

Сарнацький В.В.

Національний технічний університет України
«Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського»

Баклан І.В.

Національний технічний університет України
«Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського»

МЕТОДИ ТА ЗАСОБИ МОДЕЛЮВАННЯ РОЗПОВСЮДЖЕННЯ ІНФЕКЦІЙНИХ ЗАХВОРЮВАНЬ

У даній роботі викладені результати щодо огляду методів та засобів моделювання динаміки розповсюдження інфекційних захворювань.

Була відібрана література за темою епідеміологічного моделювання у джерелах PubMed та Google Scholar за тегами 'infection modeling', 'disease modeling', 'epidemiological modeling', 'agent-based model', 'individual-based models', 'compartmental models', 'epidemiology tools', 'agent based modeling tools', 'compartmental modeling tools'. Запропоновані у літературі методи та засоби були класифіковані за типом використаних моделей на дві категорії: компартментні та агентні.

Компартментні моделі були класифіковані за типом, серед яких були виокремлені моделі SIR, SIS, SEIR та їх модифікації.

Були проаналізовані представлені науковою спільнотою засоби та інструменти реалізації компартментних та агентних моделей з метою оцінки гнучкості та обсягу можливостей, а також з метою виокремлення їх переваг та недоліків. Аналіз показав, наявність значної кількості програмних засобів реалізації агентних моделей, що дозволяють доволі гнучко описувати різні сценарії їх поведінки та інтеракції, проте маючих спільний недолік – необхідність від користувача володіти тією чи іншою мовою програмування. Єдиний інструмент серед знайдених, що не потребує від користувача передових навичок програмування – платформа NetLogo. Натомість вона надає власну предметно-орієнтовану мову програмування, за допомогою якої виконується опис агентів. І хоча моделювання в NetLogo є доступнішим для значно більшої частки дослідників, вона значно програє іншим підходам до моделювання у швидкодії. Цей факт робить її непридатною для використання у разі значної кількості агентів.

Щодо програмних інструментів реалізації компартментних моделей, було проаналізоване середовище Kendrick, що включає в себе одноіменну предметно-орієнтовану мову програмування.

Виходячи з результатів проведеного аналізу можна зробити наступні висновки: агентні моделі стрімко набирають свою популярність у порівнянні з компартментними через більшу доступність обчислювальних ресурсів та більшу точність; серед представників програмних інструментів реалізації агентних моделей не існують ті, що надають простий інтерфейс користувача/програмний інтерфейс, не зазначаючи при цьому значних проблем з продуктивністю.

Ключові слова: епідеміологія, моделювання, агенти, агентні моделі, компартментні моделі, моделювання епідемій, інфекційні захворювання, засоби моделювання.

Постановка проблеми. Моделювання будь-яких явищ є невіддільною частиною як у процесі прогнозування їх перебігу, так і у плануванні стратегії впливу на ці явища. Пандемія COVID-19, спричинена коронавірусом SARS-CoV-2 [1, с. 536] показала невідповідність людства до таких глобальних епідемій. Невдалі та несвоєчасні спроби боротьби з її розповсюдженням у межах міст, країн та всього світу призвели як до погіршення економічного й епідеміологічного стану окремих країн [2, с. 1], та і психологічного стану населення [3, с. 1; 4, с. 1]. Попри значну

кількість спроб моделювання розповсюдження інфекційних захворювань, більша частина з них має схожий висновок – своєчасне впровадження заходів боротьби з розповсюдженням таких захворювань призводить до успішного «згладжування кривої» динаміки захворювань, що має вирішальне значення у разі обмеженості медичних ресурсів. Так як математичне/комп'ютерне моделювання впливу таких заходів є найефективнішим методом пошуку оптимальної стратегії їх впровадження, дослідження у сфері епідеміологічного моделювання є над-

звичайно важливими для боротьби з майбутніми епідеміями.

За останні роки спостерігається значне збільшення інтересу до епідеміологічних моделей агентного типу, що показують більшу точність за класичні моделі. При цьому, їх реалізація є складною через необхідність мати значні навички комп'ютерного програмування, що може бути проблемою для частки дослідників у сфері епідеміології.

Аналіз існуючих рішень. У даній роботі представлений огляд сучасних методів та інструментів епідеміологічного моделювання з виокремленням їх переваг та недоліків.

