

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-145-151

УДК УДК: 639.1.091

Я.А. Нейштадт, Ш.В. Магеррамов, К.С. Марцоха, Н.В. Попов, Е.В. Куклев

**Опыт применения имитационной модели при анализе и прогнозировании эпизоотических проявлений в компьютерной симуляции очага чумы***ФКВН «Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб», Саратов, Российская Федерация*

**Цель** исследования – разработка агентной модели эпизоотического процесса, основанной на анализе взаимодействия возбудителя и хозяев на популяционном уровне, для совершенствования методов прогнозирования распространения чумы. **Материалы и методы.** Проведен анализ течения эпизоотий чумы, сформулированы основные допущения и упрощения модели. Сформирована структура многоуровневой древовидной системы целей, согласованной с функциями, обеспечивающими достижение целей. Определены типы агентов, их количество и характеристики, механизм взаимодействия друг с другом и с внешней средой. **Результаты и обсуждение.** Опыт применения имитационной модели для анализа и прогнозирования эпизоотических проявлений в природных очагах чумы свидетельствует о ее практической ценности для решения задач, связанных с управлением рисками, возникающими при данной инфекции. Имитационные модели позволяют учитывать сложные взаимодействия между различными факторами и оценить влияние различных стратегий вмешательства на развитие ситуации. Важным преимуществом агентного моделирования является возможность воспроизведения гетерогенности популяции хозяев и учета индивидуальных особенностей их поведения и восприимчивости к инфекции. Имитационное моделирование является перспективным инструментом для совершенствования системы эпидемиологического надзора и контроля чумы. Разработанная модель может быть использована для принятия обоснованных управленческих решений, направленных на снижение риска заболевания населения. Дальнейшие исследования будут направлены на расширение модели за счет включения дополнительных факторов (например, климатических и социальных) и ее адаптацию для использования в конкретных природных очагах чумы. Модель можно масштабировать и применять не только для локальных вспышек чумы, но и для моделирования распространения инфекции на более широких территориях.

*Ключевые слова:* агентная модель, математическое моделирование, эпизоотия чумы.

*Корреспондирующий автор:* Нейштадт Яков Андреевич, e-mail: gusrapi@microbe.ru.

*Для цитирования:* Нейштадт Я.А., Магеррамов Ш.В., Марцоха К.С., Попов Н.В., Куклев Е.В. Опыт применения имитационной модели при анализе и прогнозировании эпизоотических проявлений в компьютерной симуляции очага чумы. *Проблемы особо опасных инфекций.* 2025; 2:145–151. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-145-151

*Поступила 06.03.2025. Отправлена на доработку 16.04.2025. Принята к публикации 10.06.2025.*

Ya.A. Neishtadt, Sh.V. Magerramov, K.S. Martsokha, N.V. Popov, E.V. Kuklev

**Applying Agent Model for Analysis and Forecasting of Epizootic Manifestations in Computer-Generated Simulation of a Natural Plague Focus***Russian Research Anti-Plague Institute “Microbe”, Saratov, Russian Federation*

**Abstract.** The aim of the study was to develop an agent-based model of the epizootic process based on the analysis of the interaction between the pathogen and its hosts at the population level in order to improve methods for predicting the spread of plague. **Materials and methods.** An analysis of the course of plague epizootics has been carried out, the main assumptions and simplifications of the model are formulated. The structure of a multi-level tree-like system of goals has been built and their coordination with the functions that ensure the achievement of goals provided. The types of agents, their number and characteristics, the mechanism of interaction with each other and with the external environment have been determined. **Results and discussion.** The experience of using the simulation model to analyze and predict epizootic manifestations in natural plague foci indicates its practical value for solving problems related to risk management arising from this infection. Simulation models allow us to take into account complex interactions between various factors and assess the impact of various intervention strategies on the development of the situation. An important advantage of agent-based modeling is the ability to reproduce the heterogeneity of the host population and take into account the individual characteristics of their behavior and susceptibility to infection. Simulation is a promising tool for improving the system of epidemiological surveillance and plague control. The developed model can be used to make informed managerial decisions aimed at reducing the risk of disease in the population. Further research will be aimed at expanding the model by including additional factors (for example, climatic and social ones) and adapting it for use in specific natural plague foci. The model can be scaled and applied not only to local outbreaks of plague, but also to simulate the spread of infection in wider areas.

*Key words:* agent model, mathematical modeling, plague epizootics.

*Conflict of interest:* The authors declare no conflict of interest.

*Funding:* The authors declare no additional financial support for this study.

*Corresponding author:* Yakov A. Neishtadt, e-mail: rusrapi@microbe.ru.

Citation: Neishtadt Ya.A., Magerramov Sh.V., Martsokha K.S., Popov N.V., Kuklev E.V. Applying Agent Model for Analysis and Forecasting of Epizootic Manifestations in Computer-Generated Simulation of a Natural Plague Focus. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 2:145–151. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-2-145-151

Received 06.03.2025. Revised 16.04.2025. Accepted 10.06.2025.

Neishtadt Ya.A., ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-7409-4685>  
Magerramov Sh.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2578-1558>  
Martsokha K.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2913-3766>

Popov N.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4099-9261>  
Kuklev E.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9686-9020>

Чума, природно-очаговая инфекция с высоким уровнем летальности, остается серьезной угрозой для здоровья населения в ряде регионов мира. Эффективное прогнозирование эпизоотических проявлений чумы имеет решающее значение для своевременного принятия профилактических и противоэпидемических мер. В связи с этим разработка и применение современных методов математического моделирования, позволяющих учитывать сложные взаимодействия между возбудителем, хозяевами и окружающей средой, являются актуальной научной задачей.

