

**КИЇВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ ІМЕНІ ТАРАСА  
ШЕВЧЕНКА**

Факультет комп'ютерних наук та кібернетики

Кафедра дослідження операцій

**Кваліфікаційна робота**

**на здобуття ступеня бакалавра**

за спеціальністю 113 Прикладна математика

на тему:

**Моделювання процесів з внутрішнім конфліктом**

Виконав студент 4-го курсу  
Купченко Ігор Вячеславович

\_\_\_\_\_  
(підпис)

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

\_\_\_\_\_  
(підпис)

Засвідчую, що в цій роботі немає  
запозичень з праць інших авторів без  
відповідних посилань.

Студент

\_\_\_\_\_  
(підпис)

Роботу розглянуто й допущено до  
захисту  
на засіданні кафедри дослідження  
операцій

« \_\_\_\_ » \_\_\_\_\_ 201\_ р.,

протокол № \_\_\_\_

Завідувач кафедри

Іксанов О. М.

\_\_\_\_\_  
(підпис)

## ЗМІСТ

<b>ЗМІСТ</b> .....	2
<b>АНОТАЦІЯ</b> .....	3
<b>ВСТУП</b> .....	4
<b>РОЗДІЛ 1 МАТЕМАТИЧНЕ МОДЕЛЮВАННЯ ІНФЕКЦІЙНИХ ЗАХВОРЮВАНЬ</b> .....	6
1.1 Введення в математичну епідеміологію .....	6
1.2 Полігамні (compartmental) моделі в епідеміології .....	7
<b>РОЗДІЛ 2 SIR – МОДЕЛЬ</b> .....	9
2.1 Класична диференціальна форма моделі SIR .....	9
2.2 Інтегральна форма моделі SIR .....	10
2.3 Еквівалентність диференціальної та інтегральної форми .....	11
2.4 Модель SIR з життєвою динамікою .....	11
<b>РОЗДІЛ 3 АНАЛІТИЧНЕ ДОСЛІДЖЕННЯ SIR МОДЕЛІ</b> .....	13
3.1 Фазовий простір (S, I) .....	13
3.2 Фазовий простір (R, S) .....	15
3.3 Індекс (коефіцієнт) базової репродукції – $R_0$ .....	16
<b>РОЗДІЛ 4 ПРОГРАМНА РЕАЛІЗАЦІЯ</b> .....	18
4.1 Структура програми .....	18
4.2 Отримані результати .....	21
4.3 Підтвердження аналітичних результатів .....	21
4.4 Моделювання епідемії з впровадженням карантину .....	23
<b>ВИСНОВОК</b> .....	26
<b>СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ</b> .....	27
<b>ДОДАТОК</b> .....	28

## АНОТАЦІЯ

Дипломна робота складається зі вступу, чотирьох розділів, висновків, списку використаних джерел (8 найменувань) та додатку з кодом програми. Загальний обсяг роботи становить близько 30 сторінок, основна частина викладена на 24 сторінках.

Ключові слова: процес з внутрішнім конфліктом, модель розповсюдження вірусу, конфліктна тріада, SIR-модель.

В роботі розглянуті моделі розповсюдження вірусу, виконано дослідження та програмна реалізація SIR-моделі. З'ясовано, як ізоляція та карантин впливають на розвиток епідемії, побудована відповідна модель.

## ВСТУП

**Актуальність роботи та підстави для її виконання.** Математичне моделювання захворювань є актуальною проблемою в сучасному світі. Все більше дослідників звертаються до математичних моделей для складання прогнозу того чи іншого захворювання, так як вони допомагають найбільш правильно і точно визначити зміни певних процесів, що відбуваються в соціумі. Математичне моделювання є незамінним в певних областях медицини, де неможливі, або складні реальні експерименти, наприклад, в епідеміології.

SIR модель є однією з найпоширеніших в моделюванні інфекційних захворювань. SIR модель описує процес з внутрішнім конфліктом. Під процесом з внутрішнім конфліктом розуміємо фізичну систему, що складається з декількох субстанцій, які існують у спільному просторі і певним чином взаємодіють. В SIR-моделі конфліктна тріада фактично зображена в неявному вигляді. А саме, вся популяція біологічного виду поділяється на три групи: S позначає кількість особин, схильних до зараження, I — інфіковані та здатні переносити інфекцію, R — ті, що вже одужали, набули імунітет. Еволюція зазначених груп у часі визначається відносно простими, але нелінійними рівняннями.

Математична модель поширення інфекційного захворювання в популяції описує передачу патогена між господарями в залежності від характеру контактів серед хворих і сприйнятливих людей, латентного періоду від зараження до зараження, тривалості хвороби, ступінь набутого імунітету після зараження. Після того, як всі ці фактори будуть змодельовані, можна робити прогнози про кількість інфікованих людей, пік захворюваності, тобто передбачити всю епідемію і модель надасть очікувану кількість випадків на кожен момент часу.

Модель SIR добре відображає реальність тільки в тому випадку, якщо не потрібно моделювати додаткові процеси, наприклад, згасання імунітету з

часом і повторне захворювання, або передачу вірусу не від людини до людини, а через тварин-носіїв, або з водою. Тому проста модель SIR добре застосовна тільки для хвороб, після яких зберігається довічний імунітет: кір, краснуха, епідемічний паротит.

Одним із способів зменшити поширення вірусу в суспільстві є впровадження карантину. Карантин зменшує кількість контактів між людьми, завдяки цьому коефіцієнт репродукції опускається до рівня нижче одиниці. Зусилля багатьох фахівців по всьому світу зараз спрямовані якраз на це - зрозуміти, наскільки ефективні обмежувальні заходи, тобто наскільки знизився коефіцієнт репродукції в конкретній місцевості, і чи можна вже відкривати економіку.

