

DOI 10.31891/2307-5732-2024-343-6-8

УДК 004.02, 004.67, 004.891.3, 616.24-002.5-02:316.342.6:316.62:314(477)

ПАНТЬО РОСТИСЛАВ

Національний університет «Львівська Політехніка», м. Львів, Україна

<https://orcid.org/0000-0003-1610-9062>e-mail: rost.panto@gmail.com**НЕВІНСЬКИЙ ДЕНИС**

Національний університет «Львівська Політехніка», м. Львів, Україна

<https://orcid.org/0000-0002-0962-072X>e-mail: Nevinskyi90@gmail.com**ВИКЛЮК ЯРОСЛАВ**

Національний університет «Львівська Політехніка», м. Львів, Україна

<https://orcid.org/0000-0003-4766-4659>e-mail: vyklyuk@ukr.net

ПОБУДОВА МОДЕЛІ ПОШИРЕННЯ COVID-19 В УКРАЇНІ

Це дослідження має на меті з'ясувати динаміку поширення COVID-19 в Україні шляхом побудови математичної моделі. Унікальність цієї роботи полягає у використанні реальних даних, отриманих з відкритих офіційних джерел, таких як Міністерство охорони здоров'я України та Всесвітня організація охорони здоров'я. Ці дані, що включають інформацію про щоденну кількість нових випадків захворювання, були використані для створення моделі поширення інфекції, яка допоможе краще зрозуміти розвиток епідемії в країні.

Для аналізу було зібрано дані за період з лютого 2020 року по грудень 2021 року. Основним завданням було побудувати математичну модель на основі реальних даних та обчислити очікувані значення кількості нових випадків захворювання на основі цієї моделі. У своїй роботі я застосував SEIR-модель, яка дозволяє моделювати розвиток епідемії через чотири основні етапи: сприйнятливість, експозиція, інфікування та одужання. Після побудови моделі я провів розрахунки для прогнозування динаміки інфекції в Україні.

В рамках дослідження була розроблена SEIR-модель для міста Київ, яка враховує ймовірності переходів між станами, розраховані на основі реальних даних. Симуляція показала, що пік інфекції досягається приблизно на 20-й день, а поширення вірусної інфекції припиняється на 40-й день симуляції. Результати моделювання були порівняні з реальними даними, що підтвердило точність моделі та її здатність відтворювати реальні епідемічні процеси.

Аналіз показав, що побудована модель може бути ефективним інструментом для прогнозування кількості нових випадків COVID-19 за умов наявності точних вхідних даних. Подальші дослідження можуть зосередитися на вдосконаленні моделі шляхом інтеграції нових даних, врахування додаткових факторів, таких як вакцинавання населення, та адаптації моделі до реальних умов України. Це дозволить розробити ефективні стратегії реагування, оптимізувати вакцинальні кампанії та покращити управління ресурсами охорони здоров'я.

Ключові слова: COVID-19, поширення інфекції, математичне моделювання, SEIR-модель, прогнозування, епідеміологічна модель.

PANTO ROSTYSLAV, NEVINSKYI DENYS, VYKLYUK YAROSLAV
Lviv Polytechnic National University

BUILDING A MODEL OF THE SPREAD OF COVID-19 IN UKRAINE

This study aims to determine the dynamics of the spread of COVID-19 in Ukraine by building a mathematical model. The uniqueness of this work lies in the use of real data obtained from open official sources, such as the Ministry of Health of Ukraine and the World Health Organization. This data, which includes information on the daily number of new cases, was used to create a model of the spread of infection, which will help to better understand the development of the epidemic in the country.

Data were collected for the period from February 2020 to December 2021 for the analysis. The main task was to build a mathematical model based on real data and calculate the expected values of the number of new cases based on this model. In my work, I used the SEIR model, which allows you to model the development of the epidemic through four main stages: susceptibility, exposure, infection and recovery. After building the model, I performed calculations to predict the dynamics of infection in Ukraine.

As part of the study, a SEIR model was developed for the city of Kyiv, which takes into account the probabilities of transitions between states, calculated on the basis of real data. The simulation showed that the peak of infections is reached on approximately the 20th day, and the spread of viral infection stops on the 40th day of the simulation. The simulation results were compared with real data, which confirmed the accuracy of the model and its ability to reproduce real epidemic processes.

