

DOI: 10.21055/0370-1069-2025-3-57-67

УДК 616-036.22:004.9

А.Н. Куличенко¹, С.С. Завгородний², Е.В. Чехвалова³, Е.А. Манин¹, А.С. Волынкина¹,
В.М. Дубянский¹, Ф.В. Логвин⁴, Л.И. Жукова⁵

Современные информационные и молекулярные технологии в практике эпидемиологического надзора за природно-очаговыми инфекциями

¹ФКУЗ «Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт», Ставрополь, Российская Федерация;

²Территориальный отдел управления Роспотребнадзора по Краснодарскому краю в Выселковском, Усть-Лабинском, Кореновском, Динском районах, ст. Выселки, Российская Федерация; ³Сочинский филиал ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Краснодарском крае», Сочи, Российская Федерация; ⁴ФГБОУ ВО «Ростовский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации, Ростов-на-Дону, Российская Федерация;

⁵ФГБОУ ВО «Кубанский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации, Краснодар, Российская Федерация

Актуальность представленной работы обусловлена необходимостью совершенствования эпидемиологического надзора за природно-очаговыми инфекциями, представляющими серьезную угрозу здоровью и благополучию человека как в Российской Федерации, так и во всем мире. Урбанизация и освоение территории природных очагов с хозяйственной целью, нарушение экосистем в целом приводят к потере среды обитания для многочисленных видов диких животных и вынуждают их контактировать с людьми и домашними животными, способствуя тем самым распространению заболеваний среди них, а также последующей трансформации природных очагов в антропогенные. В связи с этим важным является вопрос внедрения новейших научных методов и достижений в практику санитарно-эпидемиологической службы нашей страны. Настоящее исследование рассматривает современные методы и технологические решения, имеющие большой потенциал для расширения возможностей эпидемиологического надзора (эпидемиологического и эпизоотологического мониторинга), а также создания систем реагирования на возникающие угрозы санитарно-эпидемиологического характера, в том числе географические информационные системы, использующиеся для визуализации данных, анализа пространственно-временных взаимосвязей и прогнозирования зон риска; дистанционное зондирование Земли, позволяющее собирать данные о состоянии окружающей среды с использованием спутников и беспилотных летательных аппаратов, что важно для анализа циркуляции инфекций; геномный эпидемиологический надзор, позволяющий выявить генетические варианты возбудителей инфекций, изучить их эволюцию и определить эпидемиологическую значимость; аналитику больших данных, обеспечивающую обработку информации для своевременного распознавания вспышек инфекций; искусственный интеллект и машинное обучение, автоматизирующие анализ данных и улучшающие точность прогнозов; интернет вещей, предоставляющий данные в реальном времени для непрерывного мониторинга параметров окружающей среды и здоровья человека.

Ключевые слова: информационные технологии, молекулярные технологии, природно-очаговые инфекции, совершенствование эпидемиологического надзора.

Корреспондирующий автор: Манин Евгений Анатольевич, e-mail: relax27@yandex.ru.

Для цитирования: Куличенко А.Н., Завгородний С.С., Чехвалова Е.В., Манин Е.А., Волынкина А.С., Дубянский В.М., Логвин Ф.В., Жукова Л.И. Современные информационные и молекулярные технологии в практике эпидемиологического надзора за природно-очаговыми инфекциями. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2025; 3:57–67. DOI: 10.21055/0370-1069-2025-3-57-67

Поступила 05.06.2025. Отправлена на доработку 01.08.2025. Принята к публикации 15.09.2025.

A.N. Kulichenko¹, S.S. Zavgorodny², E.V. Chekhvalova³, E.A. Manin¹, A.S. Volynkina¹,
V.M. Dubyansky¹, F.V. Logvin⁴, L.I. Zhukova⁵

Modern Information and Molecular Technologies in the Practice of Epidemiological Surveillance of Natural Focal Infections

¹Stavropol Research Anti-Plague Institute, Stavropol, Russian Federation;

²Territorial Department of the Rospotrebnadzor Office for the Krasnodar Territory in Vyselkovsky, Ust-Labinsky, Korenovsky, Dinsky districts, Vyselki village, Russian Federation;

³Sochi Branch of the Center for Hygiene and Epidemiology in the Krasnodar Territory, Sochi, Russian Federation;

⁴Rostov State Medical University of the Ministry of Health of the Russian Federation, Rostov-on-Don, Russian Federation;

⁵Kuban State Medical University of the Ministry of Health of the Russian Federation, Krasnodar, Russian Federation

Abstract. The relevance of the presented work is due to the need to improve epidemiological surveillance of natural focal infections, which pose a serious threat to human health and well-being both in the Russian Federation and around the world. Urbanization and development of the territory of natural foci for economic purposes, disruption of ecosystems as a whole leads to the loss of habitat for numerous species of wild animals and forces them to come into contact with humans and domestic animals, thereby contributing to the spread of diseases among them, as well as the subsequent transformation of natural foci into anthropogenic ones. In this regard, it is important to introduce the latest scientific methods and achievements into the practice of the sanitary and epidemiological service of our country. This study examines modern methods and technological solutions that have great potential for expanding the capabilities of epidemiological surveillance (epidemiological and epizootiological monitoring), as well as creating systems to respond to emerging threats of a sanitary and epidemiological nature, including geographic information systems used for data visualization, analysis

of spatial and temporal relationships and forecasting risk areas; remote sensing of the Earth, which allows collecting data on the state of the environment using satellites and unmanned aerial vehicles, which is important for analyzing the circulation of infections; genomic epidemiological surveillance, which allows identifying genetic variants of infectious agents, studying their evolution and determining their epidemiological significance; big data analytics – provides information processing for timely detection of outbreaks of infections; artificial intelligence and machine learning – automate data analysis and improve forecast accuracy; the Internet of Things provides real-time data for continuous monitoring of environmental parameters and human health.

Key words: information technologies, molecular technologies, natural focal infections, improvement of epidemiological surveillance.

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

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

Corresponding author: Evgeny A. Manin, e-mail: relax27@yandex.ru.

Citation: Kulichenko A.N., Zavgorodny S.S., Chekhvalova E.V., Manin E.A., Volynkina A.S., Dubyansky V.M., Logvin F.V., Zhukova L.I. Modern Information and Molecular Technologies in the Practice of Epidemiological Surveillance of Natural Focal Infections. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2025; 3:57–67. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2025-3-57-67

Received 05.06.2025. Revised 01.08.2025. Accepted 15.09.2025.

Kulichenko A.N., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9362-3949>
Chekhvalova E.V., ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-1428-6044>
Manin E.A., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8163-7844>
Volynkina A.S., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5554-5882>

Dubyansky V.M., ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3817-2513>
Logvin F.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4410-1677>
Zhukova L.I., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5306-2956>

Природно-очаговые инфекции (ПОИ) – болезни, возбудители которых способны неопределенно долго циркулировать в природных биоценозах за счет непрерывного эпизоотического процесса среди животных. Эти инфекционные заболевания представляют серьезную угрозу здоровью и благополучию человека во всем мире [1].

Активное заселение, хозяйственное освоение территории природных очагов, изменение климата, приводящие к расширению их площади, являются факторами, повышающими риск осложнения эпидемиологической ситуации по этим инфекциям.

Глобальные изменения окружающей среды привели к нарушению экосистем, которые оказывают существенное влияние на здоровье человека и животных. Например, глобальное потепление привело к увеличению зоны жизнедеятельности некоторых видов мелких млекопитающих и комаров, что напрямую увеличивает риск распространения ПОИ, носителями и переносчиками которых они являются [2]. Кроме того, деградация экосистем (активное освоение новых территорий в качестве рекреационных зон, вырубка лесов с последующей застройкой, распашка целинных земель) приводит к потере среды обитания для многочисленных видов диких животных и вынуждает их контактировать с людьми и домашними животными, способствуя тем самым распространению заболеваний среди них, а также последующей трансформации природных очагов в антропогенные [3].

В связи с вышеизложенным важным является вопрос совершенствования мониторинга ПОИ и молекулярного анализа их возбудителей. Поэтому важной задачей остается создание надежных систем эпидемиологического надзора и реагирования, которые позволят эффективно определить микробный пейзаж территории, осуществлять быстрый эпидемиологический анализ и принимать противоэпидемические меры при возникновении атипичных вариантов патогенов [4].

Современные методологии и решения имеют большой потенциал для расширения возможностей эпидемиологического мониторинга и создания систем реагирования на возникающие угрозы эпидемиологического характера [5]. Достижения в области информационных и молекулярных технологий демонстрируют хорошие результаты в качестве реальных подходов для усиления эпидемиологического надзора за ПОИ, однако требуют более детального изучения и обобщения результатов с целью установления их эффективности и практической значимости.

В представленном исследовании рассмотрены современные методические подходы для решения эпидемиологических задач: географические информационные системы (ГИС) и пространственный анализ, дистанционное зондирование Земли (ДЗЗ), геномный эпидемиологический надзор, а также применение аналитики больших данных, искусственного интеллекта, машинного обучения, интернета вещей (Internet of Things, IoT).

Географические информационные системы. ГИС – это относительно новая междисциплинарная область, возникшая в конце 1960-х гг., объединяющая различные дисциплины, такие как география, статистика, информатика, геодезия, и основанная на теоретических методах и технологических средствах для сбора, хранения, управления, анализа и отображения географической информации [6]. При этом информационные технологии используются для цифрового описания и количественного анализа различных географических элементов и явлений, определяя пространственно-временные взаимосвязи между географическими элементами [7].