Отже, **метою** роботи є дослідження та програмна реалізація моделі розповсюдження вірусу, а також дослідження впливу обмежувальних заходів на розвиток епідемії.

## РОЗДІЛ 1 МАТЕМАТИЧНЕ МОДЕЛЮВАННЯ ІНФЕКЦІЙНИХ ЗАХВОРЮВАНЬ

### 1.1 Введення в математичну епідеміологію

Математичні методи для вивчення захворювань були вперше застосовані в 1760 році Даніелем Бернуллі, який оцінював з їх допомогою ефективність різних способів щеплення проти віспи. У 1840 році Вільям Фарр успішно описав дані про смертність від віспи в Англії і Уельсі за період з 1837 по 1839 рік кривою нормального розподілу. Цей метод був розвинений Джоном Браунлі, який опублікував в 1906 році статтю «Статистичний підхід до імунного захисту: теорія епідемій» (Brownlee, 1906), в якій він зіставляв ряди епідеміологічних даних на основі розподілу Пірсона. Два інших вчених того часу, Хамер і Росс, застосувавши одними з перших математичний опис поширення захворювань, змогли вирішити завдання щодо з'ясування механізмів регулярного повторення епідемії кору та встановлення взаємозв'язку між кількістю комарів і виникненням малярії. Праці Хамера і Росса, поряд з більш пізніми роботами Росса і Хадсона, Сопер, а також Кермак і Маккендрік (Kermack, McKendrick, 1927), послужили теоретичною основою для подальших досліджень в області математичного моделювання епідемій. У згаданих роботах для задач епідеміології був вперше застосований так званий «закон діючих мас», згідно з яким кількість знову інфікованих в популяції прямо пропорційна добутку поточній чисельності сприйнятливих і інфікованих індивідів.

Модель SIR (Susceptible, Infected, Recovered) є базовою для опису поширення інфекційних захворювань і була запропонована в 1920-х роках шотландськими епідеміологами Андерсоном Кермак і Вільямом Маккендрік, в ній за допомогою систем диференціальних рівнянь (неперервний час) або різницевих рівнянь (дискретний час) описується динаміка груп сприйнятливих, інфікованих і одужавших індивідів.

Дослідження стохастичної SIR-моделі в неперервному часі, опубліковане в 1949 році Бартлеттом, поклало початок розвитку стохастичних моделей епідемічних процесів. Крім більш пізніх робіт Бартлетта (Bartlett, 1978), великий внесок в розвиток теорії випадкових процесів для моделювання епідемій внесли роботи Бейлі (Бейлі, 1970) і Уїтгла.

## 1.2 Полігамні (compartmental) моделі в епідеміології

У полігамних моделях населення деякого регіону розглядається як сукупність груп, які, як правило, відображають різний статус індивідів по відношенню до захворювання (сприйнятливі, інфіковані, хворі в різних стадіях, індивіди в стані ремісії).

Чисельності груп змінюються з часом в результаті наступних процесів:

- переходи індивідів з однієї групи в іншу внаслідок інфікування;
- розвитку захворювання, виявлення і лікування хворих індивідів;
- поповнення груп за рахунок імміграції і народжуваності;
- спад в результаті природної смертності, загибелі через хвороби і еміграції в інші регіони;

Найбільш популярними серед полігамних моделей є згадана раніше SIR-модель, в якій розглядається три групи індивідів - сприйнятливі до захворювання (Susceptible), інфіковані (Infected) і ті які перехворіли або видалені (Recovered / Removed). Передача інфекції здійснюється від інфікованих індивідів до сприйнятливих. Перехворілі індивіди набувають імунітет і не можуть бути заражені вдруге. Математично такі моделі задаються системами диференціальних (неперервний час) або різницевих (дискретний час) рівнянь. Ці рівняння описують закон зміни чисельності груп індивідів з плином часу.

Сьогодні існує ціле сімейство моделей розроблених на базі SIR:

- SIRS: «Чутливі → інфіковані → одужавші → сприйнятливі». Модель для опису динаміки захворювань з тимчасовим імунітетом.

- SEIR: «Чутливі → контактували з інфекцією (Exposed) → інфіковані → одужавші». Модель для опису поширення захворювань з інкубаційним періодом.
- SIS: «Сприйнятливі → інфіковані → сприйнятливі». Модель для поширення захворювання, до якого не виробляється імунітет.
- MSEIR: «Наділені імунітетом від народження → сприйнятливі → контактували з інфекцією (Exposed) → інфіковані → одужавші». Модель, що враховує імунітет дітей, набутий від народження.

SIR-модель перестає працювати, якщо необхідно враховувати більше даних. Наприклад, різну щільність населення в різних районах або різні шляхи передачі інфекції. Через очевидні недоліки SIR моделі багаторазово допрацьовувалися.

## РОЗДІЛ 2 SIR – МОДЕЛЬ

У цій частині буде наведено два різні формулювання SIR моделі - звичайна диференціальна форма та інтегральна форма. Інтегральна форма рівняння моделі SIR є більш загальною, ніж диференціальна. Наведемо визначення SIR моделі з урахуванням життєвої динаміки.

Класична модель SIR базується на передумові, що ймовірність інфекції розподіляється експоненційно, що означає, що швидкість переходу з однієї групи до іншої не залежить від часу. З огляду на це ми виведемо класичну форму диференціального рівняння SIR з інтегральної форми.

Модель SIR розділяє (фіксовану) популяцію  $N$  особин на три групи, які можуть змінюватися залежно від часу  $t$ :

- $S(t)$  - це сприйнятливі, але ще не заражені хворобою;
- $I(t)$  - кількість інфекційних особин;
- $R(t)$  - це ті особини, які одужали від хвороби і тепер мають до неї імунітет.