З метою пошуку літератури за означеною предметною областю, була проаналізована онлайн-бібліотека наукових робіт PubMed та Google Scholar. Запити на пошук виконувались за тегами: 'infection modeling', 'disease modeling', 'epidemiological modeling', 'agent-based model', 'individual-based models', 'compartmental models', 'epidemiology tools', 'agent based modeling tools', 'compartmental modeling tools'. Була виконана класифікація знайдених робіт за типом використаної моделі. Роботи на основі моделей компартментного типу були розділені на групи за типом використаної компартментної моделі.

Постановка завдання. Основними завданнями даної роботи є аналіз літератури у сфері епідеміологічного моделювання з ціллю пошуку та виокремлення окремих типів використаних епідеміологічних моделей, засобів та інструментів моделювання; їх аналіз із означенням переваг та недоліків; узагальнення глобального стану та вектору розвитку наукових досліджень у даній області на поточний момент часу; винесення пропозиції щодо потенційно корисних напрямків досліджень.

Виклад основного матеріалу дослідження. Серед окреслених у знайдених роботах методів моделювання розповсюдження інфекційних захворювань можна виділити дві основні групи: методи на основі компартментних моделей та на основі агентних. Кожна з груп має значну кількість представників, тому вони будуть розглянуті окремо.

Компартментні моделі. Компартментні моделі були першими запропоновані для опису розповсюдження інфекційних захворювань [3, с. 1]. Центральною ідеєю цього підходу є розподіл модельованого населення на групи за певною ознакою (найчастіше всього використовується стан протікання хвороби), та опис динаміки

зміни кількості представників кожної групи з часом. Так, класичною є модель SIR [5, с. 149; 6, с. 1; 7, с. 184] що передбачає наявність трьох груп серед представників населення:

Susceptible (S) – група, члени якої не були інфіковані та можуть бути інфікованими у майбутньому;

Infectious (I) – група, члени якої були інфіковані та можуть інфікувати представників групи S;

Recovered/Removed (R) – група, члени якої перенесли модельоване захворювання, не можуть бути інфікованими повторно та не можуть інфікувати інших. Ця група представляє частину населення, що придбала постійний імунітет, або померла.

У рамках моделі SIR, кожна група розглядається як функція кількості представників цієї групи від часу. Так, $S(t)$, $I(t)$, $R(t)$ – кількості членів груп S, I, R відповідно пов'язані системою диференціальних рівнянь:

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

де β і γ – темп розповсюдження та відновлення відповідно; N – загальна кількість представників населення.

Модель SIR була використана дослідниками для моделювання широкого спектра інфекційних захворювань. Так, авторами [8, с. 1] модифікована версія даної моделі була використана для моделювання розповсюдження COVID-19 та аналізу ефективності карантинних заходів щодо його обмеження. Модифікація полягала у розбитті звичних груп населення на підгрупи. Група I була розбита за ознакою способу інфікування та тяжкістю протікання захворювання, а з групи R була виділена окрема підгрупа, представники якою могли інфікувати інших, хоча і не мали симптомів.

Для моделювання інфекцій, імунітет до яких не є довгостроковим (наприклад грип, застуда), використовується модель SIS. З назви моделі можна помітити, що група R замінюється групою S, що означає, що інфіковані у минулому представники модельованої популяції після одужання можуть бути інфіковані знову. Формулювання моделі представлено системою рівнянь 2.

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta S(t)I(t)}{N} + \gamma I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \frac{\beta S(t)I(t)}{N} - \gamma I(t) \end{cases} \quad (2)$$

де параметри γ та β аналогічні моделі SIR.

Автори [9, с. 1] запропонували решіткову модель SIS для дослідження впливу просторової конфігурації регіонів догляду за хворими на динаміку розповсюдження інфекційного захворювання. У роботі [10, с. 1] модель SIS була використана для моделювання розповсюдження інфекційних захворювань авіарейсами.

Хоча моделі SIR та SIS є доволі простими, вони не здатні точно моделювати розповсюдження інфекційних захворювань. Так, з рівняння 1 видно, що темпи розповсюдження та відновлення залишаються незмінними протягом часу. Автори [11, с. 3279] показали, що урахування β та γ як функцій від часу дозволяє більш точно моделювати розповсюдження епідемії COVID-19.