С появлением современных ГИС совершенствование эпидемиологического надзора с их применением включало два направления.

Первое – внедрение в практику эпидемиологического надзора так называемых «настольных» ГИС. Результаты исследования оформляются в виде рабо-

чих карт, атласов и т.п. В настоящее время в качестве доступных примеров «настоельных» ГИС в нашей стране можно представить «Эпидемиологический атлас Приволжского федерального округа (ПФО)», где визуализирована информация по инфекционным и паразитарным болезням в субъектах ПФО, электронную карту «ГИС Универсиада», интерактивную карту «Управление оздоровительными мероприятиями в Горно-Алтайском высокогорном природном очаге чумы» (Республика Алтай, 2016 г.).

Второе направление – создание и внедрение в работу онлайн ГИС-порталов, позволяющих в режиме реального времени обрабатывать данные параллельно нескольким пользователям, что дает возможность сократить сроки обобщения, анализа и обработки информации до минимума.

В качестве примера можно привести разработанный в период подготовки и проведения XXII Олимпийских зимних игр и XI Паралимпийских зимних игр 2014 г. в г. Сочи ГИС-портал «Система поддержки принятия решений на основе геоинформационных систем при санитарно-эпидемиологическом надзоре», использовавшийся для сбора и анализа данных санитарного и эпидемиологического мониторинга, определения логистики движения исследуемого материала и рациональной загрузки лабораторий [8].

С целью оценки риска распространения комаров *Aedes albopictus*, а также оценки эффективности инсектицидных работ в Сочи был разработан и в настоящее время функционирует ГИС-портал «ZikaMap», созданный на платформе GoogleMap и ArcGis.

Использование «ZikaMap» при осуществлении эпидемиологического мониторинга за комарами позволило решить следующие задачи:

- отображать на карте в онлайн-режиме результаты учета комаров (в том числе рода *Aedes*), места проведения инсектицидных работ;
- получать совокупную базу данных о проведенных работах (таблицы с результатами учета комаров и дезинфекционных обработок);
- проводить анализ данных как в табличном, так и в графическом вариантах, что обеспечивает оперативность и адресность при принятии управленческих решений.

ГИС нашли свое применение в моделировании зон риска возникновения зоонозных и природно-очаговых инфекционных болезней. Разработана и представлена модель ранжирования территории Сочи по риску заражения людей геморрагической лихорадкой с почечным синдромом (ГЛПС). При этом использована методика комплексного применения математического моделирования, реализованная в программах MaxEnt и ArcGIS, позволяющая проводить обработку зоолого-паразитологических данных (положительные находки по ГЛПС) в совокупности с биоклиматическими данными обследуемой территории. Сочетание двух программ позволило получить новые, более детальные с пространственной точки

зрения данные о границах потенциально опасных по ГЛПС участков региона (г. Сочи) [9].

Дистанционное зондирование Земли из космоса и с помощью беспилотных летательных аппаратов. Под технологией дистанционного зондирования понимается метод сбора информации о цели с помощью различных датчиков без непосредственного контакта с объектом. В основном это обнаружение электромагнитного излучения в различных областях электромагнитного спектра с помощью приборов, размещенных на летательных аппаратах и спутниковых платформах, для получения информации об измеряемом объекте [10]. Дистанционное зондирование широко используется в сельском хозяйстве, для мониторинга окружающей среды и т.д. [11]. Сегодня активно функционирует система непрерывного наблюдения за Землей для поддержки исследований в области наук о Земле, мониторинга глобальных изменений климата и других целей.

Спутниковые снимки, полученные по результатам дистанционного зондирования Земли, являются очень перспективными инструментами для мониторинга и контроля за ПОИ. Эти технологии обеспечивают комплексную картину окружающей среды в режиме реального времени, позволяя отслеживать перемещение и распространение носителей и переносчиков болезней [12].

Например, использование данных дистанционного зондирования для выявления экологических факторов риска для переносимых комарами заболеваний в различных географических зонах помогло понять, как растительный покров и окружающая среда влияют на распространение трансмиссивных болезней [13]. Н.С. Cunha et al. разработали модель на основе дистанционного зондирования и алгоритмов глубокого обучения для борьбы с *Aedes aegypti* и лихорадкой денге в г. Кампинас, Бразилия [14]. Они использовали беспилотные летательные аппараты для получения изображений с целью обнаружения емкостей с водой, установленных на крышах домов и бассейнов, как потенциальных мест размножения *Ae. aegypti*. Кроме того, была использована математическая модель, оценивающая соотношение контейнеров для воды (бассейнов) на квадратный километр в каждом исследуемом районе. Эта информация оказала важную роль при планировании противоэпидемических мероприятий, поскольку помогла выявить районы с высоким распространением *Ae. aegypti* и, как следствие, определить регионы с высоким риском распространения заболевания [14].

Применительно к очагам особо опасных инфекций, в частности чумы, данные ДЗЗ использовали в ходе выполнения нескольких международных проектов в Республике Казахстан. Накопленный опыт работы с данными ДЗЗ в оптическом диапазоне обобщен В.М. Дубянским [15]. Предложен следующий алгоритм (рисунок): пока эпизоотия не зафиксирована, информационный поток и оперативное управление обследованием будут идти по «малому

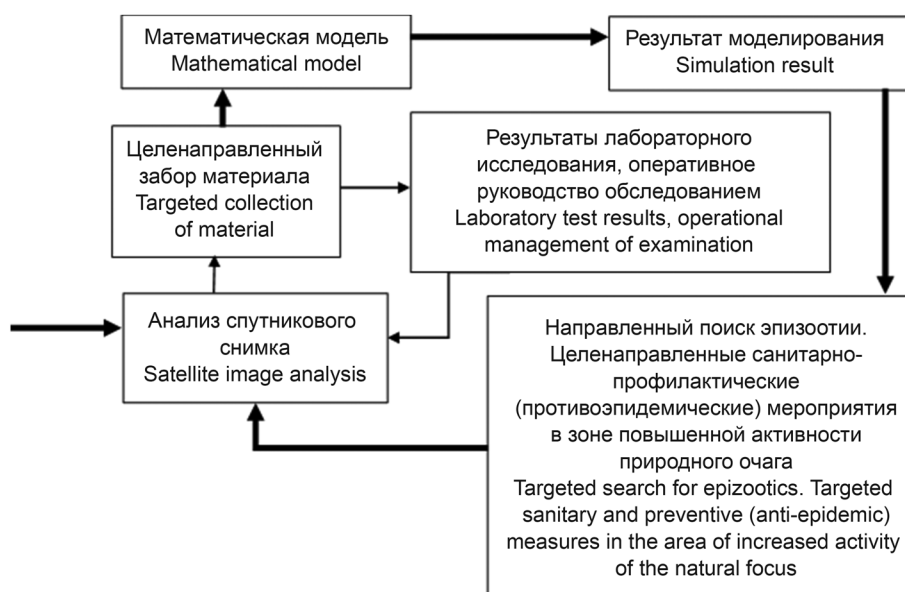


Схема совершенствования эпидемиологического надзора с использованием ГИС и ДЗЗ. Тонкая стрелка – малый контур. Толстая стрелка – большой контур

Scheme for improving surveillance using GIS and remote sensing. A thin arrow is a small contour. A thick arrow is a large outline

контур». При обнаружении норы или группы нор, вовлеченных в эпизоотический процесс, управление обследованием переходит на «большой» контур.

Спутниковые метеорологические данные NDVI, Normalized difference vegetation index) использованы для разработки прогнозных моделей заболеваемости Крымской геморрагической лихорадкой (КГЛ) [16]. Анализировали 169 параметров окружающей среды, полученных при спутниковом мониторинге. «Объясняющие» и прогнозны модели позволяют оценить эпидемический потенциал территории по КГЛ.

Кроме спутниковых снимков для эпидемиологического надзора за чумой в оптическом диапазоне используются снимки беспилотного летательного аппарата (БПЛА) [17]. На основе полученных данных мониторинг в природных очагах чумы осуществляется целенаправленно и с большей эффективностью. Специалисты проводят обследование непосредственно в обнаруженных с использованием снимков со спутников и БПЛА районах поселений носителей ПОИ, а детализированные снимки позволяют использовать в эпидемиологическом надзоре графовые нейросети, в частности для реализации метода анализа пространственной структуры очага, предложенного Е.В. Ротшильдом (1978).

Данные оптического диапазона ДЗЗ используются для поиска сибиреязвенных скотопогоильников [18], оценки потенциальной эпидемиологической опасности очагов ГЛПС [19].

Метеорологические и радарные данные ДЗЗ применяют в пространственных моделях для ранжирования территории природных очагов по риску регистрации эпизоотий, эпидемиологическому риску. Подобные модели созданы для очагов ГЛПС [19] и чумы [20].

Спутниковые снимки дают возможность задействования различных информационных технологий. Например, глубокие нейронные сети (ГНС) использованы для прогнозирования распростра-

нения вируса Западного Нила на основе анализа спутниковых снимков. Работа осуществлялась на Апеннинском полуострове, который характеризуется высокой климатической изменчивостью и разнообразием потенциальных носителей и переносчиков. В частности, нейронные сети были применены для объединения признаков из различных мест с последующим учетом взаимосвязей, например между температурой и влажностью почвы [21]. Данное исследование демонстрирует возможности многополосных спутниковых изображений для анализа циркуляции вирусов возбудителей природно-очаговых инфекций.

