

Ю.Й. Михайлович, Є.Л. Горох, А.Ю. Рижов

# Алгоритм ухвалення рішень для визначення моделі прогнозування оцінки впливу пандемії COVID-19 на онкоепідеміологічний процес в Україні

Державне некомерційне підприємство «Національний інститут раку», Київ, Україна

Одержано 28.08.2024

Прийнято до друку 5.09.2024

DOI: 10.32471/clinicaloncology.2663-466X.55-3.33338

Прогнозування можливих наслідків впровадження програм охорони здоров'я з контролю COVID-19 передбачає всебічне вивчення особливостей епідемічного процесу цього захворювання як загалом, так і за певні проміжки часу з подальшою побудовою оптимальної прогностичної моделі. COVID-19 є новою коронавірусною інфекцією, тому визначення адекватного епідеміологічного профілю для неї на сьогодні немає. Процес поширення інфекційних хвороб, зокрема COVID-19 в Україні, має бути досліджений експериментально, тому пошук і застосування математичних та імітаційних моделей, безумовно, забезпечить реальну альтернативу дослідження механізму впливу пандемії COVID-19 на онкоепідеміологічну ситуацію. З цією метою проведений пошук найкращих прогнозних моделей. Здійснено опрацювання мультиагентної моделі динаміки поширення епідемічних процесів у розвинених країнах з аналізом досліджень імітації поширення пандемії COVID-19 для різних урядових стратегій, режимів та підходів. Це дозволить оцінити запроваджені обмеження та визначити їх вплив на онкоепідеміологічну ситуацію в Україні. *Матеріали і методи дослідження.* Пошук наукової літератури здійснювали шляхом аналізу баз даних Web of Science, PubMed, Embase, Cochrane Library, Національної мережі багатопрофільних онкологічних закладів США (National Comprehensive Cancer Network — NCCN), China National Knowledge Infrastructure, Wanfang, Національного канцер-реєстру України (НКРУ). Метааналіз охоплював міжнародні ретроспективні когортні дослідження.

**Ключові слова:** пандемія COVID-19; онкоепідеміологічна ситуація; прогнозні моделі; карантинні обмеження; онкологічна захворюваність та смертність; Національний канцер-реєстр України.

Експерти стверджують, що майбутні пандемії є неминучими подіями, і проблема полягає не в тому, чи вони відбудуться, а в тому, коли виникне нова надзвичайна ситуація у сфері охорони здоров'я. Життєво важливим аспектом для громадського здоров'я та безпеки країни є уроки, засвоєні з державної політики у сфері охорони здоров'я під час протидії кризі — пандемії COVID-19, а саме поліпшення профілактики, підготовленість органів самоврядування до подій наступних епідемій, релевантний аналіз недоліків під час попередньої пандемії та прогнозування наступної. Передбачення можливих наслідків впровадження різних програм охорони здоров'я з контролю COVID-19 включає всебічне вивчення особливостей епідемічного процесу цього захворювання як загалом, так і за певні проміжки часу з подальшою побудовою адекватної прогностичної моделі. У роботі проведений пошук моделей впливу на епідеміологічну ситуацію, що використовуються для прогнозування самого процесу. Проведено опрацювання мультиагентної моделі динаміки поширення епідемічних процесів розвинених країн, у яких використовується узагальнена математична SIR-модель і моделювання клітинних автоматів для вивчення динаміки інфекційних захворювань у контексті поширення COVID-19. Здійснено аналіз досліджень імітації поширення епідемії для різних стратегій, режимів та підходів до поширення захворювання, що дозволить зробити аналіз та порівняння запроваджених обмежень для контролю за коронавірусною інфекцією.