The analysis showed that the constructed model can be an effective tool for predicting the number of new COVID-19 cases, provided that accurate input data are available. Further research can focus on improving the model by integrating new data, taking into account additional factors, such as population vaccination, and adapting the model to the real conditions of Ukraine. This will allow developing effective response strategies, optimizing vaccination campaigns, and improving the management of healthcare resources.

Keywords: COVID-19, spread of infections, mathematical modelling, SEIR model, forecasting, epidemiological model.

Вступ

На момент 2024 року Україна, як і багато інших країн, пережила кілька хвиль COVID-19, і система охорони здоров'я зіткнулася з величезними навантаженнями[1], [2]. Ефективне управління епідемією потребує точних прогнозів щодо динаміки поширення вірусу, навантаження на лікарні, потреби у медичних ресурсах та ймовірності летальних випадків[3]. Побудова моделей поширення інфекції з урахуванням місцевих даних та специфіки вікових груп дозволяє краще зрозуміти особливості епідемічного процесу в Україні[4].

У 2020 році світ зіткнувся з масштабною пандемією COVID-19, що спричинила значні виклики для

систем охорони здоров'я, економік та суспільства в цілому[5]. Одним із ключових елементів боротьби з поширенням вірусу стало розроблення математичних моделей, які дозволяють прогнозувати розвиток епідемії та ефективно планувати заходи для її стримування. Моделі поширення інфекційних захворювань надають можливість аналізувати різні сценарії епідемії, оцінювати вплив втручань, таких як карантинні заходи, вакцинація, чи зміна соціальної поведінки населення[6].

Однією з таких моделей є модель SEIR[7], яка поділяє населення на чотири ключові стани: сприйнятливий (Susceptible), підданий впливу (Exposed), інфікований (Infectious) та ті, хто одужали або померли (Removed). Ця модель була застосована для оцінки поширення COVID-19 в Україні. Вона враховує реальні дані Міністерства охорони здоров'я України та допомагає розуміти динаміку поширення вірусу в різних вікових групах, а також ймовірності переходу між станами[8].

Метою роботи є побудувати математичну модель поширення COVID-19 в Україні на основі моделі SEIR. Особлива увага буде приділена ймовірностям переходів між станами, розподіленим за віковими групами, а також впливу на процес госпіталізації та летальних випадків. Це дозволить оцінити можливі сценарії розвитку епідемії та надати інструмент для ухвалення управлінських рішень у сфері охорони здоров'я.

Матеріали та методи

Аналіз предметної області

Епідемії, як і природні катастрофи, вимагають швидкого та ефективного реагування з боку урядів і систем охорони здоров'я. За останні роки різні дослідження зосередилися на моделюванні поширення інфекційних хвороб, використовуючи численні методи, такі як моделі SEIR та агентне моделювання. Ці підходи дозволяють аналізувати динаміку поширення захворювань, оцінювати ефективність стратегій вакцинації, а також вивчати вплив соціальних і екологічних факторів на епідемічні спалахи. Проаналізуємо роботу по даній області:

У роботі «A simulation-deep reinforcement learning (SiRL) approach for epidemic control optimization»[9] розглянуто прийняття рішень для екстреного реагування на епідемію з урахуванням цілей особи, яка приймає рішення. Досліджено різні стратегії вакцинації, такі як вікова та випадкова вакцинація, для визначення пріоритетів у процесі вакцинації. Використано симуляції глибокого навчання з підкріпленням (SiRL) для оптимізації кількості смертей від вірусу, зберігаючи економіку. Серед недоліків роботи – недостатнє порівняння результатів, мала кількість агентів і відсутність демонстрації оптимальності моделі навчання з підкріпленням.

У роботі «VGsim: scalable viral genealogy simulator for global pandemic»[10] представлено симулятор VGsim, який вирішує проблему генеалогічного моделювання за допомогою епідеміологічних моделей. Моделювання поділено на дві фази: прогін вперед, що створює ланцюг подій на рівні населення, і зворотний прогін, що формує родовід дерева із зразків. Робота не включає порівняння оптимальності алгоритму з іншими та аналіз впливу параметрів моделі.

У дослідженні «Simulation-based estimation of the early spread of COVID-19 in Iran: actual versus confirmed cases»[11] виконано прогноз поширення COVID-19 в Ірані на основі моделі SEIR. Виявлено, що кількість смертей перевищувала офіційні дані, але не враховано кліматичні умови, густоту населення та соціальні обмеження, що впливають на точність прогнозів.