Геномный мониторинг распространения возбудителей инфекций. Молекулярные технологии произвели революцию в области мониторинга и эпидемиологического надзора за ПОИ. Эти передовые методы позволяют быстро и точно идентифицировать и определить опасность патогена, выявить источник и пути распространения инфекции, обеспечивая своевременное и целенаправленное принятие необходимых мер.

В эпидемиологическом надзоре за природно-очаговыми и другими инфекциями в настоящее время в качестве важнейшего направления выделяются непрерывный мониторинг соотношения геновариантов изолятов (штаммов), циркулирующих на территории изучаемого региона, выявление закономерностей их распространения, оценка их эпидемиологической значимости.

К задачам геномного эпидемиологического надзора за возбудителями особо опасных инфекций (ООИ) и ПОИ можно отнести:

1. Получение актуальной информации, в том числе в режиме реального времени, о генетических вариантах возбудителей, циркулирующих в регионе и вызвавших случаи заболевания.

2. Геномное профилирование возбудителей ПОИ на конкретных территориях (природных очагах).

3. Своевременное выявление новых для региона и ранее не описанных геновариантов.

4. Комплексный анализ данных о генетических особенностях штаммов возбудителей, выявление атипичных и эпидемически значимых вариантов.

5. Изучение динамики микроэволюции популяций возбудителей инфекций.

За рубежом также функционирует ряд программ (систем) по осуществлению генетического мониторинга за циркуляцией возбудителей инфекционных болезней. В перечень патогенов для осуществления геномного эпидемиологического надзора входят в том числе возбудители ООИ и ПОИ, наиболее актуальные для региона. Так, в США и Канаде с 2019 г. проводится геномный мониторинг в режиме реального времени за возбудителями инфекций с фекально-оральным механизмом передачи (*Campylobacter*, шига-токсин продуцирующая *Escherichia coli* (STEC), *Salmonella*, *Vibrio*, *Listeria*). В странах Европейского союза осуществляется мониторинг распространения энтеробактерий, устойчивых к карбопенему, вируса Западного Нила, *Salmonella enteritidis* и др. [22]. К патогенам, в отношении которых осуществляется геномный эпидемиологический надзор в различных регионах мира, относятся также вирусы денге, Чикунгунья [23].

Для молекулярно-генетического типирования различных видов бактерий с целью осуществления мониторинга за циркуляцией геновариантов наиболее широкое применение нашли методы MLST (Multilocus sequence typing – типирование на основе мультилокусных последовательностей) и MLVA (Multiple loci VNTR analysis – метод мультилокусного анализа вариабельных tandemных повторов) [24]. Их использование позволяет получить достаточно полную для эпидемиологического расследования информацию о происхождении патогенов, вызвавших заболевания.

В настоящее время основным методом генетической характеристики штаммов бактерий является полногеномное секвенирование (WGS) – универсальный способ, позволяющий получать наиболее полную информацию о геноме микроорганизма. Генетическое типирование бактериальных штаммов на основе результатов WGS осуществляется с помощью двух основных подходов: проведения филогенетического анализа секвенированных последовательностей на основе SNP (Single nucleotide polymorphism), выявленных в геноме, и мультилокусного сиквенс-типирования на основе анализа последовательностей генов корового генома либо полного генома (cg/wgMLST) [25]. Полногеномный и коровый (wg/cg) MLST позволяет оценить разнообразие всех генов, содержащихся в полноразмерном/коровом геноме штаммов, принадлежащих к определенному виду или роду микроорганизмов.

Для молекулярно-генетического типирования вирусов применяются методы, основанные на результатах полимеразной цепной реакции (ПЦР),

секвенировании фрагментов генома вируса, полногеномном секвенировании.

Для ряда вирусов (SARS-CoV-2, ортохантавирусы, вирус Конго-Крымской геморрагической лихорадки – ККГЛ) разработаны протоколы специфического обогащения геномной ДНК/кДНК, позволяющие повысить эффективность высокопроизводительного полногеномного секвенирования и масштабировать исследования генетических особенностей вирусов [26, 27].

В ряде случаев для идентификации генетических вариантов вирусов достаточно секвенирования фрагментов генома, содержащих нуклеотидные и аминокислотные замены, позволяющие достоверно определить принадлежность к определенной генетической линии и геноварианту.

Для детекции (характеристики) некультивируемых микроорганизмов, а также при невозможности изоляции культуры возбудителя может применяться метагеномное секвенирование, которое позволяет секвенировать ДНК/РНК всех микроорганизмов в образце. Важнейшая особенность метода – отсутствие необходимости выделения и культивирования микроорганизмов, а также возможность идентифицировать атипичные и новые, ранее неизвестные вирусы и бактерии. Существует два подхода к метагеномному секвенированию. Первый – глубокое ампликонное или целевое секвенирование, при котором применяются специфические праймеры для целенаправленного выделения интересующих патогенов. Второй метод заключается в том, что секвенируется вся совокупность нуклеиновых кислот в образце, в результате все микроорганизмы, включая вирусы, бактерии, грибы и паразиты, могут быть идентифицированы с помощью одного теста [28].

Биоинформационная обработка результатов секвенирования фрагментов генома и полноразмерных сегментов включает проведение филогенетического анализа, анализа «молекулярных часов», дискретной и непрерывной филогеографии, анализа сайт-специфической селекции, рекомбинационного анализа. Филогенетический анализ позволяет сделать вывод о принадлежности штамма микроорганизма к генетической линии, рассчитать генетические дистанции между штаммами [29]. Применение методов байесовой филогении, «молекулярных часов», непрерывной и дискретной филогеографии дает возможность проведения эволюционного анализа, определения скорости эволюционных изменений вероятного предка изолята, а также времени и региона происхождения штамма [30]. Методы байесовой филогении позволяют рассчитывать TMRCA (от англ. Time to the most recent common ancestor) – возраст ближайшего общего предка штаммов микроорганизмов, что имеет практическое значение, так как оценка времени появления новой линии в конкретном городе или стране может дать представление о том, как долго она циркулировала до обнаружения.

Методы байесовой филогении использовались для мониторинга за распространением вариантов вируса Эбола, вызвавших вспышку в Западной Африке в 2014–2016 гг. [31], вируса Зика в странах Африки и Южной Америки, моделирования пространственно-временного распространения и изменения эффективного размера популяции вирусов гриппа, Западного Нила, денге, ККГЛ и др. [32].

Данные эволюционного анализа могут быть использованы для улучшения моделей прогнозирования эпидемиологической и эпизоотологической ситуации, а также риска распространения новых генетических линий. Геномные данные имеют решающее значение для разработки вакцин, лекарственных препаратов и молекулярных диагностических тестов [33], в целом могут быть использованы для более эффективной разработки стратегий по снижению риска передачи инфекции.

В настоящее время имеется положительный опыт мониторинга генетической структуры популяций возбудителей ООИ, ПОИ и других инфекций на территории Российской Федерации. Так, в результате молекулярно-генетических исследований изолятов вируса ККГЛ нами установлено, что на территории юга России циркулируют варианты, относящиеся к четырем генотипам: Европа-1 (включает четыре субтипа: Va – Ставрополь-Ростов-Астрахань-1, Vb – Волгоград-Ростов-Ставрополь, Vc – Астрахань-2, Vd – Крым), Европа-2, Африка-3 и Европа-3. В пределах генотипа Европа-1 выявлены реассортантные варианты вируса ККГЛ. Преобладающим генотипом является Европа-1. Штаммы вируса ККГЛ генотипа Европа-2 выявлены в пулах клещей *Rhipicephalus rossicus*, собранных на территории Крымского полуострова в 2017 г. Изолят вируса ККГЛ генотипа Африка-3 впервые выявлен на территории Российской Федерации в 2013 г. из сыворотки крови больной в Ставропольском крае, что подтверждает возможность заноса новых генетических вариантов вируса из других регионов мира. Генетическая структура популяции вируса ККГЛ на территории природного очага в Российской Федерации остается стабильной, соотношение геновариантов вируса ККГЛ существенно не изменялось в течение 2007–2024 гг.

Накоплены данные о генетических вариантах (MLVA-25 и CanSNP-генотипах) *Francisella tularensis*, циркулирующих на юге европейской части России. Штаммы возбудителя туляремии, принадлежащие к разным CanSNP-типам распространены мозаично, образуя разрозненные микропопуляции. Наиболее широко в регионе распространены штаммы CanSNP-типов B.107, B.203 и B.79.

В результате генетического типирования изолятов возбудителя лихорадки Ку установлено, что на территории Северо-Кавказского федерального округа распространены штаммы, относящиеся к двум MST-генотипам: ST7 (доминирующий генотип) и ST28. Получены данные о видовом составе рик-

кетсий и боррелий, циркулирующих на территории юга европейской части России. В регионе выявлены риккетсии, относящиеся к шести видам: *R. conorii*, *R. barbariae*, *R. raoultii*, *R. sibirica*, *R. aeschlimannii*, *R. helvetica*, – а также патогенные и непатогенные виды боррелий: *B. afzelii*, *B. garinii*, *B. bavariensis*, *B. lusitan*, *B. valaisiana*, *B. miyamotoi*.