Движущей силой эпизоотического процесса является взаимодействие возбудителя-паразита и организма хозяев на популяционном уровне. Одно из простых определений эпизоотического процесса – непрерывная цепь последовательной смены паразитом (возбудителем) хозяев благодаря присущему ему механизму передачи возбудителя инфекции от больного животного к здоровому [1].

Одним из современных методов прогноза различных эпидемий является математическое моделирование, интерес к которому существенно возрос после пандемии COVID-19. Путем моделирования развития эпидемий можно не только сравнивать результативность различных мер вмешательства, но и более рационально распределять имеющиеся и, как правило, ограниченные ресурсы. Качественный прогноз распространения заболевания достижим только на основе адекватных математических моделей. Учитывая последние достижения в области математического и имитационного моделирования, формирование моделей, не обладающих такими ограничениями, является в настоящее время вполне реализуемой задачей [2].

В контексте биологических исследований математические модели играют ключевую роль, позволяя анализировать сложные процессы – от динамики популяций до распространения заболеваний. Для понимания биологических систем важно использование как системно-динамических, так и имитационных (агентных) моделей, с учетом их взаимодополняющего характера при изучении различных аспектов биологических процессов. При этом для более точного прогнозирования эпидемиологической обстановки исследователи все чаще обращаются к имитационному моделированию [3, 4].

Одним из видов имитационного моделирования, исследующим поведение децентрализованных агентов и влияние такого поведения на всю систему в целом, является агентное моделирование. Классическая агентная модель (далее – АМ) представляет собой искусственное общество, состоящее из индивидуу-

мов, созданных программным способом и взаимодействующих друг с другом в некоторой среде.

**Цель** исследования – разработка агентной модели эпизоотического процесса, основанной на анализе взаимодействия возбудителя и хозяев на популяционном уровне, для совершенствования методов прогнозирования распространения инфекционных заболеваний.

### Материалы и методы

В работе V.M. Dubyansky et al. [5] эпизоотический процесс моделируется на уровне колоний грызунов, где единицей модели является группа особей. Обсуждаемая в этом материале модель уточняет этот подход, рассматривая индивидуальных агентов – носителей (например, сусликов), переносчиков (блох) – и их взаимодействие друг с другом и с норами. Это позволяет анализировать внутривидовую динамику, включая механизмы передачи инфекции между отдельными особями, что особенно важно для изучения ранних стадий эпизоотии.

Рассматриваемая модель реализована на языке Python версии 3.9 с использованием специализированных библиотек: Pyglet (для визуализации агентов и среды), Numba (для оптимизации вычислений с помощью JIT-компиляции) и NumPy (для работы с массивами данных). Такой выбор инструментов обеспечивает баланс между производительностью и гибкостью при работе с большим количеством агентов.

В основе рассматриваемой модели лежит гипотеза о том, что локальное поведение агентов, работающих по своим собственным правилам, формирует глобальное поведение системы в целом. При описании агента задаются лишь локальные правила поведения, методы взаимодействия с другими агентами. При этом даже два-три простейших правила уже могут привести к весьма разнообразным формам поведения в группе агентов.

Разработка моделей распространения инфекций с использованием агентного подхода является популярным направлением, позволяющим имитировать динамику заболеваний на уровне отдельных индивидов и их взаимодействий. Некоторые работы демонстрируют разнообразие подходов и успешное применение имитационного моделирования для изучения различных аспектов распространения инфекций, включая учет пространственной структуры и поведения индивидов. Кроме того, мультиагентный подход активно применяется для моделирования распространения вирусов, что позволяет более детально изучить механизмы передачи инфекции [4, 6–8].

Реализуемая АМ включает в себя три независимых агента: «нора», «носитель» (например, суслик) и «переносчик» (блоха). В программном коде прописано, как агенты взаимодействуют между собой, например, при нахождении агента-носителя в норе происходит обмен эктопаразитами между агентами с определенной вероятностью, рассчитываемой в реальном времени из формулы, выведенной на основе статистических данных. Агенты-носители при контакте друг с другом также с определенной вероятностью могут обмениваться агентами-паразитами между собой. В данный момент модель осуществляет математические вычисления на центральном процессоре, за отрисовку модели на экране рабочей станции отвечает графический процессор, количество агентов в модели зависит от характеристик ЭВМ и доходит до десятков тысяч.

Агент-носитель имеет четыре возможных состояния: «здоров», «инфицирован», «погиб», «иммунный». Агент-переносчик имеет три возможных состояния: «здоров», «инфицирован», «блокированный». Переход между состояниями «инфицирован – погиб» у агента-носителя происходит с вероятностью:

$$A = B \cdot \sin(C \cdot 9) \cdot 100 (\%), \quad (1)$$

где  $B$  – случайное дробное число от 0 до 1;  $C$  – число тактов с момента перехода в состояние «инфицирован» (максимальное значение – случайное число в диапазоне  $15 \pm 5$ ).

Также из формулы (1) происходит вычисление вероятности перехода из состояния «здоров» в «инфицирован» у агента-переносчика.