COVID-19 є новою хворобою, і точного епідеміологічного профілю для неї у світі не існує. Оскільки процес поширення інфекційних хвороб, зокрема COVID-19, не може бути досліджений експериментально в Україні, застосування математичних та імітаційних моделей, безумовно, може забезпечити реальну альтернативу дослідження механізму впливу пандемії COVID-19 на онкоепідеміологічну ситуацію завдяки моделюванню з подальшим аналізом та оцінкою результатів. З цією метою проведений пошук найкращих прогнозних моделей. Загалом їх можна розподілити на 3 частини: класичні динамічні моделі інфекційних захворювань, моделі прогнозування часових рядів і моделі багатофакторного прогнозування. Моделі прогнозування часових рядів використовують такі методи, як довготривала короткочасна пам'ять (Long

short-term memory — LSTM), усереднення ковзного вікна, модель авторегресійної інтегрованої ковзної середньої (Autoregressive integrated moving average — ARIMA) [1–2]. Однак у цих моделях лише досліджуються закони змін у часових рядах кривих епідемії тільки для короткострокових прогнозів і не враховуються фактори впливу. Багатофакторні моделі прогнозування використовують регресійні методи для встановлення зв'язку між кількістю підтверджених випадків та корельованими факторами. Однак вплив цих факторів не поєднується з ланцюгом передачі, тому вони не можуть пояснити, як ці фактори впливають на поширення COVID-19 [3–4].

Динамічні моделі інфекційних захворювань розподіляють населення на різні групи на основі епідеміологічних характеристик індивідів і використовують диференціальні рівняння для вираження процесу контактного зараження між популяціями. Ці моделі мають 2 переваги перед 2 вищезазначеними підходами: вони можуть представляти динамічний процес інфекційних захворювань у населення (чутливі, інфіковані, ті, що одужали) та епідеміологічні параметри, важливі для запобігання та контролю епідемій, а також для патологічних досліджень. Тому динамічні моделі поступово стають основними математичними підходами до досліджень інфекційних захворювань. Наприклад, SEIQR, SIR-X і SIQR, SEIRD, SEIRS, e-ISHR [5–9], моделі експоненціального та нелінійного зростання [10] і нові моделі інфекційних захворювань з додаванням безсимптомних ідентифікаторів [11], та інфекції навколишнього середовища [12]. Однак зазвичай вони придатні лише для однопікового та короткострокового дослідження інфекцій. J.P. Huang та співавт. вперше запропонували глобальну систему прогнозування пандемії COVID-19, поєднавши динамічні моделі з метеорологічними факторами [13]. Проте цей метод більше підходить для раннього короткострокового прогнозування епідемії (часовий період відносно невеликий), тому запропоновані нові моделі прогнозування COVID-19, спрямовані на кращий опис кривих епідемії з тривалим часом, кількома піками, високими коливаннями з метою отримання цінної допоміжної інформації для ухвалення рішень. Враховуючи мутації вірусу та ефективність вакцини, запропоновано кругову модель петлі SEAI<sub>oop</sub>CR<sub>oop</sub> на основі

моделі SEIR, потім створено модель  $IR_{\text{дор}}$  — шляхом отримання даних про інфікованих осіб та вилучених. Параметри можуть бути повністю перевірені фактичними даними, що значно зменшує невизначеність і неточність результатів. Логістична функція зростання використовується для опису законів зміни швидкості зараження, спричинених природними факторами та втручанням людини на кожному етапі.

Стрімке поширення COVID-19 в Україні завдало безпрецедентної шкоди населенню, економічній та соціальній стабільності. Необхідно зауважити, що прогнозування впливу пандемії, зокрема впливу COVID-19 на онкоепідеміологічний процес до сьогодні, як у світі, так і в Україні не здійснювалося. Грунтуючись на даних пошуку і наших досліджень, базова модель прогнозування онкоепідеміологічного процесу в Україні розглядалася в минулій нашій роботі за 2020 р. [14]. На основі даних НКРУ про онкологічну захворюваність в Україні за період 2003–2012 рр. виконано моделювання захворюваності за основними нозологічними формами злоякісних новоутворень (ЗН) на наступні 10 років — до 2022 р. включно. Однак фактор пандемії, зокрема COVID-19, не враховувався [14].

