

УДК 51-76+616.9

## Математичне моделювання динаміки пандемії COVID-19

В.В. Костецька, Н.М. Кізілова

**Костецька**

**Валерія Володимирівна**

*студентка, кафедра прикладної математики, Харківський національний університет імені В. Н. Каразіна, пл. Свободи, 4, Харків-22, Україна, 61022;*  
*e-mail: [kostetskavv@gmail.com](mailto:kostetskavv@gmail.com)*  
<https://orcid.org/0000-0002-0995-6979>

**Кізілова**

**Наталія Миколаївна**

*д.ф.-м.н., професор; професор кафедри прикладної математики, Харківський національний університет імені В. Н. Каразіна, пл. Свободи, 4, Харків-22, Україна, 61022;*  
*e-mail: [n.kizilova@gmail.com](mailto:n.kizilova@gmail.com)*  
<https://orcid.org/0000-0001-9981-7616>

Приведений детальний огляд математичних моделей, які представлені системами ЗДР і використовуються для вивчення взаємозв'язаних шляхів і механізмів поширення інфекційних захворювань, зокрема SIRS і SEIRS моделей та їх модифікацій. Окремо досліджується узагальнена SEIRS-модель, яка містить шість параметрів і враховує зниження доступності та якості лікування зі зростанням числа хворих. Проведені дослідження асимптотичної стійкості стаціонарного розв'язку системи та аналітичні оцінки базової швидкості поширення інфекції  $R_0$ . Показано, що в залежності від параметрів моделі можлива біфуркація поведінки динамічної системи. Проведені чисельні розрахунки за моделлю з використанням даних для ряду країн Європи, включаючи Україну. Показано, що параметр стійкості системи ЗДР відповідає кількості випадків вторинного зараження, яку розраховують шляхом аналізу клінічних даних.

**Ключові слова:** динамічні системи, епідеміологія, математичне моделювання, COVID-19.

## Mathematical modeling of the dynamics of the COVID-19 pandemic

**Kostetska Valeriia**

*student*

*V.N. Karazin Kharkov National University, 4 Svobody Sq., Kharkiv, 61022, Ukraine*

**Kizilova Nataliya**

*Doctor of Physical and Mathematical Sciences, Professor; Professor of the Department of Applied Mathematics*

*V.N. Karazin Kharkov National University, 4 Svobody Sq., Kharkiv, 61022, Ukraine*

The detailed review of mathematical models represented by the systems of ordinary differential equations (ODE) and used to study the complex interconnected mechanisms and pathways of the spread of infection diseases over a country, a region or worldwide is presented. The most popular models are based on functional interconnections between the groups of susceptible, exposed, infected and recovered individuals in the community (SIRS and SEIRS models). It is shown that in some cases the number of ODE can be decreased. The SEIRS models and their recent modifications are discussed. The generalized SEIRS-model, which has six parameters and takes into account the noticeable decrease in the availability and quality of medical care with a rapid increase in the number of infected patients, is considered. The asymptotic stability of the stationary solution of the system is studied, and some analytical estimates of the basic reproduction number (BRN) of infection  $R_0$  are presented. It is shown that, depending on the model parameters, a bifurcation in the behaviour of the dynamical system is possible. In those cases the dynamical system could transfer from the conditions with one stability criterion  $R_{01} < 0$  to another  $R_{02} < 0$  during the same "wave" of the pandemic in the country. The model has been validated on the data for Indonesia obtained from the open sources. The numerical calculations by using the statistical data for a number of European countries, including Ukraine, have been carried out. It is shown that the stability parameter for the model system of ODE corresponds to the BRN index of secondary infection calculated by the statistical analysis of the epidemiological data. The obtained results can be used in the decision making about the measures against the COVID-19 propagation in a given country or region.

