

**ЛЬВІВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ**  
**ІМЕНІ ІВАНА ФРАНКА**  
МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ  
**ЛЬВІВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ ІМЕНІ ІВАНА ФРАНКА**  
Факультет прикладної математики та інформатики  
Кафедра прикладної математики

**Дипломна робота**

**ТЕМА РОБОТИ**

Комп'ютерне моделювання розповсюдження вірусів  
за допомогою систем звичайних диференціальних рівнянь

Виконав: студент групи ПМП-42  
спеціальності

113 - прикладна математика

\_\_\_\_\_ Бакай Г.Я. \_\_\_\_\_  
(прізвище та ініціали)

Керівник \_\_\_\_\_ Стягар А.О. \_\_\_\_\_  
(прізвище та ініціали)

Рецензент \_\_\_\_\_  
(прізвище та ініціали)

## ЗМІСТ

ВСТУП .....	3
РОЗДІЛ 1: ТЕОРИТИЧНА ЧАСТИНА .....	4
1.1 SIR.....	4
1.2 SEIR.....	6
1.3 SEIHCARD.....	8
1.4 Практичне застосування SEIHCARD.....	11
1.5 Методи числового розв'язку систем звичайних диференціальних рівнянь.....	12
1.6 Метод Рунге-Кута .....	14
РОЗДІЛ 2 : Програмна реалізація.....	16
2.1 Типи.....	16
2.2 Коефіцієнти.....	18
2.4 Метод Рунге-Кута 4-го порядку в програмній реалізації .....	20
2.4 Інтерфейс програми .....	23
2.5 Оцінка значень .....	26
На рисунку 2.5 зображено процес моделювання розповсюдження вірусі серед 20 тисяч осіб і 1 інфікованих, коефіцієнти зображенні на рисунку...	26
ВИСНОВОК.....	31
СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ .....	33

## ВСТУП

Моделювання розповсюдження біологічних вірусів є важливим інструментом у дослідженні та прогнозуванні епідемій та пандемій. Це дозволяє нам отримати уявлення про динаміку поширення вірусу, визначити фактори, що впливають на його поширення та розробити стратегії контролю та запобігання захворюванням.

Одним із підходів до моделювання розповсюдження вірусів є використання системи диференціальних рівнянь. Диференціальні рівняння описують залежності між різними змінними, такими як кількість інфікованих осіб, кількість підозрілих випадків та інші фактори, що впливають на поширення вірусу[1].

Модель на основі диференціальних рівнянь дозволяє уявити населення як систему категорії населення, де кожен компартмент представляє підгрупу осіб з певним станом, наприклад, вразливі, інфіковані, вилікувані тощо. Зміна кількості осіб у кожному компартменті відбувається з часом залежно від різних факторів, таких як швидкість передачі вірусу, швидкість одужання, швидкість смертності тощо.

Для розв'язання системи диференціальних рівнянь можна використовувати різні числові методи, включаючи метод Ейлера, метод Рунге-Кутта та багато інших. Ці методи дозволяють апроксимувати значення змінних в кожен момент часу, дозволяючи отримати інформацію про

## РОЗДІЛ 1: ТЕОРИТИЧНА ЧАСТИНА

### 1.1 SIR

Моделювання розповсюдження біологічних вірусів за допомогою диференціальних рівнянь включає в себе визначення моделі, параметрів та методів розв'язування. Основою цієї моделі є модель категорії населення, яка розділяє населення на різні групи або компартменти в залежності від їх стану щодо вірусу[**Ошибка! Источник ссылки не найден.**].

Один з найпоширеніших підходів до моделювання розповсюдження вірусів є модель SIR, яка розділяє населення на три групи: вразливі (S - susceptible), інфіковані (I - infectious) та вилікувані (R - recovered). Зміна кількості осіб у кожному компартменті залежить від переходів між ними.

У моделі SIR зміна кількості вразливих осіб залежить від двох факторів: швидкості передачі вірусу ( $\beta$ ) та контактів між вразливими та інфікованими особами. Вираз для зміни кількості вразливих осіб може мати вигляд:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta * S * I$$

Зміна кількості інфікованих осіб залежить від кількості вразливих осіб, швидкості передачі вірусу та швидкості одужання ( $\gamma$ ). Вираз для зміни кількості інфікованих осіб може бути записаний таким чином:

$$\frac{dI}{dt} = \beta * S * I - \gamma * I$$

Зміна кількості вилікуваних осіб залежить від швидкості одужання ( $\gamma$ ) та кількості інфікованих осіб. Вираз для зміни кількості вилікуваних осіб може мати вигляд:

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

Ці три рівняння диференціальних рівнянь утворюють систему, яку можна розв'язати для визначення змін у кількості осіб у кожній категорії населення з плином часу.

Один з чисельних методів для розв'язання цієї системи диференціальних рівнянь - метод Ейлера. Він ґрунтується на апроксимації похідних за допомогою різницевої різниці. Застосовуючи метод Ейлера, можна розрахувати значення змінних у кожен момент часу, використовуючи попередні значення та значення похідних. Цей процес повторюється крок за кроком до досягнення бажаного часу моделювання.

В результаті моделювання можна отримати інформацію про динаміку поширення вірусу, таку як кількість інфікованих осіб, кількість вразливих осіб, час досягнення піку епідемії тощо. Ця інформація може бути корисною для розробки стратегій контролю, вакцинації та інших заходів для управління розповсюдженням біологічних вірусів.

Використовуючи системи диференціальних рівнянь для моделювання розповсюдження біологічних вірусів, дослідники можуть аналізувати різні сценарії, включаючи різні значення параметрів та інтервенції, що допомагають краще розуміти динаміку епідемій та забезпечити належні стратегії управління здоров'ям населення.

## 1.2 SEIR

Розглянемо складнішу модель SEIR (Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered), яка є розширенням моделі SIR, додано додаткову категорію населення "Exposed" (E), що відображає період інкубації, коли особа заражена, але ще не стала інфекційною. Таким чином, модель SEIR враховує розподіл осіб на чотири групи[4].

