

УДК 616.9-036.2

<https://doi.org/10.23946/2500-0764-2024-9-3-109-119>

АГЕНТНОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ИНФЕКЦИОННЫХ БОЛЕЗНЕЙ: ТЕОРИЯ И ПРАКТИКА (АНАЛИТИЧЕСКИЙ ОБЗОР)

САПЕРКИН Н.В.

ФГБОУ ВО «Приволжский исследовательский медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации, г. Нижний Новгород, Россия

Резюме

Имитационное агентное моделирование предоставляет исследователю дополнительные возможности изучения закономерностей распространения возбудителя среди людей с учетом сложности и стохастического характера эпидемического процесса инфекционного заболевания. Под агентным моделированием понимают вычислительный подход, при котором агенты с заданными характеристиками взаимодействуют друг с другом и с внешней средой в соответствии с заранее заданными правилами. Основной предметной областью в данном обзоре литературы выступили обобщенные и специфические модели. В аналитическом обзоре литературы приведена краткая историческая справка становления методологии агентного моделирования в сфере эпидемиологии инфекционных болезней, приводятся основные термины и определения. Сильные и слабые стороны агентного моделирования – это еще один раздел, также предусмотренный данным обзором литературы. Автор обсуждает подходы к классификации агентных моделей. Особое внимание уделено структуре таких моделей, что важно знать при разработке собственных симуляционных исследований. Подробно описаны 4 взаимосвязанных основных компонента, которые подлежат моделированию, а именно: описание заболевания (пути передачи, особенности инфекционного процесса), популяция, характер передвижений, окружающая среда.

В статье поднят вопрос и о необходимости проведения валидации агентных моделей. Внимание читателя обращается на следующие важные особенности агентных имитационных моделей: возможность моделировать разнообразные сценарии в различном масштабе (глобальный, национальный, региональный), допускается взаимодействие агентов друг с другом и с окружающей средой на основе свода правил; возможность использовать в эпидемиологических исследованиях при невозможности контролируемого эксперимента (например, последствия несоблюдения профилактических мер, распространение «культурных патогенов»); агент, имея определенные характеристики, способен принимать различные решения; учет поведенческих аспектов на индивидуальном уровне; возможность использования индивидуальной мобильности и социальных контактов агента; также они хорошо подходят для целей эпидемиологического моделирования, особенно в сфере надзора за инфекционными болезнями, в том числе из категории новых инфекций (COVID-19).

Ключевые слова: прогнозирование, имитационное моделирование, агентное моделирование, эпидемиология, комплексные системы.

Конфликт интересов

Саперкин Н.В. заявляет об отсутствии конфликта интересов.

Источник финансирования

Исследование не имело спонсорской поддержки.

Для цитирования:

Саперкин Н.В. Агентное моделирование распространения инфекционных болезней: теория и практика (аналитический обзор). *Фундаментальная и клиническая медицина*. 2024;9(3): 109-119. <https://doi.org/10.23946/2500-0764-2024-9-3-109-119>

*Корреспонденцию адресовать:

Саперкин Николай Валентинович, 603095, Россия, г. Нижний Новгород, пл. Минина и Пожарского, д. 10/1,
E-mail: saperkinnv@mail.ru

© Саперкин Н.В.

CASE REPORT

AGENT-BASED MODELING OF SPREADING INFECTIOUS DISEASES: STATE-OF-THE-ART

NIKOLAY V. SAPERKIN

Privolzhsky Research Medical University, Nizhny Novgorod, Russian Federation

English ►

Abstract

Agent-based simulation modeling provides additional opportunities to study the patterns of pathogen spread among populations, taking into account the complexity and stochasticity of the epidemic process. Agent-based modeling is considered as a computational approach in which agents with predefined characteristics can interact with each other and with the environment according to pre-specified rules. Here I consider the historical background of agent-based modeling in the field of infectious diseases, describe the basic definitions and classifications, and discuss strengths and weaknesses of agent-based modeling. The article details four interconnected main components that are subject to modeling: disease features (transmission routes, features of the infectious process), the population, movement patterns, and the environment. The article also addresses the need for validation of agent-based models. The reader's attention is drawn to the following important features of agent-based simulation models: the abil-

ity to model various scenarios on different scales (global, national, regional); the ability to use them in epidemiological studies when controlled experiments are impossible (e.g., consequences of non-compliance with preventive measures, spread of «cultural pathogens»); agents can make different decisions depending on their characteristics; consideration of behavioral aspects at the individual level; the ability to account for individual mobility and social contacts of agents. Agent-based simulation models are also well-suited for epidemiological modeling, particularly in the field of infectious disease surveillance, including emerging infections (e.g., COVID-19).

Keywords: forecasting, simulation modeling, agent-based modeling, epidemiology, complex systems.

Conflict of Interest

None declared.

Funding

None declared.

For citation:

Nikolay V. Saperkin. Agent-based modeling of spreading infectious diseases: state-of-the-art. *Fundamental and Clinical Medicine*. (In Russ.). 2024;9(3): 109-119. <https://doi.org/10.23946/2500-0764-2024-9-3-109-119>

***Corresponding author:**

Dr. Nikolay V. Saperkin, Minin and Pozharsky Square, Nizhny Novgorod, 603095, Russian Federation, E-mail: saperkinnv@mail.ru
© Nikolay V. Saperkin

Введение

Эффективный эпидемиологический надзор, очевидно, основан на сборе и анализе самой разнообразной информации, которую в полной мере можно отнести к категории больших данных. В этой связи особое значение имеет прогнозирование тенденций развития эпидемической ситуации в целом по стране и в отдельных регионах. С учетом сложности и стохастического характера эпидемического процесса инфекционного заболевания, имитационное агентное моделирование предоставляет исследователю ши-

рокие возможности изучения закономерностей распространения возбудителя среди людей.

Первые попытки предсказаний вероятных сценариев развития эпидемической ситуации предпринимались, по сути, с самого момента становления эпидемиологии как науки. В то же время серьезным толчком к развитию эпидемиологического прогнозирования в практическом отношении оказалась пандемия COVID-19, обрушившаяся на население планеты.

Агентная модель представляет собой важный инструмент в изучении динамики распространения инфекционных болезней при появле-

нии случаев новых инфекций, когда важно понимание последствий и направлений противоэпидемической деятельности. Эти модели также неоченимы в ситуации, когда контролируемый эксперимент с преднамеренным распространением заболевания среди людей не представляется этически [1,2,3].

Целью этого обзора литературы является консолидированное рассмотрение современных представлений о классификации, методологии и потенциале использования агентных моделей в эпидемиологической практике.

Изложение материала подчинено следующей логике. После краткого исторического экскурса автор приводит трактовку терминов (агентная модель, агент). Затем будут рассмотрены основные подходы к классификации имитационных агентных моделей, примеры по заболеваниям разной этиологии. Особое внимание уделено описанию четырехкомпонентной структуры моделей, а также – процессу валидации. Повествование завершается примерами практического использования агентных моделей и выводами относительно возможного использования подобного способа моделирования в эпидемиологическом надзоре.

