

На правах рукописи

**Влад Андрей Иванович**

**Агентная модель динамики вирусных инфекций**

Специальность 1.2.2 —  
«Математическое моделирование, численные методы и комплексы программ»

Автореферат  
диссертации на соискание учёной степени  
кандидата технических наук

Москва — 2022

Работа выполнена в Институте вычислительной математики им. Г. И. Марчука РАН.

Научный руководитель: кандидат физико-математических наук  
**Санникова Татьяна Евгеньевна**

Ведущая организация: Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова»

Защита состоится «    » \_\_\_\_\_ г. в \_\_\_\_\_ на заседании диссертационного совета ФПМИ.1.2.2.\_\_\_\_, созданного на базе федерального государственного автономного образовательного учреждения высшего образования «Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет)» (МФТИ, Физтех) по адресу: 141701, Московская область, г. Долгопрудный, Институтский переулок, д. 9.

С диссертацией можно ознакомиться в библиотеке МФТИ, Физтех и на сайте организации <https://mipt.ru>.

Автореферат разослан «    » \_\_\_\_\_ 2022 года.

Ученый секретарь  
диссертационного совета  
ФПМИ.1.2.2.\_\_\_\_,  
к.т.н., доцент

Войтиков Константин Юрьевич

## Общая характеристика работы

**Актуальность темы.** Анализ и прогнозирование заболеваемости являются основными задачами математической эпидемиологии. Традиционным подходом к описанию эпидемий является использование моделей, основанных на системах обыкновенных дифференциальных уравнений. Однако при описании эпидемических процессов дифференциальными уравнениями возникают нереалистичные предположения, а именно предположение об однородности, которое заключается в том, что вся популяция внутри одного компартмента предполагается однородной, и предположение о равномерном перемешивании различных групп населения, так как не учитываются особенности взаимодействия индивидов в популяции между собой.

При альтернативном подходе к моделированию в эпидемиологии, получившем название “агентного подхода”, система представляется в виде набора программных сущностей, называемых “агентами”, которые обладают следующим набором свойств [1]:

- Социальность. Агент, находясь в определенной среде, взаимодействует с другими агентами по заданному набору правил.
- Автономность. Агент функционирует независимо в своем окружении и в своих взаимодействиях с другими агентами. У агента имеется поведение, которое связывает восприятие агентом своего окружения с его решениями и действиями.
- Идентифицируемость. Агент является уникальным объектом со своим набором свойств, поведением и способностью принимать решения.

Преимуществом агентных моделей является то, что они позволяют исследовать эмерджентные явления (явления, присущие системе в целом, но не присущие её компонентам по отдельности), а именно, учитываются такие факторы, как неоднородность, нелинейность и наличие индивидуальной памяти; они дают естественное описание системы, то есть позволяют учитывать случайность событий и сложный характер поведения индивидов; они также обладают большой гибкостью, позволяя добавление новых агентов, правил и изменение их свойств. Главным ограничением агентных моделей является то, что они довольно трудоемки и вычислительно интенсивны [2].

Острые респираторные вирусные инфекции являются самой распространенной причиной заболеваемости во многих странах умеренного климата [3]. Большое разнообразие возбудителей вирусных инфекций и их изменчивость не позволяют надеяться на решение данной проблемы при помощи вакцинации. В городской популяции умеренного климата циркулирует множество различных вирусов, инфекционности которых имеют разную зависимость от температуры воздуха и сезонности, а также

характеризуются разной продолжительностью инкубационного периода, продолжительностью симптомов и длительностью иммунитета. Вместе эти вирусы создают сложную сезонную динамику острых респираторных вирусных инфекций, на которую влияют многочисленные процессы и факторы. Накопленные данные о вирусах, вызываемых ими заболеваниями, и процессах, происходящих в организме человека, дают уникальную возможность создания биологически мотивированной системы, учитывающей разнообразие свойств вирусов и индивидов и особенности их взаимодействия друг с другом. Имеющиеся агентные модели в эпидемиологии обычно используются для изучения вспышек заболеваемости, вызванных какими-то одиночными вирусами, тогда как в действительности динамика заболеваемости острыми респираторными вирусными инфекциями определяется несколькими вирусами, одновременно циркулирующими в популяции. В связи этим возникает потребность в моделях, которые могли бы воспроизводить сезонную динамику заболеваемость респираторными инфекциями и при этом достаточно детальным образом учитывать множество различных процессов, влияющих на данную динамику.