При контакте агента-носителя с агентом-переносчиком в состоянии «блокированный» происходит «инфицирование» агента-носителя с вероятностью:

$$D = 40 + 10 \cdot E, \quad (2)$$

где  $E$  – число тактов (ходов) с момента перехода агента-паразита в состояние «блокированный», максимальное значение – 6.

Расчет вышеперечисленных процессов происходит раз в день. Длина дня в тактах может быть настроена пользователем, по умолчанию длится 480 тактов.

Используемые в модели формулы основаны на экспертной оценке и эмпирических данных, описывающих динамику заражения и гибели носителей чумы. Вероятностные параметры подобраны таким образом, чтобы отразить ключевые биологические закономерности, характерные для эпизоотического процесса. В дальнейшем планируется уточнение коэффициентов и пересмотр некоторых формул на основе реальных эпидемиологических данных для повышения точности модели.

Разработка агентной модели опиралась на системный подход, предусматривающий формирова-

ние многоуровневой системы целей и задач, согласованных с функциями, реализуемыми в программном коде. Основная цель модели – имитация эпизоотического процесса чумы – была разбита на подцели, включающие моделирование поведения агентов, их взаимодействий и распространения инфекции. Для каждой подцели определены соответствующие функции, реализующие конкретные механизмы и алгоритмы.

## Результаты и обсуждение

В зависимости от различных входных данных, настраиваемых пользователем, скорость и длительность одной итерации симуляции может отличаться. В симуляции с входными данными по умолчанию с момента зарождения эпизоотии и к моменту смерти всех агентов-носителей или смерти инфицированных агентов-паразитов проходит от 40 до 90 дней в зависимости от начальной популяции агентов-носителей и размера среды в клетках.

Входные данные состоят из скорости такта, длины дня в тактах, размера и шага сетки-среды, количества агентов-носителей, агентов-нор и агентов-переносчиков. В начале симуляции пользователь может задать начальное количество инфицированных агентов-переносчиков, после этого начинается симуляция, скорость зависит от мощности рабочей станции, на которой данную симуляцию запускают.

На рис. 1 представлен пример экстенсивной эпизоотии, изначальная популяция – 1000 агентов-носителей, заражение произошло у агента-переносчика на одном из агентов-носителей. Агент-нора отображен в виде квадрата, здоровый агент-носитель – круг, треугольник – «инфицированный», крестик – «мертвый», звезда – «иммунный» агент.

Модель работает на основе тактов, за каждый такт происходит расчет поведения агентов, их перемещение, обмен эктопаразитами и т.п. Скорость такта задается либо программно, либо вручную пользователем для простоты отладки модели и анализа происходящей эпизоотии. Агенты «нора» и «носитель» представлены графически в виде геометрических примитивов – синего квадрата и кругов разного цвета соответственно или в виде однотонных маркеров. От состояния агента-носителя зависит его цвет или вид графического примитива. Агент-переносчик визуально не отображается, но существует и учитывается как часть агента-норы или носителя.

На рис. 2 и 3 представлены некоторые результаты одной из симуляций. Изначальная популяция составила 1000 агентов-носителей, эктопаразитов – 25 220. Заражение произошло у агента-переносчика на агенте-носителе. Первое инфицирование агента-носителя произошло на 4-й день, пик пришелся на 21-й день и составил 128 инфицированных агентов-носителей одномоментно. На 49-й день все агенты-носители «приобрели иммунитет», всего 291 особь из 1000, 709 погибли. К этому момен-