У роботі «Simulating COVID-19 in a university environment»[12] моделюється поширення COVID-19 в університеті з урахуванням таких параметрів, як дистанціювання та карантин. Визначено, що рандомізоване тестування, відстеження контактів і карантин є важливими для стримування спалахів. Недоліком є те, що не враховано взаємодію агентів з навколишнім середовищем поза університетом.

У дослідженні «Minimizing disease spread on a quarantined cruise ship: A model of COVID-19 with asymptomatic infections»[13] розглянуто поширення COVID-19 на круїзному лайнері та в будинку пристарілих за допомогою моделі SEIR. Робота має обмеження через малу кількість даних, погану кореляцію з результатами та низьку чутливість параметрів.

У статті «Re-thinking the role of government information intervention in the COVID-19 pandemic: An agent-based modeling analysis»[14] досліджено дилему інформаційних втручань уряду та компроміси між стратегіями. Робота зосереджена на теоретичних аспектах поширення інформації та епідемії, але не аналізує запропоновані стратегії з реальними даними.

Аналіз представлених досліджень демонструє різноманітні підходи до моделювання епідемії та їхнього впливу на суспільство підкреслюють важливість вибору оптимальних стратегій вакцинації та генеалогічного моделювання для ефективного управління епідеміями. Проте в них виявлені суттєві недоліки, такі як обмежене порівняння результатів та відсутність детального аналізу параметрів моделі.

Існує необхідність у більш глибокому аналізі та валідації моделей, врахуванні реальних даних та адаптації підходів до специфічних умов, щоб підвищити їх ефективність у боротьбі з епідеміями. Це підкреслює важливість інтеграції різних методів моделювання та кращого розуміння соціальних динамік в умовах глобальних пандемій.

З огляду на вищеописані джерела створення власної SEIR-моделі з використанням даних по Україні є критично важливим для точного прогнозування поширення інфекцій, оскільки враховує специфіку регіону, щільність населення та соціальні умови. Це дозволить розробити ефективні стратегії реагування,

оптимізувати вакцинальні кампанії та покращити управління ресурсами охорони здоров'я.

Модель міста

В якості моделі була вибрана Geoscity запропонована в роботі [15], який описано як проводити імітацію функціонування та взаємодію мешканців міста. Відповідно дані для імітаційної моделі були взяті із вище зазначеної роботи.

Епідемологічна модель SEIR

В якості моделі поширення інфекції між агентами системи розглядалась класична SEIR модель (рис. 1.). Згідно цієї моделі переходи між станами відбуваються через зв'язки які зображені на рисунку і відображають певну ймовірність переходу.

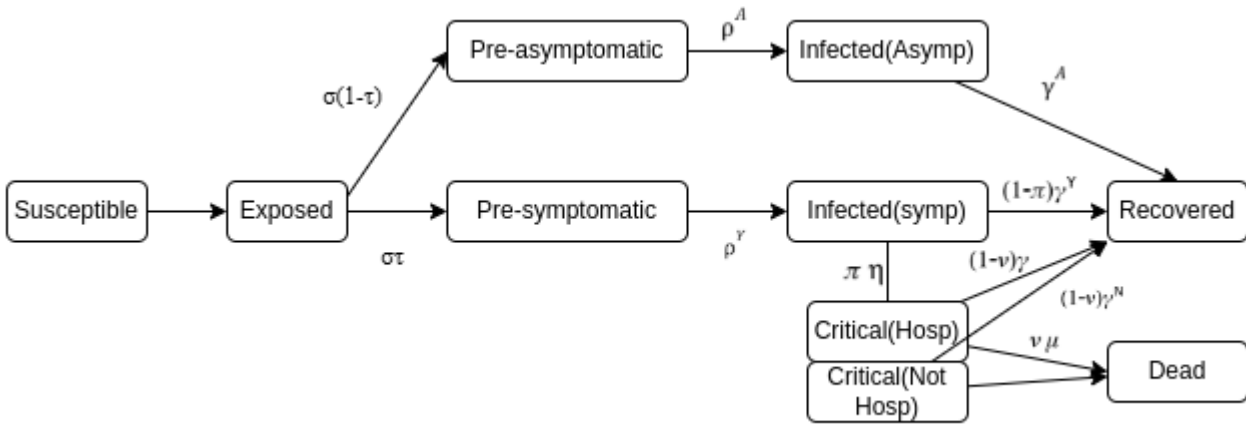


Рис 1. Модель SEIR

Ймовірності переходу були обчислені згідно даних поширених Міністерством охорони здоров'я України місто Київ по захворюванню на COVID-19 [8] станом на 24.02.2024р:

