

МИНОБРНАУКИ РОССИИ

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение  
высшего образования

**«САРАТОВСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ  
ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ  
ИМЕНИ Н. Г. ЧЕРНЫШЕВСКОГО»**

Кафедра дискретной математики и информационных технологий

**ЭПИДЕМИЧЕСКИЕ МОДЕЛИ НА ОСНОВЕ КЛЕТОЧНЫХ  
АВТОМАТОВ**

**АВТОРЕФЕРАТ МАГИСТЕРСКОЙ РАБОТЫ**

студента 2 курса 271 группы  
направления 09.04.01 — Информатика и вычислительная техника  
факультета КНиИТ  
Колесниченко Анны Алексеевны

Научный руководитель  
профессор, д. ф.-м. н.

\_\_\_\_\_

В. А. Молчанов

Заведующий кафедрой  
доцент, к. ф.-м. н.

\_\_\_\_\_

Л. Б. Тяпаев

Саратов 2021

## СОДЕРЖАНИЕ

ВВЕДЕНИЕ .....	3
1 Основы математической эпидемиологии .....	5
2 Классические модели распространения эпидемий .....	6
2.1 SI-модель .....	6
2.2 SIS-модель .....	6
2.3 SIR-модель .....	6
2.4 SIRS-модель .....	7
2.5 Анализ эпидемических моделей .....	7
3 Основные понятия теории клеточных автоматов .....	8
4 Процессы динамики популяции в SIRS- модели .....	9
4.1 Этап заболевания .....	9
4.2 Этап воспроизводства и гибели .....	9
4.3 Этап миграции .....	10
5 Клеточно-автоматное представление SIRS-модели .....	11
5.1 Описание алгоритма работы клеточного автомата .....	11
6 Программная реализация .....	14
6.1 Этап заболевания .....	14
6.2 Этап воспроизводства .....	14
6.3 Этап миграции .....	14
ЗАКЛЮЧЕНИЕ .....	15
СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ .....	16

## ВВЕДЕНИЕ

Изучение эпидемий, а также их распространение и частота заболеваний среди населения, представляет большой интерес для здравоохранения.

До сих пор вопросы, связанные с изучением эпидемических процессов, остаются актуальными.

Используя статистические и математические модели, можно изучать естественное течение болезни, а так же разрабатывать методы контроля в целях профилактики распространения и возникновения новой вспышки заболевания. Классические модели распространения инфекций представляют собой системы обыкновенных дифференциальных уравнений. Наиболее известной из них является модель SIR, предложенная в 1920-х годах Кермаком и МакКендриком [3], а также ее расширения SIRS-модель.

В SIRS модели популяцию разбивают на группы здоровых и восприимчивых (S – Susceptible), больных (I – Infectious) и выздоровевших (R – Recovered) особей и строят системы дифференциальных уравнений, определяющие закон изменения относительного числа особей в каждой из групп, опираясь на предположение о случайном и равномерном распределении особей в популяции.

Альтернативой дифференциальным уравнениям является моделирование методом клеточных автоматов [4–6]. Клеточным автоматом называется система, обладающая конечным числом состояний, переключения между которыми происходят дискретно во времени по заданному закону. Если закон изменения состояний клетки представляет собой стохастический марковский процесс, то такой клеточный автомат называется вероятностным. В противном случае клеточный автомат является детерминированным. При наличии достаточных вычислительных мощностей они могут быть использованы для описания процессов в непрерывных динамических системах, таких как популяция с протекающим эпидемическим заболеванием.

Целью магистерской работы является выбор и реализация модели распространения инфекции с помощью клеточных автоматов.

Для реализации поставленной цели, в рамках магистерской работы сформулированы следующие задачи:

1. Изучение классических моделей распространения эпидемий.
2. Изучение понятия клеточного автомата.

3. Изучение методов построения моделей распространения инфекции в виде клеточных автоматов, в которых могут существовать режимы воспроизводства и миграции.

4. Программная реализация изученных алгоритмов.

В разделе 1 "Основы математической эпидемиологии" приводится информация об основных методах и способах моделирования распространения инфекции.

В разделе 2 "Классические модели распространения эпидемий" приведен обзор и анализ классических эпидемических моделей, а также их модифицированных версий.

