

Одеський національний університет імені І. І. Мечникова
Факультет математики, фізики та інформаційних технологій
Кафедра оптимального керування та економічної кібернетики

Кваліфікаційна робота

на здобуття ступеня вищої освіти «бакалавр»

«Дослідження моделей епідеміологічних процесів»
«Study of models of epidemiological processes»

Виконав: здобувач денної форми навчання
спеціальності 113 Прикладна математика
Освітня програма «Прикладна математика»
Болдума Руслан Юрійович

Керівник: канд. фіз.-мат. наук, доц. Таїрова М. С. _____

Рецензент: доктор фіз.-мат. наук, доц. Кічмаренко О. Д.

Рекомендовано до захисту:

Протокол засідання кафедри

№ ____ від _____ 2024 р.

Завідувач кафедри

Захищено на засіданні ЕК № _____

Протокол № ____ від _____ 2024 р.

Оцінка _____ / _____ / _____

Голова ЕК

Одеса — 2024 р.

ЗМІСТ

Вступ	3
1 Теоретичні відомості	5
1.1 SIR - базова модель розповсюдження епідемії	5
1.2 SEIR модель розповсюдження епідемії	7
1.2.1 Застосування моделі	7
1.3 Базове репродуктивне число та його значення в епідеміології	8
2 Дослідження SEIR моделі розповсюдження епідемії	11
2.0.1 Формулювання моделі	11
2.0.2 Базове репродуктивне число, DFE та EE	12
2.0.3 Стійкість рівноважного стану без хвороби (E_0)	15
2.0.4 Задамо перший набір параметрів (таб. 2.2):	16
2.0.5 Задамо другий набір параметрів (таб. 2.3):	18
3 Дослідження $SEI_A I_S R$ моделі розповсюдження епідемії	22
3.0.1 Математичні рівняння моделі	22
3.0.2 Базове репродуктивне число, DFE та EE	24
3.0.3 Задамо перший набір параметрів (таб. 3.2):	25
3.0.4 Задамо другий набір параметрів (таб. 3.3):	27
3.0.5 Стійкість рівноважного стану без хвороби	28
Висновки	31
Список літератури	33
Додатки	35
3.1 ДодатокА	35
3.2 ДодатокБ	36
3.3 ДодатокВ	37
3.4 ДодатокГ	38
3.5 ДодатокД	40
3.6 ДодатокЕ	43

ВСТУП

Дослідження епідеміологічних моделей, таких як SIR , $SEIR$ та їх модифікацій, є надзвичайно актуальними в сучасному світі. Пандемія COVID-19 показала, наскільки важливими є точні моделі для прогнозування та управління поширенням інфекційних захворювань. Завдяки таким моделям можливо оцінювати ефективність різних заходів контролю, таких як карантин, вакцинація, соціальне дистанціювання, та їх вплив на динаміку епідемії. Моделі $SEIR$ та $SEI_{A}I_{S}R$ дозволяють більш точно описувати процеси поширення інфекцій, враховуючи різні стадії захворювання, включаючи інкубаційний період та безсимптомне носійство. Це особливо важливо для інфекцій, де безсимптомні носії можуть відігравати значну роль у передачі захворювання. Такі моделі також надають можливість аналізувати та передбачати можливі сценарії розвитку епідемії, що є критичним для прийняття рішень на рівні громадського здоров'я. Крім того, аналіз стійкості рівноважних станів та динамічних властивостей моделей допомагає зрозуміти умови, за яких інфекція може стати ендемічною або зникнути. Це важливо для розробки довгострокових стратегій контролю та профілактики. Враховуючи швидкість поширення нових інфекційних захворювань та глобалізацію, що сприяє швидкому поширенню епідемії, дослідження таких моделей є важливим внеском у забезпечення здоров'я населення та готовності до майбутніх викликів у сфері громадського здоров'я.

Для дослідження таких систем ми можемо побудувати чисельні розв'язки за допомогою методів чисельного інтегрування, таких як метод Ейлера, метод Рунге-Кутта та інші. Це дозволяє проводити чисельні експерименти для аналізу поведінки моделей за різних значень параметрів і початкових даних. Також можемо дослідити якісні властивості систем, такі як визначення стаціонарних станів (рівноважних точок) та аналіз їх стійкості. Для цього використовуються методи лінеаризації та аналізу власних значень Якобіану в точках рівноваги. Особливо важливим є визначення базового репродуктивного числа (R_0), яке є ключовим параметром для оцінки поширення інфекції. Якщо R_0 більше 1, інфекція буде поширюватися, якщо менше 1 – згасатиме. Аналіз цього числа дозволяє оцінити ефективність різних заходів контролю, таких як вакцинація та карантин.

В роботі було досліджено дві моделі розповсюдження епідемії. Чисельні експерименти показали, що заходи контролю, такі як вакцинація, соціальне дистанціювання та карантин, можуть значно впливати на зниження R_0 . Це дозволяє ефективно зменшити поширення інфекції та контролювати епідемію. Модель $SEI_A I_S R$ додатково показала, що безсимптомні носії відіграють важливу роль у поширенні інфекції, що підкреслює важливість заходів, спрямованих на виявлення та ізоляцію таких випадків для ефективного контролю епідемії.

Таким чином, результати дослідження підтверджують високу ефективність моделей $SEIR$ та $SEI_A I_S R$ для аналізу епідеміологічних процесів. Ці моделі можуть бути використані для розробки та оцінки ефективності різних заходів контролю та профілактики інфекційних захворювань, забезпечуючи надійні інструменти для управління епідеміями та запобігання їхньому поширенню.

РОЗДІЛ 1

ТЕОРЕТИЧНІ ВІДОМОСТІ

1.1 SIR - базова модель розповсюдження епідемії

Модель SIR (Susceptible-Infected-Recovered) є однією з базових моделей в епідеміології, призначеною для опису поширення інфекційних захворювань. Ця модель була запропонована на початку XX століття і використовується для аналізу динаміки захворювань в популяціях. Основні змінні моделі включають:

- $S(t)$: кількість сприйнятливих до інфекції осіб в момент часу t .
- $I(t)$: кількість інфікованих осіб в момент часу t , які можуть передавати інфекцію.
- $R(t)$: кількість одужалих (і, відповідно, імунних) або померлих осіб в момент часу t .

Основні припущення

Модель SIR базується на наступних припущеннях:

- 1) Популяція фіксована і не змінюється за рахунок народжуваності або природної смертності.
- 2) Особи переходять з категорії сприйнятливих (S) до категорії інфікованих (I) і далі до категорії одужалих (R).
- 3) Переходи між категоріями описуються наступними параметрами:
 - β : швидкість передачі інфекції (інтенсивність контактів між сприйнятливими та інфікованими особами).
 - γ : швидкість одужання або смерті (обернена величина середнього часу, який особа проводить у категорії інфікованих).

Динаміка поширення інфекції описується наступною системою звичайних диференціальних рівнянь:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \end{cases} \quad (1.1)$$

де:

- $\frac{dS}{dt}$ — швидкість зміни кількості сприйнятливих осіб.
- $\frac{dI}{dt}$ — швидкість зміни кількості інфікованих осіб.
- $\frac{dR}{dt}$ — швидкість зміни кількості одужалих або померлих осіб.

Аналіз моделі

- 1) **Початкові умови:** в момент початку епідемії $t = 0$ відомо кількість сприйнятливих $S(0)$, інфікованих $I(0)$ та одужалих $R(0)$. Зазвичай $R(0) = 0$, оскільки на початку одужалих немає.
- 2) **Репродуктивне число R_0 :** основним параметром, що характеризує силу інфекції, є базове репродуктивне число R_0 , яке визначається як $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$. Цей параметр показує середню кількість нових випадків інфекції, викликаних одним інфікованим індивідом у повністю сприйнятливій популяції. Якщо $R_0 > 1$, інфекція буде поширюватися, якщо $R_0 < 1$, інфекція буде затухати.
- 3) **Рівноважні точки:** для аналізу стійкості системи знаходять рівноважні точки, де швидкості змін популяцій дорівнюють нулю (тобто $\frac{dS}{dt} = 0$, $\frac{dI}{dt} = 0$, $\frac{dR}{dt} = 0$). Зазвичай розглядають дві рівноважні точки: безінфекційне рівновагу та ендемічне рівновагу (при якому інфекція постійно присутня в популяції).

Застосування моделі

Модель SIR застосовується для прогнозування та аналізу поширення різних інфекційних захворювань, таких як грип, кір, COVID-19 та інші. Використання моделі дозволяє:

- Оцінити можливі масштаби епідемії.

- Визначити критичні значення параметрів, за яких інфекція буде згасати або поширюватися.
- Оцінити вплив різних заходів контролю (карантину, вакцинації та інших) на динаміку поширення інфекції.

1.2 SEIR модель розповсюдження епідемії

Модель SEIR (*Susceptible-Exposed-Infected-Recovered*) є розширенням моделі SIR, включаючи додатковий клас — "людей в інкубаційному періоді" (*Exposed*). Це покращує реалістичність моделі для інфекційних захворювань з інкубаційним періодом, коли інфіковані не одразу стають заразними.