Загальна система диференціальних рівнянь для моделі SEIR може бути записана наступним чином:

$$\frac{dS}{dt} = -beta * S * I / N$$

Зміна кількості вразливих осіб

$$\frac{dE}{dt} = beta * S * I / N - sigma * E$$

Зміна кількості осіб у періоді інкубації

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

Зміна кількості інфікованих осіб

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

Зміна кількості вилікуваних осіб

У цих рівняннях:

- S - кількість вразливих осіб
- E - кількість осіб у періоді інкубації
- I - кількість інфікованих осіб

- $R$  - кількість вилікуваних осіб
- $N$  - загальна кількість населення
- $\beta$  - швидкість передачі вірусу
- $\sigma$  - інверсний середній час інкубації
- $\gamma$  - інверсний середній час одужання

Модель SEIR може бути додатково розширена для врахування факторів, таких як смертність, вакцинація, імунітет тощо. Для розв'язання системи диференціальних рівнянь моделі SEIR можна використовувати числові методи, такі як метод Ейлера, метод Рунге-Кутта або більш точні чисельні методи, які дозволяють апроксимувати зміну кількості осіб у кожен момент часу[3].

Моделювання розповсюдження біологічних вірусів за допомогою моделі SEIR допомагає розуміти динаміку епідемій, прогнозувати розповсюдження вірусів в різних сценаріях та оцінювати ефективність різних стратегій контролю та втручань для зменшення ризиків для здоров'я громади.

### 1.3 SEIHCRD

Модель SEIHCRD (Susceptible-Exposed-Infectious-Hospitalized-Critical-Recovered-Dead)[**Ошибка! Источник ссылки не найден.**] є розширенням моделі SEIR, яка враховує додаткові категорії населення для відображення хворих, що потребують госпіталізації та інтенсивної медичної допомоги.

У моделі SEIHCRD, вирази для зміни кількості осіб в кожній категорії населення включають такі елементи:

1. S (Susceptible): Кількість вразливих осіб, які ще не були вплинуті вірусом.
2. E (Exposed): Кількість осіб у періоді інкубації, які були вплинуті вірусом, але ще не стали інфекційними.
3. I (Infectious): Кількість інфекційних осіб, які можуть передавати вірус іншим особам.
4. H (Hospitalized): Кількість хворих, які потребують госпіталізації та медичного спостереження.
5. C (Critical): Кількість критичних випадків, які потребують інтенсивної медичної допомоги, наприклад, використання штучного дихання або інших критичних процедур.
6. R (Recovered): Кількість осіб, які одужали від вірусу та набули імунітету.
7. D (Dead): Кількість осіб, які померли від ускладнень, пов'язаних з вірусом.

У системі диференціальних рівнянь для моделі SEIHCRD враховуються наступні процеси:

$$\frac{dS}{dt} = -\text{beta} * S * (I + H + C) / N$$

Зміна кількості вразливих осіб



$$\frac{dE}{dt} = \text{beta} * S * (I + H + C) / N - \text{sigma} * E$$

Зміна кількості осіб у періоді інкубації

$$\frac{dI}{dt} = \text{sigma} * E - (\text{gamma} + \text{mu}) * I$$

Зміна кількості інфекційних осіб

$$\frac{dH}{dt} = \text{gamma} * I - (\text{eta} + \text{delta}) * H$$

Зміна кількості хворих, що потребують госпіталізації

$$\frac{dC}{dt} = \text{delta} * H - (\text{alpha} + \text{rho}) * C$$

Зміна кількості критичних випадків

$$\frac{dR}{dt} = \text{eta} * H + \text{alpha} * C$$

Зміна кількості вилікованих осіб

$$\frac{dD}{dt} = \text{rho} * C$$

Зміна кількості померлих осіб

У цих рівняннях:

- N - загальна кількість населення
- beta - швидкість передачі вірусу
- sigma - інверсний середній час інкубації
- gamma - інверсний середній час одужання
- mu - інверсний середній час смертності

- $\eta$  - інверсний середній час госпіталізації
- $\delta$  - інверсний середній час переходу з госпіталізації в критичний стан
- $\alpha$  - інверсний середній час одужання від критичного стану
- $\rho$  - інверсний середній час смертності серед критичних випадків

Модель SEIHCRD дозволяє більш детально вивчити процеси розповсюдження вірусу та вплив на систему охорони здоров'я, дозволяючи оцінити потреби в госпіталізації та інтенсивній медичній допомозі, а також прогнозувати кількість одужань та смертей від вірусу. Це допомагає управлінцям охорони здоров'я розробляти ефективні стратегії для подолання епідемії та збереження життів.

## 1.4 Практичне застосування SEIHCARD

Модель SEIHCARD може бути використана для моделювання та прогнозування розповсюдження певних біологічних вірусів або хворіб, які мають характерність потребувати госпіталізації та інтенсивної медичної допомоги. Деякі приклади, коли може застосовуватися модель SEIHCARD:

1. Епідемії інфекційних хворіб: Модель SEIHCARD може бути застосована для прогнозування розповсюдження хвороби, яка вимагає госпіталізації та медичного спостереження, наприклад, гострого респіраторного синдрому (SARS), спалахів грипу або нових інфекцій.

2. Пандемії: У випадку пандемії, де масова кількість людей може бути інфікована, модель SEIHCARD може бути використана для прогнозування потенційного навантаження на систему охорони здоров'я, включаючи кількість госпіталізованих та критичних випадків, а також прогнозування кількості одужань та смертей.

3. Вірусні хвороби з високим ризиком: Деякі вірусні хвороби, такі як вірус Ебола або СНІД, можуть вимагати госпіталізації та інтенсивної медичної допомоги. Модель SEIHCARD може бути використана для вивчення динаміки розповсюдження таких хворіб та оцінки впливу на систему охорони здоров'я.

4. Планування здоров'я громади: Модель SEIHCARD може бути використана для планування медичних ресурсів та прийняття рішень щодо заходів з контролю та втручання в разі виникнення епідемії. Вона дозволяє оцінити ефективність різних стратегій контролю та прогнозувати наслідки різних сценаріїв, що допомагає здійснювати інформоване прийняття рішень для збереження здоров'я громади.

Застосування моделі SEIHCARD дозволяє отримати більш детальні прогнози та розуміння процесів розповсюдження вірусів та їх вплив на систему охорони здоров'я, що є цінною інформацією для прийняття рішень у сфері громадського здоров'я.

## 1.5 Методи числового розв'язку систем звичайних диференціальних рівнянь

Існує кілька методів розв'язку систем звичайних диференціальних рівнянь, які можна використовувати для моделювання розповсюдження біологічних вірусів. Ось декілька основних методів:

1. Метод Ейлера: Цей метод є одним з найпростіших числових методів для розв'язання диференціальних рівнянь. Він базується на апроксимації похідної різницею виразом та ітераційному оновленні значень змінних. Метод Ейлера досить простий для реалізації, але може мати обмежену точність.

