

СИСТЕМНИЙ АНАЛІЗ І ТЕОРІЯ ПРИЙНЯТТЯ РІШЕНЬ

SYSTEM ANALYSIS AND DECISION-MAKING THEORY

DOI: 10.20998/2079-0023.2025.02.01

УДК 004.942

Д. С. ІВАЩЕНКО, старший викладач кафедри системного аналізу та інформаційно-аналітичних технологій, Національний технічний університет «Харківський політехнічний інститут», м. Харків, Україна; e-mail: daria.ivashchenko@khpi.edu.ua; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7365-111X>.

О. С. КУЦЕНКО, доктор технічних наук, професор, професор кафедри системного аналізу та інформаційно-аналітичних технологій, Національний технічний університет «Харківський політехнічний інститут», м. Харків, Україна; e-mail: kuzenko@kpi.kharkov.ua, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6059-3694>.

ПОРІВНЯЛЬНИЙ АНАЛІЗ ВІДПОВІДНОСТІ ПАРАМЕТРІВ АГЕНТНОЇ ТА SIR МОДЕЛЕЙ РОЗВИТКУ ЕПІДЕМІЇ

В умовах стрімкого поширення нових вірусних інфекцій, зокрема під час пандемії COVID-19, виникає потреба у створенні моделей, що здатні не лише якісно відображати динаміку захворювання, а й дозволяють обґрунтовано інтерпретувати параметри, які використовуються в аналітичних моделях. У статті розглядається класична компартментальна модель SIR (Susceptible-Infectious-Recovered), яка дозволяє оцінювати динаміку захворюваності шляхом розв'язання системи диференціальних рівнянь. Зазначається, що незважаючи на широке застосування, ця модель має низку обмежень – зокрема, вона не враховує індивідуальні відмінності у поведінці населення, просторову структуру чи варіативність контактів. Для подолання цих обмежень у роботі запропоновано мультиагентну модель, в якій окремі агенти імітують реальних осіб, що переміщуються у двовимірному просторі та вступають у взаємодію. Перехід агентів між станами (здоровий, інфікований, одужалий) залежить від тривалості захворювання та факту просторового контакту з інфікованим агентом. Запропонована модель дозволяє враховувати фізичний зміст параметрів, зокрема радіус зараження та тривалість хвороби. На основі результатів агентного моделювання здійснено ідентифікацію параметрів SIR-моделі – коефіцієнта передачі інфекції та коефіцієнта одужання – за допомогою методу найменших квадратів. У ході чисельних експериментів досліджено, як саме ці параметри змінюються в залежності від тривалості захворювання та просторової дистанції взаємодії агентів. Отримані результати продемонстрували якісну відповідність між агентною та SIR-моделлю при правильному підборі параметрів. Таким чином, мультиагентне моделювання може не лише значно підвищити точність прогнозування, але й слугувати інструментом для обґрунтованої ідентифікації параметрів класичних математичних моделей. Запропонований підхід може бути використаний для підтримки прийняття рішень у сфері охорони здоров'я під час реальних епідемічних загроз, забезпечуючи більш обґрунтовану оцінку потенційного розвитку епідемії, планування заходів профілактики та контролю, а також оцінку ефективності різних сценаріїв втручання з урахуванням просторової та часової динаміки поширення інфекції.

Ключові слова: мультиагентна модель, епідеміологічне моделювання, SIR-модель, ідентифікація параметрів, метод найменших квадратів, тривалість захворювання, дистанція взаємодії, статистичні дані, симуляція.

Вступ. У зв'язку з процесами глобалізації, інтенсифікацією транспортних потоків та зростанням рівня соціальної взаємодії між людьми поширення інфекційних захворювань набуло характеру однієї з ключових проблем сучасної системи охорони здоров'я [1–4]. Аналіз і прогнозування динаміки розвитку епідемічних процесів є важливим завданням, розв'язання якого дає змогу своєчасно вживати профілактичних та організаційних заходів.

Для опису закономірностей поширення інфекцій широко застосовуються математичні моделі різного рівня складності, зокрема стохастичні та динамічні системи [5–8]. Однією з найбільш відомих є модель SIR, яка описує зміну чисельності популяції, поділеної на три групи: сприйнятливі, інфіковані та ті, що одужали. Однак практичне використання таких моделей потребує врахування багатьох додаткових факторів, серед яких – неоднорідність контактів у суспільстві, просторово-часові особливості поширення захворю-

вань, поведінкові реакції населення та ефективність медичних заходів.