- $\sigma = \frac{1}{2.8}$ – ймовірність переходу в стан вразливих
- $\tau = 0.56$ – відношення асимптоматичного до симптоматичного зараження
- $\rho^Y = \frac{1}{2.1}$ – ймовірність симптоматичного зараження
- $\rho^A = \frac{1}{2.1}$ – ймовірність асимптоматичного зараження
- $\gamma^Y = \frac{1}{4.4}$ – ймовірність відновлення з симптоматичного зараження
- $\gamma^A = \frac{1}{4.4}$ – ймовірність відновлення з асимптоматичного зараження
- $\gamma^H = \frac{1}{10.1}$ – ймовірність відновлення з критичного госпіталізованого стану
- $\gamma^N = 0.0214$ – ймовірність відновлення з критичного негоспіталізованого стану
- $YHR = [0.0007318, 0.0007348, 0.04735, 0.0163, 0.254]$ – ймовірність госпіталізації симптоматично залежно від віку
- $HFR = [0.04, 0.012362, 0.03124, 0.010235, 0.024558]$ - ймовірність смерті з госпіталізації залежно від віку
- $\pi = \frac{\gamma^Y}{\eta + (\gamma^Y - \eta)YHR} = \frac{4.2}{0.1695 + (4.2 - 0.1695)0.07018} = 9,28463$ – ймовірність переходу з симптоматичного інфікування до госпіталізації
- $\nu = \frac{\gamma^H HFR}{\mu + (\gamma^H - \mu)HFR} = \frac{10,6 * 3,122}{8,3 + (10,6 - 8,3)3,122} = 2,1377$ – ймовірність від госпіталізації до смерті
- $\varphi = [0.237, 0.328, 0.2314, 0.303, 0.419]$ - ймовірність від критичного стану до смерті

Загалом для даної моделі ймовірності були розділені на декілька категорій де кожна ймовірність відповідає віковій групі агентів. Вікові групи були наступними: від 3 до 18 років, від 18 до 45 років, від 45 до 64 років, від 64 до 101 року.

На початку симуляції епідемії випадковим чином буде вибрано деяких людей, які будуть піддані впливу(exposed) співвідношення того скільки осіб буде віднесено до вразливих визначається ймовірність переходу в стан «вразливий».

Потім заражені люди переходять в один із інфекційних станів і взаємодіють із здоровими людьми. Імовірність того, що здорова особа буде інфікована в певний день після контакту з інфікованою особою, розраховується наступним чином:

$$C_i^j(t) = \{p^{bj} \sim N_j(t) | p \in N_j^{inf}(t)\}.$$

де:

$C_i^j(t)$ це набір інфікованих людей, з якими особа і контактує в місці j у момент часу t.

$N_j(t)$ це набір загальної кількості населення в місці j у момент часу t.

$N_j^{inf}(t)$ це набір інфікованих людей у місці j у момент часу t . b^j це швидкість контакту людей у місці j .

Отже,

$$p^{S \rightarrow E} = 1 - \prod_{t=0}^{23} \left(\prod_{k \in C_t^j(t)} (1 - a^k) \right),$$

де:

$p^{S \rightarrow E}$ – є ймовірністю того, що здорова особа не буде інфікована після контакту з інфікованою особою в момент часу t .

$a^k \sim N^{bounded}(a, \sigma)$ це швидкість розповсюдження інфекції у кожної людини, яка використовується для відображення різниці у сприйнятливості між різними людьми.

Результати та дискусія

Кількість агентів для симуляції було взято 200000 як і в цілях оптимізації так і для неоднорідного заселення осіб в будинки. В місті Київ кількість агентів складає приблизно 2 000 000 людей.

Дані про кількість людей були взяті з вікової структури населення в Україні а саме діти - понад 16 %, люди старшого віку - близько 24 %, люди працездатного віку - до 60 %. Тобто наприклад якщо візьмемо 200000 людей то серед них буде 32000 дітей, 48000 старшого віку, 120000 працездатного віку.