**Keywords:** dynamical systems, epidemiology, mathematical modeling, COVID-19.

## Математическое моделирование динамики пандемии COVID-19

<b>Костецкая Валерия Владимировна</b>	<i>студентка, Харьковский национальный университет имени В.Н. Каразина, пл. Свободы, 6, Харків-22, Украина, 61022</i>
<b>Кизилова Наталья Николаевна</b>	<i>д.ф.-м.н., профессор; профессор кафедры прикладной математики, Харьковский национальный университет имени В.Н. Каразина, пл. Свободы, 6, Харків-22, Украина, 61022</i>

Приведен подробный обзор математических моделей, которые представлены системами ОДУ и используются для изучения взаимосвязанных путей и механизмов распространения инфекционных заболеваний, в частности SIRS и SEIRS моделей и их модификаций. Отдельно исследуется обобщенная SEIRS-модель, которая содержит шесть параметров и учитывает снижение доступности и качества лечения с ростом числа больных. Проведенные исследования асимптотической устойчивости стационарного решения системы и аналитические оценки базовой скорости распространения инфекции  $R_0$ . Показано, что в зависимости от параметров модели возможна бифуркация поведения динамической системы. Проведены численные расчеты по модели с использованием данных для ряда стран Европы, включая Украину. Показано, что параметр устойчивости системы ОДУ соответствует количеству случаев вторичного заражения, которую рассчитывают путем анализа клинических данных.

**Ключевые слова:** динамические системы, эпидемиология, математическое моделирование, COVID-19.

### 1 Вступ

Пандемія коронавірусу COVID-19 розпочалась з території Китаю в грудні 2019 р. і станом на початок грудня 2020 р. вже охопила 220 країн і регіонів з майже 70 млн. хворих, 1.5 млн. померлих та 50 млн. одужалих. Розробка засобів профілактики, лікування та вакцинації, впливу генетичних факторів, віку та супутніх захворювань є невідкладними задачами медико-біологічних наук. В той же час актуальними задачами фізико-математичних наук є дослідження фізичних шляхів передачі інфекції, статистичної обробки «великих даних» спостережень та вимірювань параметрів поширення пандемії COVID-19 у порівнянні з попередніми вірусними та не вірусними епідеміями, а також розробки відповідних ефективних математичних моделей, які дозволяють планувати засоби боротьби з поширенням епідемії та прогнозувати її подальшу динаміку (спад, наявність другої та подальших хвиль, неконтрольоване зростання тощо).

Протягом 2020 р. були опубліковані open access результати досліджень та статистичного аналізу даних в різних країнах світу – Китаї [1], Великобританії [2], Італії [3], Індонезії [4] та ін. Ці дані надають широкі можливості для глибокого аналізу закономірностей поширення пандемії COVID-19 та вплив на цей процес географічних, кліматичних, екологічних, економічних, соціальних, політичних та інших важливих факторів, які є специфічними для країни, області, території. В даній роботі проведений аналіз існуючих математичних моделей та наведені результати моделювання динаміки поширення епідемії з використанням даних ряду країн Європи, включаючи Україну.

### 2 Огляд математичних моделей

Історично перші спроби «математизувати» процес поширення захворювання належать видатному математику і механіку Д. Бернуллі, який в 1760-1766 р. вивчав можливості збільшення середньої тривалості життя за рахунок усунення віспи, яка в ті часи була однією з головних причин смерті<sup>1</sup>. Лише в 1870-х роках Р. Кох та Луї Пастер підтвердили, що інфекційні хвороби викликані мікроорганізмами, що відкрило шлях до пояснення спостережуваних кривих, які сьогодні називають кривими захворюваності [5]. На початку XIX ст. Джон Сноу [5] сформулював гіпотезу, що епідемії закінчуються, коли доступність сприйнятливих осіб («епідемічного палива») зменшується. Кілька десятиліть пізніше, аналізуючи дані про захворюваність на кір у Великобританії, Вільям Хамер<sup>2</sup> визначив дворічний період спалахів у містах, і зокрема пояснив повторність епідемій кору гіпотезою Сноу. Ключовий крок до перетворення математичної епідеміології в наукову дисципліну зв'язаний з працями лікаря Р. Росса, який застосував теорію

<sup>1</sup> Bernoulli D. Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité cause par la petite vérole et des avantages de l'inoculation pour la prévenir. Histoire de l'académie royale des sciences avec les mémoires de mathématique et de physique tirés des registres de cette académie. Paris 1766.