Модель описує зміну популяції кожної з цих груп з точки зору двох параметрів  $\beta$  та  $\alpha$ .  $\beta$  описує ефективну швидкість контакту захворювання: заражена особина контактує з  $\beta N$  іншими особами за одиницю часу (з них частка, яка сприйнятлива до зараження хворобою, становить  $S / N$ ).  $\alpha$  - середній коефіцієнт відновлення: тобто  $1 / \alpha$  - середній проміжок часу, протягом якого заражена особина може перехворіти.

### 2.1 Класична диференціальна форма моделі SIR

Модель можна описати системою диференціальних рівнянь:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \alpha I \\ \frac{dR}{dt} = \alpha I \end{cases} \quad (2.1)$$

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t),$$

$$S' + I' + R' = -\frac{\beta SI}{N} + \frac{\beta SI}{N} - \alpha I + \alpha I = 0.$$

Розглянемо тепер докладніше кожне з рівнянь системи (2.1). Перше рівняння описує зміну кількості людей, які не мають імунітету. Друге описує одночасно збільшення кількості заражених людей за рахунок тих, хто не має імунітету і їх зменшення за рахунок людей які одужали (або вмерлих від хвороби). Третє рівняння описує процес одужання і придбання імунітету в подальшому, або ж смерті.

## 2.2 Інтегральна форма моделі SIR

Модель можна представити в такому вигляді:

$$\begin{aligned} & \text{Кількість "інфікованих"} \\ & \text{в момент часу } t \\ & = \\ & \text{Початкова кількість "інфікованих"} \\ & \text{які ще не одужали} \\ & + \\ & \text{"інфіковані" на проміжку } [0, t] \\ & \text{які ще не одужали.} \end{aligned}$$

Нехай  $P(t)$  ймовірність того, що «інфікована» людина у момент часу  $t_0 = 0$  ще не одужає до момент часу  $t$ , тоді

$$I(t) = I(0)P(t) + \int_0^t \beta S(\tau) \frac{I(\tau)}{N} P(t - \tau) d\tau.$$

Це рівняння є нелінійним інтегральним рівнянням Вольтерра.

## 2.3 Еквівалентність диференціальної та інтегральної форми

Враховуючи те, що класична модель SIR базується на передумові, що ймовірність інфекції розподіляється експоненційно, покладемо  $P(t) = e^{-\alpha t}$ , тоді

$$I(t) = I(0)e^{-\alpha t} + \frac{\beta}{N} \int_0^t S(\tau)I(\tau)e^{-\alpha(t-\tau)} d\tau.$$

Диференціюючи відносно  $t$ , маємо:

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N} SI - \alpha \left[ I(0)e^{-\alpha t} + \frac{\beta}{N} \int_0^t S(\tau)I(\tau)e^{-\alpha(t-\tau)} d\tau \right].$$

тоді

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N} SI - \alpha I.$$

Ймовірність одуження в момент часу  $t$  становить  $Q(t) = 1 - P(t) = 1 - e^{-\alpha t}$ , тоді

$$Q'(t) = \alpha P(t), \text{ а отже } \frac{dR}{dt} = \alpha I.$$

Оскільки  $S + I + R = const$ , тоді  $S' + I' + R' = 0$ , тоді  $S' = -I' - R'$ ,

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N} SI.$$

## 2.4 Модель SIR з життєвою динамікою

Існує розширена SIR-модель, яка враховує мінливість моделі в часі, а саме те, що кількість людей  $N(t)$  тепер не константа. Тобто існує смертність і народжуваність.

Для цього додамо два нових параметра:

$\mu$  - відображає середню частоту народжуваності (приєднання до мережі);

$\gamma$  - середня частота смертності (виходу з мережі).

Тоді, дана модель буде так само як і попередня описуватися системою диференціальних рівнянь, які тепер приймуть такий вигляд:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N} + \mu(N - S) \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \alpha I - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \alpha I - \gamma R. \end{cases}$$

### РОЗДІЛ 3 АНАЛІТИЧНЕ ДОСЛІДЖЕННЯ SIR МОДЕЛІ

Досліджується зв'язок між змінними  $S$  та  $I$  у фазовому просторі  $SI$ ,  $S$  та  $R$  у площині  $RS$ . Розглядається один з дуже важливих елементів епідеміології, індекс репродукції, який зазвичай позначають  $R_0$ .

#### 3.1 Фазовий простір ( $S, I$ )

Поділивши друге рівняння на перше, маємо:

$$\frac{dI}{dS} = \frac{\beta SI - \alpha IN}{-\beta SI} = \frac{\alpha N}{\beta S} - 1$$

$$\frac{dI}{dS} = \frac{\rho N}{S} - 1$$

$$\rho = \frac{\alpha}{\beta}$$

Рівняння називається фазовим портретом для епідемії, а розв'язки фазового портрету називаються фазовими кривими, їх можна отримати наступним чином:

$$I = \int \left( \frac{\rho N}{S} - 1 \right) dS = \rho N \ln(S) - S + C_1$$

$$I = \rho N \ln(S) - S + N - \rho N \ln(S_0) \quad (3.1)$$

$$I = \rho N \ln\left(\frac{S}{S_0}\right) - S + N$$

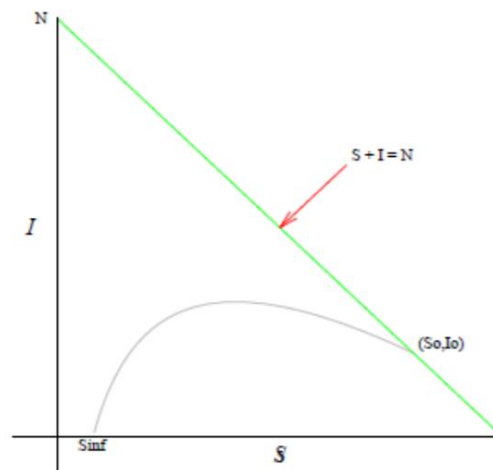


Рис.3.1

З Рис.3.1 можна побачити що :

- крива починається з  $(S_0, I_0)$ , піднімається до максимуму і переходить до  $S_\infty$ . Це означає, що епідемія припиниться через відсутність "заражених", а не через те, що всі будуть хворі;
- епідемія набуде максимального розповсюдження десь між  $S_0$  і  $S_\infty$ .