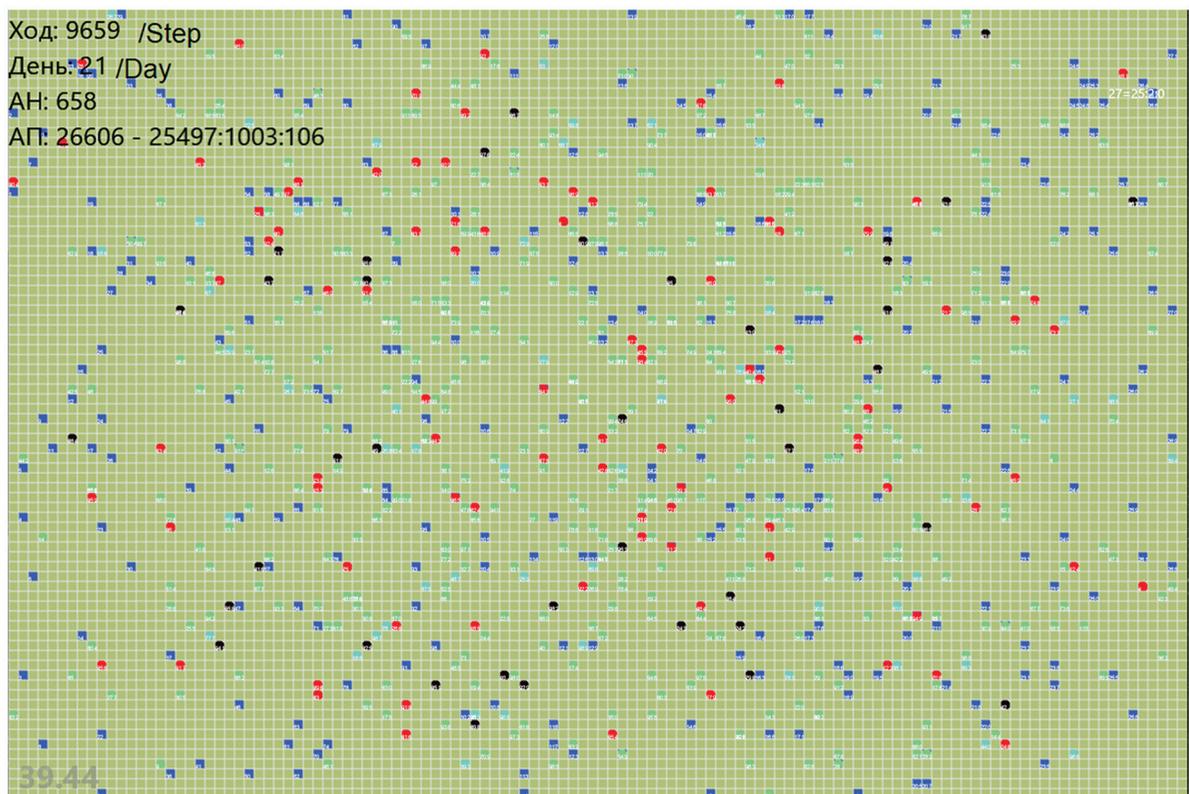


Рис. 1. Пример симуляции популяции в 1000 агентов-носителей на этапе экстенсивной эпизоотии

Fig. 1. An example of simulation of a population of 1000 carrier agents at the extensive epizootics stage

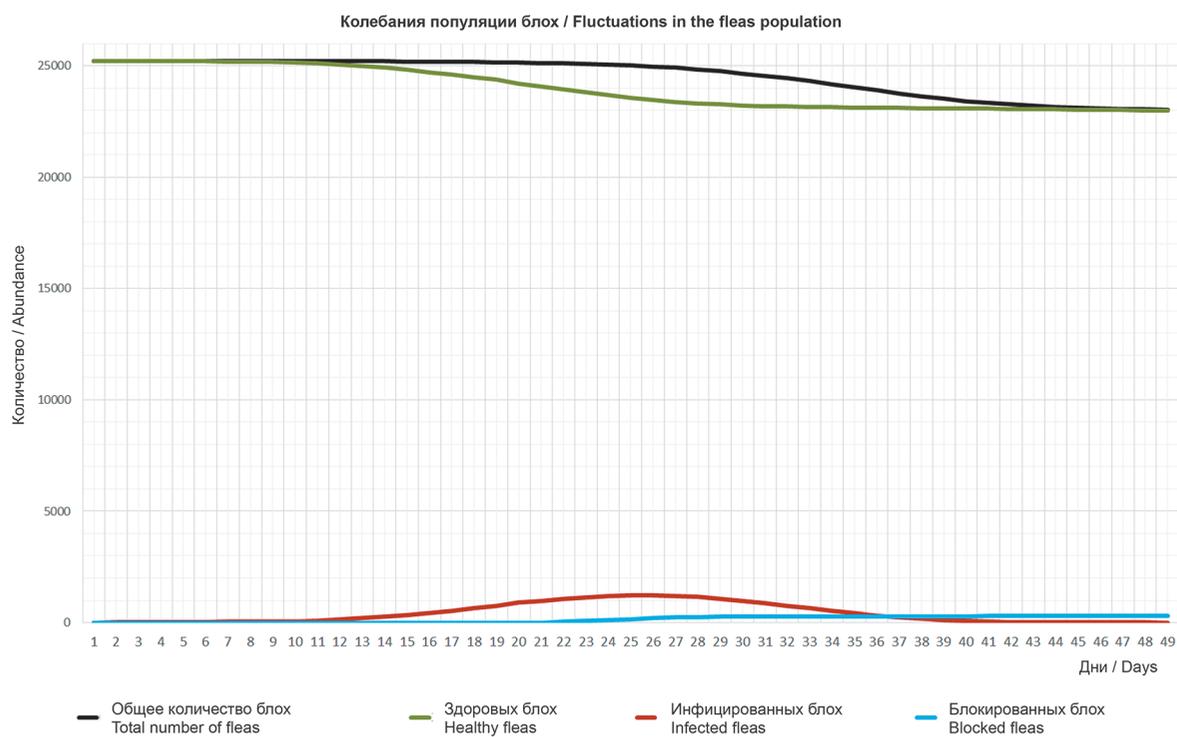


Рис. 2. Изменение популяции агента-переносчика в одной из симуляций

Fig. 2. The change in the population of the carrier agent in one of the simulations