У більшості розглянутих робіт, самі групи населення також зазнають змін. Так значна частина робіт використовує модель SEIR, що відрізняється від розглянутої моделі SIR додатковою категорією населення – Exposed (E). Представники цієї групи відрізняються від представників групи I тим, що не мають симптомів модельованого захворювання хоча і були інфіковані. Класичне формулювання моделі SEIR представлено системою рівнянь 3.

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta S(t)I(t)}{N} \\ \frac{dE(t)}{dt} = \frac{\beta S(t)I(t)}{N} - \sigma E(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \sigma E(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) \end{cases} \quad (3)$$

де β , γ , σ – темп розповсюдження, відновлення та переходу від стану E до I відповідно; N – загальна кількість представників населення.

Автори [12, с. 1] використали модифіковану модель SEIR для моделювання розповсюдження COVID-19. Модифікація полягає у розбитті групи I на I_A – асимптоматичних інфікованих та I_S – симптоматичних інфікованих та урахуванні динаміки цих груп окремо. За допомогою розробленої моделі було обчислене базове репродукційне число (R_0) [13, с. 813], та, отримавши величину рівну 2.3, автори зробили висновок, що без заходів протидії пандемія не зникне. Просторова модель SEIR на основі графів була використана для моделювання розповсюдження коклюшу [14, с. 120] у штаті Небраска авторами [15, с. 388]. Дослідники виконали порівняння точності моделювання розповсюдження цього захворювання класичною моделлю SEIR та модифікованою і помітили значне завищення кількості хворих, притаманне класичній моделі, але відсутнє у разі використання модифікованої.

Модель SEIR була використана для моделювання розповсюдження COVID-19 у багатьох країнах та регіонах світу [16, с. 1160; 17, с. 1; 18, с. 1; 19, с. 1; 20, с. 1].

Для моделювання певних захворювань може бути використана спеціально адаптована під це захворювання модель. Так, автори [21, с. 743] адаптували модель SEIR під механізм розповсюдження вірусу Зіка [22, с. 601]. Розроблена модель окрім груп населення урахувала стани життєвого циклу комах, що є розповсюджувачами вірусу. Розширена модель SEIR була використана для моделювання розповсюдження ВІЛ [23, с. 1764] серед гомосексуальних чоловіків, що є значною групою носіїв цього вірусу серед населення КНР [24, с. 1].

Одними з часто використовуваних модифікацій моделі SEIR, є моделі, що ураховуються процес вакцинації. Так, подібна модель була використана для оцінки впливу вакцинування на розповсюдження COVID-19 авторами [25, с. 1], грипу – авторами [26, с. 1].

Агентні моделі. За останні роки серед представників наукової спільноти спостерігається збільшення популярності агентних або індивідуальних моделей розповсюдження інфекційних захворювань. Ці моделі відрізняються від компартментних тим, що замість моделювання динаміки певної групи популяції, розглядають кожного її представника (агента) окремо. Таким чином, для моделей агентного типу характерною є множиною індивідуумів (найчастіше людей, хоча можуть бути модельовані й інші представники біосфери, у разі коли вони беруть участь у процесі розповсюдження захворювання), що мають певний набір параметрів. Агенти можуть контактувати, інфікуючи один одного, призводячи до розповсюдження інфекційного захворювання.

Основним стримуючим фактором розвитку агентних моделей у минулому є значний обсяг обчислювальних ресурсів, необхідних для їх використання. Так, використання моделі з кількістю агентів рівною N буде вимагати обрахунку контактів на кожній ітерації, що значно ускладнює моделювання великих населених областей реального світу. І хоча ця оцінка може бути зменшена за допомогою певних оптимізацій, реалізація їх буде вимагати від дослідника навичок у сфері програмування та комп'ютерних наук.

Попри те, що агентні моделі значно складніші у реалізації ніж компартментні, вони здатні моделювати складні стохастичні процеси, притаманні сценаріям реального світу, що робить їх

ефективнішими за моделі компартментного типу [27, с. 415, 28, с. 1].