Прогнозирование распространения респираторных инфекций является актуальной задачей. При появлении новой инфекции, вызванной новым патогеном или новым генетическим вариантом уже изученного патогена необходим быстрый и достаточно точный прогноз развития эпидемической ситуации. Прогнозы, полученные при помощи эпидемических моделей, основанных на системах дифференциальных уравнений, показали свою несостоятельность, которая состоит в том, что данные модели оказались не способны строить долгосрочные прогнозы, что было показано на примере вспышек известных заболеваний, таких как лихорадка Эбола или SARS-CoV-2 [4; 5], в отличие от прогнозов, которые получаются при использовании агентных моделей [6; 7].

Еще одной актуальной задачей является контроль распространения респираторных инфекций. Существуют различные способы контроля заболеваемости: введение карантинных мер, масочного режима, вакцинация. Математические модели дают возможность оценки эффективности различных стратегий по снижению заболеваемости. Главным преимуществом агентных моделей является то, что они позволяют учитывать неоднородность популяции и особенности взаимодействия индивидов внутри нее, а также моделировать различные меры здравоохранения как на уровне всей системы, так и на уровне отдельных индивидов, таким образом являясь отличным инструментом для выбора оптимальной стратегии по борьбе со вспышками заболеваемости.

**Целью** данной работы является построение, исследование и реализация в виде программных комплексов агентной модели сезонной динамики острых респираторных инфекций с учетом их этиологии в мегаполисе, расположенном в умеренном климате.

Для достижения поставленной цели необходимо было решить следующие задачи:

1. Разработка алгоритма создания синтетической популяции и построения сети контактов в ней.
2. Разработка модели передачи инфекции, учитывающей совокупность взаимодействующих вирусов и различных факторов, влияющих на их распространение.
3. Решение задачи идентификации параметров.

**Научная новизна.** Впервые была разработана модель сообщества респираторных вирусов, циркулирующих в человеческой популяции большого города. Особенности данной модели являются реалистичные значения параметров патогенеза вирусных инфекций, иммунной реакции на инфекции, зависимость инфекционности различных вирусов от климатических факторов. В нашей модели вирусные инфекции взаимодействуют между собой за счет двух коррелирующих механизмов: индукции неспецифической резистентности ко всем вирусам на острой фазе инфекции и изменения поведения инфицированного агента при самоизоляции. Была разработана новая модель инфицирования, учитывающая совокупность взаимодействующих вирусов и различных факторов, влияющих на их распространение. Наконец, был разработан алгоритм идентификации параметров модели.

**Теоретическая значимость** работы заключается в том, что была разработана агентная модель распространения совокупности различных вирусных инфекций в популяции с учетом как внешних факторов окружающей среды, так и внутренних факторов, связанных с процессами, происходящими внутри организмов индивидов. Разработан алгоритм создания синтетической популяции и построения сети контактов в ней, который может быть использован в других работах, в которых рассматривается популяция большого города. Была создана новая модель инфицирования индивидов, учитывающая риски инфицирования для каждого фактора, влияющего на общую вероятность инфицирования. Также был разработан алгоритм идентификации параметров, который может быть использован и в других агентных моделях.

**Практическая значимость** работы состоит в реализации агентной модели в виде программных комплексов на языке программирования Julia с использованием параллельных вычислений. С помощью разработанного комплекса программ было проведено моделирование динамики заболеваемости острыми респираторными инфекциями. Модель может быть использована для изучения эффективности различных мер по контролю заболеваемости как на уровне популяции, так и на уровне индивидов, в частности то, какое влияние они оказывают на ключевые показатели заболеваемости, такие как общее число диагностированных случаев болезни

или пиковые показатели заболеваемости за определенный промежуток времени. Модель может легко расширяться за счет добавления новых вирусов к уже имеющимся вирусам, циркулирующим в популяции.

**Методология и методы исследования.** Для решения поставленных задач использовался агентный подход к моделированию динамики заболеваемости острыми респираторными вирусными инфекциями различной этиологии. Для получения наблюдаемой динамики использовались демографические и социально-экономические показатели популяции, географические координаты объектов на карте, метеорологические данные по среднесуточной температуре воздуха, экспериментальные оценки вирусологических и иммунологических параметров моделируемых вирусов и временные ряды по заболеваемости, полученные из разных источников и периоды времени, которые объединялись в единую систему.