Историческая справка

В историческом аспекте представляется интересным рассмотреть, как в XVII–XX столетиях развивалась методология математического моделирования процессов формирования заболеваемости человека [1,3,4]. Это позволяет обозначить следующие важные вехи в становлении моделирования массовых заболеваний человека и внедрения такого метода в эпидемиологическую практику.

От использования дифференциальных уравнений ученые постепенно переходили к построению стохастических моделей, дискретных моделей. И в подобном прогрессе огромную роль, безусловно, сыграло значительное расширение вычислительных возможностей, начиная с 50-х гг. XX века. В хронологическом аспекте основные события и причастных к ним ученых (хотя это далеко неполный перечень) можно выстроить следующим образом:

- XVII век – J. Graunt, W. Petty (Англия)
- XVIII век – D. Bernoulli (Швейцария), J.L. D'Alembert (Франция)
- XIX век – W. Farr, J. Brownlee (Англия)
- XX век, 20–30-е гг. – A.G. McKendrick, W.O. Kermack (Шотландия)

- XX век, 60-е гг. – N. Bailey (клет. автомат), D.G. Kendall (Великобритания), M.S. Bartlett (Великобритания)
- XX век, 70-е гг. – О.В. Бароян, Л.А. Рвачев (СССР)
- XXI век, начало 2000-х – первые агентные модели для инфекционных болезней.

Уместно указать и на другие сопутствующие открытия и решения из сферы математики и биостатистики, вычислительных технологий и программирования, которые имели непосредственное отношение к развитию методов моделирования и прогнозирования. Достаточно вспомнить появление функций Ляпунова и матрицы Якоби, развитие теории игр, создание языков программирования R и Python, изобретение суперкомпьютеров и многое другое.

В XX веке в 70–80-ые гг. первые серьезные попытки осуществлять агентное моделирование относятся, прежде всего, к социологическим наукам. С этим же связано появление еще одного термина применительно к подобной методологии – individual-based modeling [5].

Необходимо заметить, что в разные годы учеными предлагались имитационные агентные модели в отношении многих важных инфекционных болезней. В частности, приведем следующие примеры:

- бактериальные инфекции: холера [6], туберкулез [7]; гонорея [8]; инфекции, связанные с оказанием медицинской помощи, вызванные условно-патогенной микрофлорой [9,10];
- вирусные инфекции: грипп [12,13], эпидемический паротит [14], ВПЧ [15], COVID-19 в различных регионах, включая страны на постсоветском пространстве [16,17], корь [18,19,20], болезнь, вызванная вирусом эбола [21];
- паразитарные инвазии: малярия [22], шистосомоз [23] и др.

Основные понятия и термины

В общем смысле, имитационное моделирование – это область биомедицинской статистики, или вычислительной эпидемиологии (именно это словосочетание стало все чаще появляться с середины 90-х гг. [24]). Она включает в себя различные подходы к построению моделей и использует агентный подход для изучения распространения инфекционных болезней среди людей. Как известно, к агентным моделям прибегают для исследования децентрализованных систем, динамика функционирования

которых определяется не какими-то глобальными правилами и законами, а напротив, подобные глобальные правила и законы оказываются интегральным результатом индивидуальной активности агентов [3].

Сам термин «агентное моделирование» соответствует английскому словосочетанию *agent-based modeling*. Имеются разные подходы к трактовке этого термина [1, 3, 25, 26]. Учитывая вышесказанное, мы предлагаем следующее определение применительно к реалиям эпидемиологических исследований. Агентная модель – это результат компьютерного моделирования, при котором с учетом пространственно-временных соотношений происходит взаимодействие различающихся друг от друга по возрасту, полу, состоянию здоровья и прочими характеристикам агентов друг с другом и со средой, при этом в каждый момент времени агент принимает решение, какое действие будет совершено далее.

Под *агентом* понимают некоторую сущность или специально определенную активную подсистему, (в медицинском смысле – человек, который может заразиться и передать инфекцию другому восприимчивому), которая характеризуется следующими атрибутами: активность, поведение, способность принимать решения на основе установленного свода правил, а также – способность взаимодействовать с другими агентами и окружающей средой.

Классификация агентных моделей

К настоящему моменту сложилось несколько классификационных систем агентных моделей для симуляционных исследований распространения заболеваний и иных явлений среди людей. В общем виде все агентные модели, разработанные в мире к настоящему моменту, представлены следующими двумя видами [26]:

- обобщенные модели: они относительно легко масштабируются на несколько болезней путем параметрической настройки поведения агентов; пригодны для изучения будущих вспышек. Как правило, их используют для инфекций с аэрогенным механизмом передачи. Например, модель *Episimdemics*, созданная в США [27] и используемая для планирования ответных мер при возникновении эпидемий;
- специфические модели: используются для определенного заболевания, имитации кон-

кретного эпидемического процесса, позволяют исследовать разные механизмы и пути передачи возбудителей (воздушно-капельный, водный и пр. пути).

В зависимости от степени применимости математического аппарата к реальной практике модели могут иметь *прикладное* значение (представляют ценность для практики) или же могут носить лишь *иллюстративный* характер.

Более обобщенный вид имеет классификационный подход, предложенный Nguyen L. (2020). В своей классификации она выделила следующие типы математических моделей [10]:

- математическое моделирование работы систем (т.е. системная динамика): оно способно описывать нелинейные связи; можно изучать, каким образом структура системы определяет ее поведение. В эту же группу отнесены компартментальные модели на основе дифференциальных уравнений.
- симуляция дискретных событий, которая определена как моделирование, построенное на процессном подходе;
- агентные модели, и в эту группу автор помещает модели, как с автономными агентами, так и модели с рефлексивными агентами;
- гибридные симуляционные модели, т.е. структуры, которые основаны минимум на двух разных способах моделирования; в этой группе выделяют несколько дизайнов [27], а именно: последовательный, обогащение, интеграция, взаимодействие и параллельный дизайн;
- модели распространения заболеваний, согласно Кондратьеву М.А., решают две *глобальные задачи*:

– моделирование локальных патологических процессов в организме одного человека (изучают, как может протекать заболевание, и используют систему дифференциальных уравнений для подсчета числа микробных клеток в организме);

– моделирование территориального распространения инфекции, в том числе для прогнозирования уровня заболеваемости (система дифференциальных уравнений описывает динамику эпидемического процесса). Отметим, что в последнем случае могут быть использованы как непрерывные, так и дискретные модели.

Заслуживает интереса следующая классификация дискретных моделей распространения заболеваний [3]:

- 1.) цепочечно-биномиальные модели;
- 2.) дискретно-событийные, или имитационные;

2.1.) популяционные модели и агентные (также индивидуальные) модели;

2.2.) клеточные автоматы и сетевые модели.