2. Метод Рунге-Кутти: Цей метод використовує кілька кроків оновлення значень змінних, що дозволяє досягти більшої точності порівняно з методом Ейлера. Найпопулярнішим варіантом методу Рунге-Кутти є метод четвертого порядку, який використовує чотири кроки оновлення значень змінних.

3. Методи Рунге-Кутти-Фельберга: Ці методи є удосконаленням методу Рунге-Кутти і дозволяють автоматично адаптувати розмір кроку, залежно від точності розв'язку. Найвідоміший метод цього класу - метод Рунге-Кутти-Фельберга 4-5 порядку, який використовує два різних кроки для оцінки точності і вибору наступного кроку.

4. Методи Розенброка: Ці методи є ітераційними методами, які використовують апроксимацію матриці Якобі для розв'язання системи диференціальних рівнянь. Вони забезпечують високу точність та стабільність і можуть бути ефективними для складних систем.

Крім цих основних методів, існує багато інших чисельних методів, які можуть бути використані для розв'язання диференціальних рівнянь, таких як методи Рунге-Кутти-Мерсона, методи симплектичних інтеграторів, методи

скінченних елементів та інші. Вибір методу залежить від характеру диференціальних рівнянь, їх складності та вимог до точності розв'язку.

## 1.6 Метод Рунге-Кутта

Метод Рунге-Кута є чисельним методом для розв'язання звичайних диференціальних рівнянь (ЗДР). Цей метод використовується для апроксимації розв'язку ЗДР та наближеного обчислення функцій на певних проміжках[1].

Один з найбільш популярних варіантів методу Рунге-Кута є метод Рунге-Кута четвертого порядку. Цей метод використовує чотири проміжних значення, що дозволяє досягти вищої точності порівняно з меншими порядками методу.

Основна ідея методу Рунге-Кутта полягає у використанні кількох кроків для оновлення значень розв'язку ЗДР. Процес розв'язання ЗДР за допомогою методу Рунге-Кутта четвертого порядку може бути описаний наступним чином:

- Задаємо початкові значення для розв'язку ЗДР та параметри методу (крок часу, початковий час, кінцевий час тощо).
- Перебігаємо кроки часу від початкового часу до кінцевого часу з відповідним кроком.
- На кожному кроці часу обчислюємо чотири проміжних значення, використовуючи похідні та попередні значення розв'язку.
- За допомогою вагового середнього з проміжних значень обчислюємо нове значення розв'язку на поточному кроці часу.
- Оновлюємо значення розв'язку та переходимо до наступного кроку часу.
- Повторюємо кроки 3-5 до досягнення кінцевого часу.

Метод Рунге-Кутта четвертого порядку дозволяє досягти більшої точності, оскільки використовує більше проміжних значень та більш складні формули оновлення. Цей метод часто використовується для чисельного

розв'язання диференціальних рівнянь, включаючи моделі у науці, інженерії та багатьох інших областях.

## РОЗДІЛ 2 : Програмна реалізація

### 2.1 Типи

```
double S = double.Parse(PeopleCount.Text); // susceptible
        double E = double.Parse(InfectiousCount.Text); // exposed
        double I = 0; // infectious
        double H = 0; // hospitalized
        double C = 0; // critical
        double R = 0; // recovered
        double D = 0; // deceased
```

В нашій програмі відображено 7 типів людей в залежності від перебігу захворювання , 2 з яких ми вводимо в інтерфейсі програми , це є кількість людей які можуть бути інфіковані і к-сть людей які захворіли але ще не проявляють симптомів

SEIHCRD є моделлю, яка використовується для моделювання розповсюдження біологічних вірусів. Кожна літера в аббревіатурі відповідає конкретній категорії осіб у популяції і представляє певний стан або фазу зараження. Основні змінні у моделі SEIHCRD включають:

1. S (Susceptible): Ця змінна представляє кількість осіб, які ще не були заражені вірусом і є схильними до зараження.
2. E (Exposed): Ця змінна представляє кількість осіб, які були заражені, але ще не проявили симптоми зараження. Вони можуть бути потенційно заразними.
3. I (Infectious): Ця змінна представляє кількість осіб, які мають активну інфекцію і можуть передавати вірус іншим людям.
4. H (Hospitalized): Ця змінна представляє кількість осіб, які потребують госпіталізації через важкі або серйозні симптоми.
5. C (Critical): Ця змінна представляє кількість осіб, які перебувають у критичному стані, потребують інтенсивної медичної допомоги та моніторингу.



6. R (Recovered): Ця змінна представляє кількість осіб, які вже одужали від захворювання і набули імунітету проти вірусу.

7. D (Deceased): Ця змінна представляє кількість осіб, які померли від ускладнень, пов'язаних з захворюванням.

Ці змінні змінюються в часі відповідно до системи диференціальних рівнянь, що описує динаміку розповсюдження вірусу та перехід між різними станами. Залежно від значень

## 2.2 Коефіцієнти

```

double beta = double.Parse(Beta.Text); // infection rate
        double alpha = double.Parse(Alpha.Text); // rate of progression
from exposed to infectious
        double gamma = double.Parse(Gamma.Text); // recovery rate
        double mu = double.Parse(Mu.Text); // death rate
        double theta = double.Parse(Theta.Text); // hospitalization
rate
        double phi = double.Parse(Phi.Text); // critical care rate
        double p = double.Parse(P.Text); // proportion of infectious
cases that are not hospitalized
        double q = double.Parse(Q.Text); // proportion of hospitalized
cases that become critical

```

Також в програмі є коефіцієнти станів між якими особа може переходити, всі ці коефіцієнти ми вводимо в інтерфейсі програми.

Коефіцієнти у моделі SEINCRD визначають рівень і швидкість розповсюдження біологічного вірусу та характеристики захворювання. Основні коефіцієнти, які використовуються в моделі, включають:

1.  $\beta$  (інфекційна швидкість): Цей коефіцієнт визначає швидкість передачі вірусу від інфікованої особи до схильної до зараження особи. Він враховує фактори, такі як контакт між особами, рівень зараження вірусу та ймовірність передачі зараження.
2.  $\alpha$  (швидкість переходу з підозрілого в експозицію): Цей коефіцієнт визначає швидкість, з якою підозрілі особи переходять у фазу експозиції, коли вони ще не є інфекційними, але можуть передавати вірус.
3.  $\gamma$  (швидкість одужання): Цей коефіцієнт визначає швидкість, з якою інфіковані особи одужують від захворювання і отримують імунітет проти вірусу.
4.  $\mu$  (швидкість смертності): Цей коефіцієнт визначає швидкість, з якою інфіковані особи помирають від ускладнень, пов'язаних з захворюванням.

