

© Колектив авторів, 2020
УДК 616.092
DOI 10.11603/1681-2727.2020.2.11282

В.П. Марценюк¹, М.А. Андрейчин², А.С. Сверстюк², В.С. Копча², О.Т. Чайчук³, В.О. Паничев³

ІДЕНТИФІКАЦІЯ ПАРАМЕТРІВ У SIR-МОДЕЛЯХ ЗА РЕЗУЛЬТАТАМИ ПАНДЕМІЇ COVID-19 В ТЕРНОПІЛЬСЬКІЙ ОБЛАСТІ

¹Університет в Бельсько-Бяла (Польща), ²Тернопільський національний медичний університет імені І.Я. Горбачевського, ³ДУ «Тернопільський обласний лабораторний центр МОЗ України»

Мета роботи – запропонувати методи аналізу та прогнозування розповсюдження пандемії COVID-19 в Тернопільській області на основі SIR-моделі.

Матеріали і методи. Вхідними даними для аналізу та прогнозування розповсюдження пандемії COVID-19 служили показники Тернопільського обласного лабораторного центру МОЗ України. Аналіз і прогнозування розповсюдження цієї пандемії у Тернопільській області здійснено на основі SIR-моделі в пакеті R.

Результати досліджень. Отримано результати експериментальних досліджень кількості прогнозованих випадків інфікування та осіб, які одужали, з використанням SIR-моделі розповсюдження пандемії COVID-19 на основі лінійних і нелінійних диференціальних рівнянь на 60, 100 та 1000 діб.

Висновки. Абсолютна похибка прогнозування піку пандемії COVID-19 у Тернопільській області на основі SIR-моделі з використанням нелінійних диференціальних рівнянь становить 10 діб, що пояснюється введенням своєчасних та ефективних заходів Центром громадського здоров'я МОЗ України та ДУ «Тернопільський обласний лабораторний центр МОЗ України».

Ключові слова: пандемія COVID-19, SIR-модель, методи прогнозування.

Протягом останніх місяців у суспільстві спостерігається стурбованість щодо виникнення та розповсюдження пандемії, яка спричинена вірусом COVID-19. За даними ВООЗ, у найближчі роки очікується зростання інфекційної захворюваності, що обумовлено відомими екологічними і соціально-економічними проблемами – низьким рівнем життя та не завжди належною медичною допомогою у значній частини населення планети [1]. Згідно з прогнозами, в першій половині поточного століття у будь-якій географічній точці планети слід чекати епідемій, пандемій або спалахів як «нових», так і «старих» інфекційних захворювань.

Основними чинниками, які зумовлюють складність вирішення задач оперативного аналізу та прогнозу розвитку пандемії COVID-19, а також завдань протидії, є наступні: масовість і висока швидкість розповсюдження патогенів, коли за короткий час можлива поява великого числа хворих людей; обмеженість щодо кількості пацієнтів, яких можуть прийняти медичні установи та заклади охорони здоров'я, коли уражених людей стає надзвичайно багато, а наявних сил і засобів протидії новому вірусу мало; необхідність швидкого (оперативного) аналізу і прогнозу епідемічної ситуації з ухваленням адекватного рішення стосовно мобілізації та управління усіма наявними засобами протидії з метою виявлення, локалізації та ліквідації епідемічних осередків COVID-19, а також мінімізації соціальних та інших наслідків [2-5].

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

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

Перші математичні методи при вивченні епідемій використовувалися у середині XVII століття. Зокрема Данііл Бернуллі уперше застосував найпростіший математичний апарат для оцінки ефективності профілактичних щеплень проти віспи. У подальшому математичні методи застосував англійський вчений Уільям Фар, який вивчав і моделював статистичні показники смертності населення Британії (Уельсу) від епідемії натуральної віспи в 1837-1839 рр. [6]. Саме він вперше отримав математичні моделі кількісної динаміки епідемії натуральної віспи у вигляді статистичних закономірностей, що дало змогу скласти прогностичну модель цієї епіде-