У зв'язку з цим актуальним напрямом досліджень є розроблення та вдосконалення мультиагентних моделей, які дозволяють більш детально враховувати індивідуальні характеристики агентів, соціальні взаємодії, мобільність населення та географічні особливості регіону [9–11]. Такі моделі забезпечують можливість поєднання класичних математичних методів із сучасними імітаційними підходами, що значно підвищує достовірність і прогностичну цінність результатів. Останні дослідження у сфері епідеміологічного моделювання підтверджують доцільність інтеграції цих підходів для отримання більш реалістичних сценаріїв розвитку епідемічних процесів.

Огляд методів моделювання епідемії. Модель SIR описує динаміку поширення інфекцій за допомогою системи диференціальних рівнянь [6, 7]:

© Іващенко Д. С., Куценко О. С., 2025



Дослідницька стаття: Цю статтю опубліковано видавництвом *НТУ «ХПІ»* у збірнику «Вісник Національного технічного університету «ХПІ». Серія: Системний аналіз, управління та інформаційні технології». Ця стаття поширюється за міжнародною ліцензією [Creative Commons Attribution \(CC BY 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/). **Конфлікт інтересів:** Автор/и заявив/или про відсутність конфлікту.



$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -a \frac{SI}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = a \frac{SI}{N} - \beta I, \\ \frac{dR}{dt} = \beta I, \end{cases}$$

де $S(t)$, $I(t)$ та $R(t)$ – кількість вразливих, інфікованих та одужавших осіб відповідно,

$N = S(t) + I(t) + R(t)$ – загальна кількість населення, α – коефіцієнт передачі інфекції, залежний від частоти контактів, β – коефіцієнт одужання, який визначає швидкість виходу інфікованих осіб з інфекції.

У роботі [2] було запропоновано агентний підхід, який передбачає використання окремих агентів із власними характеристиками та правилами поведінки, що дозволяє моделювати їхню взаємодію, враховуючи індивідуальну мобільність, адаптивність і різноманітність [10]. Така модель здатна відтворювати складні соціальні структури та динамічні зміни у популяції під час епідемії. Модель реалізована у квадратній області $R^2 = \{x \in [0,1], y \in [0,1]\}$, де N агентів $A_1, A_2, \dots, A_N$ переміщуються за випадковими траєкторіями. Рух описується рівняннями:

$$\begin{cases} x_j^{(k+1)} = x_j^k + v_{xj}^k \cdot \tau, \\ y_j^{(k+1)} = y_j^k + v_{yj}^k \cdot \tau, \end{cases}$$

де v_{xj}^k і v_{yj}^k – рівномірно розподілені значення в діапазоні $[-1, +1]$. При досягненні меж області агенти відштовхуються та змінюють напрямок руху. У процесі переміщення можливі контакти між агентами, що може призводити до передачі інфекції

Як і в моделі SIR, агенти поділяються на три категорії: S (вразливі) – здорові агенти, які можуть інфікуватися, I (інфіковані) – носії інфекції, R (одужавші) – агенти, що одужали та більше не можуть заразитися. Перехід між станами визначається контактами між агентами та тривалістю захворювання. Контакт $|x_i^{(k)} - x_j^{(k)}| \leq \varepsilon$ між агентами A_i та A_j визначається за умовою:

$$|x_i^{(k)} - x_j^{(k)}| \leq \varepsilon,$$

$$|y_i^{(k)} - y_j^{(k)}| \leq \varepsilon.$$

Момент зараження k' відповідає контакту інфікованого агента I зі сприйнятливим агентом S , а момент одужання k'' визначається як:

$$k'' = k' + l,$$

де l – тривалість хвороби. Після завершення цього періоду агент переходить у стан R і набуває імунітету.

Таким чином, на відміну від моделі SIR, агентна модель оперує фізично інтерпретованими параметрами: радіусом взаємодії ε і тривалістю хвороби l [12].

