

УДК 004.942, 519.6, 614.4

DOI: [10.26102/2310-6018/2023.41.2.024](https://doi.org/10.26102/2310-6018/2023.41.2.024)

Применение индивидуум-ориентированного подхода для моделирования эпидемического процесса

А.Б. Борисенко¹✉, А.А. Борисенко²

¹Тамбовский государственный технический университет,
Тамбов, Российская Федерация

²Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова,
Санкт-Петербург, Российская Федерация
borisenko.ab@mail.tstu.ru✉

Резюме. Прогнозирование эпидемических процессов позволяет разработать и обосновать мероприятия по предупреждению распространения инфекционных болезней среди населения, а также ликвидировать негативные последствия, вызванных эпидемиями. Представляемая работа посвящена моделированию развития эпидемического процесса с использованием индивидуум-ориентированной модели, в которой моделирование осуществляется не на усредненном групповом, а на индивидуальном уровне с учетом персональных характеристик. Каждый индивидуум может находиться в одном из трех эпидемиологических состояний: восприимчивом (S), инфицированном (I) или выздоровевшем (R). Передача инфекции в популяции осуществляется от индивидуумов в состоянии I к индивидуумам в состоянии S. Инфицированные индивидуумы I после болезни меняют состояние на R и приобретают иммунитет. Иммунитет со временем ослабевает, и индивидуумы в состоянии R возвращаются в восприимчивое состояние S. Данная работа посвящена разработке и программной реализации алгоритма решения индивидуум-ориентированной модели, позволяющей исследовать динамику численности указанных групп популяции. Приводятся результаты, полученные при различных значениях параметров модели. Результаты, полученные с помощью индивидуум-ориентированного моделирования, сравниваются с результатами, полученными путем численного решения известной модели SIRS, представляющей собой систему обыкновенных дифференциальных уравнений. В качестве дальнейшей работы предполагается модификация используемой модели путем введения дополнительных групп индивидуумов, а также учета дополнительных индивидуальных параметров (в том числе возраста, пространственных координат, социальных контактов и др.). Для сокращения времени вычислений при исследовании распространения эпидемий в больших популяциях перспективным является распараллеливание алгоритма.

Ключевые слова: моделирование эпидемического процесса, эпидемические модели, индивидуум-ориентированные модели, компьютерное моделирование.

Для цитирования: Борисенко А.Б., Борисенко А.А. Применение индивидуум-ориентированного подхода для моделирования эпидемического процесса. *Моделирование, оптимизация и информационные технологии*. 2023;11(2). URL: <https://moitvvt.ru/ru/journal/pdf?id=1344> DOI: 10.26102/2310-6018/2023.41.2.024

Application of the individual-based approach for the epidemic process modeling

A.B. Borisenko¹✉, A.A. Borisenko²

¹Tambov State Technical University,
Tambov, the Russian Federation

²North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov,

Saint Petersburg, the Russian Federation
borisenko.ab@mail.tstu.ru✉

Abstract. Forecasting of epidemic processes makes it possible to develop and substantiate measures to prevent the spread of infectious diseases among the population as well as eliminate the negative consequences caused by epidemics. The paper deals with modeling the development of the epidemic process by means of an individual-based model. In these models, modeling is carried out using not an average group, but an individual level with consideration to the heterogeneity of the population by characteristics. Each individual can have three states: Susceptible (S), Infected (I), or Recovered (R). Transmission in a population occurs from individuals in state I to individuals in state S. After recovering, individuals I change state to R and become immune. Immunity wanes over time and individuals R revert to a susceptible state S. This paper is devoted to the development and software implementation of an algorithm for solving an individually oriented model, which helps to study the population dynamics of those groups. The results obtained for various model parameter values are presented. The results obtained using the individual-based simulation are compared with the results obtained by solving numerically the well-known SIRS model, which is a system of ordinary differential equations. As a further work, it is planned to modify the model by introducing additional groups of individuals while taking into account additional individual parameters (age, spatial coordinates, social contacts, etc.). To reduce the computation time in the study of the epidemic spread in large populations, algorithm parallelizing appears to be a prospective option.

Keywords: modeling of the epidemic process, epidemic models, individual-based model, computer modeling.

For citation: Borisenko A.B., Borisenko A.A. Application of the individual-based model for the epidemic process modeling. *Modeling, Optimization and Information Technology*. 2023;11(2). URL: <https://moitvvt.ru/ru/journal/pdf?id=1344> DOI: 10.26102/2310-6018/2023.41.2.024 (In Russ.).