<sup>2</sup> Hamer W.H. The Milroy Lectures on Epidemic Disease in England: the Evidence of Variability and of Persistency of Type, Bedford Press, 1906.

ймовірностей для зрозуміння передачі інфекції<sup>3</sup> та епідеміолога А. Маккендріка<sup>4</sup>, який використав підходи статистичної фізики і закон масової дії кінетики хімічних реакцій, щоб описати передачу інфекції як результат соціального контакту між інфікованими (infected, I) сприйнятливими (susceptible, S) людьми. Саме Маккендріка висунув гіпотезу про те, що популяція поводить себе як сукупність «частинок» різних типів, які випадково рухаються в навколишньому середовищі, де кожне «зіткнення» між частинками з груп S і I з має рівномірну ймовірність того, що частинка S-типу переходить у I-тип. Він вивів перше в історії звичайне диференціальне рівняння (ЗДР) для швидкості поширення епідемії у вигляді  $y' = ky(N - y)$ , де N – чисельність популяції,  $y'$  – похідна за часом, y – число інфікованих, тобто  $I = y/N$  – відносна доля інфікованих в популяції, k – швидкість поширення захворювання.

Для безрозмірного параметра I Маккендрік отримав логістичне ЗДР

$$I' = kI(1 - I), \quad (1)$$

розв'язок якого  $I(t) = I_0 e^{kt} / (1 + I_0(e^{kt} - 1))$ ,  $I_0 = I(0)$  описує сигмовидну криву, яка має асимптоту  $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 1$ , що відповідає поширенню інфекції на всю популяцію у разі відсутності імунітету (перший принцип теоретичної епідеміології). В подальшій серії праць з М. Кермаком<sup>5</sup> була доказана відома порогова теорема для інфекцій, які надають постійний імунітет, вивчені умови ендемічності, проаналізовані структури епідеміологічних моделей. Це привело до справжнього вибуху біоматематичних досліджень [6].

Наступний прорив в математичній імунології пов'язаний з систематичним використанням математичних моделей для інтерпретації епідеміологічних даних та тенденцій, спрямованих на боротьбу з пневмонією [7], вірусним гепатитом, СНІД [6], які стали центральним допоміжним інструментом для уряду та громадськості для прийняття рішення щодо охорони здоров'я в суспільстві. В останні десятиріччя чимало зусиль було прикладене в дослідженнях нових загроз пандемії: 2000 - черевний тиф, 2002 - SARS, 2005 - пташиний грип, 2009 - свинячий грип, 2010 - лихоманка Західного Нілу, 2012 - MERS, 2014 - лихоманка Ебола, 2015 - лихоманка Зика, 2016 - сибірська виразка, 2019 – кір. Саме математичне моделювання у порівнянні з результатами статистичного аналізу даних дозволило зрозуміти, що люди не є «частинками» в моделі, що привело до сучасних теорій «соціальних потоків» [8]. Було показано, що важливим індексом епідемічної загрози є базова репродуктивна швидкість (basic reproduction number, BRN) інфекції  $\mathcal{R}_0$ , який визначається як очікувана кількість випадків вторинного зараження, спричиненого одним типовим інфекційним випадком протягом усього періоду зараженості. У великій однорідній популяції  $\mathcal{R}_0$  - це пороговий параметр, який визначає, чи епідемія зростає, чи спадає. З точки зору математичного моделювання  $\mathcal{R}_0$  - це експоненціальний фактор зростання числа інфікованих відносно групи S [4-8]

$$I(S) \sim \mathcal{R}_0^{-1} \log(S/S_0), \quad (2)$$

де  $S_0 = S(0)$ .

