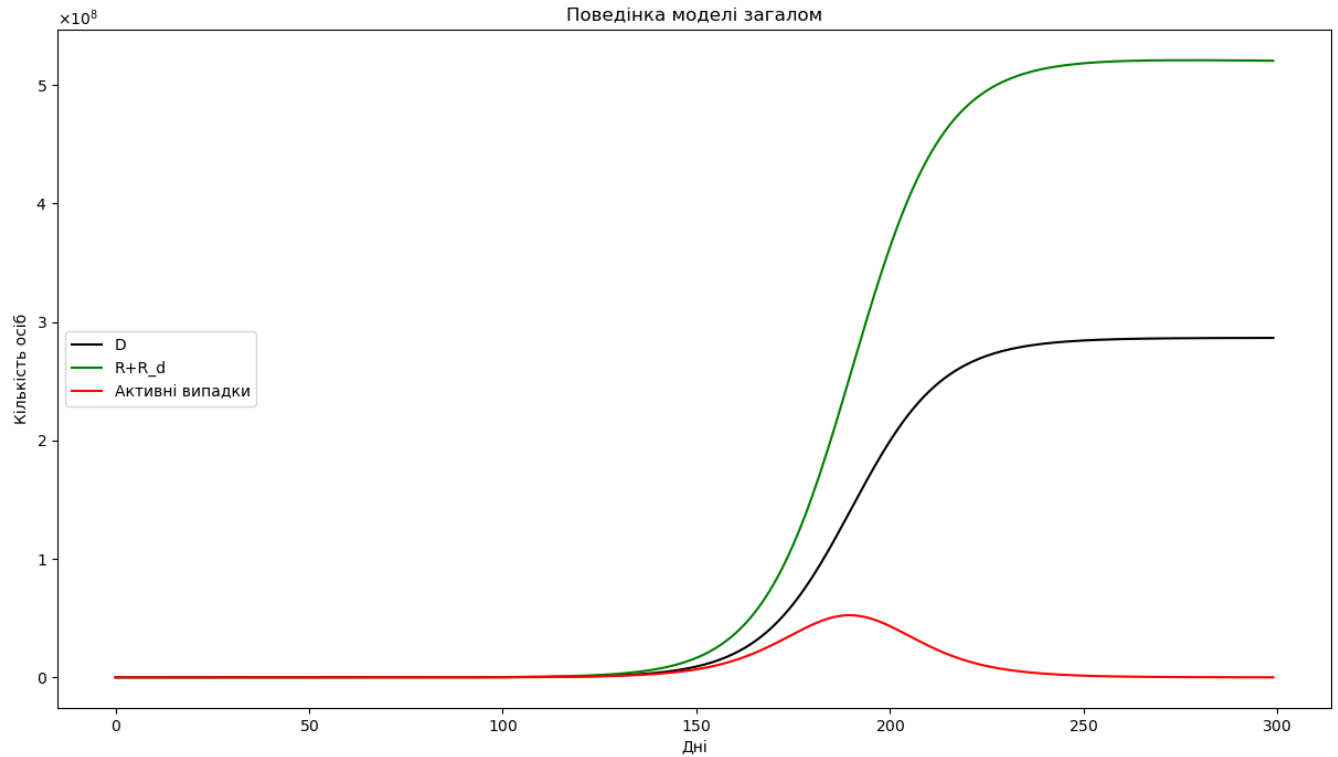


Рисунок 17

Проте деякі відмінності все ж є – їх можна побачити на графіках поведінки (S), (N) і (R) в рамках окремих регіонів.