5.  $\theta$  (швидкість госпіталізації): Цей коефіцієнт визначає швидкість, з якою інфіковані особи потребують госпіталізації через важкі або серйозні симптоми.

6.  $\rho$  (швидкість критичної догляду): Цей коефіцієнт визначає швидкість, з якою госпіталізовані особи переходять у стан критичного стану та потребують інтенсивної

## 2.4 Метод Рунге-Кутта 4-го порядку в програмній реалізації

```

while (t < tmax)
{
    // Calculate derivatives
    double dSdt = (-beta * S * (I + theta * H + phi * C));
    double dEdt = (beta * S * (I + theta * H + phi * C) - alpha * E);
    double dIdt = ((1 - p) * alpha * E - (gamma + mu) * I - theta * p
* I - phi * q * I);
    double dHdt = (theta * p * I - (gamma + mu) * H);
    double dCdt = (phi * q * I - (gamma + mu) * C);
    double dRdt = (gamma * (I + H + C));
    double dDdt = (mu * (I + H + C));

    // Runge-Kutta integration
    double h = dt; // step size
    double t1 = t + h / 2;

    double k1_S = dSdt;
    double k1_E = dEdt;
    double k1_I = dIdt;
    double k1_H = dHdt;
    double k1_C = dCdt;
    double k1_R = dRdt;
    double k1_D = dDdt;

    double k2_S = (-beta * (S + h / 2 * k1_S) * (I + theta * (H + h /
2 * k1_H) + phi * (C + h / 2 * k1_C)));
    double k2_E = (beta * (S + h / 2 * k1_S) * (I + theta * (H + h /
2 * k1_H) + phi * (C + h / 2 * k1_C)) - alpha * (E + h / 2 * k1_E));
    double k2_I = ((1 - p) * alpha * (E + h / 2 * k1_E) - (gamma +
mu) * (I + h / 2 * k1_I) - theta * p * (I + h / 2 * k1_I) - phi * q * (I + h / 2 *
k1_I));
    double k2_H = (theta * p * (I + h / 2 * k1_I) - (gamma + mu) * (H
+ h / 2 * k1_H));
    double k2_C = (phi * q * (I + h / 2 * k1_I) - (gamma + mu) * (C +
h / 2 * k1_C));
    double k2_R = (gamma * ((I + h / 2 * k1_I) + (H + h / 2 * k1_H) +
(C + h / 2 * k1_C)));
    double k2_D = (mu * ((I + h / 2 * k1_I) + (H + h / 2 * k1_H) + (C
+ h / 2 * k1_C)));

    double k3_S = (-beta * (S + h / 2 * k2_S) * (I + theta * (H + h /
2 * k2_H) + phi * (C + h / 2 * k2_C)));
    double k3_E = (beta * (S + h / 2 * k2_S) * (I + theta * (H + h /
2 * k2_H) + phi * (C + h / 2 * k2_C)) - alpha * (E + h / 2 * k2_E));
    double k3_I = ((1 - p) * alpha * (E + h / 2 * k2_E) - (gamma +
mu) * (I + h / 2 * k2_I) - theta * p * (I + h / 2 * k2_I) - phi * q * (I + h / 2 *
k2_I));
    double k3_H = (theta * p * (I + h / 2 * k2_I) - (gamma + mu) * (H
+ h / 2 * k2_H));
    double k3_C = (phi * q * (I + h / 2 * k2_I) - (gamma + mu) * (C +
h / 2 * k2_C));
    double k3_R = (gamma * ((I + h / 2 * k2_I) + (H + h / 2 * k2_H) +
(C + h / 2 * k2_C)));
    double k3_D = (mu * ((I + h / 2 * k2_I) + (H + h / 2 * k2_H) + (C
+ h / 2 * k2_C)));

    double k4_S = (-beta * (S + h * k3_S) * (I + theta * (H + h *
k3_H) + phi * (C + h * k3_C)));
    double k4_E = (beta * (S + h * k3_S) * (I + theta * (H + h *
k3_H) + phi * (C + h * k3_C)) - alpha * (E + h * k3_E));
    double k4_I = ((1 - p) * alpha * (E + h * k3_E) - (gamma + mu) *
(I + h * k3_I) - theta * p * (I + h * k3_I) - phi * q * (I + h * k3_I));
    double k4_H = (theta * p * (I + h * k3_I) - (gamma + mu) * (H + h
* k3_H));

```

```

k3_C));
double k4_C = (phi * q * (I + h * k3_I) - (gamma + mu) * (C + h *
* k3_C));
double k4_R = (gamma * ((I + h * k3_I) + (H + h * k3_H) + (C + h *
k3_C));
double k4_D = (mu * ((I + h * k3_I) + (H + h * k3_H) + (C + h *

// Update variables
S += (h / 6) * (k1_S + 2 * k2_S + 2 * k3_S + k4_S);
E += (h / 6) * (k1_E + 2 * k2_E + 2 * k3_E + k4_E);
I += (h / 6) * (k1_I + 2 * k2_I + 2 * k3_I + k4_I);
H += (h / 6) * (k1_H + 2 * k2_H + 2 * k3_H + k4_H);
C += (h / 6) * (k1_C + 2 * k2_C + 2 * k3_C + k4_C);
R += (h / 6) * (k1_R + 2 * k2_R + 2 * k3_R + k4_R);
D += (h / 6) * (k1_D + 2 * k2_D + 2 * k3_D + k4_D);

// Update time
t += h;
Chart1.Series["Susceptible"].Points.AddXY(t, S);
Chart1.Series["Exposed"].Points.AddXY(t, E);
Chart1.Series["Infection"].Points.AddXY(t, I);
Chart1.Series["Hospitalized"].Points.AddXY(t, S);
Chart1.Series["Critical"].Points.AddXY(t, C);
Chart1.Series["Recovered"].Points.AddXY(t, R);
Chart1.Series["Deceased"].Points.AddXY(t, D);
// Add data point
infectionDatas.Add(new InfectionData()
{
    Susceptible = S,
    Exposed = E,
    Infectious = I,
    Hospitalized = H,
    Critical = C,
    Recovered = R,
    Deceased = D,
});
}

```

Програма, яку було розроблено, використовує метод Рунге-Кутта для моделювання динаміки захворювання. Метод Рунге-Кутта є числовим методом інтегрування диференціальних рівнянь і дозволяє отримати наближені значення функцій на кожному кроці часу.

Програма працює у наступному порядку:

Ініціалізація початкових значень змінних, таких як "Susceptible", "Exposed", "Infection", "Hospitalized", "Critical", "Recovered" та "Deceased". Також встановлюється початковий час  $t$ .