Порівняння моделей. Як було зазначено раніше, поведінка детермінованої SIR-моделі залежить від параметрів коефіцієнт зараження β та коефіцієнт одужання α , в свою чергу запропонована агентна SIR-модель залежить від тривалості хвороби l та дистанції взаємодії ε [2, 3]. Для вирішення задачі співставлення двох моделей потрібно знайти такі параметри β та α , щоб детермінована SIR-модель найкращим чином наближалась до результатів розрахунку, отриманих агентна моделлю тобто криві $S(t)$ і $I(t)$, отримані з детермінованої SIR-моделі, повинні бути максимально близькими до стохастичних $\tilde{S}(t)$ та $\tilde{I}(t)$. Близькість кривих можна визначити за допомогою методу найменших квадратів. Процес ідентифікації параметрів α і β ґрунтується на мінімізації різниці між результатами, отриманими з агентної моделі, та розв'язками класичної SIR-моделі [13–15]. Для цього використовується метод найменших квадратів:

$$E = \sum_{t=1}^T \left[(S(t) - \tilde{S}(t))^2 + (I(t) - \tilde{I}(t))^2 \right],$$

де $\tilde{S}(t)$ та $\tilde{I}(t)$ – результати з агентної моделі, $S(t)$, $I(t)$ – значення з SIR-моделі.

Використовуючи вище описані моделі було проведено серію численних експериментів. На рис. 1 зображено результати моделювання розвитку захворювання для 100 агентів з тривалістю захворювання $l = 5$ та дистанція взаємодії $\varepsilon = 0.03$. $\beta = 0.70$ та $\alpha = 0.27$ були отримані шляхом ідентифікації – за формулою мінімізації функції помилки, яка обчислює суму квадратів відхилень між відповідними траєкторіями агентної та SIR-моделі.

Як це видно з рис. 1, у обох моделях стрімкий початок інфікування, яке досягає свого максимального значення майже одночасно. Після починається зріст одужавших R , а значення інфікованих I зменшується. З чого можна зробити висновок, що моделі якісно схожі.

У рамках роботи було проведено дослідження впливу тривалості захворювання агентів l на зміну коефіцієнту зараження β та коефіцієнту одужання α (рис. 2) Як видно з рисунку, збільшення тривалості захворювання l приводить до зниження параметрів α і β . При цьому α зменшується від 0.8 до 0.1, а β зменшується від 1.12 до 0.59.

На рис. 3 зображено результати дослідження впливу дистанції взаємодії ε на зміну коефіцієнтів β та α . Як можна побачити на рисунку, при збільшенні параметру ε коефіцієнт одужання α зменшується, натомість коефіцієнт зараження β збільшується.

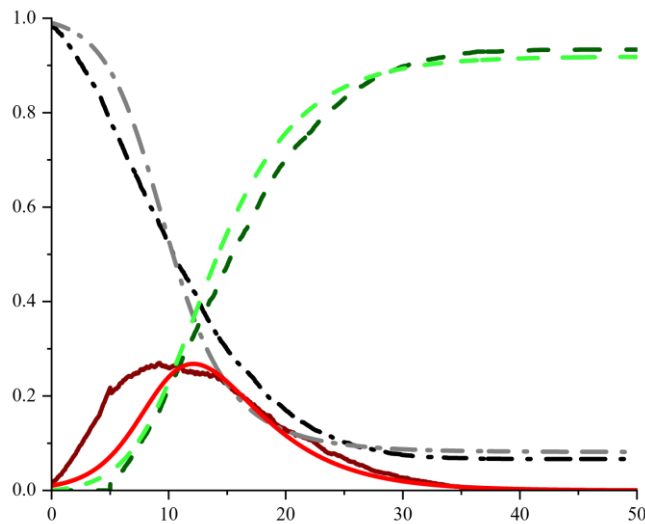


Рис. 1. Зміна динаміки захворювання з часом. Час кроку $\tau = 0.01$, кількість агентів $N = 100$, дистанція взаємодії $\varepsilon = 0.03$, тривалість захворювання $l = 5$. Суцільні лінії відображають кількість хворих, пунктирні – агентів, що одужали, а штрих-пунктирні – здорових