В разделе 3 "Основные понятия теории клеточных автоматов" дается понятие клеточного автомата, приводятся классы клеточных автоматов и законы распространения эпидемии в клеточно-автоматном представлении.

В разделе 4 "Процессы динамики популяции в SIRS-модели" описаны процессы динамического регулирования численности популяции в модели SIRS.

В разделе 5 "Клеточно-автоматное представление SIRS-модели" описаны алгоритмы динамического регулирования численности популяции в модели SIRS с помощью клеточных автоматов.

Раздел 6 посвящен последовательному описанию хода реализации модели распространения эпидемии на клеточных автоматах.

## 1 Основы математической эпидемиологии

Под эпидемиями понимается болезнь, которая широко и быстро распространяется через инфекцию и одновременно поражает многих людей на определенной местности или в популяции.

Вначале прошлого века были предприняты междисциплинарные усилия по изучению распространения болезни в социальной системе. В этом смысле математическая эпидемиология занимается моделированием распространения инфекционных заболеваний среди населения. Обычно цель состоит в том, чтобы понять, как развивается болезнь с течением времени, чтобы контролировать ее распространение.

Традиционно большинство существующих математических моделей для моделирования эпидемий основаны на обыкновенных дифференциальных уравнениях. Эти модели имеют серьезные недостатки в том, что они не учитывают локальные характеристики процесса распространения и не включают переменную восприимчивость отдельных особей. В частности, они не могут имитировать надлежащим образом [4]:

- индивидуальные контактные процессы;
- эффекты индивидуального поведения, такие как осведомленность;
- пространственные аспекты распространения эпидемии;
- вакцинацию.

## 2 Классические модели распространения эпидемий

### 2.1 SI-модель

Модель SI является самой простой формой из всех моделей заболеваний.

Модель предусматривает разделение популяции на два независимых класса:

$S(t)$  — доля населения, восприимчивого к заболеванию;

$I(t)$  — доля инфицированного населения и тех, кто является носителем заболевания.

Как правило, люди рождаются без иммунитета (восприимчивые). После заражения и без лечения остаются инфицированными и могут быть заражены в течение всей своей жизни оставаясь в контакте с восприимчивым населением. Эта модель соответствует поведению таких заболеваний, как цитомегаловирус или герпес [10].

### 2.2 SIS-модель

Является модификационной версией модели SI.

Модель предусматривает разделение популяции на независимые классы:

$S(t)$  — доля населения, восприимчивого к заболеванию;

$I(t)$  — доля инфицированного населения. Эта модель подходит для заболеваний, которые обычно имеют повторяющиеся инфекции, например простуда (риновирусы) или венерические заболевания, такие как гонорея или хламидиоз.

### 2.3 SIR-модель

Модель предусматривает разделение популяции на три независимых класса:

$S(t)$  — доля населения, восприимчивого к заболеванию;

$I(t)$  — доля инфицированного населения и тех, кто является носителем заболевания;

$R(t)$  — доля выздоровевших, кто имеет иммунитет к заболеванию.

Модель подходит для симуляции заболеваний которые передаются при контакте людей друг с другом и дающие иммунитет после выздоровления, причем распространение заболевания происходит достаточно быстро, чтобы естественные случаи смерти и рождения людей были незначительными [10].

## 2.4 SIRS-модель

Модель SIR предполагает, что люди приобретают пожизненный иммунитет к заболеванию после выздоровления; это случай для таких заболеваний как корь, полиомиелит. Для заболеваний, передаваемых по воздуху, например, сезонных острых респираторных вирусных инфекций, иммунитет человека со временем может ослабнуть. В этом случае модель SIRS используется, чтобы позволить выздоровевшим лицам вернуться в восприимчивое состояние.

Модель предусматривает разделение популяции на независимые классы:

$S(t)$  — доля населения, восприимчивого к заболеванию;

$I(t)$  — доля инфицированного населения и тех, кто является носителем заболевания;

$R(t)$  — доля выздоровевших, кто имеет иммунитет к заболеванию.