Динаміка моделі описується наступною системою звичайних диференціальних рівнянь:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \sigma E \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases} \quad (1.2)$$

додали:

σ — коефіцієнт переходу зі стану підданих впливу до стану інфікованих

1.2.1 Застосування моделі

Модель SEIR використовується для:

- Прогнозування динаміки інфекційних захворювань з інкубаційним періодом.
- Оцінки впливу різних заходів по контролю інфекцій, таких як вакцинація і карантин.
- Аналізу критичних порогів для припинення епідемії.

Отже, модель SEIR надає більш точний спосіб моделювання і аналізу

епідемії, ніж модель SIR, за рахунок врахування інкубаційного періоду. Вона служить важливим інструментом в епідеміологічному дослідженні і прийнятті рішень в області громадського здоров'я, дозволяючи оцінювати потенційне поширення інфекції і ефективність різних стратегій втручання. Розглянемо модифікації моделі в Розділі 1 и в Розділі 2.

1.3 Базове репродуктивне число та його значення в епідеміології

Базове репродуктивне число (R_0) є важливою пороговою величиною для аналізу інфекційних захворювань. Воно визначає, чи зникне хвороба або буде зберігатися в популяції з часом. Воно визначається як кількість вторинних інфекцій, викликаних однією первинною інфекцією в популяції, де всі є сприйнятливими, і позначається як R_0 .

Для прикладу розглянемо модель SEIR з наступними рівняннями:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{SI}{N}, \\ \frac{dE}{dt} &= \beta \frac{SI}{N} - \sigma E, \\ \frac{dI}{dt} &= \sigma E - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I. \end{cases} \quad (1.3)$$

Визначення базового репродуктивного числа (R_0)

Визначення R_0 можна здійснити за допомогою наступної формули:

$$R_0 = \rho(FV^{-1})$$

Матриці F і V є частинами наступної генераційної матриці, що описує інфекційний процес.

Матриця F

Матриця F включає елементи, що відповідають за нові випадки інфекції:

$$F_{ij} = \frac{\partial f_i}{\partial x_j},$$

де f_i - нові випадки інфекції.

$$F = \begin{pmatrix} \beta \frac{I}{N} & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

Матриця V

Матриця V включає елементи, що відповідають за переходи між класами інфікованих:

$$V_{ij} = \frac{\partial v_i}{\partial x_j},$$

де v_i - всі інші переходи між класами.

$$V = \begin{pmatrix} \sigma & 0 \\ -\sigma & \gamma \end{pmatrix}.$$

Обчислення базового репродуктивного числа

Базове репродуктивне число R_0 обчислюється за формулою:

$$R_0 = \rho(FV^{-1}),$$

де ρ - спектральний радіус (максимальне власне значення) матриці FV^{-1} .

Значення базового репродуктивного числа

- $R_0 < 1$:
 - Якщо R_0 менше одиниці, середній інфікований індивідуум заражає менше однієї особи. Це означає, що інфекція з часом зникне, і спалах не відбудеться.
 - У такому випадку точка рівноваги без захворювання (DFE) буде стабільною.
- $R_0 > 1$:
 - Якщо R_0 більше одиниці, середній інфікований індивідуум заражає більше однієї особи. Це призводить до збільшення кількості випадків інфекції та можливого виникнення епідемії.
 - Точка рівноваги без захворювання стає нестабільною, і система переходить до ендемічного стану рівноваги, де інфекція постійно присутня в популяції.

РОЗДІЛ 2

ДОСЛІДЖЕННЯ SEIR МОДЕЛІ РОЗПОВСЮДЖЕННЯ ЕПІДЕМІЇ

2.0.1 Формулювання моделі

Прагнемо розробити модель епідемії COVID-19, яка є простою, але достатньо релевантною, щоб давати ефективні результати при аналізі. Поширення інфекції починається з введення невеликої групи інфікованих осіб у велику популяцію. Популяція N потім поділяється на чотири класи: сприйнятливі S , піддані і безсимптомні E , інфіковані I і ті, що одужали R у будь-який момент часу $t \geq 0$. Сприйнятлива особа може бути заражена коронавірусом після взаємодії з інфікованою особою. Після зараження ця інфікована особа може не передавати хворобу в цей час. Вона може передавати хворобу сприйнятливій особі через кілька днів (зазвичай від 2 до 14 днів), тобто коли пацієнт знаходиться в інкубаційному періоді, він не проявляє жодних симптомів. Такі особи можуть заражати сприйнятливих людей до появи симптомів або навіть симптоми можуть не проявитися. Таким чином, ці типи безсимптомних осіб можуть поширювати хворобу в спільноті. Крім того, на стадії інкубаційного періоду (*Exposed*) люди заражені, але не заразливі. Немає певного часу, коли піддані (*Exposed*) люди можуть бути заразливими. Але через кілька днів піддані особи можуть заражати спільноту. З цієї причини ми включаємо підданих і безсимптомних осіб в один клас для формулювання моделі. Оскільки ці особи вільно пересуваються в спільноті, сприйнятливі можуть бути заражені ними. Згідно з рекомендаціями ВООЗ інфіковані особи, які проявляють симптоми, будуть ізольовані в лікарні і, отже, вони будуть заражати тільки медичних працівників. Однак піддані і безсимптомні особи взаємодіють зі звичайними людьми і поширюють хворобу. Щоб врахувати вищезазначені факти, ми розглядаємо швидкість інфікування у формі $\beta_1 ES + \beta_2 IS$. Тепер, у розглянутій моделі $SEIR$, ми намагаємося надати нову орієнтацію, враховуючи паніку, напруженість або тривогу в класах сприйнятливих, підданих і інфікованих. У цій роботі розглядається вплив паніки, напруженості або тривоги на класи

S, E, I . Люди з цих трьох класів можуть померти від надлишку паніки, напруженості або тривоги. Паніка, напруженість або тривога шкідливі для здоров'я. Напруженість або тривога можуть підвищувати рівень інсуліну, що може вплинути на стан серця, діабет, кров'яний тиск. Водночас, стрес може завдати серйозної шкоди нашій імунній системі. Надмірний стрес може послабити імунітет, і якщо стрес триває протягом тривалого часу, він може призвести до серйозних проблем зі здоров'ям, таких як депресія або тривога. Люди з панічною тривогою мають високий ризик інфекції, і рівень смертності серед інфікованих також зростає. З цієї причини ми припускаємо, що деяка кількість сприйнятливих, підданих і безсимптомних, а також інфікованих зменшується, тобто переходить до смерті через паніку, напруженість або тривогу. Відповідні рівняння моделі наведені нижче:

Ми розглядаємо такі рівняння моделі:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \tau - (\mu + \alpha)S - (\beta_1 E + \beta_2 I)S \\ \frac{dE}{dt} = (\beta_1 E + \beta_2 I)S - (k + \mu + \gamma)E \\ \frac{dI}{dt} = kE - (\mu + \mu_1 + \delta + \eta)I \\ \frac{dR}{dt} = \delta I - \mu R \end{cases} \quad (2.1)$$

з початковими умовами $S(0) > 0$, $E(0) \geq 0$, $I(0) > 0$, $R(0) \geq 0$, де інтерпретація параметрів наведена у Таблиці 2.1.

2.0.2 Базове репродуктивне число, DFE та EE

Припустимо, що $R_0 > 1$, і одна первинна інфекція може викликати більше однієї вторинної інфекції. Це означає, що рівноважний стан без хвороби (DFE) є нестабільним. Як результат, виникає епідемія. Якщо $R_0 < 1$, ситуація під контролем. У цьому випадку рівноважний стан без хвороби (DFE) буде локально асимптотично стійким, і хвороба не може зберігатися в популяції. Отже, коли виникає пандемія, необхідно розробити ефективну стратегію, щоб репродуктивне число стало менше одиниці якомога швидше.

Параметр	Опис
τ	Коефіцієнт рекрутування класу S
μ	Природна швидкість смерті
α	Швидкість смерті від паніки, напруження або тривоги класу S
β_1	Швидкість передачі інфекції від класу E
β_2	Швидкість передачі інфекції від класу I
k	Швидкість інфікування класу E
γ	Швидкість смерті від паніки або стресу для класу E
δ	Швидкість одужання класу I
μ_1	Швидкість смерті від інфекції
η	Швидкість смерті від паніки або стресу для класу I

Табл. 2.1. Параметри моделі SEIR та їх опис

Оскільки розглянута модель має DFE (E_0) =

$$\left(\frac{\tau}{\mu + \alpha}, 0, 0, 0 \right)$$

то R_0 можна знайти аналітично (див. Додаток А). Використовуючи метод матриці наступного покоління, репродуктивне число для моделі COVID-19, заданої рівнянням (2.1), можна обчислити за формулою

$$R_0 = \rho(FV^{-1}),$$

що є спектральним радіусом FV^{-1} [22], де

$$F = \begin{bmatrix} \frac{\beta_1 \tau}{\mu + \alpha} & \frac{\beta_2 \tau}{\mu + \alpha} \\ 0 & 0 \end{bmatrix},$$

i

$$V = \begin{bmatrix} k + \mu + \gamma & 0 \\ -k & \mu + \mu_1 + \delta + \eta \end{bmatrix}.$$

