

## КОМП'ЮТЕРНІ НАУКИ

УДК 004.942:519.876.5:616-036.22

DOI <https://doi.org/10.32782/2521-6643-2026-2-72.6>

**Ульяновська Ю. В.**, кандидат технічних наук, доцент,  
завідувач кафедри комп'ютерних наук та інженерії програмного  
забезпечення  
Університету митної справи та фінансів  
ORCID: 0000-0001-5945-5251

**Рудянова Т. М.**, кандидат фізико-математичних наук, доцент,  
доцент кафедри комп'ютерних наук та інженерії програмного  
забезпечення  
Університету митної справи та фінансів  
ORCID: 0000-0002-2750-6031

**Рябоволенко Е. А.**, викладач кафедри комп'ютерних наук  
та інженерії програмного забезпечення  
Університету митної справи та фінансів  
ORCID: 0009-0005-7713-3287

**Стрюковатський В. О.**, магістр  
Університету митної справи та фінансів  
ORCID: 0009-0005-4984-6976

### КОМП'ЮТЕРНЕ МОДЕЛЮВАННЯ ПОШИРЕННЯ ЕПІДЕМІЇ НА ОСНОВІ КЛІТИННИХ АВТОМАТІВ

*У роботі проаналізовано сучасні методологічні підходи до комп'ютерного моделювання процесів поширення інфекційних захворювань, у межах яких ключовим інструментом виступає математичний апарат клітинних автоматів. Обґрунтовано наукову доцільність переходу від класичних аналітичних моделей типу SIR, що характеризуються певним рівнем абстракції та спрощеності, до більш гнучких дискретно-просторових моделей. Такі моделі дозволяють суттєво адекватніше відтворювати складну та нелінійну просторово-часову динаміку епідемічних процесів з урахуванням структурної неоднорідності середовища та стохастичної природи міжособистісних контактів у популяції. У межах проведеного дослідження здійснено порівняльний огляд існуючих наукових парадигм, зокрема концепцій мультиагентного моделювання, що дало змогу чітко визначити переваги клітинно-автоматного підходу в задачах відображення локальних взаємодій, дифузійних процесів та безпосереднього впливу фізичних просторових обмежень на поширення патогену.*

*Основним науковим результатом роботи є розробка та повнофункціональна програмна реалізація інтерактивної моделі поширення інфекції, яка забезпечує наочну візуалізацію динаміки епідемічного процесу в режимі реального часу з підтримкою функціоналу оперативної зміни параметрів моделювання. Архітектура моделі базується на структурі двовимірної матриці станів, у якій кожна окрема клітина ідентифікується як автономний агент та може перебувати в одному з визначених епідемічних станів: сприйнятливий, інфікований, імунний (редукований), померлий або стаціонарний бар'єр. Правила переходів між станами формалізовано на основі розроблених ймовірнісних механізмів передачі інфекції та часових характеристик перебігу хвороби, що забезпечує високу гнучкість адаптації моделі до різних сценаріїв розвитку як вірусних, так і бактеріальних захворювань.*

*Програмну реалізацію моделі виконано мовою програмування Python із застосуванням спеціалізованих бібліотек NumPy для оптимізації матричних обчислень та Pygame для реалізації графічного інтерфейсу та інтерактивної візуалізації. У ході дослідження проведено серію комплексних обчислювальних експериментів, що включали варіювання рівня початкової вакцинації, зміну інтенсивності соціальних контактів та моделювання впровадження карантинних обмежень різного ступеня суворості. Отримані емпіричні результати підтверджують адекватність розробленої моделі, зокрема її здатність точно відтворювати характерну хвилеподібну динаміку перебігу епідемії, ефекти локалізації спалахів та формування колективного імунітету. Встановлено, що синергетичне поєднання високого рівня превентивної імунізації та своєчасних обмежувальних заходів є найбільш ефективним чинником стримування епідемічної загрози.*



© Ю. В. Ульяновська, Т. М. Рудянова, Е. А. Рябоволенко, В. О. Стрюковатський, 2026  
Стаття поширюється на умовах ліцензії відкритого доступу CC BY 4.0

---

Практичне значення розробленого програмного комплексу полягає у можливості його широкого використання як інструменту для фундаментальних наукових досліджень, короткострокового прогнозування та у навчальних цілях для фахівців відповідного профілю. Перспективи подальших розвідок у даному напрямі пов'язані з глибокою інтеграцією клітинно-автоматної моделі з сучасними методами машинного навчання та аналізу великих даних (Big Data) для підвищення прогностичної точності на основі реальних статистичних показників міської мобільності.

Ключові слова: епідемічний процес, клітинний автомат, математичне моделювання, просторове поширення, симуляція, Python, NumPy, Pygame.

**Ulianova Y. V., Rudianova T. M., Riabovolenko E. A., Striukovatskyi V. O. Computer modeling of epidemic spread based on cellular automata**

The paper provides a comprehensive analysis of modern methodological approaches to the computer modeling of infectious disease spread processes, with the mathematical apparatus of cellular automata serving as the pivotal tool. The author substantiates the scientific expediency of transitioning from classical analytical models of the SIR type, characterized by a certain level of abstraction and simplification, to more flexible discrete-spatial models. Such models allow for a significantly more adequate reproduction of the complex and non-linear spatio-temporal dynamics of epidemic processes, taking into account the structural heterogeneity of the environment and the stochastic nature of interpersonal contacts within a population. Within the framework of the conducted research, a comparative review of existing scientific paradigms was carried out, specifically multi-agent modeling concepts, which enabled a clear definition of the advantages of the cellular automata approach in tasks involving the mapping of local interactions, diffusion processes, and the direct impact of physical spatial constraints on pathogen transmission.