Данные геномной эпидемиологии могут быть использованы для разработки моделей распространения возбудителей инфекций и прогнозирования развития эпидемиологической и эпизоотологической ситуации и соответственно предоставлять информацию для профилактики и целенаправленных мер контроля практически в реальном времени [34].

Аналитика больших данных – это технология последнего поколения, которая направлена на извлечение значимой информации из большого объема сведений, в том числе эпидемиологического или эпизоотологического характера [35], и представляет собой комплексный подход, включающий анализ количества, разнообразия, скорости распространения (предоставления), достоверности и ценности различных типов данных [36]. Этот подход может быть использован для получения информации, измерения эффективности и создания оптимальных схем реагирования на сложившуюся ситуацию [37].

В контексте природно-очаговых и зоонозных инфекций эта технология может использоваться для сбора данных о пациентах, например электронные медицинские карты, записи об иммунизации и результатах лабораторных исследований [38]. При эпидемиологическом надзоре за ПОИ аналитика больших данных может служить инструментом обнаружения вспышек инфекций на ранних стадиях, выявляя закономерности в больших массивах медицинской и эпидемиологической информации [39], многочисленные потоки которой могут непрерывно анализироваться с целью выявления предикторов начинающейся вспышки [40].

В исследовании, проведенном в Китае [41], использовалась платформа для контроля инфекционных заболеваний, в основу которой заложен принцип аналитики больших данных. В ходе реализации проекта определялась способность по выявлению случаев лихорадки денге. Исследователи доказали, что подход на основе аналитики больших данных выявляет случаи заболевания более эффективно по сравнению с ручной выборкой при реализации конкретных сценариев развития болезни. Например, среди 3972 случаев подозрения на лихорадку денге представленная платформа выявила на 50 % больше случаев, чем при ручном исследовании [41]. Однако использование данной технологии требует решения ряда проблем, связанных с качеством предоставляемых данных, их совместным использованием, безопасностью и конфиденциальностью [42]. В целом же аналитика больших данных является достаточно перспективной в укреплении прогностического направления в эпидемиологическом надзоре за ПОИ в

режиме реального времени при условии тщательной реализации [39].

Искусственный интеллект и машинное обучение. Искусственный интеллект (ИИ) – комплекс вычислительных методов, анализа данных, выявления закономерностей и формирования решений и прогнозов. Применение ИИ при обработке эпидемиологических данных может способствовать улучшению качества проводимого анализа, в том числе автоматизируя процессы обнаружения вспышек ПОИ [43]. Работа ИИ основана на машинном обучении (МО) – это практика использования алгоритмов для анализа данных, обучения на их основе и составления прогнозов. Распространенные алгоритмы МО включают контролируемое (с использованием маркированных данных для обучения) и неконтролируемое обучение [44]. МО позволяет системе в целом принимать лучшие решения и составлять наиболее точные прогнозы на основе введения новых данных, также позволяющих системе самосовершенствоваться (самообучаться) за счет выявления сложных закономерностей в массиве этих данных.

С развитием ИИ методы МО постоянно совершенствовались и в настоящее время применяются в различных областях, таких как прогнозирование новых свойств материалов, исследования в области квантовой химии и разработка лекарств [45]. Системы ИИ под контролем пользователя могут быть обучены на наборах данных о вспышках ПОИ для выявления схожих предикторов в будущем [46].

Основные преимущества ИИ заключаются в способности быстро обрабатывать огромные массивы данных, которые невозможно проанализировать вручную, а также в способности обнаруживать точные сигналы, указывающие на вспышки болезни на ранних стадиях [47].

Примером может служить модель мониторинга и прогнозирования возникновения лихорадки денге, разработанная в Малайзии [48]. Полученная модель использовала методы байесовской сети и обучалась с применением таких прогностических переменных, как температура, количество осадков, дата начала заболевания, дата уведомления, а также индексы переносчиков (*Ae. albopictus*, *Ae. aegypti*) [49]. Точность ее предсказания при оценке популяции комаров составляла 79–84 %, а результаты использовались для прогнозирования вероятности вспышек лихорадки денге в отдельных районах, расположенных в долине Кланг в Малайзии.

Использование ИИ для совершенствования мониторинга очагов чумы и других особо опасных инфекций позволяет объединить составляющие аналитики больших данных, включая материалы ДЗЗ. В результате возможно решить ряд сложных практических задач, создав «цифровые двойники» [50] природных очагов. На базе ФКУЗ Ставропольский противочумный институт Роспотребнадзора создана многофакторная цифровая модель Центрально-Кавказского высокогорного природного очага чумы,

включающая также цифровые элементы рельефа. Это позволило, в частности, определить приуроченность эпизоотических участков к особенностям характера и специфики рельефа, а также свойствам почв (точной экспозиции склонов, их крутизны, индекса пересеченности и освещенности). В результате открылась возможность направленного эпизоотологического обследования участков очага с приоритетной вероятностью регистрации эпизоотий.

Интернет вещей (IoT). Концепция интернета вещей появилась в 1990-х гг., но полное развитие получила только после 2000 г. [51]. Под IoT понимается крупномасштабная инфраструктура, в которой различные физические объекты («вещи») связаны между собой датчиками, программным обеспечением и сетями, что позволяет физическим объектам генерировать, обмениваться и потреблять данные, тем самым обеспечивая интеллектуальное распознавание, позиционирование, отслеживание, мониторинг и управление [52]. IoT соединяет вещи в физическом мире посредством сети Интернет, обеспечивая интеллектуальное восприятие, взаимодействие и коммуникацию между «вещами и людьми» и «людьми и вещами». Данные системы, задействованные в мониторинге заболеваемости, состоят из различных компонентов, включая биодатчики, датчики окружающей среды, агрокультурные датчики, носимые устройства и внутренние аналитические платформы. Эти компоненты обеспечивают непрерывный мониторинг в реальном времени параметров, связанных с дикой природой, домашним скотом и здоровьем людей [53].

Основные преимущества IoT – это данные в реальном времени для быстрого обнаружения, простота интеграции множества потоков данных, масштабируемость по регионам и снижение затрат по сравнению с ручным сбором [54].

Технологии IoT уже внедряются в практику борьбы с вирусом Эбола. S. Sareen et al. [55] предложили подход к мониторингу больных на основе IoT и облачных вычислений. Они использовали технологию носимых датчиков для получения данных от пациентов с лихорадкой Эбола в режиме реального времени, что позволило выявлять и отслеживать случаи заболевания. Данные, полученные в режиме реального времени, при подозрении на заболевание передавались в любое время и в любое место, что способствовало быстрому реагированию и принятию решений.

Данная технология представляется достаточно перспективной, однако остаются проблемы, связанные с безопасностью, конфиденциальностью, качеством передаваемых данных и доступностью их передачи.

Внедрение современных технологий и решений для совершенствования систем эпидемиологического надзора и реагирования на возникающие ПОИ сопряжено с рядом проблем, которые варьируют от логистических и технических трудностей до отста-

вания в нормативно-методическом сопровождении. Например, развертывание таких технологий, как аналитика больших данных, ИИ и IoT, в отдаленных или малообслуживаемых районах может быть затруднено из-за ограниченной инфраструктуры и возможностей подключения к сети Интернет. Аналогично использование передовых технологий, таких как автоматизация рабочих мест, может потребовать значительных финансовых вложений и определенной подготовки специалистов, что создает проблемы в условиях ограниченных ресурсов.

Несмотря на имеющиеся трудности, в целом интеграция современных технологий и решений в системы наблюдения и реагирования на возникающие природно-очаговые болезни имеет значительный потенциал для улучшения контроля и профилактики болезней. Продолжение исследований, инвестиций и сотрудничества имеет решающее значение для реализации всего потенциала этих технологий и решений в деле охраны здоровья населения Российской Федерации.

Особого внимания заслуживает комплексный подход, включающий осуществление мониторинга за циркуляцией геновариантов в совокупности с современными информационными технологиями (ГИС и ИИ). Создание на его основе систем обработки и анализа данных позволит добиться качественно нового уровня эпидемиологического надзора за природно-очаговыми и другими инфекциями.