Отже, базове репродуктивне число є спектральним радіусом FV^{-1} , що визначається як

$$R_0 = \rho(FV^{-1}) = \frac{\tau\beta_1(\mu + \delta + \mu_1 + \eta) + \tau\beta_2k}{(\mu + \alpha)(k + \mu + \gamma)(\mu + \delta + \mu_1 + \eta)}. \quad (2.4)$$

(див. Додаток В)

Для рівноважного стану без хвороби ми маємо $E = 0, I = 0$. Але для ендемічного рівноважного стану обидва $E \neq 0, I \neq 0$. Щоб знайти ендемічний рівноважний стан моделі, ми встановлюємо

$$\frac{dS}{dt} = 0, \frac{dE}{dt} = 0, \frac{dI}{dt} = 0, \frac{dR}{dt} = 0.$$

Розв'язуючи цю систему, ми отримуємо ендемічний рівноважний стан (ЕЕ)

$$E^* = (S_1, E_1, I_1, R_1),$$

де

$$S_1 = \frac{\tau(\mu + \delta + \mu_1 + \eta)}{k\beta_2E_1 + (\mu + \alpha + \beta_1E_1)(\mu + \delta + \mu_1 + \eta)}, \quad I_1 = \frac{kE_1}{\mu + \eta + \delta + \mu_1},$$

$$E_1 = \frac{(\mu + \delta + \mu_1 + \eta)(\mu + \alpha)(R_0 - 1)}{\beta_1(\mu + \delta + \mu_1 + \eta) + k\beta_2}, \quad R_1 = \frac{\delta kE_1}{\mu(\mu + \eta + \delta + \mu_1)}.$$

(див. Додаток Б)

З виразів для E_1 видно, що ендемічний рівноважний стан EE існує лише тоді, коли $R_0 > 1$. Для подальшого аналізу, матриця Якобі для системи в

будь-якій точці рівноваги (S, E, I, R) задається як

$$J = \begin{pmatrix} -\mu - \beta_1 E - \beta_2 I - \alpha & -\beta_1 S & -\beta_2 S & 0 \\ \beta_1 E + \beta_2 I & \beta_1 S - (k + \mu + \gamma) & \beta_2 S & 0 \\ 0 & k & -(\mu + \delta + \mu_1 + \eta) & 0 \\ 0 & 0 & \delta & -\mu \end{pmatrix}.$$

2.0.3 Стійкість рівноважного стану без хвороби (E_0)

У цьому розділі ми спочатку доводимо локальну стійкість рівноважного стану без хвороби (E_0) для $R_0 < 1$. Біологічно це означає, що хвороба зникне з популяції, коли базове репродуктивне число менше одиниці.

Рівноважний стан без хвороби (E_0) є локально асимптотично стійким, якщо $R_0 < 1$, і нестійким, якщо $R_0 > 1$.

Якобіан системи в точці рівноваги без хвороби:

$$J(E_0) = \begin{pmatrix} -\mu - \alpha & -\frac{\beta_1 \tau}{\mu + \alpha} & -\frac{\beta_2 \tau}{\mu + \alpha} & 0 \\ 0 & \frac{\beta_1 \tau}{\mu + \alpha} - (k + \mu + \gamma) & \frac{\beta_2 \tau}{\mu + \alpha} & 0 \\ 0 & k & -(\mu + \delta + \mu_1 + \eta) & 0 \\ 0 & 0 & \delta & -\mu \end{pmatrix}$$

Характеристичні корені матриці Якобі в точці $J(E_0)$ є $-\mu - \alpha$, $-\mu$, а інші два корені є розв'язками наступного рівняння:

$$\lambda^2 + a_1 \lambda + a_2(1 - R_0) = 0$$

де

$$a_1 = (\mu + \delta + \mu_1 + \eta) + (k + \mu + \gamma)$$

$$a_2 = (\mu + \delta + \mu_1 + \eta)(k + \mu + \gamma)$$

Якщо $R_0 < 1$, то $a_1 > 0$, $a_2 > 0$, тому позитивних коренів не існує в цьому випадку. Отже, всі корені будуть негативними, якщо $R_0 < 1$. Якщо $R_0 > 1$, то $a_2 < 0$ і, отже, один корінь буде позитивним при $R_0 > 1$. Таким чином, рівноважний стан без хвороби (E_0) є локально асимптотично стійким, якщо $R_0 < 1$, і нестійким, якщо $R_0 > 1$.

2.0.4 Задамо перший набір параметрів (таб. 2.2):

Параметер	Значення	Параметер	Значення
τ	0.01	μ	0.01
α	0.00001	β_1	0.4
β_2	0.5	k	0.3
γ	0.0005	δ	0.2
μ_1	0.0001	η	0.0001

Табл. 2.2. Параметри та їх значення

Знайдемо базове репродуктивне число R_0 (див. Додаток В)

$R_0 = 3.58$, це означає, що в середньому один інфікований заражає 3 інших людей. Така величина свідчить про високу заразність захворювання. В такому випадку інфекція може дуже швидко поширюватися серед населення, якщо не буде вжито жодних заходів щодо контролю та профілактики (рис. 2.1).

Знайдемо стаціонарні точки:(див. Додаток Е)

Без хвороби:

$$(S_1^*, E_1^*, I_1^*, R_1^*) = (0.999, 0, 0, 0)$$

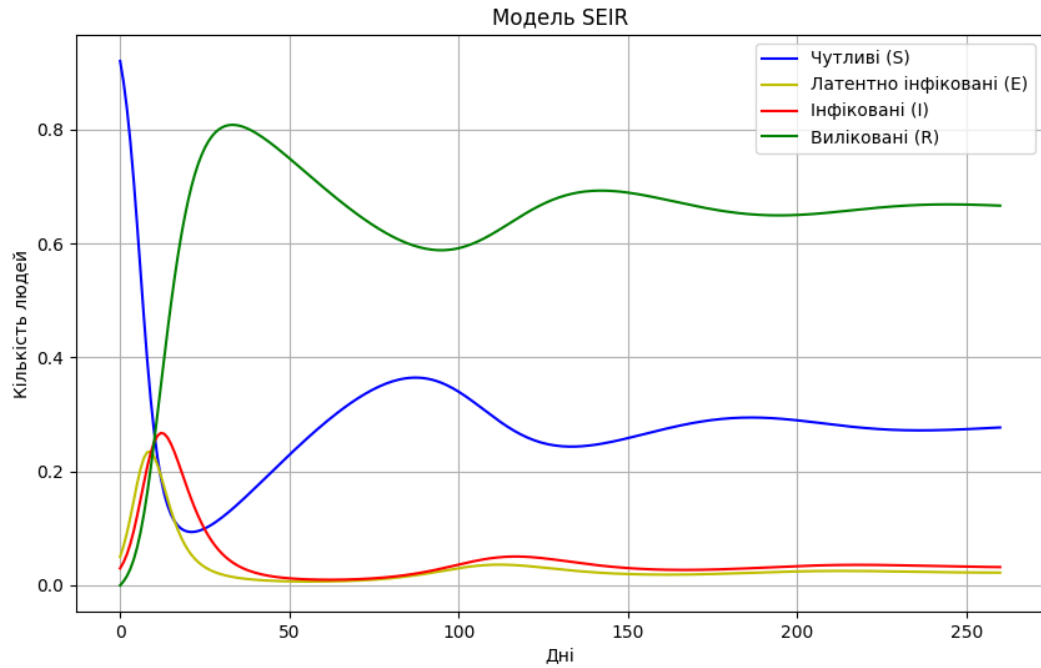


Рис. 2.1. $\mathcal{R}_0 = 3.58$ with $\tau = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\beta_1 = 0.4$, $\beta_2 = 0.5$, $k = 0.3$, $\gamma = 0.0005$, $\delta = 0.2$, $\mu_1 = 0.0001$, $\eta = 0.0001$, $\alpha = 0.00001$.

З хворобою:

$$(S_2^*, E_2^*, I_2^*, R_2^*) = (0.278, 0.023, 0.033, 0.662)$$

Стійкість рівноважного стану без хвороби

1) Підставимо в Якобіан стаціонарну точку без хвороби:(див. Додаток Г)

$$J(E_0) = \begin{pmatrix} -0.0100 & -0.3996 & -0.4995 & 0 \\ 0 & 0.0891 & 0.4995 & 0 \\ 0 & 0.3000 & -0.2102 & 0 \\ 0 & 0 & 0.2000 & -0.0100 \end{pmatrix}$$

2) Власні значення (eigenvalues) матриці Якобі

$$\lambda_1 = -0.0100$$

$$\lambda_2 = -0.0100$$

$$\lambda_3 = -0.4756$$

$$\lambda_4 = 0.3545$$

Наявність одного позитивного власного числа (0.3545) свідчить про те, що система не є асимптотично стійкою. Це означає, що в системі є напрямок, вздовж якого збурення будуть зростати експоненційно, що призводить до нестабільності рівноважного стану. Три негативні власні числа (-0.0100, -0.0100, -0.4756) свідчать про те, що в інших напрямках система повертається до рівноважного стану після збурень. Проте, через наявність позитивного власного числа, ця стабілізація не буде домінуючою. Власне число 0.3545 означає, що система має нестійкий напрямок, де збурення зростатимуть з часом. Це вказує на можливість розвитку епідемії або іншого процесу, який буде прогресувати замість затухання.