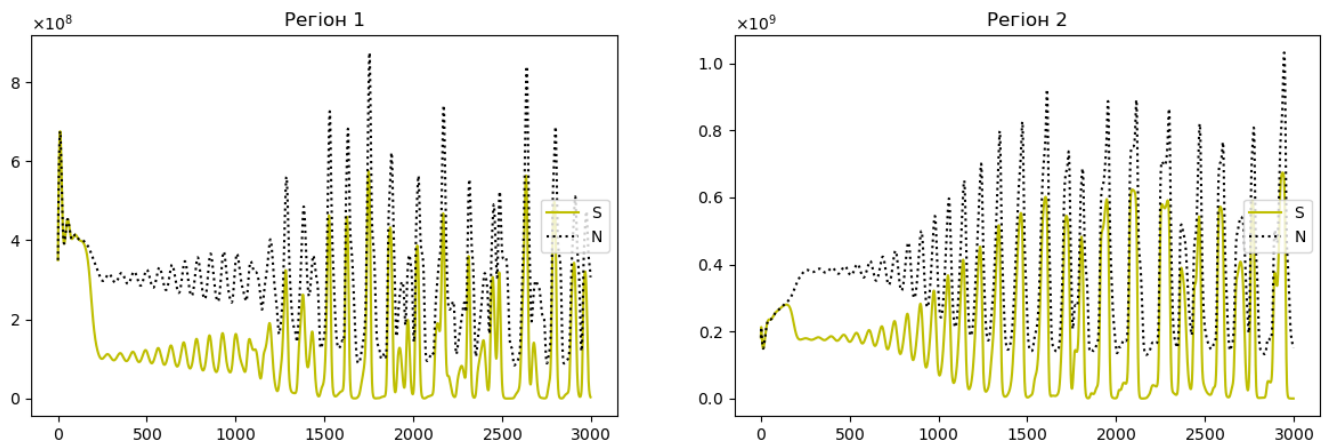


Рисунок 18а

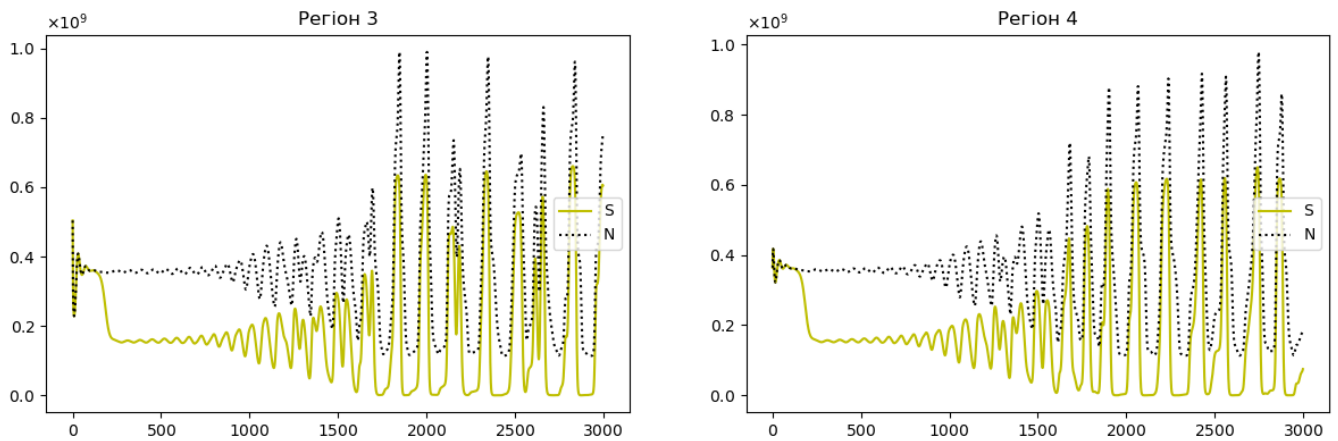


Рисунок 18б

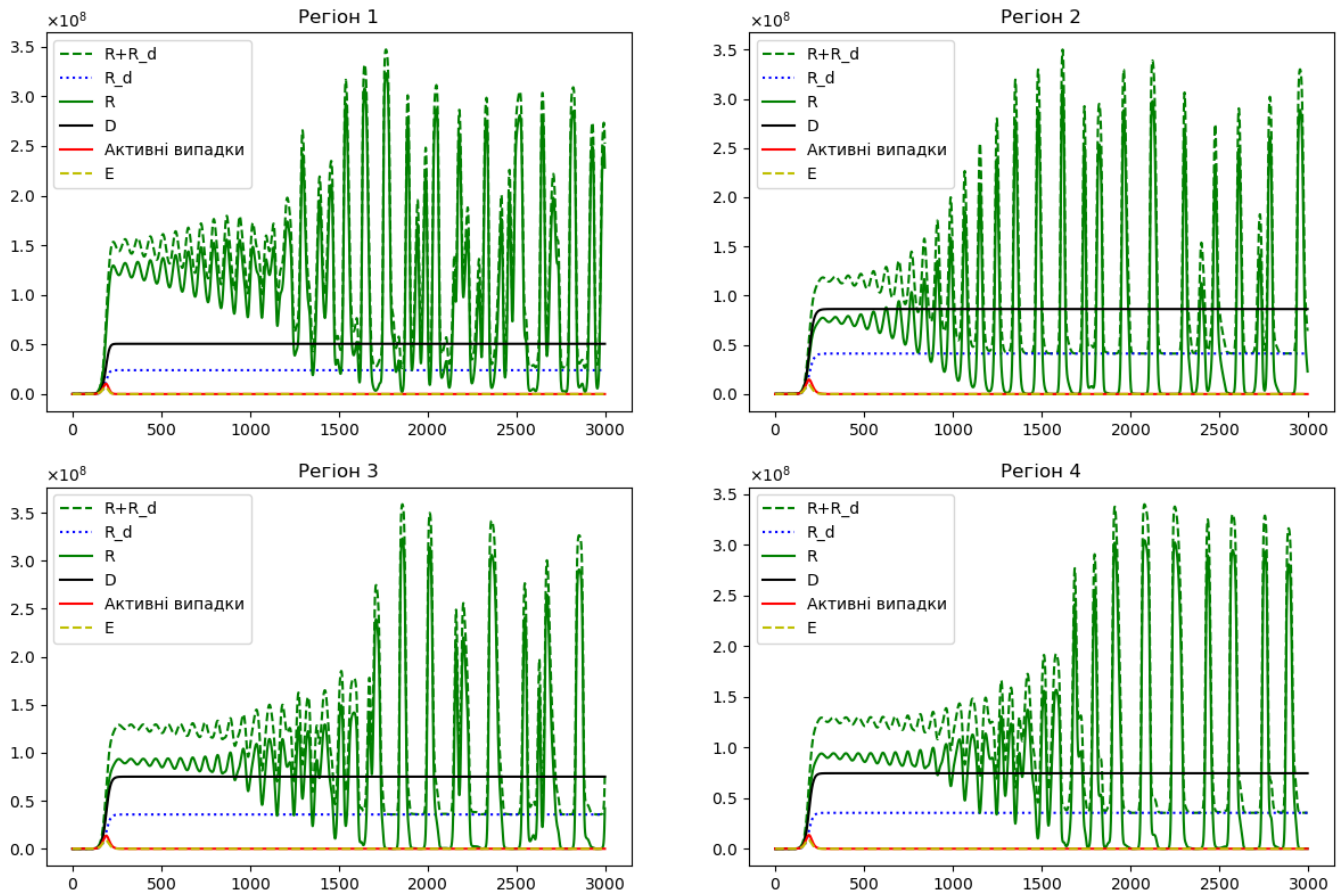


Рисунок 19

Незважаючи на минування піку епідемії і стійкого спаду захворюваності загалом, саме в цей час з наростаючим характером почалися міграційні коливання одужалих та сприйнятливих між усіма регіонами.

Це можна пов'язати в першу чергу з значним ростом кількості одужалих після епідемічного піку, що дозволило досягнути певного значення, достатнього для

активізації коливального процесу. Також, без наявності достатньої кількості сприйнятливих у всіх регіонах, не було б необхідної причини мігрувати між ними.

Що цікаво, через вплив кількості померлих на характер міграції одужалих, під час деякої частини фази росту, першому регіону надавалася перевага. Але далі це перестало бути суттєвим, оскільки, як бачимо, міграцій продовжилися, без надання переваги конкретному регіону, хоча не було б сюрпризом побачити ізоляцію міграцій в двох регіонах з найменшими кількостями померлих. Незважаючи на однакові величини коефіцієнтів  $d_1$  і  $d_2$ , саме перший визначив подальшу поведінку моделі.

Можна також відзначити, що коливання, навіть, після закінчення фази росту не є однорідними. Складно точно сказати, з чим це є пов'язано. Єдиною еволюційою зміною в цій моделі, по закінченню епідемії, є постійне невелике зменшення кількості одужалих людей, здатних до переміщення, відповідно до втрати імунітету з часом. Після цього вони знову стають сприйнятливими, а отже знаходяться під впливом протилежних міграцій.