мії. На початку ХХ сторіччя статистичний підхід У. Фарра у вивченні епідемій був переосмислений і згодом розвинутий в роботах Джона Браунлі, в яких він аналізував статистичні закономірності епідеміологічних показників. Проте наступним етапом у вивченні закономірностей епідемій став аналітичний підхід, який був запропонований в кінці ХІХ століття. Завдяки цьому на початку ХХ століття були сформульовані основи сучасної теорії математичного моделювання епідемій, розроблені перші прогностичні моделі епідемій (кір, вітрянка, малярія та ін.), вивчені їх основні властивості, отримані аналітичні формули прогнозування. У 20-ті роки ХХ століття аналітичний підхід отримав подальший розвиток серед учених Великобританії [7]. Теоретичні роботи цих науковців і сьогодні широко цитуються і використовуються в аналізі та прогнозуванні епідемій соціально-значущих інфекцій, зокрема грипу та ГРВІ, гепатитів В і С, ВІЛ-інфекції, сифілісу, гонореї та ряду інших інфекцій.

Проте найбільший прогрес у використанні методів моделювання пов'язують з появою в середині 50-х років ХХ століття перших електронно-обчислювальних машин (ЕОМ) та збільшенням числа наукових робіт і публікацій з математичного і комп'ютерного моделювання епідемій. У публікаціях того часу стали з'являтися все складніші математичні моделі, в яких істотну роль відведено випадковим чинникам епідемічного процесу. Тому більшість моделей того періоду мала імовірнісний характер, а робочим апаратом служила теорія імовірності та випадкових процесів. Цей етап у розвитку ЕОМ був пов'язаний з впливом на епідеміологію класичних математиків, яким вдалося створити безліч абстрактних моделей, але з вельми обмеженим епідеміологічним змістом [7].

Наступний етап у розвитку ЕОМ, який відноситься до другої половини ХХ сторіччя, був пов'язаний з швидким прогресом у сфері комп'ютерних технологій, розробкою потужних комп'ютерів з новітніми інструментами програмування і моделювання. У 60-70-ті роки в країнах Європи були розроблені нові типи детермінованих і стохастичних моделей епідемій, орієнтовані на вивчення закономірностей розвитку соціально-значущих вірусних і бактерійних інфекцій. Проте, незважаючи на високу складність таких моделей і точність математичного апарату, більшості моделей притаманна абстрактність й слабкий зв'язок з постановкою і вирішенням практичних задач епідеміології. Однією з причин такого стану стало те, що провідні наукові центри з вивчення епідемій у США і країнах Європи розташовувалися в університетах або в медичних школах при університетах, які були достатньо далекі від реаль-

них проблем епідеміології, її практичних завдань. Своєю чергою, епідеміологи сумнівно сприймали абстрактні математичні (детерміновані або стохастичні) моделі епідемій і спалахів і не могли їх поєднувати з практичними потребами. Таким чином, у 70-ті роки ХХ сторіччя спостерігався значний розрив між «чистою» теорією математичного моделювання епідемій і застосуванням цієї теорії в епідеміологічній практиці. Перші дослідження, спрямовані на зближення теорії та практики, були здійснені в 60-ті роки у тодішньому СРСР академіком О. В. Барояном та професором Л. А. Рвачевим [8], які запропонували нову методологію математичного моделювання епідемій – епіддинаміки. Вона заснована на методі наукової аналогії у відображенні епідемічного процесу (перенесення збудника інфекції від хворих до здорових) з процесом «перенесення» матерії (енергії, імпульсу та ін.) у рівняннях математичної фізики [9].

Як було встановлено, у ході розвитку епідемії серед населення ураженої території формується складний процес, що саморозвивається, завдяки «перенесенню» популяції збудника на співтовариство сприйнятливих людей. Епідеміологічний зміст такого процесу пов'язаний з адекватним його відображенням як у календарному часі «t», так і внутрішньому часі «τ», який фіксує розвиток інфекційного захворювання у безлічі інфікованих осіб. Система рівнянь, що показує розвиток епідемічного процесу, є системою нелінійних рівнянь частинних похідних з відповідними початковими і граничними умовами. Із застосуванням цієї методології в Інституті експериментальної медицини ім. М.Ф. Гамалєї АМН СРСР в 60-70-ті роки були розроблені унікальні моделі епідемій грипу для території СРСР, які складено на основі балансів «потоків» індивідуумів, що проходять основні стадії-стани інфекційного процесу типу SEIR, де: S – сприйнятливі люди, E – особи в інкубаційному періоді захворювання, I – інфекційні хворі, R – особи, які переохворіли.