2.0.5 Задамо другий набір параметрів (таб. 2.3):

Параметер	Значення	Параметер	Значення
τ	0.01	μ	0.01
α	0.00001	β_1	0.09
β_2	0.15	k	0.6
γ	0.0005	δ	0.2
μ_1	0.0001	η	0.0001

Табл. 2.3. Параметри та їх значення

Знайдемо базове репродуктивне число R_0 (див. Додаток В)

Репродуктивне число, яке дорівнює 0.847, означає, що в середньому один інфікований передає інфекцію менш ніж одній іншій особі і інфекція з часом втрачає здатність поширюватися. Кожне наступне покоління інфікованих буде меншим за попереднє, що призведе до поступового згасання епідемії (рис. 2.2).

Знайдемо стаціонарні точки:(див. Додаток Е)

Без хвороби:

$$(S_1^*, E_1^*, I_1^*, R_1^*) = (0.999, 0, 0, 0)$$

З хворобою:

$$(S_2^*, E_2^*, I_2^*, R_2^*) = (1.178, -0.002, -0.008, -0.167)$$

Стійкість рівноважного стану без хвороби

1) Підставимо в Якобіан стаціонарну точку без хвороби:(див. Додаток Г)

$$J(E_0) = \begin{pmatrix} -0.0100 & -0.0899 & -0.1499 & 0 \\ 0 & -0.5206 & 0.1499 & 0 \\ 0 & 0.6000 & -0.2102 & 0 \\ 0 & 0 & 0.2000 & -0.0100 \end{pmatrix}$$

2) Власні значення матриці Якобі з підставленими значеннями

$$\lambda_1 = -0.01$$

$$\lambda_2 = -0.01$$

$$\lambda_3 = -0.7030$$

$$\lambda_4 = -0.0278$$

Усі власні числа мають негативні дійсні частини, що свідчить про асимптотичну стійкість рівноважного стану. Це означає, що система повертається до рівноважного стану після незначних збурень.

Власне число з найбільшою абсолютною величиною -0.7030 вказує на найшвидший темп затухання збурень в системі. Інші власні числа (-0.0100 та -0.0278) відповідають повільнішим процесам затухання.

Наявність двох рівних власних чисел (-0.0100) свідчить про наявність двох напрямів в фазовому просторі, де система буде затухати з однаковою

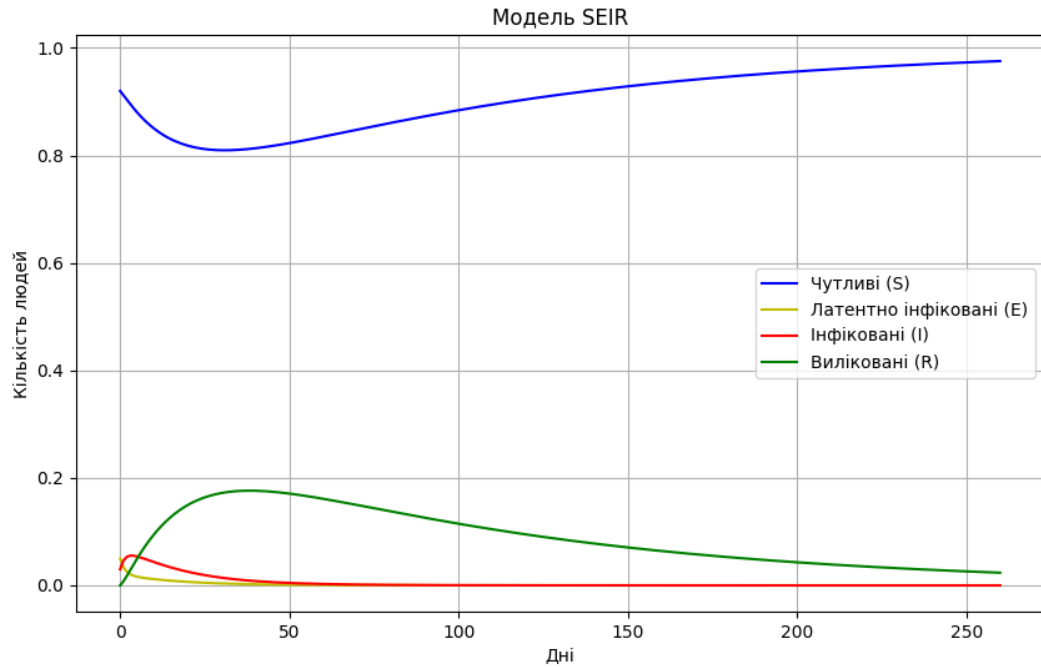


Рис. 2.2. $\mathcal{R}_0 = 0.847$ with $\tau = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\beta_1 = 0.09$, $\beta_2 = 0.15$, $k = 0.6$, $\gamma = 0.0005$, $\delta = 0.2$, $\mu_1 = 0.0001$, $\eta = 0.0001$, $\alpha = 0.00001$; $S_0=0.92$, $E_0=0.05$, $I_0=0.03$, $R_0=0$ (див. Додаток Д)

швидкістю. Це може означати певну симетрію або специфіку в динаміці поширення збудження або епідемії.

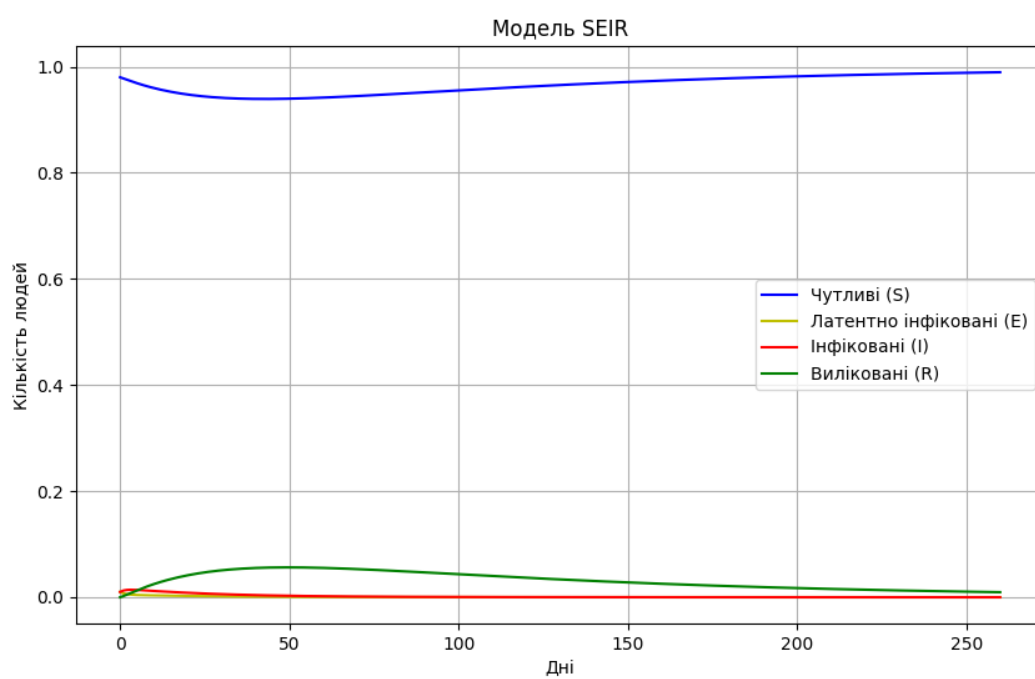


Рис. 2.3. $\mathcal{R}_0 = 0.847$ with $\tau = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\beta_1 = 0.09$, $\beta_2 = 0.15$, $k = 0.6$,
 $\gamma = 0.0005$, $\delta = 0.2$, $\mu_1 = 0.0001$, $\eta = 0.0001$, $\alpha = 0.00001$;
 $S_0 = 0.98$, $E_0 = 0.01$, $I_0 = 0.01$, $R_0 = 0$ (див. Додаток Д)

РОЗДІЛ 3

ДОСЛІДЖЕННЯ SEI_AI_SR МОДЕЛІ РОЗПОВСЮДЖЕННЯ ЕПІДЕМІЇ

Ця модель розширює SEIR модель, додаючи ще два класи: безсимптомно інфіковані (I_A) та інфіковані з симптомами (I_S). В ній додані рівняння для опису змін кількості безсимптомно інфікованих та інфікованих з симптомами, що робить модель більш деталізованою щодо різних стадій інфекції. SEI_AI_SR має додаткові параметри для опису переходів між безсимптомно інфікованими та інфікованими з симптомами, що включають швидкість інфікування (k), швидкість смерті від паніки або стресу (η), швидкість одужання асимптоматичних інфікованих (δ_A) та інших.