На підставі проведеного пошуку в основу ухвалення рішень щодо створення алгоритму для моделювання прогнозування покладений підхід, викладений авторами Т. Dуба і Т. Nakulinen [15]. Його суть полягає в тому, що розглядаються 3 основні моделі типу «вік — період» (age — period model):

Модель 1:  $E(\text{rate}(i,t)) = \alpha_i + \beta_t$ ;

Модель 2:  $\log(E(\text{rate}(i,t))) = \alpha_i + \beta_t$ ;

Модель 3:  $\log(E(\text{rate}(i,t))) = \alpha_i + \beta_t$ ,

де  $E(\text{rate}(i,t))$  — очікуваному значенню показника захворюваності у віковій групі  $i$  в рік  $t$ ;  $\alpha_i$  та  $\beta_t$  — невідомі параметри.

Модель 1 передбачає різнонаправлені лінійні зміни в різних вікових групах. Модель 2 працює аналогічно, але використовує логарифмічну шкалу. Модель 3 передбачає, що зміни у вікових групах є однаковими за весь період.

З метою ухвалення рішення щодо використання однієї із зазначених моделей та вибору алгоритму розраховували прогнозне значення показника онкозахворюваності за останній рік досліджуваного періоду на підставі даних попередніх років, та вибирали модель, яка могла би дати адекватний результат, найближчий до фактично наявних спостережень.

Такий метод є універсальним і тому може бути застосованим для ухвалення рішень щодо вибору прогнозування онкоепідеміологічного процесу під час пандемії (COVID-19).

Слід зазначити, що результати моделювання, наведені в нашому дослідженні, — обмежуються 2022 р. через математичні обмеження моделі. Прогнозовані результати за 2022 р., наведені в дослідженні, значно різняться від показників захворюваності, які фактично зафіксовані у 2022 р. за даними НКРУ [16].

У зв'язку з початком бойових дій внаслідок повномасштабного вторгнення в Україну у 2022 р. відбулися значна міграція населення та зміни процесів реєстрації ЗН, вплив яких не міг бути врахований при попередньому моделюванні. Для оцінки впливу пандемії COVID-19 на онкоепідеміологічний процес варто застосувати алгоритм моделювання очікуваної онкозахворюваності на 2019–2021 рр. за даними 2013–2018 рр. з використанням вищенаведених моделей та порівняти отримані результати з фактичними значеннями вікового показника, що відмічалися у 2019–2021 рр.

Для моделювання розвитку захворюваності ЗН в якості вихідних даних взято уточнені дані НКРУ за 2013–2018 рр. (за уточненими даними 2022 р.), оскільки у цей період відмічається точна кількість народонаселення. Взяті дані усіх регіонів України, за винятком Донецької, Луганської обл., АР Крим та м. Севастополь через відсутність даних щодо кількості населення цих територій після 2013 р. Розраховано кількість випадків за 5-річними віковими інтервалами та відповідні статеві-вікові показники захворюваності для наступних нозологічних груп (табл. 1).

Для кожної нозологічної групи ЗН здійснювалося моделювання за Т. Dуба і Т. Nakulinen [15] за період 2019–2020 рр. Результати моделювання у вигляді прогнозованої кількості випадків онкозах-

ворювання за кожною з нозологічних та статеві-вікових груп підсумовані та порівнювалися з фактично отриманими даними щодо кількості відповідних захворювань у 2019–2020 рр. за уточненими даними НКРУ, станом на 2019–2020 рр. [17–18]. Результати порівняння наведені в табл. 2.

За результатами проведених обчислень, можна відмітити високий ступінь відповідності прогнозних та фактичних показників захворюваності та загальної кількості випадків за 2019 р. (різниця <1% для чоловіків та <2% для жінок), що свідчить про адекватність використаних підходів до моделювання. Водночас зафіксовані значні розбіжності та зниження показника фактичної онкозахворюваності та кількості виявлених випадків ЗН порівняно з прогнозом на 2020 р. (<18% у чоловіків, <14% у жінок), що, можливо, зумовлено факторами, які виникли під час пандемії COVID-19, а саме зниженням доступності медичної допомоги, припиненням планових госпіталізацій, відмовою пацієнтів від звернень до закладів охорони здоров'я з метою профілактичних та діагностичних обстежень.