## 2.5 Анализ эпидемических моделей

Несмотря на различия, обусловленные спецификой того или иного инфекционного заболевания, большинство из них имеют общие черты:

1) заболевание распространяется через заражение, происходящее при локальном контакте двух особей: восприимчивой и инфицированной  $I$ , в результате чего восприимчивая особь заболевает и сама становится источником последующих заражений;

2) заболевшая особь со временем излечивается, приобретая при этом иммунитет к последующим заражениям  $R$ ;

3) с течением времени приобретенный иммунитет утрачивается, возвращая особь к исходному состоянию  $S$ . Таким образом, мы наблюдаем циклическую цепочку превращений между дискретным и конечным набором состояний  $S \rightarrow I \rightarrow R \rightarrow S$ . Поэтому в качестве дальнейшей модели исследования выбрана SIRS-модель.

### 3 Основные понятия теории клеточных автоматов

Клеточный автомат – это математический объект с дискретным пространством и временем.

По своему поведению клеточные автоматы делятся на четыре класса:

**1 класс** - автоматы, приходящие через определенное время к устойчивому однородному состоянию.

**2 класс** — автоматы, которые через некоторое время после пуска генерируют стационарные или периодические во времени структуры.

**3 класс** — автоматы, которые, по прошествии некоторого времени перестает наблюдаться корреляция процесса с начальными условиями.

**4 класс** - поведение таких КА сильно определяется начальными условиями и с их помощью можно генерировать весьма различные шаблоны поведения.

Формально клеточный автомат определяется четверкой  $(C, Q, N, f)$  где [14]:

- $C$  - клеточная решетка с размерами  $C = (i_1, \dots, i_d)$ ;  $1 \leq i_j \leq w_j$ , где  $w_j$  - ширина решетки в  $j$ -м измерении;
- $Q$  - пространство состояний, конечное и дискретное множество возможных состояний  $q$  ячеек решетки;
- $N$  - индекс окрестности, конечный набор индексов  $N = (a_1, \dots, a_d)$  который определяет для каждой ячейки  $(i_1, \dots, i_d)$  число соседей;
- $f$  - функция перехода,  $f : Q \rightarrow Q$ , такая что  $f(q)$ - состояние в точке  $i = (i_1, \dots, i_d)$  пространства в момент времени  $t$ .

В классическом 2-мерном примере клеточного автомата состоит решетки описывается следующей формулой:  $M \times N = (x, y)$ ;  $1 \leq x \leq M, 1 \leq y \leq N$ .

Распространение инфекции обычно определяется двумя законами:

1. Фон Неймоновская окрестность, с координатами распространения  $N = (0, 0), (0, 1), (1, 0), (0, -1), (-1, 0)$
2. Окрестность Мура, с координатами распространения  $N = (0, 0), (0, 1), (1, 1), (1, 0), (1, -1), (0, -1), (-1, -1), (-1, 0), (1, 1)$



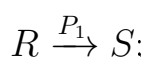
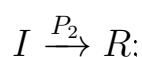
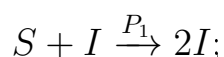
## 4 Процессы динамики популяции в SIRS- модели

Помимо инфицирования и выздоровления в популяции часто происходят такие режимы как рождение и смерть. Все эти процессы влекут за собой численное изменение популяции.

### 4.1 Этап заболевания

Процессы, связанные с инфицированием, заболеванием и выздоровлением, можно интерпретировать как переходы между тремя возможными состояниями  $X \in S, I, R$  где  $S$  — восприимчивая к заболеванию клетка;  $I$  — инфицированная клетка или клетка-носитель заболевания;  $R$  — выздоровевшая клетка или клетка с иммунитетом к заболеванию.

Схема перехода из одного состояния в другое:

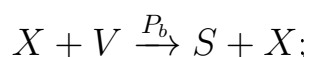
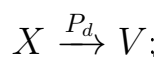


Буквы над стрелками обозначают вероятности соответствующих переходов. Первое уравнение описывает инфицирование, второе — выздоровление, третье — потерю иммунитета. На схеме показано, что все процессы односторонненны и порядок смены состояний жестко детерминирован, в то время как сами превращения, а следовательно, и моменты времени, в которые они происходят, являются случайными.

### 4.2 Этап воспроизводства и гибели

Как уже указывалось выше, гибель представляет собой переход из текущего состояния  $X \in S, I, R$  в вакантное  $V$ , а рождение — переход из вакантного состояния  $V$  в восприимчивое  $S$ , так как особи не имеют врожденного иммунитета.