3.0.1 Математичні рівняння моделі

Модель описується системою звичайних диференціальних рівнянь, які визначають зміну чисельності кожної групи у часі:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} &= b - (\mu + \alpha)S - (\beta_1 E + \beta_{2A} I_A + \beta_{2S} I_S)S - \rho S \\ \frac{dE}{dt} &= (\beta_1 E + \beta_{2A} I_A + \beta_{2S} I_S)S - (k + \mu + \gamma)E \\ \frac{dI_A}{dt} &= (1 - \delta)kE - (\mu + \mu_{1A} + \delta_A + \eta_A)I_A \\ \frac{dI_S}{dt} &= \delta kE - (\mu + \mu_{1S} + \delta_S + \eta_S)I_S \\ \frac{dR}{dt} &= \delta_A I_A + \delta_S I_S - \mu R + \rho S \end{cases} \quad (3.1)$$

$S(t)$: кількість схильних до захворювання осіб у час t .

$E(t)$: кількість підданих впливу осіб у час t .

$I_A(t)$: кількість інфікованих осіб без симптомів у час t .

$I_S(t)$: кількість інфікованих осіб з симптомами у час t .

$R(t)$: кількість одужалих осіб у час t .

Параметри	Опис
$\mathbf{b}$	коефіцієнт рекрутування схильних осіб
μ	природна швидкість смерті
α	швидкість смерті від паніки, напруження або тривоги класу S
β_1	швидкість передачі інфекції від підданих впливу (E) до схильних (S)
β_{2A}	швидкість передачі інфекції від асимптоматичних інфікованих (I_A) до схильних (S)
β_{2S}	швидкість передачі інфекції від інфікованих з симптомами (I_S) до схильних (S)
ρ	швидкість вакцинації
$\mathbf{k}$	швидкість переходу з підданих впливу (E) до інфікованих (I_A та I_S)
γ	швидкість смерті від паніки або стресу для підданих впливу (E)
δ	частка підданих впливу, які стають інфікованими з симптомами (I_S)
μ_{1A}	швидкість смерті від інфекції для асимптоматичних інфікованих (I_A)
δ_A	швидкість одужання асимптоматичних інфікованих (I_A)
η_A	швидкість смерті від паніки або стресу для асимптоматичних інфікованих (I_A)
μ_{1S}	швидкість смерті від інфекції для інфікованих з симптомами (I_S)
δ_S	швидкість одужання інфікованих з симптомами (I_S)
η_S	швидкість смерті від паніки або стресу для інфікованих з симптомами (I_S)

Табл. 3.1. Параметри та їх описи

3.0.2 Базове репродуктивне число, DFE та EE

Оскільки розглянута модель має DFE (E_0) =

$$\left(\frac{b}{\mu + \alpha + \rho}, 0, 0, 0, \frac{\rho b}{\mu + \alpha + \rho} \right)$$

(див. Додаток А), то R_0 можна знайти аналітично. Використовуючи метод матриці наступного покоління, репродуктивне число для моделі COVID-19, заданої рівнянням, можна обчислити за формулою

$$R_0 = \rho(FV^{-1}),$$

що є спектральним радіусом FV^{-1} , де

$$F = \begin{bmatrix} \frac{\beta_1 b}{\mu + \alpha + \rho} & \frac{\beta_{2A} b}{\mu + \alpha + \rho} & \frac{\beta_{2S} b}{\gamma + \alpha + \rho} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix},$$

і

$$V = \begin{bmatrix} k + \mu + \gamma & 0 & 0 \\ -(1 - \delta)k & \mu + \mu_{1A} + \delta_A + \eta_A & 0 \\ -\delta k & 0 & \mu + \mu_{1S} + \delta_S + \eta_S \end{bmatrix}.$$

Отже, базове репродуктивне число є спектральним радіусом FV^{-1} , що визначається як

$$R_0 = \rho(FV^{-1})$$

$$R_0 = \frac{b\beta_1(\delta_A + \eta_A + \mu + \mu_{1A})(\delta_S + \eta_S + \mu + \mu_{1S})}{(\alpha + \mu + \rho)(\gamma + k + \mu)(\delta_A + \eta_A + \mu + \mu_{1A})(\delta_S + \eta_S + \mu + \mu_{1S})} -$$

$$\begin{aligned}
& - \frac{b\beta_{2A}(\delta k - k)(\delta_S + \eta_S + \mu + \mu_{1S})}{(\alpha + \mu + \rho)(\gamma + k + \mu)(\delta_A + \eta_A + \mu + \mu_{1A})(\delta_S + \eta_S + \mu + \mu_{1S})} + \\
& + \frac{b\beta_{2S}\delta k(\delta_A + \eta_A + \mu + \mu_{1A})}{(\alpha + \mu + \rho)(\gamma + k + \mu)(\delta_A + \eta_A + \mu + \mu_{1A})(\delta_S + \eta_S + \mu + \mu_{1S})} \quad (3.2)
\end{aligned}$$

(див. Додаток В)

3.0.3 Задамо перший набір параметрів (таб. 3.2):

Назва	Значення	Назва	Значення
b	0.0108	μ	0.01
α	0.0001	β_1	0.2
β_{2A}	0.3	β_{2S}	0.2
ρ	0	k	0.4
γ	0.0002	δ	0.8
μ_{1A}	0.0001	δ_A	0.4
η_A	0.7	μ_{1S}	0.0001
δ_S	0.05	η_S	0.0001

Табл. 3.2. Параметри та їх значення

Знайдемо базове репродуктивне число R_0 (див. Додаток В)

Репродуктивне число (або базове репродуктивне число дорівнює 3.1 означає, що в середньому один інфікований індивід заражає приблизно 3.1 інших осіб в повністю сприйнятливій популяції. Це значення, яке вказує на високу заразність захворювання (рис. 3.1).

Знайдемо стаціонарні точки:(див. Додаток Е)

Без хвороби:

$$(S_1^*, E_1^*, I_{A_1}^*, I_{S_1}^*, R_1^*) = (0.99, 0, 0, 0, 0)$$

З хворобою:

$$(S_2^*, E_2^*, I_{A_2}^*, I_{S_2}^*, R_2^*) = (0.319, 0.016, 0.001, 0.087, 0.486)$$

Стійкість рівноважного стану без хвороби

1) Підставимо в Якобіан стаціонарну точку без хвороби:(див. Додаток Г)

$$\begin{pmatrix} -0.0101 & -0.1980 & -0.2970 & -0.1980 & 0 \\ 0 & -0.2122 & 0.2970 & 0.1980 & 0 \\ 0 & 0.0800 & -1.1101 & 0 & 0 \\ 0 & 0.3200 & 0 & -0.0602 & 0 \\ 0 & 0 & 0.4000 & 0.0500 & -0.0100 \end{pmatrix}$$

2) Власні значення матриці Якобі з підставленими значеннями

$$\lambda_1 = -0.0101$$

$$\lambda_2 = -0.0100$$

$$\lambda_3 = 0.1337$$

$$\lambda_4 = -1.1375$$

$$\lambda_5 = -0.3787$$

Наявність одного позитивного власного числа (0.1337) свідчить про те, що система не є асимптотично стійкою. Це означає, що в системі є напрямок, вздовж якого збурення будуть зростати експоненційно, що призводить до нестабільності рівноважного стану. Три негативні власні числа (-0.0101, -0.0100, -1.1375, -0.3787) свідчать про те, що в інших напрямках система повертається до рівноважного стану після збурень. Проте через наявність позитивного власного числа, ця стабілізація не буде домінуючою. Власне

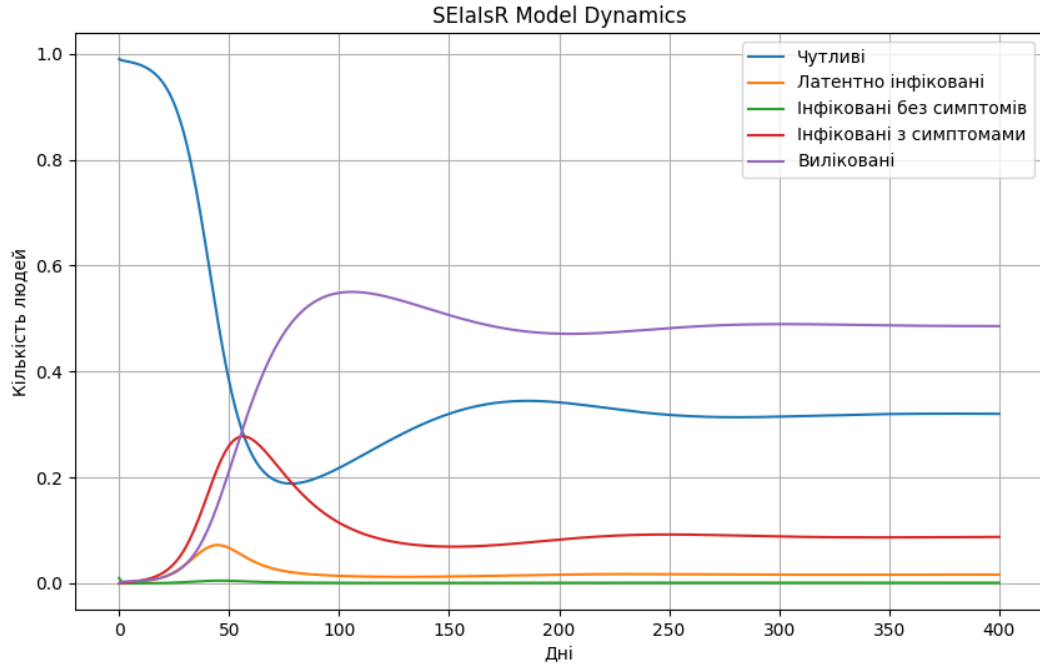


Рис. 3.1. $\mathcal{R}_0 = 3.1$ with $b = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\beta_1 = 0.2$, $\beta_{2A} = 0.3$, $\beta_{2S} = 0.2$, $k = 0.4$, $\gamma = 0.0002$, $\delta = 0.8$, $\mu_{1A} = 0.0001$, $\mu_{1S} = 0.0001$, $\eta_A = 0.7$, $\eta_S = 0.0001$, $\alpha = 0.0001$, $\rho = 0$, $\delta_A = 0.4$, $\delta_S = 0.05$ (Додаток Д)

число 0.1337 означає, що система має нестійкий напрямок, де збурення зростатимуть з часом. Це вказує на можливість розвитку епідемії або іншого процесу, який буде прогресувати замість затухання.