В розвинених країнах значення  $\mathcal{R}_0$  щодобово розраховуються для кожного регіону як показник в експоненціальній апроксимації поточної частини часового ряду  $I(t)$ , оприлюднюються та використовуються для прийняття рішень. Так, в Італії протягом піку другої хвилі пандемії  $\mathcal{R}_0 > 2.6$ , а на початок грудня 2020 р. знизився до  $\mathcal{R}_0 = 0.61-1.06$ ; для порівняння, протягом пандемічного грипу 1918 р. в Іспанії  $\mathcal{R}_0 \sim 2$  [6]. За критичні значення для введення локдауну з жорсткими обмеженнями приймають  $\mathcal{R}_0 = 1.5-2$  в залежності від заповнення медичних закладів.

<sup>3</sup> Ross R. An application of the theory of probabilities to the study of a priori pathometry. Part I, Proc. R. Soc. A, Contain. Pap. Math. Phys. Charact. 1916. v.92(638). P.204–230.

<sup>4</sup> McKendrick A. The rise and fall of epidemics, Paludism. 1912. v.1. P. 54–66.

<sup>5</sup> Kermack M., McKendrick A. Contributions to the mathematical theory of epidemics. Part I, Proc. R. Soc. Lond. Ser. A Math. Phys. Eng. Sci. 1927. v.115(5). P.700–721.

Найпростіша математична модель інфекційного захворювання базується на групах S, I та одужалих (recovered, R), між якими можливі зрозумілі переходи  $S \rightarrow I \rightarrow R \rightarrow S$  (так звана SIRS, або SIR модель), яка описується системою ЗДР [5,6]

$$\begin{aligned} S' &= \lambda - \beta SI - \mu S + \delta R, \\ I' &= \beta SI - \gamma I - (\mu + \phi)I, \\ R' &= \gamma I - (\mu + \delta)R, \end{aligned} \quad (3)$$

де  $\lambda$  - швидкість зростання популяції,  $\beta$  - швидкість інфікування,  $\phi$  - смертність від хвороби,  $\mu$  - смертність від інших причин,  $\gamma$  і  $\delta$  - швидкості одужання та ослаблення імунітету.

Параметр  $\beta$  залежить як від параметрів живучості та швидкості передачі даного виду інфекції, екологічних і погодних факторів, а також від активності індивідів, числа зустрічей на одиницю часу, соціальної дистанції і т.п. [6]. Сума рівнянь (2) описує стаціонарний стан системи, в якій особі народжуються ті вмирають від природних або епідемічних факторів:  $(S+I+R)' = \lambda - \mu(S+I+R) - \phi I$ . За відсутністю епідемії ( $\phi=0$ ) та наявності збалансованості ( $\lambda = \mu$ ), система знаходиться в стаціонарному (детермінованому) стані  $S+I+R=1$ . Це дає можливість отримати з (3) найпростішу SIS-модель [6]

$$\begin{aligned} S' &= \lambda - \beta SI - \mu S, \\ I' &= (\beta S - \gamma - \mu - \phi)I, \end{aligned} \quad (4)$$

а долю одужалих потім обчислювати як  $R = 1 - S - I$ ; при  $\lambda = \mu = \phi = 0$  (4) дає класичну SIR- модель Кермака і Маккендріка.

Розв'язок (4) можна знайти у вигляді  $\{S, I\}(t) = \{S_0, I_0\} = \{S^*, I^*\}e^{\xi t}$ , де  $S_0 = (\gamma + \mu + \phi) / \beta$ ,  $I_0 = (\lambda - \mu S_0) / \beta S_0$ ,  $\lambda \beta > \mu(\gamma + \mu + \phi)$  - стаціонарний розв'язок (4),  $S^*, I^*$  - амплітуди малих відхилень,  $\xi$  - власті значення оператора задачі (4). В залежності від параметрів моделі, можна дослідити різні режими динамічної системи (4) та умови стійкості стаціонарного стану  $\text{Re}(\xi) < 0$ .