Отметим, что так называемый клеточный автомат в виде некой периодической решетки не что иное, как простейший вариант дискретно-событийной модели распространения заболеваний. Модель же, основанная на сетях, – это стохастическая модель, которая представляет собой граф произвольной структуры, ребра которого символизируют социальные связи между восприимчивыми людьми. Появление популяционных дискретно-событийных моделей знаменует современный этап развития моделирования распространения инфекций [1, 2]. И в таких моделях имитируемые индивиды объединены в социальные группы (contact groups). Формула расчета вероятности достаточного контакта и была усовершенствована в агентных моделях.

Агентные модели в большинстве своем дискретно-событийные, а их децентрализованность отличает эти модели от популяционных. Выступая активной сущностью, каждый агент является причиной разнообразных событий. И они формируются в силу перемещений агентов, распространения заболевания (за счет возникающих контактов и есть некоторая вероятность передачи возбудителя), клинического течения заболевания. Само по себе событие представляет собой совокупность неслучайных действий, что также отличает агентную модель от популяционной. Время при использовании агентного подхода течет дискретно, необязательно с фиксированным шагом (хотя шаг мо-

жет быть и дискретным), и моделируемая система ведет себя как непрерывная, что позволяет избежать погрешностей.

Привлекательность моделей для эпидемиологического надзора определяется и техническими возможностями введения в модель социальных факторов, определяющих распространение инфекции (т.к. каждый агент имеет собственные переменные, описывающие его состояние и поведение). Кроме того, мы можем предусмотреть и оценку действия профилактических или противоэпидемических мероприятий. Таким образом, эпидемиолог получает инструмент для количественной оценки потенциальной и фактической эффективности мероприятия.

Структура агентной модели

В этом разделе охарактеризованы основные компоненты агентного моделирования процесса распространения инфекции, примеры которых нашли отражение на страницах научной литературы. Прежде всего, необходимо отметить, что конструирование реалистичной (мульти)агентной модели – процесс достаточно непростой. Обычно выделяют 4 взаимосвязанных компонента, которые подлежат моделированию: заболевание, популяция или сообщество, передвижение и транспорт, окружающая среда. Описание этих компонентов в кратком виде представлено в **таблице 1**.

Компонент – Моделирование заболевания. В агентных моделях данный компонент обычно имеет две составляющие:

Моделирование путей передачи возбудителя от источника инфекции восприимчивым индивидам. В этом случае, в передача инфекции определяется через распределение

Заболевание Disease or condition	Популяция Population	Передвижение Movements	Окружающая среда Environment
<p>Механизмы и пути передачи возбудителя. Характеристика инфекционного процесса. Вероятность заражения при контакте восприимчивого человека с источником инфекции. <i>Mechanisms and routes of the pathogen transmission.</i> <i>Characteristics of the infectious process.</i> <i>Probability of infection upon contact of a susceptible person with a source of infection.</i></p>	<p>Общество реальное, конкретная популяция. Общество нереальное, обобщенное. <i>Specific population or generalized society</i></p>	<p>Перемещения агентов в рамках интересующей среды. <i>Movement of agents within the environment of interest.</i></p> <p>Иногда моделирование транспорта и способов передвижения в модели не производится. <i>In some cases, transport and travel modes are not modeled.</i></p>	<p>Пространство, в котором взаимодействуют агенты. <i>Environment in which agents interact.</i></p>
<p>2 подхода: обобщенные и специфические модели Two approaches: generalized and disease-specific models</p>			

Таблица 1.
Основные компоненты агентной модели.

Table 1.
Main components of agent-based models

вероятностей, с учетом всего, что может повлиять на эпидемический процесс (непосредственно сами факторы передачи, способы передвижения людей, наличие декретированных групп и так называемых «суперраспространителей», перемещение переносчиков для трансмиссивных инфекций и др.). Социальные условия и поведенческие особенности, как известно, также оказывают влияние на эпидемический процесс, при этом учитывают влияние социальных сетей, формируемых агентами (например, взаимодействия в школах или университетах). При моделировании вспышки необходимо учесть разные модели поведения человека: попытка быстро покинуть местожительства при угрозе вспышки или же в иных ситуациях большая часть населения предпочтет оставаться дома, соблюдая изоляцию [28, 29]. В современных реалиях эпидемиологу необходимо принимать во внимание и факт интенсивного распространения информации, касающейся заболевания, среди населения или отдельных его групп (инфодемия), так как это может определять степень вовлеченности человека в профилактические мероприятия (например, участие в вакцинации, повышение приверженности соблюдению мер личной профилактики и гигиены).

Моделирование инфекционного процесса. В рамках этой составляющей определяют, каким образом в модели будет заложен факт стадийности развития процесса в организме человека (инкубационный, продромальный периоды и т.д.) и изменения заразности заболевшего. Подразумевают, что переход от стадии к стадии и в развитии болезни основан на некоем распределении вероятностей, и поэтому часто используют концепцию SIR-моделей. Такой подход в элементарном виде характеризует изменения в состоянии здоровья человека следующими категориями: восприимчивый (S), зараженный (I), выздоровевший (R). Простейшую SIR-модель можно расширять и модифицировать, что с успехом и используется в агентном моделировании. При построении модели также принимают во внимание, что поведенческие особенности инфицированного агента могут оказать влияние на течение заболевания. В частности, охранительная манера поведения агента способна понижать вероятность того, что возбудитель передается от восприимчивого к инфицированному организму, либо же повышать шансы перемещений от инфицированного к выздоровевшему [7].

Компонент – Моделирование популяции или сообщества. Так как структура сообщества также может оказывать влияние на развитие эпидемической ситуации, при моделировании популяции учитывают следующие факторы: количество людей (агентов), структура домохозяйства, число обучающихся в школе/ университете, количество учебных заведений и мест работы и др. Отметим, что моделирование популяции может быть выполнено в масштабе небольшого населенного пункта, крупного города, региона, области или страны.

На этом этапе рекомендуется решить, будет ли имитировано существующее, реальное сообщество или же – сообщество нереальное. При моделировании некоего существующего сообщества, как правило, пользуются реальными данными, например, информацией из переписей на определенной территории, которая позволяет составить мнение о половозрастном распределении жителей. Дополнительно в работе может использоваться информация, описывающая социальные связи. В свою очередь, это позволяет различать, к примеру, близкие контакты (с другими агентами в квартире, семье, по месту работы), случайные контакты (агенты в учреждениях сферы обслуживания, например, торговых центрах), контакты, происходящие в рабочие дни (здесь агент общается с коллегами по работе), а также контакты, возникающие по выходным дням (в этом случае агент в основном общается с друзьями).

Для построения модели обобщенной популяции реальные данные обычно не требуются, при этом «средних» агентов случайным образом помещают в среду обитания. Преимуществом такого подхода является отсутствие необходимости в больших массивах данных, а также экономия временного ресурса у разработчика модели.