Данные трансформации можно представить следующими реакциями:

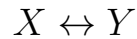


где  $S$  — восприимчивая к заболеванию клетка;  $I$  — инфицированная клетка или клетка-носитель заболевания;  $R$  — выздоровевшая клетка или клетка с иммунитетом к заболеванию,  $P_d$  — вероятность гибели особи,  $P_b$  — вероятность рождения новой особи.

Первое уравнение-описывает гибель, а второе- рождение.

### 4.3 Этап миграции

На скорость распространения инфекции большое влияние оказывает миграция- перемещение особей в пространстве. Перемещение может быть представлено как набор реакций, в каждой из которых соседние особи меняются местами:



где  $X$  и  $Y$  — две соседние особи произвольного вида, включая вакантную клетку. В ходе трансформации  $X$  встает на место частицы  $Y$ , и наоборот.

## 5 Клеточно-автоматное представление SIRS-модели

Положение каждой клетки идентифицируется двумя пространственными индексами:  $i$  – номер строки и  $j$  – номер столбца.

Каждый из узлов решетки может находиться в одном из четырех состояний  $S, I, R, V$ , которые ассоциированы с состояниями особей популяции:  $S$ -восприимчивая к заболеванию клетка;  $I$ -инфицированная клетка или клетка-носитель заболевания;  $R$ - выздоровевшая клетка или клетка с иммунитетом к заболеванию;  $V$ - вакантное состояние клетки автомата.

Полное число клеток естественным образом задает емкость популяции ( $N$ ) :  $N = L^2$ .

Моделирование начинается с задания начального состояния решетки  $M(0)$ , которое затем меняется в соответствии с отображением последования

$$M(n + 1) = F(M(n)),$$

где  $n = 0, 1, 2, \dots$  – дискретное время,  $F$  – случайная функция, выбранная таким образом, чтобы имитировать реакции системы. Соответственно, действие  $F$  разбивается на три последовательных этапа: (1) – заболевание, (2) – воспроизводство и (3) – миграция.

### 5.1 Описание алгоритма работы клеточного автомата

Все алгоритмы, представленные в разделе, описаны в источнике 8.

#### (1) Этап заболевания

Выбираются координаты случайной клетки решетки  $(i, j)$   $M(i, j) \in S, I, R, V$ .

При  $M = S$  производится случайный выбор одной из четырех соседних клеток:  $M_n \in M(i + 1, j), M(i - 1, j), M(i, j + 1), M(i, j - 1)$ ; если  $M_n = I$ , то состояние исходной клетки с вероятностью  $P_1$  трансформируется в  $I$  :  $S \rightarrow I$ .

При  $M = I$  состояние исходной клетки с вероятностью  $P_2$  трансформируется в  $R$  :  $I \rightarrow R$ .

При  $M = R$  состояние исходной клетки с вероятностью  $P_3$  трансформируется в  $S$  :  $R \rightarrow S$ .

Где  $M$  — начальное состояния решетки клеточного автомата;  $S$  — доля населения, восприимчивого к заболеванию;  $I$ -доля инфицированного населения и тех, кто является носителем заболевания;  $R$ -доля выздоровевших, кто имеет иммунитет к заболеванию;  $V$  — вакантное состояние клетки автомата.

### (2) Этап воспроизводства

Выбираются координаты случайной клетки решетки  $(i,j)$ . Далее определяется текущее состояние данной клетки  $M(i, j) \in S, I, R, V$ .

При  $M = V$  производится случайный выбор одной из четырех соседних клеток:  $M_n \in M(i + 1, j), M(i - 1, j), M(i, j + 1), M(i, j - 1)$ ; если  $M_n = S$ , то состояние исходной клетки с вероятностью  $P$  трансформируется в  $S : V \rightarrow S$ .

При  $M = S$  или  $M = R$  состояние исходной клетки с вероятностью  $Pd$  трансформируется в  $V : S \rightarrow V$  или  $R \rightarrow V$ .

При  $M = I$  состояние исходной клетки с вероятностью  $Pd + Pdi$  трансформируется в  $V : I \rightarrow V$ .

Где  $M$  — начальное состояния решетки клеточного автомата;  $S$  — доля населения, восприимчивого к заболеванию;  $I$ -доля инфицированного населения и тех, кто является носителем заболевания;  $R$ -доля выздоровевших, кто имеет иммунитет к заболеванию;  $V$  — вакантное состояние клетки автомата.