Ми можемо визначити максимальну точку наступним чином:

$$\frac{dI}{dS} = \frac{\rho N}{S} - 1.$$

Критичною точкою буде розв'язок рівняння:

$$\frac{dI}{dS} = 0.$$

Тоді,

$$\rho N = S.$$

Щоб показати, що  $I$  дійсно набуває максимального значення при  $S = \rho N$ , візьмемо другу похідні відносно  $S$ :

$$\frac{d^2 I}{dS^2} = -\frac{\rho N}{S^2} < 0,$$

значення менше 0, тоді в точці  $S = \rho N$  виникає максимум

$$I_{\max} = \rho N \ln\left(\frac{S}{S_0}\right) - S + N$$

$$I_{\max} = \rho N \ln\left(\frac{\rho N}{S_0}\right) - \rho N + N$$

$$I_{\max} = \rho N \left( \ln\left(\frac{\rho N}{S_0}\right) - 1 \right) + N.$$

Якщо  $S_0 \approx N$ , то рівняння можна записати так:

$$I_{\max} = \rho N (\ln(\rho) - 1) + N$$

### 3.2 Фазовий простір (R, S)

Якщо ми розділимо перше рівняння на третє, то отримаємо

$$\frac{dS}{dR} = -\frac{\beta SI}{\alpha I} = -\frac{S}{\rho N}, \quad \text{тоді}$$

$$S(R) = S_0 e^{-\frac{R}{\rho N}}$$

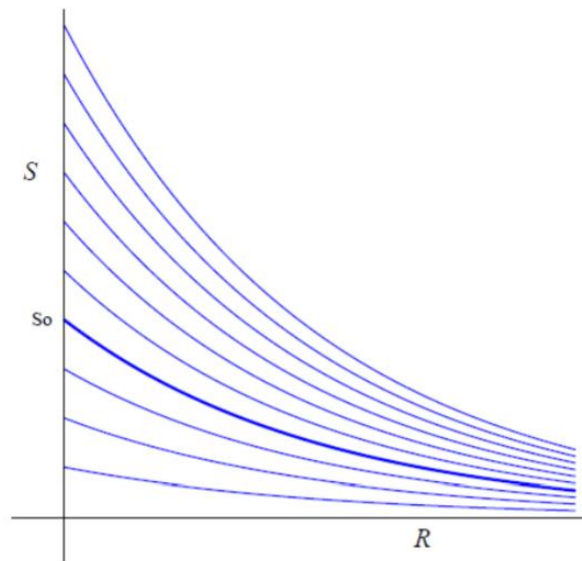


Рис.3.2

З рівняння випливає, що фазова крива RS експоненційно спадає, що означає що кількість “сприйнятливих” зменшується експоненційно у залежності від числа “одужавших”, як показано на Рис.3.2. В будь-якій епідемії може бути частина населення, яка не буде «заражена» протягом усієї епідемії, тому:

$$S(R) = S_0 e^{-\frac{R}{\rho N}} \leq S_0 e^{-\frac{1}{\rho}},$$

$$0 < S_\infty \leq N.$$

Тепер ми знаємо, що при  $t \rightarrow \infty$   $R \rightarrow R_\infty$ ,  $I \rightarrow 0$ ,  $S \rightarrow S_\infty$  тоді  $R_\infty = N - S_\infty$ .

Так як  $S_\infty = S_0 e^{-\frac{R_\infty}{\rho N}}$ , тоді

$$S_{\infty} = S_0 e^{-\frac{N-S_{\infty}}{\rho N}}.$$

Ми можемо використовувати це співвідношення для обчислення значення  $S_0$  або  $\rho$ , якщо ми знаємо одне з них.

### 3.3 Індекс (коефіцієнт) базової репродукції – $R_0$

Заражуваність вірусу вимірюється за допомогою індексу (коефіцієнта) базової репродукції –  $R_0$ . Якщо цей коефіцієнт дорівнює 1, то кожна людина заражає ще одну людину, а та потім передає вірус ще одній людині і так далі. Збільшення  $R_0$  на одиницю істотно прискорює процес. Якщо  $R_0$  дорівнює 2, це означає, що перший інфікований передає вірус ще двом людям, потім кожен з них передає інфекцію ще двом і так далі.

Індекс базової репродукції математично виражається як:

$$R_0 = \frac{1}{\rho}$$

$$R_0 = \frac{\beta}{\alpha}.$$

Значення  $R_0$  важливе для прогнозування того, чи буде епідемія чи ні.

#### Теорема 1

*Якщо  $\frac{S_0}{N} \leq \frac{\alpha}{\beta}$ , то  $I(t)$  монотонно спадає. Якщо  $\frac{S_0}{N} > \frac{\alpha}{\beta}$ , настає епідемія,*

*кількість "заражених" монотонно зростає до максимуму, потім монотонно спадає до 0.*

Теорему 1 можна інтерпретувати так:

- якщо  $S_0 \leq \rho N$ , тоді  $R_0 \leq 1$ , епідемії згасає;
- якщо  $S_0 > \rho N$ , тоді  $R_0 > 1$ , розвиток епідемії.

