

**УДК 616.092**

**В.П. Марценюк<sup>1</sup>, д-р. техн. наук, проф., І.Є. Андрушак<sup>2</sup>, д-р. техн. наук, проф.,  
А.С. Сверстюк<sup>3</sup>, канд. техн. наук, доц., В.О. Паничев<sup>4</sup>**

<sup>1</sup> Університет в Бельсько Бяла, Польща

<sup>2</sup> Луцький національний технічний університет

<sup>3</sup> Тернопільський національний медичний університет імені І.Я. Горбачевського

<sup>4</sup> ДУ “Тернопільський обласний лабораторний центр МОЗ України”

**ПІДХІД ДО ІДЕНТИФІКАЦІЇ ПАРАМЕТРІВ SIR-МОДЕЛІВ ЗА  
РЕЗУЛЬТАТАМИ АНАЛІЗУ ПАНДЕМІЇ COVID-19  
В ТЕРНОПІЛЬСЬКІЙ ОБЛАСТІ**

**V. Martsenyuk, I. Andrushchak, A. Sverstiuk, V. Panichev  
APPROACH TO IDENTIFICATION OF SIR-MODEL PARAMETERS  
ACCORDING TO THE COVID-19 PANDEMIC ANALYSIS IN  
THE TERNOPIIL REGION**

В суспільстві протягом останніх місяців 2020 року спостерігається стурбованість щодо виникнення та розповсюдження пандемії, яка спричинена вірусом COVID-19. За даними ВООЗ, в найближчі роки очікується зростання інфекційної захворюваності, що обумовлено відомими екологічними і соціально-економічними проблемами – низьким рівнем життя та не завжди належною медичною допомогою у значної частини населення планети [1].

У цих умовах особливого значення набувають випереджувальні наукові дослідження з аналізу і прогнозування вірогідних сценаріїв розвитку пандемії COVID-19. Технології математичного і комп’ютерного моделювання такого роду досліджень, використовуючи адекватний науковий інструментарій, спроможні своєчасно оцінити масштаби та наслідки пандемії.

Метою роботи було розробити методи аналізу та прогнозування розповсюдження пандемії COVID-19 в Тернопільській області на основі SIR-моделей.

Вхідними даними для аналізу та прогнозування розповсюдження пандемії COVID-19 використано показники ДУ “Тернопільський обласний лабораторний центр МОЗ України”. Аналіз і прогнозування розповсюдження пандемії COVID-19 в Тернопільській області проведено на основі SIR-моделей в пакеті R.

Запропонована модель ґрунтується на таких біологічних припущеннях щодо розповсюдження коронавірусу в людській популяції:

1. Швидкість зміни числа вразливих осіб є пропорційною до самої кількості вразливих осіб з коефіцієнтом  $-k_1$ .

2. На швидкість зміни інфікованих осіб впливають два процеси: інфікування вразливих осіб та одужання інфікованих осіб.

3. Процес інфікування вразливих осіб полягає у тому, що швидкість зміни інфікованих осіб є пропорційною до кількості вразливих осіб з коефіцієнтом  $k_1$ .

4. Процес одужання інфікованих осіб полягає у швидкості зміни числа інфікованих осіб пропорційно до їх кількості з коефіцієнтом  $-k_2$ , який вказує на швидкість одужання інфікованих осіб.

5. Швидкість зміни кількості осіб, які одужали, є пропорційною до числа інфікованих осіб з коефіцієнтом  $k_2$ .

Слід зазначити, що модель є спрощеною і не враховує ряд суміжних процесів, а саме не розглядаються процеси смертності через інфікування, оскільки вважається, що їх кількість є незначною.