### **Основные положения, выносимые на защиту:**

1. Разработана агентная модель распространения множества острых респираторных вирусных инфекций в мегаполисе. Создана синтетическая популяция модели размером более 10 миллионов агентов и построена сеть контактов в ней на основе коллективов, в которых происходят эпидемически значимые контакты между индивидами.
2. Разработана модель передачи инфекции, определяющая риск инфицирования индивида с учетом множества различных факторов, связанных как с процессами, происходящими внутри организма человека, так и со внешними факторами, влияющими на способность вирусов к передаче от человека к человеку.
3. Разработан алгоритм идентификации параметров модели, основанный на минимизации функции потерь между результатами численного эксперимента и наблюдаемыми данными со значениями параметров, получаемых из выборки латинского гиперкуба. Алгоритм дает достаточное улучшение начального приближения.
4. Создан программный комплекс на языке программирования Julia, реализующий разработанную модель. Проведены численные эксперименты по моделированию заболеваемости острыми респираторными вирусными инфекциями в Москве, показавшие достаточно хорошее приближение к данным. Исследованы влияния различных сценариев закрытия школ на карантин на динамику инфекционной заболеваемости.

**Апробация работы.** Основные результаты работы докладывались на семинарах Института вычислительной математики РАН, на 64-й Всероссийской научной конференции МФТИ [8], а также на 13-й международной конференции “Bioinformatics of Genome Regulation and Structure/Systems Biology” [9]. По теме диссертации опубликована статья «Моделирование распространения респираторных вирусных инфекций в городе: мульти-агентный подход» [10]. Кроме того, автор работы является соавтором

государственной регистрации программы для ЭВМ № 2020615304 Архиграф.ЭпидПрогноз от 20 мая 2020 года [11].

**Личный вклад.** Все результаты, составляющие основное содержание диссертации, были получены автором самостоятельно. Автором были разработаны алгоритмы создания синтетической популяции большого города и построения сети контактов в ней. Была разработана модель передачи инфекции, учитывающая совокупность различных факторов. Для модели был реализован комплекс программ на языке программирования Julia. Была разработана и проведена процедура настройки параметров и были получены результаты моделирования.

**Публикации.** Основные результаты по теме диссертации изложены в 3 печатных изданиях, 1 из которых изданы в журналах, рекомендованных ВАК, 1 — в периодических научных журналах, индексируемых Web of Science и Scopus, 2 — в тезисах докладов. Зарегистрирована 1 программа для ЭВМ.

## Содержание работы

Во **введении** обосновывается актуальность исследований, проводимых в рамках данной диссертационной работы, формулируется цель, ставятся задачи работы, излагается научная новизна, теоретическая и практическая значимость представляемой работы, а также приведено описание структуры диссертации.

В **первой главе** приведен обзор научной литературы, посвященной двум основным подходам к моделированию в эпидемиологии. Глава состоит из 4-х разделов.

В разделе **1.1** приведена история возникновения математических моделей в эпидемиологии.

Раздел **1.2** посвящен моделям, основанным на системах обыкновенных дифференциальных уравнений. В частности, рассматривается классическая SIR-модель (1) и ее вариации.

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta SI/N, \\ \dot{I} = \beta SI/N - \gamma I, \\ \dot{R} = \gamma I, \end{cases} \quad (1)$$

Раздел **1.3** посвящен агентным моделям. Рассматривается история развития агентных моделей и их применение в современной эпидемиологии на примере нескольких работ.

В разделе **1.4** агентные модели сравниваются с моделями, основанными на системах обыкновенных дифференциальных уравнений. Приведены преимущества и ограничения каждого подхода к моделированию, а также сравниваются результаты, получаемые при их использовании.

**Вторая глава** посвящена разработке агентной модели динамики заболеваемости острыми респираторными вирусными инфекциями в условиях мегаполиса. Глава состоит из 7-ми разделов.

В разделе **2.1** приведены основные предположения модели.

В разделе **2.2** приведены объекты, которые рассматриваются в модели, а именно:

- агенты, представляющие людей;
- вирусы, представляющие семь респираторных вирусов, наиболее распространенных в городской популяции умеренного климата;
- коллективы: домохозяйства, образовательные учреждения и рабочие коллективы;
- модельное время.