Компонент – Передвижения. Как правило, при построении агентных моделей также обдумывают, в какой форме в моделируемой среде будет представлено передвижение или перемещение агентов. Это можно сделать на основе модели интересующего сообщества, а также правил поведения, установленных для агентов. В простейшем виде передвижение агента может происходить, скажем, от предписанного местожительства до места работы. Кроме того, по семидневному графику может быть предусмотрено перемещение агента и между другими учреждениями или организациями. При моделирова-

нии транспортных связей доступны следующие варианты: простое передвижение между точками по прямой линии с постоянной скоростью, использование географических данных вместе с транспортной инфраструктурой для планирования маршрутов по пешеходным дорожкам и проезжей части, отслеживание местоположения по данным операторов сотовой связи, использование информации об общественном транспорте (например, из центров организации дорожного движения) и др. [12, 29, 33].

При разработке данного компонента модели авторы учитывают и возможность влияния на передвижение того, как агент совершает свой выбор, а также – поведенческие особенности. В определенных ситуациях бывает необходимо учитывать следующее: решение агента получить листок нетрудоспособности, переезды на длинные расстояния, моделирование маршрута туристических поездок, наличие попутчиков и др. Отметим, что характер передвижений определяет, с кем именно агент будет контактировать, а значит – конкретный способ распространения изучаемого заболевания.

Компонент – Моделирование среды (окружения). Обращаем внимание, что данный компонент является неотъемлемой частью агентной модели, поскольку именно в «среде» агенты и будут перемещаться и взаимодействовать. Окружающая среда характеризуется собственными переменными, отражающими состояние, а также – поведением, которое влияет на агентов [2, 3]. Степень сложности среды определяется такими обстоятельствами, как поставленные перед моделью цели и задачи и динамика передачи конкретного заболевания. В простейшем виде среда в модели выглядит как пространственная сетка (сетка пространственных координат), на которой размещены агенты. Такие модели легки в построении, но в то же время несколько хуже позволяют представить закономерности контактирования агентов по сравнению с методами, основанными на уравнениях с включением среды. В последнем случае у исследователя появляется больше возможностей изучать неравномерное перемешивание агентов.

Простые модели среды нередко дополняют размещением в них мест работы и учебы, устройством дорожной сети и жилых районов. По сравнению с пространственной сеткой, такой подход позволяет имитировать закономерности перемещений, а также выявлять места сосредоточения случаев инфекции. Интерес-

но, что в этой ситуации можно моделировать различные характеристики противоэпидемических мероприятий, например, сроки закрытия и открытия школ [34].

Безусловно, при моделировании среды крайне полезным может стать использование данных ГИС, в том числе данных о высотах точек рельефа местности. В свою очередь, это позволяет более эффективно отображать конкретный населенный пункт, крупный город, страну и т.д. [13, 35, 36]. Среда, в которой находятся агенты, сама по себе тоже может влиять на передачу инфекционного начала. Поэтому в более сложные модели, помимо всего прочего, инкорпорируют следующую информацию: сведения о температуре, осадках, других популяциях, которые участвуют в распространении инфекции, информацию о переносчиках, гидрологические сведения, растительность, сезонность и др. Всё это делает модель сложнее, требует более интенсивных вычислений и, вдобавок, не должно вызывать трудностей с прогнозом модели.

Валидация агентной модели

Валидация – это весьма ответственный этап в разработке агентной модели. Вместе с тем в настоящее время отсутствует единый подход к валидации таких моделей [2, 3, 10]. Тем не менее, с этой целью предложено использовать информацию о прошлых вспышках и далее их моделировать. Таким образом, эпидемиолог может сравнить симулированную вспышку с реальной, т.е. судить, насколько точно модель отражает данное заболевание и популяцию [20]. Информацию о распространенности болезни можно брать из материалов Роспотребнадзора, статистических бюро, Интернет-ресурсов (Google Data, Yandex) и др. Помимо использования эпидемиологических данных, для валидации модели иногда проводят сопоставление смоделированных характеристик передвижений с реальной информацией о них [11].

Еще один подход – это перекрестная валидация (от англ. cross validation), когда сравнивают результаты по одной и той же проблеме, полученные на моделях разного типа. Кроме того, при валидации модели оценивают адекватность, т.е. насколько при создании модели принимаемые решения оказываются соответствующими и взвешенными, при этом происходит проверка, как новые данные, поданные в модель, снижают неопределенность и изменяют саму модель.

Попытка приблизить агентное моделирование к нуждам эпидемиологического надзора в определенном смысле предпринята при создании следующих продуктов, в основном применительно к гриппу. Алгоритм SIM-D – программное средство, Южно-Корейско-Пакистанская разработка, выполненное на языке C++ с применением концепции объектно-ориентированного программирования [37]. Интересен и проект EpiSimS (США) на C++, в котором для более эффективного моделирования поведения агентов также использовали американскую транспортную базу данных TRANSIMS. При запуске моделирования в EpiSimS создается искусственная сеть контактов на основе взаимодействия агентов и их местонахождения [38]. Кроме того, стоит отметить и EpiSimdemics (США) – масштабируемый параллельный алгоритм для моделирования распространения инфекции в крупных реалистичных социальных сетях контактов. В EpiSimdemics происходит моделирование определенного класса стохастических реакционно-диффузионных процессов, за счет чего продукт позволяет масштабировать социальные сети, в которых участвуют 100 миллионов человек [39]. Описан опыт решения задач эпидемиологического надзора и с помощью параллельного алгоритма EpiFast (какое говорящее название! – от англ. fast – быстрый), реализованный в MPI/C++ и разработанный в США. Это программное обеспечение позволяет моделировать распространение болезни на крупных сетях контактов. Такое стало возможным благодаря объединению семантики SEIR-модели с заранее созданной сетью контактов, а за счёт этого можно снизить и затратность симуляций. По утверждениям разработчиков, с помощью такой модели удается решить широкий круг вопросов [37]. Еще пример – итальянская разработка GLEAMviz [40]. Это настольное приложение (архитектура клиент-сервер) обеспечивает простой, интуитивно понятный и наглядный способ моделирования формирования заболеваемости и оценки его результатов с использованием карт, диаграмм и инструментов анализа данных. Симуляционный модуль GLEAMviz для моделирования распространения болезней в глобальном масштабе использует особую стохастическую вычислительную схему, которая объединяет демографические данные и данные о мобильности с высоким разрешением.

Среди российских разработок внимание привлекает мультиагентная модель распро-

странения кори и других воздушно-капельных инфекций на территории города – проект платформы «АСИ Смарттека» совместно с ФГБУ «НИЦ эпидемиологии и микробиологии имени Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России [18]. С ее помощью смоделированы поведенческие особенности городского жителя крупного мегаполиса (контакты, вероятности взаимодействия), транспортное перемещение, несколько геофакторов, инфраструктура, демография и др. Был создан соответствующий модуль для российского программного обеспечения «Геоинтеллект» в пределах г. Москвы (зарегистрировано Минкомсвязи России, Приказ № 665 от 30.11.2018 г.). Более того, возможности использования агентного моделирования могут быть значительно расширены, учитывая опыт модификации простой агентной модели (на примере COVID-19) до многоцентральной версии, что повысило надежность прогнозов и придало дополнительную гибкость полученной модели [41]. В целом возможность использования предложенных разными коллективами агентных моделей по прогнозированию новой коронавирусной инфекции, безусловно, требует отдельного изложения.

