

ЕСЕПТЕУ МАТЕМАТИКАСЫ ЖӘНЕ МАТЕМАТИКАЛЫҚ МОДЕЛЬДЕУ
ВЫЧИСЛИТЕЛЬНАЯ МАТЕМАТИКА И МАТЕМАТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ
COMPUTER MATHEMATICS AND MATHEMATICAL MODELING

УДК 519.6
МРНТИ 27.41.19

<https://doi.org/10.51889/2021-3.1728-7901.01>

Ж.М. Бектемесов¹, С.И.Кабанихин^{2,3}, С.Е.Касенов^{1,4*}

¹Казахский национальный университет имени аль-Фараби, г. Алматы, Казахстан

²Институт вычислительной математики и математической геофизики СО РАН,
г. Новосибирск, Россия

³Новосибирский государственный университет, г. Новосибирск, Россия

⁴Казахский национальный педагогический университет им. Абая, г. Алматы, Казахстан

*e-mail: syrym.kasenov@gmail.com

О ЧИСЛЕННОМ МОДЕЛИРОВАНИИ ОБРАТНОЙ ЗАДАЧИ ЭПИДЕМИОЛОГИИ

Аннотация

В статье рассматриваются математическая камерная модель распространения коронавируса COVID-19. Статья состоит из шести пунктов. В этом исследовании эпидемические вспышки изучаются с междисциплинарной точки зрения с использованием расширения модели восприимчиво-зараженных-выздоровевших-умерших (SEIRD), которая представляет собой математическую камерную модель, основанную на среднем поведении исследуемой группы населения. Многие инфекционные заболевания характеризуются инкубационным периодом между воздействием и появлением клинических симптомов. Субъекты, подвергающиеся воздействию инфекции, гораздо более опасны для населения по сравнению с субъектами, у которых наблюдаются клинические симптомы. Рассматривается нелинейная система дифференциальных уравнений SEIRD. Для численного решения прямой задачи рассматриваются метод Рунге-Кутты четвертого порядка. В моделировании взаимосвязь выводится на основе законов предметной зоны и позволяет определять характер изменений в рамках работы в зависимости от ее параметров. Поставлена обратная задача для определения коэффициентов данной системы. Обратная задача решалась по методу генетического алгоритма. Описан метод генетического алгоритма. Получены численные результаты и сделан сравнительный анализ с точными данными.

Ключевые слова: распространение коронавируса, математическое моделирование, метод Рунге-Кутты, генетический алгоритм, численные расчеты.

Аңдатпа

Ж.М. Бектемесов¹, С.И.Кабанихин^{2,3}, С.Е.Касенов^{1,4}

¹Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы қ, Қазақстан

²РФА СБ Есептеу математикасы және математикалық геофизика институты, Новосибирск, Ресей

³Новосибирск мемлекеттік университеті, Новосибирск, Ресей

⁴Абай атындағы Қазақ ұлттық педагогикалық университеті, Алматы қ, Қазақстан

ЭПИДЕМИОЛОГИЯНЫҢ КЕРІ ЕСЕПТЕРІН САНДЫҚ МОДЕЛДЕУ

Мақалада COVID-19 коронавирусының таралуының математикалық камералық моделі қарастырылады. Мақала алты бөлімнен тұрады. Бұл зерттеуде эпидемиялық індеттер зерттелетін популяцияның орташа мінез-құлқына негізделген математикалық камералық модель болып табылатын сезімтал-жұқтырған-емделген-қайтыс болған (SEIRD) моделін кеңейту арқылы пәнаралық тұрғыдан зерттеледі. Көптеген жұқпалы аурулар әсер ету мен клиникалық белгілердің басталуы арасындағы инкубациялық кезеңмен сипатталады. Инфекцияға ұшыраған субъектілер клиникалық белгілері бар субъектілерге қарағанда халық үшін әлдеқайда қауіпті. Мақалада SEIRD сызықты емес дифференциалдық теңдеулерінің жүйесі қарастырылады. Тура есепті сандық шешу үшін төртінші дәлдікті Рунге-Кутта әдісі қарастырылады. Модельдеуде қарым-қатынас пәндік аймақтың заңдары негізінде жасалады және оның параметрлеріне байланысты жұмыс шеңберіндегі өзгерістердің сипатын анықтауға мүмкіндік береді. Осы жүйенің коэффициенттерін анықтау үшін кері есеп қойылды. Кері есеп

генетикалық алгоритм әдісімен шешілді. Генетикалық алгоритм әдісі сипаттамасы келтірілген. Сандық нәтижелер алынды және нақты деректермен салыстырмалы талдау жасалды.