Численні модифікації SIRS-моделі включають доповнення її додатковими групами контактних індивідів, які ще не мають симптомів хвороби (exposed, E) – SEIRS-модель [6]; інфікованих, які не є переносниками вірусу, які мають симптоми та знаходяться на лікуванні за умовами обмеженості соціальних контактів, які є інфікованими і можуть заражати інших і знають ( $I_1$ ) або не знають ( $I_2$ ) про те, групи необстежених, поверхнево або глибоко обстежених, і т.д. [4-9] При цьому моделі (3), (4) можуть як завгодно ускладнюватися, що веде до значного підвищення кількості параметрів моделі, які потребують визначення. На сьогодні задача визначення моделі, яка є достатньо розширена і може описувати різні динамічні режими, які спостерігаються в різних країнах (наявність окремих хвиль з визначеними фазами зростання, піку, плато, спадання, або перехід першої хвилі в другу, перманентне зростання і т.д.), але розумно обмежена можливістю ідентифікації параметрів моделі з даних спостережень.

### 3 Постановка задачі та аналітичні оцінки

В даній роботі розглядається модифікація SEIRS-моделі [6-8]

$$\begin{aligned} S' &= \lambda - \beta SI - \mu S + \delta R, & I' &= \alpha E - \left( \gamma + \frac{\varepsilon}{1+bI} \right) I - (\mu + \phi)I, \\ E' &= \beta SI - (\alpha + \mu)E, & R' &= \left( \gamma + \frac{\varepsilon}{1+bI} \right) I - (\mu + \delta)R, \end{aligned} \quad (5)$$

де  $\varepsilon$  - ефективність лікування в лікарні,  $b$  – коефіцієнт насичування лікарень хворими,  $\alpha$  - параметр, який залежить від інкубаційного періоду вірусу.

Таким чином, модель (5) враховує ступінь підготовленості медичної системи країни до епідемії та дозволяє керувати динамічною системою за рахунок не тільки обмежень контактів ( $\downarrow \beta$ ), але й поліпшення якості ( $\downarrow \phi$ ) та доступності ( $\downarrow b, \uparrow \varepsilon$ ) лікування. Параметри  $\lambda, \mu$  теж піддаються контроль, але тільки в далекій перспективі, а параметр  $\alpha$  може змінюватися неконтрольовано у

зв'язку с мутаціями вірусу або іншими факторами. Сума рівнянь (5) дає баланс загальної чисельності популяції за рахунок природних факторів та смерті від інфекції:  $N' = \lambda - \mu N - \phi I$ . З урахуванням співвідношення  $N = S + I + E + R$  (5) може бути зведена до SEI-моделі, аналогічно (3), (4).

Стационарний розв'язок (5)  $\{S_0, E_0, I_0, R_0\}$

$$S_0 = \frac{\delta(\gamma(1+bI_0)+\varepsilon)I_0 + \lambda(\mu+\delta)(1+bI_0)}{(\mu+\delta)(\beta I_0 + \mu)}, \quad E_0 = \frac{\beta S_0 I_0}{(\alpha + \mu)}, \quad R_0 = \frac{(\beta I_0 + \mu)S_0 - \lambda}{\delta}, \quad (6)$$

де  $I_0$  - позитивний корінь рівняння  $I_0^2 + k_4 I_0 + k_5 = 0$ ,  $k_4 = \frac{(\gamma + \varepsilon)k_1 - k_2 + k_3 - \mu\gamma}{(\gamma k_1 - k_2)b}$ ,  $k_5 = \frac{k_3 - \mu(\gamma + \varepsilon)}{(\gamma k_1 - k_2)b}$

$$, \quad k_1 = k\delta - \beta, \quad k_2 = (\mu + \phi)\beta, \quad k_3 = \lambda(\mu + \delta)k - \mu(\mu + \phi), \quad k = \frac{\alpha\beta}{(\alpha + \mu)(\mu + \delta)},$$

В залежності від параметрів моделі критерій стійкості системи  $\mathfrak{R}_0 < 1$  має вигляд

$$\mathfrak{R}_0 = \begin{cases} -k_4, & \text{якщо } k_5 > k_4^2 / 4, \\ -k_5, & \text{якщо } k_4 > 2\sqrt{k_5}. \end{cases} \quad (7)$$

В [4] розглядалась більш детальна 6-параметрична модель COVID-19, але був отриманий тільки один критерій стійкості для випадку  $b=0$

$$\mathfrak{R}_0 = \frac{\alpha\beta\lambda}{\mu(\mu + \gamma + \phi + \varepsilon)(\alpha + \mu)}. \quad (8)$$

Підстановка  $b=0$  в (6) дає лінійне рівняння для  $I_0$  і тому в (7) маємо один критерій  $k_4 = k_5$ , який співпадає з (8). Для подальшого аналізу динамічної системи (5) потрібно проведення чисельних розрахунків.