Заключение

Современные вычислительные возможности за счет использования высокопроизводительных компьютеров стали стимулом для дальнейшего развития имитационного агентного моделирования, в том числе для изучения эпидемиологии инфекционных болезней. Такой подход к прогнозированию известен с 70-х гг. XX века, и в мире накоплен большой опыт разработки агентных моделей для ряда бактериальных, вирусных и паразитарных болезней человека в разных странах, включая Россию. Большое значение в теоретическом обосновании применения агентного моделирования в практике эпидемиологического надзора имеет развитие понятийно-терминологического аппарата, подходов к классификации моделей, а также описание их принципиальной структуры.

На эпидемический процесс оказывают влияние различные факторы, и главной его движущей силой, как известно, являются социальные условия жизни общества. Имитационное моделирование на современном уровне его развития предоставляет исследователю больше возможностей эффективнее учитывать динамичность, присущую сетям социальных контактов, и их

развитие одновременно с действиями людей и принимаемыми профилактическими мерами; масштаб и неоднородность сетей контактов, а также выполнять большое количество прогнозов для заданной комбинации независимых параметров.

Использование агентного метода имитационного моделирования позволяет справиться с ограничениями классических математических моделей. Путем имитирования явления в синтетической популяции и виртуальной среде можно эффективно воспроизвести условия интересующей территории, а также динамику распространения заболевания. Агентное моделирование представляет собой удобную площадку для моделирования эпидемического процесса, которое

можно дополнять воссозданием ежедневных передвижений населения и учетом влияния поведенческих особенностей на интенсивность распространения инфекции. Также важно отметить возможность количественной оценки эффективности профилактических и противоэпидемических мероприятий в рамках проведения агентного моделирования эпидемической ситуации. Конечно, на волне распространения COVID-19 интерес ученых к описываемой в этом обзоре методологии лишь усилился. В то же время по-прежнему присутствует необходимость удобных и практичных агентных моделей и для иных не менее актуальных, инфекционных болезней путем использования доступных и легко собираемых первичных данных.

Литература:

1. Агеева А.Ф. Имитационное моделирование эпидемий: агентный подход. *Моделирование, оптимизация и информационные технологии*. 2020;8(3):1-13. <https://doi.org/10.26102/2310-6018/2020.30.3.030>
2. Герасимов А.Н. Модели и статистический анализ в эпидемиологии инфекционных болезней. *Тихоокеанский медицинский журнал*. 2019;3:80-83. <https://doi.org/10.17238/PmJ1609-1175.2019.3.80-83>
3. Кондратьев М.А. Методы прогнозирования и модели распространения заболеваний. *Компьютерные исследования и моделирование*. 2013;5(5):863-882. <https://doi.org/10.20537/2076-7633-2013-5-5-863-882>
4. Саркисов А.С. Вклад академика О.В. Барояна в развитие эпидемиологии. *Бюллетень Национального НИИ общественного здоровья им. Н.А. Семашко*. 2021;1:86-91. <https://doi.org/10.25742/NRIPH.2021.01.011>
5. Šešelja D. Agent-based modeling in the philosophy of science. In: Zalta E.N., Nodelman U., eds. *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*. Winter 2023 Edition. Ссылка активна на 12.07.2024. <https://plato.stanford.edu/archives/win2023/entries/agent-modeling-philscience>
6. Crooks A.T., Hailegiorgis A.B. An agent-based modeling approach applied to the spread of cholera. *Environmental Modelling Software*. 2014;62:164-177. <https://doi.org/10.1016/j.envsoft.2014.08.027>
7. Tian Y., Osgood N.D., Al-Azem A., Hoepfner V.H. Evaluating the effectiveness of contact tracing on tuberculosis outcomes in Saskatchewan using individual-based modeling. *Health Educ. Behav.* 2013;40(1 Suppl):98S-110S. <https://doi.org/10.1177/1090198113493910>
8. Escobar E., Durgham R., Dammann O., Stopka T.J. Agent-based computational model of the prevalence of gonococcal infections after the implementation of HIV pre-exposure prophylaxis guidelines. *Online J. Public Health Inform.* 2015;7(3):e224. <https://doi.org/10.5210/ojphi.v7i3.6104>
9. Abdidizaji S., Yalabadi A.K., Yazdani-Jahromi M., Garibay O.O., Garibay I. Agent-based modeling of C. difficile spread in hospitals: assessing contribution of high-touch vs. Low-touch surfaces and inoculations' containment Impact. *arXiv preprint arXiv:2401.11656 [cs.MA]*. 2024:1-16. Ссылка активна на 12.07.2024. <https://arxiv.org/html/2401.11656v1>
10. Nguyen L.K.N., Megiddo I., Howick S. Simulation models for transmission of health care-associated infection: A systematic review. *Am. J. Infect. Control.* 2020;48(7):810-821. <https://doi.org/10.1016/j.ajic.2019.11.005>
11. Das T.K., Savachkin A.A., Zhu Y. A large-scale simulation model of pandemic influenza outbreaks for development of dynamic mitigation strategies. *IIE Transactions.* 2008;40(9):893-905. <https://doi.org/10.1080/07408170802165856>
12. Rakowski F., Gruzziel M., Bieniasz-Krzywiec L., Radomski J.P. Influenza epidemic spread simulation for Poland – a large scale, individual based model study. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications.* 2010;389(16):3149-3165. <https://doi.org/10.1016/j.physa.2010.04.029>
13. Simoes J.M. Modelling a mumps outbreak through spatially explicit agents. *Potentials of Complexity Science for Business, Governments, and the Media.* 2006:1-16. Ссылка активна на 15.07.2024. <http://www.casa.ucl.ac.uk/joanamargarida/papers/Simoes.J>
14. Olsen J., Jepsen M.R. Human papillomavirus transmission and cost-effectiveness of introducing quadrivalent HPV vaccination in Denmark. *Int. J. Technol. Assess Health Care.* 2010;26(2):183-191. <https://doi.org/10.1017/S0266462310000085>
15. Erfani A., Frias-Martinez V. A fairness assessment of mobility-based COVID-19 case prediction models. *PLoS One.* 2023;18(10):e0292090. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0292090>
16. Koichubekov B., Takuadina A., Korshukov I., Sorokina M., Turmukhambetova A. The Epidemiological and Economic Impact of COVID-19 in Kazakhstan: An Agent-Based Modeling. *Healthcare (Basel)*. 2023;11(22):2968. <https://doi.org/10.3390/healthcare11222968>
17. Платонова Т.А., Голубкова А.А., Обабков В.Н., Колесникова С.Ю., Смирнова С.С. Многофакторное имитационное моделирование в прогнозе заболеваемости корью на близлежащую и отдаленную перспективу. *Эпидемиология и инфекционные болезни*. 2018;23(5):255-233. <https://doi.org/10.18821/1560-9529-2018-23-5-225-233>
18. Асатрян М.Н., Герасимук Э.Р., Струков Д.Р., Шмыр И.С., Вехов А.О., Ершов И.Ф., Лабодин А.В., Ноздрачева А.В., Семененко Т.А., Народицкий Б.С., Пронин А.В. Разработка программных инструментов, основанных на мультиагентном моделировании и релятизованных в геоинформационной системе нового поколения, для решения эпидемиологических задач. *Журнал эпидемиологии, микробиологии и иммунологии*. 2021;98(4):468-480. <https://doi.org/10.36233/0372-9311-130>
19. Grefenstette J.J., Brown S.T., Rosenfeld R., DePasse J., Stone N.T., Cooley P.C., Wheaton W.D., Fyfe A., Galloway D.D., Sriram A., Guculu H., Abraham T., Burke D.S. FRED (a Framework for Reconstructing Epidemic Dynamics): an open-source software system for modeling infectious diseases and control strategies using census-based populations. *BMC Public Health.* 2013;13:940. <https://doi.org/10.1186/1471-2458-13-940>
20. Merler S., Ajelli M., Fumanelli L., Gomes M.F., Piontti A.P., Rossi L., Chao D.L., Longini I.M. Jr., Halloran M.E., Vespignani A. Spatiotemporal spread of the 2014 outbreak of Ebola virus disease in Liberia and the effectiveness of non-pharmaceutical interventions: a computational modelling analysis. *Lancet Infect. Dis.* 2015;15(2):204-211. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(14\)71074-6](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(14)71074-6)
21. Merler S., Ajelli M., Fumanelli L., Gomes M.F.C., Piontti A.P., Rossi L., Chao D.L., Halloran M.E., Vespignani A. Spatiotemporal spread of