The primary scientific result of the work is the development and full-featured software implementation of an interactive model of infection spread, which provides high-quality visualization of the epidemic process dynamics in real-time, supporting the functionality for operational changes in simulation parameters. The model architecture is based on a two-dimensional state matrix structure, where each individual cell is identified as an autonomous agent and can reside in one of the predefined epidemic states: susceptible, infected, immune (recovered/removed), deceased, or a stationary barrier. Transition rules between states are formalized based on developed probabilistic mechanisms of infection transmission and temporal characteristics of the disease course, ensuring high flexibility in adapting the model to various scenarios for both viral and bacterial outbreaks.

The software implementation of the model was performed using the Python programming language, employing specialized NumPy libraries for optimizing matrix calculations and Pygame for implementing the graphical user interface and interactive visualization. During the study, a series of complex computational experiments were conducted, including varying the initial vaccination levels, changing the intensity of social contacts, and modeling the implementation of quarantine restrictions of various degrees of severity. The obtained empirical results confirm the adequacy of the developed model, particularly its ability to accurately reproduce characteristic wave-like epidemic dynamics, outbreak localization effects, and the formation of herd immunity. It has been established that the synergetic combination of high preventive immunization levels and timely restrictive measures is the most effective factor in containing an epidemic threat.

The practical significance of the developed software complex lies in the possibility of its wide application as a tool for fundamental scientific research, short-term forecasting, and for educational purposes for specialists in relevant profiles. Prospects for further investigation in this direction are associated with the deep integration of the cellular automata model with modern machine learning methods and Big Data analysis to increase predictive accuracy based on real statistical indicators of urban mobility.

Key words: epidemic process, cellular automaton, mathematical modeling, spatial distribution, simulation, Python, NumPy, Pygame.

**Постановка проблеми.** Поширення інфекційних захворювань є одним із найскладніших явищ, що впливають на життєдіяльність суспільства. Навіть незначні зміни у поведінці населення, структурі контактів чи умовах середовища можуть суттєво змінювати перебіг епідемії, роблячи її динаміку важко прогнозованою. Традиційні детерміновані епідеміологічні моделі, такі як SIR (Susceptible-Infectious-Recovered) та їх модифікації, хоча й є ефективними для загального аналізу, мають обмеження у відображенні локальних взаємодій, неоднорідності середовища та випадкових факторів. У реальних умовах поширення інфекції значною мірою залежить від просторового розміщення індивідів, локальних контактів, мобільності населення та індивідуальної поведінки, що складно адекватно описати за допомогою суто аналітичних підходів.

Актуальність теми обумовлена потребою у розробці гнучких, наочних та інтерактивних інструментів для аналізу епідемічних процесів, здатних швидко відтворювати різні сценарії поширення інфекції, враховувати локальні особливості середовища та дозволяти користувачеві взаємодіяти з моделлю в реальному часі для прийняття ефективних управлінських рішень.

Для подолання зазначених обмежень перспективним є застосування клітинних автоматів (КА), що дозволяють представити популяцію як множину дискретних взаємодіючих елементів у просторі. Їхня перевага полягає у можливості моделювати поширення інфекції через безпосередні локальні контакти, а також у врахуванні просторової неоднорідності (зон карантину, транспортних вузлів) та стохастичних параметрів передачі вірусу.

Реалізація зазначеного підходу дозволить дослідити нелінійні ефекти епідемічного процесу, що виникають внаслідок індивідуальної поведінки агентів та просторових обмежень. Це забезпечить можливість проведення імітаційних експериментів для оцінки ефективності різних стратегій стримування інфекції у гетерогенному середовищі.

---

**Аналіз останніх досліджень і публікацій.** Авторами проаналізовано предметна область епідемічного моделювання та визначити обмеження класичних підходів. У монографії [1] представлено комплексний погляд на моделювання інфекцій: від теорії до практичних симуляцій. Поєднання авторегресійних методів із мультиагентними підходами дало змогу авторам глибше розкрити динаміку популяційних змін. Зокрема, розгляд феномену цифрових епідемій демонструє адаптацію традиційного моделювання до нових викликів інформаційного суспільства. Досліджено основні моделі поширення інфекцій та їх застосування в комп'ютерних симуляціях.

У статті [2] представлено мультиагентну модель прогнозування епідемій, реалізовану за допомогою середовища NetLogo та мови Python. Автори розширили класичну схему SIR додатковими станами (від інкубації до летальності), адаптувавши симуляцію до демографічних та інфраструктурних особливостей області.

У роботах [3], [4] авторами простежується еволюція моделей типу SIR (Susceptible–Infected–Recovered), виокремлюючи їхні аналітичні переваги та функціональні обмеження. Значну частину праці присвячено систематизації клітинних автоматів та обґрунтуванню їхньої ефективності для моделювання просторово розподілених систем. Через аналіз сучасних наукових розвідок підтверджено універсальність методу КА у відтворенні складних динамічних процесів. У роботі також подано критичний огляд актуального програмного забезпечення для імітаційного моделювання епідемій, що супроводжується прикладами його практичного впровадження. Окремо деталізовано класичну модель SIR, розроблену Кермаком і Маккендріком: базовий варіант моделі базується на припущенні про гомогенність середовища, при цьому вважається, що популяція є рівномірно змішаною, а кожен контакт має однакову ймовірність завершитися зараженням.