Таким чином, зупинка епідемії, як правило, пов'язана зі зменшенням  $R_0$  до рівня нижче 1.

Розглянемо рівняння (3.1) :

$$\begin{aligned} I &= \rho N \ln(S) - S + N - \rho N \ln(S_0) \\ I + S - \rho N \ln(S) &= N - \rho N \ln(S_0) \end{aligned} \quad (3.1)$$

Спрямуємо  $t$  до  $\infty$ ,  $I_\infty = 0$  і  $S(\infty) = S_\infty$  :

$$t \rightarrow \infty, S_\infty - \rho N \ln(S_\infty) = N - \rho N \ln(S_0).$$

Отримаємо:

$$\rho = \frac{N - S_\infty}{N \ln\left(\frac{S_0}{S_\infty}\right)}.$$

Враховуючи те, що  $R_\infty = N - S_\infty$ , рівняння можна переписати як:

$$\rho = \frac{R_\infty}{N \ln\left(\frac{S_0}{N - R_\infty}\right)}.$$

## РОЗДІЛ 4 ПРОГРАМНА РЕАЛІЗАЦІЯ

Програма моделює SIR модель.

Для реалізації програми я обрав мову Python з декількох причин:

1. По-перше, існує велика кількість бібліотек, що дозволяють використовувати готові методи реалізації кожного з кроків.
2. По-друге, простий, в порівнянні з іншими мовами програмування синтаксис, що дозволяє зосередитися на вирішенні конкретних завдань, а не на їхньому формулюванні для комп'ютера.

### 4.1 Структура програми

В ході програмної частини даної роботи були використані наступні бібліотеки Python (Рис.4.1):

- Scipy - бібліотека, з широким колом повноважень, що володіє безліччю методів відразу в декількох сферах математики. Саме в даній роботі була використана для вирішення системи диференціальних рівнянь;
- Numpy - одна з фундаментальних бібліотек мови Python, що володіє можливостями для роботи з багатовимірними масивами та високорівневими математичними функціями. У даній роботі була використана так само для вирішення системи диференціальних рівнянь;
- Matplotlib - бібліотека, створена для візуалізації даних. У даній роботі була використана для побудови графіків і первинної оцінки працездатності моделі.

```
import numpy as np
from scipy.integrate import odeint
import matplotlib.pyplot as plt
```

Рис.4.1

На рис.4.2 реалізуємо функцію `sir`, яка описує систему диференціальних рівнянь:

```
# The SIR model differential equations.
def sir(y, t, N, beta, alpha):
    S, I, R = y
    dSdt = -beta * S * I / N
    dIdt = beta * S * I / N - alpha * I
    dRdt = alpha * I
    return dSdt, dIdt, dRdt
```

Рис.4.2

Реалізуємо функції для виведення результатів (Рис.4.3):

```
# Plot template
def plotTemplate(ax):
    ax.set_xlabel('Time /days')
    ax.set_ylabel('Number (1000s)')
    ax.set_ylim(0, 1.2)
    ax.yaxis.set_tick_params(length=0)
    ax.xaxis.set_tick_params(length=0)
    ax.grid(b=True, which='major', c='w', lw=2, ls='-')
    legend = ax.legend()
    legend.get_frame().set_alpha(0.5)
    for spine in ('top', 'right', 'bottom', 'left'):
        ax.spines[spine].set_visible(False)
    plt.show()

# Plot the data on three separate curves for S(t), I(t) and R(t)
def plotSir(t, S, I, R):
    fig = plt.figure(facecolor='w')
    ax = fig.add_subplot(111, facecolor='#dddddd', axisbelow=True)
    ax.plot(t, S / 1000, 'b', alpha=0.5, lw=2, label='Susceptible')
    ax.plot(t, I / 1000, 'r', alpha=0.5, lw=2, label='Infected')
    ax.plot(t, R / 1000, 'g', alpha=0.5, lw=2, label='Recovered with immunity')
    plotTemplate(ax)
```

Рис.4.3

Задамо вхідні данні (Рис.4.4):

- $N = 1000$  – чисельність популяції;
- $I_0 = 1$  – початкова кількість інфікованих;
- $R_0 = 0$  – початкова кількість одужаних;
- $\beta = 0.3$  – швидкість контакту;
- $\alpha = 0.1$  – швидкість одужання;

```

# Total population, N.
N = 1000
# Initial number of infected and recovered individuals, I0 and R0.
I0 = 1
R0 = 0
# Everyone else, S0, is susceptible to infection initially.
S0 = N - I0 - R0
# Contact rate, beta, and mean recovery rate, alpha, (in 1/days).
beta, alpha = 0.3, 0.1

```

Рис.4.4

Знаходимо розв’язки і будуємо графік (Рис.4.5):

```

# A grid of time points (in days)
t = np.linspace(0, 160, 160)
# Initial conditions vector
y0 = S0, I0, R0
# Integrate the SIR equations over the time grid, t.
res = odeint(sir, y0, t, args=(N, beta, alpha))
S, I, R = res.T

# Plot the data on three separate curves for S(t), I(t) and R(t)
plotSir(t, S, I, R)

```

Рис.4.5

З повною програмною реалізацією можна ознайомитися в додатку.

## 4.2 Отримані результати

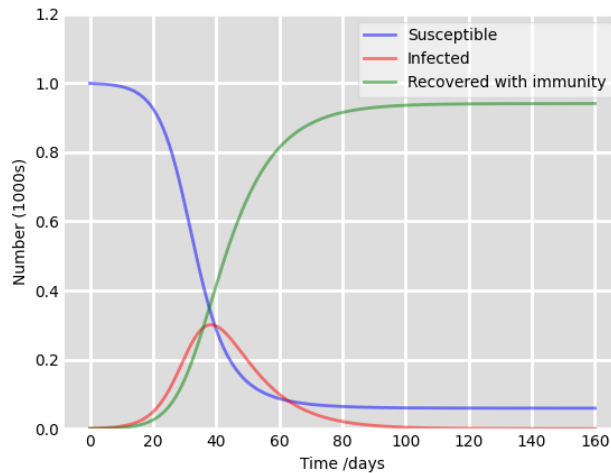


Рис.4.6

Графік демонструє динаміку величин S, I, R (Рис.4.6).