Для моделювання розвитку смертності від ЗН також взяті дані НКРУ, за яким фіксувалося загальне зменшення кількості захворювань на ЗН та смертей від ЗН у 2020 р. порівняно з усередненими даними за 2015–2019 рр. у всіх вікових групах. Зокрема, загальна кількість смертей від ЗН серед чоловічого населення у 2020 р. зменшилася на 14,4%, серед жіночого — на 12,9%. Зменшення кількості летальних випадків відмічалася в усіх статеві-вікових групах. Якщо зниження рівня зареєстрованих ЗН у 2020 р. під час пандемії COVID-19, можливо, спричинене загальним зниженням доступності медичної допомоги, — як наслідок карантинних обмежень, зменшенням кількості планових госпіталізацій та звернень пацієнтів до закладів охорони здоров'я, то нижченаведені фактори навряд чи можна розглядати, як можливі причини зниження смертності від ЗН.

Натомість можливими причинами зменшення кількості зареєстрованих смертей та, відповідно, зниження показника смертності від ЗН можна вважати наступні:

Таблиця 1. Нозологічні групи

Чоловіки		Жінки	
1	Губа	1	Губа
2	Ротова порожнина і глотка	2	Ротова порожнина і глотка
3	Стравохід	3	Стравохід
4	Шлунок	4	Шлунок
5	Товста і пряма кишки	5	Товста і пряма кишки
6	Печінка	6	Печінка
7	Підшлункова залоза	7	Підшлункова залоза
8	Гортань	8	Гортань
9	Легені	9	Легені
10	Меланома шкіри	10	Меланома шкіри
11	Передміхурова залоза	11	Грудна залоза
12	Яечка	12	Шийка матки
13	Нирки	13	Тіло матки
14	Сечовий міхур	14	Яєчники
15	Головний мозок, ЦНС**	15	Нирки
16	Щитоподібна залоза	16	Сечовий міхур
17	Лімфома	17	Головний мозок, ЦНС**
18	Лейкемія	18	Щитоподібна залоза
19	Усі інші ЗН*	19	Лімфома
		20	Лейкемія
		21	Усі інші ЗН*

\*Рак шкіри (C44 за Міжнародною класифікацією хвороб (МКХ-10)) не включений до моделювання.

\*\*ЦНС — центральна нервова система.

Таблиця 2. Прогнозування за статтю

Захворюваність (рік)	Показники	Прогноз		Фактична кількість	
		Чоловіки	Жінки	Чоловіки	Жінки
2019	Абс. число	59 434	63 772	59 459	63 168
	ASR (W)*	237,94	189,03	237,4	186,4
2020	Абс. число	59 627	64 218	49 918	53 533
	ASR (W)	236,89	189,8	199,8	160,9

\*ASR (W) — стандартизовані за віком показники захворюваності (світовий стандарт).

1) ускладнення процесів реєстрації смертей під час пандемії COVID-19, зниження доступності даних про смерть пацієнтів з онкопатологією для персоналу онкологічних диспансерів.

Якщо реєстрація випадків ЗН в Україні до сьогодні стабільно залишається на досить високому рівні, то, як зазначалося в публікації НКРУ, протягом останніх 20 років фіксується поступове зниження повноти реєстрації смертей пацієнтів з онкологічними захворюваннями в НКРУ [16], спричинене застарілою методологією та обмеженнями доступу персоналу НКРУ до інформації щодо померлих, наявної в Державному реєстрі актів цивільного стану громадян (ДРАЦСГ). Під час пандемії COVID-19 адміністративні процеси, пов'язані з реєстрацією смертей у НКРУ, ще погіршилися (заборона ДРАЦСГ викопійовувати дані щодо смертності від ЗН), що призвело до відсутності даних щодо певної кількості смертей від ЗН за даними НКРУ;

2) проблеми зі встановленням основної причини смерті, зокрема «міграцією» частини смертей від ЗН до таких, що спричинені COVID-19.