Түйін сөздер: коронавирустың таралуы, математикалық модельдеу, Рунге-Кутта әдісі, генетикалық алгоритм, сандық есептеулер.

Abstract

ON NUMERICAL MODELING OF THE INVERSE EPIDEMIOLOGY PROBLEM

Bektemesov Zh.M.¹, Kabanikhin S.I.^{2,3}, Kasenov S.E.^{1,4}

¹Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan

²Institute of Computational Mathematics and Mathematical Geophysics SB RAS, Novosibirsk, Russia

³Novosibirsk State University, Novosibirsk, Russia

⁴Abai Kazakh National Pedagogical University, Almaty, Kazakhstan

The article examines a mathematical compartment model of the spread of the COVID-19 coronavirus. The article consists of six paragraphs. In this study, epidemic outbreaks are studied from an interdisciplinary point of view using an extension of the susceptible-infected-recovered-deceased (SEIRD) model, which is a mathematical chamber model based on the average behavior of the studied population group. Many infectious diseases are characterized by an incubation period between exposure and the appearance of clinical symptoms. Subjects exposed to infection are much more dangerous to the public compared to subjects who have clinical symptoms. A nonlinear system of SEIRD differential equations is considered. For the numerical solution of a direct problem, the fourth-order Runge-Kutta method is considered. In modeling, the relationship is derived based on the laws of the subject area and allows you to determine the nature of changes in the framework of the work, depending on its parameters. The inverse problem is posed to determine the coefficients of this system. The inverse problem was solved by the method of a genetic algorithm. The method of the genetic algorithm is described. Numerical results are obtained and a comparative analysis with accurate data is made.

Keywords: coronavirus spread, mathematical modeling, Runge-Kutta method, genetic algorithm, numerical calculations.

1 Введение

Коронавирусы – это одноцепочечные РНК-вирусы с положительным смыслом, относящиеся к семейству Coronaviridae [1]. Коронавирусная инфекция COVID-19 – потенциально тяжёлая острая респираторная инфекция. Представляет собой опасное заболевание, которое может протекать как в форме острой респираторной вирусной инфекции лёгкого течения, так и в тяжёлой форме, специфические осложнения которой могут включать вирусную пневмонию, влекущую за собой острый респираторный дистресс-синдром или дыхательную недостаточность с риском смерти [2].

С момента появления коронавируса COVID-19 в январе 2020 года этот вирус затронул большинство стран и унес жизни нескольких тысяч человек во всем мире. К марту 2020 года Всемирная организация здравоохранения (ВОЗ) объявила ситуацию пандемией, первой в своем роде в нашем поколении. На сегодняшний день многие страны и регионы заблокированы и применяют строгие меры социального дистанцирования, чтобы остановить распространение вируса. С точки зрения стратегического и медицинского управления, характер распространения заболевания и прогноз его распространения во времени имеют большое значение для спасения жизней и минимизации социальных и экономических последствий заболевания. В научном сообществе интересующая проблема изучалась в различных сообществах, включая математическую эпидемиологию [3], моделирование биологических систем [4], [5].

В этом исследовании эпидемические вспышки изучаются с междисциплинарной точки зрения с использованием расширения модели восприимчиво-зараженных-выздоровевших (SEIR) [3], которая представляет собой математическую камерную модель, основанную на среднем поведении исследуемой группы населения. Цель состоит в том, чтобы понять значения математического моделирования для эпидемических заболеваний. Моделирование показывает, как социальные меры, такие как дистанцирование, региональные ограничения и бдительность общественного здравоохранения, могут влиять на параметры модели, которые, в свою очередь, изменяют показатели смертности и число случаев активного заражения с течением времени.