За відсутності інформації про кількість пацієнтів, які перебувають в інкубаційному періоді інфекції, для розробки методів аналізу та прогнозування розповсюдження пандемії COVID-19 в Тернопільській області доцільно використовувати SIR-модель.

Матеріали і методи

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

Результати досліджень та їх обговорення SIR-моделі розповсюдження пандемії COVID-19.

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

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

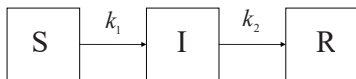
2. На швидкість зміни інфікованих осіб впливають два процеси: інфікування вразливих осіб та одужання інфікованих осіб.

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

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

5. Швидкість зміни кількості осіб, які одужали, є пропорційною до числа інфікованих осіб з коефіцієнтом k_2 . Слід зазначити, що модель є спрощеною і не враховує ряд суміжних процесів, а саме не розглядаються процеси смертності через інфікування, оскільки вважається, що їх кількість є незначною. З другого боку, такі особи з числа інфікованих осіб можуть бути додані до тих, що одужали.

Використовуючи наведені припущення, розвиток пандемії COVID-19 зображено у вигляді діаграми перехідних станів SIR-моделі (мал. 1), яка включає три компартменти для підпопуляцій уражливих (S), інфікованих (I) та осіб, які одужали (R).



Мал. 1. Діаграма перехідних станів SIR-моделі розповсюдження пандемії COVID-19.

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

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

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

SIR-модель розповсюдження пандемії COVID-19 має спрощений характер та не враховує процеси підпопуляції померлих осіб внаслідок інфікування. Однак, беручи до уваги їх дуже мале число, вважається, що дана підпопуляція не впливає на якісну поведінку динамічної системи (1). Наведена модель є стаціонарною (автономною), в якій не враховуються жодні сезонні зміни.

Для прогнозування пандемії COVID-19 з використанням SIR-моделі на основі нелінійних диференціальних рівнянь (1) необхідно провести ідентифікацію параметрів k_1 та k_2 . У ролі експериментальних даних використано результати розвитку пандемії COVID-19 в Тернопільській області, згідно з інформацією, яка надана ДУ «Тернопільський обласний лабораторний центр МОЗ України» з 01.03. по 5.05.2020 р.

Ідентифікацію параметрів в моделі (1) було здійснено на основі методу алгоритму Левенберга-Марквардта [10]. При цьому встановлено середні значення параметрів $k_1=1,9 \times 10^{-5}$ та $k_2=4,4 \times 10^{-3}$. Стандартні похибки їх відхилення такі: $SDk_1=3,6 \times 10^{-7}$ та $SDk_2=1,3 \times 10^{-3}$, довірна ймовірність становить менше 0,001. Залишкова стандартна похибка дорівнює 66,67 при 121 ступені свободи.

Матриця коваріації G представлена у наступному вигляді:

Covariance matrix	k_1	k_2
k_1	1.315486×10^{-13}	2.039122×10^{-10}
k_2	2.039122×10^{-10}	1.688252×10^{-6}

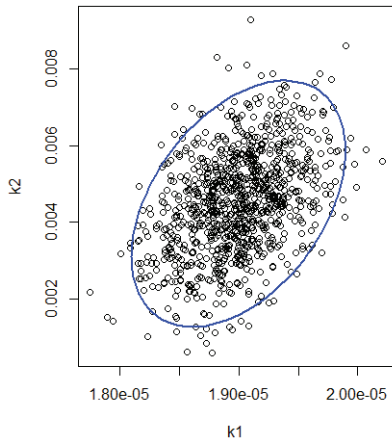
Використовуючи матрицю коваріації, ділянка параметрів k_1 та k_2 обмежується еліпсоїдом, який заданий рівнянням:

$$(\theta - \hat{\theta})^T G^{-1} (\theta - \hat{\theta}) \leq pF(p, n - p, \alpha), \quad (2)$$