У циклі `while (t < tmax)` програма обчислює похідні  $dSdt$ ,  $dEdt$ ,  $dIdt$ ,  $dHdt$ ,  $dCdt$ ,  $dRdt$  та  $dDdt$  для поточних значень змінних.

Застосування методу Рунге-Кутта для оновлення значень змінних. Кожна змінна оновлюється за формулою  $(h / 6) * (k1 + 2 * k2 + 2 * k3 + k4)$ , де  $h$  - крок

часу,  $k_1$ ,  $k_2$ ,  $k_3$  та  $k_4$  - проміжні значення, обчислені за допомогою похідних на кожному кроці.

Оновлення часу  $t$  за допомогою кроку часу  $h$ .

Візуалізація результатів на графіку. Значення змінних Susceptible, Exposed, Infection, Hospitalized, Critical, Recovered та Deceased додаються на графік, використовуючи `Chart1.Series.AddXY(t, value)`.

Збереження даних в колекції `infectionDatas`. Кожне оновлене значення змінних додається до колекції `infectionDatas` у вигляді об'єкта `InfectionData`, який містить значення змінних на кожному кроці часу.

Коли цикл завершується, дані з колекції `infectionDatas` відображаються у `listBox1` за допомогою `listBox1.DataSource = infectionDatas`. Кожен елемент відображається у форматі, заданому у перевизначеному методі `ToString()` для класу `InfectionData`.

Програма повторює ці кроки досягнення максимального значення часу  $t_{max}$ . Таким чином, вона надає можливість моделювання та візуалізації динаміки захворювання з використанням методу Рунге-Кутта.

## 2.4 Інтерфейс програми

Розробка програми проводиться на мові програмування C# на платформі WinForms і для розробки інтерфейсу ми використовуємо елементи управління такі як Button і TextBox також елементи візуалізації даних такі як Chart для візуалізації графіків перебігу хвороби і ListView для візуалізації даних в певний момент часу(Рис 2.1).

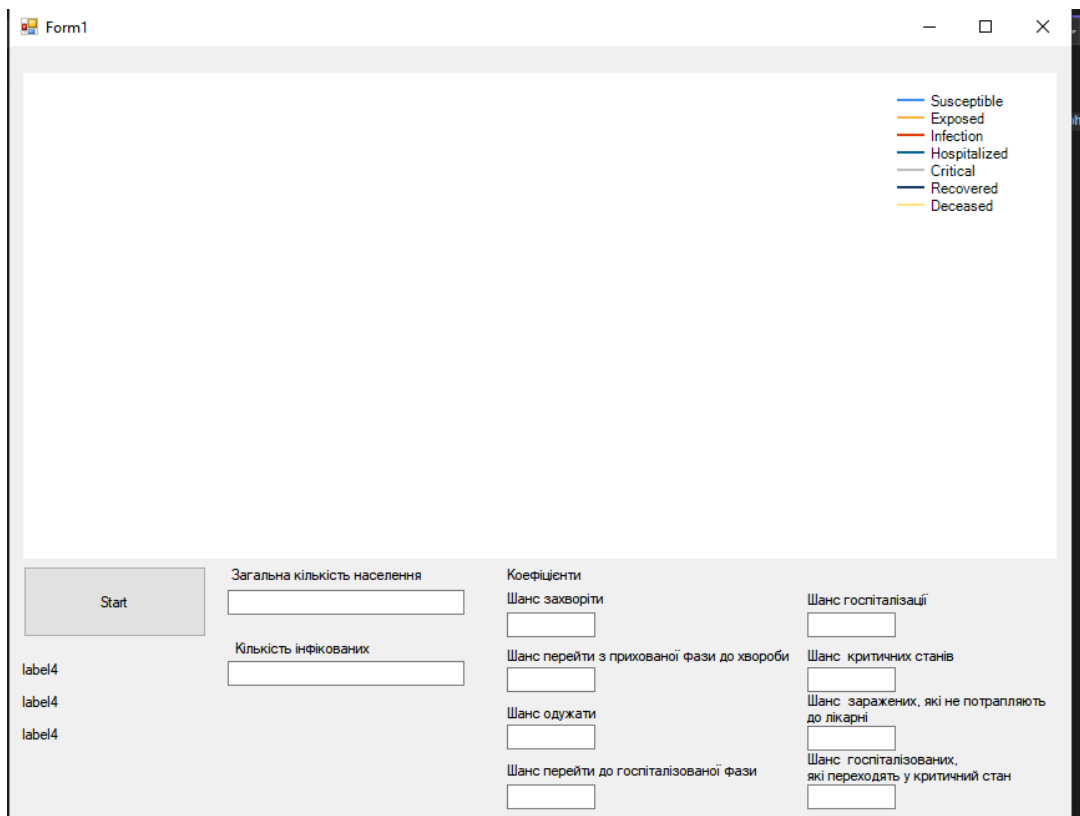


Рис 2.1 Інтерфейс програми

Головним елементом управління є звичайно кнопка Start(Рис 2.2) яка запускає процес моделювання перебігу вірусу

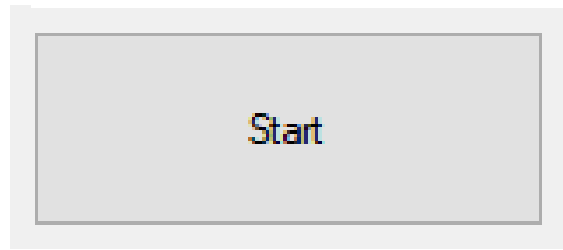


Рис 2.2 Кнопка початку моделювання

Також є два поля для введення даних про кількість населення і кількість інфікованих і прихованій фазі(Рис 2.3).

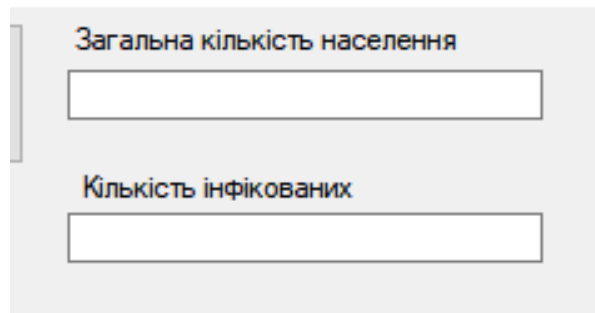


Рис 2.3 Заповнення даних про к-сть населення і к-сть інфікованих в прихованій фазі

Також 8 полів для введення коефіцієнтів які будуть застосовуватися в моделюванні(Рис 2.4).