3.0.4 Задамо другий набір параметрів (таб. 3.3):

Знайдемо базове репродуктивне число R_0 (див. Додаток В)

Репродуктивне число дорівнює 0.88 означає, що в середньому один інфікований індивід передає інфекцію менш ніж одній іншій особі (рис. 3.2)

Знайдемо стаціонарні точки: (див. Додаток Е)

Без хвороби:

$$(S_1^*, E_1^*, I_{A_1}^*, I_{S_1}^*, R_1^*) = (0.047, 0, 0, 0, 0.951)$$

Назва	Значення	Назва	Значення
b	0.01	μ	0.01
α	0.0001	β_1	0.7
β_{2A}	0.9	β_{2S}	0.9
ρ	0.2	k	0.8
γ	0.008	δ	0.8
μ_{1A}	0.0001	δ_A	0.7
η_A	0.0001	μ_{1S}	0.0001
δ_S	0.03	η_S	0.0001

Табл. 3.3. Параметри та їх значення

З хворобою:

$$(S_2^*, E_2^*, I_{A_2}^*, I_{S_2}^*, R_2^*) = (0.053, -0.001, -0.0003, -0.024, 0.974)$$

3.0.5 Стійкість рівноважного стану без хвороби

1) Підставимо в Якобіан стаціонарну точку без хвороби:(див. Додаток Г)

$$\begin{pmatrix} -0.2101 & -0.0333 & -0.0428 & -0.0428 & 0 \\ 0 & -0.7847 & 0.0428 & 0.0428 & 0 \\ 0 & 0.1600 & -0.7102 & 0 & 0 \\ 0 & 0.6400 & 0 & -0.0402 & 0 \\ 0.2000 & 0 & 0.7000 & 0.0300 & -0.0100 \end{pmatrix}$$

2) Власні значення матриці Якобі з підставленими значеннями

$$\lambda_1 = -0.2101$$

$$\lambda_2 = -0.01$$

$$\lambda_3 = -0.0046$$

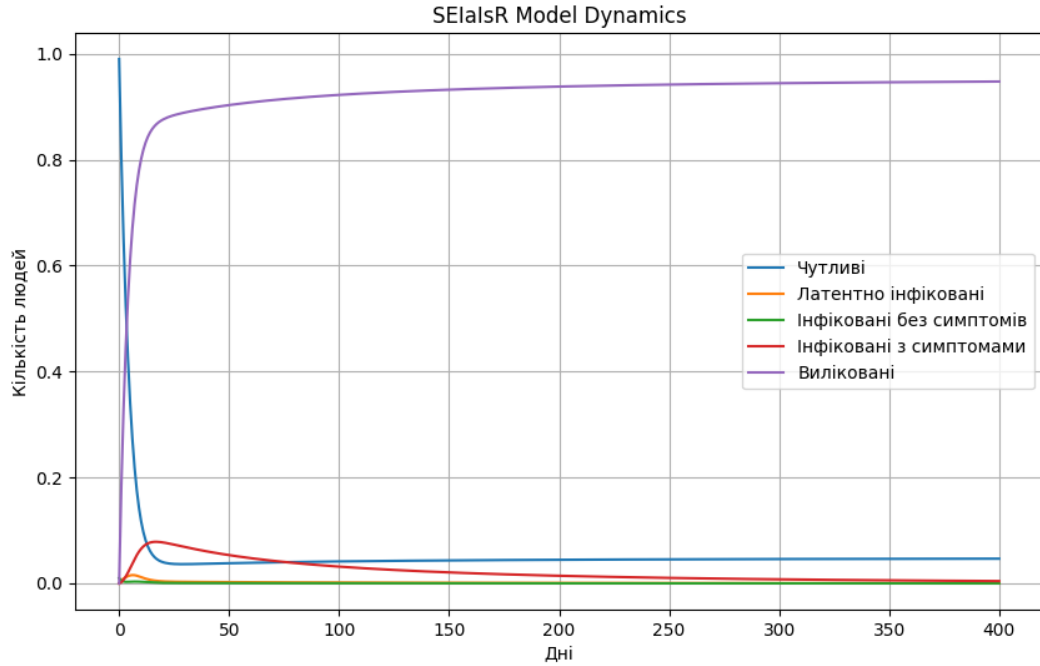


Рис. 3.2. $\mathcal{R}_0 = 0.88$ with $b = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\beta_1 = 0.7$, $\beta_{2A} = 0.9$, $\beta_{2S} = 0.9$, $k = 0.8$, $\gamma = 0.008$, $\delta = 0.8$, $\mu_{1A} = 0.0001$, $\mu_{1S} = 0.0001$, $\eta_A = 0.0001$, $\eta_S = 0.0001$, $\alpha = 0.0001$, $\rho = 0.2$, $\delta_A = 0.7$, $\delta_S = 0.03$; $S_0=0.99$, $E_0=0$, $I_{a0}=0.01$, $I_{s0}=0$, $R_0=0$ (Додаток Д)

$$\lambda_4 = -0.8629$$

$$\lambda_5 = -0.6676$$

Усі власні числа мають негативні дійсні частини, що свідчить про асимптотичну стійкість рівноважного стану. Це означає, що система повертається до рівноважного стану після незначних збурень. Власні числа -0.2101 , -0.0100 , -0.0046 , -0.8629 , -0.6676 вказують на те, що в різних напрямках збурення затухають з різними швидкостями. Найшвидше затухання відбувається вздовж напрямку, що відповідає власному числу -0.8629 , а найповільніше – вздовж напрямку, що відповідає власному числу -0.0046 .

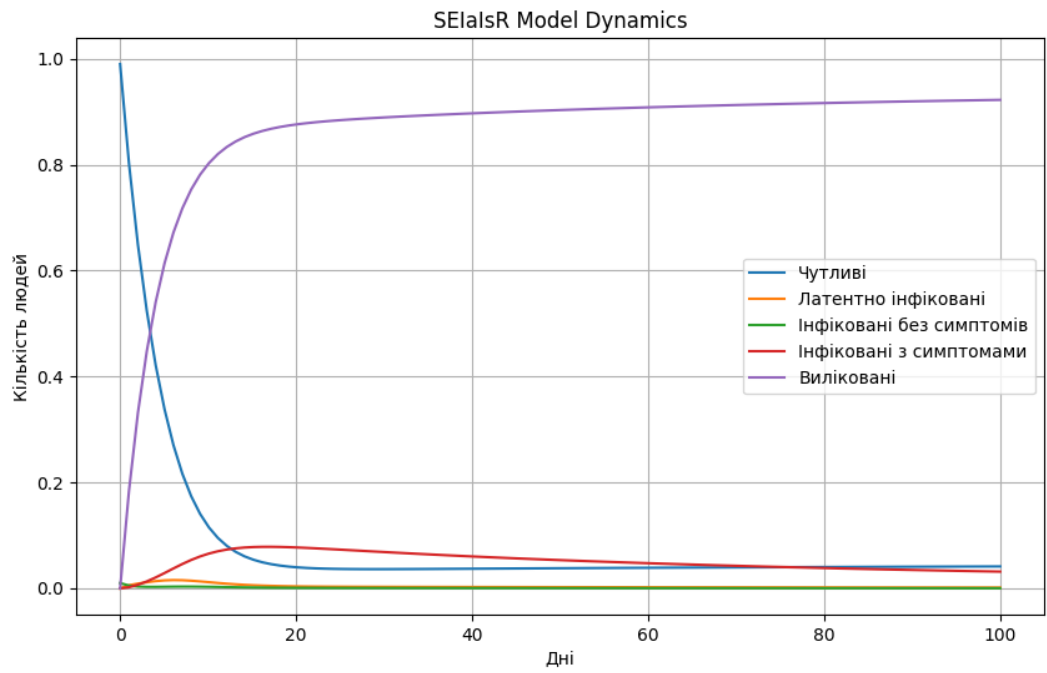


Рис. 3.3. $\mathcal{R}_0 = 0.88$ with $b = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\beta_1 = 0.7$, $\beta_{2A} = 0.9$, $\beta_{2S} = 0.9$, $k = 0.8$, $\gamma = 0.008$, $\delta = 0.8$, $\mu_{1A} = 0.0001$, $\mu_{1S} = 0.0001$, $\eta_A = 0.0001$, $\eta_S = 0.0001$, $\alpha = 0.0001$, $\rho = 0.2$, $\delta_A = 0.7$, $\delta_S = 0.03$; $S_0 = 0.99$, $E_0 = 0$, $I_{a0} = 0.01$, $I_{s0} = 0$, $R_0 = 0$ (Додаток Д)

ВИСНОВКИ

На основі проведених досліджень моделей можна зробити наступні висновки:

1) Визначення базового репродуктивного числа (R_0):

- Результати чисельних експериментів підтвердили, що базове репродуктивне число (R_0) є ключовим параметром для оцінки потенціалу поширення інфекції в популяції. Зокрема, значення R_0 більше 1 свідчить про можливість епідемії, тоді як значення менше 1 вказує на згасання інфекції.
- В моделі $SEI_A I_S R$ було виявлено, що безсимптомні носії можуть значно впливати на значення R_0 , що підкреслює важливість виявлення та ізоляції безсимптомних випадків для ефективного контролю епідемії.