Як відзначалося в дослідженні Українського центру суспільних даних (електронний ресурс) [19], існують значні регіональні розбіжності у визначенні причин смерті, спричинені низьким рівнем відповідності міжнародним практикам, адміністративним чинниками та іншими факторами, які значно деформують структуру смертності населення України. COVID-19 став ще одним потужним фактором, що призвів до такої деформації, оскільки основну частину померлих від COVID-19 становили пацієнти з мультиморбідними тяжкими формами хвороб, включно із ЗН, а методології визначення основної причини

Таблиця 3. Прогнозування за групами нозологій

ЗН	Коди за МКХ-10	
	Чоловіки	Жінки
Ротової порожнини, губи, глотки	C00_C14	
Стравохід, шлунк	C15_C26	
Органів дихання	C30_C39	
Кісток, суглобових хрящів	C40_C41	
Меланома шкіри	C43	
Грудна залоза	C50	
Органи репродуктивної системи	C60_C63	C51_C58
Органи сечовидільної системи	C64_C68	
Головного мозку	C69_C72	
Лімфоми Ходжкіна	C81	
Неходжкінські лімфоми	C82_C85	
Множинна мієлома	C90	
Лейкемії	C91_C95	
Неуточненої локалізації	Інші*	

\*Рак шкіри (C44 за МКХ-10) не включений до моделювання.

Таблиця 4. Прогнозування за статтю

Смертність (рік)	Показники	Прогноз		«УкрСтат»		p (чоловіки)	p (жінки)
		Чоловіки	Жінки	Чоловіки	Жінки		
2019	Абс. число	39 876	31 116	39 194	30 852	0,006	0,015
	ASR (W)	155,3	79,7	152,2	78,0		
2020	Абс. число	40 030	31 223	39 237	31 005	0,006	0,03
	ASR (W)	154,4	79,4	151,4	77,9		

смерті на початку пандемії не було розроблено, і навіть за наявності такої методології рівень її використання залишається низьким. Адекватне визначення причини смерті під час пан-

Таблиця 5. Прогнозні моделі розвитку онкоепідеміологічного процесу за нозологічними формами ЗН під час пандемії COVID-19 (2019–2020 рр.)

ЗН	Чоловіки			Жінки		
	2019 ASR	2019 PI Inf	2019 PI Sup	2020 ASR	2020 PI Inf	2020 PI Sup
Губи	1,3	1,12	1,48	1,2	1,01	1,39
Ротової порожнини	16,09	15,4	16,79	16,12	15,34	16,9
Стравоходу	6,12	5,7	6,55	6,16	5,68	6,64
Шлунку	17,03	16,24	16,72	16,41	15,54	17,28
Ободової, прямої кишки	32,75	31,66	33,85	32,95	31,69	34,2
Печінки	3,67	3,33	4,01	3,78	3,4	4,17
Підшлункової залози	9,02	8,51	9,53	8,93	8,37	9,5
Гортані	7,09	6,64	7,54	6,91	6,42	7,4
Легень	38,34	37,29	39,38	37,39	36,25	38,53
Меланома	5,19	4,79	5,59	5,3	4,84	5,76
Передміурової залози	30,35	29,26	31,44	31,15	29,87	32,44
Яєчка	2,1	1,81	2,38	2,06	1,75	2,37
Нирок	12,08	11,39	12,77	12,06	11,28	12,85
Жовчного міхура	13,72	12,98	14,45	13,69	12,84	14,53
Головного мозку	4,85	4,42	5,28	4,79	4,32	5,26
Щитоподібної залози	2,86	2,5	3,22	2,94	2,51	3,36
Лімфома Ходжкіна	9,31	8,69	9,93	9,44	8,73	10,14
Лейкемії	8,4	7,83	8,98	8,34	7,71	8,97
Інші*	17,66	16,84	18,48	17,34	16,43	18,25
Усі	237,94	204,27	272,08	236,89	201,19	273,25
ЗН	Чоловіки			Жінки		
	2019 ASR	2019 PI Inf	2019 PI Sup	2020 ASR	2020 PI Inf	2020 PI Sup
Губи	0,3	0,24	0,37	0,29	0,22	0,36
Ротової порожнини	2,34	2,09	2,59	2,38	2,09	2,66
Стравоходу	0,48	0,39	0,58	0,49	0,38	0,6
Шлунку	7,23	6,84	7,62	7,09	6,66	7,51
Ободової, прямої кишки	19,92	19,21	20,63	19,88	19,08	20,69
Печінки	1,47	1,3	1,65	1,48	1,28	1,68
Підшлункової залози	4,92	4,59	5,25	4,99	4,62	5,36
Гортані	0,27	0,19	0,35	0,27	0,19	0,36
Легень	6,6	6,23	6,96	6,64	6,24	7,05
Меланома	5,24	4,82	5,66	5,29	4,81	5,77
Грудної залози	46,11	44,89	47,32	46,74	45,33	48,16
Шийки матки	15,04	14,3	15,77	15,02	14,18	15,87
Тіла матки	19,88	19,15	20,62	20,05	19,21	20,89
Яєчників	11,36	10,78	11,94	11,34	10,69	11,98
Нирок	6,15	5,72	6,58	6,17	5,69	6,66
Жовчного міхура	1,97	1,77	2,17	2	1,78	2,22
Головного мозку	3,72	3,36	4,08	3,67	3,28	4,06
Щитоподібної залози	10,39	9,77	11,01	10,51	9,81	11,22
Лімфоми Ходжкіна	7,84	7,31	8,38	8,04	7,43	8,64
Лейкемії	5,41	4,94	5,89	5,36	4,84	5,89
Інші*	12,35	11,7	12,99	12,13	11,42	12,85
Усі	189,03	160,03	218,59	189,8	158,78	221,56