### (3) Этап миграции

Выбирается случайная клетка решетки  $M$  и одна из ее четырех соседних  $M_n$  клеток, после чего состояния клеток меняются местами:  $M \Leftrightarrow M_n$ .

Трансформации представляют собой случайные события, характеризующиеся соответствующими вероятностями  $P_k \in [0 : 1]$ . Для их моделирования используется генератор случайных чисел с равномерным распределением, генерирующий вещественное число в диапазоне  $[0 : 1]$ . Трансформация происходит, если сгенерированное число попадает в интервал  $[0 : P_k]$

Трансформации:

При  $M = S$  производится случайный выбор одной из четырех соседних клеток:  $M_n \in M(i + 1, j), M(i - 1, j), M(i, j + 1), M(i, j - 1)$ ; если  $M_n = I$ , то состояние исходной клетки с вероятностью  $P_1$  трансформируется в  $I : S \rightarrow I$ .

При  $M = I$  состояние исходной клетки с вероятностью  $P_2$  трансформируется в  $R : I \rightarrow R$ .

При  $M = R$  состояние исходной клетки с вероятностью  $P_3$  трансформируется в  $S : R \rightarrow S$ .

При  $M = V$  производится случайный выбор одной из четырех соседних клеток:  $M_n \in M(i + 1, j), M(i - 1, j), M(i, j + 1), M(i, j - 1)$ ; если  $M_n = S$ , то состояние исходной клетки с вероятностью  $P$  трансформируется в  $S : V \rightarrow S$ .

При  $M = S$  или  $M = R$  состояние исходной клетки с вероятностью  $P_d$  трансформируется в  $V : S \rightarrow V$  или  $R \rightarrow V$ .

При  $M = I$  состояние исходной клетки с вероятностью  $P_d + P_{di}$  трансформируется в  $V : I \rightarrow V$ .

Где  $M$  — начальное состояния решетки клеточного автомата;  $S$  — доля населения, восприимчивого к заболеванию;  $I$  — доля инфицированного населения и тех, кто является носителем заболевания;  $R$  — доля выздоровевших, кто имеет иммунитет к заболеванию;  $V$  — вакантное состояние клетки автомата.

## **6 Программная реализация**

Программа позволяет моделировать распространения заболевания с учетом динамической регуляции численности популяции.

### **6.1 Этап заболевания**

Данный этап реализован с помощью процедуры `zab` на языке программирования Python версии 3.9 с применением стандартной библиотеки `random` и графической библиотеки `matplotlib` [20]. На входе определяется размер решетки клеточного автомата-L. Начальные состояния клеток задаются массивом `M`. Правила перехода клеток из одного состояния в другое описаны в соответствии с выбранным этапом. Результатом выполнения является графическое и анимированное отображения генеза заболевания.

### **6.2 Этап воспроизводства**

Данный этап реализован с помощью процедуры `birth` на языке программирования Python версии 3.9 с применением стандартной библиотеки `random` и графической библиотеки `matplotlib` [19-20]. На входе определяется размер решетки клеточного автомата-L. Начальные состояния клеток задаются массивом `M`. Правила перехода клеток из одного состояния в другое описаны в соответствии с выбранным этапом. Результатом выполнения является графическое и анимированное отображения генеза заболевания с учетом рождения новых особей.

### **6.3 Этап миграции**

Данный этап реализован с помощью процедуры `migration` на языке программирования Python версии 3.9 с применением стандартной библиотеки `random` и графической библиотеки `matplotlib` [19-20]. На входе определяется размер решетки клеточного автомата-L. Начальные состояния клеток задаются массивом `M`. Правила перехода клеток из одного состояния в другое описаны в соответствии с выбранным этапом. Результатом выполнения является графическое и анимированное отображения генеза заболевания с учетом рождения новых особей и миграции.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В процессе выполнения магистерской работы была реализована SIRS-модель распространения эпидемий с помощью клеточных автоматов. В модели также реализованы динамические режимы, такие как воспроизводство и миграция.