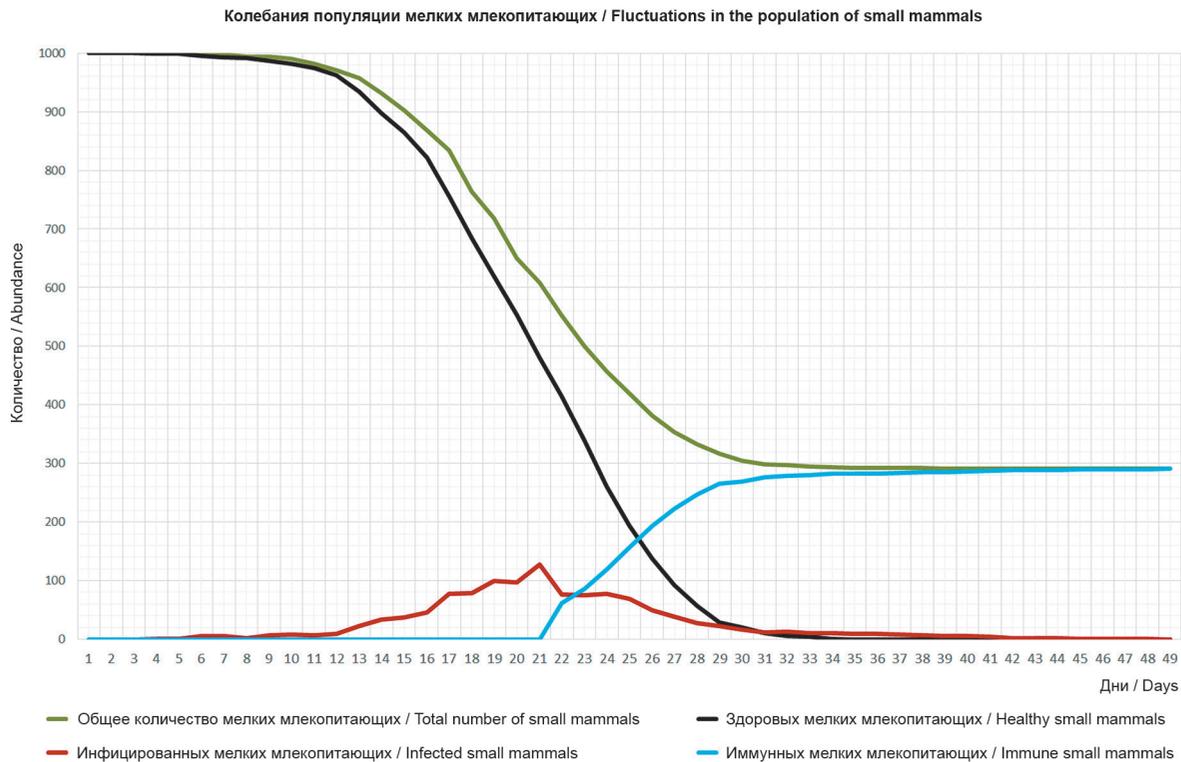


Рис. 3. Изменение популяции агента-носителя в одной из симуляций

Fig. 3. The change in the population of the carrier agent in one of the simulations

ту из 25 220 эктопаразитов выжило 22 990, и еще 39 заблокированных.

Увеличение начальной численности инфицированных блох приводит к более быстрому распространению инфекции и высокой смертности среди носителей, сокращая время достижения пика заболеваемости и увеличивая общую смертность. Например, при начальной инфицированности в 1 % пик смертности наблюдался на 65-й день симуляции с общей летальностью 40 %, а при 10 % – на 35-й день с общей летальностью 85 %. Более высокая плотность популяции носителей также ускоряет распространение инфекции и увеличивает показатель смертности. Изменение размеров территории показало, что на меньших территориях эпизоотия достигает своего пика быстрее, но общая летальность снижается за счет более быстрого «выгорания» очага. Модель демонстрирует чувствительность к изменениям параметров, что подчеркивает необходимость тщательной калибровки АМ на основе эмпирических данных. Анализ динамики изменения численности популяции носителей и блох, представленный графически (рис. 2 и 3), позволяет проследить весь процесс развития эпизоотии и выделить критические точки. Модель демонстрирует удовлетворительную вычислительную эффективность, позволяя проводить симуляции с большим количеством агентов за время, как правило, не превышающее нескольких минут на современных компьютерах.

Имитационное моделирование в контексте инфекционных заболеваний предоставляет возмож-

ность исследовать широкий спектр процессов – от популяционной динамики до взаимодействия иммунных систем. Некоторые исследования по теме рассматривают важность учета популяционных моделей и моделей иммунных процессов при агентном моделировании инфекционных заболеваний, что позволяет получить более полную картину распространения болезней. Также исследования в области имитационного моделирования динамики вирусных инфекций подчеркивают потенциал этого подхода для изучения сложных процессов взаимодействия вируса и организма [9, 10]. Важно отметить, что при моделировании распространения инфекций учитывается не только сам процесс заражения, но и такие аспекты, как лечение и его влияние на динамику эпидемии [11].

В отличие от существующих агентных моделей, оперирующих колониями грызунов как единым целым [5], разработанная нами трехагентная система позволяет углубить анализ до уровня отдельных особей – носителей и переносчиков. Такой подход обеспечивает более детальное моделирование механизмов передачи инфекции внутри колонии. Помимо этого, модель позволяет масштабировать имитируемую среду – от моделирования отдельных колоний до анализа взаимодействия между несколькими колониями. При этом модель сохраняет вычислительную эффективность, позволяя работать с популяциями в десятки тысяч агентов на стандартном оборудовании. Ключевое преимущество предлагаемого подхода – возможность изучать как внутреннюю ди-

намику отдельных колоний, так и межколониальные процессы распространения инфекции.