Класичні моделі SIR і SEIR (Susceptible–Exposed–Infectious–Recovered) дозволяють відтворити основні етапи епідемічного процесу, включаючи початковий період інфекції, і оцінити швидкість її поширення, про це свідчить науковий підхід, викладений у праці [5].

Особливістю клітинних автоматів у контексті епідемічних процесів є їх здатність відображати просторову і локальну динаміку поширення інфекції. Кожна клітина може відповідати окремій особі, групі людей або невеликій ділянці території, а правила переходу описують процес зараження, одужання або смерті [6, 7]. Такий підхід дозволяє враховувати вплив локальних контактів між індивідами, гетерогенність населення та обмеження рухливості, що особливо важливо для моделювання спалахів у містах, школах, лікарнях або інших соціальних мережах. Правила переходу між станами визначаються ймовірностями зараження, тривалістю інкубаційного періоду та ефективністю профілактичних заходів, таких як носіння масок, соціальна дистанція чи вакцинація.

Клітинні автомати дозволяють без значної складності відтворювати як розповсюдження інфекції, так і просторові обмеження, зміни щільності популяції, локальні зони ризику або ефекти вакцинації [8]. Порівняння існуючих моделей свідчить про те, що жоден підхід не є універсальним. Проте для завдань, де ключову роль відіграють просторова динаміка, локальні взаємодії, візуалізація процесів та можливість інтерактивного налаштування, найбільш придатними є дискретно-просторові моделі, що забезпечують оптимальний баланс між обчислювальною складністю, наочністю та гнучкістю.

У роботі [9] автором досліджено проблему візуалізації двовимірних клітинних автоматів (КА) та запропоновано метод статичного представлення їхньої часової еволюції. Підхід базується на ретроспективному кодуванні станів кожної комірки, застосування кодування Вольфрама для околиці фон Неймана дозволило виявити складні просторові ефекти та афінні перетворення структур. Такий спосіб синтезу еволюційних зображень забезпечує наочний аналіз динаміки системи, що є критично важливим для моделювання інтенсивності епідемічних процесів у гетерогенних популяціях.

**Мета дослідження.** Метою дослідження є розробка та програмна реалізація інтерактивної комп'ютерної моделі на основі апарату клітинних автоматів для відтворення просторової динаміки епідемічного процесу в режимі реального часу. Для досягнення поставленої мети передбачено аналіз існуючих математичних моделей поширення інфекцій та специфіки їх застосування у сучасних симуляціях, а також обґрунтування вибору клітинних автоматів як методологічного підходу, що дозволяє враховувати просторову неоднорідність середовища та локальний характер контактів. Науковий пошук спрямований на формалізацію множини станів клітин, визначення ключових параметрів епідемічного процесу та розробку правил локальних переходів. Програмна реалізація моделі здійснюється мовою Python із використанням бібліотек NumPy для оптимізації матричних обчислень та Pygame для динамічної візуалізації. Окремим етапом передбачено розробку інтерфейсу оперативного керування параметрами симуляції для забезпечення інтерактивної взаємодії користувача з моделлю, а також проведення тестування розробленого програмного засобу для оцінки адекватності відтворення динаміки поширення інфекції за різних сценаріїв. Сформований теоретичний та алгоритмічний базис слугує фундаментом для архітектурної побудови клітинно-автоматної моделі, орієнтованої на дослідження закономірностей поширення вірулентних агентів у гетерогенних популяціях.

**Виклад основного матеріалу.** Моделювання епідемічних процесів є фундаментальним інструментом дослідження динаміки інфекцій та оцінювання ефективності профілактичних заходів. У сучасній теорії виділяють два основні підходи: аналітичний (моделі типу SIR), що ефективний для макроаналізу загальних тенденцій, та дискретний, орієнтований на мікрорівневу деталізацію стохастичних і просторових властивостей процесу. З огляду на потребу відтворення територіальної неоднорідності та локальних контактів, у роботі

обрано метод клітинних автоматів (КА). На відміну від агрегованих залежностей, КА представляють популяцію як дискретне середовище, де стан кожної клітини відображає епідемічний статус індивіда, а переходи між станами (інфікування, одужання, летальність) визначаються ітераційними правилами локальної взаємодії.

Ефективність клітинно-автоматної моделі у відтворенні епідемічних процесів визначається коректністю формалізації множини станів клітин та алгоритмів їхньої трансформації, оскільки саме від цього залежить характер просторово-часової динаміки системи і, відповідно, можливість адекватного відтворення процесу поширення інфекційного захворювання.