#### 4 Чисельні розрахунки і аналіз результатів

З метою валідації моделі (5) проводилися чисельні розрахунки з параметрами, які були отримані шляхом обробки даних спостережень за першою хвилею COVID-19 (з 3.03 по 10.05 2020 р.) в м. Джакарта, Індонезія [4]:  $\alpha = 0.25$ ,  $\beta = 1.44 \cdot 10^{-7}$ ,  $\gamma = 0.27$ ,  $\varepsilon = 0.23$ ,  $\phi = 0.06$ ,  $b = 10^{-4}$ ,  $\delta = 0.5$ ,  $\lambda = 0.0164$ ,  $\mu = 0.0064$  (дані за 2019 р.). Чисельні розрахунки за цими параметрами дали криві, подібні аналогічним залежностям, які наведені в [4], хоча в тій роботі була використана система з шести ЗДР, в якій група E була поділена на три підгрупи. Модель (5) дозволяє описати динаміку поширення епідемії за відсутності будь-яких профілактичних і обмежувальних заходів, за наявності м'яких або жорстких обмежувальних заходів, оцінювати прогнозовану кількість перехворілих, видужалих і померлих, потребу койко-місць в лікарнях, очікуваний термін піку і закінчення епідемії тощо.

Чисельне дослідження чутливості системи ЗДР (5) до змін кожного з параметрів моделі показав, що найбільш значний вплив оказує параметр  $\beta$ , зміна якого на порядок викликає як зміни в значеннях  $\{S_0, E_0, I_0, R_0\}$ , так і в знаках критеріїв  $\mathfrak{R}_{01} = -k_4$ ,  $\mathfrak{R}_{02} = -k_5$ . Спільні зміни деяких з параметрів моделі теж впливають на залежності  $\mathfrak{R}_{01}(\beta)$  і  $\mathfrak{R}_{02}(\beta)$ . Для порівняння з даними для Індонезії проведемо розрахунки для деяких країн Європи зі позитивною динамікою зростання населення (Франція  $\lambda = 0.0123$ ,  $\mu = 0.0093$  і Норвегія  $\lambda = 0.0122$ ,  $\mu = 0.081$ ), з майже стационарним станом (Іспанія  $\lambda = 0.0094$ ,  $\mu = 0.0091$ ), і з негативною динамікою (Україна,  $\lambda = 0.0105$ ,  $\mu = 0.0144$ ). Розрахунки критичних значень  $\beta^*$ , таких що при  $\beta < \beta^*$  має місце асимптотична стійкість і  $\mathfrak{R}_{01} < 0$ ,  $\mathfrak{R}_{02} < 0$  дали значення  $\beta^* = 0.4285, 0.3005, 0.2035, 0.2348, 0.2255$  для Індонезії, Франції, Норвегії, Іспанії і України відповідно.

Спільні зміни параметрів  $\lambda, \mu$ , а також  $\varepsilon, b$  і  $\gamma, \delta, \phi$  впливають на значення  $\beta^*$ . Таким чином, в залежності від наборів параметрів моделі може мати місце біфуркація динамічної системи, коли

асимптотично стійкий розв'язок, який відповідає умовам  $k_4 > 0$ ,  $k_5 > k_4^2/4$  в (7) може за рахунок зменшення  $\varepsilon$ , зростання  $b$  і т.д. перейти в нестійкий, який відповідає умові  $k_4 < 0$ .