2) Стаціонарні стани:

- У моделі $SEIR$ були знайдені два основні стаціонарні стани: стан без інфекції (DFE) та ендемічний стан (EE). Аналіз показав, що стан без інфекції є стійким при $R_0 < 1$, тоді як ендемічний стан стає стійким при $R_0 > 1$.
- Модель $SEI_A I_S R$ додатково враховує безсимптомних носіїв, що дозволяє більш точно моделювати епідемічні процеси. Стаціонарні стани в цій моделі показують, що безсимптомні носії можуть підтримувати тривале існування інфекції в популяції навіть при значеннях R_0 близьких до 1.

3) Аналіз стійкості:

- Методами лінеаризації та аналізу власних значень Якобіану було підтверджено, що стан без інфекції є стійким при R_0 менше 1, а ендемічний стан – при R_0 більше 1. Це свідчить про важливість моніторингу значення R_0 для запобігання епідеміям.
- В моделі $SEI_A I_S R$ додатково показано, що стійкість рівноважних станів залежить від швидкості передачі інфекції та інших параметрів, таких як швидкість переходу між стадіями інфекції. Це

вказує на необхідність більш детального вивчення цих параметрів для покращення контролю над поширенням інфекції.

4) Вплив заходів контролю:

- Чисельні експерименти показали, що заходи контролю, такі як вакцинація, соціальне дистанціювання та карантин, можуть значно впливати на зниження R_0 , що дозволяє ефективно зменшити поширення інфекції та контролювати епідемію.
- Модель $SEI_A I_S R$ додатково показала, що безсимптомні носії відіграють важливу роль у поширенні інфекції, що підкреслює важливість заходів, спрямованих на виявлення та ізоляцію таких випадків для ефективного контролю епідемії.

СПИСОК ЛІТЕРАТУРИ

1. Kamrujjaman M, Mahmud MS, Islam MS. Coronavirus outbreak and the mathematical growth map of COVID-19. *Annu Res Rev Biol* 2020;35(1):72–8.
2. Ahmad T, Khan M, et al. COVID-19: Zoonotic aspects. In: *Travel medicine and infectious disease*. ELSEVIER; 2020.
3. Volpert V, Banerjee M, Petrovskii S. On a quarantine model of coronavirus infection and data analysis. *Math Model Nat Phenom* 2020;15(24):1–6.
4. Nathalie V, Valentina L, Rodolphe C, et al. Mathematical modeling of human behav
5. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2666720722000145?via%3Dihub>
6. <https://bmccresnotes.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13104-020-05192-1>
7. Philip Munz, Ioan Hudea, Joe Imad, Robert J. Smith — When zombies attack!: mathematical modelling of an outbreak of zombie infection // Nova Science Publishers, Inc., 2009. — 150 c.
8. Chen N, Zhou M, Dong X, Qu J, Gong F, Han Y, Qiu Y, Wang J, Liu Y, Wei Y, et al. Epidemiological and clinical characteristics of 99 cases of 2019 novel coronavirus pneumonia in Wuhan, China: a descriptive study. *Lancet*. 2020;395(10223):507–13
9. He, S., Fataf, N.A.A., Banerjee, S., et al.: Complexity in the muscular blood vessel model with variable fractional derivative and external disturbances. *Physica A* 526, 120904 (2019)
10. Kuznetsov, Y., Piccardi, C.: Bifurcation analysis of periodic seir and sir epidemic models. *J. Math. Biol.* 32, 109–121 (1994)
11. He, S., Banerjee, S.: Epidemic outbreaks and its control using a fractional order model with seasonality and stochastic infection. *Physica A* 501, 408–407 (2018)
12. Aguiar, M.S., Kooi, B.W., Stollenwerk, N.: Epidemiology of dengue fever: A model with temporary cross-immunity and possible secondary infection

- shows bifurcations and chaotic behaviour in wide parameter regions. *Math. Model. Natural Phenomena* (2008)
13. A. P. Dobson and E. R. Carper, “Infectious diseases and human population history,” *BioScience*, vol. 46, no. 2, pp. 115–126, Feb. 1996.
 14. M. B. A. Oldstone, *Viruses, Plagues, and History*. Oxford University Press, 1998.
 15. H. Trottier and P. Philippe, “Deterministic modeling of infectious diseases: theory and methods,” *The Internet Journal of Infectious Diseases*, vol. 1, no. 2, 2001.
 16. <https://math.unm.edu/~sulsky/mathcamp/SIR>

ДОДАТКИ

3.1 ДодатокА

Модель ($SEI_A I_S R$) Стаціонарні точки для ЕЕ

```
syms S E I_A I_S R b mu alpha beta1 beta2A beta2S rho k gamma
↳ delta mu1A deltaA etaA mu1S deltaS etaS

% Визначення системи рівнянь
eq1 = b - (mu + alpha) * S - (beta1 * E + beta2A * I_A + beta2S
↳ * I_S) * S - rho * S == 0;
eq2 = (beta1 * E + beta2A * I_A + beta2S * I_S) * S - (k + mu +
↳ gamma) * E == 0;
eq3 = (1 - delta) * k * E - (mu + mu1A + deltaA + etaA) * I_A ==
↳ 0;
eq4 = delta * k * E - (mu + mu1S + deltaS + etaS) * I_S == 0;
eq5 = deltaA * I_A + deltaS * I_S - mu * R == 0;

% Вектор рівнянь
equations = [eq1, eq2, eq3, eq4, eq5];

% Початкові значення для змінних
initial_guess = [1, 1, 1, 1, 1];

% Використання vpsolve для чисельного вирішення системи
↳ рівнянь
equilibrium_points = vpsolve(equations, [S, E, I_A, I_S, R],
↳ initial_guess);

% Виведення результатів
disp('Equilibrium points:');
% Спростити результати
simplified_S = simplify(equilibrium_points.S);
```

```

simplified_E = simplify(equilibrium_points.E);
simplified_I_A = simplify(equilibrium_points.I_A);
simplified_I_S = simplify(equilibrium_points.I_S);
simplified_R = simplify(equilibrium_points.R);

```

% Виведення спрощених результатів

```

disp('Simplified Equilibrium points:');
disp('S:');
disp(simplified_S);
disp('E:');
disp(simplified_E);
disp('I_A:');
disp(simplified_I_A);
disp('I_S:');
disp(simplified_I_S);
disp('R:');
disp(simplified_R);

```

3.2 ДодатокБ

(Модель $SEI_AI_S R$) Стаціонарні точки для DFE

```

syms S E I_A I_S R b mu alpha beta1 beta2A beta2S rho k gamma
↳ delta mu1A deltaA etaA mu1S deltaS etaS

```

% Визначення системи рівнянь з підставленими значеннями E, I_A,
↳ I_S, R

```

eq1 = b - (mu + alpha) * S - (beta1 * 0 + beta2A * 0 + beta2S *
↳ 0) * S - rho * S == 0;
eq2 = (beta1 * 0 + beta2A * 0 + beta2S * 0) * S - (k + mu +
↳ gamma) * 0 == 0;
eq3 = (1 - delta) * k * 0 - (mu + mu1A + deltaA + etaA) * 0 ==
↳ 0;

```

```
eq4 = delta * k * 0 - (mu + mu1S + deltaS + etaS) * 0 == 0;
eq5 = deltaA * 0 + deltaS * 0 - mu * 0 == 0;
```

```
% Вектор рівнянь
```

```
equations = [eq1, eq2, eq3, eq4, eq5];
```

```
% Початкове значення для змінної S
```

```
initial_guess = 1;
```

```
% Використання vpsolve для чисельного вирішення системи
```

```
↪ рівнянь
```

```
equilibrium_points = vpsolve(equations, S, initial_guess);
```

```
% Виведення результатів
```

```
disp('Equilibrium points:');
```

```
simplified_S = simplify(equilibrium_points);
```

```
disp('S:');
```

```
disp(simplified_S);
```