Введение

Задачи прогнозирования относятся к числу ключевых моментов при принятии решений и играют важную роль в самых различных областях человеческой деятельности, в том числе в науке, экономике, производстве и т. д. Прогнозирование эпидемических процессов позволяет разработать и обосновать мероприятия по предупреждению распространения инфекционных болезней среди населения, а также помочь при ликвидации негативных последствий, вызванных эпидемиями [1].

Одним из методов исследования развития эпидемических процессов является математическое моделирование [2]. Математические модели распространения заболеваний играют важную роль в понимании динамики передачи различных патогенов и позволяют описать пространственные и временные закономерности распространения, а также помочь в изучении факторов, влияющих на передачу и лечение той или иной инфекции [3].

Применение адекватных эпидемиологических моделей позволяет спрогнозировать и оценить такие характеристики развития эпидемии, как время окончания эпидемии, общее число заболевших, выздоровевших, умерших и болеющих, пики заболеваемости и др., при различных параметрах модели, учитывающих, в частности, скорость заражения, скорость выздоровления и пр. Целью предлагаемой работы является разработка и программная реализация алгоритма решения индивидуум-ориентированной модели, а также сравнение результатов, полученных с ее помощью, с результатами, полученными путем численного решения известной модели SIRS, представляющей собой систему обыкновенных дифференциальных уравнений.

Материалы и методы

Одним из широко используемых методов моделирования распространения эпидемий среди населения является разбиение популяции на несколько различных групп. Такие модели получили название компартментных (камерных) моделей (*compartmental model*) [4]. Компартментные модели описываются системой дифференциальных уравнений, при этом количество индивидуумов в каждой группе является функцией времени. По мере развития эпидемии происходит переход индивидуумов из одной группы в другую.

Одной из простейших компартментных моделей является детерминированная SIR-модель (Susceptible – Infectious – Recovered) с формированием устойчивого иммунитета, предложенная У. Кермаком и А. МакКендриком [5]. Рассматриваемая модель не учитывает количество умерших и носителей в инкубационном периоде [6].

Вся популяция, состоящая из N индивидуумов, делится на три группы: восприимчивые к заболеванию S (*Susceptible*); зараженные, инфицирующие восприимчивых I (*Infectious*); и выздоровевшие, получившие долговременный иммунитет R (*Recovered*). Передача инфекции в популяции осуществляется от инфицированных индивидуумов I к восприимчивым S . Переболевшие индивидуумы R приобретают иммунитет и не могут быть заражены повторно.

Модель SIR предполагает, что индивидуумы сохраняют пожизненный иммунитет к болезни после выздоровления. Однако иммунитет со временем может ослабевать, и выздоровевшие индивидуумы могут возвращаться в восприимчивое состояние. Такой процесс может быть описан моделью SIRS (Рисунок 1).

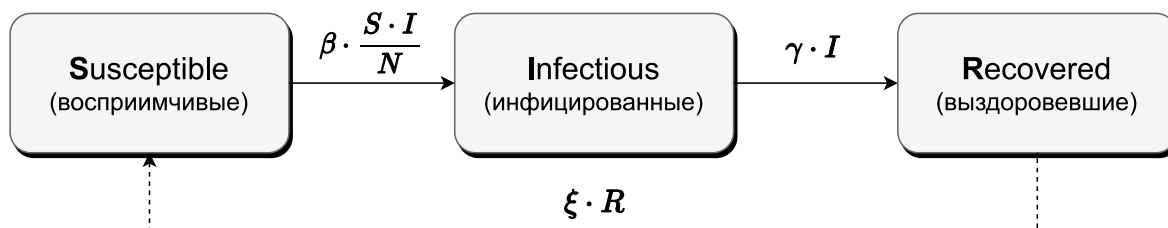


Рисунок 1 – Схема компартментной модели SIRS
Figure 1 – Schematic diagram of the compartmental SIRS model

Источником заражения является ранее инфицированный индивидуум, а реципиентом – восприимчивый индивидуум. После заражения восприимчивый индивидуум сам становится источником заражения. Далее зараженный индивидуум излечивается, приобретает иммунитет и переходит в группу выздоровевших. Затем приобретенный иммунитет утрачивается и выздоровевший опять становится восприимчивым к заболеванию. Детерминированная модель SIRS описывается системой линейных дифференциальных уравнений (1):

