

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
МІНІСТЕРСТВО ОХОРОНИ ЗДОРОВ'Я УКРАЇНИ
БУКОВИНСЬКИЙ ДЕРЖАВНИЙ МЕДИЧНИЙ УНІВЕРСИТЕТ

МАТЕРІАЛИ

II науково-практичної інтернет-конференції
**РОЗВИТОК ПРИРОДНИЧИХ НАУК
ЯК ОСНОВА НОВІТНІХ
ДОСЯГНЕНЬ У МЕДИЦИНІ**



м. Чернівці
22 червня 2022 року

MINISTRY OF EDUCATION AND SCIENCE OF UKRAINE
MINISTRY OF HEALTH OF UKRAINE
BUKOVINIAN STATE MEDICAL UNIVERSITY

CONFERENCE PROCEEDINGS

II Scientific and Practical Internet Conference **DEVELOPMENT OF NATURAL SCIENCES AS A BASIS OF NEW ACHIEVEMENTS IN MEDICINE**



Chernivtsi, Ukraine
June 22, 2022

УДК 5-027.1:61(063)

Р 64

Медицина є прикладом інтеграції багатьох наук. Наукові дослідження у сучасній медицині на основі досягнень фізики, хімії, біології, інформатики та інших наук відкривають нові можливості для вивчення процесів, які відбуваються в живих організмах, та вимагають якісних змін у підготовці медиків. Науково-практична інтернет-конференція «**Розвиток природничих наук як основа новітніх досягнень у медицині**» покликана змінювати свідомість людей, характер їхньої діяльності та стимулювати зміни у підготовці медичних кадрів. Вміле застосування сучасних природничо-наукових досягнень є запорукою подальшого розвитку медицини як галузі знань.

Конференція присвячена висвітленню нових теоретичних і прикладних результатів у галузі природничих наук та інформаційних технологій, що є важливими для розвитку медицини та стимулювання взаємодії між науковцями природничих та медичних наук.

Голова науково-організаційного комітету

Володимир ФЕДІВ професор, д.фіз.-мат.н., завідувач кафедри біологічної фізики та медичної інформатики Буковинського державного медичного університету

Члени науково-організаційного комітету

Тетяна БІРЮКОВА к.тех.н., доцент кафедри біологічної фізики та медичної інформатики Буковинського державного медичного університету

Оксана ГУЦУЛ к.фіз.мат.н., доцент кафедри біологічної фізики та медичної інформатики Буковинського державного медичного університету

Марія ІВАНЧУК к.фіз.мат.н., доцент кафедри біологічної фізики та медичної інформатики Буковинського державного медичного університету

Олена ОЛАР к.фіз.мат.н., доцент кафедри біологічної фізики та медичної інформатики Буковинського державного медичного університету

Почесний гість

Prof. Dr. Anton FOJTIK Факультет біомедичної інженерії, Чеський технічний університет, м.Прага, Чеська республіка

Комп'ютерна верстка:
Марія ІВАНЧУК

Розвиток природничих наук як основа новітніх досягнень у медицині: матеріали II науково-практичної інтернет-конференції, м. Чернівці, 22 червня 2022 р. / за ред. В. І. Федіва – Чернівці: БДМУ, 2022. – 489 с.

У збірнику подані матеріали науково-практичної інтернет-конференції «Розвиток природничих наук як основа новітніх досягнень у медицині». У статтях та тезах представлені результати теоретичних і експериментальних досліджень.

Матеріали подаються в авторській редакції. Відповідальність за достовірність інформації, правильність фактів, цитат та посилань несуть автори.

Для наукових та науково-педагогічних співробітників, викладачів закладів вищої освіти, аспірантів та студентів.

Рекомендовано до друку Вченою Радою Буковинського державного медичного університету (Протокол №11 від 22.06.2022 р.)

ISBN 978-966-697-983-7

громадянські права. День матері провели під девізом «Мама – одне слово і чотири букви, які значать для тебе усе і навіть більше...», при святкуванні якого студенти з любов'ю і душевною теплотою висловлювали щиру шану усім матерям.

Цікаво відбулося проведення зустрічі на тему «Жінки – Нобелівські лауреати». Студенти дізналися багато нового про досягнення жінок – учених у різних галузях наук, що може мотивувати їх до дослідницької діяльності у майбутньому.