Як і компартментні моделі, моделі агентного типу були використані дослідниками для моделювання широкого спектра сценаріїв розповсюдження інфекційних захворювань, таких як: віспи у разі біотерористичної атаки [29, с. 1428], туберкульозу [30, с. 1538], пташиного грипу (H5N1) [31, с. 209], звичайного грипу [32, с. 61], корі [33, с. 1], малярії [34, с. 1], COVID-19 [35, с. 1352; 36, с. 1; 37, с. 1].

Автори [35, с. 1352] використали агентну модель для моделювання розповсюдження SARS-CoV-2 серед населення Австралії та зробили висновок, що попри деякі спрощення притаманні агентним моделям, їх ефективність дозволяє достатньо точно моделювати розповсюдження інфекційних захворювань. Подібні висновки зробили й автори [36, с. 1], що дослідили розповсюдження COVID-19 у разі перебування агентів у межах спільного приміщення. Автори [37, с. 1] дослідили використання агентних моделей для моделювання COVID-19 серед населення столиці Колумбії – міста Богота, та ефективності карантинних заходів. Для моделювання процесу протікання захворювання, була використана дискретизована модель $SEI_{d,s}I_cRMD$, що являє собою модифіковану модель $SEIR$. Аналіз чутливості моделі показав, що закриття 40% публічних установ призведе до значного зменшення темпу розповсюдження захворювання.

Автори [34, с. 1] використали модифіковану агентну модель для опису процесу розповсюдження малярії. Модель була побудована на основі класичного підходу до просторового моделювання розповсюдження інфекційних моделей, проте у процес моделювання були додані такі фактори як температура навколишнього середовища, опади та ландшафт. З представлених результатів був зроблений висновок, що модель має високий ступінь узгодженості з реальними епідеміологічними даними, значну роль у якому грає урахування параметрів навколишнього середовища.

У роботі [38, с. 1] дослідники зазначили, що більшість представлених в науковій спільноті агентних моделей мають спільний недолік – припущення, що розподіл вразливих до захворювання агентів є рівномірним. Автори запропонували метрику для оцінки ступеня групування вразливих агентів у межах приміщення та, використавши модель агентного типу, отримали результати, що свідчать про те, що високий рівень групування призводить до більшого значення

базового репродукційного числа, що має негативний вплив на динаміку пробігання епідемії.

Значною перевагою агентних моделей над компартментними є їх здатність до моделювання у рамках приміщень, де просторова їх конфігурація грає значну роль у динаміці інфікування. Автори [39, с. 1] запропонували просторову агентну модель на основі графів, що може бути використана для моделювання контактів з інфікованими агентами у межах супермаркету. Автори використали цю модель на синтетичному супермаркеті для оцінки тривалості контакту з інфікованими та, відповідно, ймовірності інфікування.

Автором [40, с. 463] агентна модель була використана для моделювання розповсюдження захворювань, що передаються кліщами. Було зазначено, що динаміці розповсюдження таких захворювань характерні складні стохастичні процеси, моделювання яких методом компартментних моделей має певні складності. З отриманих результатів був зроблений висновок, що при використанні у даній предметній області, агентні моделі мають меншу схильність до перебільшення швидкості розповсюдження захворювань.

Висока гнучкість, характерна агентним моделям, має свої недоліки. Автори [41, с. 3071] зазначили, що для високої точності моделювання агентні моделі мають пройти через процес прискіпливого калібрування на реальних даних. Так, з запропонованої авторами моделі, був зроблений висновок що церкви мають значний вплив на швидкість розповсюдження захворювання. І, у разі якщо латентний період хвороби випадає на неділю (коли значна частина населення відвідує церкви), слід очікувати значне збільшення випадків інфікування. Також, авторами були висунута гіпотеза, що перший інфікований агент також має вплив на протікання епідемії.

Попри те, що агентним моделям характерна більша точність при моделюванні розповсюдження інфекційних захворювань, автори [42, с. 1] порушили питання ефективності заходів протидії цьому процесу, що були протестовані на агентних моделях. Адже, досі не було приведено ніяких доказів ефективності таких заходів, що йде всупереч з принципами доказової медицини. Дослідники також зауважили, що автори жодної роботи з агентних моделей в епідеміології не довели відсутність факторів, притаманних реальному світу, що можуть вплинути на ефективність таких моделей.

Програмні засоби моделювання. Окрім методів моделювання розповсюдження інфекційних

захворювань, був виконаний пошук програмних засобів їх реалізації. Далі приведений короткий опис знайдених засобів.