- the 2014 outbreak of Ebola virus disease in Liberia and the effectiveness of non-pharmaceutical interventions: a computational modelling analysis. *The Lancet. Infectious Diseases*. 2015;15(2):204-211. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(14\)71074-6](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(14)71074-6)
22. Amadi M., Shcherbacheva A., Haario H. Agent-based modeling of complex factors impacting malaria prevalence. *Malar. J.* 2021;20(1):185. <https://doi.org/10.1186/s12936-021-03721-2>
 23. Hu H., Gong P., Xu B. Spatially explicit agent-based modelling for schistosomiasis transmission: human-environment interaction simulation and control strategy assessment. *Epidemics*. 2010;2(2):49-65. <https://doi.org/10.1016/j.epidem.2010.03.004>
 24. Liu J., Xia S. *Computational Epidemiology: From Disease Transmission Modeling to Vaccination Decision Making*. Springer Cham; 2020. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-52109-7>
 25. Mac Namee B., Cunningham P. Creating socially interactive no-player characters: The μ -SIV system. *International Journal of Intelligent Games and Simulation*. 2003;2(1):186-221.
 26. Hunter E., MacNamee B., Kelleher J. A taxonomy for agent-based models in human infectious disease epidemiology. *Journal of Artificial Societies and Social Simulation*. 2017;20(3):2. <https://doi.org/10.18564/jasss.3414>
 27. Bisset K.R., Aji A.M., Marathe M.V., Feng W.C. High-performance biocomputing for simulating the spread of contagion over large contact networks. *BMC Genomics*. 2012;13 Suppl 2:S3. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-S2-S3>
 28. Morgan J.S., Howick S., Belton V. A toolkit of designs for mixing Discrete Event Simulation and System Dynamics. *European Journal of Operational Research*. 2017;257(3):907-918. <https://doi.org/10.1016/j.ejor.2016.08.016>
 29. Epstein J.M., Parker J., Cummings D., Hammond R.A. Coupled contagion dynamics of fear and disease: Mathematical and computational explorations. *PLoS one*. 2008;3(12):1-11. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0003955>
 30. Dunham J.B. An agent-based spatially explicit epidemiological model in MASON. *Journal of Artificial Societies and Social Simulation*. 2005;9(1):3-7. Ссылка активна на 15.07.2024. <https://www.jasss.org/9/1/3.html>
 31. McLean A., McDonald W., Goodridge D., Osgood N. Agent-Based Modeling: A Method for Investigating Challenging Research Problems. *Nurs. Res.* 2019;68(6):473-482. <https://doi.org/10.1097/NNR.0000000000000390>
 32. Мобильные телефоны: отслеживание местоположения. Ссылка активна на: 16.07.2024. <https://ssd.eff.org/ru/module/мобильные-телефоны-отслеживание-местоположения>
 33. Aleman D.M., Wibisono T.G., Schwartz B. A nonhomogeneous agent-based simulation approach to modeling the spread of disease in a pandemic. *Infoms*. 2011;41(3):301-315. <https://doi.org/10.1287/inte.1100.0550>
 34. Lee B.Y., Brown S.T., Cooley P., Potter M.A., Wheaton W.D., Voorhees R.E., Stebbins S., Grefenstette J.J., Zimmer S.M., Zimmerman R.K., Assi T.M., Bailey R.R., Wagener D.K., Burke D.S. Simulating school closure strategies to mitigate an influenza epidemic. *J. Public Health Manag. Pract.* 2010;16(3):252-261. <https://doi.org/10.1097/PHH.0b013e3181ce594e>
 35. Shi H., Wang J., Cheng J., Qi X., Ji H., Struchiner C.J., Villela D.A., Karamov E.V., Turgiev A.S. Big data technology in infectious diseases modeling, simulation, and prediction after the COVID-19 outbreak. *Intell. Med.* 2023;3(2):85-96. <https://doi.org/10.1016/j.imed.2023.01.002>
 36. Khashoggi B.F., Murad A. Issues of healthcare planning and GIS: a review. *ISPRS Int. J. Geo-Inf.* 2020;9(6):352. <https://doi.org/10.3390/ijgi9060352>
 37. Waleed M., Um T.-W., Kamal T., Khan A., Zahid Z.U. SIM-D: An Agent-Based Simulator for Modeling Contagion in Population. *Applied Sciences*. 2020;10(21):7745. <https://doi.org/10.3390/app10217745>
 38. Mniszewski S.M., Del Valle S.Y. EpiSimS: Large-scale agent-based modeling of the spread of disease. Technical report, Los Alamos National Laboratory (LANL). 2013. Ссылка активна на 15.07.2024. file:///C:/Users/toropova.ov/Downloads/EpiSimS_Large_Scale_Agent_based_Modeling.pdf
 39. de Mooij J., Bhattacharya P., Dell'Anna D., Dastani M., Logan B., Swarup S. A framework for modeling human behavior in large-scale agent-based epidemic simulations. *Simulation*. 2023;99(12):1183-1211. <https://doi.org/10.1177/00375497231184898>
 40. Van den Broeck W., Giannini C., Gonçalves B., Quaggiotto M., Colizza V., Vespignani A. The GLEaMviz computational tool, a publicly available software to explore realistic epidemic spreading scenarios at the global scale. *BMC Infect. Dis.* 2011;11:37. <https://doi.org/10.1186/1471-2334-11-37>
 41. Kirillin M., Khilov A., Perekatova V., Sergeeva E., Kurakina D., Fiks I., Saperkin N., Tang M., Zou Y., Macau E., Pelinovsky E. Multicentral agent-based model of four waves of COVID-19 spreading in Nizhny Novgorod region of Russian Federation. *Journal of Biomedical Photonics & Engineering*. 2023;9(1):1-8. <https://doi.org/10.18287/JBPE23.09.010306>