На початку навчального року студенти забажали проведення екскурсії Чернівцями в історичному аспекті. Через карантинні обмеження всі разом ознайомилися з цікавими і пізнавальними віртуальними екскурсіями містом Чернівці. Особливу увагу привернула віртуальна екскурсія «Втрачені Чернівці», де можна було побачити архітектурні об'єкти, які існували 50, 100 років тому. Місто Чернівці постало перед першокурсниками у всій своїй багатогранній красі.

Традиційно до річниці з дня Чорнобильської трагедії проводимо зустрічі, на яких розглядаємо наслідки аварії на ЧАЕС, зокрема її вплив на екологію і здоров'я населення внаслідок радіоактивного зараження величезних територій, а також говоримо про гуманітарну катастрофу, викликану вибухом на ЧАЕС. На зустрічі вшановуємо пам'ять ліквідаторів аварії і наголошуємо на тому, що людство своїми діями повинно запобігати повторенню таких катастроф у майбутньому. Активну участь у проведенні зустрічі приймали саме студенти.

Виховна робота – це багатогранний і неперервний процес, який має на меті сформувати культурну та ініціативну особистість з високими моральними принципами, здатну до саморозвитку і самореалізації, патріота своєї Батьківщини. Тому всі форми виховного процесу у Буковинському державному медичному університеті спрямовані на досягнення цієї мети.

УДК 378.147.016:577.3]:529.866:616-036.22

Федів В.І., Микитюк О.Ю.

Математичне моделювання епідемій на заняттях з медичної і біологічної фізики

Буковинський державний медичний університет, м. Чернівці, Україна

mykytyuk.orusia@bsmu.edu.ua

Анотація. У роботі відображено основи математичного моделювання теорії епідемій з використанням диференціальних рівнянь на заняттях з медичної і біологічної фізики в медичному університеті. Показано основні етапи моделювання прикладних медико-

біологічних задач. Розглянуто особливості найновіших моделей на прикладі моделювання пандемії COVID.

Ключові слова. Математичне моделювання, теорія епідемій, медична і біологічна фізика.

Математичне моделювання є теоретичним методом пізнання, що дозволяє встановлювати багато важливих властивостей об'єктів, не працюючи з ними безпосередньо, тобто без втручання в біологічну систему. Тому розв'язки значної кількості прикладних задач медико-біологічного змісту можна отримати за допомогою окремих диференціальних рівнянь чи систем диференціальних рівнянь. Використовуючи диференціальні рівняння ми встановлюємо зв'язки між змінними величинами, що характеризують певний динамічний процес чи явище в біологічних системах.

Розв'язок довільної прикладної задачі методом математичного моделювання прийнято умовно поділяти на три етапи:

- переведення умови задачі на математичну мову – запис диференціального рівняння чи системи диференціальних рівнянь, що охоплюють основні кількісні характеристики досліджуваного процесу;
- розв'язок отриманого диференціального рівняння або системи рівнянь;
- аналіз результатів і формулювання висновків.

Методом математичного моделювання в першому наближенні вирішували багато прикладних задач з різних медичних галузей впродовж всього часу застосування математичних методів у медицині і біології. Існуючі моделі з часом удосконалюються, ускладнюються і до їх розв'язання останніми десятиліттями залучаються комп'ютерні технології. Проте особливо актуальним для медицини завжди було вивчення теорії епідемій, оскільки інфекційні захворювання є дуже небезпечними і становлять велику загрозу для існування людської популяції.

Студентам повідомляється інформація з історії математичного моделювання інфекційних захворювань, зокрема про перші моделі, що були створені понад сто років тому Вільямом Гамером і Рональдом Россом [4], які пояснювали поведінку епідемії на основі закону дії мас. Пізніше Ловеллом Рідом і Вейдом Гемптоном Фростом була розроблена епідемічна модель Reed-Frost, яка описувала зв'язок між особинами, що сприйнятливі до захворювання, інфікованими та тими, що набули імунітету в даній популяції.