Первоначальные результаты демонстрируют правдоподобную динамику распространения инфекции, но для точного и достоверного прогнозирования необходимы дальнейшие усовершенствования и валидация на реальных данных. Модель, основанная на взаимодействии трех агентов – «нора», «носитель» (суслик) и «переносчик» (блоха), отличается простотой и понятностью, что позволяет сосредоточиться на основных механизмах передачи инфекции. Ее гибкость обеспечивается возможностью настройки различных параметров, таких как скорость такта, длительность дня, размер среды, начальное количество агентов и степень зараженности, что позволяет изучать влияние различных факторов на динамику эпизоотии. Визуализация результатов симуляции упрощает интерпретацию данных. Использование графического процессора для визуализации позволяет проводить симуляции с большим количеством агентов, повышая реалистичность. Однако модель основана на упрощающих предположениях и не учитывает пространственную неоднородность среды, поведенческие особенности животных, влияние климатических факторов, иммунитет, сезонные колебания численности грызунов, различные штаммы возбудителя и другие факторы, влияющие на распространение чумы. Некоторые параметры модели, определенные упрощенными формулами, требуют корректировки на основе реальных данных. Модель нуждается в тщательной валидации на реальных данных об эпизоотиях чумы для оценки точности прогнозов и выявления необходимых улучшений. Авторами планируется добавление симуляции поведенческих особенностей агентов-носителей, таких как точки интереса, точки опасности, реакция на погоду, размножение и расселение. Помимо этого, планируется учитывать сезонные и суточные колебания, в том числе колебания температуры окружающей среды, которая не в последнюю очередь влияет на размножение и шанс образования блока у эктопаразитов [10, 12].

В контексте моделирования медицинских систем исследования показывают, что построение детальных моделей агента «Пациент» является важным этапом в разработке агентно-ориентированных моделей функционирования медицинских центров в условиях пандемий, подчеркивая важность учета индивидуальных особенностей при моделировании систем здравоохранения [13]. При этом сравнение системно-динамического и агентного подходов в моделировании эпидемий, проведенное в некоторых работах, позволяет выявить их сильные и слабые стороны [14]. Таким образом, разработанная имитационная модель представляет ценный инструмент для изучения динамики распространения чумы, но требует дальнейшей разработки и валидации для повышения точности и практической значимости. Модель может быть использована для анализа цир-

куляции возбудителя в природных очагах чумы, прогнозирования эпизоотий на территориях, постоянный мониторинг которых невозможен или затруднен, но имеется достаточно входных данных для применения агентной модели. Рассматриваемую математическую модель можно масштабировать и применять не только для локальных вспышек, но и симуляции эпизоотических процессов на больших территориях, моделирующих целые очаги.

Анализ чувствительности и идентифицируемости математических моделей является крайне важным этапом для повышения точности прогнозирования эпидемических проявлений, особенно в контексте таких сложных заболеваний, как COVID-19. Эти исследования указывают на необходимость тщательной калибровки моделей и анализа их чувствительности к изменениям параметров для обеспечения надежных результатов [15]. Помимо этого, исследования в области имитационного моделирования и прогнозирования эпидемиологической обстановки и применения математического моделирования к исследованию распространения эпидемий также подчеркивают важность данных подходов [4, 16]. Стоит также отметить работы, посвященные оценке риска и прогнозированию эпидемиологической ситуации, такие как модель для прогнозирования Крымской-Конго геморрагической лихорадки, а также исследования, посвященные анализу влияния глобальных вызовов на показатели здоровья населения и систему здравоохранения, которые подчеркивают актуальность и практическую значимость моделирования эпидемий [17, 18]. Наконец, исследования в области методов имитационного моделирования процессов распространения эпидемии и мультиагентного моделирования предоставляют ценные инструменты для анализа и прогнозирования развития эпидемий [4, 19, 20].

**Конфликт интересов.** Авторы подтверждают отсутствие конфликта финансовых/нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи.

**Финансирование.** Авторы заявляют об отсутствии дополнительного финансирования при проведении данного исследования.

#### Список литературы

1. Слудский А.А. Эпизоотология чумы (обзор исследований и гипотез). Ч. 1. Саратов; 2014. 313 с. (Деп. в ВИНТИ РАН 11.08.2014, № 231-B2014). [Электронный ресурс]. URL: [www.microbe.ru/deponir/](http://www.microbe.ru/deponir/).
2. Аль-Азази А.А., Масленников Б.И. Системно-динамическая имитационная модель распространения эпидемии. *Интернет-журнал «Науковедение»*. 2014; (1). [Электронный ресурс]. URL: <https://znanium.com/catalog/product/476067>.
3. Grimm V., Berger U., Bastiansen F., Eliassen S., Ginot V., Giske J., Goss-custard J., Grand T., Heinz S.K., Huse G., Huth A., Jepsen J.U., Jørgensen C., Mooi, W.M., Muller B., Peer G., Piou C., Railsback S.F., Robbins A.M., Robbins M.M., Rossmannith E., Ruger N., Strand E., Souissi S., Stillman R.A., Vabø R., Visser U., Deangelis D.L. A standard protocol for describing individual-based and agent-based models. *Ecological Modelling*. 2006; 198(1-2):115–26. DOI: 10.1016/j.ecolmodel.2006.04.023.
4. Lorig F., Johansson E., Davidsson P. Agent-based social simulation of the COVID-19 Pandemic: A Systematic Review. *J. Artif. Soc. Soc. Simul.* 2021; 24(3):5. DOI: 10.18564/jasss.4601.
5. Dubyansky V.M., Burdelov L.A., Barkley J.L. Introduction to the computer modeling of the plague epizootic process.

In: Kongoli F., editor. Automation. InTech; 2012. Chapter 8. P. 149–70. DOI: 10.5772/48011.

6. Chao D.L., Halloran M.E., Obenchain V.J., Longini I.M. Jr. FluTE, a publicly available stochastic influenza epidemic simulation model. *PLoS Comput. Biol.* 2010; 6(1):e1000656. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1000656.