## 4.3 Підтвердження аналітичних результатів

Перше, що можна побачити аналізуючи графік на Рис.4.6, кількість сприятливих S монотонно спадає, а кількість одужавших R монотонно зростає на всьому часовому проміжку. Також видно, що в кінці епідемії кількість інфікованих прямує до 0, кількість сприятливих і одужавших лежить в межах від 0 до N. Це доводить той факт що  $S_{\infty} + R_{\infty} = N$ .

Проаналізуємо динаміку зміни кількості інфікованих осіб I. З графіку видно, що крива I зростає до  $I_{\max}$  і потім спадає до 0. Використовуючи формулу яку ми вивели в частині 3.1 знайдемо  $I_{\max}$  :

$$I_{\max} = \rho N (\ln(\rho) - 1) + N$$

$$\rho = \frac{\alpha}{\beta} = \frac{0.1}{0.3} = \frac{1}{3}$$

$$I_{\max} = \frac{1}{3} \times 1000 \times \left( \ln\left(\frac{1}{3}\right) - 1 \right) + 1000 \approx 300.$$

Також не складно знайти кількість сприятливих осіб в пік епідемії:

$$S^* = \rho N = \frac{1}{3} \times 1000 \approx 333$$

Видно, що отримані значення  $I_{\max}$  і  $S^*$  співпадають з графіком нашої системи. Отже, в пік епідемії буде хворіти 300 осіб із 1000, іншими словами 30% населення, в той час як 33% населення ще будуть залишатися сприятливими до захворювання.

З теореми 1 ми знаємо, що для розвитку епідемія потрібно, щоб виконувались умови:  $S_0 > \rho N$  та  $R_0 > 1$ . В нашому випадку:

$$S_0 = 999$$

$$\rho N = \frac{1000}{3} \approx 333,$$

порахуємо коефіцієнт базової репродукції  $R_0$ :

$$R_0 = \frac{1}{\rho} = 3,$$

$S_0$  значно перевищує  $\rho N$  і  $R_0 > 1$ , тому виникає епідемія.

Змінимо значення  $\lambda$  в нашій моделі, для того щоб  $R_0$  став менше 1 (Рис.4.7):

$$\lambda = 0.4$$

$$\beta = 0.3$$

$$R_0 = \frac{\beta}{\alpha} = 0.75 < 1.$$

```
# Total population, N.
N = 1000
# Initial number of infected and recovered individuals, I0 and R0.
I0 = 1
R0 = 0
# Everyone else, S0, is susceptible to infection initially.
S0 = N - I0 - R0
# Contact rate, beta, and mean recovery rate, alpha, (in 1/days).
beta, alpha = 0.3, 0.4
```

Рис.4.7

Результат зображений на Рис.4.8:

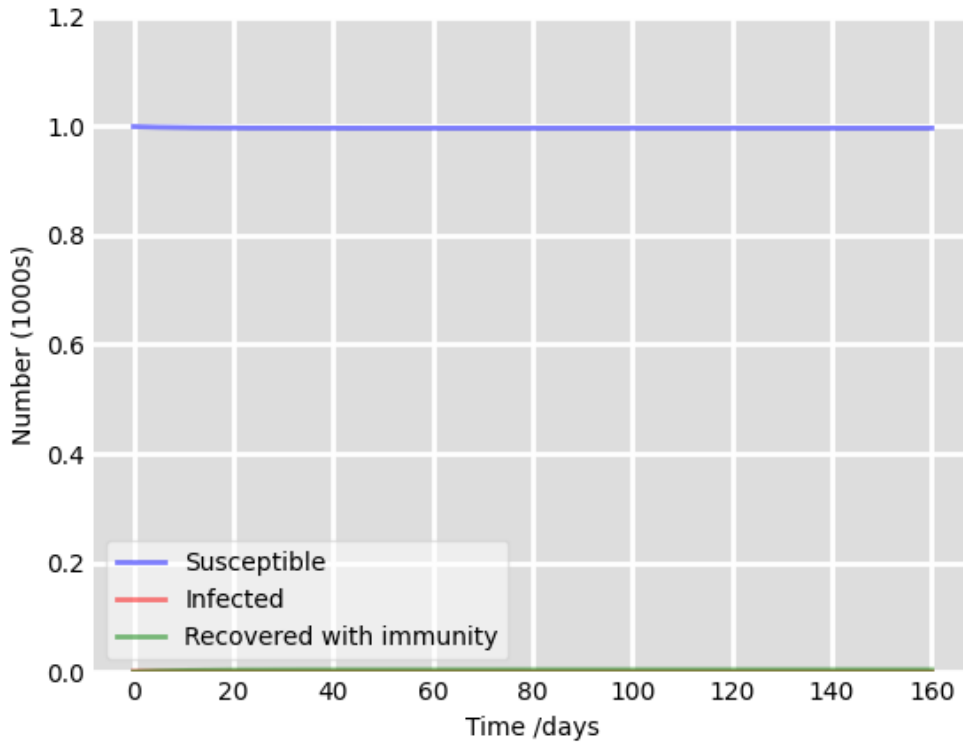


Рис.4.8

З графіку видно що епідемія не розвивається, що підтверджує коректність теореми 1.