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta \cdot \frac{S(t) \cdot I(t)}{N} + \xi \cdot R(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta \cdot \frac{S(t) \cdot I(t)}{N} - \gamma \cdot I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) - \xi \cdot R(t) \\ S(t) + I(t) + R(t) = N \end{cases} \quad (1)$$

Здесь $S(t)$, [чел] – численность восприимчивой группы; $I(t)$, [чел] – численность инфицированной группы; $R(t)$, [чел] – численность выздоровевшей группы; $\beta \cdot S(t) \cdot I(t) / N$, [чел/сут] – скорость, с которой восприимчивая популяция сталкивается с

инфицированной популяцией, что приводит к передаче болезни (скорость распространения инфекции в популяции); $\gamma \cdot I(t)$, [чел/сут] – скорость, с которой инфицированная популяция выздоравливает (скорость выздоровления); $\xi \cdot R(t)$, [чел/сут] – скорость, с которой выздоровевшая популяция теряет иммунитет (скорость потери иммунитета); N , [чел] – численность всей популяции; параметр β , [чел⁻¹] – константа скорости заражения (интенсивность заражения); параметр γ , [чел⁻¹] – константа скорости выздоровления (интенсивность выздоровления); параметр ξ , [чел⁻¹] – константа потери иммунитета (интенсивность потери иммунитета). Следует отметить, что при $\xi = 0$ SIRS-модель становится SIR-моделью.

После добавления к системе обыкновенных дифференциальных уравнений (1) начальных условий $S(0) = S_{init}$, $I(0) = I_{init}$, $R(0) = R_{init}$ будет получена задача Коши, которая может быть решена с применением известных численных методов, в частности, метода Эйлера или Рунге-Кутты [7].

Модель (1) описывает изменение усредненных по популяции значений характеристических параметров. Одним их альтернативных подходов, учитывающих особенности каждого отдельного индивидуума, является использование индивидуум-ориентированных моделей (*Individual-Based Model* – IBM). Популяция P в каждый момент времени t представляет собой совокупность отдельных индивидуумов I , которые, в свою очередь, описываются набором динамически изменяющихся характеристик C , как это представлено в выражении (2), где N , [чел] – численность всей популяции; M – количество характеристик каждого индивидуума.

$$P_t = \begin{bmatrix} I_{1,t} \\ I_{2,t} \\ \vdots \\ I_{N,t} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C_{1,1,t} & C_{1,2,t} & \dots & C_{1,M,t} \\ C_{2,1,t} & C_{2,2,t} & \dots & C_{2,M,t} \\ \vdots & \vdots & \dots & \vdots \\ C_{N,1,t} & C_{N,2,t} & \dots & C_{N,M,t} \end{bmatrix} \quad (2)$$

К таким характеристикам можно отнести, например, пол, возраст, место нахождения в конкретный момент времени (дом, работа, транспорт, общественные места) и пр. Следует отметить, что один из признаков должен представлять собой эпидемиологическое состояние (*epidemiological states*), т. е. описывать принадлежность индивидуума к группе восприимчивых (S), инфицированных (I) или выздоровевших (R) [9].

Индивидуум-ориентированное моделирование (ИОМ) является разновидностью многоагентного имитационного моделирования и позволяет изучить интегральные характеристики популяции как результат множества локальных взаимодействий отдельных индивидуумов [10, 11]. Высокая степень детализации потенциально позволяет учесть специфические особенности отдельных индивидуумов и добиться высокой адекватности моделирования. Данный подход был успешно использован в различных областях исследований, в том числе микробиологии [12], экологии [13], эпидемиологии [14].

Для рассматриваемой задачи каждый индивидуум в популяции обладает некоторым набором релевантных, с точки зрения эпидемиологии, характеристик [15]. В предлагаемой работе в качестве таких характеристик используются эпидемиологические состояния, которые являются минимальным набором характеристик, описывающих эпидемиологическую систему [9]. Для индивидуум-ориентированных моделей необходимо также использовать некоторые правила (детерминированные или стохастические), которые определяют, как и когда индивидуум осуществляет смену своего состояния. В данной работе взаимодействие между индивидуумами в каждый момент времени моделируется с помощью рандомизированной процедуры,

характеристики индивидуумов обновляются в соответствии с рассчитанными вероятностями, как это представлено в Листинге 1 (имена большинства переменных алгоритма соответствуют именам, используемым в рассмотренных выше моделях).