Swarm [43, с. 1] являє собою набір бібліотек для мови програмування Java. Як слідує з назви, модель сформульована як множина агентів, що можуть контактувати один з одним, розклад подій та динаміка еволюції агентів. І хоча дана платформа є досить потужною та гнучкою, необхідність володіти мовою Java обмежує її використання серед епідеміологів. Swarm має своє ідеологічне продовження – Ascape [44, с. 212], що має дещо спрощений інтерфейс користувача, та менш жорсткі вимоги до рівня володіння мовою Java.

Repast [45, с. 1] – оснований на мові програмування Java пакет програм для реалізації агентних епідеміологічних моделей надає користувачеві широкий набір засобів аналітики їх роботи. Проте, як і у випадку з Swarm, потребує навичок програмування для опису поведінки агента, що також лімітує його використання.

NetLogo [46, с. 16] являє собою платформу для опису агентних моделей, що складається з двох основних компонентів:

- Предметно-орієнтована мова програмування, за допомогою якої здійснюється опис агентів, еволюції їх внутрішніх станів, поведінки, інтеракції один з одним;
- Бібліотека інструментів аналітики для виконання аналізу даних, отриманих як результат моделювання.

Моделюване середовище має просторову структуру у вигляді квадратної сітки, комірки якої можуть бути зайняті агентами. Агенти здатні переміщуватись між комірками сітки та контактувати з агентами сусідніх комірок відповідно до описаних користувачем правил.

Простий графічний інтерфейс дозволяє користувачеві описувати складні моделі [47, с. 1, 48, с. 1564], не маючи при цьому навичок програмування, а широкий спектр засобів аналітики дозволяє робити глибокий аналіз отриманих результатів.

І хоча NetLogo дозволяє описувати доволі складні агентні моделі, її гнучкість тягне за собою головний її недолік – швидкість роботи. У роботі [49, с. 425] автори показали, що час обрахування однієї ітерації епідеміологічної моделі, реалізованої на NetLogo програє реалізації за допомогою СУРБД Oracle у 5-100 разів (залежить від кількості агентів моделі), що робить NetLogo непридатною для опису великих моделей. Окрім

цього, значним недоліком NetLogo у використанні для епідеміологічного моделювання є труднощі в опису взаємодії агентів, що не розташовані у сусідніх комірках середовища.

Окремої уваги заслуговує мова та платформа для епідеміологічних досліджень Kendrick [50, с. 1]. Будучи предметно-орієнтованою мовою програмування, Kendrick надає можливість користувачеві моделювати процес розповсюдження інфекційних захворювань використовуючи абстракції високого рівня. Такий рівень мовної абстракції дозволяє швидко реалізовувати модель, не звертаючи уваги на тонкості програмної реалізації чисельних методів, характерних програмним реалізаціям компартментних моделей. Лістинг програми на мові Kendrick представляє собою опис наступних сутностей:

- Моделі – опис SIR-подібних моделей досліджуваних захворювань;
- Композиції моделей – комбінація описаних вище моделей;
- Сценарії – опис початкового стану симуляції;
- Симуляція – опис параметрів симуляції;
- Візуалізації – описують набір вихідних даних та метод їх графічного представлення.

Авторами роботи був показаний процес моделювання захворювання вірусом кору [51, с. 420] та умовного захворювання з комахами в якості носіїв та двома видами чутливих до захворювання організмів за допомогою мови Kendrick.

Варто зазначити, що робота [50, с. 1] є єдиною спробою використати предметно – орієнтовану мову моделювання для опису розповсюдження інфекційних захворювань серед опрацьованих робіт. Автори зазначили, що використання подібних мов для даної предметної області є перспективним напрямком дослідження, адже звільняє дослідників від необхідності власноруч програмувати алгоритми чисельних методів, що лежать в основі компартментних моделей, що потребує значних навичок програмування. Також, такий підхід значно зменшує час програмної реалізації моделей та збільшує швидкість ітерування у процесі дослідження.

Автори [50, с. 1] також зазначили, що використання предметно-орієнтованої мови моделювання є перспективним напрямком у дослідженні й агентних моделей розповсюдження інфекційних захворювань.