Більш детальні розрахунки були проведені для чисельних рядів першої хвилі пандемії (з 20.03 по 30.06.2020)<sup>6</sup>. Результати моделювання наведені на Рис. 1а-г. Вибрані країни демонструють різні фази сплеску захворювання. Результати моделювання за (5) наведені у вигляді тонкої та жирної (  $\mathcal{R}_{01} < 0$  і  $\mathcal{R}_{02} < 0$  ) червоної та синьої ( $\delta = 0.3$  і  $\delta = 0.5$ ), а також для комбінованого сценарію (зелена лінія). В останньому випадку точність прогнозування помітно краще.

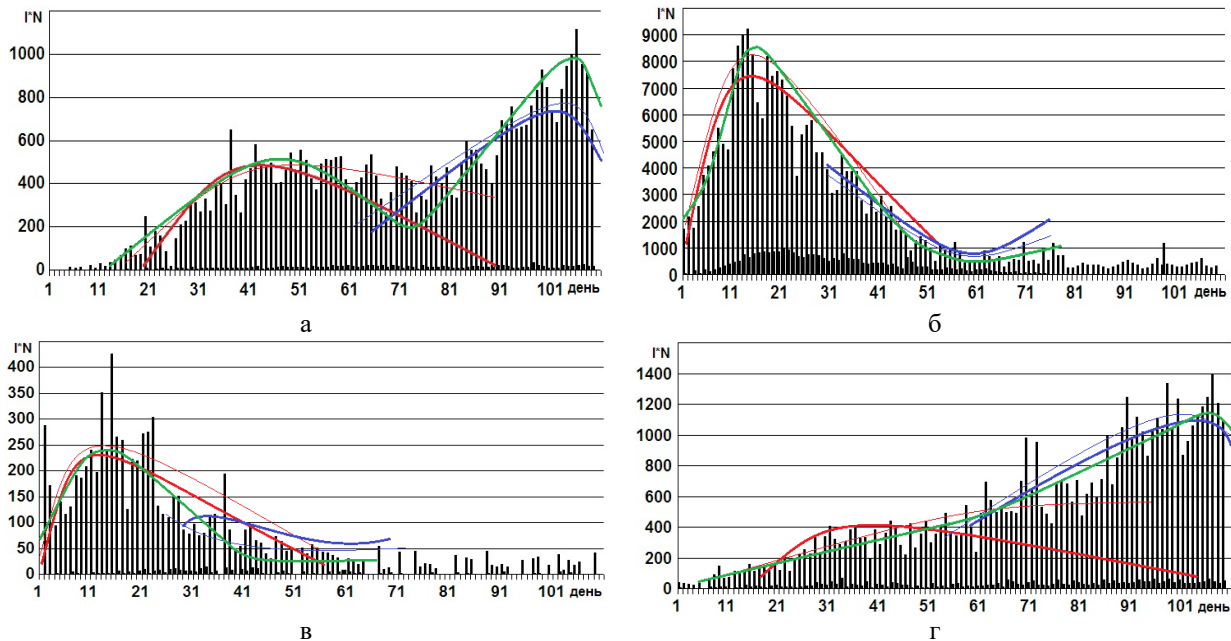


Рис.1. Часові ряди і дані моделювання 1-ї хвилі пандемії: Україна (а), Іспанія (б), Норвегія (в) і Індонезія(г).

## 5 Висновки

Математичні моделі у вигляді систем з 3-6 ЗДР для числа здорових, контактних, хворих, одужалих і т.д. індивідів здатні відтворювати різні типи поведінки динамічної системи та передбачувати зростання, пик та спад епідемії. Модель особлива чутлива для швидкості захворювання  $\beta$  (тривалість інкубаційного періоду) і слабо чутлива для інших параметрів. Для якісного прогнозу поведінки системи треба використовувати не сталі, а часові значення параметрів, які треба перераховувати протягом всього часу спостереження за розповсюдженням епідемії в кожній країні, вимірювання часових кривих та статистичної обробки даних.