Математичним базисом моделі виступає двовимірна матриця  $G$  розмірністю  $N \times N$ , де кожен елемент  $c_{ij}$  репрезентує дискретного агента або локальну ділянку простору. Визначено множину станів  $S$ , що описують епідемічний статус об'єкта, у яких може перебувати клітина:  $s = 0$  (Susceptible) – здоровий агент, який може бути інфікований при контакті з носієм;  $s = 1$  (Infected) – активний носій інфекції, для цього стану вводиться додатковий часовий параметр  $\tau$ , що відраховує тривалість хвороби;  $s = 2$  (Immune) – агент, що набув імунітету внаслідок одужання або попередньої вакцинації;  $s = 3$  (Dead) – летальний наслідок захворювання, при якому агент вилючається з активного процесу;  $s = 4$  (Barrier) – штучний бар'єр (стіна), що блокує поширення інфекції та моделює фізичні перешкоди або зони суворого карантину.

Перехід системи зі стану  $t$  у стан  $t + 1$  описується алгоритмом, реалізованим через ітераційну функцію оновлення за такими правилами:

1. Трансмісія інфекції: для клітини  $c_{x,y}$  у стані  $s = 0$  аналізується околі  $\Omega$ . За наявності в околі хоча б одного інфікованого сусіда ( $s = 1$ ) розраховується стохастична ймовірність зараження  $\beta$ . При позитивному результаті клітина переходить у стан  $s = 1$ , а параметр  $\tau$  ініціалізується значенням  $T_{rec}$ .

2. Динаміка інфекційного стану: для агентів у стані  $s = 1$  на кожному кроці здійснюється:

– декремент часового параметра  $\tau$ ;

– інкремент значень відповідних комірок теплової карти для аналізу інтенсивності спалаху карти

$$H_{x,y} \leftarrow H_{x,y} + \Delta h;$$

– перевірка умови летальності смерть ( $s = 3$ ) з ймовірністю  $\mu$ ;

– автоматичний перехід у стан  $s = 2$  (імунітет) після вичерпання ліміту  $\tau$ , якщо не настав летальний наслідок.

3. Інтерактивна модифікація: модель передбачає можливість зовнішнього втручання в режимі реального часу. Це дозволяє оперативно змінювати статус окремих сегментів матриці (створення бар'єрів, точкова вакцинація або ініціація нових вогнищ), що трансформує симуляцію в інструмент сценарного аналізу.

Практичним результатом розробки є програмний додаток, який може застосовуватися як навчальний, дослідницький або демонстраційний інструмент для аналізу впливу різних факторів на перебіг епідемії. Модель демонструє, як зміна локальних правил взаємодії клітин призводить до глобальних змін у системі, що підтверджує доцільність використання клітинних автоматів для подібних задач.

Програмну реалізацію моделі виконано мовою Python [10] із застосуванням спеціалізованих бібліотек, що забезпечують баланс між обчислювальною потужністю та інтерактивністю:

- NumPy: використана як основа алгоритмічної частини для роботи з багатовимірними масивами (ndarray), що представляють сітку автомата. Головною перевагою є підтримка векторизованих обчислень, які дозволяють застосовувати правила переходу одночасно до всіх елементів сітки без ресурсомістких вкладених циклів. Це забезпечує високу продуктивність симуляції та масштабованість моделі [11].

- Pygame: обрана для реалізації візуальної складової та обробки подій у реальному часі. На відміну від стандартних GUI-бібліотек (наприклад, Tkinter), Pygame надає прямий контроль над рендерингом графіки та розвинену систему обробки вводу (миші, клавіатури). Це дозволяє користувачеві динамічно змінювати параметри симуляції – ймовірність зараження, швидкість поширення або розмір сітки – без втрати плавності анімації [12].

Допоміжний функціонал реалізовано за допомогою стандартних модулів: `os` та `sys` забезпечують кросплатформність, коректне керування системними ресурсами та шляхами до файлів; модуль `csv` використовується для експорту статистичних даних (динаміки кількості хворих та одужалих) у структурований формат для подальшого аналізу в зовнішніх статистичних середовищах. Такий стек технологій формує гнучке середовище для проведення імітаційних експериментів, дозволяючи поєднувати високу швидкість матричних обчислень із наочною інтерактивною візуалізацією епідемічних сценаріїв.

Програмний комплекс реалізовано на засадах об'єктно-орієнтованої парадигми, що забезпечує чітке розмежування обчислювальної логіки клітинного автомата та засобів графічної візуалізації результатів. Архітектура системи побудована за модульним принципом, відповідно до якого функціональні компоненти реалізовані у вигляді окремих класів і методів, що відповідають за ініціалізацію середовища моделювання, ітераційне оновлення станів, відображення результатів та обробку подій користувача. Така організація програмного коду забезпечує інкапсуляцію обчислювальних процедур, підвищує надійність реалізації та спрощує подальшу модифікацію моделі. Загальну структуру програмного застосунку наведено на рисунку 1.

*Алгоритмічний базис симуляції (клас EpidemicModel).* Обчислювальне ядро системи реалізоване у класі `EpidemicModel`, який виконує імітаційне моделювання процесу поширення інфекційного захворювання на