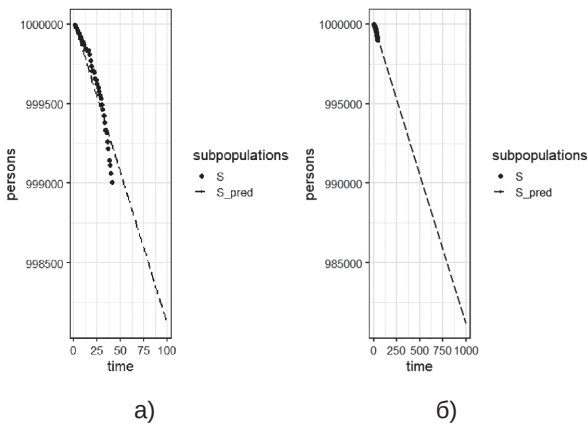
де $\hat{\theta} = (1,9 \times 10^{-5}; 4,4 \times 10^{-3})$ – оцінюваний параметр; $p=2$ – число параметрів; $n=123$ – загальна кількість точок даних; F – квантильна функція F -розподілу. При цьому довірна ймовірність становить 0,95.

Довірна ділянка рівня α оцінки параметра θ апроксимується еліпсоїдом (мал. 2).

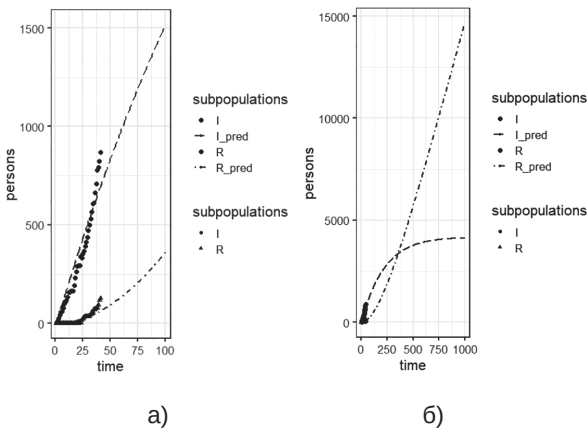
При отриманні результатів експериментальних досліджень вважалось, що загальне число популяції становить 1 000 000 осіб (кількість жителів Тернопільської області) (мал. 3(a)).



Мал. 2. Ділянка оцінювання параметрів k_1 та k_2 у вигляді еліпсоїда з довірчою ймовірністю 0,95.



Мал. 3. Результати експериментальних досліджень числа інфікованих (S) та їх прогнозування (S_{pred}) з використанням моделі (1) на 100 діб (а) та 1 000 діб (б).



Мал. 4. Порівняння експериментальних даних чисел інфікованих (I) та осіб, які одужали (R), з результатами прогнозування (I_{pred} , R_{pred}) на основі моделі (1) на 100 діб (а) та 1 000 діб (б).

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

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -k_1 \times S(t) \times I(t) \\ \frac{dI}{dt} &= k_1 \times S(t) \times I(t) - k_2 \times I(t) \\ \frac{dR}{dt} &= k_2 \times I(t) \end{aligned} \quad (3)$$

Модель (3) використовується для заданих початкових умов $S(0)=0$, $I(0)=0$ та $R(0)=0$.

SIR-модель розповсюдження пандемії COVID-19 має спрощений характер і не враховує процеси підпопуляції померлих осіб внаслідок інфікування, однак, беручи до уваги їх дуже малу кількість, можна вважати, що ця популяція не впливає на якісну поведінку динамічної системи (1). Наведена модель є стаціонарною (автономною), в якій не враховуються жодні сезонні зміни.