В разделе **2.3** описано создание синтетической популяции, состоящей из более чем 10 миллионов агентов, половозрастное распределение которой соответствует Всероссийской переписи населения 2010 г. Для синтетической популяции описано построение сети эпидемически значимых контактов внутри различных коллективов, которые представлены домохозяйствами, образовательными учреждениями и рабочими коллективами (рис. 1).

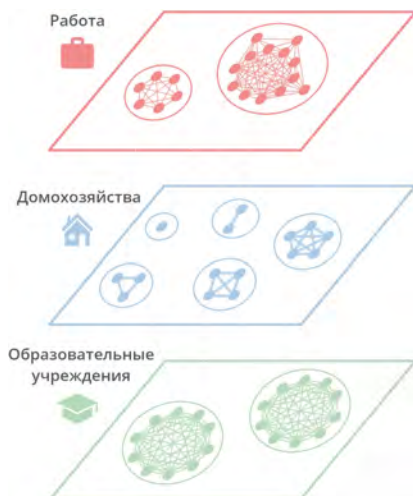


Рис. 1 — Сети контактов в коллективах, представленных на трех уровнях. Связи между уровнями обозначают одного и того же агента, который может находиться в нескольких коллективах в течение дня. Контакты в домохозяйствах представлены полными графами, а в группах образовательных учреждений и рабочих коллективах – в виде графов Барабаши-Альберт с параметрами присоединения 10 и 5 соответственно



Раздел **2.4** посвящен модели течения заболевания. Агенты делятся на восприимчивых, инфицированных, резистентных и частично восприимчивых. Восприимчивые агенты способны заражаться. Инфицированные агенты могут заражать других. Инфицированные агенты с симптомами могут самоизолироваться дома, при этом их болезнь будет считаться диагностированной. Резистентные агенты не могут заразиться ни одним вирусом. Частично восприимчивые агенты имеют специфический иммунитет к инфекции, которой они уже переболели.

В разделе **2.5** описывается модель передачи инфекции от одного индивида к другому. Риск инфицирования восприимчивого или частично восприимчивого агента  $i$  на шаге  $t$  включает в себя риски заражения каждой моделируемым вирусом  $v$  в каждом моделируемом коллективе  $c$ , к которому относится агент  $i$ , от каждого инфицированного агента, с которым агент  $i$  совершает контакт, и задается как:

$$p_i(t) = \Pr\{X_i(t+1) \in I | X_i(t) \in S\} = 1 - \prod_{v \in \mathcal{V}} \prod_{c \in \mathcal{C}_i} \prod_{j \in \mathcal{A}_i^{vc}} (1 - p_{j \rightarrow i}^{vc}(t)), \quad (2)$$

где риск инфицирования  $p_{j \rightarrow i}^{vc}(t)$  агента  $i$  от агента  $j$  в коллективе  $c$  вирусом  $v$  на шаге  $t$  определяется как произведение пяти независимых рисков и задается следующим образом:

$$p_{j \rightarrow i}^{vc}(t) = f^v(t - t_j | j) \cdot g_1^v(i) \cdot g_2^v(t - t_i^v | i) \cdot h(t | i, j, c) \cdot k^v(t), \quad (3)$$

Риск инфицирования восприимчивых или частично восприимчивых агентов от инфицированного агента  $j$  при заданном количестве дней  $t - t_j$ , прошедших с момента его последнего инфицирования  $t_j$  задается как:

$$\begin{cases} f^v(t - t_j | j) = 0, & t \leq t_j, \\ f^v(t - t_j | j) = \frac{l_{jv}}{2l_{\max}^v} \left( \frac{t - t_j}{d_{1j} - 1} - \frac{1}{d_{1j} - 1} \right), & t_j < t \leq t_j + d_{1j}, \quad d_{1j} > 1, \\ f^v(t - t_j | j) = \frac{l_{jv}}{4l_{\max}^v}, & t_j < t \leq t_j + d_{1j}, \quad d_{1j} = 1, \\ f^v(t - t_j | j) = \frac{l_{jv}}{l_{\max}^v} \left( \frac{t - t_j}{1 - d_{2j}} - \frac{d_{1j} + d_{2j}}{1 - d_{2j}} \right), & t_j + d_{1j} < t < t_j + d_{1j} + d_{2j}, X_j(t) \in I_s^v, \\ f^v(t - t_j | j) = \frac{l_{jv}}{2l_{\max}^v} \left( \frac{t - t_j}{1 - d_{2j}} - \frac{d_{1j} + d_{2j}}{1 - d_{2j}} \right), & t_j + d_{1j} < t < t_j + d_{1j} + d_{2j}, X_j(t) \in I_a^v, \\ f^v(t - t_j | j) = 0, & t \geq t_j + d_{1j} + d_{2j}, \end{cases} \quad (4)$$