3.3 ДодатокВ

(Модель $SEI_A I_S R$) R_0

```
import sympy as sp
```

```
# Визначення змінних
```

```
mu, alpha, rho = sp.symbols('mu alpha rho')
```

```
beta_1, beta_2A, beta_2S = sp.symbols('beta_1 beta_2A beta_2S')
```

```
b, k, gamma = sp.symbols('b k gamma')
```

```
delta = sp.symbols('delta')
```

```
mu_1A, delta_A, eta_A = sp.symbols('mu_1A delta_A eta_A')
```

```
mu_1S, delta_S, eta_S = sp.symbols('mu_1S delta_S eta_S')
```

```

# Побудова матриць E та V
E = sp.Matrix([
    [beta_1 * b / (mu + alpha + rho), beta_2A * b / (mu + alpha
    ↪ + rho), beta_2S * b / (mu + alpha + rho)],
    [0, 0, 0],
    [0, 0, 0]
])

V = sp.Matrix([
    [k + mu + gamma, 0, 0],
    [-(1 - delta) * k, mu + mu_1A + delta_A + eta_A, 0],
    [-delta * k, 0, mu + mu_1S + delta_S + eta_S]
])

# Обчислення оберненої матриці V
V_inv = V.inv()

# Обчислення  $FV^{-1}$ 
FV_inv = E * V_inv

# Обчислення спектрального радіуса (R0)
R0 = FV_inv.eigenvals().keys()

R0

```

3.4 ДодатокГ

(Модель $SEI_A I_S R$) Якобiан i власнi числа

% Визначення символічних змінних

syms S E I_A I_S R

% Параметри моделі

```

b = 0.1
mu = 0.1
alpha = 0.01
beta1 = 0.2
beta2A = 0.03
beta2S = 0.03
k = 0.1
gamma = 0.08
delta = 0.5
mu1A = 0.1
deltaA = 0.5
etaA = 0.1
mu1S = 0.1
deltaS = 0.5
etaS = 0.1
rho = 0.05

% Рівняння моделі
f1 = b - (mu + alpha) * S - (beta1 * E + beta2A * I_A + beta2S *
    ↪ I_S) * S - rho * S;
f2 = (beta1 * E + beta2A * I_A + beta2S * I_S) * S - (k + mu +
    ↪ gamma) * E;
f3 = (1 - delta) * k * E - (mu + mu1A + deltaA + etaA) * I_A;
f4 = delta * k * E - (mu + mu1S + deltaS + etaS) * I_S;
f5 = deltaA * I_A + deltaS * I_S - mu * R;

% Вектор рівнянь
F = [f1; f2; f3; f4; f5];

% Вектор змінних
vars = [S; E; I_A; I_S; R];

% Знаходження матриці Якобіана

```

```
J = jacobian(F, vars);
```

```
% Значення рівноважних точок
```

```
S_eq = 1.3742331288343558282208588957055;
```

```
E_eq = -0.42813321647677475898334794040316;
```

```
I_A_eq = -0.026758326029798422436459246275197;
```

```
I_S_eq = -0.026758326029798422436459246275197;
```

```
R_eq = -0.26758326029798422436459246275197;
```

```
% Підстановка значень параметрів і рівноважних точок в Якобіан
```

```
J_sub = subs(J, {S, E, I_A, I_S, R, b, mu, alpha, beta1, beta2A,
```

```
↪ beta2S, k, gamma, delta, mu1A, deltaA, etaA, mu1S, deltaS,
```

```
↪ etaS, rho}, ...
```

```
{S_eq, E_eq, I_A_eq, I_S_eq, R_eq, b, mu, alpha, beta1,
```

```
↪ beta2A, beta2S, k, gamma, delta, mu1A, deltaA, etaA,
```

```
↪ mu1S, deltaS, etaS, rho});
```

```
% Обчислення власних значень матриці Якобіана
```

```
eigenvalues = double(eig(J_sub));
```

```
% Виведення результатів
```

```
disp('Jacobian matrix with substituted values:');
```

```
disp(double(J_sub));
```

```
disp('Eigenvalues of the Jacobian matrix:');
```

```
disp(eigenvalues);
```

3.5 ДодатокД

(Модель $SEI_A I_S R$) Вирішення Системи Диференціальних рівнянь

```
import numpy as np
```

```
from scipy.integrate import odeint
```

```

import matplotlib.pyplot as plt
# система дифференціальних рівнянь
def model(y, t, b, mu, alpha, beta1, beta2A, beta2S, rho, k,
    ↪ gamma, delta, mu1A, deltaA, etaA, mu1S, deltaS, etaS):
    S, E, I_A, I_S, R, N = y
    dSdt = b - (mu + alpha) * S - (beta1 * E + beta2A * I_A +
    ↪ beta2S * I_S) * S - rho * S
    dEdt = (beta1 * E + beta2A * I_A + beta2S * I_S) * S - (k +
    ↪ mu + gamma) * E
    dI_Adt = (1 - delta) * k * E - (mu + mu1A + deltaA + etaA) *
    ↪ I_A
    dI_Sdt = delta * k * E - (mu + mu1S + deltaS + etaS) * I_S
    dRdt = deltaA * I_A + deltaS * I_S - mu * R + rho * S
    dNdt = b - mu * N - (mu1A * I_A + mu1S * I_S) - (alpha * S +
    ↪ etaA * I_A + etaS * I_S) - gamma * E
    return [dSdt, dEdt, dI_Adt, dI_Sdt, dRdt, dNdt]

# Параметри
b = 0.01      #R0=3.31
mu = 0.01
alpha = 0.0001
beta1 = 0.2
beta2A = 0.3
beta2S = 0.2
rho = 0
k = 0.4
gamma = 0.0002
delta = 0.8
mu1A = 0.0001
deltaA = 0.4
etaA = 0.7
mu1S = 0.0001
deltaS = 0.05
etaS = 0.0001
# b = 0.01      #R0=0.88

```

```

# mu = 0.01
# alpha = 0.0001
# beta1 = 0.7
# beta2A = 0.9
# beta2S = 0.9
# rho = 0.2
# k = 0.8
# gamma = 0.008
# delta = 0.8
# mu1A = 0.0001
# deltaA = 0.7
# etaA = 0.0001
# mu1S = 0.0001
# deltaS = 0.03
# etaS = 0.0001
# Початкові умови
S0 = 0.99
E0 = 0
I_A0 = 0.01
I_S0 = 0
R0 = 0.0
N0 = S0+E0+I_A0+I_S0+R0
y0 = [S0, E0, I_A0, I_S0, R0, N0]
# Часовий інтервал
t = np.linspace(0, 400, 400)
# Рішення системи рівнянь
solution = odeint(model, y0, t, args=(b, mu, alpha, beta1,
    ↪ beta2A, beta2S, rho, k, gamma, delta, mu1A, deltaA, etaA,
    ↪ mu1S, deltaS, etaS))
S, E, I_A, I_S, R, N = solution.T
N_real = S + E + I_A + I_S + R
# Побудова графіків
plt.figure(figsize=(10,6))
plt.plot(t, S, label='Чутливі')

```

```

plt.plot(t, E, label='Латентно інфіковані')
plt.plot(t, I_A, label='Інфіковані без симптомів')
plt.plot(t, I_S, label='Інфіковані з симптомами')
plt.plot(t, R, label='Виліковані')
#plt.plot(t, N, 'k--', label='Загальна кількість населення
↪ (S+E+I+R)')
#plt.plot(t, N_real, 'y--', label='Загальна кількість населення
↪ real(S+E+I+R)')
plt.xlabel('Дні')
plt.ylabel('Кількість людей')
plt.title('SEIaIsR Model Dynamics')
plt.legend()
plt.grid()
plt.show()

```

3.6 ДодатокЕ

Стаціонарні точки

```

syms S E I R

% Конкретні значення параметрів
tau = 0.1
mu = 0.1
alpha = 0.01
beta1 = 0.2
beta2 = 0.05
k = 0.1
gamma = 0.05
delta = 0.5
mu1 = 0.05
eta = 0.05

```

```

% Визначення системи рівнянь з конкретними значеннями
↳ параметрів
eq1 = tau - (mu + alpha) * S - (beta1 * E + beta2 * I) * S == 0;
eq2 = (beta1 * E + beta2 * I) * S - (k + mu + gamma) * E == 0;
eq3 = k * E - (mu + mu1 + delta + eta) * I == 0;
eq4 = delta * I - mu * R == 0;
% Вектор рівнянь
equations = [eq1, eq2, eq3, eq4];
% початкові значення для змінних
initial_guess = [1, 1, 1, 1];
% Використання vpsolve для численного рішення системи рівнянь
equilibrium_points = vpsolve(equations, [S, E, I, R],
↳ initial_guess);
disp('Equilibrium points:');
disp(equilibrium_points);
% Спрощення результатів
simplified_S = simplify(equilibrium_points.S);
simplified_E = simplify(equilibrium_points.E);
simplified_I = simplify(equilibrium_points.I);
simplified_R = simplify(equilibrium_points.R);

disp('Simplified Equilibrium points:');
disp('S:');
disp(simplified_S);
disp('E:');
disp(simplified_E);
disp('I:');
disp(simplified_I);
disp('R:');
disp(simplified_R);

```