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. Онищенко Г.Г., Попова А.Ю., Топорков В.П., Смоленский В.Ю., Щербакова С.А., Кутырев В.В. Современные угрозы и вызовы в области биологической безопасности и стратегия противодействия. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2015; (3):5–9. DOI: 10.21055/0370-1069-2015-3-5-9.
2. Pappaioanou M., Kane T.R. Addressing the urgent health challenges of climate change and ecosystem degradation from a One Health perspective: what can veterinarians contribute? *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 2022; 261(1):49–55. DOI: 10.2460/javma.22.07.0315.
3. Ortiz D.I., Piche-Ovares M., Romero-Vega L.M., Wagman J., Troyo A. The impact of deforestation, urbanization, and changing land use patterns on the ecology of mosquito and tick-borne diseases in Central America. *Insects*. 2021; 13(1):20. DOI: 10.3390/insects13010020.
4. Shaheen M.N.F. The concept of one health applied to the problem of zoonotic diseases. *Rev. Med. Virol.* 2022; 32(4):e2326. DOI: 10.1002/rmv.2326.
5. Yeh K.B., Parekh F.K., Tabynov K., Tabynov K., Hewson R., Fair J.M., Essbauer S., Hay J. Operationalizing cooperative research for infectious disease surveillance: lessons learned and ways forward. *Front. Public Health*. 2021; 9:659695. DOI: 10.3389/fpubh.2021.659695.
6. Goodchild M.F. Geographic information systems and science: today and tomorrow. *Annals of GIS*. 2009; 15(1):3–9. DOI: 10.1080/19475680903250715.
7. Шарыгин М.Д., Чупина Л.Б. Подходы к изучению географического пространства-времени и проблемы, связанные с ним. *Географический вестник*. 2013; (2):4–8.
8. Попова А.Ю., Кузькин Б.П., Демина Ю.В., Дубянский В.М., Куличенко А.Н., Малецкая О.В., Шаяхметов О.Х., Семенко О.В., Назаренко Ю.В., Агаптов Д.С., Мезенцев В.М., Харченко Т.В., Ефременко Д.В., Оробей В.Г., Клиндухов В.П., Гречаная Т.В., Николаевич П.Н., Тешева С.Ч., Рафеев Г.К. Использование современных информационных технологий в практике санитарно-эпидемиологического надзора в период проведения XXII Олимпийских зимних игр и XI Паралимпийских зимних игр в г. Сочи. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2015; (2):113–8.
9. Чехвалова Е.В., Манин Е.А., Куличенко А.Н. Ранжирование территории г. Сочи по риску заражения ГЛПС с использованием метода максимальной энтропии. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2023; 22(6):72–80. DOI: 10.31631/2073-3046-2023-22-6-72-80.
10. Sabins F.F. Jr, Ellis J.M. Remote Sensing: Principles, Interpretation, and Applications. Waveland Press; 2020. 524 p.
11. West H., Quinn N., Horswell M. Remote sensing for drought monitoring & impact assessment: progress, past challenges and future opportunities. *Rem. Sens. Environ.* 2019; 232:111291. DOI: 10.1016/j.rse.2019.111291.
12. Garmi R., Tran A., Guis H., Baldet T., Benallal K., Boubidi S., Harrat Z. Remote sensing, land cover changes, and vector-borne diseases: use of high spatial resolution satellite imagery to map the risk of occurrence of cutaneous leishmaniasis in Ghardaia, Algeria. *Infect. Genet. Evol.* 2014; 28:725–34. DOI: 10.1016/j.meegid.2014.09.036.
13. McMahon A. Earth Observation and Mosquito-Borne Diseases: Assessing Environmental Risk Factors for Disease Transmission via Remote Sensing Data. 2021. [Электронный ресурс]. URL: <https://shareok.org/server/api/core/bitstreams/f61a2e9a-6f6c-430d-94d5-ac689472e3df/content>.
14. Cunha H.S., Sclauser B.S., Wildenberg P.F., Fernandes E.A.M., Dos Santos J.A., Lage Md.O., Lorenz C., Barbosa G.L., Quintanilha J.A., Chiaravalloti-Neto F. Water tank and swimming pool detection based on remote sensing and deep learning: relationship with socioeconomic level and applications in dengue control. *PLoS One*. 2021; 16(12):e0258681. DOI: 10.1371/journal.pone.0258681.
15. Прислегина Д.А., Малецкая О.В., Дубянский В.М., Таран Т.В., Платонов А.Е. Клещевые трансмиссивные инфекции на юге России: современная эпидемиологическая ситуация, новый подход к построению прогностических и объясняющих моделей заболеваемости (на примере Астраханской риккетсиозной и Крымской геморрагической лихорадки). *Инфекция и иммунитет*. 2023; 13(3):535–48. DOI: 10.15789/2220-7619-TBI-2036.
16. Дубянский В.М., Прислегина Д.А., Платонов А.Е. «Объясняющие» модели заболеваемости клещевыми инфекциями (на примере Астраханской риккетсиозной и Крымской-Конго геморрагической лихорадки). *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2023; (1):34–45. DOI: 10.36233/0372-9311-344.
17. Дубянский В.М., Цапко Н.В., Шапошникова Л.И., Дегтярев Д.Ю., Давыдова Н.А., Остапович В.В., Григорьев М.П., Куличенко А.Н. Использование беспилотного летательного аппарата для повышения эффективности мониторинга природного очага чумы. *Здоровье населения и среда обитания – ЗНУСО*. 2018; (2):52–6. DOI: 10.35627/2219-5238/2018-299-2-52-56.
18. Бадмаев Н.Б. Геоинформационные технологии распознавания заброшенных скотомогильников. Улан-Удэ: Изд-во БНЦ СО РАН; 2017. 164 с.
19. Мочалкин П.А., Мочалкин А.П., Степанов Е.Г., Фарвазова Л.А., Попов Н.В. Использование методов дистанционного зондирования Земли для оценки потенциальной эпидемиологической опасности очагов ГЛПС на территории г. Уфа. *ПЕСТ-менеджмент*. 2016; (1-2):5–9.
20. Ашибоков У.М., Дубянский В.М., Семенко О.В., Газиева А.Ю., Белова О.А., Кесьян А.А., Халидов А.Х., Ветошкин А.А., Викторова Н.В., Кулик А.А. Опыт использования MaxEnt-модели для ранжирования территории Прикаспийского песчаного природного очага чумы (43) по риску регистрации эпизоотий. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2024; (1):135–40. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-135-140.
21. Bonicelli L., Porrello A., Vincenzi S., Ippoliti C., Iapaolo F., Conte A., Calderara S. Spotting virus from satellites: modeling the circulation of West Nile virus through Graph neural networks. *IEEE Trans. Geosci. Rem. Sens.* 2023; 99:1–11. DOI: 10.1109/TGRS.2023.3293270.
22. European Centre for Disease Prevention and Control. ECDC strategic framework for the integration of molecular and genomic typing into European surveillance and multi-country outbreak investigations – 2019–2021. Stockholm: ECDC; 2019.
23. de Jesus A.C.P., Fonseca P.L.C., Alves H.J., Bonfim D.M., Dutra J.V.R., Moreira F.R.R., de Brito Mendonça C.P.T., Rios J.S.H., do Prado Silva J., Malta F.S.V., Braga-Paz I., de Araújo J.L.F., de Oliveira J.S., de Souza C.S.A., da Silva S.E.B., Chaves D.C.C., da Silva Carvalho R., de Oliveira E.S., de Oliveira Ribeiro M., Arruda M.B., Alvarez P., Moreira R.G., de Souza R.P., Zauli D.A.G., Aguiar R.S. Retrospective epidemiologic and genomic surveillance of arboviruses in 2023 in Brazil reveals high co-circulation of chikungunya and dengue viruses. *BMC Med.* 2024; 22(1):546. DOI: 10.1186/s12916-024-03737-w.