Використовуючи основні положення популяційної динаміки на основі біологічних припущень, які наведені вище, SIR-модель розповсюдження пандемії COVID-19 на основі нелінійних диференціальних рівнянь буде мати такий вигляд:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -k_1 * S(t) * I(t) \\ \frac{dI}{dt} &= k_1 * S(t) * I(t) - k_2 * I(t) \\ \frac{dR}{dt} &= k_2 * I(t) \end{aligned} \quad (1)$$

Модель (1) використовується для заданих початкових умов  $S(0) = 0$ ,  $I(0) = 0$  та  $R(0) = 0$ .

Ідентифікацію параметрів в моделі (1) була проведено на основі чисельного методу алгоритму Левенберга-Марквардта [2]. При цьому встановлено середні значення параметрів  $k_1 = 2,042 * 10^{-7}$  та  $k_2 = 2,708 * 10^{-2}$ . Стандартні похибки відхилення такі:  $SDk_1 = 1,127 * 10^{-8}$  (довірча ймовірність менша 0,001) та  $SDk_2 = 1,218 * 10^{-2}$  (довірча ймовірність менша 0,05). При ідентифікації параметрів було виконано 12 ітерацій.

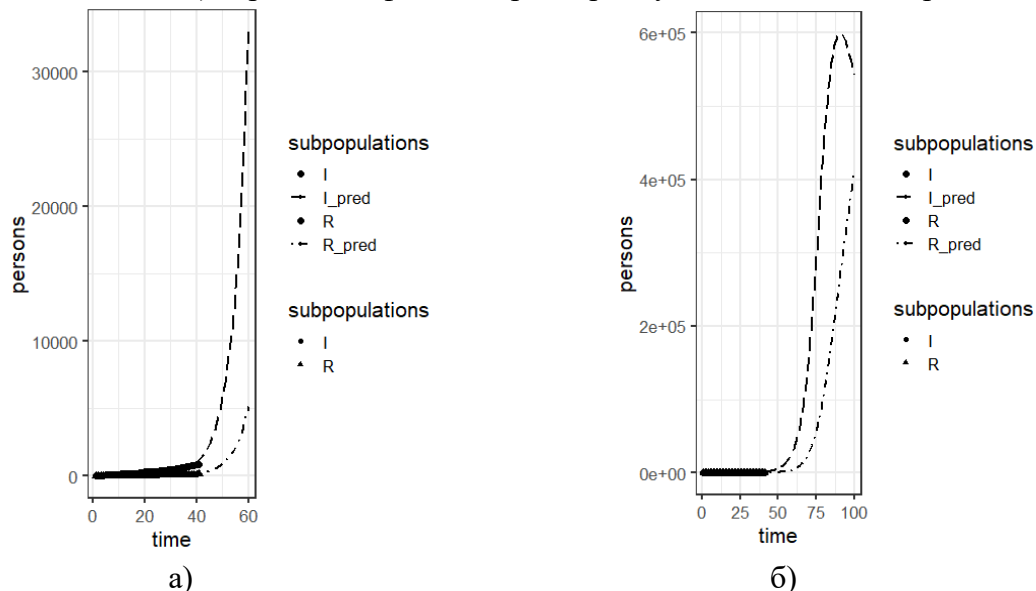


Рис. 1. Порівняння кількості інфікованих (I), осіб, які одужали (R), з результатами прогнозування (I\_pred, R\_pred) на основі моделі (3) на 60 днів (а) та 100 днів (б)

Отримані результати дають змогу спрогнозувати розвиток пандемії COVID-19 в Тернопільській області.

### Література

1. Марценюк В., Наконечний А., Кучвара А. (2010) Модели популяционной динамики в задачах математической эпидемиологии острых респираторных заболеваний. Кибернетика и вычислительная техника. № 159. С. 45–64.
2. Zheng L., Hua L., Junhong L., Weixing Z., Juping G., Liang H., Chen. J., Zhao Q. (2016) Parameter identification for Hammerstein nonlinear systems using the maximum likelihood principle and Levenberg-Marquardt optimization method. PROCEEDINGS OF THE 35TH CHINESE CONTROL CONFERENCE. 35th Chinese Control Conference (CCC) JUL. P. 27–29.