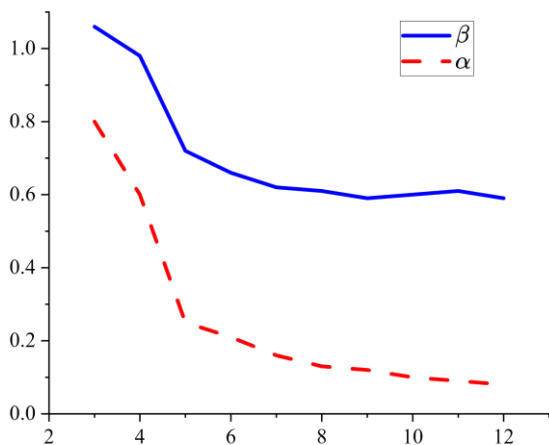


Рис. 2. Залежність параметрів α та β від тривалості захворювання. Час кроку $\tau = 0.01$, кількість агентів $N = 100$, дистанція взаємодії $\varepsilon = 0.03$. Нижня лінія відображає коефіцієнт одужання α , верхня – коефіцієнт зараження β

На рис. 5 видно, що параметр β демонструє дещо іншу динаміку. При зменшенні ε спостерігається загальна тенденція до зменшення значень β , особливо при довших тривалостях хвороби. Це вказує на те, що точніша апроксимація потребує меншого значення коефіцієнта зараження, для збереження відповідності між результатами агентного та SIR-моделювання.

Як видно з рис. 4, зменшення ε призводить до зростання значень α при малих значеннях l , однак при $l > 7$ усі криві сходяться до малих значень α , що свідчить про стабілізацію параметра одужання незалежно від точності апроксимації.

Проведене моделювання дозволило встановити, що зі збільшенням тривалості захворювання коефіцієнти зараження β та одужання α зменшуються.

Дослідження впливу дистанції взаємодії між агентами на параметри α та β показало, що зі збільшенням цієї дистанції коефіцієнт зараження зростає, тоді як коефіцієнт одужання зменшується.

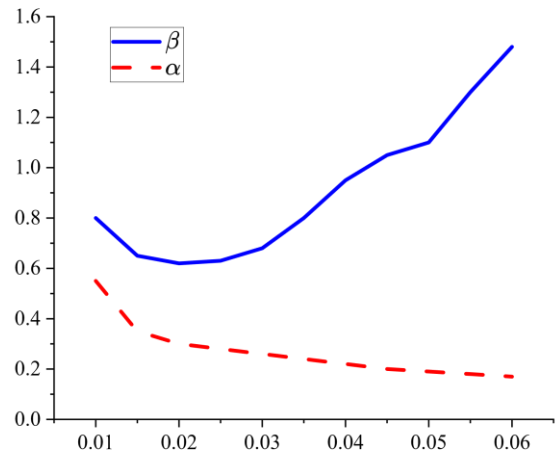


Рис. 3. Залежність параметрів α та β від дистанції взаємодії ε . Час кроку $\tau = 0.01$, кількість агентів $N = 100$, тривалість захворювання $l = 5$. Нижня лінія відображає коефіцієнт одужання α , верхня – коефіцієнт зараження β

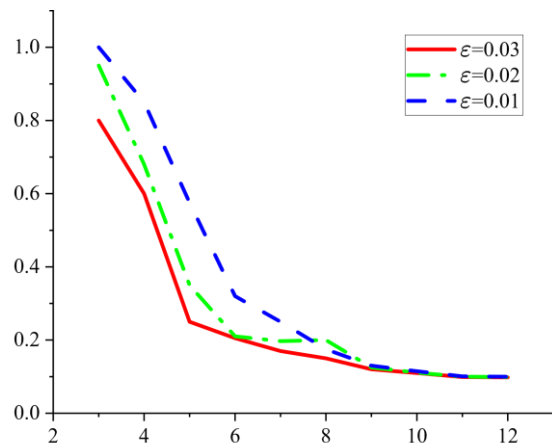


Рис. 4. Залежність параметрів α від тривалості захворювання l для різних значень ε . Час кроку $\tau = 0.01$, кількість агентів $N = 100$. Суцільна лінія – $\varepsilon = 0.03$, штрих-пунктирна – $\varepsilon = 0.02$, пунктирна – $\varepsilon = 0.01$

Додатково було досліджено вплив параметра точності ε на значення α та β при апроксимації агентної моделі до SIR-моделі. Зменшення ε приводить до підвищення значень α при малих l , та одночасно до зменшення значень β . Це вказує на необхідність ретельного вибору ε при наближенні моделей, щоб зберегти достовірність параметрів і забезпечити найкраще узгодження моделей.