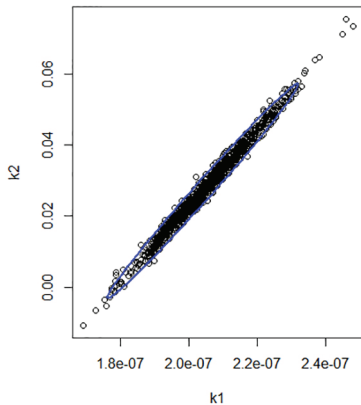
Ідентифікацію параметрів в моделі (3) було проведено на основі чисельного методу алгоритму Левенберга-Марквардта [10]. При цьому встановлено середні значення параметрів $k_1=2,042 \times 10^{-7}$ та $k_2=2,708 \times 10^{-2}$. Стандартні похибки відхилення такі: $SDk_1=1,127 \times 10^{-8}$ (довірча ймовірність менша 0,001) та $SDk_2=1,218 \times 10^{-2}$ (довірча ймовірність менша 0,05). Залишкова стандартна похибка становить 171,6 при 121 ступені свободи. При ідентифікації параметрів було виконано 12 ітерацій.

Матриця коваріації G представлена у наступному вигляді:

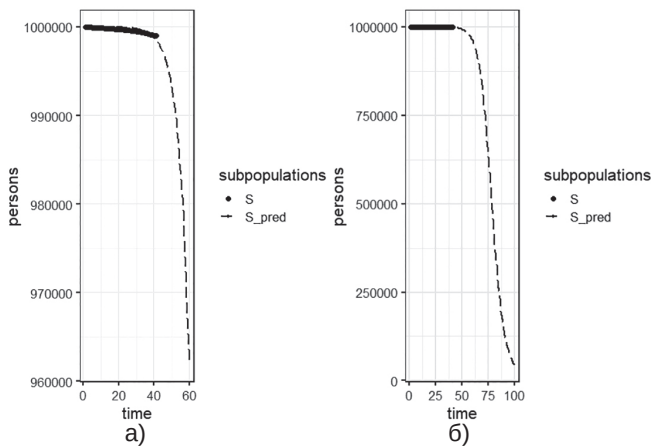
Covariance matrix	k_1	k_2
k_1	1.269072×10^{-16}	1.361304×10^{-10}
k_2	1.361304×10^{-10}	1.482401×10^{-4}

За використання матриці коваріації ділянка параметрів k_1 та k_2 обмежується еліпсоїдом, який заданий рівнянням (2). При цьому довірна ймовірність становить 0,95.

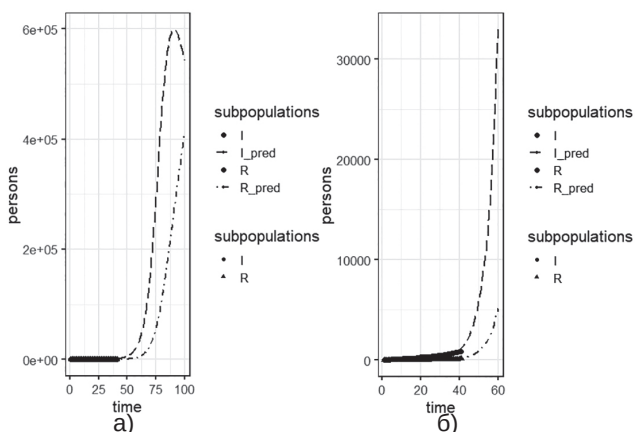
Довірча ділянка рівня α оцінки параметра θ апроксимується еліпсоїдом (мал. 5).



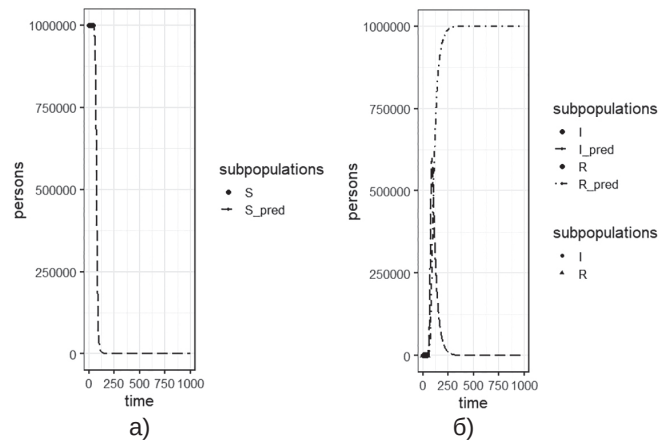
Мал. 5. Ділянка оцінювання параметрів k_1 та k_2 у вигляді еліпсоїда з довірчою ймовірністю 0,95.