#### 4.4 Моделювання епідемії з впровадженням карантину

Одним із способів зменшити поширення вірусу в суспільстві є впровадження карантину. Карантин зменшує кількість контактів між людьми, завдяки чому коефіцієнт репродукції опускається до рівня нижче одиниці. Для того, щоб зрозуміти, як саме впливає карантин і ізоляція на розповсюдження вірусу, змодельюємо відповідну систему.

Модифікуємо програму з частини 4.1 наступним чином:

- визначимо нову змінну  $L$ , яка дорівнює тривалості епідемії до впровадження карантину ;

- визначимо функцію  $R_0(t)$ , коефіцієнта репродукції, яка повертає значення  $\frac{\beta}{\alpha}$  до початку карантину і 0.9 після;
- визначимо нову функцію  $\beta_2(t)$ , яка рахує динамічно значення  $\beta$  через добуток  $R_0(t)$  та  $\alpha$ ;
- визначимо функцію  $\text{sir}_2()$ , яка буде аналогічна функції  $\text{sir}()$ , але залежати від  $\beta_2(t)$ ;
- всі початкові умови залишаємо без змін.

Повний код програми можна подивитися в додатку.

Після впровадження вищезазначених змін, отримаємо такий результат (Рис.4.9):

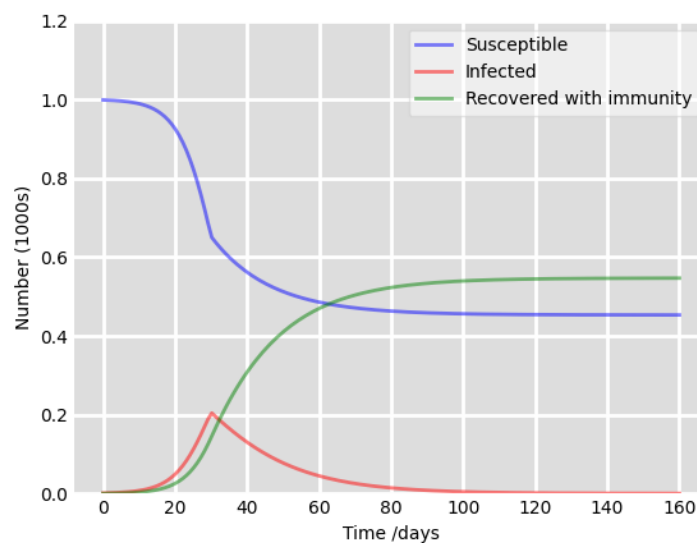


Рис.4.9

На графіку Рис.4.9 добре видно, як після впровадження карантину на 30 день, кількість інфікованих різко почала спадати. Також можна побачити, що крива S стала менш пологою, відповідно менше людей починало хворіти.

Для того, щоб розуміти, як змінилась кількість одужавших осіб, порівняно з моделлю розглянутою в частині 4.1, побудуємо графік (4.10):

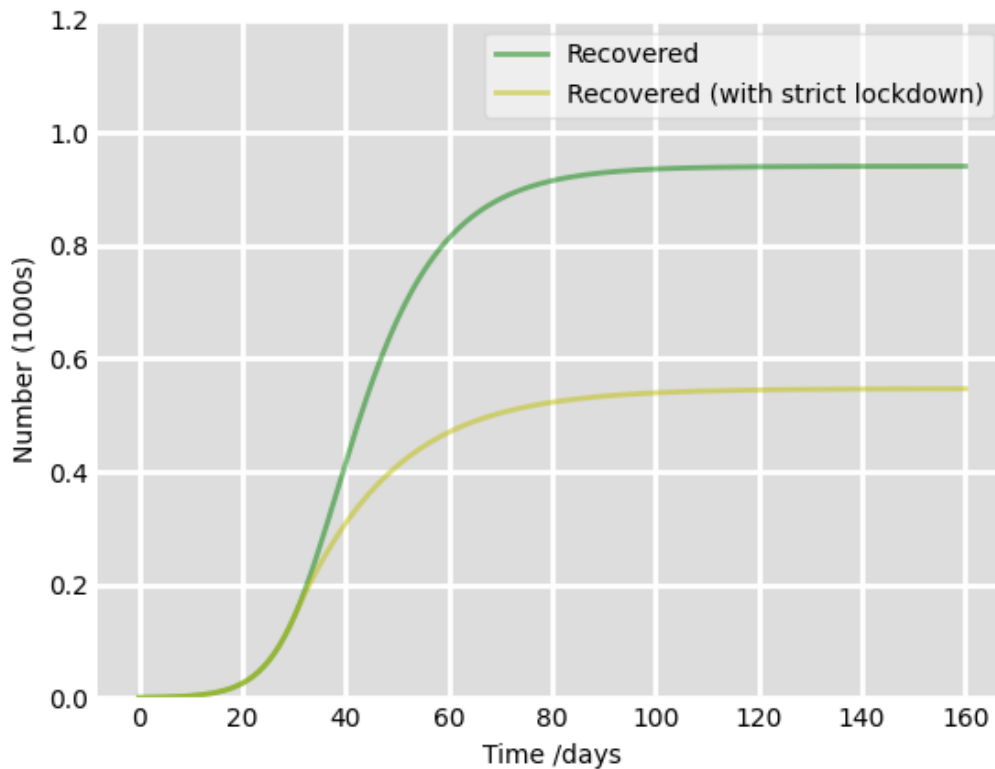


Рис.4.10

На графіку видно, що карантин зміг зменшити кількість людей, які хворіли за весь час епідемії, майже в двічі, якщо раніше цей показник перевищував 90 % всього населення, то зараз - він зменшився до рівня менше 60%.

Індекс репродукції нинішнього коронавірусу становить близько трьох, однак оцінки різняться.