Знову ж таки, причиною існування таких міграцій, в момент закінчення симуляції, є однакові періоди коливань і їхній фазовий зсув. Причому, судячи з рисунків 18а, 18б і 19, вони не залишаються сталими, але відповідають умовам, необхідним, для існування цих коливань.

Також можна відзначити приблизно рівномірний розподіл мобільної частини населення, по закінченню фази росту коливань, між всіма регіонами, що відбулося незважаючи на початковий розподіл розмірів самих регіонів.

#### **Приклад 4**

Приклади 2 і 3 наочно показують, як вплив внутрішнього конфлікту погіршує епідеміологічну ситуацію. Міграції стали причиною збільшення кількості летальних випадків. Проте, в останньому випадку, цей ріст був зовсім не значним, що

дозволяє припустити, позитивний конфлікту в певній конфігурації. Спробуємо тепер підібрати параметри, інтерпретація яких однозначно вказуватиме, на мінімізацію інфікування і, відповідно, самих жертв.

$$\begin{array}{cccc}
 a_1 = 0.246 & a_2 = -0.238 & a_3 = -0.2 & a_4 = -0.2254 \\
 b_1 = -0.2 & b_2 = 0.25 & b_3 = -0.22 & b_4 = 0.2 \\
 c_1 = -0.21 & c_2 = 0.29 & c_3 = -0.25 & c_4 = 0.22 \\
 & d_1 = 0.5 & d_2 = -0.5 & 
 \end{array}$$