7. Ковалев С.В., Рюмин Н.Н., Ковалева О.А., Сидляр М.Ю., Хромова Т.А. Мультиагентное моделирование распространения эпидемий. *Вестник Технологического университета.* 2021; 24(1):91–7.

8. Ульбин А.В., Арзамасцев А.А. Имитационное моделирование развития инфекции с использованием агентного подхода. *Вестник Тамбовского университета. Серия: Естественные и технические науки.* 2010; 15(2):614–9.

9. Nagarajan K., Ni C., Lu T. Agent-based modeling of microbial communities. *ACS Synth. Biol.* 2022; 11(11):3564–74. DOI: 10.1021/acssynbio.2c00411.

10. Литвинова Е.А., Литвинов М.Н. Экспериментальное изучение некоторых особенностей биологии одного из массовых видов блох (*Siphonaptera*) грызунов (*Rodentia*) Приморского края *Neopsylla bidentatifformis* Wagn., 1893. *Вестник ИРГСА.* 2016; 73:55–62.

11. Махмудов Р.Ш., Корчевская О.В. Моделирование распространения неизвестной инфекции. Модель с лечением. В кн.: Решетневские чтения: Материалы XXV Международной научно-практической конференции, посвященной памяти генерального конструктора ракетно-космических систем академика М.Ф. Решетнева. Красноярск; 2021. Ч. 2. С. 238–9.

12. Бибикова В.А., Алексеев А.Н. Заражённость и блокообразование в зависимости от количества попавших в блох микробов чумы. *Паразитология.* 1969; 3(3):196–202.

13. Балута В.И., Титов Ю.П. Построение модели агента «Пациент» для агентно-ориентированной модели функционирования медицинского центра в условиях пандемии. В кн.: Физико-техническая информатика (СРТ2021-2022): Материалы Международной конференции (Пушино, 16–20 мая 2022 г.). Нижний Новгород; Москва; Пушино; 2022. С. 200–209. DOI: 10.54837/9785604289174\_200.

14. Денисова Е.А., Уразбахтина Ю.О. Сравнительный анализ системно-динамического и агентного подхода при моделировании эпидемии вируса Коксаки. *Современные научные исследования и разработки.* 2018; 2(5):206–9.

15. Криворотко О.И., Кабанихин С.И., Сосновская М.И., Андорная Д.В. Анализ чувствительности и идентифицируемости математических моделей распространения эпидемии COVID-19. *Вавиловский журнал генетики и селекции.* 2021; 25(1):82–91. DOI: 10.18699/VJ21.010.

16. Котова А.В., Ксенюфтонова О.Л. Применение математического моделирования к исследованию распространения эпидемий. *Сборник научных трудов вузов России «Проблемы экономики, финансов и управления производством».* 2022; 50:173–6.

17. Dubyanskiy V.M., Prisleгина D.A., Kulichenko A.N. Risk-oriented model for predicting epidemiological situation with Crimean-Congo hemorrhagic fever (on the example of Stavropol region). *Health Risk Analysis.* 2018; (1):13–21. DOI: 10.21668/health.risk/2018.1.02.eng.

18. Орлов С.А., Александрова О.Ю., Горенков Р.В., Васильева Т.П., Зудин А.Б. Методологические и методические подходы к оценке влияния глобальных вызовов на показатели здоровья населения и систему здравоохранения. *Менеджер здравоохранения.* 2023; (8):4–16. DOI: 10.21045/1811-0185-2023-8-4-16.

19. Hunter E., Mac Namee B., Kelleher J. An open-data-driven agent-based model to simulate infectious disease outbreaks. *PLoS One.* 2018; 13(12):e0208775. DOI: 10.1371/journal.pone.0208775.

20. Eubank S., Guclu H., Kumar V.S., Marathe M.V., Srinivasan A., Toroczkai Z., Wang N. Modelling disease outbreaks in realistic urban social networks. *Nature.* 2004; 429(6988):180–4. DOI: 10.1038/nature02541.

## References

1. Sludsky A.A. [Epizootiology of Plague (Review of Studies and Hypotheses). Part 1]. Saratov; 2014. 313 p. (Deposited into RAS All-Russian Institute of Scientific and Technical Information on 11 Aug 2014, No. 231-B2014). [Internet]. Available from: www.microbe.ru/deponir/.

2. Al-Azazi A.A., Maslennikov B.I. [System-dynamic simulation model of the spread of an epidemic]. *Internet Journal “Science Studies”.* 2014; (1). [Internet]. Available from: https://znanium.com/catalog/product/476067.

3. Grimm V., Berger U., Bastiansen F., Eliassen S., Ginot V., Giske J., Goss-custard J., Grand T., Heinz S.K., Huse G., Huth A., Jepsen J.U., Jørgensen C., Mooi, W.M., Muller B., Peer G., Piou C., Railsback S.F., Robbins A.M., Robbins M.M., Rossmanith E., Ruger N., Strand E., Souissi S., Stillman R.A., Vabø R., Visser U., Deangelis D.L. A standard protocol for describing individual-based and agent-

based models. *Ecological Modelling.* 2006; 198(1-2):115–26. DOI: 10.1016/j.ecolmodel.2006.04.023.

4. Lorig F., Johansson E., Davidsson P. Agent-based social simulation of the COVID-19 Pandemic: A Systematic Review. *J. Artif. Soc. Soc. Simul.* 2021; 24(3):5. DOI: 10.18564/jasss.4601.