24. Muthurandhi Sethuvel D.P., Devanga Ragupathi N.K., Bakthavatchalam Y.D., Vijayakumar S., Varghese R., Shankar C., Jacob J.J., Vasudevan K., Elangovan D., Balaji V. Current strategy for local- to global-level molecular epidemiological characterisation of global antimicrobial resistance surveillance system pathogens. *Indian J. Med. Microbiol.* 2019; 37(2):147–62. DOI: 10.4103/ijmm. IJMM_19_396.
25. Besser J., Carleton H.A., Gerner-Smidt P., Lindsey R.L., Trees E. Next-generation sequencing technologies and their application to the study and control of bacterial infections. *Clin. Microbiol. Infect.* 2018; 24(4):335–41. DOI: 10.1016/j.cmi.2017.10.013.
26. D'Addiego J., Shah S., Pektaş A.N., Bağcı B.N.K., Öz M., Sebastianelli S., Elaldi N., Allen D.J., Hewson R. Development of targeted whole genome sequencing approaches for Crimean-Congo haemorrhagic fever virus (CCHFV). *Virus Res.* 2024; 350:199464. DOI: 10.1016/j.virusres.2024.199464.
27. Koskela von Sydow A., Lindqvist C.M., Asghar N., Johansson M., Sundqvist M., Mölling P., Stenmark B. Comparison of SARS-CoV-2 whole genome sequencing using tiled amplicon enrichment and bait hybridization. *Sci. Rep.* 2023; 13(1):6461. DOI: 10.1038/s41598-023-33168-1.
28. Pérez-Losada M., Arenas M., Castro-Nallar E. Microbial sequence typing in the genomic era. *Infect. Genet. Evol.* 2018; 63:346–59. DOI: 10.1016/j.meegid.2017.09.022.
29. Tamura K., Peterson D., Peterson N., Stecher G., Nei M., Kumar S. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol. Biol. Evol.* 2011; 28(10):2731–9. DOI: 10.1093/molbev/msr121.
30. Bouckaert R., Heled J., Kühnert D., Vaughan T., Wu C.H., Xie D., Suchard M.A., Rambaut A., Drummond A.J. BEAST 2: a software platform for Bayesian evolutionary analysis. *PLoS Comput. Biol.* 2014; 10(4):e1003537. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1003537.
31. Jansen van Vuren P., Ladner J.T., Grobbelaar A.A., Wiley M.R., Lovett S., Allam M., Ismail A., le Roux C., Weyer J., Moolla N., Storm N., Kgaladi J., Sanchez-Lockhart M., Conteh O., Palacios G., Paweska J.T. Phylogenetic analysis of Ebola virus disease transmission in Sierra Leone. *Viruses.* 2019; 11(1):71. DOI: 10.3390/v11010071.
32. Brault A.C., Huang C.Y., Langevin S.A., Kinney R.M., Bowen R.A., Ramey W.N., Panella N.A., Holmes E.C., Powers A.M., Miller B.R. A single positively selected West Nile viral mutation confers increased virulence in American crows. *Nat. Genet.* 2007; 39(9):1162–6. DOI: 10.1038/ng2097.
33. Hill S., Perkins M., von Eije K., editors. Genomic Sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health. Geneva: World Health Organization; 2021.
34. Giovanetti M., Faria N.R., Lourenço J., Goes de Jesus J., Xavier J., Claro I.M., Kraemer M.U.G., Fonseca V., Dellicour S., Théze J., da Silva Salles F., Gräf T., Silveira P.P., do Nascimento V.A., Costa de Souza V., de Melo Iani F.C., Castilho-Martins E.A., Cruz L.N., Wallau G., Fabri A., Levy F., Quick J., de Azevedo V., Aguiar R.S., de Oliveira T., Bôto de Menezes C., da Costa Castilho M., Terra T.M., Souza da Silva M., Bispo de Filippis A.M., Luiz de Abreu A., Oliveira W.K., Croda J., Campelo de Albuquerque C.F., Nunes M.R.T., Sabino E.C., Loman N., Naveca F.G., Pybus O.G., Alcantara L.C. Genomic and epidemiological surveillance of Zika virus in the Amazon region. *Cell Rep.* 2020; 30(7):2275–83. DOI: 10.1016/j.celrep.2020.01.085.
35. Jin X., Wah B.W., Cheng X., Wang Y. Significance and challenges of big data research. *Big Data Res.* 2015; 2(2):59–64. DOI: 10.1016/j.bdr.2015.01.006.
36. Fosso Wamba S., Akter S., Edwards A., Chopin G., Gnanzou D. How 'big data' can make big impact: findings from a systematic review and a longitudinal case study. *Int. J. Prod. Econ.* 2015; 165:234–46. DOI: 10.1016/j.ijpe.2014.12.031.
37. De Mauro A., Greco M., Grimaldi M. A formal definition of Big Data based on its essential features. *Libr. Rev.* 2016; 65(3):122–35. DOI: 10.1108/LR-06-2015-0061.
38. Asokan G.V., Mohammed M.Y. Chapter 16 – harnessing big data to strengthen evidence-informed precise public health response. In: Moustafa A.A., editors. *Big Data in Psychiatry & Neurology*. Academic Press; 2021. P. 325–37.
39. Asokan G.V., Asokan V. Leveraging "big data" to enhance the effectiveness of "one health" in an era of health informatics. *J. Epidemiol. Glob. Health.* 2015; 5(4):311–4. DOI: 10.1016/j.jegh.2015.02.001.
40. Althouse B.M., Scarpino S.V., Meyers L.A., Ayers J.W., Bargsten M., Baumbach J., Brownstein J.S., Castro L., Clapham H., Cummings D.A., Del Valle S., Eubank S., Fairchild G., Finelli L., Generous N., George D., Harper D.R., Hébert-Dufresne L., Johansson M.A., Konty K., Lipsitch M., Milinovich G., Miller J.D., Nsoesie E.O., Olson D.R., Paul M., Polgreen P.M., Priedhorsky R., Read J.M., Rodriguez-Barraquer I., Smith D.J., Stefansen C., Swerdlow D.L., Thompson D., Vespignani A., Wesolowski A. Enhancing disease surveillance with novel data streams: challenges and opportunities. *EPJ Data Sci.* 2015; 4(1):17. DOI: 10.1140/epjds/s13688-015-0054-0.
41. Zhou X., Lee E.W.J., Wang X., Lin L., Xuan Z., Wu D., Lin H., Shen P. Infectious diseases prevention and control using an integrated health big data system in China. *BMC Infect. Dis.* 2022; 22(1):344. DOI: 10.1186/s12879-022-07316-3.
42. Bertino E. Data security and privacy: concepts, approaches, and research directions. In: 2016 IEEE 40th Annual Computer Software and Applications Conference (COMPSAC). IEEE; 2016. P. 400–7. DOI: 10.1109/COMPSAC.2016.89.
43. Bezbaruah R., Ghosh M., Kumari S., Nongrang L., Ali S.R., Lahiri M., Waris H., Kakoti B.B. Role of AI and ML in epidemics and pandemics. In: Chavda V., Anand K., Apostolopoulos V., editors. *Bioinformatics Tools for Pharmaceutical Drug Product Development*. Wiley; 2023. P. 345–69. DOI: 10.1002/9781119865728.ch15.
44. Kohavi R., Provost F. Glossary of terms. *Mach. Learn.* 1998; 30(2/3):271–4. DOI: 10.1023/A:1017181826899.
45. Wang M., Wang T., Cai P., Chen X. Nanomaterials discovery and design through machine learning. *Small Methods.* 2019; 3(5):1900025. DOI: 10.1002/smt.201900025.
46. Singh R., Singh R. Applications of sentiment analysis and machine learning techniques in disease outbreak prediction – A review. *Mater. Today Proc.* 2023; 81:1006–11. DOI: 10.1016/j.matpr.2021.04.356.
47. Rashidi H.H., Tran N., Albahra S., Dang L.T. Machine learning in health care and laboratory medicine: General overview of supervised learning and Auto-ML. *Int. J. Lab. Hematol.* 2021; 43(Suppl. 1):15–22. DOI: 10.1111/ijlh.13537.
48. Hoyos W., Aguilar J., Toro M. Dengue models based on machine learning techniques: A systematic literature review. *Artif. Intell. Med.* 2021; 119:102157. DOI: 10.1016/j.artmed.2021.102157.
49. Raja D.B., Mallol R., Ting C.Y., Kamaludin F., Ahmad R., Ismail S., Jayaraj V.J., Sundram B.M. Artificial intelligence model as predictor for dengue outbreaks. *Malaysian J. Public Health Med.* 2019; 19(2):103–8. DOI: 10.37268/mjphm/vol.19/no.2/art.176.
50. Зуенкова Ю.А. Опыт и перспективы применения цифровых двойников в общественном здравоохранении. *Менеджер здравоохранения.* 2022; (6):69–77. DOI: 10.21045/1811-0185-2022-6-69-77.
51. Wanasinghe T.R., Gosine R.G., James L.A., Mann G.K.I., De Silva O., Warrian P.J. The internet of things in the oil and gas industry: a systematic review. *IEEE Internet Things J.* 2020; 7(9):8654–73. DOI: 10.1109/JIOT.2020.2995617.
52. Aloï G., Caliciuri G., Fortino G., Gravina R., Pace P., Russo W., Savaglio C. Enabling IoT interoperability through opportunistic smartphone-based mobile gateways. *J. Netw. Comput. Appl.* 2017; 81:74–84. DOI: 10.1016/j.jnca.2016.10.013.
53. Yu X., Zhang S., Guo W., Li B., Yang Y., Xie B., Li K., Zhang L. Recent advances on functional nucleic-acid biosensors. *Sensors (Basel).* 2021; 21(21):7109. DOI: 10.3390/s21217109.
54. Rahman M.S., Peeri N.C., Shrestha N., Zaki R., Haque U., Hamid S.H.A. Defending against the novel coronavirus (COVID-19) outbreak: how can the internet of things (IoT) help to save the world? *Health Policy Technol.* 2020; 9(2):136–8. DOI: 10.1016/j.hlpt.2020.04.005.
55. Sareen S., Sood S.K., Gupta S.K. IoT-based cloud framework to control Ebola virus outbreak. *J. Ambient Intell. Humaniz. Comput.* 2018; 9(3):459–76. DOI: 10.1007/s12652-016-0427-7.

References

1. Onishchenko G.G., Popova A.Yu., Toporkov V.P., Smolenskiy V.Yu., Shcherbakova S.A., Kutyrev V.V. [Modern threats and challenges in the field of biological safety and counteraction strategy]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2015; (3):5–9. DOI: 10.21055/0370-1069-2015-3-5-9.
2. Papaioanou M., Kane T.R. Addressing the urgent health challenges of climate change and ecosystem degradation from a One Health perspective: what can veterinarians contribute? *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 2022; 261(1):49–55. DOI: 10.2460/javma.22.07.0315.
3. Ortiz D.I., Piche-Ovares M., Romero-Vega L.M., Wagman J., Troyo A. The impact of deforestation, urbanization, and changing land use patterns on the ecology of mosquito and tick-borne diseases in Central America. *Insects.* 2021; 13(1):20. DOI: 10.3390/insects13010020.
4. Shaheen M.N.F. The concept of one health applied to the problem of zoonotic diseases. *Rev. Med. Virol.* 2022; 32(4):e2326. DOI: 10.1002/rmv.2326.
5. Yeh K.B., Parekh F.K., Tabynov K., Tabynov K., Hewson R., Fair J.M., Essbauer S., Hay J. Operationalizing cooperative research for infectious disease surveillance: lessons learned and ways forward. *Front. Public Health.* 2021; 9:659695. DOI: 10.3389/fpubh.2021.659695.
6. Goodchild M.F. Geographic information systems and science: today and tomorrow. *Annals of GIS.* 2009; 15(1):3–9. DOI: 10.1080/19475680903250715.
7. Sharygin M.D., Chupina L.B. [Approaches to the study of geographical space-time and problems associated with it]. *Geograficheskii Vestnik [Geographical Bulletin]*. 2013; (2):4–8.