Такие факторы как смертность и количество инфицированных случаев очень важны в любой эпидемиологической модели, так как количество инфицированных будет определять количество летальных случаев по причине болезни, которое повлияет на количество заразившихся. Но также в на летальность влияет ряд показателей, таких как: возраст, сопутствующие болезни, медицинское вмешательство (смертельные случаи можно предотвратить) и др. В тоже время в работе [6] для более

точного восстановления параметров были использованы данные по официально зарегистрированным выздоревшим слоям населения в Республике Казахстан. Также для определения параметров на возможность их восстановления за счет решения обратных задач, в статье [7] авторы провели анализ идентифицируемости на основе чувствительности для различных моделей распространения пандемии COVID-19. Данный анализ позволил определить наиболее и наименее чувствительные параметры к изменениям данных. Авторы с помощью решения обратной задачи описали основные тенденции распространения вируса в России.

В работе [8] провели оценку эффективности противодействующих мер распространения эпидемии COVID-19 на основе математической модели SEIR для городов Москвы и Санкт-Петербурга, предоставив расчеты по 4 основным сценариям ограничительных мероприятий.

Другие исследователи в [9] решали обратную задачу для моделирования распространения COVID - 19 в Болгарии с использованием обратной времени-зависимой математической модели SEIR представив двухнедельный прогноз количества новых случаев заражения, активных случаев и выздоревших людей. В статье [10] используется полу-управляемая нейронная сеть для изучения решения дифференциальных уравнений для различных параметров моделирования эволюции распространения COVID-19 и ее начальных условий, а затем применяются методы решения обратных задач для оценивания оптимальных условий соответствующих статистическим данным.

Следует подчеркнуть, что математические модели, применяемые к реальным системам (социальным, биологическим, экономическим и т.д.), Действительны только в соответствии с их предположениями и гипотезами. Таким образом, это исследование - и аналогичные - которое касается моделей эпидемии, не несет прямой клинической информации и опасностей для населения, а должно использоваться стратегами здравоохранения для лучшего планирования и принятия решений. Следовательно, изучение этой работы рекомендуется только для исследователей, знакомых с сильными сторонами и ограничениями математического моделирования биологических систем.

В статье представлено краткое введение в математическое моделирование биологических систем, чтобы подчеркнуть сферу охвата настоящего исследования и открыть перспективы для заинтересованных исследователей, которые могут быть менее знакомы с контекстом. Предлагаемая модель распространения коронавируса представлена в третьем разделе.

2 Математическое моделирование

Модель – это объект, который в определенных аспектах напоминает систему или объект, но с ним легче работать по сравнению с исходной системой. Модели используются для:

- 1) идентификации и лучшего понимания систем;
- 2) моделирования поведения системы;
- 3) прогнозирования ее будущего поведения и, в конечном итоге;
- 4) управления системой.

По-видимому, с 1 по 4 проблема становится более сложной, и хотя конечная цель состоит в том, чтобы использовать или контролировать систему, эта цель не обязательно достижима. Хотя моделирование является первым и наиболее важным шагом на этом пути, оно очень сложное и нетривиальное. Различные проблемы, с которыми сталкиваются в этом отношении, включают в себя:

- Модели не являются уникальными, и разные модели могут сосуществовать для одной системы.
- Модель – это лишь кусочек реальности, и все модели имеют область действия, за пределами которой они недействительны.
- Моделирование может выполняться на разных уровнях абстракции, что соответствует уровню упрощения и конкретным аспектам системы, которые рассматриваются моделью.