5. Dubyanskiy V.M., Burdelov L.A., Barkley J.L. Introduction to the computer modeling of the plague epizootic process. In: Kongoli F., editor. Automation. InTech; 2012. Chapter 8. P. 149–70. DOI: 10.5772/48011.

6. Chao D.L., Halloran M.E., Obenchain V.J., Longini I.M. Jr. FluTE, a publicly available stochastic influenza epidemic simulation model. *PLoS Comput. Biol.* 2010; 6(1):e1000656. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1000656.

7. Kovalev S.V., Ryumin N.N., Kovaleva O.A., Sidlyar M.Yu., Khromova T.A. [Multi-agent modeling of the spread of epidemics]. *Vestnik Tekhnologicheskogo Universiteta [Bulletin of the Technological University].* 2021; 24(1):91–7.

8. Ulybin A.V., Arzamastsev A.A. [Simulation modeling of infection development using an agent-based approach]. *Vestnik Tambovskogo Universiteta. Seriya: Estestvennye i Tekhnicheskie Nauki [Bulletin of Tambov University. Series: Natural and Technical Sciences].* 2010; 15(2):614–9.

9. Nagarajan K., Ni C., Lu T. Agent-based modeling of microbial communities. *ACS Synth. Biol.* 2022; 11(11):3564–74. DOI: 10.1021/acssynbio.2c00411.

10. Litvinova E.A., Litvinov M.N. [Experimental study of some features of biology of one of the mass species of fleas (*Siphonaptera*) of rodents (*Rodentia*) of Primorsky Territory *Neopsylla bidentatifformis* Wagn., 1893]. *Vestnik IrGSHA.* 2016; 73:55–62.

11. Makhmudov R.Sh., Korchevskaya O.V. [Modeling the spread of an unknown infection. Model with treatment]. In: [Reshetnev Readings: Proceedings of the XXV International Scientific and Practical Conference Dedicated to the Memory of the General Designer of Rocket and Space Systems, Academician M.F. Reshetnev]. Krasnoyarsk; 2021. Part 2. P. 238–9.

12. Bibikova V.A., Alekseev A.N. [Infection and block formation depending on the number of plague microbes that entered fleas]. *Parazitologiya [Parasitology].* 1969; 3(3):196–202.

13. Baluta V.I., Titov Yu.P. [Construction of an agent model, the “Patient”, for an agent-oriented simulation of functioning of a medical center under a pandemic]. In: [Physical and Technical Informatics (CPT2021-2022): Proceedings of the International Conference (Pushchino, May 16–20, 2022)]. Nizhny Novgorod; Moscow; Pushchino; 2022. P. 200–209. DOI: 10.54837/9785604289174\_200.

14. Denisova E.A., Urazbakhtina Yu.O. [Comparative analysis of system-dynamic and agent-based approaches in modeling the Coxsackie virus epidemic]. *Sovremennye Nauchnye Issledovaniya i Razrabotki [Modern Scientific Research and Developments].* 2018; 2(5):206–9.

15. Krivorotko O.I., Kabanikhin S.I., Sosnovskaya M.I., Andornaya D.V. [Analysis of sensitivity and identifiability of mathematical models of the spread of the COVID-19 epidemic]. *Vavilovskiy Zhurnal Genetiki i Selekcii [Vavilov Journal of Genetics and Selection].* 2021; 25(1):82–91. DOI: 10.18699/VJ21.010.

16. Kotova A.V., Ksenofontova O.L. [Application of mathematical modeling to the study of the spread of epidemics]. *Collection of scientific papers of Russian universities “Problems of Economics, Finance and Production Management”.* 2022; 50:173–6.

17. Dubyanskiy V.M., Prisleгина D.A., Kulichenko A.N. Risk-oriented model for predicting epidemiological situation with Crimean-Congo hemorrhagic fever (on the example of Stavropol region). *Health Risk Analysis.* 2018; (1):13–21. DOI: 10.21668/health.risk/2018.1.02.eng.

18. Орлов С.А., Александрова О.Ю., Горенков Р.В., Васильева Т.П., Зудин А.Б. [Methodological and technical approaches to assessing the impact of global challenges on population health indicators and the healthcare system]. *Manager Zdravoohraneniya.* 2023; (8):4–16. DOI: 10.21045/1811-0185-2023-8-4-16.

19. Hunter E., Mac Namee B., Kelleher J. An open-data-driven agent-based model to simulate infectious disease outbreaks. *PLoS One.* 2018; 13(12):e0208775. DOI: 10.1371/journal.pone.0208775.

20. Eubank S., Guclu H., Kumar V.S., Marathe M.V., Srinivasan A., Toroczkai Z., Wang N. Modelling disease outbreaks in realistic urban social networks. *Nature.* 2004; 429(6988):180–4. DOI: 10.1038/nature02541.

## Authors:

Neishadai Ya.A., Magerramov Sh.V., Martsokha K.S., Popov N.V., Kuklev E.V. Russian Research Anti-Plague Institute “Microbe”. 46, Universitetskaya St., Saratov, 410005, Russian Federation. E-mail: rusrapi@microbe.ru.

## Об авторах:

Нейштадт Я.А., Магеррамов Ш.В., Марцоха К.С., Попов Н.В., Куклев Е.В. Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб». Российская Федерация, 410005, Саратов, ул. Университетская, 46. E-mail: rusrapi@microbe.ru.