Коефіцієнти	
Шанс захворіти	Шанс госпіталізації
<input type="text"/>	<input type="text"/>
Шанс перейти з прихованої фази до хвороби	Шанс критичних станів
<input type="text"/>	<input type="text"/>
Шанс одужати	Шанс заражених, які не потрапляють до лікарні
<input type="text"/>	<input type="text"/>
Шанс перейти до госпіталізованої фази	Шанс госпіталізованих, які переходять у критичний стан
<input type="text"/>	<input type="text"/>

Рис 2.4 Заповнення коефіцієнтів

Створимо клас для нашої програми який дозволить нам заповнювати і виводити данні у вигляді таблиці

```
public class InfectionData
{
    public double Susceptible { get; set; } // susceptible
    public double Exposed { get; set; } // exposed
    public double Infectious { get; set; } // infectious
    public double Hospitalized { get; set; } // hospitalized
    public double Critical { get; set; } // critical
    public double Recovered { get; set; } // recovered
    public double Deceased { get; set; } // deceased
    public string Full => $"вразливі {(int)Susceptible}
інкубаторний{(int)Exposed} хворі{(int)Infectious} викувані{(int)Recovered}
смерті{(int)Deceased}";
}
```

Додамо записування даних у наш попередній код

```
infectionDatas.Add(new InfectionData()
{
    Susceptible = S,
    Exposed = E,
    Infectious = I,
    Hospitalized = H,
    Critical = C,
```

```

Recovered = R,
Deceased = D,
});

```

## I заповнення даних в інтерфейс програми

```

listBox1.DataSource = infectionData;
listBox1.DisplayMember = "Full";

```

## 2.5 Оцінка значень

На рисунку 2.5 зображено процес моделювання розповсюдження вірусу серед 20 тисяч осіб і 1 інфікованих, коефіцієнти зображенні на рисунку.

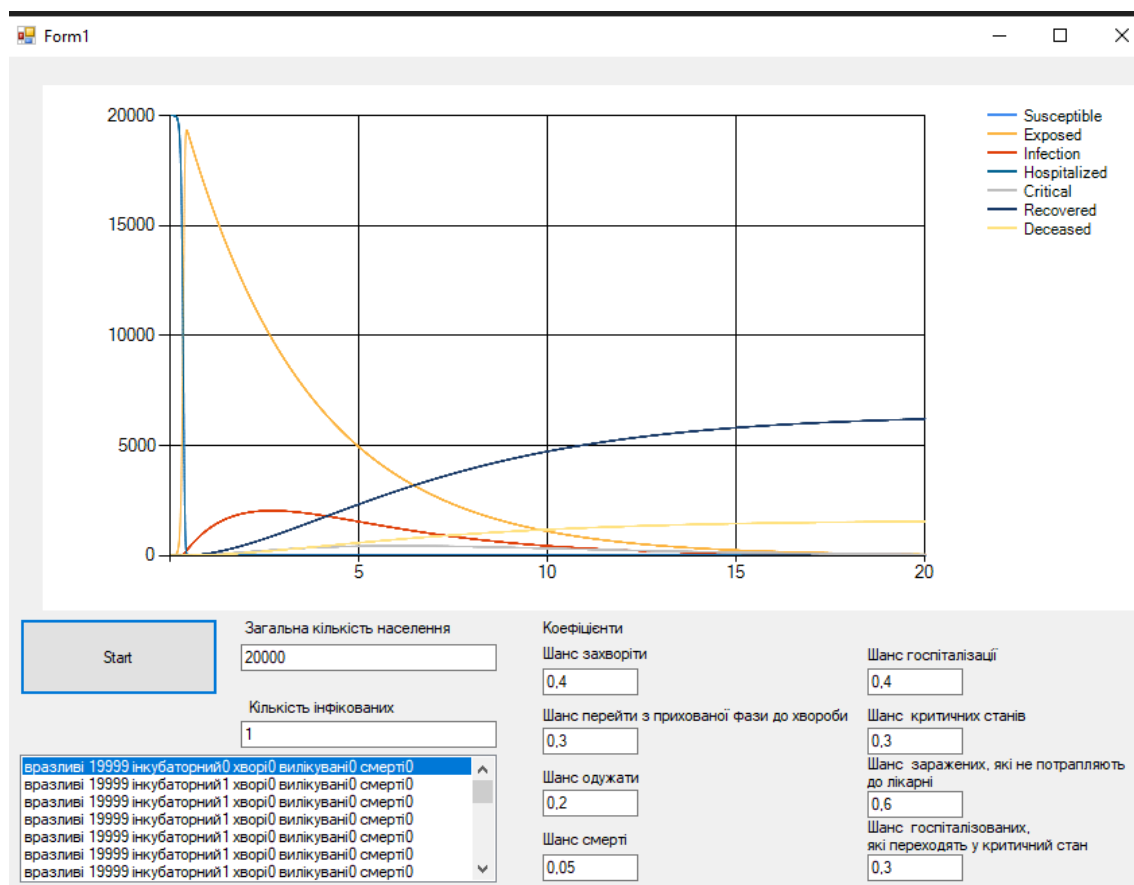


Рис 2.5

З самого початку моделювання бачимо стрімкий ріст інфікованих без симптомів, повинні зазначити що інфіковані без симптомів не можуть перейти до фази «одужали» напряму, для цього вони повинні бути інфіковані

з симптомами. Це дає зрозуміти що навіть якщо ризик стати інфікованим буде менший ніж ризик смерті від інфекції то це не заважатиме захворюванню розповсюдитися на значну кількість людей.

Змоделюємо процес де ризик захворіти менший ніж ризик смерті, у випадку моделі SIR , таке захворювання не змогло би достатньо сильно розповсюдитися оскільки всі носії зможуть швидко загинути.

Але у випадку з моделлю SEINCRD де хворі люди без симптомами не можуть одужати, коефіцієнт смертності не являється ключовим . Розглянемо модель де коефіцієнт смерті більший ніж коефіцієнт розповсюдження(Рис 2.6).