\*Рак шкіри (C44 за МКХ-10) не включений до моделювання.

демії COVID-19 стало справжнім викликом для статистиків та медичних працівників.

Розглянуто можливість моделювання та прогнозування змін показника смертності від ЗН в Україні за принципами, застосованими раніше для моделювання онкозахворюваності, які базуються на нашій роботі — вибір однієї з трьох основних моделей типу «вік — період» (age-period model Dyba T. i Hakulinen T.).

Варто зазначити, що загальною проблемою НКРУ для математичної статистики смертності є повнота та якість кількісних даних щодо летальних випадків від ЗН, які мають бути використані в разі вихідних даних. Враховуючи значні ризики неповних та недостовірних даних щодо смертності від ЗН, які наявні станом на момент проведення дослідження, кількісне моделювання смертності від ЗН в Україні за період пандемії COVID-19 на основі даних НКРУ **визнано наразі недоцільним**.

В якості вихідних даних для моделювання взято дані смертності Державної служби статистики України (далі — Держстат) за період 2013–2018 рр., період прогнозування — на 2019–2020 рр. Використані відомості з усіх регіонів України, за винятком Донецької, Луганської обл., а також АР Крим і м. Севастополь.

Прогнозування здійснювалося за статтю, групами нозологій (табл. 3–4).

Так, за результатами вищезазначених досліджень зафіксовано статистично значуще ( $p < 0,05$ ) перевищення прогнозних значень стандартизованих показників порівняно з фактичними.

На основі даних НКРУ з використанням статистичного пакета (R) та відповідного програмного забезпечення для моделювання побудовані прогнозні моделі розвитку онкоепідеміологічного процесу за нозологічними формами ЗН. Для цього кожної з основних нозологічних форм серед чоловічого та жіночого населення проведено моделювання за раніше описаною методологією Т. Дуба і Т. Hakulinen за період 2019–2020 рр.

Розраховані статево-вікові показники захворюваності (Age-Standardized Rate (ASR), на 100 тис. населення, світовий стандарт). У табл. 5 наведені стандартизовані за віком показники захворюваності ASR (нижнє та верхнє значення 95% довірчого інтервалу (ДІ)).