В такій конфігурації сукупність “не бажають захворіти” буде уникати великих кількостей інфікованих, померлих і осіб в карантині, проте тяжітиме до регіонів з більшими частками одужалих, що означає кращу епідеміологічну ситуацію. Інфіковані намагатимуться уникати “ще здорових”, щоб не інфікувати їх і мігруватимуть туди, де більше одужало чи ще знаходиться в ізоляції, а також, де менше померло. Одужалі в свою чергу уникають високої смертності і повертаються до не інфікованих осіб.

Загальна поведінка такої моделі виявилася ідентичною тій, що на рисунку 17. Проте цього разу кількість жертв зменшилась на 1677739, що становить 0.6%, а отже нам вдалося покращити ситуацію.

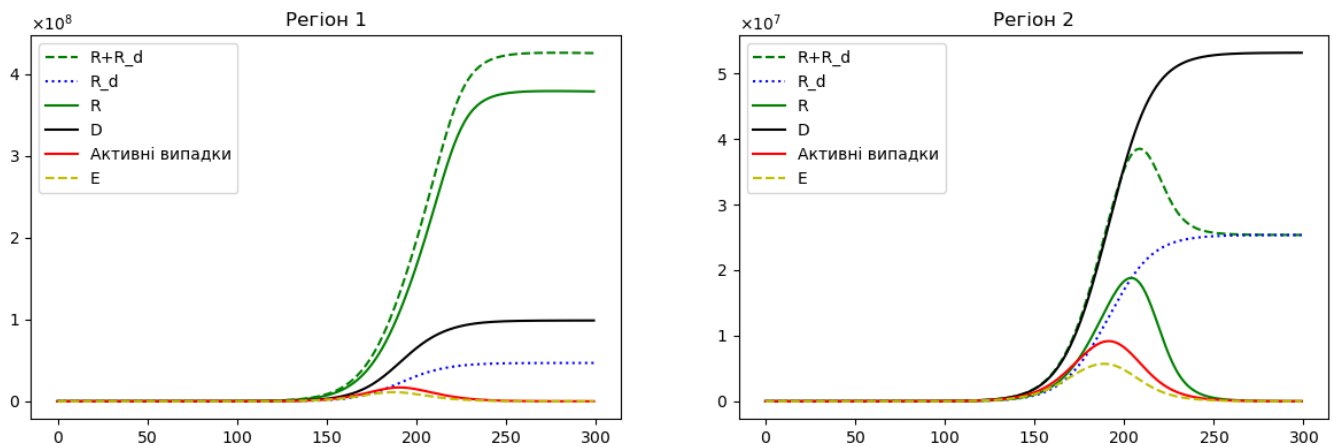


Рисунок 20а

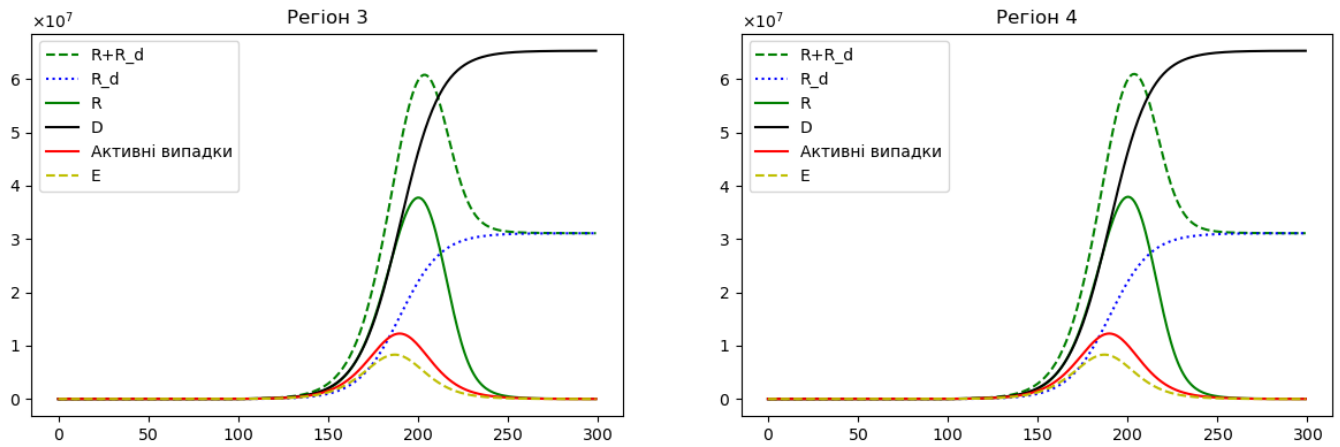


Рисунок 206

Єдине, на що можна звернути увагу, є перетік одужалих після настання піку епідемії до першого регіону, який в результаті став найбільшим. Також спостерігається дуже схожа поведінка моделі в рамках третього і четвертого регіонів - незважаючи на велику різницю в початкових розмірах, на момент закінчення симуляції, їхні характеристики стали практично ідентичними.