Мал. 6. Результати експериментальних досліджень числа інфікованих (S) та їх прогнозування (S_{pred}) з використанням моделі (3) на 60 днів (а) та 100 днів (б).



Мал. 7. Порівняння експериментальних даних кількості інфікованих (I) та осіб, які одужали (R), з результатами прогнозування (I_{pred} , R_{pred}) на основі моделі (3) на 60 днів (а) та 100 днів (б).



Мал. 8. Результати експериментальних досліджень числа інфікованих (S) та їх прогнозування (S_{pred}) з використанням моделі (3) на 1 000 днів (а) та порівняння експериментальних даних кількостей інфікованих (I) та осіб, які одужали (R), з результатами прогнозування (I_{pred} , R_{pred}) на основі моделі (3) на 1 000 днів (б).

Проводилося дослідження впливу розміру популяції на досягнення максимального значення кількості інфікованих осіб (піку епідемії) (мал. 6-8). Як видно з мал. 6, пік пандемії COVID-19 в Тернопільській області, на підставі інформації, яка надана ДУ «Тернопільський обласний лабораторний центр МОЗ України» на період з 01.03. по 5.05.2020 р., мав би настати на 85-у добу, тобто приблизно 16.05.2020 р., згідно з прогнозуванням пандемії COVID-19 на основі SIR-моделі з використанням нелінійних диференціальних рівнянь.

Висновок

За результатами обліку кількості інфікованих на COVID-19 в Тернопільській області екстремальне значення зростання пандемії на COVID-19 в Тернопільській області припав на 06.05.2020 р. Абсолютна похибка прогнозування піку пандемії COVID-19 в Тернопільській області на основі SIR-моделі з використанням нелінійних диференціальних рівнянь становить 10 днів. Це пояснюється введенням своєчасних та ефективних протиепідемічних заходів Центром громадського здоров'я МОЗ України та ДУ «Тернопільський обласний лабораторний центр МОЗ України».

Література

1. Андрейчин М.А. Проблеми грипу А Н1/Н1: минуле і сучасність / М.А. Андрейчин, В.С. Копча // Інфекційні хвороби. – 2009. – № 4. – С. 5-19.
2. Real-time estimation and prediction of mortality caused by COVID-19 with patient information based algorithm / L. Wang, J. Li, S. Guo, N. Xie, L. Yao, Y. Cao [et al.] // Science of The Total Environment. – 2020. – Vol. 727. – P. 1-8.
3. Марценюк В.П. Інформаційно-статистичний підхід до моделювання розповсюдження інфекційного захворювання на прикладі епідемії ГРЗ в період жовтень-листопад 2009 року в Тернопільській області / В.П. Марценюк, Н.В. Цяпа, М.О. Кашуба // Інфекційні хвороби. – 2009. – № 4. – С. 50-59.
4. Марценюк В. (2009). SIR-моделювання епідемії гострих респіраторних захворювань / В. Марценюк, Н. Цяпа // Медична інформатика та інженерія. – 2009. – № 4. – С. 65-69.
5. Марценюк В. Модели популяционной динамики в задачах математической эпидемиологии острых респираторных заболеваний / В. Марценюк, А. Наконечный, А. Кучвара // Кибернетика и вычислительная техника. – 2010. – № 159. – С. 45-64.
6. Ending the HIV epidemic in the USA: an economic modelling study in six cities / B. Nosyk, X. Zang, E. Krebs [et al.] // The Lancet HIV. – 2020. – P. 1-13.
7. Бейли Н. Математика в биологии и медицине / Н. Бейли. – М.: «МИР», 1970. – 326 с.
8. Бароян О.В. Моделирование и прогнозирование эпидемий гриппа для территории СССР / О.В. Бароян, Л.А. Рвачев, Ю.Г. Иванников. – М.: ИЭМ. им. Н.Ф. Гамалеи, 1977. – 546 с.
9. Боев Б.В. Современные этапы математического моделирования процессов развития и распространения инфекционных заболеваний / Б.В. Боев // Эпидемиологическая кибернетика: модели, информация, эксперименты. – 1991. – С. 6-13.
10. Parameter identification for Hammerstein nonlinear systems using the maximum likelihood principle and Levenberg-Marquardt optimization method / L. Zheng, L. Hua, L. Junhong [et al.] // Proceedings of the 35th Chinese Control Conference: 35th Chinese Control Conference (CCC) JUL. – 2016. – P. 27-29.