Исходными данными для алгоритма, псевдокод которого представлен в Листинге 1, являются: начальное распределение индивидуумов по соответствующим группам S_{init} , I_{init} , R_{init} ; продолжительность эпидемии T ; количество точек на временном интервале N_p ; значения констант математической модели β , γ , χ .

Каждый индивидуум внутри популяции в конкретный момент времени может находиться, как это представлено выше применительно к компартментной SIRS модели, только в одном из трех состояний: S_STATE , I_STATE или R_STATE (строки 1-3). Одновременно в нескольких состояниях индивидуум находиться не может. Инициализация значений массивов $POP[]$, $S[]$, $I[]$, $R[]$, $t[]$, а также переменных N и dt алгоритма осуществляется на основе значений исходных данных (строки 6-11). Массив $POP[]$ имеет длину N элементов, массивы $S[]$, $I[]$, $R[]$, $t[]$ – длину N_p элементов.

На каждой итерации i (строка 12) с определенной вероятностью состояние каждого j -го индивидуума $POP[j]$ в популяции может измениться.

```

1 #define S_STATE 1
2 #define I_STATE 2
3 #define R_STATE 3
4 ...
5 // инициализация начального распределения индивидуумов по группам
6 S[0] = Sinit; I[0] = Iinit; R[0] = Rinit; N = S[0] + I[0] + R[0];
7 for (j = 0; j < N; j++) { // перебор индивидуумов в популяции
8     if (j < S[0]) POP[j] = S_STATE;
9     else if (j < S[0] + I[0]) POP[j] = I_STATE;
10    else POP[j] = R_STATE; }
11 t[0] = 0.0; dt = T / Np;
12 for (i = 1; i < Np; i++) { // перебор точек на временном интервале [0;T]
13     t[i] = t[i-1] + dt;
14     P_SI = 1.0 - exp(-beta * I[i-1] / N * dt);
15     P_IR = 1.0 - exp(-gamma * dt);
16     P_RS = 1.0 - exp(-xi * dt);
17     for (j = 0; j < N; j++) {
18         Rv = uniform_rnd(0.0, 1.0);
19         switch (POP[j]) {
20             case S_STATE: // Если индивидуум восприимчив к инфекции
21                 if(Rv < P_SI) POP[j] = I_STATE; break;
22             case I_STATE: // Если индивидуум инфицирован
23                 if(Rv < P_IR) POP[j] = R_STATE; break;
24             case R_STATE: // Если индивидуум выздоровел
25                 if(Rv < P_RS) POP[j] = S_STATE; break;
26         }}
27     // подсчет кол-ва индивидуумов в каждой группе в i-ый момент времени
28     S[i] = 0; I[i] = 0; R[i] = 0;
29     for (j = 0; j < N; j++) { // перебор индивидуумов в популяции
30         switch (POP[j]) {
31             case S_STATE: ++S[i]; break;
32             case I_STATE: ++I[i]; break;
33             case R_STATE: ++R[i]; break;
34         }}
35 }
    
```

Рисунок 1 – Псевдокод алгоритма решения индивидуум-ориентированной модели
 Figure 1 – Pseudocode of the individual-based model algorithm

Изменение состояния индивидуумов осуществляется по методу Монте-Карло (*Monte Carlo method*) следующим образом. На каждой временной итерации i осуществляется шаг по времени t (строка 13) и рассчитываются вероятности заражения P_{SI} (смена состояния $S \rightarrow I$), выздоровления P_{IR} ($I \rightarrow R$) или потери иммунитета P_{RS} ($R \rightarrow S$) (строки 14-16). Для расчета вероятностей изменения состояния индивидуума используются следующие выражения [15]: $P_{SI} = 1 - e^{-\lambda \cdot \Delta t}$, $P_{IR} = 1 - e^{-\gamma \cdot \Delta t}$, $P_{RS} = 1 - e^{-\xi \cdot \Delta t}$, где $\lambda = \beta \cdot I/N$ – сила заражения (*force of infection*).

Далее для каждого индивидуума j популяции (строка 17) генерируется случайная величина Rv с равномерным распределением в диапазоне от 0 до 1 (строка 18). Если значение данной величины меньше соответствующей вероятности изменения состояния (строки 19-26), то происходит смена состояния индивидуума, в противном случае состояние не меняется. После смены состояний индивидуумов на текущей временной итерации i осуществляется подсчет и сохранение количества индивидуумов в каждой группе $S[i]$, $I[i]$, $R[i]$ (строки 28-34). Затем осуществляется переход на следующую итерацию по времени (строка 35).