Також згідно статистики студенти налічують 25% від осіб працездатного віку а отже 30000 осіб

Таблиця 1

Кількість осіб використаних в симуляції

Особа	Кількість
Дитина	32000
Студент	30000
Дорослий	90000
Людина похилого віку	48000

Від даного розподілу залежатиме ризик захворювання кожної особи.

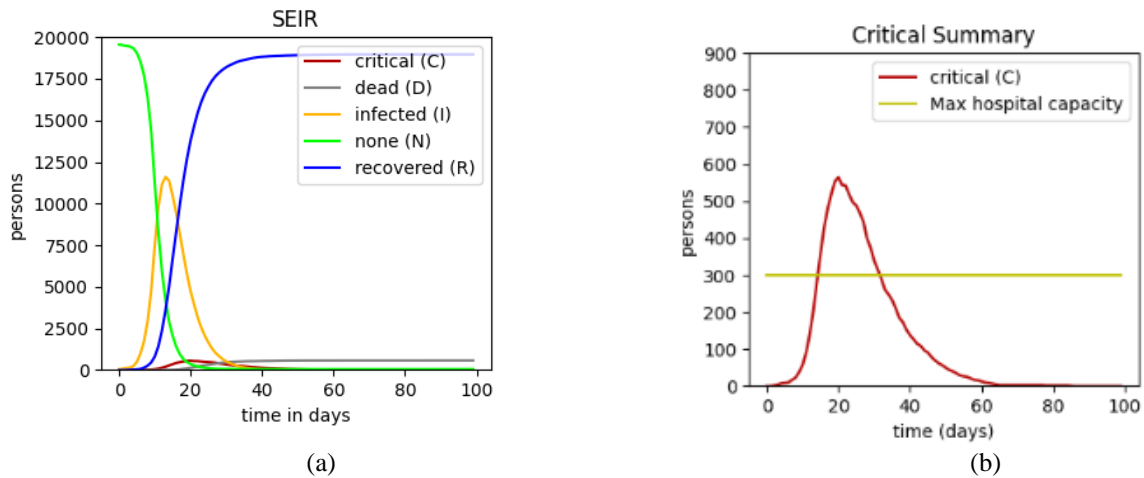


Рис 2. Симуляція поширення вірусних інфекцій на моделі

Рисунок 2.а демонструє модель SEIR, яка відстежує динаміку інфекції в популяції. На осі X відображено час у днях, а на осі Y — кількість осіб, до 20,000. Зелена лінія показує неінфікованих, що швидко зменшуються на початку. Жовта лінія представляє інфікованих, які досягають піку приблизно на 20-й день. Синя лінія показує одужалих, число яких різко зростає після піку інфекції. Як бачимо з графіку поширення вірусної інфекції припинилось на 40 день симуляції.

Рисунок 2.б відображає критичний стан пацієнтів у часі. На осі X показано час у днях, а на осі Y — кількість критичних пацієнтів. Червона лінія представляє кількість критичних випадків, яка досягає піку приблизно на 20-й день. Жовта лінія показує максимальну ємність лікарні, яка залишається постійною. Кількість критичних випадків перевищує лікарняну ємність на піку, що може вказувати на перевантаження медичної системи. Як бачимо з графіку, ємність кількості критично хворих складає 300 а сама кількість критично хворих приблизно 600.

Отже, як бачимо, дана математична модель дозволяє досить точно класифікувати людей і виділити такі стани як госпіталізовані, асимптоматично хворі, симптоматично хворі. Також досить детально описати умови переходу індивідів з одного стану в інший, що дозволяє точно описати симуляцію

Для порівняння точності моделі проведемо порівняння з експериментальними даними взятими по місту Київ. Накладемо реальні дані на результати отримані по симуляції і звіримо отримані графіки, якщо буде присутня схожість отже дані симуляції добре відтворюють реальні дані і отриману симуляцію можна буде використовувати для подальших досліджень.