References

1. Andreychyn, M.A., & Kopcha, V.S. (2009). Problems of flu A H1/ N1: the past and contemporaneity. *Infektsiuni khvoroby – Infectious Diseases*, 4, 5-19 [in Ukrainian].
2. Wang, L., Li, J., Guo, S., Xie, N., Yao, L., Cao, Y., ... & Ji, J. (2020). Real-time estimation and prediction of mortality caused by COVID-19 with patient information based algorithm. *Science of the Total Environment*, 1383394.
3. Martseniuk, V.P., Tsiapa, N.V., & Kashuba, M.O. (2009). Informatively-statistical going near the design of distribution of infectious disease on the example of epidemic of ARI in a period October-November, 2009 in the Ternopil region. *Infektsiini khvoroby – Infectious Diseases*, 4, 50-59 [in Ukrainian].
4. Martseniuk, V., & Tsiapa, N. (2009). SIR-modeling of epidemic of acute respiratory diseases. *Medychna informatyka ta inzheneriia– Medical Informatics and Engineering*, 4, 65-69 [in Ukrainian].
5. Martsenyuk, V., Nakonechnyy, A., & Kuchvara, A. (2010). Models of populative dynamics are in the tasks of mathematical epidemiology of acute respiratory diseases. *Kibernetika i vychislitel'naya tekhnika – Cybernetics and Computing Engineering*, 159, 45-64 [in Russian].
6. Nosyk, B., Zang, X., Krebs, E., Enns, B., Min, J. E., Behrends, C. N., ... & Marshall, B. D. (2020). Ending the HIV epidemic in the USA: an economic modelling study in six cities. *The Lancet HIV*.
7. Beyli, N. (1970). *Mathematics in biology and medicine*. Moscow: "MIR" [in Russian].
8. Baroyan, O.V. Rvachev, L.A., & Ivannikov, Yu.G. (1977). *Design and prognostication of epidemics of flu for territory of the USSR*. Moscow: IEM. im. N.F. Gamalei [in Russian].
9. Boyev, B.V. (1991). Modern stages of mathematical design of processes of development and distribution of infectious diseases. *Epidemiologicheskaya kibernetika: modeli, informatsiya, eksperimenty – Epidemiology Cybernetics: Models, Information, Experiments*, 6-13 [in Russian].
10. Zheng, L., Hua, L., Junhong, L., Weixing, Z., Juping, G., Liang, H., Chen, J., Zhao, Q. (2016). Parameter identification for Hammerstein nonlinear systems using the maximum likelihood principle and Levenberg-Marquardt optimization method. *Proceedings of the 35th Chinese Control Conference: 35th Chinese Control Conference (CCC) JUL*, 27-29.