Риск инфицирования восприимчивого или частично восприимчивого агента  $i$  вирусом  $v$  при заданном его общем уровне иммуноглобулинов  $s_i$  задается как:

$$g_1^v(i) = \frac{2}{1 + \exp(\beta_v \frac{s_i - s_{\min}}{s_{\max} - s_{\min}})}, \quad (5)$$

Риск инфицирования восприимчивого или частично восприимчивого агента  $i$  вирусом  $v$  при заданном количестве дней  $t - t_i^v$ , прошедших

с момента его последнего выздоровления  $t_i^v$  после перенесенной болезни, вызванной вирусом  $v$  задается как:

$$\begin{cases} g_2^v(t - t_i^v | i) = 1, & t \leq t_i^v, \\ g_2^v(t - t_i^v | i) = \alpha_v \left( \frac{t - t_i^v}{r_i^v - 1} - \frac{1}{r_i^v - 1} \right), & t_i^v < t < t_i^v + r_i^v, \\ g_2^v(t - t_i^v | i) = \alpha_v, & t \geq t_i^v + r_i^v, \end{cases} \quad (6)$$

Риск инфицирования восприимчивого или частично восприимчивого агента  $i$  от инфицированного агента  $j$  при заданной продолжительности контакта между ними  $u_{ijc}^t$  на шаге  $t$  задается как:

$$h(t | i, j, c) = 1 - \exp(-\delta u_{ijc}^t), \quad (7)$$

Риск инфицирования вирусом  $v$  любого восприимчивого или частично восприимчивого агента при заданной среднесуточной температуре воздуха  $\tau_t$  на шаге  $t$  задается как:

$$k^v(t) = -\gamma_v \frac{\tau_t - \tau_{\min}}{\tau_{\max} - \tau_{\min}} + 1, \quad (8)$$

В разделе **2.6** описывается алгоритм реализации модели, а именно последовательность совершаемых действий на каждом шаге модельного времени.

В разделе **2.7** описан алгоритм идентификации параметров модели, в котором происходит минимизация функции потерь, в качестве которой была выбрана нормализованная средняя абсолютная ошибка между полученной и наблюдаемой кривыми заболеваемости со значениями параметров, выбираемыми из выборки латинского гиперкуба.

**Третья глава** посвящена реализации модели в виде программных комплексов и их тестированию на примере заболеваемости ОРВИ в Москве. Модель была реализована на языке программирования Julia и запущена на 4-х ядрах процессора с использованием 4-х потоков. Глава состоит из 6-ти разделов.

Раздел **3.1** посвящен анализу данных, связанных с моделируемым городом. В частности, рассматриваются социально-демографические данные популяции Москвы, географические координаты домов и образовательных учреждений, данные по возрастной структуре контактов в России, данные по количеству выданных больничных листов с диагнозом ОРВИ в медицинских учреждениях Москвы за 1999–2001 гг., данные по динамике выявленных случаев ОРВИ различной этиологии методом ПЦР в России за период 2014–2016 гг. и данные по среднесуточной температуре воздуха в Москве за 1981–2010 гг.

В разделе **3.2** была решена задача идентификации параметров. На основе множества численных экспериментов был получен набор параметров, дающий хорошее приближение к наблюдаемым данным. Кроме того, описывается то, как выбирался начальный набор параметров.

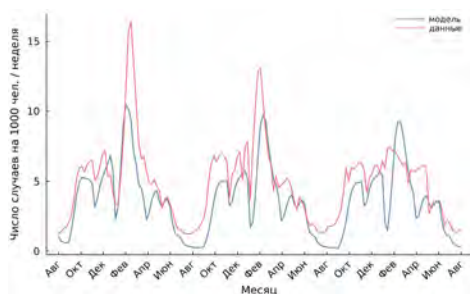
В разделе **3.3** приведены и проанализированы результаты численного эксперимента, результаты которого сопоставлялись с данными о еженедельной заболеваемости ОРВИ в Москве за 1999-2001 гг. для общей заболеваемости, а также для возрастных групп 0–2 лет, 3–6 лет, 7–14 лет и 15+ лет, и для семи моделируемых вирусов. На рис. 2 приведены результаты численного эксперимента с настроенными параметрами, из которых видно, что модель дает хорошее приближение к реальным данным, как для общей заболеваемости, так и для заболеваемости в возрастных группах 3-6 лет, 7-14 лет и 15+ лет.