На примере, реакция глобальных фондовых рынков с многочисленными экономическими, политическими, промышленными, социальными и психологическими факторами на новости с сильным влиянием в случаях может быть смоделирована с помощью дифференциального уравнения второго порядка со ступенчатым избыточным затуханием, которое достигает своего устойчивое состояние через некоторое время. Или в медицине, реакция человеческого организма – с более чем тридцати семи триллионов клеток – на лекарства во многих случаях может быть «резонансно» смоделирована с помощью дифференциального уравнения первого порядка. В то время как различные типы моделей используются для биологических систем, нас обычно интересуют математические модели [11], так как они позволяют предсказывать биологические системы и управлять ими. При выборе между различными доступными моделями широко принятый принцип

является скупость модели, которая просто означает, что «модель должна быть максимально простой и настолько сложной, насколько это необходимо!». Скупость модели также является важным фактором для оценки неизвестных параметров модели с использованием реальных данных. Очевидно, что более точная модель с меньшим количеством параметров предпочтительнее, чем менее точная и более сложная модель. Наконец, физическая интерпретируемость параметров модели и способность оценивать параметры таким образом, чтобы модель соответствовала реальным данным, это то, что делает всю структуру моделирования значимой.

3 Камерная модель коронавирусной эпидемии

Многие инфекционные заболевания характеризуются инкубационным периодом между воздействием и появлением клинических симптомов. Субъекты, подвергающиеся воздействию инфекции, гораздо более опасны для населения по сравнению с субъектами, у которых наблюдаются клинические симптомы. Состояние становится все более и более опасным, с увеличением скорости инкубации. Хорошо известным случаем является вирус ВИЧ в стадии его латентного периода. Опыт COVID-19 показывает, что двухнедельный инкубационный период может распространять вирус по всему миру и практически на любом уровне общества. Помните, что любые двое из нас находятся всего в шести рукопожатиях друг от друга! По этой причине между этапами восприимчивости и заражения модели SIR добавляется дополнительный интервал, который учитывает бессимптомных субъектов. Более того, поскольку мы также заинтересованы в минимизации уровня смертности от этой болезни, камера для смертности предназначен для скончавшейся популяции. Таким образом, переменные модели:

- 1) $S(t)$: количество людей восприимчивой популяции (число людей, которым грозит опасность заражения).
- 2) $E(t)$: количество людей, подвергшегося воздействию вируса (число людей, подвергшихся воздействию вируса, но без симптомов).
- 3) $I(t)$: количество людей инфицированной популяции (число инфицированных лиц с симптомами).
- 4) $R(t)$: количество людей выздоровевшего населения (количество выздоровевших особей).
- 5) $D(t)$: число людей, которые скончались из-за болезни).

Полагая, что

$$S(t) + E(t) + I(t) + R(t) + D(t) = N$$

Предлагаемая модель и ее камерные представление приведены в уравнениях (1) и на рисунке 1.

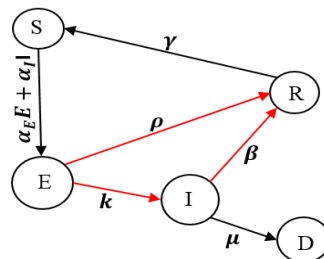


Рисунок 1. Рассматриваемая модель

Рассматривается следующая система дифференциальных уравнений:

$$\begin{aligned}
 \dot{S} &= -\frac{(\alpha_E E + \alpha_I I)S}{N} + \gamma R \\
 \dot{E} &= \frac{(\alpha_E E + \alpha_I I)S}{N} - kE - \rho E \\
 \dot{I} &= kE - \beta I - \mu I \\
 \dot{R} &= \beta I + \rho E - \gamma R \\
 \dot{D} &= \mu I \\
 S(0) &= S_0, \quad E(0) = E_0, \quad I(0) = I_0, \quad R(0) = R_0, \quad D(0) = D_0
 \end{aligned} \tag{1}$$

Алгоритм для численного анализа модели коронавирусной эпидемии. Введем обозначения: $X(t) = (S(t), E(t), I(t), R(t), D(t))^T$ – вектор неизветных, $X_0 = (S_0, E_0, I_0, R_0, D_0)$ – вектор начальных данных

$$\dot{X} = F(X(t), \varphi), \quad X(0) = X_0, \quad t \in (0, T),$$

Для приближенного решения задачи (1) мы применим метода Рунге – Кутта четвертого порядка. Пусть $t \in (0, T)$. Построим разбиение области $(0, T)$: $t_n = n \cdot \tau, n = 0, 1, \dots, N_t, \tau = \frac{T}{N_t}$ – шаг по t . Тогда:

$$\begin{aligned} X_{n+1} &= X_n + \frac{1}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4) \\ k_1 &= \tau \cdot F(X_n, \varphi), \quad k_2 = \tau \cdot F\left(X_n + \frac{k_1}{2}, \varphi\right), \\ k_3 &= \tau \cdot F\left(X_n + \frac{k_2}{2}, \varphi\right), \quad k_4 = \tau \cdot F(X_n + k_3, \varphi) \end{aligned} \quad (2)$$

Расчетные значения параметров и начальных данных математической модели распространения коронавируса в таблице 1 и 2.