IDENTIFICATION PARAMETERS IN SIR-MODELS ACCORDING TO THE RESULTS OF THE COVID-19 PANDEMIC IN THE TERNOPIIL REGION

V.P. Martsenyuk¹, M.A. Andreychyn², A.S. Sverstiuk², V.S. Kopcha², O.T. Chaychuk³, V.O. Panychev³

¹ University of Bielsko-Biala (Poland),

² I. Horbachevsky Ternopil National Medical University,

³ Government agency "Ternopil Regional Laboratory Center of the Ministry of Health of Ukraine"

SUMMARY. *The purpose of the work is to propose methods of analysis and forecasting of COVID-19 pandemic spread in Ternopil region on the basis of SIR-model.*

Materials and methods. *The input data for the analysis and forecasting of the spread of the COVID-19 pandemic were the indicators of the Ternopil Regional Laboratory Center of the Ministry of Health of Ukraine. Analysis and prediction of the spread of this pandemic in the Ternopil region was carried out on the basis of the SIR model and in the R package.*

Results and discussion. *The results of experimental studies of the number of predicted cases of infection and people who recovered using SIR-model and the spread of the COVID-19 pandemic based on linear and nonlinear differential equations for 60, 100 and 1000 days.*

Conclusions. *The absolute error in predicting the peak of the COVID-19 pandemic in Ternopil region based on the SIR model using nonlinear differential equations is 10 days, which is explained by the introduction of timely and effective measures by the Public Health Center of the Ministry of Health of Ukraine and Ternopil Regional Laboratory Center/*

Key words: *COVID-19 pandemic; SIR model; forecasting methods.*

Відомості про авторів:

Марценюк Василь Петрович – д. т. н., професор каф. інформатики та автоматики, Університет в Бельско-Бяла (Польща); e-mail: vmartsenyuk@ath.bielsko.pl

ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-5622-1038>

Андрейчин Михайло Антонович – д. мед. н., професор, академік НАМН України, зав. каф. інфекційних хвороб з епідеміологією, шкірними та венеричними хворобами ТНМУ імені І.Я. Горбачевського; e-mail: andreychyn@tdmu.edu.ua

ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0003-0154-730X>

Сверстюк Андрій Степанович – к. т. н., доцент кафедри медичної інформатики ТНМУ імені І.Я. Горбачевського; e-mail: sverstyuk@ukr.net

ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-8644-0776>

Копча Василь Степанович – д. мед. н., професор каф. інфекційних хвороб з епідеміологією, шкірними і венеричними хворобами ТНМУ імені І.Я. Горбачевського; e-mail: kopcha@ukr.net

ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-9499-3733>

Чайчук Оксана Тимофіївна – директор ДУ «Тернопільський обласний лабораторний центр МОЗ України»; e-mail: teroblses@mail.te.ua

Паничев Володимир Олександрович – заступник директора з дослідження біологічних факторів ДУ «Тернопільський обласний лабораторний центр МОЗ України»; e-mail: vpanychev9@gmail.com

Information about the authors:

Martsenyuk V.P. – Doctor of Technical Sciences, Professor, Professor of the Department of Computer Science and Automatics, University of Bielsko-Biala (Poland); e-mail: vmartsenyuk@ath.bielsko.pl

ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-5622-1038>

Andreychyn M.A. – MD, Professor, Academician of the National Academy of Medical Sciences of Ukraine, Chief of the Infectious Diseases with Epidemiology, Dermatology and Venereology Department of I. Horbachevsky Ternopil National Medical University; e-mail: andreychyn@tdmu.edu.ua

ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0003-0154-730X>

Sverstiuk A.S. – PhD, Associate Professor of Technical Sciences, Associate Professor of Medical Informatics Department of I. Horbachevsky Ternopil National Medical University; e-mail: sverstyuk@ukr.net

ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-8644-0776>

Kopcha V.S. – MD, Professor of the Infectious Diseases with Epidemiology, Skin and Venereal Diseases Department of I. Horbachevsky Ternopil National Medical University; e-mail: kopcha@ukr.net

ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-9499-3733>

Chaychuk O.T. – Deputy of Public Institution the "Ternopil Regional Laboratory Center of the Ministry of Health of Ukraine"; e-mail: teroblses@mail.te.ua

Panychev V.O. – a Deputy of Director from Research of Biological Factors of Public Institution the "Ternopil Regional Laboratory Center of the Ministry of Health of Ukraine"; e-mail: vpanychev9@gmail.com

Конфлікт інтересів: немає.

Authors have no conflict of interest to declare.

Отримано 5.05.2020 р.