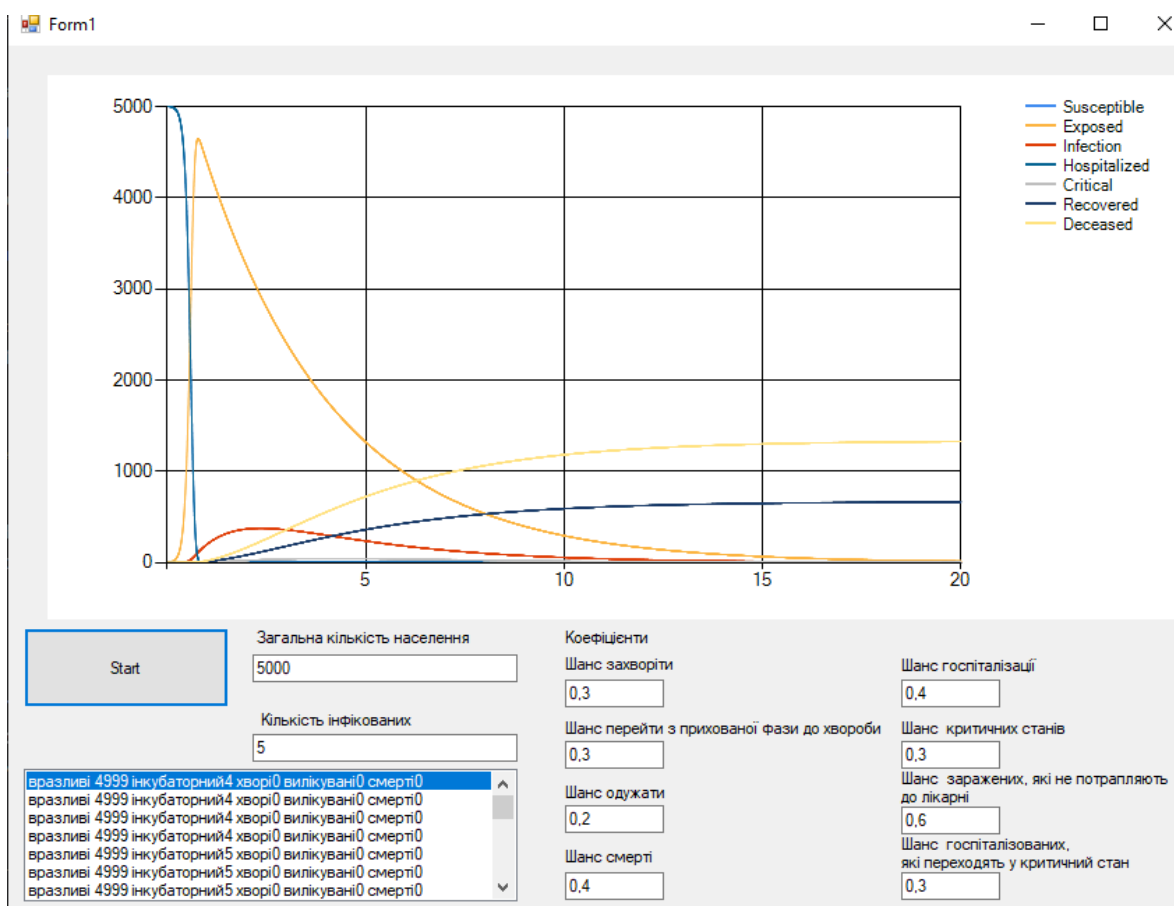


Рис 2.6

Спостерігаємо більш «плавний» початок моделювання і значну більшу кількість смертельного перебігу захворювання в кінці.

Щоб спостерігати процес «вимирання» вірусу, тобто коли залишаються люди які ще не перехворіли, але людей з інфекцією вже немає, давайте спробуємо збільшити шанс «переходу» з прихованої вази захворювання до явної(Рис 2.7).

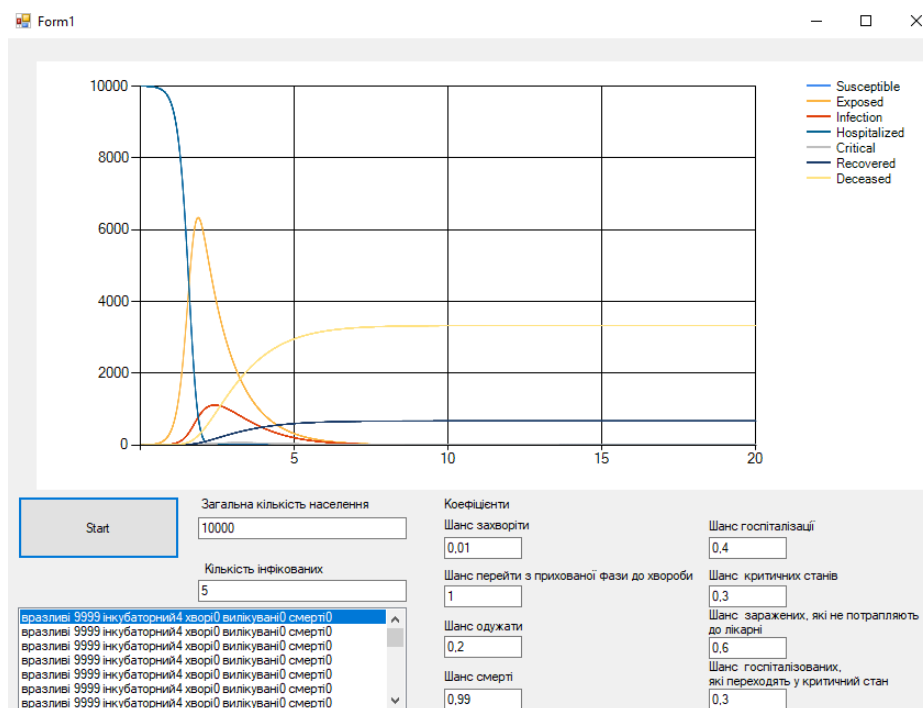


Рис 2.7

Навіть у випадку коли ризик захворіти 0.01 а ризик смерті 0.99, не спостерігається процес «вимирання» вірусу. Звичайно процес розповсюдження значно сповільнився, кількість інфікованих швидко зростає і зменшується але не залишилося людей які не були інфіковані. Спробуємо збільшити шанс одужання і повторити моделювання(Рис 2.8).