Результаты и обсуждение

Для проведения численных экспериментов разработана программа на языке программирования C++. Компиляция программы осуществлялась с применением компилятора GCC 11.3.0, операционная система Ubuntu 22.04.2 LTS.

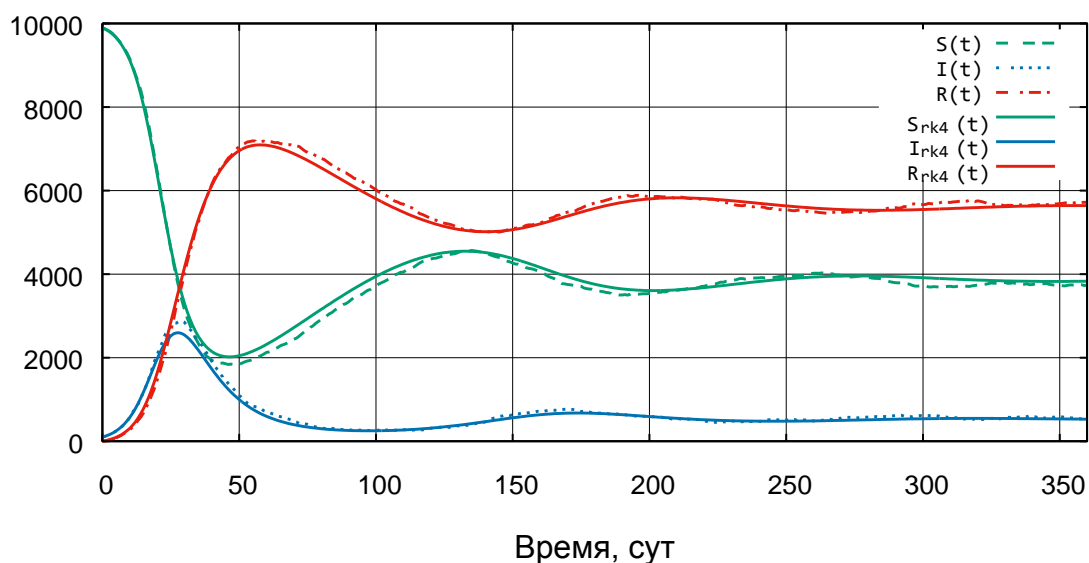


Рисунок 2 – Результат применения индивидуум-ориентированной модели и модели SIRS
 ($\beta=0,303$; $\gamma=0,117$; $\xi=0,011$)
 Figure 2 – Result of the individual-based model and the SIRS model
 ($\beta=0,303$; $\gamma=0,117$; $\xi=0,011$)

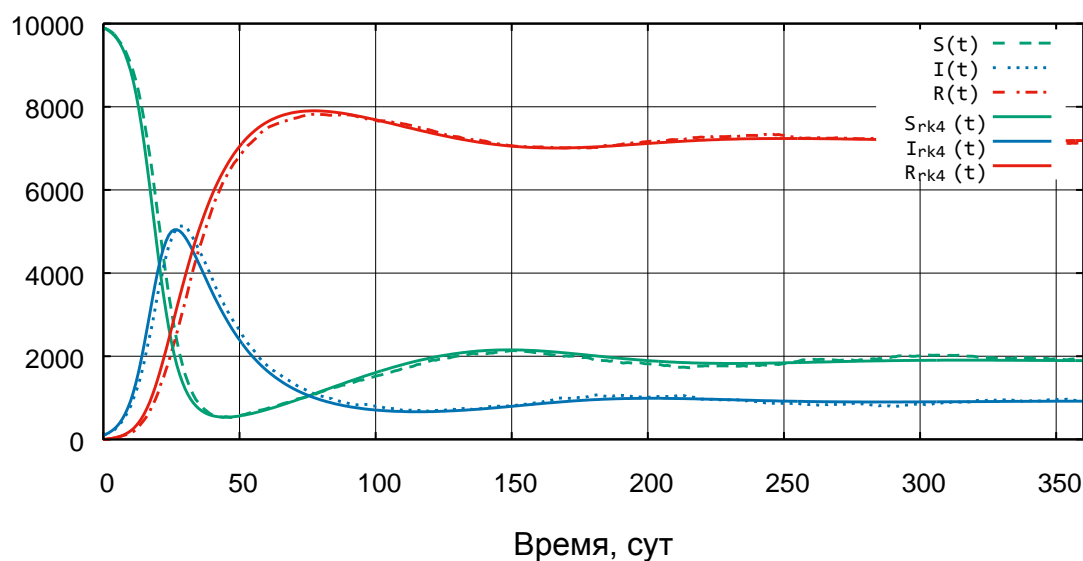


Рисунок 3 – Результат применения индивидуум-ориентированной модели и модели SIRS ($\beta=0,291$; $\gamma=0,055$; $\xi=0,007$)
 Figure 3 – Result of the individual-based model and the SIRS model ($\beta=0,291$; $\gamma=0,055$; $\xi=0,007$)