Таблица 1. Значения параметров в модели распространения коронавируса

№	Параметр	Описание	Усредненное значение
1	α_I	Параметр заражения между инфицированным и восприимчивым населением, который связан с контагиозностью вируса и социальными факторами	0.005
2	α_E	Параметр заражения между бессимптомной и восприимчивой группами населения	0.65
3	γ	Скорость повторного заражения. Этот параметр является обратной величиной уровня иммунитета вируса (0 – устойчивый иммунитет, 0.001 – вероятность повторного заражения)	(0, 0.001)
4	k	Частота появления симптомов в открытых случаях, что приводит к переходу от бессимптомной к зараженной популяции	0.05
5	ρ	Скорость восстановления выявленных случаев (случаи, которые выявлены, но выздоравливают без каких-либо симптомов)	0.08
6	β	Скорость выздоровления зараженных случаев	0.1
7	μ	Уровень смертности зараженных случаев	0.015

Таблица 2. Значения начальных данных в модели распространения коронавируса [12].

№	Начальные значения	Описание	Расчетное среднее значение
1	S_0	Начальная восприимчивая популяция	1 846 663
2	E_0	Начальная популяция подвергшегося воздействию вируса (без симптомов)	7463
3	I_0	Начальная инфицированная симптоматическая популяция	370
4	R_0	Первоначально выздоровевшая популяция	58
5	D_0	Начальная популяция которые скончались из-за болезни	2
6	N	общая численность населения	1 854 556

4 Обратная задача

Одним из способов предсказания распространения коронавируса является математическое моделирование распространения инфекции в популяции с заданным источником инфекции, скоростями перехода между группами людей со схожими характеристиками (симптомы, карантин, антитела, штаммы), смертности, латентного периода, степени изоляции (миграция населения между провинциями, запрет на ввоз продуктов) и статистической информации о зараженных и вылеченных индивидуумах в фиксированные моменты времени. Математическая модель, описываемая системой нелинейных обыкновенных дифференциальных уравнений (ОДУ), наиболее точно описывает распространение инфекционных заболеваний в популяции, разделенной на группы индивидуумов со схожими характеристиками (например, чувствительные, инфицированные, находящиеся на лечении,

вылеченные и т.п.). Большинство коэффициентов и начальных условий ОДУ не известно или может быть оценено с большой погрешностью.

Обратная задача состоит в определении вектора параметров $q = (\alpha_E, \alpha_I, \kappa, \beta, \vartheta, \mu, \dots) \in \mathbb{R}^6$ из дополнительных измерений I_k – количество инфицированных в k -ый день, D_k – количество умерших в k -ый день, $k = 1, \dots, K$.

Обратная задача сводится к задаче минимизации целевого функционала:

$$J(q) = \sum_{k=1}^K (I_k(t; q) - I_k^{ex})^2 + (D_k(t; q) - D_k^{ex})^2.$$

$I_k^{ex}(t; q), D_k^{ex}(t; q)$ реальные данные с официальных источников.

Используя метод генетического алгоритма, мы минимизируем целевой функционал.

4.1 Генетический алгоритм

Генетические алгоритмы – это адаптивные методы поиска, которые в последнее время используются для решения задач оптимизации. В них используются как аналог механизма генетического наследования, так и аналог естественного отбора.