Зараз всі країни намагаються опустити коефіцієнт репродукції нижче одиниці, сподіваючись, що при повільних темпах поширення інфекції можна буде послабити обмежувальні заходи, дозволити людям повернутися в офіси, відкрити ресторани та інші заклади сфери послуг.

Дійти до такого зниження індексу - не означає перемогти вірус, але при низькому індексі - поширення інфекції можна буде контролювати за допомогою більш сприятливих для економіки заходів - носіння масок, масового тестування, відстеження контактів і своєчасного ізолювання людей з симптомами. Принаймі, на це сподіваються вчені і чиновники.

## ВИСНОВОК

В результаті даної роботи було проведене аналітичне дослідження та програмна реалізація SIR моделі. Аналітичні розв'язки були програмно підтверджені. Також був проаналізований випадок впровадження ізоляції і карантину в модель розповсюдження вірусу. Отримані результати добре демонструють вплив обмежувальних заходів на хід епідемії.

Класична епідеміологічна модель SIR є однією з найбільш ранніх і найважливіших моделей математичної біології. Вона містить найважливіші ознаки епідеміології, а саме: “Сприйнятливі”, “Інфіковані” та “Вилікувані”.

Базова модель SIR має обмеження, але воно надійна і може бути легко розширене. Залежно від типу досліджуваної хвороби, можна змінити її, включивши ще деякі аспекти захворювання. В результаті є багато варіантів цієї моделі: SIS, SEIR, MSIR, SIRS, SQIR.

## СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. В. Д. Кошманенко, І. В. Самойленко Модель динамічної системи конфліктної тріади
2. Teri Johnson, Mathematical Modeling of Disease. Susceptible-Infected-Recovered (SIR) model, Math 409 Senior Seminar, University of Minnesota
3. Vrushali A Boki, Lecture Note, Introduction to the Mathematics of Infectious Disease
4. 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
5. Murray, James D Mathematical Biology I. An Introduction
6. Huppert G. Katriel Mathematical modelling and prediction in infectious disease epidemiology
7. J. Arino, Diseases in metapopulations, in Modeling and Dynamics of Infectious Diseases
8. H.W. Hethcote 1976 Qualitative analyses of communicable disease models

## ДОДАТОК

```

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

# Plot template
def plotTemplate(ax):
    ax.set_xlabel('Time /days')
    ax.set_ylabel('Number (1000s)')
    ax.set_ylim(0, 1.2)
    ax.yaxis.set_tick_params(length=0)
    ax.xaxis.set_tick_params(length=0)
    ax.grid(b=True, which='major', c='w', lw=2, ls='-')
    legend = ax.legend()
    legend.get_frame().set_alpha(0.5)
    for spine in ('top', 'right', 'bottom', 'left'):
        ax.spines[spine].set_visible(False)
    plt.show()

# Plot the data on three separate curves for S(t), I(t) and R(t)
def plotSir(t, S, I, R=None):
    fig = plt.figure(facecolor='w')
    ax = fig.add_subplot(111, facecolor='#dddddd', axisbelow=True)
    ax.plot(t, S / 1000, 'b', alpha=0.5, lw=2, label='Susceptible')
    ax.plot(t, I / 1000, 'r', alpha=0.5, lw=2, label='Infected')
    if R is not None:
        ax.plot(t, R / 1000, 'g', alpha=0.5, lw=2, label='Recovered with immunity')
    plotTemplate(ax)

# The SIR model differential equations.
def sir(y, t, N, beta, alpha):
    S, I, R = y
    dSdt = -beta * S * I / N
    dIdt = beta * S * I / N - alpha * I
    dRdt = alpha * I

    return dSdt, dIdt, dRdt

```

```

# Total population, N.
N = 1000
# Initial number of infected and recovered individuals, I0 and R0.
I0 = 1
R0 = 0
# Everyone else, S0, is susceptible to infection initially.
S0 = N - I0 - R0
# Contact rate, beta, and mean recovery rate, gamma, (in 1/days).
beta, alpha = 0.3, 0.1

# A grid of time points (in days)
t = np.linspace(0, 160, 160)

)## SIR model

)## Initial conditions vector
y0 = S0, I0, R0
# Integrate the SIR equations over the time grid, t.
res = odeint(sir, y0, t, args=(N, beta, alpha))
S, I, R = res.T

# Plot the data on three separate curves for S(t), I(t) and R(t)
plotSir(t, S, I, R)

# On day L, a strict "lockdown" is enforced
L = 30

# The Basic Reproductive Rate
)def R_0(t):
)    return beta / alpha if t < L else 0.9

# Contact rate in terms of a R_0
)def beta2(t):
)    return R_0(t) * alpha

# rewritten function sir() with beta (t)
)def sir2(y, t, N, beta, alpha):
    S, I, R = y
    dSdt = -beta(t) * S * I / N
    dIdt = beta(t) * S * I / N - alpha * I
    dRdt = alpha * I

)    return dSdt, dIdt, dRdt

```

```

# Integrate the SIR equations over the time grid, t.
res = odeint(sir2, y0, t, args=(N, beta2, alpha))
S2, I2, R2 = res.T

# Plot the data on three separate curves for S(t), I(t) and R(t)
plotSir(t, S2, I2, R2)

# Plot the recovered individuals R and recovered individuals R2 (lockdown)
def plotR_R2(t, R, R2):
    fig = plt.figure(facecolor='w')
    ax = fig.add_subplot(111, facecolor='#dddddd', axisbelow=True)
    ax.plot(t, R / 1000, 'g', alpha=0.5, lw=2, label='Recovered')
    ax.plot(t, R2 / 1000, 'y', alpha=0.5, lw=2, label='Recovered (lockdown)')
    plotTemplate(ax)

plotR_R2(t, R, R2)

```