В разделе **3.4** описывается моделирование дополнительных сценариев, в частности, различные сценарии карантин в школах и сценарии потенциального глобального потепления с повышением среднесуточной температуры воздуха на 1–4 °С, и то, как они влияют на динамику заболеваемости ОРВИ.

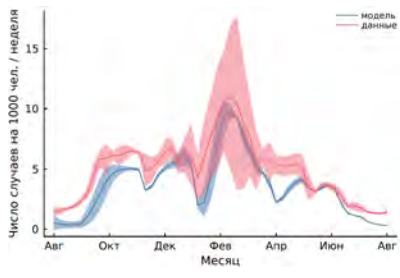
Раздел **3.5** посвящен анализу чувствительности модели. Была исследована устойчивость модели к малым изменениям ее параметров, а также то, какие параметры вносят наибольший вклад в получаемую динамику заболеваемости. Кроме того, было исследовано то, какое влияние на нее оказывает изменение каждого настраиваемого параметра по отдельности, и то, как изменение числа контактов влияет на динамику. Были исследованы условия формирования коллективного иммунитета.

Раздел **3.6** посвящен оценке производительности реализованного алгоритма. Для ускорения вычислений модели использовался базовый модуль параллельных вычислений Threads с распараллеливанием на 4 потока для каждого ядра процессора Intel Core i5-7300HQ. Машина, на которой запускалась программа имела 16 Гб оперативной памяти. Описывается реализация параллельных вычислений для ускорения работы модели, а также пути дальнейшей оптимизации алгоритма.

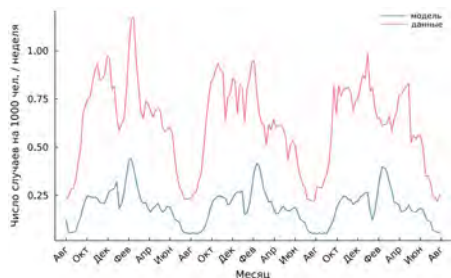
**Выводы** содержат обсуждение полученных результатов модели, ее недостатки и ограничения, а также дальнейшие пути развития модели.



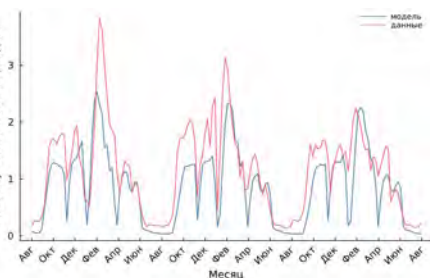
а) 0–89 лет



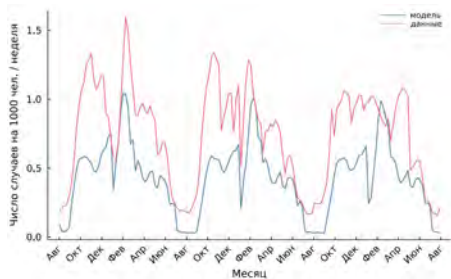
б) Усредненные по 3-м годам (0–89 лет)



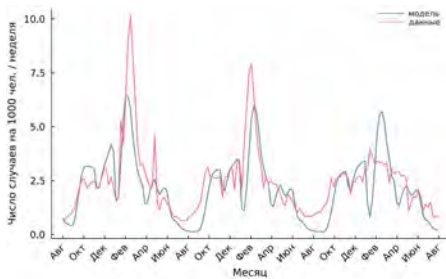
в) 0–2 лет



г) 7–14 лет



д) 3–6 лет



е) 15+ лет

Рис. 2 — Полученная еженедельная заболеваемость для разных возрастных групп по сравнению с наблюдаемой недельной заболеваемостью ОРВИ в Москве за 1999–2001 гг. Закрашенные области обозначают 90 % доверительные интервалы.