8. Popova A.Yu., Kuzkin B.P., Demina Yu.V., Dubyansky V.M., Kulichenko A.N., Maletskaya O.V., Shayakhmetov O.Kh., Semenko O.V., Nazarenko Yu.V., Agapitov D.S., Mezentshev V.M., Kharchenko T.V., Efremenko D.V., Orobey V.G., Klindukhov V.P., Grechanaya T.V., Nikolaevich P.N., Tesheva S.Ch., Rafeenko G.K. [The use of modern information technologies in the practice of sanitary and epidemiological surveillance during the XXII Olympic Winter Games and XI Paralympic Winter Games in Sochi]. *Zhurnal Mikrobiologii, Epidemiologii i Immunobiologii [Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology]*. 2015; (2):113–18.
9. Chekhvalova E.V., Manin E.A., Kulichenko A.N. [Ranking the territory of Sochi by the risk of HFRS infection using the maximum entropy method]. *Epidemiologia i Vaksynoprolaktika [Epidemiology and Vaccine Prevention]*. 2023; 22(6):72–80. DOI: 10.31631/2073-3046-2023-22-6-72-80.
10. Sabins F.F. Jr, Ellis J.M. Remote Sensing: Principles, Interpretation, and Applications. Waveland Press; 2020. 524 p.
11. West H., Quinn N., Horswell M. Remote sensing for drought monitoring & impact assessment: progress, past challenges and future opportunities. *Rem. Sens. Environ.* 2019; 232:111291. DOI: 10.1016/j.rse.2019.111291.
12. Garmi R., Tran A., Guis H., Baldet T., Benallal K., Boubidi S., Harrat Z. Remote sensing, land cover changes, and vector-borne diseases: use of high spatial resolution satellite imagery to map the risk of occurrence of cutaneous leishmaniasis in Ghardaia, Algeria. *Infect. Genet. Evol.* 2014; 28:725–34. DOI: 10.1016/j.meegid.2014.09.036.
13. McMahon A. Earth Observation and Mosquito-Borne Diseases: Assessing Environmental Risk Factors for Disease Transmission via Remote Sensing Data. 2021. [Internet]. Available from: <https://shareok.org/server/api/core/bitstreams/f61a2e9a-6f6c-430d-94d5-ae689472e3df/content>.
14. Cunha H.S., Sclauser B.S., Wildenberg P.F., Fernandes E.A.M., Dos Santos J.A., Lage Md.O., Lorenz C., Barbosa G.L., Quintanilha J.A., Chiaravalloti-Neto F. Water tank and swimming pool detection based on remote sensing and deep learning: relationship with socioeconomic level and applications in dengue control. *PLoS One*. 2021; 16(12):e0258681. DOI: 10.1371/journal.pone.0258681.
15. Prisleghina D.A., Maletskaya O.V., Dubyanskiy V.M., Taran T.V., Platonov A.E. [Tick-borne infections in the south of Russia: modern epidemiological situation, new approach to create “forecasting” and “explaining” morbidity models (in Astrakhan rickettsiosis fever and Crimean-Congo hemorrhagic fever)]. *Infektsiya i Immunitet [Russian Journal of Infection and Immunity]*. 2023; 13(3):535–48. DOI: 10.15789/2220-7619-TBI-2036.
16. Dubyansky V.M., Prisleghina D.A., Platonov A.E. [“Explanatory” models of tick-borne infections morbidity (on the example of Astrakhan rickettsial and Crimean-Congo hemorrhagic fevers)]. *Zhurnal Mikrobiologii, Epidemiologii i Immunobiologii [Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology]*. 2023; (1):34–45. DOI: 10.36233/0372-9311-344.
17. Dubyansky V.M., Tsapko N.V., Shaposhnikova L.I., Degtyarev D.Yu., Davydova N.A., Ostapovich V.V., Grigoriev M.P., Kulichenko A.N. [Using an unmanned aerial vehicle to improve the effectiveness of monitoring a natural plague focus]. *Zdorov'ye Naseleniya i Sreda Obitaniya [Public Health and Life Environment]*. 2018; (2):52–6. DOI: 10.35627/2219-5238/2018-299-2-52-56.
18. Badmaev N.B. [Geoinformation Technologies for Recognition of Abandoned Cattle Burial Grounds]. Ulan-Ude; 2017. 164 p.
19. Mochalkin P.A., Mochalkin A.P., Stepanov E.G., Farvazova L.A., Popov N.V. [Using remote sensing methods to assess the potential epidemiological danger of HFRS foci in Ufa]. *PEST Management*. 2016; (1-2):5–9.
20. Ashibokov U.M., Dubyansky V.M., Semenko O.V., Gazieva A.Yu., Belova O.A., Kesyana A.A., Khalidov A.Kh., Vetoshkin A.A., Viktorova N.V., Kulik A.A. [Experience of using the MaxEnt model for ranking the territory of the Caspian sandy natural plague focus (43) by registration risk epizootics]. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2024; (1):135–40. DOI: 10.21055/0370-1069-2024-1-135-140.
21. Bonicelli L., Porrello A., Vincenzi S., Ippoliti C., Iapaolo F., Conte A., Calderara S. Spotting virus from satellites: modeling the circulation of West Nile virus through Graph neural networks. *IEEE Trans. Geosci. Rem. Sens.* 2023; 99:1–11. DOI: 10.1109/TGRS.2023.3293270.
22. European Centre for Disease Prevention and Control. ECDC strategic framework for the integration of molecular and genomic typing into European surveillance and multi-country outbreak investigations – 2019–2021. Stockholm: ECDC; 2019.
23. de Jesus A.C.P., Fonseca P.L.C., Alves H.J., Bonfim D.M., Dutra J.V.R., Moreira F.R.R., de Brito Mendonça C.P.T., Rios J.S.H., do Prado Silva J., Malta F.S.V., Braga-Paz I., de Araújo J.L.F., de Oliveira J.S., de Souza C.S.A., da Silva S.E.B., Chaves D.C.C., da Silva Carvalho R., de Oliveira E.S., de Oliveira Ribeiro M., Arruda M.B., Alvarez P., Moreira R.G., de Souza R.P., Zauli D.A.G., Aguiar R.S. Retrospective epidemiologic and genomic surveillance of arboviruses in 2023 in Brazil reveals high co-circulation of chikungunya and dengue viruses. *BMC Med.* 2024; 22(1):546. DOI: 10.1186/s12916-024-03737-w.
24. Muthuirulandi Sethuvel D.P., Devanga Ragupathi N.K., Bakthavatchalam Y.D., Vijayakumar S., Varghese R., Shankar C., Jacob J.J., Vasudevan K., Elangovan D., Balaji V. Current strategy for local- to global-level molecular epidemiological characterisation of global antimicrobial resistance surveillance system pathogens. *Indian J. Med. Microbiol.* 2019; 37(2):147–62. DOI: 10.4103/ijmm.IJMM_19_396.
25. Besser J., Carleton H.A., Gerner-Smidt P., Lindsey R.L., Trees E. Next-generation sequencing technologies and their application to the study and control of bacterial infections. *Clin. Microbiol. Infect.* 2018; 24(4):335–41. DOI: 10.1016/j.cmi.2017.10.013.
26. D'Addiego J., Shah S., Pektaş A.N., Bağcı B.N.K., Öz M., Sebastianelli S., Elaldi N., Allen D.J., Hewson R. Development of targeted whole genome sequencing approaches for Crimean-Congo haemorrhagic fever virus (CCHFV). *Virus Res.* 2024; 350:199464. DOI: 10.1016/j.virusres.2024.199464.
27. Koskela von Sydow A., Lindqvist C.M., Asghar N., Johansson M., Sundqvist M., Mölling P., Stenmark B. Comparison of SARS-CoV-2 whole genome sequencing using tiled amplicon enrichment and bait hybridization. *Sci. Rep.* 2023; 13(1):6461. DOI: 10.1038/s41598-023-33168-1.
28. Pérez-Losada M., Arenas M., Castro-Nallar E. Microbial sequence typing in the genomic era. *Infect. Genet. Evol.* 2018; 63:346–59. DOI: 10.1016/j.meegid.2017.09.022.
29. Tamura K., Peterson D., Peterson N., Stecher G., Nei M., Kumar S. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol. Biol. Evol.* 2011; 28(10):2731–9. DOI: 10.1093/molbev/msr121.
30. Bouckaert R., Heled J., Kühnert D., Vaughan T., Wu C.H., Xie D., Suchard M.A., Rambaut A., Drummond A.J. BEAST 2: a software platform for Bayesian evolutionary analysis. *PLoS Comput. Biol.* 2014; 10(4):e1003537. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1003537.
31. Jansen van Vuren P., Ladner J.T., Grobbelaar A.A., Wiley M.R., Lovett S., Allam M., Ismail A., le Roux C., Weyer J., Moolla N., Storm N., Kgaladi J., Sanchez-Lockhart M., Conteh O., Palacios G., Paweska J.T. Phylodynamic analysis of Ebola virus disease transmission in Sierra Leone. *Viruses*. 2019; 11(1):71. DOI: 10.3390/v11010071.
32. Brault A.C., Huang C.Y., Langevin S.A., Kinney R.M., Bowen R.A., Ramey W.N., Panella N.A., Holmes E.C., Powers A.M., Miller B.R. A single positively selected West Nile viral mutation confers increased virogenesis in American crows. *Nat. Genet.* 2007; 39(9):1162–6. DOI: 10.1038/ng2097.
33. Hill S., Perkins M., von Eije K., editors. Genomic Sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health. Geneva: World Health Organization; 2021.
34. Giovanetti M., Faria N.R., Lourenço J., Goes de Jesus J., Xavier J., Claro I.M., Kraemer M.U.G., Fonseca V., Dellicour S., Thézé J., da Silva Salles F., Gräf T., Silveira P.P., do Nascimento V.A., Costa de Souza V., de Melo Iani F.C., Castilho-Martins E.A., Cruz L.N., Wallau G., Fabri A., Levy F., Quick J., de Azevedo V., Aguiar R.S., de Oliveira T., Bötto de Menezes C., da Costa Castilho M., Terra T.M., Souza da Silva M., Bispo de Filippis A.M., Luiz de Abreu A., Oliveira W.K., Croda J., Campelo de Albuquerque C.F., Nunes M.R.T., Sabino E.C., Loman N., Naveca F.G., Pybus O.G., Alcantara L.C. Genomic and epidemiological surveillance of Zika virus in the Amazon region. *Cell Rep.* 2020; 30(7):2275–83. DOI: 10.1016/j.celrep.2020.01.085.
35. Jin X., Wah B.W., Cheng X., Wang Y. Significance and challenges of big data research. *Big Data Res.* 2015; 2(2):59–64. DOI: 10.1016/j.bdr.2015.01.006.
36. Fosso Wamba S., Akter S., Edwards A., Chopin G., Gnanzou D. How ‘big data’ can make big impact: findings from a systematic review and a longitudinal case study. *Int. J. Prod. Econ.* 2015; 165:234–46. DOI: 10.1016/j.ijpe.2014.12.031.
37. De Mauro A., Greco M., Grimaldi M. A formal definition of Big Data based on its essential features. *Libr. Rev.* 2016; 65(3):122–35. DOI: 10.1108/LR-06-2015-0061.
38. Asokan G.V., Mohammed M.Y. Chapter 16 – harnessing big data to strengthen evidence-informed precise public health response. In: Moustafa A.A., editors. *Big Data in Psychiatry & Neurology*. Academic Press; 2021. P. 325–37.
39. Asokan G.V., Asokan V. Leveraging “big data” to enhance the effectiveness of “one health” in an era of health informatics. *J. Epidemiol. Glob. Health.* 2015; 5(4):311–4. DOI: 10.1016/j.jegh.2015.02.001.
40. Althouse B.M., Scarpino S.V., Meyers L.A., Ayers J.W., Bargsten M., Baumbach J., Brownstein J.S., Castro L., Clapham H., Cummings D.A., Del Valle S., Eubank S., Fairchild G., Finelli L., Generous N., George D., Harper D.R., Hébert-Dufresne L., Johansson M.A., Konty K., Lipsitch M., Milinovich G., Miller J.D., Nsoesie E.O., Olson D.R., Paul M., Polgreen P.M., Priedhorsky R., Read J.M.,