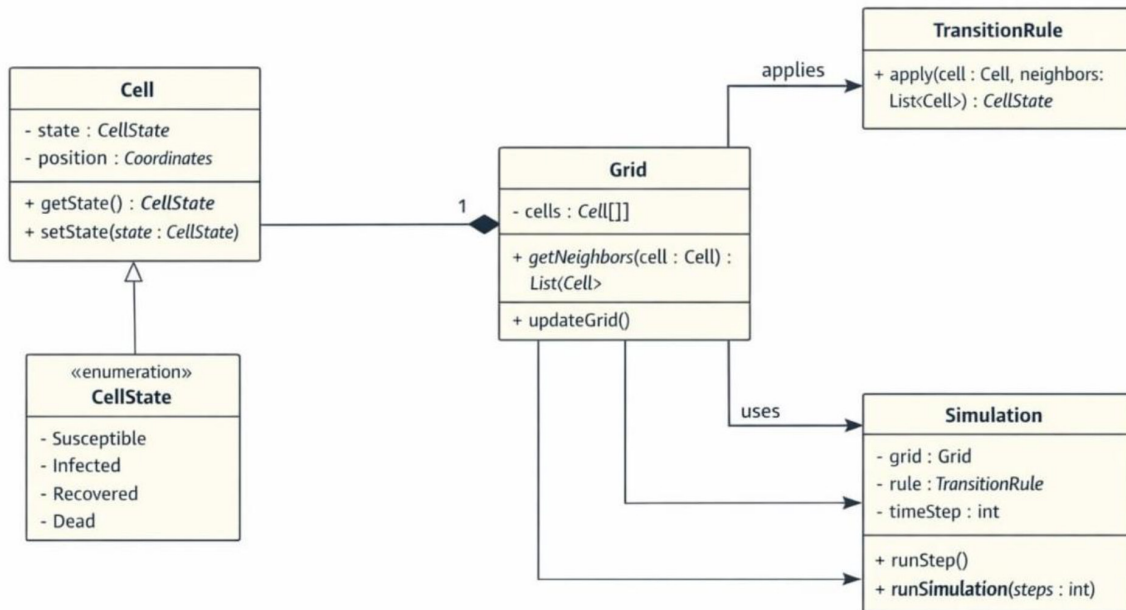


Рис. 1. Діаграма класів модулю моделювання епідемії

основи клітинного автомата. Під час створення об'єкта моделі формується двовимірний дискретний простір, що відображає просторову структуру популяції та використовується як середовище взаємодії агентів.

Для збереження поточного стану системи використовуються такі структури даних:

- grid – двовимірний масив, елементи якого відповідають епідеміологічному стану клітини (susceptible, infected, recovered / immune, vaccinated);
- timers – масив часових параметрів, що використовується для контролю тривалості перебування клітини у стані інфекції;
- heatmap – накопичувальна матриця, призначена для аналізу просторової інтенсивності поширення інфекції та реєстрації частоти виникнення локальних спалахів.

Ініціалізація моделі виконується у конструкторі `_init` із використанням бібліотеки NumPy, що дозволяє ефективно виконувати векторизовані операції над масивами. На цьому етапі задаються початкові умови моделювання, зокрема випадковим чином формуються первинні осередки зараження та встановлюється частка вакцинованих агентів, які одразу переходять у стан імунітету. Такий підхід дає можливість досліджувати вплив різних початкових параметрів на подальшу динаміку епідемічного процесу.

Взаємодія між клітинами реалізована на основі локального правила сусідства. Метод `get_neighbors` формує оточення Мора розмірності  $3 \times 3$  та визначає вісім суміжних клітин, що безпосередньо межують з поточною. Це дозволяє моделювати передачу інфекції через локальні контакти та відтворювати просторово неоднорідний характер поширення захворювання.

Основна логіка переходів між станами реалізована у методі `update`, який виконується на кожному кроці симуляції. Для забезпечення коректності обчислень використовується механізм подвійної буферизації, при якому оновлення виконується у копії сітки (`new_grid`), після чого новий стан замінює попередній. Це гарантує синхронність переходів і виключає вплив проміжних результатів на поточний крок.

Для клітин у стані `susceptible` обчислюється ймовірність зараження, що залежить від кількості інфікованих сусідів, базового коефіцієнта трансмісії та параметра, який враховує рівень соціального дистанціювання. Для інфікованих клітин здійснюється контроль тривалості інфекційного періоду за допомогою масиву `timers`, після чого виконується перехід у стан одужання або летальний стан відповідно до заданих ймовірностей. Така схема дозволяє враховувати стохастичний характер розвитку епідемії.

Кількісний аналіз поточного стану системи виконується методом `get_stats`, який використовує функцію `pr.uniqe` для визначення розподілу клітин за станами. Отримані значення застосовуються для відображення статистики під час симуляції та можуть бути використані для подальшої обробки.

Експорт результатів моделювання реалізований у функції `save_report`, яка забезпечує збереження статистичних даних у форматі CSV. У файл записуються часові мітки, тривалість симуляції та кількісні показники для кожного стану популяції, що дає змогу виконувати порівняльний аналіз різних сценаріїв.

*Графічний інтерфейс та інтерактивна взаємодія (клас ProfessionalUI).* Візуалізація моделі та взаємодія з користувачем реалізовані у класі `ProfessionalUI` з використанням бібліотеки Pygame. Інтерфейс інтегрує обчислювальну модель із графічним середовищем та забезпечує відображення клітинного поля, інформаційної панелі та елементів керування.

---

Метод `draw_grid` виконує відображення сітки, при якому кожному стану клітини відповідає визначений колір. Для підвищення наочності додатково використовується теплова карта, що відображає інтенсивність поширення інфекції, а також анімаційне підсвічування активних осередків.