Для генерации псевдослучайных чисел был использован класс `std::uniform_real_distribution` из библиотеки `<random>`.

На Рисунке 2 и Рисунке 3 представлены результаты использования индивидуум-ориентированной модели (пунктирные и штрих-пунктирные линии) и, для сравнения, модели SIRS (сплошные линии). Система обыкновенных дифференциальных уравнений (1) была решена с помощью метода Рунге-Кутты четвертого порядка (rk4). Графики показывают состояние популяции в процессе развития эпидемической ситуации.

Исходное распределение популяции по группам для обоих случаев: $S_{init}=9990$, $I_{init}=10$, $R_{init}=0$. Длительность эпидемии $T=360$ суток, количество точек на временном интервале $N_p=360$ (одна итерация по времени соответствует одним суткам). Для первого случая исходные значения параметров модели: $\beta=0,303$; $\gamma=0,117$; $\xi=0,0111$. Для второго случая: $\beta=0,291$; $\gamma=0,055$; $\xi=0,007$.

На графике видно, что изменение количества индивидуумов в каждой группе происходит в виде затухающих волнообразных колебаний. В частности, для рассматриваемых примеров в начальный период эпидемии (первые 25 дней) происходит резкий рост числа инфицированных (в это время в популяции отсутствуют индивидуумы с иммунитетом), после чего наступает спад. Затем следует плавный рост, но уже не такой значительный, и т. д. В итоге происходит динамическая стабилизация, когда количество индивидуумов в каждой группе незначительно колеблется относительно некоторой величины. Очевиден вывод, что самый опасный этап в развитии эпидемического процесса наблюдается при полном отсутствии иммунитета в популяции. Когда такой иммунитет появляется, развитие протекает более растянуто во времени и без резких колебаний. На наличие в популяции в начальный период развития эпидемии индивидуумов с иммунитетом можно повлиять, например, путем проведения вакцинации.

Результаты, полученные с помощью индивидуум ориентированного подхода, достаточно близки к результатам, полученным путем решения модели на основе системы обыкновенных дифференциальных уравнений. Однако следует отметить, что развитие эпидемий является по своей природе стохастическим процессом, протекающим в

популяции с известным количеством особей. Поэтому применение индивидуум-ориентированного подхода представляется более предпочтительным, поскольку этот подход позволяет учесть характеристики и взаимодействия отдельных индивидуумов.

Заключение

Для моделирования процесса развития эпидемического процесса была успешно использована индивидуум-ориентированная модель. Поскольку индивидуум-ориентированные модели обеспечивают большую гибкость с точки зрения индивидуальных особенностей отдельных индивидуумов, они могут играть важную роль в разработке стратегий противодействия распространению инфекционных заболеваний. Изменяя значения параметров модели β , γ , и ξ , можно проигрывать различные сценарии развития эпидемии.

В дальнейшем предполагается модификация используемой модели путем введения дополнительных групп индивидуумов, а также учета дополнительных индивидуальных параметров (в том числе возраста, пространственных координат, социальных контактов и др.). Очевидно, что с увеличением численности популяции (а в масштабах населения стран цифры могут достигать десятков и сотен миллионов человек) и количества учитываемых параметров, будет увеличиваться и время моделирования. Для сокращения времени вычислений перспективным является распараллеливание алгоритма модели с использованием тех или иных вычислительных технологий, в том числе MPI, OpenMP, CUDA, OpenCL, что тоже является направлением дальнейших исследований.