Операторы выбора родителей. Селекция состоит в том, что родителями могут стать только те особи, значение приспособленности которых не меньше пороговой величины, например, среднего значения приспособленности по популяции. Такой подход обеспечивает более быструю сходимость алгоритма. Однако из-за быстрой сходимости селективный выбор родительской пары не подходит тогда, когда ставится задача определения нескольких экстремумов, поскольку для таких задач алгоритм, как правило, быстро сходится к одному из решений. Кроме того, для некоторых многомерных задач со сложным ландшафтом целевой функции быстрая сходимость может превратиться в преждевременную сходимость к квазиоптимальному решению. Этот недостаток может быть отчасти компенсирован использованием подходящего механизма отбора, который бы тормозил слишком быструю сходимость алгоритма. Пороговая величина в селекции может быть вычислена разными способами. Поэтому в литературе по генетическому алгоритму выделяют различные вариации селекции. Наиболее известные из них – это турнирный и рулеточный (пропорциональный) отборы. При турнирном отборе из популяции, содержащей N особей, выбираются случайным образом t особей, и лучшая из них особь записывается в промежуточный массив. Эта операция повторяется N раз. Особи в полученном промежуточном массиве затем используются для скрещивания (также случайным образом). Размер группы строк, отбираемых для турнира, часто равен 2. В этом случае говорят о двоичном (парном) турнире. Вообще же t называют численностью турнира. Преимуществом данного способа является то, что он не требует дополнительных вычислений.

Рекомбинация(воспроизведение). Оператор рекомбинации применяют сразу же после оператора отбора родителей для получения новых особей-потомков. Смысл рекомбинации заключается в том, что созданные потомки должны наследовать генную информацию от обоих родителей.

Промежуточная рекомбинация применима только к вещественным переменным, но не к бинарным. В данном методе предварительно определяется числовой интервал значений генов потомков, который должен содержать значения генов родителей. Потомки создаются по следующему правилу:

$$\text{Потомок} = \text{Родитель1} + \alpha(\text{Родитель 2} - \text{Родитель 1}),$$

где множитель α – случайное число на отрезке $[-d, 1+d]$, $d \geq 0$. Как отмечают сторонники этого метода, наиболее оптимальное воспроизведение получается при $d = 0,25$. для каждого гена создаваемого потомка выбирается отдельный множитель α .

Мутация. После процесса воспроизводства происходит мутация. Данный оператор необходим для «выбывания» популяции из локального экстремума и препятствует преждевременной сходимости. Это достигается за счет того, что изменяется случайно выбранный ген в хромосоме.

Операторы отбора особей в новую популяцию. Для создания новой популяции можно использовать различные методы отбора особей.

Отбор вытеснением. В данном отборе выбор особа в новую популяцию зависит не только от величины ее пригодности, но и от того, есть ли уже в формируемой популяции особь с аналогичным хромосомным набором. Отбор проводится из числа родителей и их потомков. Из всех особей с

одинаковой приспособленностью предпочтение сначала отдается особям с разными генотипами. Таким образом, достигаются две цели: во-первых, не теряются лучшие найденные решения, обладающие различными хромосомными наборами, во-вторых, в популяции постоянно поддерживается генетическое разнообразие. Вытеснение в данном случае формирует новую популяцию скорее из удаленных особей, вместо особей, группирующихся около текущего найденного решения. Данный метод наиболее пригоден для многоэкстремальных задач, при этом помимо определения глобальных экстремумов появляется возможность выделить и те локальные экстремумы, значения которых близки к глобальным.

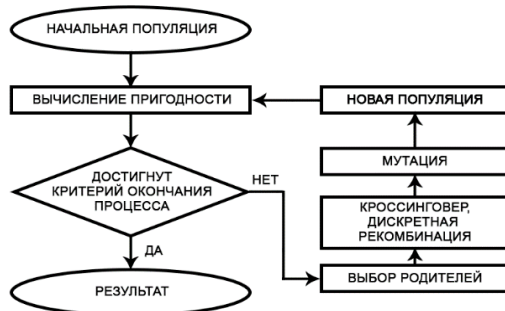


Рисунок 2. Схема генетического алгоритма

5 Численные расчеты обратной задачи

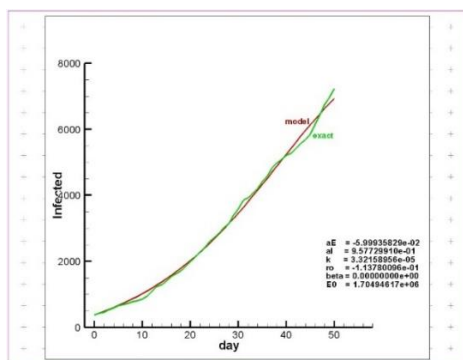


График функции инфицированных: точные данные (зеленый) и решение обратной задачи (красный)