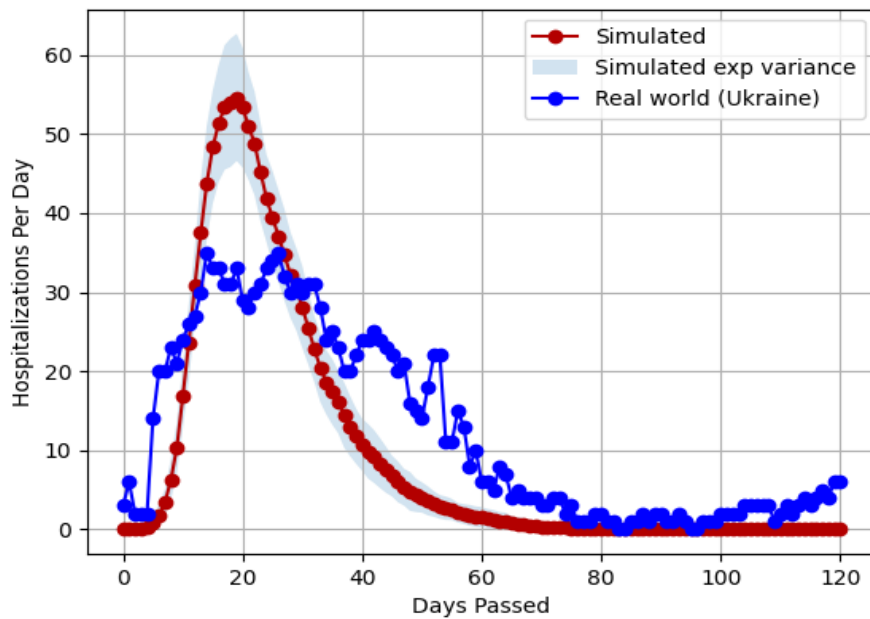


Рис 3. Порівняння з реальними даними для міста Київ

На графіку видно, як модельовані дані узгоджуються з реальними даними. Пік госпіталізацій припадає на 20-й день, що свідчить про швидке зростання випадків на початку. Після піку спостерігається поступове зниження, що може вказувати на ефективність заходів контролю. Сині точки, що представляють реальні дані, мають деякі коливання, але загалом слідує за модельованим трендом. Як бачимо з графіку присутня схожість між реальними даними та симуляцією, отже можна вважати що дана симуляція досить чітко відтворює реальні дані.

Висновки з даного дослідження

і перспективи подальших розвідок у даному напрямі

Дослідження, проведене в рамках цієї роботи, підкреслює важливість використання математичного моделювання для аналізу поширення COVID-19 в Україні. Використання моделі SEIR дозволило детально проаналізувати епідемічний процес, оскільки вона розподіляє населення на ключові стани: сприйнятливі, піддані впливу, інфіковані та ті, хто одужав або помер. Зібрані дані з офіційних джерел, таких як Міністерство охорони здоров'я України, забезпечили точність і надійність моделі. Це особливо важливо для розуміння особливостей епідемічного процесу, оскільки локальні дані дозволяють враховувати специфіку демографії та соціальної поведінки населення.

Прогнозування динаміки поширення COVID-19 з використанням побудованої моделі показало, що вона може бути ефективним інструментом для прогнозування нових випадків захворювання. Результати моделювання вказують на потенційні піки захворюваності, що може допомогти у плануванні ресурсів та управлінні епідемією. Графіки, представлені в роботі, демонструють сценарій розвитку епідемії, що підкреслює значення своєчасного реагування на епідемічні спалахи. Визначені ймовірності переходів між станами в моделі також вказують на різні аспекти впливу віку на поширення захворювання.

Подальші дослідження можуть зосередитися на вдосконаленні моделі шляхом інтеграції нових даних та врахування додаткових факторів, таких як вакцинавання населення та зміна поведінки під час епідемії а також використання даної моделі для мультиагентних систем та проведення більш точних симуляцій. Адаптація моделі до реальних умов України є необхідною для підвищення її точності та прогнозування. Загалом, результати цього дослідження свідчать про те, що математичне моделювання може відігравати ключову роль у контролі епідемії, надаючи корисні інструменти для прийняття управлінських рішень у сфері охорони здоров'я.

Література

1. 'Ukraine War: The impact of disruption on infectious and chronic disease programmes is expected to be severe and durable - Ukraine | ReliefWeb'. Accessed: Apr. 22, 2024. [Online]. Available: https://reliefweb.int/report/ukraine/ukraine-war-impact-disruption-infectious-and-chronic-disease-programmes-expected-be-severe-and-durable?gad_source=1&gclid=Cj0KCQjwZixBhCoARIsAIC745C-XNTItDDWqCCjNPIh61HGGeSwcEk99q4T0PmQIWZ0bKSMkXfmzukaAjnjEALw_wcB
2. D. Chumachenko, P. Pyrohov, I. Meniailov, and T. Chumachenko, 'Impact of war on COVID-19 pandemic in Ukraine: the simulation study', *Radioelectronic and Computer Systems*, no. 2, Art. no. 2, May 2022, doi: 10.32620/reks.2022.2.01.
3. W. C. Roda, M. B. Varughese, D. Han, and M. Y. Li, 'Why is it difficult to accurately predict the COVID-19 epidemic?', *Infect Dis Model*, vol. 5, pp. 271–281, 2020, doi: 10.1016/j.idm.2020.03.001.