## ЛІТЕРАТУРА

1. Wu J.T., Leung K., Leung G.M. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study. *The Lancet*. 2020. Vol. 395(10225), P. 689–697. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30260-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30260-9)
2. Friston K.J., Parr T., Zeidman P., et al. Testing and tracking in the UK: A dynamic causal modelling study. *Wellcome Open Res.* 2020. Vol.5. P.144. <https://wellcomeopenresearch.org/articles/5-144>
3. Giordano G., Blanchini F., Bruno R., et al. Modelling the COVID-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in Italy. *Nature Medicine*. 2020. Vol.26, P. 855–860. <https://doi.org/10.1038/s41591-020-0883-7>
4. Aldila D., Khoshnaw S.H.A., Safitri E., et al. A mathematical study on the spread of COVID-19 considering social distancing and rapid assessment: The case of Jakarta, Indonesia. *Chaos, Solitons and Fractals*. 2020. 139. 110042 <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.110042>

<sup>6</sup> <https://ourworldindata.org/coronavirus-source-data>

5. Bacaër N., Short A. *History of Mathematical Population Dynamics*. Springer-Verlag, London, 2011. 162 p. <https://doi.org/10.1007/978-0-85729-115-8>
6. Wang Z., Bauch Ch.T., Bhattacharyya S., et al. Statistical physics of vaccination. *Physics Reports*. 2016. Vol.664. P.1-113. <http://dx.doi.org/10.1016/j.physrep.2016.10.006>
7. Марчук Г.И. Математические модели в иммунологии. М.: Наука, 1985. 239 с. <http://prometeus.nsc.ru/science/schools/marchuk/biblio/cont1985.ssi>
8. Samanta S., Dubey V.K., Sarkar B. Measure of influences in social networks. *Applied Soft Computing Journal*. 2020. (in press) <https://doi.org/10.1016/j.asoc.2020.106858>
9. Varotsos C.A., Krapivin V.F. A new model for the spread of COVID-19 and the improvement of safety. *Safety Science*. 2020. Vol.132 (104962). <https://doi.org/10.1016/j.ssci.2020.104962>

#### REFERENCES

1. J.T. Wu, K. Leung, G.M. Leung, “Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study”. *The Lancet*, 2020, Vol. 395, (10225), P. 689–697 [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30260-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30260-9)
2. K.J. Friston, T. Parr, P. Zeidman, et al. “Testing and tracking in the UK: A dynamic causal modelling study”. *Wellcome Open Res.*, 2020, Vol.5, P.144 <https://wellcomeopenresearch.org/articles/5-144>
3. G. Giordano, F. Blanchini, R. Bruno, et al. “Modelling the COVID-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in Italy”. *Nature Medicine*, 2020, Vol.26, P. 855–860 <https://doi.org/10.1038/s41591-020-0883-7>
4. D. Aldila, S.H.A. Khoshnaw, E. Safitri, et al., “A mathematical study on the spread of COVID-19 considering social distancing and rapid assessment: The case of Jakarta, Indonesia”. *Chaos, Solitons and Fractals*, 2020, 139, 110042 <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.110042>
5. N. Bacaër, A. Short, *History of Mathematical Population Dynamics*. Springer-Verlag, London, 2011, 162 p. <https://doi.org/10.1007/978-0-85729-115-8>
6. Wang Z., Bauch Ch.T., Bhattacharyya S., et al. Statistical physics of vaccination. *Physics Reports*. 2016. Vol.664. P.1-113. <http://dx.doi.org/10.1016/j.physrep.2016.10.006>
7. G.I. Marchuk *Mathematical modeling in immunology*, Nauka, Moscow, 1985, 239 p. (in Russian) <http://prometeus.nsc.ru/science/schools/marchuk/biblio/cont1985.ssi>
8. S. Samanta, V.K. Dubey, B. Sarkar, “Measure of influences in social networks”. *Applied Soft Computing Journal*, 2020 (in press) <https://doi.org/10.1016/j.asoc.2020.106858>
9. C.A. Varotsos, V.F. Krapivin, “A new model for the spread of COVID-19 and the improvement of safety”. *Safety Science*, 2020, Vol.132 (104962) <https://doi.org/10.1016/j.ssci.2020.104962>