Таким чином, належний підбір параметрів у агентній моделі, включаючи параметр точності ε , дозволяє не лише відтворити основні закономірності епідемічного процесу, але й забезпечити високий

рівень відповідності між стохастичними та детермінованими підходами моделювання.

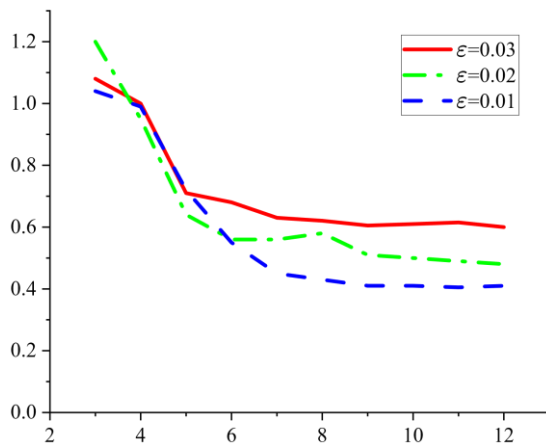


Рис. 5. Залежність параметрів β від тривалості захворювання l для різних значень ε . Час кроку $\tau = 0.01$, кількість агентів $N = 100$. Суцільна лінія – $\varepsilon = 0.03$, штрих-пунктирна – $\varepsilon = 0.02$, пунктирна – $\varepsilon = 0.01$

Список використаної літератури

- Івашченко Д. С., Куценко О. С. Мультиагентна імітаційна модель поширення інфекційних захворювань. *Вісник Національного технічного університету «ХПІ»*. Сер.: Системний аналіз, управління та інформаційні технології. 2024. № 1 (11). С. 47–51.
- Івашченко Д. С., Куценко О. С. Огляд і аналіз методів моделювання процесу розвитку епідемії. *Вісник Національного технічного університету «ХПІ»*. Сер.: Системний аналіз, управління та інформаційні технології. 2021. № 1 (5). С. 16–19.
- Козуб Д. С., Мельников О. Ю. Створення математичної моделі для оцінювання ефективності протиепідемічних заходів. *Математика та математичне моделювання у сучасному технічному університеті: Збірник тез доповідей II Міжнародної науково-практичної конференції студентів та молодих вчених, 30 квітня 2024 р.* Луцьк: ДонНТУ, 2024. С. 62–64.
- Авиллов К. Математическое моделирование в эпидемиологии как задача анализа сложных данных. URL: <http://download.yandex.ru/company/experience/seminars/KAVilovmatmodelirovanie.pdf> (дата звернення: 03.05.2025).
- Огнева В. А. Социальная медицина, общественное здоровье. навч. посіб. у 4 томах. Т. 2. Общественное здоровье. Харьков: ХНМУ, 2023. 324 с.
- Апонин Ю. М., Апонина Е. А. Математическая модель сообщества хищник – жертва с нижним порогом численности жертвы. *Компьютерные исследования и моделирование*. 2009. № 1. С. 51–56.
- Evans C., Findley G. A new transformation for the Lotka – Volterra problem. *Journal of Mathematical Chemistry*. 1999. № 25 (1). P. 105–110.
- Johns Hopkins Coronavirus Resource Center. URL: <https://coronavirus.jhu.edu/> (дата звернення: 08.02.2025).
- Gray A., Greenhalgh D., Mao X., Pan J. The SIS epidemic model with markovian switching. URL: <http://strathprints.strath.ac.uk/41322> (дата звернення: 15.07.2023).
- Асатрян М. Н., Салман Е. Р., Боев Б. В. Моделирование и прогнозирования эпидемического процесса гепатита В. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2012. №1 (62). С. 49–54.
- Carley K. M., Altman N., Kaminsky B., Nave D., Yahja A. BioWar: A City-Scale Multi-Agent Network Model of Weaponized Biological Attacks. *CASOS Technical Report*, 2004. URL: http://www.casos.cs.cmu.edu/publications/papers/carley_2004_biowar_cityscale.pdf (дата звернення: 10.10.2025).
- Bellu G., Saccomani M. P., Audoly S., Daisy D. L. A new software tool to test global identifiability of biological and physiological systems. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*. 2007. Vol. 88. № 1. P. 52–61.
- Holmdahl I., Buckee C. Wrong but Useful – What Covid-19 Epidemiologic Models Can and Cannot Tell Us. *New England Journal of Medicine*. 2020. Vol. 383. P. 303–305. DOI: 10.1056/NEJMp2016822. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7992366/> (дата звернення: 12.04.2025).
- Mohsen A. A., Rashed E. A., Eltawil M. A., Elmougy S. *Optimal parameterization of COVID-19 epidemic models*. 2021. URL: https://www.researchgate.net/publication/347665854_Optimal_parameterization_of_COVID-19_epidemic_models (дата звернення: 12.04.2025).