Інші характеристики моделі протягом симуляції мало чим відрізняються від тієї ж, але без конфлікту. Жодних міграційних коливань, як у попередніх двох прикладах, не виникло. Одним з можливих пояснень цього є наявність багатьох факторів впливу на кожну сторону конфлікту (всі коефіцієнти ненульові), що могло нейтралізувати міграційні коливання загалом, в рамках всієї системи.

### Приклад 5

В цьому прикладі параметри були підібрані вручну з метою мінімізації наслідків епідемії, але без врахування їхньої детальної інтерпретації.

$$\begin{array}{cccc}
 a_1 = -0.05 & a_2 = 0.8 & a_3 = -0.1 & a_4 = -0.05 \\
 b_1 = -0.8 & b_2 = 0.05 & b_3 = -0.1 & b_4 = 0 \\
 c_1 = -0.9 & c_2 = 0 & c_3 = 0 & c_4 = -0.1 \\
 & d_1 = 0.05 & d_2 = -0.05 & 
 \end{array}$$

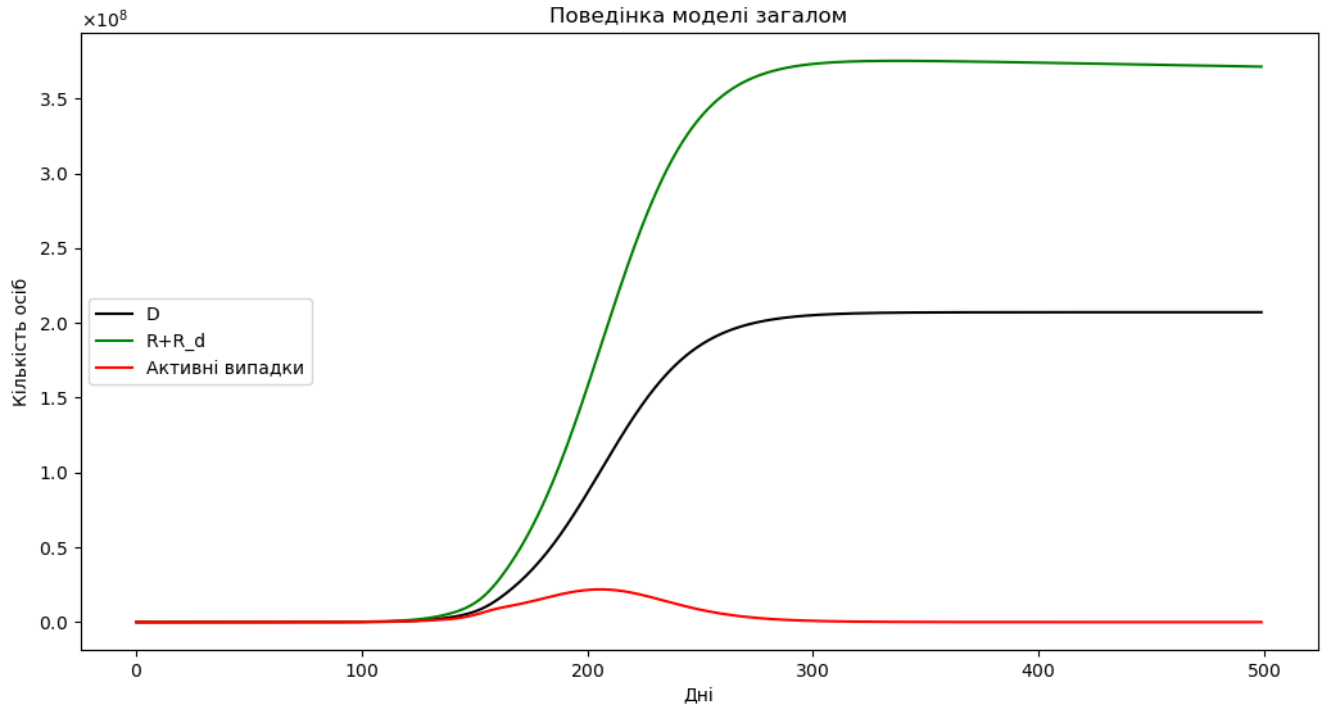


Рисунок 21

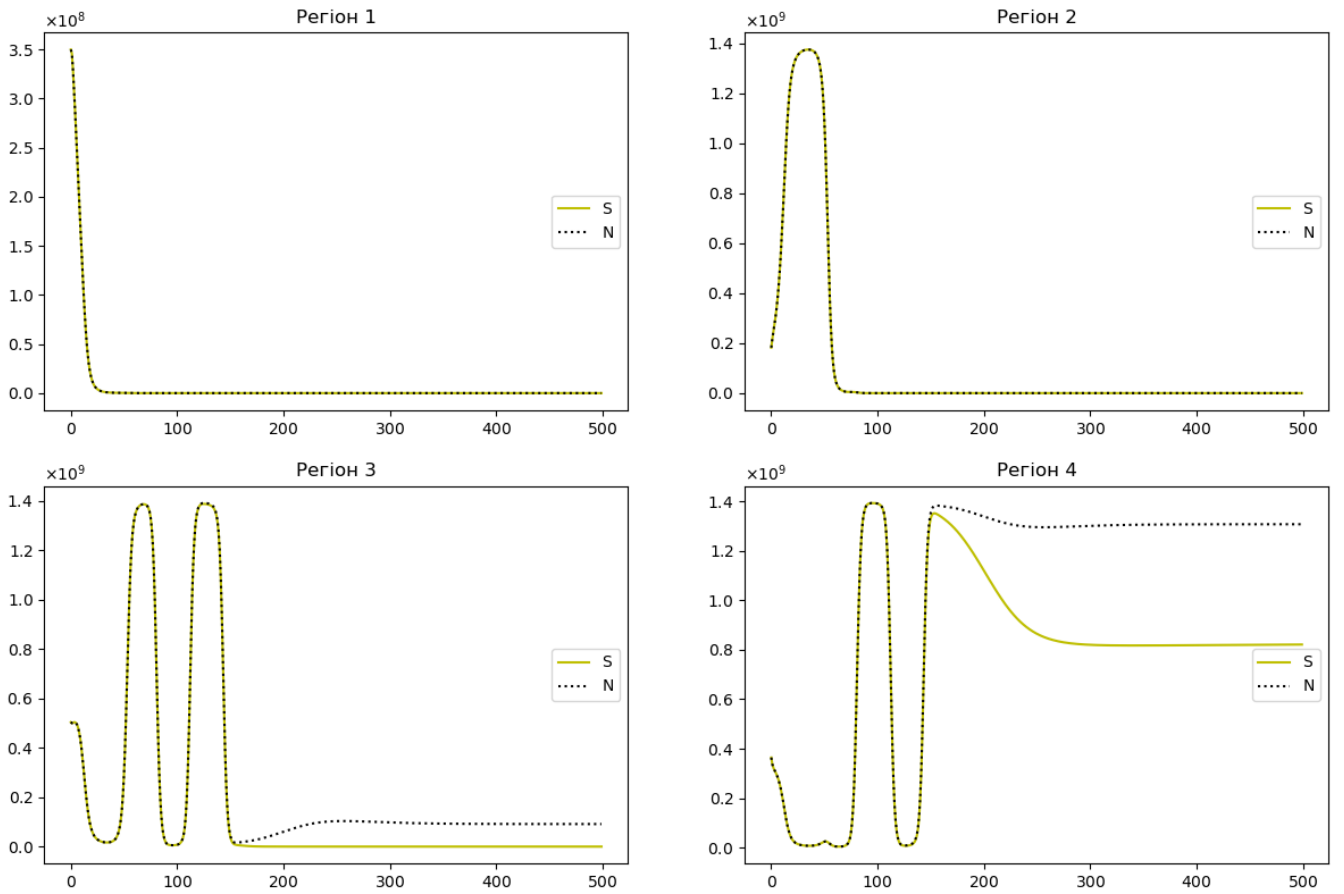


Рисунок 22

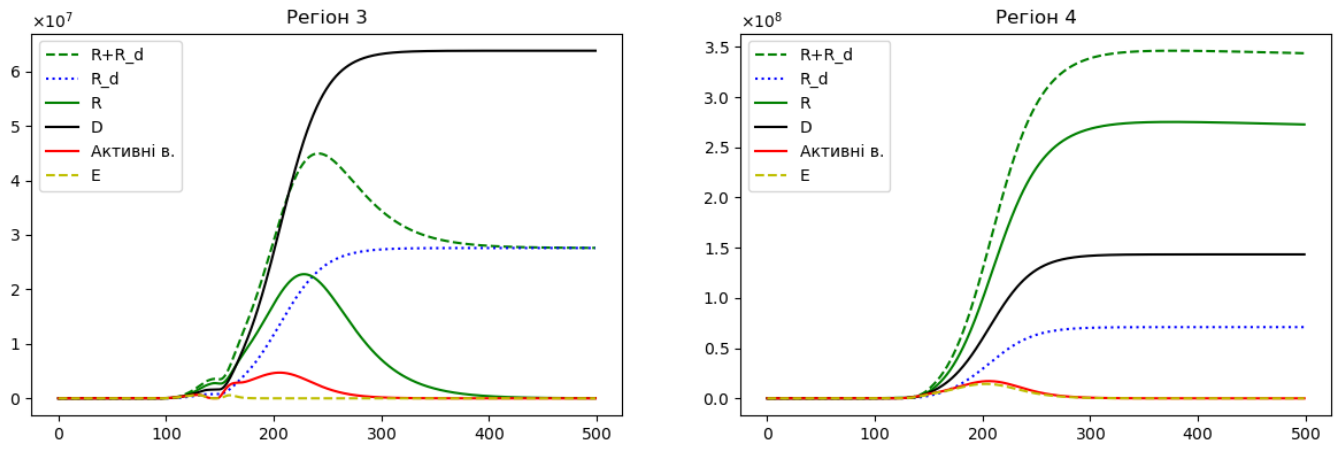


Рисунок 23

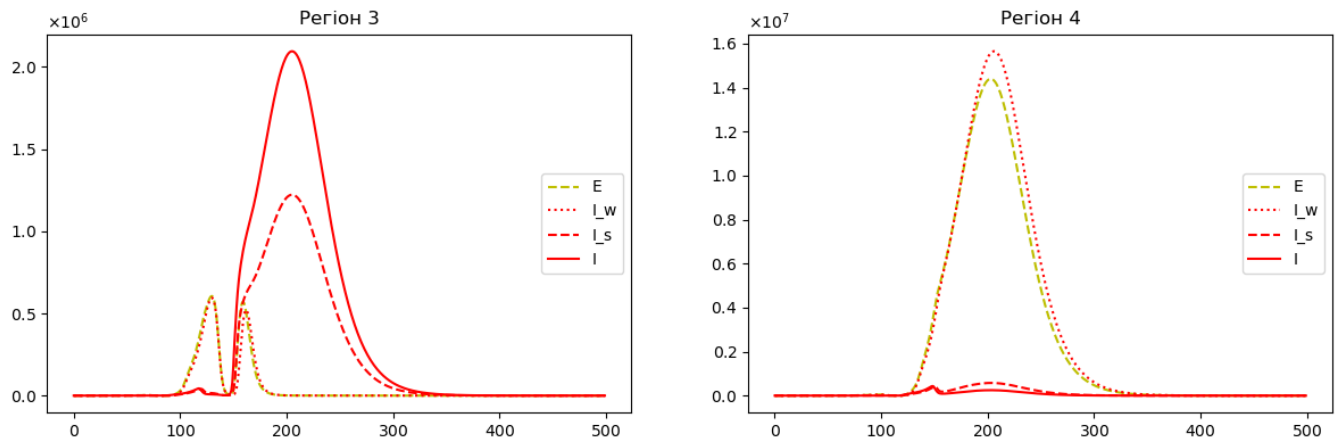


Рисунок 24

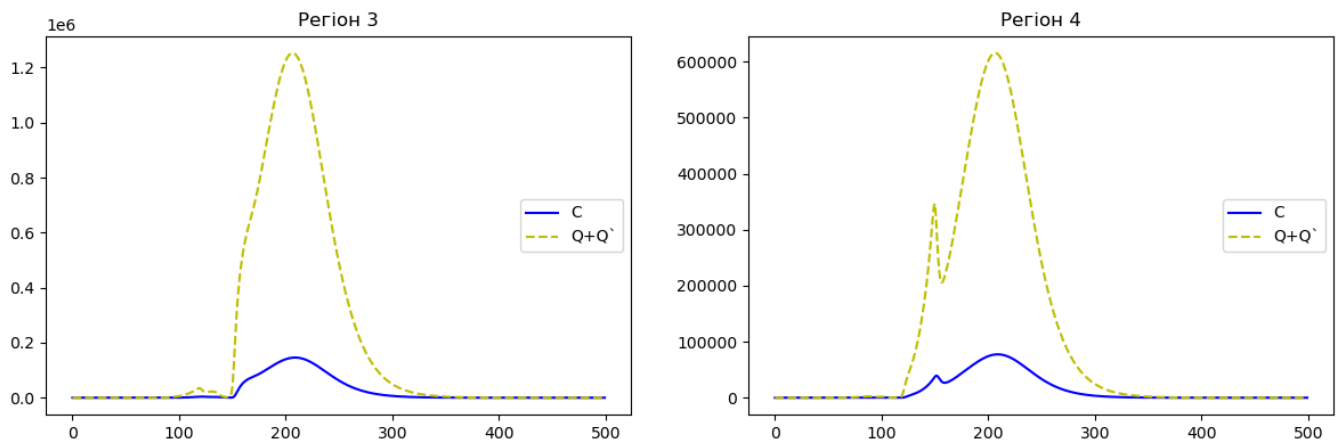


Рисунок 25

В такій конфігурації внутрішнього конфлікту вдалося зменшити кількість смертей на 77196596 осіб, що є 27% покращенням.