4. 'Coronavirus in Ukraine'. Accessed: Oct. 31, 2024. [Online]. Available: <https://covid19.gov.ua/en>
5. 'Impact of the coronavirus pandemic on the global economy - Statistics & Facts | Statista'. Accessed: Oct. 31, 2024. [Online]. Available: <https://www.statista.com/topics/6139/covid-19-impact-on-the-global-economy/#editorsPicks>
6. J. Rodríguez, M. Patón, J. M. Uratani, and J. M. Acuña, 'Modelling the impact of interventions on the progress of the COVID-19 outbreak including age segregation', *PLoS ONE*, vol. 16, no. 3, p. e0248243, Mar. 2021, doi: 10.1371/journal.pone.0248243.
7. R. Engbert, M. M. Rabe, R. Kliegl, and S. Reich, 'Sequential Data Assimilation of the Stochastic SEIR Epidemic Model for Regional COVID-19 Dynamics', *Bull Math Biol*, vol. 83, no. 1, p. 1, Jan. 2021, doi: 10.1007/s11538-020-00834-8.
8. 'Коронавірусна інфекція COVID-19 | Центр громадського здоров'я'. Accessed: Oct. 27, 2024. [Online]. Available: <https://phc.org.ua/kontrol-zakhvoryuvan/inshi-infekciyni-zakhvoryuvannya/koronavirusna-infekciya-covid-19>
9. S. Bushaj, X. Yin, A. Beqiri, D. Andrews, and İ. E. Büyüktaktın, 'A simulation-deep reinforcement learning (SiRL) approach for epidemic control optimization', *Ann Oper Res*, vol. 328, no. 1, pp. 245–277, Sep. 2023, doi: 10.1007/s10479-022-04926-7.
10. V. Shchur, V. Spirin, D. Sirotkin, E. Burovski, N. D. Maio, and R. Corbett-Detig, 'VGsim: scalable viral genealogy simulator for global pandemic', Dec. 02, 2021, medRxiv. doi: 10.1101/2021.04.21.21255891.
11. N. Ghaffarzadegan and H. Rahmandad, 'Simulation-based estimation of the early spread of COVID-19 in Iran: actual versus confirmed cases', *System Dynamics Review*, vol. 36, pp. 101–129, Jul. 2020, doi: 10.1002/sdr.1655.
12. P. T. Gressman and J. R. Peck, 'Simulating COVID-19 in a university environment', *Mathematical Biosciences*, vol. 328, p. 108436, Oct. 2020, doi: 10.1016/j.mbs.2020.108436.
13. B. Batista, D. Dickenson, K. Gurski, M. Kebe, and N. Rankin, 'Minimizing disease spread on a quarantined cruise ship: A model of COVID-19 with asymptomatic infections', *Mathematical Biosciences*, vol. 329, p. 108442, Nov. 2020, doi: 10.1016/j.mbs.2020.108442.
14. Y. Lu, Z. Ji, X. Zhang, Y. Zheng, and H. Liang, 'Re-Thinking the Role of Government Information Intervention in the COVID-19 Pandemic: An Agent-Based Modeling Analysis', *Int J Environ Res Public Health*, vol. 18, no. 1, p. 147, Jan. 2021, doi: 10.3390/ijerph18010147.
15. Y. Vyklyuk, D. Nevinskyi, and N. Boyko, 'Geocity-a new dynamic-spatial model of urban ecosystem', *J geographical IJC*, vol. 73, no. 2, pp. 187–203, 2023, doi: 10.2298/IJGI2302187V.