## ВИСНОВКИ

В отриманих результатах за 2019 р. виявлено адекватність проведеного моделювання за основними нозологічними формами ЗН. Водночас суттєві відмінності від фактично отриманих даних за 2020 р., а саме зниження показника онкозахворюваності за основними нозологічними формами як у чоловіків, так і у жінок — свідчать про наявність додаткових факторів, не врахованих при моделюванні, які виникли протягом 2020 р. Оскільки процеси розвитку ЗН зазвичай є довготривалими, то можливість реального зниження ризику виникнення ЗН протягом 1 року не розглядалася. Зазначені фактори очевидно пов'язані з адміністративно-організаційними чинниками, які виникли під час пандемії COVID-19 у 2020 р. Отриманий при моделюванні рівень захворюваності на ЗН у 2020 р. за основними нозологіями можна вважати «очікуваним», а різницю між прогнозною та фактично встановленою кількістю випадків — потенційно не виявленими протягом 2020 р. випадками ЗН.

## СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ

- Ronaghi, F., Salimbeni, M., Naderkhani, F., & Mohammadi, A. (2022). COVID-19-HPSMP: COVID-19 adopted hybrid and parallel deep information fusion framework for stock price movement prediction. *Expert Systems With Applications*, 187, 115879. doi.org/10.1016/j.eswa.2021.115879.
- Quintero, Y., Ardila, D., Camargo, E., Rivas, F., & Aguilar, J. (2021). Machine learning models for the prediction of the SEIRD variables for the COVID-19 pandemic based on a deep dependence analysis of variables. *Computers in Biology and Medicine*, 134, 104500. doi.org/10.1016/j.combiomed.2021.104500.
- Dansana, D., Kumar, R., Bhattacharjee, A., & Mahanty, C. (2022). COVID-19 outbreak prediction and analysis of E-healthcare data using random Forest Algorithms. *International Journal of Reliable and Quality E-Healthcare*, 11(1), 1–13. doi: 10.4018/IJRQE.H.297075.
- Wang, R. X., Ji, C. J., Jiang, Z. M., Wu, Y., Yin, L., & Li, Y. (2021). A short-term prediction model at the early stage of the COVID-19 pandemic based on multisource urban data. *IEEE Transactions on Computational Social Systems*, 8(4), 1021–1028. doi: 10.1109/TCSS.2021.3060952.
- Jumpen, W., Wwatanapataphee, B., Wu, Y. H., & Tang, I.-M. (2020). A SEIQR model for pandemic influenza and its parameter identification. *International Journal of Pure and Applied Mathematics*, 52(2), 247–265.

6. Maier, B. F., & Brockmann, D. (2020). Effective containment explains sub-exponential growth in confirmed cases of recent COVID-19 outbreak in mainland China. *Science*, 368(6492), 742–746. doi: 10.1126/science.abb4557.

7. Crokidakis, N. (2020). COVID-19 spreading in Rio de Janeiro, Brazil: do the policies of social isolate-on really work? *Chaos, Solitons & Fractals*, 136, 109930. doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109930.

8. Viguierie, A., Lorenzo, G., Auricchio, F., Baroli, D., Hughes, T. J. R., Patton, A., ... Veneziani, A. (2020). Simulating the spread of COVID-19 via a spatially-resolved susceptible — exposed — infected — recovered — deceased (SEIRD) model with heterogeneous diffusion. *Applied Mathematics Letters*, 111, 106617. doi.org/10.1016/j.aml.2020.106617.

9. Li, S. J., Song, K., Yang, B. R., Gao, Y., & Gao, X. (2020). Preliminary assessment of the COVID-19 outbreak using 3-staged model e-ISHR. *Journal of Shanghai Jiaotong University*, 25(2), 157–164. doi: 10.1007/s12204-020-2169-0.

10. Mahanty, C., Kumar, R., Mishra, B. K., Hemanth, D. J., Gupta, D., & Khanna, A. (2022). Prediction of COVID-19 active cases using exponential and non-linear growth models. *Expert systems*, 39(3), e12648. doi.org/10.1111/exsy.12648.

11. Davies, N., Klepac, P., Liu, Y., Prem, K., Jit, M., & Eggo, R. M. (2020). Age-dependent effects in the spread and control of COVID-19 epidemics. *Nature Medicine*, 26, 1205–11. doi: 10.1038/s41591-020-0962-9.