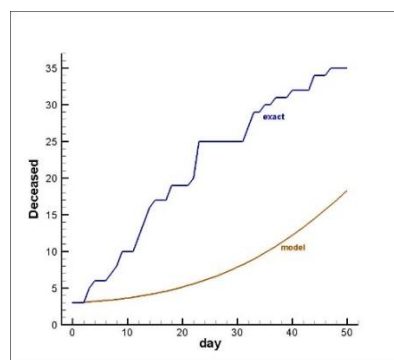


График функции умерших: точные данные (синий) и решение обратной задачи (коричневый)

Рисунок 3. Результаты расчетов обратной задачи

Заключение

Численные расчеты проводились в период начала пандемии, апрель и май месяцы 2020 года. Решение обратной задачи показывает, что графики функции инфицированных почти совпадают с реальными данными, что показано на рисунке 3 (слева), где зеленая линия – это реальные данные, а красная линия – восстановленный график за счет решения обратной задачи. В тоже время на рисунке 3 (справа) присутствует значительное расхождение графика функции среди умерших индивидуумов, где синяя линия это точные статистические данные, а красная – смоделированная. Таким образом, следует вывод, что для более точного моделирования имеется нехватка статистических данных по переменным таким, как бессимптомная группа населения и выздоровевшая группа. К сожалению, такие данные могут быть не отражены на официальных информационных ресурсах (бессимптомные индивидуумы), в силу своей сложности измерения, либо имеют расхождение с реальными данными (выздоровевшие), так как могли переболеть в легкой форме и выздороветь не обращаясь в медицинские учреждения и не сдавая ПЦР-тестов.

Работа выполнена при финансовой поддержке Комитета науки МОН РК № AP09260317 – «Разработка интеллектуальной системы оценки развития эпидемии COVID-19 и других инфекций в Казахстане»

Список использованной литературы:

- 1 Chen, Y, Liu, Q, Guo, D. Emerging coronaviruses: Genome structure, replication, and pathogenesis. *Journal of Medical Virology*. 2020; V 92, Is 4: pp.418– 423. <https://doi.org/10.1002/jmv.25681>
- 2 Коронавирусная инфекция COVID-19. Материал из Википедии — свободной энциклопедии. https://ru.wikipedia.org/wiki/Коронавирусная_инфекция_COVID-19.
- 3 F. Brauer, C. Castillo-Chavez, and C. Castillo-Chavez, *Mathematical models in population biology and epidemiology*. Springer, 2012, vol. 2.
- 4 J. Haefner, *Modeling Biological Systems: Principles and Applications*. Springer, 2005.
- 5 G. de Vries, T. Hillen, M. Lewis, B. Schönlisch, and J. Muller, *A Course in Mathematical Biology: Quantitative Modeling with Mathematical and Computational Methods*, ser. *Monographs on Mathematical Modeling and Computation*. Society for Industrial and Applied Mathematics, 2006.
- 6 Kabanikhin S.I., Bektemesov M.A., Bektemessov Zh.M. *Mathematical Model For Medium-Term Covid-19 Forecasts In Kazakhstan* // Вестник КазНУ. Серия математика, механика, информатика. – 2021. – Т. 111. – №. 3. – С. 95-106.
- 7 Krivorotko O.I., Kabanikhin S.I., Sosnovskaya M. and Andornaya D., "Sensitivity and identifiability analysis of COVID-19 pandemic models", *Vavilov Journal of Genetics and Breeding* 25-1 (2021): 82-91.
- 8 А. В. Матвеев. Математическое моделирование оценки эффективности мер против распространения эпидемии COVID-19. Национальная безопасность и стратегическое планирование. 2020; 1(29), 23-39. <http://elibrary.ru/item.asp?id=42745669>
- 9 Margenov S., Popivanov N., Ugrinova I., Harizanov S., Hristov T., "Mathematical and computer modeling of COVID-19 transmission dynamics in Bulgaria by time-depended inverse SEIR model", *AIP Conference Proceedings* 2333 (2021).
- 10 Paticchio A., Scarlatti T., Mattheakis M., Protopapas P., Brambilla M., "Semi-supervised Neural Networks solve an inverse problem for modeling Covid-19 spread", *Preprint* (2020): 1-6.
- 11 J. Ottesen, M. Olufsen, and J. Larsen, *Applied Mathematical Models in Human Physiology*, ser. *Monographs on Mathematical Modeling and Computation*. Society for Industrial and Applied Mathematics, 2004.
- 12 <https://datastudio.google.com/u/0/reporting/2ed9408a-1314-47f5-974e-68087b03c824/page/CSCJB?params=%7B%22df35%22:%22include%25EE%2580%25800%25EE%2580%2580IN%25EE%2580%2580%25D0%2590%25D0%25BB%25D0%25BC%25D0%25B0%25D1%2582%25D1%258B%22%7D>