Rodríguez-Barraquer I., Smith D.J., Stefansen C., Swerdlow D.L., Thompson D., Vespignani A., Wesolowski A. Enhancing disease surveillance with novel data streams: challenges and opportunities. *EPJ Data Sci.* 2015; 4(1):17. DOI: 10.1140/epjds/s13688-015-0054-0.

41. Zhou X., Lee E.W.J., Wang X., Lin L., Xuan Z., Wu D., Lin H., Shen P. Infectious diseases prevention and control using an integrated health big data system in China. *BMC Infect. Dis.* 2022; 22(1):344. DOI: 10.1186/s12879-022-07316-3.

42. Bertino E. Data security and privacy: concepts, approaches, and research directions. In: 2016 IEEE 40th Annual Computer Software and Applications Conference (COMPSAC). IEEE; 2016. P. 400–7. DOI: 10.1109/COMPSAC.2016.89.

43. Bezbaruah R., Ghosh M., Kumari S., Nongrang L., Ali S.R., Lahiri M., Waris H., Kakoti B.B. Role of AI and ML in epidemics and pandemics. In: Chavda V., Anand K., Apostolopoulos V., editors. *Bioinformatics Tools for Pharmaceutical Drug Product Development*. Wiley; 2023. P. 345–69. DOI: 10.1002/9781119865728.ch15.

44. Kohavi R., Provost F. Glossary of terms. *Mach. Learn.* 1998; 30(2/3):271–4. DOI: 10.1023/A:1017181826899.

45. Wang M., Wang T., Cai P., Chen X. Nanomaterials discovery and design through machine learning. *Small Methods.* 2019; 3(5):1900025. DOI: 10.1002/smt.201900025.

46. Singh R., Singh R. Applications of sentiment analysis and machine learning techniques in disease outbreak prediction – A review. *Mater. Today Proc.* 2023; 81:1006–11. DOI: 10.1016/j.matpr.2021.04.356.

47. Rashidi H.H., Tran N., Albahra S., Dang L.T. Machine learning in health care and laboratory medicine: General overview of supervised learning and Auto-ML. *Int. J. Lab. Hematol.* 2021; 43(Suppl. 1):15–22. DOI: 10.1111/ijlh.13537.

48. Hoyos W., Aguilar J., Toro M. Dengue models based on machine learning techniques: A systematic literature review. *Artif. Intell. Med.* 2021; 119:102157. DOI: 10.1016/j.artmed.2021.102157.

49. Raja D.B., Mallol R., Ting C.Y., Kamaludin F., Ahmad R., Ismail S., Jayaraj V.J., Sundram B.M. Artificial intelligence model as predictor for dengue outbreaks. *Malaysian J. Public Health Med.* 2019; 19(2):103–8. DOI: 10.37268/mjphm/vol.19/no.2/art.176.

50. Zuenkova Yu.A. [Experience and prospects of using digital twins in public health]. *Menedzher Zdravookhraneniya [Health Care Manager]*. 2022; (6):69–77. DOI: 10.21045/1811-0185-2022-6-69-77.

51. Wanasinghe T.R., Gosine R.G., James L.A., Mann G.K.I., De Silva O., Warrian P.J. The internet of things in the oil and gas industry: a systematic review. *IEEE Internet Things J.* 2020; 7(9):8654–73. DOI: 10.1109/IIOT.2020.2995617.

52. Aloï G., Caliciuri G., Fortino G., Gravina R., Pace P., Russo W., Savaglio C. Enabling IoT interoperability through opportunistic smartphone-based mobile gateways. *J. Netw. Comput. Appl.* 2017; 81:74–84. DOI: 10.1016/j.jnca.2016.10.013.

53. Yu X., Zhang S., Guo W., Li B., Yang Y., Xie B., Li K., Zhang L. Recent advances on functional nucleic-acid biosensors. *Sensors (Basel)*. 2021; 21(21):7109. DOI: 10.3390/s21217109.

54. Rahman M.S., Peeri N.C., Shrestha N., Zaki R., Haque U., Hamid S.H.A. Defending against the novel coronavirus (COVID-19) outbreak: how can the internet of things (IoT) help to save the world? *Health Policy Technol.* 2020; 9(2):136–8. DOI: 10.1016/j.hlpt.2020.04.005.

55. Sareen S., Sood S.K., Gupta S.K. IoT-based cloud framework to control Ebola virus outbreak. *J. Ambient Intell. Humaniz. Comput.* 2018; 9(3):459–76. DOI: 10.1007/s12652-016-0427-7.

Authors:

Kulichenko A.N., Manin E.A., Volynkina A.S., Dubyansky V.M. Stavropol Research Anti-Plague Institute. 13–15, Sovetskaya St., Stavropol, 355035, Russian Federation. E-mail: stavnipchi@mail.ru.

Zavgorodny S.S. Territorial Department of the Rospotrebnadzor Office for the Krasnodar Territory in Vyselkovsky, Ust-Labinsky, Korenovsky, Dinsky districts. 5, Severnaya St., Vyselki village, Vyselkovsky District, Krasnodar Territory, 353101, Russian Federation.

Chekhvalova E.V. Sochi Branch of the Center for Hygiene and Epidemiology in the Krasnodar Territory. 27, Sochi, Roz St., Krasnodar, 354000, Russian Federation. E-mail: sochi_fguz@mail.ru.

Logvin F.V. Rostov State Medical University. 29, Nakhichevsky Lane, Rostov-on-Don, 344022, Russian Federation.

Zhukova L.I. Kuban State Medical University. 4, Mitrofan Sedina St., Krasnodar, 350063, Russian Federation.

Об авторах:

Куличенко А.Н., Манин Е.А., Волюнкина А.С., Дубянский В.М. Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт. Российская Федерация, 355035, Ставрополь, ул. Советская, 13–15. E-mail: stavnipchi@mail.ru.

Завгородний С.С. Территориальный отдел управления Роспотребнадзора по Краснодарскому краю в Выселковском, Усть-Лабинском, Кореновском, Динском районах. Российская Федерация, 353101, Краснодарский край, Выселковский район, ст. Выселки, ул. Северная, 5.

Чехвалова Е.В. Сочинский филиал ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Краснодарском крае». Российская Федерация, 354000, Краснодарский край, Сочи, ул. Роз, 27. E-mail: sochi_fguz@mail.ru.

Логвин Ф.В. Ростовский государственный медицинский университет. Российская Федерация, 344022, Ростов-на-Дону, пер. Нахичеванский, 29.

Жукова Л.И. Кубанский государственный медицинский университет. Российская Федерация, 350063, Краснодар, ул. Митрофана Седина, 4.