12. Poleneni, V., Rao, J. K., & Hidayathulla, S. A. (2020). COVID-19 prediction using ARIMA model. Retrieved from ieexplore.ieee.org/document/9377038.

13. Huang, J. P., Zhang, L., Liu, X. Y., Wei, Y., Liu, C., Lian, X., ... Zhang, T. (2020). Global prediction system for COVID-19 pandemic. *Science Bulletin*, 65, 884–1887. doi: 10.1016/j.scib.2020.08.002.

14. Ryzhov, A., Bray, F., Ferlay, J., Fedorenko, Z., Goulak, L., Gorokh, Y., ... Znaor, A. (2020). Recent cancer incidence trends in Ukraine and short-term predictions to 2022. *Cancer Epidemiology*, 65. doi.org/10.1016/j.canep.2019.101663.

15. Dyba, T., & Hakulinen, T. (2000). Comparison of different approaches to incidence prediction based on simple interpolation techniques. *Statistics in Medicine*, 19(13), 1741–52. doi: 10.1002/1097-0258(20000715)19:13<1741::aid-sim496>3.0.co;2-o.

16. Національний канцер-реєстр України. Відновлено з [www.ncru.inf.ua/publications](http://www.ncru.inf.ua/publications), [www.ncru.inf.ua/publications/index.htm](http://www.ncru.inf.ua/publications/index.htm).

17. Федоренко, З. П., Михайлович, Ю. Й., Гулак, Л. О., Сумкіна, О. В., Горох, Е. Л., & Куценко, Л. Б. (2021). *Рак в Україні, 2019–2020. Захворюваність, смертність, показники діяльності онкологічної служби. Бюлетень Національного канцер-реєстру України (Vol. 22)*. Кропивницький: Поліум.

18. Федоренко, З. П., Михайлович, Ю. Й., Гулак, Л. О., Сумкіна, О. В., Горох, Е. Л., & Куценко, Л. Б. (2022). *Рак в Україні, 2020–2021. Захворюваність, смертність, показники діяльності онкологічної служби. Бюлетень Національного канцер-реєстру України (Vol. 23)*. Кропивницький: Поліум.

19. Горбаль, А., Рингач, Н., Насрідінов, Р., Сидорук, О., Суховій, О., & Процюк, А. (2021). Аналіз статистичних даних щодо випадків та причин смерті. Відновлено з [socialdata.org.ua/analiz-statistichnikh-danikh-shhodo-vipadkiv](http://socialdata.org.ua/analiz-statistichnikh-danikh-shhodo-vipadkiv).

## Decision-making algorithm for determining predictive model to assess the impact of the COVID-19 pandemic on the onco-epidemiological process in Ukraine

Yu. Michailovich, Ye. Gorokh, A. Ryzhov

Nonprofit Organization «National Cancer Institute», Kyiv, Ukraine

**Abstract.** Provisioning the potential outcomes of implementing health programs for COVID-19 control requires thorough study the epidemic process characteristics of this disease, both overall and over specific time periods, followed by the construction of an optimal predictive model. COVID-19 is a new disease, and there is no exact epidemiological profile for it in the world. The spread of the infectious disease COVID-19 cannot be studied experimentally in Ukraine, so the use of mathematical and simulation models will definitely be able to provide a real alternative for studying impact by the COVID-19 pandemic on the onco-epidemiological situation. For this purpose, the search for best predictive models was conducted. We developed multi-agent models of epidemic processes in developed countries, as well as analysed studies simulating the spread of the COVID-19 pandemic for different government strategies, regimes and approaches. This allow will assess the government-introduced restrictions and determine their impact on the onco-epidemiological situation in Ukraine. **Materials and methods.** The literature search was carried out by analysing the databases: Web of Science, PubMed, Embase, Cochrane Library, National Comprehensive Cancer Network (NCCN), China National Knowledge Infrastructure, Wanfang, and the National Cancer Registry of Ukraine. The meta-analysis included international retrospective cohort studies.

**Key words:** the COVID-19 pandemic; onco-epidemiological situation predictive models; quarantine restrictions; oncological incidence rates and mortality; National Cancer Registry of Ukraine.