Висновки. Була проаналізована література з метою аналізу методів та засобів моделювання розповсюдження інфекційних захворювань. Була знайдена значна кількість робіт присвячених

як компартментним, так й агентним методам, а також програмним інструментам реалізації цих моделей. Агентні моделі, популярність яких зазнає ріст, показали себе більш ефективними за компартментні, хоча і більш вимогливі до обсягу доступних обчислювальних ресурсів. Програмні засоби реалізації агентних моделей мають спільний недолік – значні вимоги щодо навичок програмування у користувача, що обмежує потенційну аудиторію. Платформа NetLogo, що не зазнає цього недоліку оскільки має простий графічний інтерфейс, містить ряд

значних проблем зі швидкодією. Був знайдений та проаналізований єдиний засіб реалізації компартментних моделей – платформа Kendrick, що використовує спеціально розроблену мову програмування для опису моделей, та має досить низькі вимоги до навичок програмування у користувача, та допустимий рівень швидкодії.

Агентні моделі мають значні переваги у порівнянні з компартментними, проте відсутність доступних програмних засобів їх реалізації показує необхідність у дослідженнях та розробках у цьому напрямку.

Список літератури:

1. Coronaviridae Study Group of the International Committee on Taxonomy of Viruses и др. “The species Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2». В: *Nature microbiology* 5.4 (2020), с. 536. doi: 10.1038/s41564-020-0695-z.
2. Raj Dandekar и George Barbastathis. “Quantifying the effect of quarantine control in Covid-19 infectious spread using machine learning”. В: *medRxiv* (2020).
3. Fatma Altuntas и Mehmet Sahin Gok. “The effect of COVID-19 pandemic on domestic tourism: A DEMATEL method analysis on quarantine decisions”. В: *International Journal of Hospitality Management* 92 (2021), с. 102719.
4. Yunhe Wang и др. “The impact of quarantine on mental health status among general population in China during the COVID-19 pandemic”. В: *Molecular psychiatry* (2021), с. 1–10.
5. David G Kendall. “Deterministic and stochastic epidemics in closed populations”. В: *Contributions to Biology and Problems of Health*. University of California Press, 2020, с. 149–166.
6. Ross Beckley и др. “Modeling epidemics with differential equations”. В: *Tennessee State University Internal Report* (2013).
7. Tiberiu Harko, Francisco SN Lobo и MK Mak. “Exact analytical solutions of the Susceptible-Infected-Recovered (SIR) epidemic model and of the SIR model with equal death and birth rates”. В: *Applied Mathematics and Computation* 236 (2014), с. 184–194.
8. Konstantin S Sharov. “Creating and applying SIR modified compartmental model for calculation of COVID-19 lockdown efficiency”. В: *Chaos, Solitons & Fractals* 141 (2020), с. 110295.
9. Shipeng Nie и Weide Li. “Using lattice SIS epidemiological model with clustered treatment to investigate epidemic control”. В: *Biosystems* 191 (2020), с. 104119.
10. Alberto Ceria и др. “Modeling airport congestion contagion by heterogeneous SIS epidemic spreading on airline networks”. В: *Plos one* 16.1 (2021), e0245043.
11. Yi-Cheng Chen и др. “A time-dependent SIR model for COVID-19 with undetectable infected persons”. В: *IEEE Transactions on Network Science and Engineering* 7.4 (2020), с. 3279–3294.
12. Samuel Mwalili и др. “SEIR model for COVID-19 dynamics incorporating the environment and social distancing”. В: *BMC Research Notes* 13.1 (2020), с. 1–5.
13. George Macdonald. “The analysis of equilibrium in malaria”. В: *Tropical Disease Bulletin* 49.9 (1952), с. 813–829.
14. James D Cherry. “The history of pertussis (whooping cough); 1906–2015: facts, myths, and misconceptions”. В: *Current Epidemiology Reports* 2.2 (2015), с. 120–130.
15. Kimia Ameri и Kathryn D Cooper. “A Network-Based compartmental model for the spread of whooping cough in Nebraska”. В: *AMIA Summits on Translational Science Proceedings 2019* (2019), с. 388.
16. Hee-Young Shin. “A multi-stage SEIR (D) model of the COVID-19 epidemic in Korea”. В: *Annals of Medicine* 53.1 (2021), с. 1160–1170.
17. Suwardi Annas и др. “Stability analysis and numerical simulation of SEIR model for pandemic COVID-19 spread in Indonesia”. В: *Chaos, Solitons & Fractals* 139 (2020), с. 110072.
18. Zubair Ahmad и др. “A report on COVID-19 epidemic in Pakistan using SEIR fractional model”. В: *Scientific Reports* 10.1 (2020), с. 1–14.
19. Wenning Li и др. “An evaluation of COVID-19 transmission control in Wenzhou using a modified SEIR model”. В: *Epidemiology & Infection* 149 (2021).