Можна відзначити, що, ще до початку активного росту кількостей інфікованих, ресурси перших двох регіонів практично повністю розподілилися серед третього і четвертого (залишилось менше 1000 в кожному). Далі, в продовж кількох

циклів коливань, особи, які уникають інфікування, мігрують між ними і, з початком активнішої фази росту епідемії, повністю мігрували у четвертий. Аналогічно повелись і одужалі. Таким чином, на момент закінчення симуляції четвертий регіон вмістив 93.5% від всього початкового населення.

## ВИСНОВКИ

В рамках цієї роботи було побудована складна епідеміологічна модель з поділом населення на 11 груп. Дослідивши її поведінку на прикладі кількох симуляцій був зроблений висновок, що вона практично не залежить від початкових розподілів, які задають стартові значення кількостей осіб. Єдине, на що вони впливають, є момент настання піку епідемії – варіюючи початкові значення, його можна прискорити або відтягнути. Характер поведінки моделі, відповідно, задають такі параметри, як швидкість поширення інфекції, коефіцієнти одужання, смертності, переходу між групами і інші з різною величиною впливу.

Інтеграція внутрішнього конфлікту у модель принесла суттєві і цікаві зміни в її поведінку. Перш за все було виявлено, що важливий вплив мають не тільки знаки коефіцієнтів взаємодії, які визначають напрям міграції