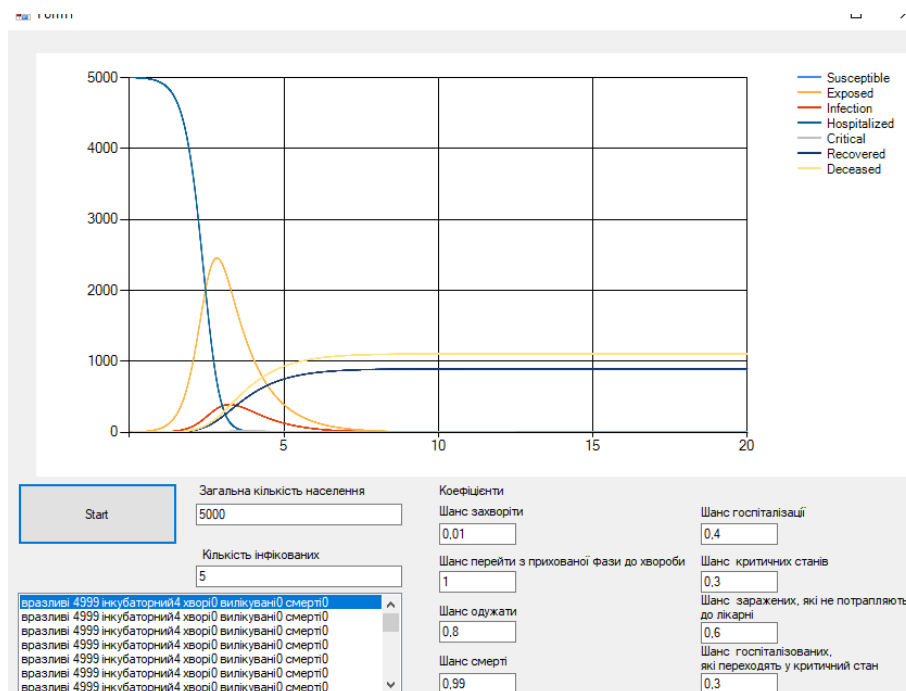


Рис 2.8

Навіть у такому випадку не вдалося «перемогти» вірус, спробуємо збільшити шанс госпіталізації, оскільки ми знаємо що госпіталізовані люди не впливають на розповсюдження вірус, а також зменшити кількість вибірки щоб уникнути похибки методу(Рис 2.9).

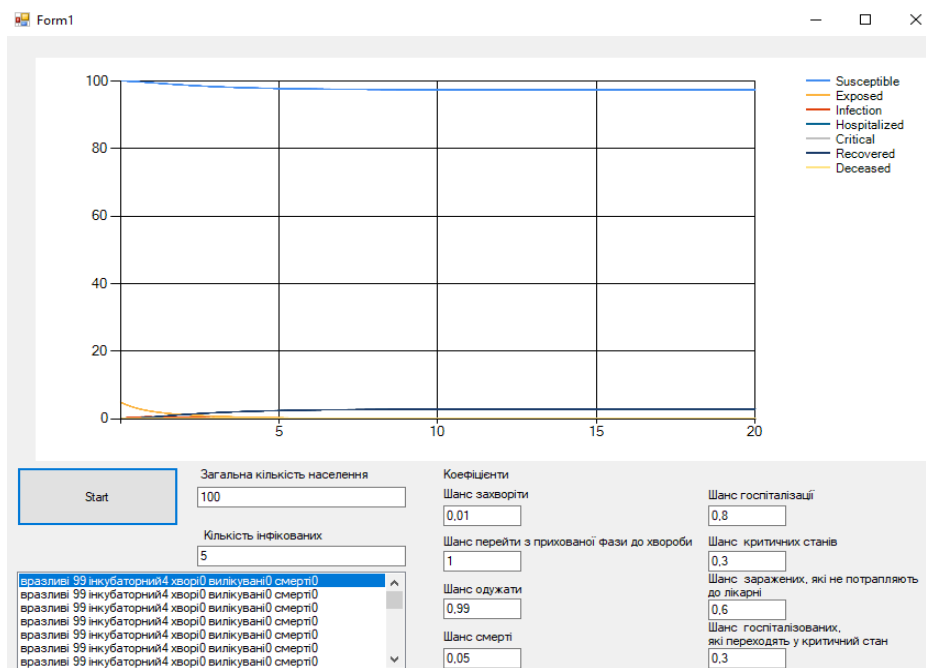


Рис 2.9

Тобто при даній «конфігурації» вірусі ми можемо спостерігати його «вимирання».

## ВИСНОВОК

В рамках даної дипломної роботи було розроблено модель для моделювання розповсюдження вірусу з використанням методу SEIHCRD. Метод SEIHCRD враховує основні стадії захворювання, такі як підозрілі, відкриті, інфіковані, госпіталізовані, критично хворі, імунізовані та померлі особи.

Для чисельного розв'язування системи диференціальних рівнянь, що описують модель SEIHCRD, був обраний метод Рунге-Кутта. Метод Рунге-Кутта є ефективним числовим методом інтегрування диференціальних рівнянь та дозволяє отримати наближені значення функцій на кожному кроці часу.

У розробленій програмі було реалізовано ітераційний процес застосування методу Рунге-Кутта для оновлення значень змінних, що відображають стан популяції в кожному часовому кроці. Процес інтегрування включав обчислення похідних для кожної змінної та оновлення значень змінних з використанням формул методу Рунге-Кутта.

Результати моделювання були відображені за допомогою графіків, що дозволило аналізувати динаміку розповсюдження вірусу протягом певного періоду. Графіки відображали зміну кількості осіб у кожній зі стадій захворювання, а також загальну кількість одужалих та померлих осіб.

На підставі отриманих результатів моделювання було зроблено висновки щодо розповсюдження вірусу, його впливу на популяцію та ефективності заходів контролю та лікування. Даний підхід дозволяє провести аналіз різних сценаріїв та стратегій, що допомагає зробити обґрунтовані рішення щодо контролю та прогнозування розповсюдження вірусу.

В цілому, модель SEIHCRD з використанням методу Рунге-Кутта є потужним інструментом для дослідження та аналізу розповсюдження вірусу. Вона дозволяє отримати детальні дані щодо динаміки захворювання та впливу різних факторів на його поширення. Результати моделювання можуть бути

використані для розробки ефективних стратегій боротьби зі захворюванням та прийняття обґрунтованих рішень з питань охорони здоров'я.



## СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ

1. Hairer E. Nørsett, S. P. & Wanner G. *Solving Ordinary Differential Equations II: Stiff and Differential-Algebraic Problems*. Springer-Verlag, 1996.
2. Hethcote, H. W. «The Mathematics of Infectious Diseases.» *SIAM Review*, 2000. 599-653.
3. M, Anderson R. M. & May R. *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*. Oxford University Press, 1992.
4. P., Keeling M. J. & Rohani. *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton University Press, 2011.
5. T., Diekmann O. Heesterbeek J. A. P. & Britton. *Mathematical Tools for Understanding Infectious Disease Dynamics*. Princeton University Press, 2013.
6. Z., Brauer F. Castillo-Chavez C. & Feng. *Mathematical Models in Epidemiology*. Springer, 2019.