Елементи керування реалізовані у вигляді окремих класів `Button` та `Slider`. Кнопки забезпечують керування виконанням симуляції, зокрема паузу, повний перезапуск (`reset_sim`) та збереження результатів. Повзунки дозволяють змінювати параметри моделі в реальному часі, включаючи швидкість виконання, імовірність зараження та рівень вакцинації.

Метод `handle_mouse` забезпечує інтерактивне втручання у процес моделювання. Користувач може змінювати стан окремих клітин, створювати бар'єри, виконувати локальну вакцинацію або ініціювати нові осередки зараження, що дозволяє досліджувати різні сценарії розвитку епідемії.

*Організація функціонування системи.* Робота програмного комплексу організована у вигляді безперервного циклу `run`, у якому послідовно виконуються обробка подій користувача, обчислювальний крок моделі (`update`) та відображення результатів. Така організація забезпечує можливість дослідження динаміки епідемічного процесу у режимі реального часу та дозволяє змінювати параметри моделювання без перезапуску програми.

Запропонована архітектура програмного комплексу забезпечує можливість дослідження просторово-часової динаміки поширення інфекційних захворювань, аналізу впливу параметрів зараження, вакцинації та обмежувальних заходів, а також використання моделі як інструменту наукової візуалізації та експериментального дослідження складних епідемічних систем.

*Тестування та верифікація результатів моделювання.* З метою оцінювання коректності роботи програмного комплексу та перевірки адекватності реалізованої математичної моделі було проведено серію обчислювальних експериментів із різними початковими умовами та параметрами симуляції. Тестування виконувалося шляхом багаторазового запуску моделі з варіюванням коефіцієнтів зараження, рівня вакцинації, тривалості інфекційного періоду та параметрів просторових обмежень. Отримані результати підтвердили стабільність роботи програмного застосунку, відсутність критичних помилок під час тривалого моделювання та узгодженість поведінки системи з теоретично очікуваними закономірностями поширення епідемічних процесів. У ході перевірки було розглянуто декілька характерних сценаріїв.

Сценарій 1 (базовий режим). За стандартних значень параметрів моделі спостерігається типова динаміка SIR-процесу, при якій кількість інфікованих агентів на початковому етапі зростає, досягає максимуму, після чого поступово зменшується внаслідок переходу клітин у стан імунітету. При цьому частка агентів у стані `recovered / immune` монотонно збільшується, що відповідає класичній епідеміологічній кривій та підтверджує коректність реалізації механізму переходів між станами.

Сценарій 2 (підвищена вірулентність). Збільшення імовірності зараження за допомогою параметра `Inf. Chance`, що змінюється через інтерфейсний повзунок, призводить до значного прискорення поширення інфекції. У цьому режимі спостерігається швидке охоплення більшої частини сітки за меншу кількість ітерацій, що супроводжується різким зростанням числа інфікованих клітин та скороченням тривалості епідемічного циклу. Така поведінка узгоджується з теоретичними уявленнями про вплив коефіцієнта трансмісії на швидкість розвитку епідемії та підтверджує чутливість моделі до зміни параметрів.

Сценарій 3 (інтервенційний режим). Уведення просторових обмежень шляхом створення бар'єрів на сітці, а також застосування локальної вакцинації частини популяції призводить до суттєвого зменшення швидкості поширення інфекції. У цьому випадку зараження локалізується в окремих ділянках поля та не переходить на всю область моделювання. Отримані результати демонструють можливість використання клітинного автомата для дослідження ефективності карантинних заходів, соціального дистанціювання та імунізації.

Під час тестування також перевірено механізм завершення симуляції.

Етап запуску програмного комплексу передбачає детерміновану ініціалізацію графічного інтерфейсу та формування первинної конфігурації моделі без часових затримок і візуальних артефактів. Головне вікно застосунку структурується за модульним принципом і включає дві ключові функціональні області: інтерактивне поле клітинної сітки та панель моніторингу й керування. У процесі ініціалізації середовища забезпечується автоматичне формування початкового стану популяції. На клітинній сітці відображаються агенти у станах «сприйнятливий», «вакцинований» та «інфікований» згідно з попередньо встановленими параметрами розподілу. Коректність цього етапу підтверджується відповідністю візуальних маркерів заданій логіці моделі.

Панель керування на етапі старту повинна містити актуальні статистичні показники нульової ітерації, інтерактивні регулятори (слайдери) з верифікованими початковими значеннями, функціональні елементи управління життєвим циклом симуляції.

Відсутність критичних помилок у системній консолі, валідність колірної індикації станів та цілісність усіх елементів інтерфейсу свідчать про успішну підготовку програмного середовища. Це гарантує готовність системи до проведення імітаційних експериментів та коректної взаємодії з користувачем у режимі реального часу (рисунки 2).

Завершення ітераційного циклу моделювання супроводжується індикацією «FINISHED», після чого система генерує підсумкові статистичні дані щодо летальності та рівня імунізації популяції (рисунки 3).



Рис. 2. Завантаження моделі



Рис. 3. Результати перебігу симуляції зараження

Експериментальне дослідження чутливості моделі до варіації вхідних параметрів дозволило встановити такі закономірності:

1. Коефіцієнт трансмісії: інкремент шансу зараження (до значення 0,58) призводить до інтенсифікації епідемічного процесу. За аналогічний часовий проміжок зафіксовано зростання кількості летальних випадків з 315 до 327 одиниць, що підтверджує пряму залежність між вірулентністю агента та швидкістю розповсюдження інфекції.