References:

- 1 Chen, Y, Liu, Q, Guo, D. Emerging coronaviruses: Genome structure, replication, and pathogenesis. *Journal of Medical Virology*. 2020; V 92, Is 4: pp.418– 423. <https://doi.org/10.1002/jmv.25681>
- 2 Коронавирусная инфекция COVID-19. Материал из Википедии — свободной энциклопедии. https://ru.wikipedia.org/wiki/Коронавирусная_инфекция_COVID-19.
- 3 F. Brauer, C. Castillo-Chavez, and C. Castillo-Chavez, *Mathematical models in population biology and epidemiology*. Springer, 2012, vol. 2.
- 4 J. Haefner, *Modeling Biological Systems: Principles and Applications*. Springer, 2005.
- 5 G. de Vries, T. Hillen, M. Lewis, B. Schönlisch, and J. Muller, *A Course in Mathematical Biology: Quantitative Modeling with Mathematical and Computational Methods*, ser. *Monographs on Mathematical Modeling and Computation*. Society for Industrial and Applied Mathematics, 2006.
- 6 Kabanikhin S.I., Bektemesov M.A., Bektemessov Zh.M. *Mathematical Model For Medium-Term Covid-19 Forecasts In Kazakhstan* // Вестник КазНУ. Серия математика, механика, информатика. – 2021. – Т. 111. – №. 3. – С. 95-106.
- 7 Krivorotko O.I., Kabanikhin S.I., Sosnovskaya M. and Andornaya D., "Sensitivity and identifiability analysis of COVID-19 pandemic models", *Vavilov Journal of Genetics and Breeding* 25-1 (2021): 82-91.
- 8 A.V. Matveev. *Mathematical modeling of evaluating the effectiveness of measures against the spread of the COVID-19 Epidemic*. National security and strategic planning. 2020; (1 (29)), 23-39. <http://elibrary.ru/item.asp?id=42745669>
- 9 Margenov S., Popivanov N., Ugrinova I., Harizanov S., Hristov T., "Mathematical and computer modeling of COVID-19 transmission dynamics in Bulgaria by time-depended inverse SEIR model", *AIP Conference Proceedings* 2333 (2021).
- 10 Paticchio A., Scarlatti T., Mattheakis M., Protopapas P., Brambilla M., "Semi-supervised Neural Networks solve an inverse problem for modeling Covid-19 spread", *Preprint* (2020): 1-6.
- 11 J. Ottesen, M. Olufsen, and J. Larsen, *Applied Mathematical Models in Human Physiology*, ser. *Monographs on Mathematical Modeling and Computation*. Society for Industrial and Applied Mathematics, 2004.
- 12 <https://datastudio.google.com/u/0/reporting/2ed9408a-1314-47f5-974e-68087b03c824/page/CSCJB?params=%7B%22df35%22:%22include%25EE%2580%25800%25EE%2580%2580IN%25EE%2580%2580%25D0%2590%25D0%25BB%25D0%25BC%25D0%25B0%25D1%2582%25D1%258B%22%7D>