References

1. 'Ukraine War: The impact of disruption on infectious and chronic disease programmes is expected to be severe and durable - Ukraine | ReliefWeb'. Accessed: Apr. 22, 2024. [Online]. Available: https://reliefweb.int/report/ukraine/ukraine-war-impact-disruption-infectious-and-chronic-disease-programmes-expected-be-severe-and-durable?gad_source=1&gclid=Cj0KCQjwZixBhCoARIsAIC745CXNTtDDWqCCjNPlh61HGGeSwcEk99q4T0PmQIWZ0bKSMkXfmzukaAjnjEALw_wcB
2. D. Chumachenko, P. Pyrohov, I. Meniailov, and T. Chumachenko, 'Impact of war on COVID-19 pandemic in Ukraine: the simulation study', *Radioelectronic and Computer Systems*, no. 2, Art. no. 2, May 2022, doi: 10.32620/reks.2022.2.01.
3. W. C. Roda, M. B. Varughese, D. Han, and M. Y. Li, 'Why is it difficult to accurately predict the COVID-19 epidemic?', *Infect Dis Model*, vol. 5, pp. 271–281, 2020, doi: 10.1016/j.idm.2020.03.001.
4. 'Coronavirus in Ukraine'. Accessed: Oct. 31, 2024. [Online]. Available: <https://covid19.gov.ua/en>
5. 'Impact of the coronavirus pandemic on the global economy - Statistics & Facts | Statista'. Accessed: Oct. 31, 2024. [Online]. Available: <https://www.statista.com/topics/6139/covid-19-impact-on-the-global-economy/#editorsPicks>
6. J. Rodríguez, M. Patón, J. M. Uratani, and J. M. Acuña, 'Modelling the impact of interventions on the progress of the COVID-19 outbreak including age segregation', *PLoS ONE*, vol. 16, no. 3, p. e0248243, Mar. 2021, doi: 10.1371/journal.pone.0248243.
7. R. Engbert, M. M. Rabe, R. Kliegl, and S. Reich, 'Sequential Data Assimilation of the Stochastic SEIR Epidemic Model for Regional COVID-19 Dynamics', *Bull Math Biol*, vol. 83, no. 1, p. 1, Jan. 2021, doi: 10.1007/s11538-020-00834-8.
8. 'Koronavirusna infektsiia COVID-19 | Tsentr hromadskoho zdorovia'. Accessed: Oct. 27, 2024. [Online]. Available: <https://phc.org.ua/kontrol-zakhvoryuvan/inshi-infekciyni-zakhvoryuvannya/koronavirusna-infekciya-covid-19>
9. S. Bushaj, X. Yin, A. Beqiri, D. Andrews, and İ. E. Büyüktaktın, 'A simulation-deep reinforcement learning (SiRL) approach for epidemic control optimization', *Ann Oper Res*, vol. 328, no. 1, pp. 245–277, Sep. 2023, doi: 10.1007/s10479-022-04926-7.
10. V. Shchur, V. Spirin, D. Sirotkin, E. Burovski, N. D. Maio, and R. Corbett-Detig, 'VGsim: scalable viral genealogy simulator for global pandemic', Dec. 02, 2021, medRxiv. doi: 10.1101/2021.04.21.21255891.
11. N. Ghaffarzadegan and H. Rahmandad, 'Simulation-based estimation of the early spread of COVID-19 in Iran: actual versus confirmed cases', *System Dynamics Review*, vol. 36, pp. 101–129, Jul. 2020, doi: 10.1002/sdr.1655.
12. P. T. Gressman and J. R. Peck, 'Simulating COVID-19 in a university environment', *Mathematical Biosciences*, vol. 328, p. 108436, Oct. 2020, doi: 10.1016/j.mbs.2020.108436.
13. B. Batista, D. Dickenson, K. Gurski, M. Kebe, and N. Rankin, 'Minimizing disease spread on a quarantined cruise ship: A model of COVID-19 with asymptomatic infections', *Mathematical Biosciences*, vol. 329, p. 108442, Nov. 2020, doi: 10.1016/j.mbs.2020.108442.
14. Y. Lu, Z. Ji, X. Zhang, Y. Zheng, and H. Liang, 'Re-Thinking the Role of Government Information Intervention in the COVID-19 Pandemic: An Agent-Based Modeling Analysis', *Int J Environ Res Public Health*, vol. 18, no. 1, p. 147, Jan. 2021, doi: 10.3390/ijerph18010147.
15. Y. Vyklyuk, D. Nevinskyi, and N. Boyko, 'Geocity-a new dynamic-spatial model of urban ecosystem', *J geographical IJC*, vol. 73, no. 2, pp. 187–203, 2023, doi: 10.2298/IJGI2302187V.