2. Рівень вакцинації: збільшення частки імунізованих агентів суттєво демпфує швидкість поширення захворювання. Встановлено, що масова вакцинація дозволяє знизити підсумкову летальність до 191 випадку, що обґрунтовує ефективність імунопрофілактики як засобу захисту гетерогенних популяцій.

3. Карантинні обмеження: модель передбачає можливість фізичного обмеження зони інфікування шляхом створення статичних бар'єрів. Своєчасна локалізація вогнищ спалаху дозволяє значно сповільнити експансію інфекції та сприяє поступовій стабілізації епідеміологічної ситуації (рисуні 4).

Загалом, результати симуляції підтверджують, що комбінація високого рівня імунізації та вчасного впровадження карантинних заходів є найбільш ефективною стратегією мінімізації негативних наслідків епідемічного процесу (рисунок 5).

**Висновки та перспективи подальших досліджень.** Поширення інфекційних захворювань залишається однією з ключових глобальних проблем сучасного суспільства, що безпосередньо впливає на систему охорони здоров'я, економічну стабільність та соціальну безпеку. Динаміка епідемій, їх просторово-часова поведінка та залежність від поведінкових патернів населення потребують високоточних методів аналізу та прогнозування, які базуються на сучасних математичних та обчислювальних моделях.

У рамках проведеного дослідження розроблено інтерактивну симуляційну модель, що відтворює просторово-часову динаміку епідемічного процесу на основі клітинних автоматів. Проведено огляд сучасних підходів до епідеміологічного моделювання, включно з компартментними, стохастичними, мережевими та агентними моделями. Встановлено, що хоча згадані методи успішно відтворюють загальні закономірності розвитку епідемій, вони обмежені у можливості моделювання локальних контактів, стохастичності та просторової структури, що критично для реалістичної симуляції.

Клітинні автомати, як методологічна основа розробленої моделі, дозволяють природно моделювати локальні взаємодії між агентами, відтворювати нерівномірність поширення інфекції та створювати гнучкі

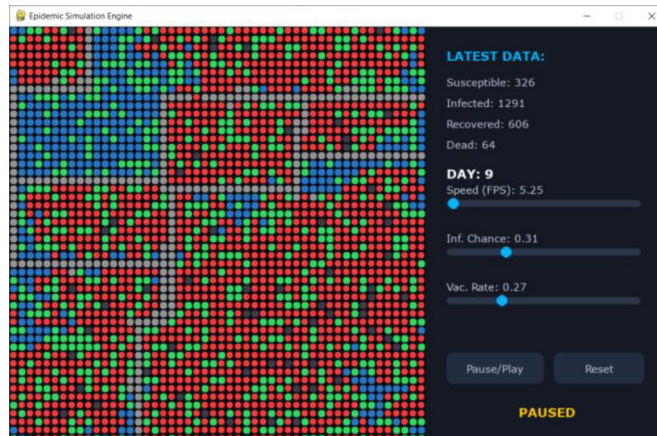


Рис. 4. Введення карантинних заходів



Рис. 5. Результат симуляції після карантину

інтерактивні сценарії. Модель формалізує стани клітин (susceptible, infected, recovered/immune, vaccinated), параметри зараження та тривалість хвороби, а також набори правил переходів, що адекватно відображають ключові етапи епідемічного процесу.

Програмна реалізація виконана із використанням Python та бібліотек NumPy для високопродуктивних обчислень і Pygame для інтерактивної візуалізації. Це забезпечує можливість детального відстеження динаміки моделі, регулювання параметрів симуляції у реальному часі, а також запровадження зовнішніх утручань, таких як бар'єри карантину або зміни рівня вакцинації.

Апробація моделі продемонструвала її стабільність, коректність роботи та здатність відтворювати характерні патерни розвитку епідемії, включно з локалізованими спалахами, хвилеподібним перебігом та ефектами обмежувальних заходів. Розроблений програмний комплекс дозволяє моделювати різні сценарії, оцінювати вплив зовнішніх факторів на динаміку інфекційного процесу та забезпечує інтерактивну візуалізацію, що підвищує наочність результатів для навчальних та дослідницьких цілей.

Перспективи подальших досліджень включають інтеграцію мультиагентних моделей із клітинними автоматами для підвищення реалістичності поведінки окремих суб'єктів у популяції, розширення моделі для багаторівневого просторового аналізу, що дозволить моделювати взаємодію між різними географічними зонами та враховувати мобільність населення, використання машинного навчання та алгоритмів оптимізації для адаптивного підбору параметрів моделі та прогнозування сценаріїв розвитку епідемії за обмежених даних.

Реалізація зазначених напрямів дозволить підвищити точність моделювання, забезпечити гнучкість у дослідженні складних епідемічних систем та сприятиме розвитку прикладної науки у сфері прогнозування та управління інфекційними ризиками.

#### Список використаних джерел:

1. Чумаченко Д. І., Чумаченко Т. О. Імітаційне моделювання епідемічних процесів: прикладні аспекти: монографія. Харків : ФОРМ, 2023. 300 с.
2. Зайцева Т. А., Лебеденко А. В. Мультиагентне моделювання у прогнозуванні розповсюдження інфекційних захворювань. *Актуальні проблеми автоматизації та інформаційних технологій*. 2023. Том 27. С. 74–79.