References (transliterated)

- Ivashchenko D. S., Kutsenko O. S. Multiagentna imitatsiina model poshyrennia infektsiinykh zakhvoriuvan. [Multi-agent simulation model of the spread of infectious diseases]. *Vistnik Harkivskogo politehnichnogo instituta: sb. nauk. pr. Temat. vyp.: Sistemnyy analiz, upravlenie i informatsionnye tekhnologii* [Bulletin of the National Technical University "KhPI": a collection of scientific papers. Ser.: System analysis, control and information technology]. 2024, no. 1 (11), pp. 47–51. (In Ukr.).
- Ivashchenko D. S., Kutcenko O. S. Ohliad i analiz metodiv modeliuвання protsesu rozvytku epidemii. [Review and analysis of methods for modeling the development of the epidemic]. *Visnyk Natsional'noho tekhnichnoho universytetu «KhPI»*. Seriya: Sistemnyy analiz, upravlinnya ta informatsiyni tekhnolohiyi [Bulletin of the National Technical University "KhPI": a collection of scientific papers. Ser.: System analysis, control and information technology]. 2021, no. 1 (5), pp. 16–19. (In Ukr.).
- Kozub D. C., Melnykov O. Yu. Creation of a mathematical model for assessing the effectiveness of anti-epidemic measures [Stvorennia matematychnoyi modeli dlya ocyunyuvannya efektyvnosti proty epidemichnykh zakhodiv]. *Mathematics and Mathematical Modeling in a Modern Technical University: Collection of Abstracts of the Second International Scientific and Practical Conference of Students and Young Scientists, April 30, 2024*. [Matematyka ta matematичне моделювання у сучасному технічному університеті: Збірник тез доповідей II Міжнародної науково-практичної конференції студентів та молодих вчених, 30 квітня 2024 р.]. Lutsk, DonNTU Publ., 2024, pp. 62–64. (In Ukr.).
- Avilov K. Matematicheskoe modelirovanie v epidemiologii kak zadacha analiza slozhnykh dannykh [Mathematical modeling in epidemiology as a problem in the analysis of complex data]. Available at: <http://download.yandex.ru/company/experience/seminars/KAVilovmatmodelirovanie.pdf> (accessed 03.05.2025).
- Ognyeva V. A. *Social medicine, public health. teaching. manual. in 4 volumes. T. 2. Public health* [Social'na medytsyna, gromads'ke zdorov'ya. navch. posib. u 4 tomakh. T. 2. Gromads'ke zdorov'ya]. Kharkiv, KhNMU Publ., 2023. 324 p. (In Ukr.).
- Aponin Y. M., Aponina E. A. Matematicheskaya model soobshchestva hishnik – zhertva s nizhnim porogom chislennosti zhertvy [Mathematical model of a predator – prey community with a lower threshold for the number of preys]. *Kompyuternye issledovaniya i modelirovanie* [Computer research and modeling]. 2009, no. 1, pp. 51–56. (In Russ.).
- Evans C., Findley G. A new transformation for the Lotka – Volterra problem. *Journal of Mathematical Chemistry*. 1999, no. 25 (1), pp. 105–110.
- Johns Hopkins Coronavirus Resource Center. Available at: <https://coronavirus.jhu.edu/> (accessed: 08.02.2025).
- Gray A., Greenhalgh D., Mao X., Pan J. *The SIS epidemic model with markovian switching*. Available at: <http://strathprints.strath.ac.uk/41322> (accessed 15.07.2023).
- Asatryan M. N., Salman E. R., Boev B. V. *Modelirovaniya i prognozirovaniya epidemicheskogo processa gepatita B* [Model and prognosis of hepatitis B]. *Epidemiology and vaccine prophylaxis*. 2012, no. 1 (62), pp. 49–54. (In Russ.).
- Carley K. M., Altman N., Kaminsky B., Nave D., Yahja A. *BioWar: A City-Scale Multi-Agent Network Model of Weaponized Biological Attacks. CASOS Technical Report 2004*. Available at: http://www.casos.cs.cmu.edu/publications/papers/carley_2004_biowar_cityscale.pdf (accessed 10.10.2025).
- Bellu G., Saccomani M. P., Audoly S., Daisy D. L. A new software tool to test global identifiability of biological and physiological