20. Michael W Levin, Mingfeng Shang и Raphael Stern. “Effects of short-term travel on COVID-19 spread: A novel SEIR model and case study in Minnesota”. В: *Plos one* 16.1 (2021), e0245919.
21. Eva K Lee, Yifan Liu и Ferdinand H Pietz. “A compartmental model for Zika virus with dynamic human and vector populations”. В: *AMIA Annual Symposium Proceedings*. Т. 2016. American Medical Informatics Association. 2016, с. 743.
22. Anthony S Fauci и David M Morens. “Zika virus in the Americas—yet another arbovirus threat”. В: *New England journal of medicine* 374.7 (2016), с. 601–604.
23. Kent A Sepkowitz. “AIDS—the first 20 years”. В: *New England Journal of Medicine* 344.23 (2001), с. 1764–1772.
24. Z Lu и др. “A mathematical model for HIV prevention and control among men who have sex with men in China”. В: *Epidemiology & Infection* 148 (2020).
25. Ernesto P Esteban и Lusmeralis Almodovar-Abreu. “Assessing the impact of vaccination in a COVID-19 compartmental model”. В: *Informatics in Medicine Unlocked* 27 (2021), с. 100795.
26. JOzden O DalgИс и др. “Deriving effective vaccine allocation strategies for pandemic influenza: Comparison of an agent-based simulation and a compartmental model”. В: *PloS one* 12.2 (2017), e0172261.
27. Dirk Eisinger и Hans-Hermann Thulke. “Spatial pattern formation facilitates eradication of infectious diseases”. В: *The Journal of applied ecology* 45.2 (2008), с. 415. doi: 10.1111/j.1365-2664.2007.01439.x.
28. Steven F Railsback и Volker Grimm. *Agent-based and individual-based modeling: a practical introduction*. Princeton university press, 2019.
29. M Elizabeth Halloran и др. “Containing bioterrorist smallpox”. В: *Science* 298.5597 (2002), с. 1428–1432.
30. Megan Murray. “Determinants of cluster distribution in the molecular epidemiology of tuberculosis”. В: *Proceedings of the National Academy of Sciences* 99.3 (2002), с. 1538–1543.
31. Neil M Ferguson и др. “Strategies for containing an emerging influenza pandemic in Southeast Asia”. В: *Nature* 437.7056 (2005), с. 209–214.
32. Philip Cooley и др. “Protecting health care workers: a pandemic simulation based on Allegheny County”. В: *Influenza and other respiratory viruses* 4.2 (2010), с. 61–72.
33. Wayne TA Enanoria и др. “The effect of contact investigations and public health interventions in the control and prevention of measles transmission: A simulation study”. В: *PloS one* 11.12 (2016), e0167160.
34. Md Zahangir Alam и др. “A spatial agent-based model of Anopheles vagus for malaria epidemiology: examining the impact of vector control interventions”. В: *Malaria journal* 16.1 (2017), с. 1–20.
35. Mariusz Maziarz и Martin Zach. “Agent-based modelling for SARS-CoV-2 epidemic prediction and intervention assessment: A methodological appraisal”. В: *Journal of Evaluation in Clinical Practice* 26.5 (2020), с. 1352–1360.
36. Erik Cuevas. “An agent-based model to evaluate the COVID-19 transmission risks in facilities”. В: *Computers in biology and medicine* 121 (2020), с. 103827.
37. Jonatan Gomez и др. “INFEKTA—An agent-based model for transmission of infectious diseases: The COVID-19 case in BogotДа, Colombia”. В: *PloS one* 16.2 (2021), e0245787.
38. Elise Kuylen и др. “Clustering of susceptible individuals within households can drive measles outbreaks: an individual-based model exploration”. В: *Scientific reports* 10.1 (2020), с. 1–12.
39. Fabian Ying и Neave O’Clery. “Modelling COVID-19 transmission in supermarkets using an agent-based model”. В: *Plos one* 16.4 (2021), e0249821.
40. Holly Gaff. “Preliminary analysis of an agent-based model for a tick-borne disease”. В: *Mathematical Biosciences and Engineering* 8.2 (2011).
41. Lisa Sattenspiel, Jessica Dimka и Carolyn Orbann. “Using cultural, historical, and epidemiological data to inform, calibrate, and verify model structures in agent-based simulations”. В: *Mathematical Biosciences and Engineering* 16.4 (2019), с. 3071–3093.
42. Mariusz Maziarz и Martin Zach. “Assessing the quality of evidence from epidemiological agent-based models for the COVID-19 pandemic”. В: *History and Philosophy of the Life Sciences* 43.1 (2021), с. 1–4.
43. *Swarm*. 2021. url: http://www.swarm.org/wiki/Main_Page.
44. Padmavathi Patlolla и др. “Agent-based simulation tools in computational epidemiology”. В: *International Workshop on Innovative Internet Community Systems*. Springer. 2004, с. 212–223.
45. *Repast*. 2021. url: <https://repast.github.io/>.
46. Seth Tisue и Uri Wilensky. “Netlogo: A simple environment for modeling complexity”. В: *International conference on complex systems*. Т. 21. Boston, MA. 2004, с. 16–21.