- 
3. Черевко І. М., Косович І. Т. Імітаційне моделювання SIR моделей методом клітинних автоматів. *Науковий вісник Ужгородського університету. Серія «Математика і інформатика»*. 2024. Т. 45, № 2. С. 276–285.
  4. Косович І. Т. Моделювання прогнозування поширення епідемій методами рухомих клітинних автоматів та навчанням з підкріпленням: дис. ... д-ра філос.: 113. Чернівці: Чернівецький нац. ун-т ім. Ю. Федьковича, 2025.
  5. Modelling the impact of hybrid immunity on future COVID-19 epidemic waves / T. P. Le et al. *medRxiv*. 2023. URL: <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2023.03.12.23287174v1.full.pdf> (дата звернення: 24.03.2026).
  6. Mohajan H. K. Mathematical Analysis of SIR Model for COVID-19 Transmission. *Munich Personal RePEc Archive*. 2022. URL: [https://mpra.ub.uni-muenchen.de/114390/1/MPRA\\_paper\\_114390.pdf](https://mpra.ub.uni-muenchen.de/114390/1/MPRA_paper_114390.pdf) (дата звернення: 24.03.2026).
  7. Salgado M., Gilbert N. Agent Based Modelling. *Theory and Method in Social Research*. 2nd ed. 2013. P. 245–256. URL: [https://www.researchgate.net/publication/259335210\\_Agent\\_Based\\_Modelling](https://www.researchgate.net/publication/259335210_Agent_Based_Modelling) (дата звернення: 24.03.2026).
  8. White S. H., Martín del Rey A., Rodríguez Sánchez G. Modeling epidemics using cellular automata. *Applied Mathematical Sciences*. 2007. Vol. 1, No. 24. P. 1193–1202. URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7127728/> (дата звернення: 24.03.2026).
  9. Білан С. М. Еволюція двовимірних клітинних автоматів. Нові форми подання. *Український журнал інформаційних технологій*. 2021. Т. 3, № 1. С. 85–90.
  10. Python 3.14.2 documentation. URL: <https://docs.python.org/3/> (дата звернення: 24.03.2026).
  11. NumPy Documentation. NumPy User Guide. URL: <https://numpy.org/doc/stable/user/index.html> (дата звернення: 24.03.2026).
  12. Pygame Documentation. Pygame Front Page. URL: <https://www.pygame.org/docs/> (дата звернення: 24.03.2026).

#### References:

1. Chumachenko, D. I., & Chumachenko, T. O. (2023). Imitatsiine modeliuвання epidemicnykh protsesiv: prykladni aspekty [Simulation modeling of epidemic processes: applied aspects]. Kharkiv : FOP Panov A. M.
2. Zaitseva, T. A., & Lebedenko, A. V. (2023). Multiagent modeling in forecasting the spread of infectious diseases. *Aktualni problemy avtomatyzatsii ta informatsiinykh tekhnolohii*, 27, 74–79.
3. Cherevko, I. M., & Kosovych, I. T. (2024). Simulation modeling of SIR models using cellular automata. *Naukovyi visnyk Uzhhorodskoho universytetu. Serii Matematyka i informatyka*, 45(2), 276–285.
4. Kosovych, I. T. (2025). Modeliuвання prohnozuvannya poshyrennia epidemii metodamy rukhomykh klitynykh avtomativ ta navchanniam z pidkriplenniam (Doctoral dissertation, Yurii Fedkovych Chernivtsi National University).
5. Le, T. P., et al. (2023). Modelling the impact of hybrid immunity on future COVID-19 epidemic waves. *medRxiv*. Retrieved March 24, 2026, from <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2023.03.12.23287174v1.full.pdf>
6. Mohajan, H. K. (2022). Mathematical analysis of SIR model for COVID-19 transmission. *Munich Personal RePEc Archive*. Retrieved March 24, 2026, from [https://mpra.ub.uni-muenchen.de/114390/1/MPRA\\_paper\\_114390.pdf](https://mpra.ub.uni-muenchen.de/114390/1/MPRA_paper_114390.pdf)
7. Salgado, M., & Gilbert, N. (2013). Agent-based modelling: Theory and method in social research (2nd ed., pp. 245–256). Retrieved March 24, 2026, from [https://www.researchgate.net/publication/259335210\\_Agent\\_Based\\_Modelling](https://www.researchgate.net/publication/259335210_Agent_Based_Modelling)
8. White, S. H., Martín del Rey, A., & Rodríguez Sánchez, G. (2007). Modeling epidemics using cellular automata. *Applied Mathematical Sciences*, 1(24), 1193–1202. Retrieved March 24, 2026, from <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7127728/>
9. Bilan, S. M. (2021). Evolution of two-dimensional cellular automata: New forms of representation. *Ukrainian Journal of Information Technology*, 3(1), 85–90.
10. Python Software Foundation. (2026). Python documentation. Retrieved March 24, 2026, from <https://docs.python.org/3/>
11. NumPy Developers. (2026). NumPy user guide. Retrieved March 24, 2026, From <https://numpy.org/doc/stable/user/index.html>
12. Pygame Community. (2026). Pygame documentation. Retrieved March 24, 2026, from <https://www.pygame.org/docs/>

Дата першого надходження статті до видання: 26.03.2026

Дата прийняття статті до друку після рецензування: 20.04.2026

Дата публікації (оприлюднення) статті: 30.05.2026