Исходные тексты программы на языке C++ доступны для скачивания по ссылке: https://disk.yandex.ru/d/vjR9_a_An4XRPw.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Гришунина Ю.Б., Контаров Н.А., Архарова Г.В., Юминова Н.В. Моделирование эпидемической ситуации с учетом внешних рисков. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2014;78(5):61–66.
2. Hethcote H.W. The Mathematics of Infectious Diseases. *SIAM Review*. 2000;42(4):599–653. DOI:10.1137/S0036144500371907.
3. Sofonea M.T., Cauchemez S, Boëlle P.-Y. Epidemic models: why and how to use them. *Anaesthesia Critical Care & Pain Medicine*. 2022;41(2):101048. Доступно по: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S2352556822000297>. DOI: 10.1016/j.accpm.2022.101048 (дата обращения: 30.03.2023).
4. Abou-Ismaïl A. Compartmental Models of the COVID-19 Pandemic for Physicians and Physician-Scientists. *SN Comprehensive Clinical Medicine*. 2020;2(7):852–858. DOI: 10.1007/s42399-020-00330-z.
5. Kermack W.O., McKendrick A.G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London*. 1927;115(772):700–721. DOI: 10.1098/rspa.1927.0118.
6. Piccirillo V. Nonlinear control of infection spread based on a deterministic SEIR model. *Chaos, Solitons & Fractals*. 2021;149:111051. Доступно по: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0960077921004057>. DOI: 10.1016/j.chaos.2021.111051. (дата обращения: 30.03.2023).
7. Борисенко А.Б., Борисенко А.А. Применение SIR-модели для моделирования эпидемического процесса. *Ползуновский альманах*. 2022;1(4):51–53.
8. Сорокин П.А. Классификация методов индивидуум-ориентированного моделирования. *Исследовано в России*. 2003;6:574–588.

9. Nepomuceno E.G., Takahashi R.H.C., Aguirre L.A. Individual-Based Model (IBM): an Alternative Framework for Epidemiological Compartment Models. *Brazilian Journal of Biometrics*. 2016;34(1):133–162.
10. Nepomuceno E.G., Resende D.F., Lacerda M.J. A Survey of the Individual-Based Model applied in Biomedical and Epidemiology. *Journal of Biomedical Research and Reviews*. 2019;1(1):11–24. DOI: 10.48550/arXiv.1902.02784.
11. Railsback S.F., Grimm V. *Agent-Based and Individual-Based Modeling: A Practical Introduction*. Princeton: Princeton University Press; 2019. 339 p.
12. Ferrer J., Prats C., López D. Individual-based Modelling: An Essential Tool for Microbiology. *Journal of Biological Physics*. 2008;34(1–2):19–37. DOI: 10.1007/s10867-008-9082-3.
13. DeAngelis D.L. *Individual-based models and approaches in ecology: populations, communities and ecosystems*. CRC Press; 2017. 545 p.
14. Hazelbag C.M., Dushoff J., Dominic E.M., Mthomboti Z.E., Delva W. Calibration of individual-based models to epidemiological data: A systematic review. *PLOS Computational Biology*. 2020;16(5):e1007893. Доступно по: <https://dx.plos.org/10.1371/journal.pcbi.1007893>. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1007893 (дата обращения: 30.03.2023).
15. Агеева А.Ф. Имитационное моделирование эпидемий: агентный подход. *Моделирование, оптимизация и информационные технологии*. 2020;8(3). Доступно по: https://moit.vivt.ru/wpcontent/uploads/2020/08/Ageeva_3_20_1.pdf DOI: 10.26102/2310-6018/2020.30.3.030 (дата обращения: 30.03.2023).
16. Galvão Filho A.R., Martins de Paula L.C., Coelho C.J., de Lima T.W., da Silva Soares A. CUDA parallel programming for simulation of epidemiological models based on individuals. *Mathematical Methods in the Applied Sciences*. 2016;39(3):405–411. DOI: 10.1002/mma.3490.

REFERENCES

1. Grishunina Yu.V., Kontarov N.A., Arkharova G.V., Yuminova N.V. Modeling of Epidemic Situation Taking into Account External risks. *Epidemiologiya i vaksino profilaktika = Epidemiology and Vaccinal Prevention*. 2014;78(5):61–66. (In Russ.).
2. Hethcote H.W. The Mathematics of Infectious Diseases. *SIAM Review*. 2000;42(4):599–653. DOI:10.1137/S0036144500371907.
3. Sofonea M.T., Cauchemez S, Boëlle P.-Y. Epidemic models: why and how to use them. *Anaesthesia Critical Care & Pain Medicine*. 2022;41(2):101048. Available from: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S2352556822000297>. DOI: 10.1016/j.accpm.2022.101048 (accessed on 30.03.2023).
4. Abou-Ismaïl A. Compartmental Models of the COVID-19 Pandemic for Physicians and Physician-Scientists. *SN Comprehensive Clinical Medicine*. 2020;2(7):852–858. DOI: 10.1007/s42399-020-00330-z.
5. Kermack W.O., McKendrick A.G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London*. 1927;115(772):700–721. DOI: 10.1098/rspa.1927.0118.
6. Piccirillo V. Nonlinear control of infection spread based on a deterministic SEIR model. *Chaos, Solitons & Fractals*. 2021;149:111051. Available from: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0960077921004057> (accessed on 30.03.2023).