47. Supercomputing Challenge и др. “Epidemiology model of Covid-19”. В: – (2021).
48. Clara Prats и др. “Individual-based modeling of tuberculosis in a user-friendly interface: understanding the epidemiological role of population heterogeneity in a city”. В: *Frontiers in microbiology* 6 (2016), с. 1564.
49. КК Avilov и О Yu Solovey. “Institute of numerical mathematics of Russian Academy of Sciences Moscow Institute of Physics and Technology (State University)”. В: ().
50. Mai Anh BUI T и др. “The Kendrick modelling platform: language abstractions and tools for epidemiology”. В: *BMC bioinformatics* 20.1 (2019), с. 1–13.
51. Fiona M Guerra и др. “The basic reproduction number (R0) of measles: a systematic review”. В: *The Lancet Infectious Diseases* 17.12 (2017), e420–e428.

Sarnatskyi V.V., Baklan I.V. METHODS AND TOOLS FOR MODELING THE SPREAD OF INFECTIOUS DISEASES

This paper presents the results of a review of methods and tools for modeling the dynamics of the spread of infectious diseases.

The literature on epidemiological modeling in PubMed and Google Scholar was selected under the tags 'infection modeling', 'disease modeling', 'epidemiological modeling', 'agent-based model', 'individual-based models', 'compartmental models', 'epidemiology tools', 'agent-based modeling tools', 'compartmental modeling tools'. The methods and tools proposed in the literature were classified according to the type of models used into two categories: compartmental and agent-based.

Compartment models were classified by type, among which the SIR, SIS, SEIR models and their modifications were singled out.

The tools presented by the scientific community for the implementation of compartmental and agent-based models were analyzed in order to assess the flexibility and scope of possibilities, as well as to highlight their advantages and disadvantages. The analysis showed the presence of a significant number of software tools for implementing agent-based models, which allow to flexibly describe different scenarios of their behavior and interaction, but have one aspect in common – the need for the user to know a programming language. The only tool found that does not require the user to have advanced programming skills is the NetLogo platform. Instead, it provides its own domain-specific programming language, which is used to describe agents. And while modeling in NetLogo is more accessible to a much larger proportion of researchers, it lags far behind other approaches to modeling in performance. This fact makes it unusable in the case of a large number of agents.

Regarding the software tools for the implementation of compartmental models, the Kendrick environment was analyzed, which includes the domain-specific programming language of the same name.

Based on the results of the analysis, the following conclusions can be drawn: agent models are rapidly gaining in popularity compared to compartment models due to greater availability of computing resources and greater accuracy; Among the representatives of software tools for implementing agent models, there are no ones that provide a simple user interface / software interface, without experiencing significant performance issues.

Key words: *epidemiology, modeling, agents, agent models, compartment models, epidemic modeling, infectious diseases, modeling tools.*