References:

1. Ageeva AF. Simulation of epidemics: agent-based approach. *Modeling, Optimization and Information Technology*. 2020;8(3):1-13. (In Russian). <https://doi.org/10.26102/2310-6018/2020.30.3.030>
2. Gerasimov AN. Models and statistical analysis in the epidemiology of infectious diseases. 2019;3:80-83. *Pacific medical journal*. (In Russian). <https://doi.org/10.17238/PmJ1609-1175.2019.3.80-83>
3. Kondratyev MA. Forecasting methods and models of disease spread. *Computer research and modeling*. 2013;5(5):863-882. (In Russian). <https://doi.org/10.20537/2076-7633-2013-5-5-863-882>
4. Sarkisov AD. Contribution of Academician OV Baroyan in the development of epidemiology. *Bulletin OF Semashko national research institute of public health*. 2021; 1:86-91. (In Russian). <https://doi.org/10.25742/NRIPH.2021.01.011>
5. Šešelja D. Agent-based modeling in the philosophy of science. In: Zalta EN, Nodelman U, eds. *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*. Winter 2023 Edition. Available at: <https://plato.stanford.edu/archives/win2023/entries/agent-modeling-philscience>. Accessed: July 7, 2024.
6. Crooks AT, Hailegiorgis AB. An agent-based modeling approach applied to the spread of cholera. *Environmental Modelling Software*. 2014;62:164-177. <https://doi.org/10.1016/j.envsoft.2014.08.027>
7. Tian Y, Osgood ND, Al-Azem A, Hoepfner VH. Evaluating the effectiveness of contact tracing on tuberculosis outcomes in Saskatchewan using individual-based modeling. *Health Educ Behav*. 2013;40 (1 Suppl):98S-110S. <https://doi.org/10.1177/1090198113493910>
8. Escobar E, Durgham R, Dammann O, Stopka TJ. Agent-based computational model of the prevalence of gonococcal infections after the implementation of HIV pre-exposure prophylaxis guidelines. *Online J Public Health Inform*. 2015;7(3):e224. <https://doi.org/10.5210/ojphi.v7i3.6104>
9. Abdidzaji S, Yalabadi AK, Yazdani-Jahromi M, Garibay OO, Garibay I. Agent-based modeling of C. difficile spread in hospitals: assessing contribution of high-touch vs. low-touch surfaces and inoculations' containment impact. *arXiv preprint arXiv:2401.11656 [cs.MA]*. 2024:1-16. 10. (In Russian). Available at: <https://arxiv.org/html/2401.11656v1>. Accessed: July 7, 2024.
10. Nguyen LKN, Megiddo I, Howick S. Simulation models for transmission of health care-associated infection: A systematic review. *Am J Infect Control*. 2020;48(7):810-821. <https://doi.org/10.1016/j.ajic.2019.11.005>
11. Das TK, Savachkin AA, Zhu Y. A large-scale simulation model of pandemic influenza outbreaks for development of dynamic mitigation strategies. *IIE Transactions*. 2008;40(9):893-905. <https://doi.org/10.1080/07408170802165856>
12. Rakowski F, Gruziel M, Bieniasz-Krzywiec L, Radomski JP. Influenza epidemic spread simulation for Poland – a large scale, individual based model study. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*. 2010;389(16):3149-3165. <https://doi.org/10.1016/j.physa.2010.04.029>
13. Simoes JM. Modelling a mumps outbreak through spatially explicit agents. *Potentials of Complexity Science for Business, Governments, and the Media*. 2006:1-16. Available at: <http://www.casa.ucl.ac.uk/joanamar-garida/papers/SimoesJ.pdf> Accessed: 23 December, 2022.
14. Olsen J, Jepsen MR. Human papillomavirus transmission and cost-effectiveness of introducing quadrivalent HPV vaccination in Denmark. *Int J Technol Assess Health Care*. 2010;26(2):183-191. <https://doi.org/10.1017/S0266462310000085>
15. Erfani A, Frias-Martinez V. A fairness assessment of mobility-based