- systems. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*. 2007, vol. 88, no. 1, pp. 52–61.
14. Holmdahl, I., & Buckee, C. (2020). *Wrong but useful – what COVID-19 epidemiologic models can and cannot tell us*. *New England Journal of Medicine*, 383, 303–305. DOI: doi.org/10.1056/NEJMp2016822.
15. Mohsen A. A., Rashed E. A., Eltawil M. A., Elmougy S. *Optimal parameterization of COVID-19 epidemic models*. 2021. Available at: https://www.researchgate.net/publication/347665854_Optimal_parameterization_of_COVID-19_epidemic_models (accessed: 12.04.2025).

Надійшла (received) 13.10.2025

UDC 004.942519.2

D. S. IVASHCHENKO, Senior Lecturer of the Department of System Analysis and Information-Analytical Technologies, National Technical University "Kharkiv Polytechnic Institute"; Kharkiv, Ukraine; e-mail: daria.ivashchenko@khp.edu.ua; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7365-111X>.

O. S. KUTSENKO, Doctor of Technical Sciences, Professor, National Technical University "Kharkiv Polytechnic Institute", professor of the Department of System Analysis and Information-Analytical Technologies; Kharkiv, Ukraine; e-mail: oleksandr.kutsenko@khp.edu.ua; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6059-3694>

COMPARATIVE ANALYSIS OF PARAMETER CONSISTENCY BETWEEN AGENT-BASED AND SIR EPIDEMIC MODELS

In the context of the rapid spread of new viral infections, particularly during the COVID-19 pandemic, there is an increasing need to develop models that are capable not only of accurately representing the dynamics of the disease, but also of providing a well-grounded interpretation of the parameters used in analytical models. This paper examines the classical compartmental SIR (Susceptible–Infectious–Recovered) model, which allows for the assessment of disease dynamics through the solution of a system of differential equations. It is noted that, despite its wide application, this model has a number of limitations, as it does not take into account individual differences in population behavior, spatial structure, or variability of contacts. To address these limitations, a multi-agent model is proposed, in which individual agents simulate real people moving in a two-dimensional space and interacting with each other. The transition of agents between states (susceptible, infected, recovered) depends on the duration of the disease and the occurrence of spatial contact with an infected agent. The proposed model allows for consideration of the physical meaning of parameters, such as the infection radius and disease duration. Based on the results of agent-based modeling, the parameters of the SIR model – the infection transmission rate and the recovery rate – were identified using the least squares method. Numerical experiments examined how these parameters change depending on the duration of the disease and the spatial interaction distance between agents. The obtained results demonstrated qualitative agreement between the agent-based model and the SIR model when parameters were properly chosen. Thus, multi-agent modeling can not only significantly improve the accuracy of epidemic forecasting but also serve as a tool for the well-grounded identification of parameters in classical mathematical models. The proposed approach can be used to support decision-making in healthcare during real epidemic threats, providing a more substantiated assessment of the potential development of an epidemic, planning of preventive and control measures, and evaluation of the effectiveness of different intervention scenarios, taking into account the spatial and temporal dynamics of infection spread.

Keywords: multi-agent model, epidemiological modeling, SIR model, parameter identification, least squares method, duration of illness, interaction distance, statistical data, simulation.

Повні імена авторів / Author's full names

Автор 1 / Author 1: Іващенко Дар'я Сергіївна / Ivashchenko Daria Sergiivna

Автор 2 / Author 2: Куценко Олександр Сергійович / Kutsenko Oleksandr Sergiyovich