В рамках данной работы были изучены классические компартментарные модели эпидемий, а также произведен их анализ. Исходя из полученных результатов удалось установить, что несмотря на различия, обусловленные спецификой того или иного инфекционного заболевания, большинство из них имеют общие черты и наблюдается циклическая цепочка превращений между дискретным и конечным набором состояний  $S \rightarrow I \rightarrow R \rightarrow S$ .

Благодаря использованию клеточного автомата для моделирования инфекционных заболеваний узлы решетки могут имитировать взаимодействие особей популяции в точках пространства, так что на каждом шаге инфекция может с определенной вероятностью перекинуться от больной особи к соседней, тем самым имитируя процессы распространения заболевания, что является более наглядным для прогнозирования развития пандемии.

В результате выполнения магистерской работы все поставленные цели достигнуты, а задачи — решены.

## СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ

- 1 Марчук Г.И. Математические модели в иммунологии.– М.: Наука, 1980. – 264 с.
- 2 Kermack W.O, McKendrick A.G Contributions to the mathematical theory of epidemics.The problem of endemicity.// Proc. R. Soc.Lond.–1938. – P.55-58
- 3 Баталин Р.М.,Терлецкий В.А. Оптимальное управление в моделях эпидемий трансмиссивных заболеваний с SEI-SEIR системами.//Известия Иркутского государственного университета. Серия Математика, 2015. С.18-30.
- 4 Леоненко В.Н. Математическая эпидемиология.Учебно–методическое пособие. – СПб:Университет ИТМО, 2018 – 38 с.
- 5 Ванаг В.К. Исследование пространственно распределенных динамических систем методами вероятностного клеточного автомата.//УФН. 1999. -Т. 169(5) 5.- С. 481–505.
- 6 Андерсон Р., Мэй Р. Инфекционные болезни человека. Динамика и контроль. -Москва: Мир, 2004 – 38 с.
- 7 Бандман О.Л. Клеточно-автоматные модели естественных процессов и их реализация на современных компьютерах // Прикладная дискретная математика, 2017, №35. С.102-121.
- 8 Шабунин А.В. SIRS-модель распространения инфекций с динамическим регулированием численности популяции: Исследование методом вероятностных клеточных автоматов // Изв. вузов. ПНД. 2019. Т. 27, № 2. С.5–20.
- 9 Silva H.S., M.L. Martins. A cellular automata model for cell differentiation. // PHYSICA A: STATISTICAL MECHANICS AND ITS APPLICATIONS. -2003. -Vol 322. -P. 555-566.
- 10 Романюха А. А. Математические модели в иммунологии и эпидемиологии инфекционных заболеваний. - 2-е изд. - М. : Бином. Лаборатория знаний, 2015.



- 11 Rajeev K. Shakya. Modified SI Epidemic Model for Combating Virus Spread in Spatially Correlated Wireless Sensor Networks. //ArXiv. –June 2018.–P.1-12.
- 12 HIV models.IDM.[Электронный ресурс].– Режим доступа: <https://idmod.org/>
- 13 Herbert W. Hethcote. The Mathematics of Infectious Diseases. //SIAM Review.– V. 42(4) .– 2000.– P. 599-653.
- 14 Тоффоли Т., Марголюс Н. Машины клеточных автоматов: Пер. с англ. - М.: Мир,1991. - 280 с.
- 15 Улыбин А.В. ИМИТАЦИОННОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ ПРОЦЕССА РАСПРОСТРАНЕНИЯ ИНФЕКЦИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МУЛЬТИАГЕНТНОГО ПОДХОДА//Прикладная информатика,2011. №1(31).С.79-89.
- 16 Gutowitz, H.A., Victor, J.D, Knight, B.W. Local Structure Theory for Cellular Automata // Physica D. 1987. Vol. 28, pp.18–48.
- 17 Наумов Л., Шалыто А. Клеточные автоматы. Реализация и эксперименты//Мир ПК.2003.№ 8.С.-64-71.
- 18 Лобанов А.И. Модели клеточных автоматов//Компьютерные исследования и моделирование, 2010.№ 3.С.-273-293.
- 19 Метис Э. Изучаем Python. Программирование игр, визуализация данных, веб-приложения.-СПБ.Питер, 2017.-497с.
- 20 Абдрахманов М.И. Библиотека Matplotlib.-Devpractice Team, 2020.-125с.