В **заключении** приведены основные результаты работы, которые заключаются в следующем:

1. Разработан алгоритм создания синтетической популяции мегаполиса, состоящей из более 10 миллионов агентов, и построения реалистичных сетей контактов в моделируемых коллективах данной популяции.
2. Разработана новая модель передачи инфекции, учитывающая совокупность взаимодействующих вирусов и множества различных факторов, влияющих на риск их передачи, включая как внешние факторы окружающей среды, так и внутренние факторы, связанные с процессами, происходящими внутри организмов индивидов.
3. Решена задача идентификации параметров с помощью минимизации нормализованной средней абсолютной ошибки между полученной и наблюдаемой заболеваемостью для различных возрастных групп и вирусов со значениями параметров, выбираемыми из выборки латинского гиперкуба.

## **Список работ, опубликованных автором по теме диссертации**

- 64-я Всероссийская научная конференция МФТИ, Москва, Россия, 2021. Тезисы: «Влад А. И., Санникова Т. Е. Агентная модель динамики заболеваемости ОРВИ. Труды 64-й Всероссийской научной конференции МФТИ. 29 ноября – 03 декабря 2021 г. Прикладная математика и информатика. С. 34–35. ISBN 978-5-7417-0788-3».
- 13-я международная конференция «Bioinformatics of Genome Regulation and Structure/Systems Biology», Новосибирск, Россия, 2022. Тезисы: «Vlad A. I., Sannikova T. E., Romanyukha A. A. Transmission of acute respiratory infections in a city: agent-based approach. Bioinformatics of Genome Regulation and Structure/Systems Biology (BGRS/SB-2022): The Thirteenth International Multiconference (04–08 July 2022, Novosibirsk, Russia). P. 923–924. DOI: 10.18699/SBB-2022-540».
- Влад А. И., Санникова Т. Е., Романюха А. А. Моделирование распространения респираторных вирусных инфекций в городе: мультиагентный подход // Математическая биология и биоинформатика. – 2020. – т. 15, № 2. – с. 338–356. DOI: 10.17537/2020.15.338.
- Горшков С. В., Романюха А. А., Санникова Т. Е., Влад А. И. Свидетельство о государственной регистрации программы для ЭВМ. АрхиГраф.ЭпидПрогноз № 2020615304. Общество с ограниченной ответственностью "ТриниДата". Заявка № 2020614395. Дата поступления 18 мая 2020 г. Зарегистрировано в Реестре программ для ЭВМ 20 мая 2020 г.

## Список литературы

1. *Macal C., North M.* Introductory tutorial: Agent-based modeling and simulation // Proceedings of the Winter Simulation Conference 2014. — Savannah, GA, USA : IEEE, 2014. — DOI: 10.1109/WSC.2014.7019874.
2. *Bonabeau E.* Agent-based modeling: Methods and techniques for simulating human systems // Proceedings of the National Academy of Sciences. — 2002. — Vol. 99, no. 3. — P. 7280–7287. — DOI: 10.1073/pnas.082080899.
3. *Bulla A., Hitzte K.* Acute respiratory infections: a review // Bulletin of the World Health Organization. — 1978. — Vol. 56, no. 3. — P. 481–498.
4. Two approaches to forecast Ebola synthetic epidemics / D. Champredon [et al.] // Epidemics. — 2018. — Vol. 22. — P. 36–42. — DOI: 10.1016/j.epidem.2017.02.011.
5. A comparison of five epidemiological models for transmission of SARS-CoV-2 in India / S. Purkayastha [et al.] // BMC Infectious Diseases. — 2021. — Vol. 21, no. 1. — P. 533. — DOI: 10.1186/s12879-021-06077-9.
6. Using data-driven agent-based models for forecasting emerging infectious diseases / S. Venkatramanan [et al.] // Epidemics. — 2018. — Vol. 22, no. 1. — P. 43–49. — DOI: 10.1016/j.epidem.2017.02.010.
7. Covasim: An agent-based model of COVID-19 dynamics and interventions / C. C. Kerr [et al.] // PLOS Computational Biology. — 2021. — Vol. 17, no. 7. — e1009149. — DOI: 10.1371/journal.pcbi.1009149.

*Влад Андрей Иванович*

Агентная модель динамики вирусных инфекций

Автореф. дис. на соискание ученой степени канд. техн. наук

Подписано в печать \_\_\_\_\_.\_\_\_\_.\_\_\_\_\_. Заказ № \_\_\_\_\_

Формат 60×90/16. Усл. печ. л. 1. Тираж 100 экз.

Типография \_\_\_\_\_