У 20-х роках минулого століття О. Кермак та Андерсон Грей МакКендрік розробили так звану SIR модель, яка була значним кроком вперед у порівнянні з попередніми моделями

[3]. Особливістю SIR моделі є те, що вона не враховувала життєвий цикл населення, тобто кількість населення вважалася сталою. Згідно з цією моделлю кількість населення поділялася на три групи, а саме: S – особи сприйнятливі до захворювання, I - інфіковані особи та R – ті, що одужали й мають імунітет або загинули. SIR модель нескладна при розв'язуванні і дозволяє моделювати поширення грипу, кору, краснухи та ендемічного паротиту. На її основі можна передбачити ефективність карантину різної тривалості і прогнозувати можливі спалахи захворювань.

Теорія епідемій використовує поняття епідеміологічного ланцюга інфекційної хвороби, який включає такі елементи:

- джерело інфекції— це заражена людина або тварина, в організмі якої розмножуються і накопичуються патогенні організми і при виділенні заражають інших людей;
- механізм передачі інфекції - здатність патогенних організмів перебігати від однієї людини до іншої. Елементи зовнішнього середовища, що сприяють передачі збудника називають шляхи передачі або фактори передачі;
- сприйнятливий контингент – люди, що здатні заразитися певним патогеном при контакті із збудником .

Важливими також є поняття час ризику (наприклад пора року для якої характерно підвищення рівня захворюваності), територія ризику – область чи регіон з високими показниками захворюваності та фактори ризику – всі обставини, що збільшують ймовірність захворювання.

Слід пам'ятати, що для формулювання моделі важливими є припущення, на яких вона базується. Основна модель теорії епідемій, що розглядається на занятті, передбачає випадок, тривалого перебігу захворювання, що вивчається. Процес поширення інфекції відбувається набагато швидше, ніж триває хвороба. Заражені особи не ізолюються і тому при зустрічах з незараженими особами передають їм інфекцію.

Вважається, що в початковий момент часу $t = 0$ число заражених осіб складає a ; незаражених - b ; число заражених та незаражених осіб у момент часу t – відповідно $x(t)$; $y(t)$.

На основі чого можна записати рівняння: $x(t) + y(t) = a + b$.

У даній моделі нас цікавить знаходження закону зміни з часом числа незаражених осіб, тобто $y = f(t)$.

Припускаємо, що число незаражених осіб зменшуватиметься з часом пропорційно до кількості зустрічей між зараженими і незараженими особами. Тому для проміжку часу dt можна записати:

$$dy = -\beta xy dt,$$

де β - коефіцієнт пропорційності.

Визначивши x з попереднього рівняння і підставивши його в дане, отримаємо:

$$\frac{dy}{dt} = -\beta y(a + b - y)$$

– диференціальне рівняння, яке описує розвиток епідемії. Для отримання розв'язку відокремимо змінні в отриманому рівнянні:

$$\frac{dy}{y(a + b - y)} = -\beta dt.$$

Перетворюємо ліву частину рівняння $\frac{1}{a + b} \left(\frac{1}{y} + \frac{1}{a + b - y} \right) dy = -\beta dt$ та інтегруємо:

$$\int \frac{1}{a + b} \left(\frac{1}{y} + \frac{1}{a + b - y} \right) dy = -\int \beta dt;$$

$$\frac{1}{a + b} \left[\int \frac{1}{y} dy + \int \frac{dy}{a + b - y} \right] = -\beta \int dt;$$

$$\ln y - \ln(a + b - y) = -\beta(a + b)t + \ln C;$$

$$\ln \frac{y}{a + b - y} - \ln C = -\beta(a + b)t;$$

$$\frac{y}{C(a + b - y)} = e^{-\beta(a+b)t}; \text{ звідки } \frac{y}{a + b - y} = Ce^{-\beta(a+b)t}.$$

Якщо $y = b$ при $t = 0$, то $C = \frac{b}{a}$, тоді $\frac{y}{a + b - y} = \frac{b}{a} e^{-\beta(a+b)t}$, звідки

$$y(t) = \frac{b(b + a)}{b + ae^{\beta(a+b)t}}.$$

З отриманого виразу встановлюємо, що число незаражених осіб зменшується з часом.

Під час епідемій на практиці реєструють число захворювань за одиницю часу (напр., добу, тиждень, місяць) - епідеміологічна крива. В загальному випадку рівняння епідеміологічної кривої матиме вигляд:

$$f(t) = -\frac{dy}{dt}.$$

Продиференціюємо вище отриману формулу для $y(t)$ по часу. Рівняння епідеміологічної кривої для нашого випадку запишеться наступним чином:

$$f(t) = \frac{\beta ab(a+b)^2 e^{\beta(a+b)t}}{(b + ae^{\beta(a+b)t})^2}.$$

З отриманого виразу робимо висновок: крива, що описується даним співвідношенням, спочатку зростає, при $t = \frac{\ln b - \ln a}{\beta(a+b)}$ досягає максимуму, після чого спадає прямуючи до нуля.