7. Borisenko A.B., Borisenko A.A. Application of the SIR-Model for Epidemic Process Modeling. *Polzunovskii al'manakh*. 2022;1(4):51–53. (In Russ.)
8. Sorokin P.A. Klassifikatsiya metodov individuum-orientirovannogo modelirovaniya. *Issledovano v Rossii*. 2003;6:574–588. (In Russ.).
9. Nepomuceno E.G., Takahashi R.H.C., Aguirre L.A. Individual-Based Model (IBM): an Alternative Framework for Epidemiological Compartment Models. *Brazilian Journal of Biometrics*. 2016;34(1):133–162. (In Russ.).
10. Nepomuceno E.G., Resende D.F., Lacerda M.J. A Survey of the Individual-Based Model applied in Biomedical and Epidemiology. *Journal of Biomedical Research and Reviews*. 2019;1(1):11–24. DOI: 10.48550/arXiv.1902.02784.
11. Railsback S.F., Grimm V. *Agent-Based and Individual-Based Modeling: A Practical Introduction*. Princeton: Princeton University Press; 2019. 339 p.
12. Ferrer J., Prats C., López D. Individual-based Modelling: An Essential Tool for Microbiology. *Journal of Biological Physics*. 2008;34(1–2):19–37. DOI: 10.1007/s10867-008-9082-3.
13. DeAngelis D.L. *Individual-based models and approaches in ecology: populations, communities and ecosystems*. CRC Press; 2017. 545 p.
14. Hazelbag C.M., Dushoff J., Dominic E.M., Mthomboti Z.E., Delva W. Calibration of individual-based models to epidemiological data: A systematic review. *PLOS Computational Biology*. 2020;16(5):e1007893. Available from: <https://dx.plos.org/10.1371/journal.pcbi.1007893>. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1007893 (accessed on 30.03.2023).
15. Ageeva A.F. Simulation of epidemics: agent-based approach. *Modelirovaniye, optimizatsiya i informatsionnyye tekhnologii = Modeling, Optimization and Information Technology*. 2020;8(3). Available from: https://moit.vvt.ru/wpcontent/uploads/2020/08/Ageeva_3_20_1.pdf. DOI: 10.26102/2310-6018/2020.30.3.030 (accessed on 30.03.2023). (In Russ.).
16. Galvão Filho A.R., Martins de Paula L.C., Coelho C.J., de Lima T.W., da Silva Soares A. CUDA parallel programming for simulation of epidemiological models based on individuals. *Mathematical Methods in the Applied Sciences*. 2016;39(3):405–411. DOI:10.1002/ma.3490.

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ / INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

Борисенко Андрей Борисович, кандидат технических наук, доцент кафедры Компьютерно-интегрированные системы в машиностроении, Тамбовский государственный технический университет, Тамбов, Российская Федерация.
e-mail: borisenko.ab@mail.tstu.ru
ORCID: [0000-0001-9315-6167](https://orcid.org/0000-0001-9315-6167)

Andrey Borisovich Borisenko, Candidate of Technical Sciences, Associate Professor at the Department of Computer-Integrated Systems in Mechanical Engineering, Tambov State Technical University, Tambov, the Russian Federation.

Борисенко Антон Андреевич, студент, кафедра гигиены условий воспитания, обучения, труда и радиационной гигиены, Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Российская федерация.
e-mail: bOris98@mail.ru

Anton Andreevich Borisenko, Undergraduate Student, the Department of Hygiene of Educational, Training, and Labor Conditions and Radiation Hygiene, North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov, Saint Petersburg, the Russian Federation.

*Статья поступила в редакцию 31.03.2023; одобрена после рецензирования 15.05.2023;
принята к публикации 21.06.2023.*

*The article was submitted 31.03.2023; approved after reviewing 15.05.2023;
accepted for publication 21.06.2023.*