- COVID-19 case prediction models. *PLoS One*. 2023;18(10):e0292090. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0292090>
16. Koichubekov B, Takuadina A, Korshukov I, Sorokina M, Turmukhambetova A. The Epidemiological and Economic Impact of COVID-19 in Kazakhstan: An Agent-Based Modeling. *Healthcare (Basel)*. 2023;11(22):2968. <https://doi.org/10.3390/healthcare11222968>
 17. Platonova TA, Golubkova AA, Obabkov VN, Kolesnikova SJu, Smirnova SS. Multi-factor simulation modeling in the short-and long-term prognosis of measles incidence. *Epidemiology and Infectious Diseases*. 2018;23(5):255-233. (in Russian). <https://doi.org/10.18821/1560-9529-2018-23-5-225-233>
 18. Asatryan MN, Gerasimuk ER, Strukov DR, Shmyr IS, Vekhov AO, Ershov IF, Labodin AV, Nozdracheva AV, Semenenko TA, Naroditsky BS, Pronin AV. Development of software tools based on multi-agent modeling and implemented in the new generation geographic information system for solving epidemiological problems. *Journal of microbiology, epidemiology and immunobiology*. 2021;98(4):468-480. (In Russian). <https://doi.org/10.36233/0372-9311-130>
 19. Grefenstette JJ, Brown ST, Rosenfeld R, DePasse J, Stone NT, Cooley PC, Wheaton WD, Fyshe A, Galloway DD, Sriram A, Guclu H, Abraham T, Burke DS. FRED (a Framework for Reconstructing Epidemic Dynamics): an open-source software system for modeling infectious diseases and control strategies using census-based populations. *BMC Public Health*. 2013;13:940. <https://doi.org/10.1186/1471-2458-13-940>
 20. Merler S, Ajelli M, Fumanelli L, Gomes MF, Piontti AP, Rossi L, Chao DL, Longini IM Jr, Halloran ME, Vespignani A. Spatiotemporal spread of the 2014 outbreak of Ebola virus disease in Liberia and the effectiveness of non-pharmaceutical interventions: a computational modelling analysis. *Lancet Infect Dis*. 2015;15(2):204-211. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(14\)71074-6](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(14)71074-6)
 21. Merler S, Ajelli M, Fumanelli L, Gomes MFC, Piontti AP, Rossi L, Chao DL, Halloran ME, Vespignani A. Spatiotemporal spread of the 2014 outbreak of Ebola virus disease in Liberia and the effectiveness of non-pharmaceutical interventions: a computational modelling analysis. *The Lancet Infectious Diseases*. 2015;15(2):204-211. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(14\)71074-6](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(14)71074-6)
 22. Amadi M, Shcherbacheva A, Haario H. Agent-based modelling of complex factors impacting malaria prevalence. *Malar J*. 2021;20(1):185. <https://doi.org/10.1186/s12936-021-03721-2>
 23. Hu H, Gong P, Xu B. Spatially explicit agent-based modelling for schistosomiasis transmission: human-environment interaction simulation and control strategy assessment. *Epidemics*. 2010;2(2):49-65. <https://doi.org/10.1016/j.epidem.2010.03.004>
 24. Liu J, Xia S. *Computational Epidemiology: From Disease Transmission Modeling to Vaccination Decision Making*. Springer Cham; 2020. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-52109-7>
 25. Mac Namee B, Cunningham P. Creating socially interactive no-player characters: The m-SIV system. *International Journal of Intelligent Games and Simulation*. 2003;2(1):186-221.
 26. Hunter E, MacNamee B, Kelleher J. A taxonomy for agent-based models in human infectious disease epidemiology. *Journal of Artificial Societies and Social Simulation*. 2017;20(3):2. <https://doi.org/10.18564/jasss.3414>
 27. Bisset KR, Aji AM, Marathe MV, Feng WC. High-performance bio-computing for simulating the spread of contagion over large contact networks. *BMC Genomics*. 2012;13 Suppl 2:S3. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-S2-S3>
 28. Morgan JS, Howick S, Belton V. A toolkit of designs for mixing Discrete Event Simulation and System Dynamics. *European Journal of Operational Research*. 2017;257(3):907-918. <https://doi.org/10.1016/j.ejor.2016.08.016>
 29. Epstein, JM, Parker J, Cummings D, Hammond, RA. Coupled contagion dynamics of fear and disease: Mathematical and computational explorations. *PLoS one*. 2008;3(12):1-11. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0003955>
 30. Dunham JB. An agent-based spatially explicit epidemiological model in MASON. *Journal of Artificial Societies and Social Simulation*. 2005;9(1):3-7. Available at: <https://www.jasss.org/9/1/3.html>. Accessed: 15 July, 2024.
 31. McLean A, McDonald W, Goodridge D, Osgood N. Agent-Based Modeling: A Method for Investigating Challenging Research Problems. *Nurs Res*. 2019;68(6):473-482. <https://doi.org/10.1097/NNR.0000000000000390>
 32. *Mobile Phones: Location Tracking*. (In Russian). Available at: <https://ssd.eff.org/ru/module/мобильные-телефоны-отслеживание-местоположения>. Accessed: 15 July, 2024.
 33. Aleman DM, Wibisono TG, Schwartz B. A nonhomogeneous agent-based simulation approach to modeling the spread of disease in a pandemic. *Informs*. 2011;41(3):301-315. <https://doi.org/10.1287/inte.1100.0550>
 34. Lee BY, Brown ST, Cooley P, Potter MA, Wheaton WD, Voorhees RE, Stebbins S, Grefenstette JJ, Zimmer SM, Zimmerman RK, Assi TM, Bailey RR, Wagener DK, Burke DS. Simulating school closure strategies to mitigate an influenza epidemic. *J Public Health Manag Pract*. 2010;16(3):252-261. <https://doi.org/10.1097/PHH.0b013e3181ce594e>
 35. Shi H, Wang J, Cheng J, Qi X, Ji H, Struchiner CJ, Villela DA, Karamov EV, Turgiev AS. Big data technology in infectious diseases modeling, simulation, and prediction after the COVID-19 outbreak. *Intell Med*. 2023;3(2):85-96. <https://doi.org/10.1016/j.imed.2023.01.002>
 36. Khashoggi BF, Murad A. Issues of healthcare planning and GIS: a review. *ISPRS Int. J. Geo-Inf*. 2020;9(6):352. <https://doi.org/10.3390/ijgi9060352>
 37. Waleed M, Um T-W, Kamal T, Khan A, Zahid ZU. SIM-D: An Agent-Based Simulator for Modeling Contagion in Population. *Applied Sciences*. 2020;10(21):7745. <https://doi.org/10.3390/app10217745>
 38. Mniszewski SM, Del Valle SY. EpiSimS: Large-scale agent-based modeling of the spread of disease. Technical report, Los Alamos National Laboratory (LANL). 2013. Available at: file:///C:/Users/toropova.ov/Downloads/EpiSimS_Large_Scale_Agent_based_Modeling.pdf. Accessed: 15 July, 2024.
 39. de Mooij J, Bhattacharya P, Dell'Anna D, Dastani M, Logan B, Swarup S. A framework for modeling human behavior in large-scale agent-based epidemic simulations. *Simulation*. 2023;99(12):1183-1211. <https://doi.org/10.1177/00375497231184898>
 40. Van den Broeck W, Giannini C, Gonçalves B, Quaggiotto M, Colizza V, Vespignani A. The GLEaMviz computational tool, a publicly available software to explore realistic epidemic spreading scenarios at the global scale. *BMC Infect Dis*. 2011;11:37. <https://doi.org/10.1186/1471-2334-11-37>
 41. Kirillin M, Khilov A, Perekatova V, Sergeeva E, Kurakina D, Fiks I, Saperkin N, Tang M, Zou Y, Macau E, Pelinovsky E. Multicentral agent-based model of four waves of COVID-19 spreading in Nizhny Novgorod region of Russian Federation. *Journal of Biomedical Photonics & Engineering*. 2023;9(1):1-8. <https://doi.org/10.18287/JBPE23.09.010306>

Сведения об авторе

СAPERKIN Николай Валентинович, кандидат медицинских наук, доцент кафедры эпидемиологии, микробиологии и доказательной медицины ФГБОУ ВО «Приволжский исследовательский медицинский университет», Министерства здравоохранения Российской Федерации (603095, Россия, г. Нижний Новгород, пл. Минина и Пожарского, д. 10/1).

Вклад в статью: концепция, сбор материала, написание статьи.
ORCID: 0000-0002-3629-4712

Статья поступила: 10.04.2024 г.

Принята в печать: 30.08.2024 г.

Контент доступен под лицензией CC BY 4.0.

Author

Dr. Nikolay V. Saperkin, MD, PhD, Associate Professor, Department of Epidemiology, Microbiology and Evidence-Based Medicine, Privolzhsky Research Medical University (10/1, Minin and Pozharsky Square, Nizhny Novgorod, 603095, Russian Federation).

Contribution: conceived and designed the study; performed literature search and analysis; wrote the manuscript.

ORCID: 0000-0002-3629-4712

Received: 10.04.2024

Accepted: 30.08.2024

Creative Commons Attribution CC BY 4.0.