відносно суперників, а й величина значень. Особливо це проявилось в рамках досліджуваних принципів мігрування під впливом кількох факторів одночасно. У таких випадках більший модуль коефіцієнта визначає, який чинник впливу має більшу вагу, на встановлення напрямку міграції.

Дослідивши модель з нульовими коефіцієнтами конфліктної взаємодії, тобто з одним лише поділом на регіони, прийшли до висновку, що її поведінка, при відсутності зовнішніх впливів, пропорційно масштабується відносно її розмірів.

Провівши симуляції з різними наборами коефіцієнтів, були отримані найцікавіші результати. Внутрішній конфлікт має значний вплив на поведінку такої системи і здатен як погіршити епідеміологічну ситуацію так і покращити її. Самі ж міграції, задані ним, можуть мати різний вигляд – від досить очевидних і

зрозумілих, у вигляді плавного переселення з одного регіону в інший з наступною стійкістю загальної ситуації, до неоднорідних чи однорідних міграційних коливань, які не затухають. Їхній принцип появи залишається відкритим питанням.

При спробах використати конфлікт для мінімізації наслідків епідемії, підбір параметрів з врахуванням змістовності їхньої інтерпретації не дав значного покращення. Приклад 5 показав, що міграції з дещо нелогічними напрямками, як от тяжіння сукупності, яка остерігається хвороби, в регіони з більшими частками інфікованих, приводять до значного зниження смертності. Це вкотре підтвердило, що подібні конфліктні взаємодії в складних системах мають значний вплив і не дозволяють визначити остаточний результат заздалегідь. Побудова ж конфліктів за допомогою інтерпретування можливого впливу коефіцієнтів взаємодії може дати не завжди очікуваний результат. Поки що, вирішенням цих проблем залишається комп'ютерне моделювання.

## ДЖЕРЕЈА

1. Ashish Menon, Nithin K Rajendran, Anish Chandrachud, Girish Setlur - Modelling and simulation of COVID-19 propagation in a large population with specific reference to India
2. <https://indscicov.in/for-scientists-healthcare-professionals/mathematical-modelling/indscisim/>
3. S. Albeverio, M. Bodnarchuk, V. Koshmanenko - Dynamics of discrete conflict interactions between non-annihilating opponents
4. S. Albeverio, V. Koshmanenko, and I. Samoilenko - The conflict interaction between two complex systems. Cyclic migration
5. Tiberiu Harko, Francisco S. N. Lobo, M. K. Mak - Exact analytical solutions of the Susceptible-Infected-Recovered (SIR) epidemic model and of the SIR model with equal death and birth rates