Математичне моделювання динаміки інфекційних захворювань включає в себе різноманітні напрямки досліджень, основним з них є поширення захворювання і контроль за цим процесом.

Особливого значення моделювання епідемій набуло два роки тому, коли розповсюдження континентами Землі коронавірусу (SARS-CoV-2) ВООЗ було визнано пандемією. Для більш точного відображення динамічного поширення конкретної епідемії потрібно розглядати складніші моделі. Зокрема декілька таких моделей було спеціально розроблено для аналізу перебігу пандемії COVID-19, наприклад [5]. Модель, яку запропонували італійські вчені, передбачає вивчення перебігу пандемії для створення ефективної стратегії боротьби з захворюванням [2]. Модель розглядає вісім стадій інфекції: чутлива (S), інфікована (I), діагностована (D), хвора (A), розпізнана (R), під загрозою (T), вилікувана (H) і вимерла (E), які спільно називаються SIDARTHE. Модель SIDARTHE розрізняє інфікованих осіб залежно від того, чи був їм поставлений діагноз і від тяжкості їхніх симптомів. Важливою є різниця між діагностованими та недіагностованими особами, оскільки перші зазвичай ізольовані і, отже, менш схильні до поширення інфекції. Динамічна система SIDARTHE складається з восьми звичайних диференціальних рівнянь, що описують еволюцію популяції на кожній стадії з часом. Розв'язок системи диференціальних рівнянь знаходять матричним методом. Щоб опанувати способи отримання розв'язків математичних моделей, студентам медичних університетів важливо мати добру базову підготовку з шкільного курсу математики.

Порівняння результатів моделювання з реальними даними про епідемію COVID-19 в Італії дозволяє моделювати можливі сценарії впровадження контрзаходів. Отримані результати демонструють, що обмежувальні заходи соціального дистанціювання потрібно поєднувати з широким тестуванням і відстеженням контактів, щоб припинити триваючу пандемію COVID-19.

В одній з найновіших моделей [1] еволюція пандемії COVID-19 описується через залежну від часу стохастичну динамічну модель у дискретному часі. Запропонована в [1] багатокомпонентна модель виражається через систему рівнянь. Для характеристики динаміки різних відділів моделі включена інформація про заходи соціального дистанціювання та показники діагностичних тестів. На відміну від звичайних епідеміологічних моделей, запропонована модель включає в себе статичні та динамічні епідеміологічні параметри, які можна інтерпретувати. Стратегія підгонки моделі, побудована на основі непараметричного згладжування, використовується для оцінки параметрів, що змінюються у часі, під час профілювання за незалежними від часу параметрами. Ключовою особливістю методології є її здатність оцінювати латентні неспостережувані компартменти, такі як кількість безсимптомних, але інфікованих осіб, які, як відомо, є ключовими векторами поширення COVID-19. Характер динаміки захворювання додатково визначається кількісно відповідними епідеміологічними маркерами, які використовують оцінки латентних компартментів. Дана методологія застосовується для розуміння справжнього масштабу та динаміки пандемії в різних штатах США.

Внаслідок вище сказаного можна зробити висновок, що математичне моделювання теорії епідемій є важливим інструментом для медичної науки, оскільки дозволяє оцінювати параметри поширення епідемій та пандемій, планувати засоби боротьби з ними, прогнозувати їх подальшу динаміку, зокрема спад, наявність повторних хвиль та неконтрольоване зростання кількості інфікованих. Вважаємо, що знайомство студентів з основами математичного моделювання в курсі медичної і біологічної фізики мотивуватиме їх до використання наукового підходу для вирішення практичних завдань медицини і біології в майбутньому.

Список використаних джерел

1. Bhattacharjee, S., Liao, S., Paul, D. *et al.* Inference on the dynamics of COVID-19 in the United States. *Sci Rep* 12, 2253 (2022). <https://doi.org/10.1038/s41598-021-04494-z>
2. 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>
3. 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.
4. 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.
5. 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).