

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ
«ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ЦЕНТР ОХРАНЫ ЗДОРОВЬЯ ЖИВОТНЫХ»
(ФГБУ «ВНИИЗЖ»)

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ НАУЧНОЕ
УЧРЕЖДЕНИЕ «ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ЦЕНТР
ВИРУСОЛОГИИ И МИКРОБИОЛОГИИ»
(ФГБНУ ФИЦВиМ).

На правах рукописи

Захарова Ольга Игоревна

**ЭПИЗООТОЛОГИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ И РАЗРАБОТКА
ПРОГНОСТИЧЕСКИХ ПРОСТРАНСТВЕННЫХ МОДЕЛЕЙ ПРИ
ИНФЕКЦИОННЫХ БОЛЕЗНЯХ ЖИВОТНЫХ**

4.2.3 «Инфекционные болезни и иммунология животных»

ДИССЕРТАЦИЯ

на соискание ученой степени кандидата ветеринарных наук

Научный руководитель:
кандидат географических наук
Коренной Фёдор Игоревич

Владимир – 2026

ОГЛАВЛЕНИЕ

ВВЕДЕНИЕ	6
1 ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ	15
1.1 Эпизоотологический мониторинг и надзор за инфекционными болезнями животных	15
1.2 Пространственно-временные особенности природно-очаговых и трансграничных инфекционных болезней животных на примере лептоспироза, бешенства и африканской чумы свиней	18
1.3 Аналитические методы прогностического моделирования вспышек инфекционных болезней животных	24
1.4 Значение регрессионного анализа в оценке рисков распространения инфекционных болезней животных	27
1.5 Заключение по обзору литературы	29
2 СОБСТВЕННЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ	31
2.1 Материалы и методы исследований	31
2.1.1 Эпизоотологический мониторинг лептоспироза, бешенства животных и африканской чумы свиней в субъектах Российской Федерации	31
2.1.2 Мониторинговые исследования вспышек инфекционных болезней животных	37
2.2 Методы исследований по разработке прогностических моделей	47
2.2.1 Прогностическая модель заболеваемости лептоспирозом животных в Республике Саха (Якутия) с применением метода экологической ниши (<i>MaxEnt</i>)	47
2.2.2 Разработка прогностической пространственной модели на основе метода случайного леса (<i>Random Forest</i>) для оценки факторов риска, влияющих на заболеваемость лептоспирозом животных в Арктическом регионе России	49

2.2.3 Выявление факторов риска возникновения очагов африканской чумы свиней в Самарской области с использованием обобщенной логистической регрессии (<i>Generalized Logistic Regression Model</i>), учитывающей перемещения свиней и свиноводческой продукции	51
2.2.4 Разработка пространственной модели выявления взаимосвязи между инцидентностью африканской чумы свиней и плотностью популяции кабанов, а также другими факторами риска в Нижегородской области...	52
2.2.5 Определение риска возникновения африканской чумы свиней среди кабанов в районах Нижегородской области с применением отрицательной биномиальной регрессионной модели (<i>Negative Binomial Regression Model</i>)	53
2.2.6 Моделирование инцидентности бешенства среди дикой популяции животных от факторов риска в районах Нижегородской области	54
3 РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ	56
3.1 Прогнозирование риска возникновения вспышек лептоспироза животных с помощью модели экологической ниши (<i>MaxEnt</i>) в республике Саха (Якутия) Российской Федерации	56
3.2 Прогнозирование заболеваемости лептоспирозом сельскохозяйственных животных с помощью модели случайного леса (<i>Random Forest</i>) на территории Арктического региона Российской Федерации	59
3.3 Прогнозирование риска возникновения вспышек африканской чумы свиней в Самарской и Нижегородской областях с помощью обобщенной логистической и отрицательной биномиальной регрессий	63
3.3.1 Разработка прогностической модели распространения вспышек АЧС среди домашних свиней в районах Самарской области методом обобщенной логистической регрессии	63

3.3.2 Прогностическая модель для оценки вероятности распространения вспышек африканской чумы свиней в Нижегородской области с учётом факторов риска	66
3.3.3 Модель на основе отрицательной биномиальной регрессии (<i>Negative Binomial Regression</i>) в прогнозировании инцидентности вспышек африканской чумы свиней в зависимости от факторов риска в Нижегородской области	69
3.4 Оценка факторов риска бешенства, включая вакцинацию диких животных, выявленных в результате пространственного моделирования очагов болезни в Нижегородской области	70
3.5 Ранжирование территории республики Саха (Якутия) и субъектов Арктического региона по степени риска лептоспироза животных.	73
3.6 Ранжирование территории Нижегородской и Самарской областей по риску возникновения и распространения вспышек АЧС	78
3.7 Ранжирование территории Нижегородской области по степени риска распространения вспышек бешенства среди диких животных.....	83
3.8 Алгоритм разработки прогностических пространственных моделей на основе регрессионного анализа вспышек инфекционных болезней животных на примере лептоспироза, бешенства и африканской чумы свиней на территории субъектов Российской Федерации.....	85
4 ЗАКЛЮЧЕНИЕ	87
4.1 Итоги исследований.....	87
4.2 Практические предложения	88
4.3 Перспективы дальнейшей разработки темы	89
5 СПИСОК СОКРАЩЕНИЙ.....	90
6 СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ.....	93
ПРИЛОЖЕНИЯ.....	119
Приложение 1	119

Приложение 2	121
Приложение 3	123
Приложение 4	124

ВВЕДЕНИЕ

Актуальность темы исследования. В настоящее время проблема новых и возвращающихся инфекций рассматривается как одна из глобальных угроз человечеству.

Применение инновационных методов, подходов и инструментов в ветеринарной эпизоотологии с целью создания универсальных алгоритмов прогнозирования вспышек болезней животных представляет собой передовое направление. Методы статистического анализа, основанные на моделировании, применяются для прогнозирования эпизоотической ситуации в краткосрочной и долгосрочной перспективе [3, 16, 20].

Всемирная организация здравоохранения отмечает рост числа случаев заболеваемости лептоспирозом как среди людей, так и животных, что вызывает обеспокоенность и признание болезни общей проблемой во всем мире.

В последние десятилетия наблюдается тенденция к увеличению частоты случаев инфицирования, что обусловлено как природными, так и антропогенными факторами.

Лептоспироз представляет серьезную угрозу для общественного здравоохранения и характеризуется возрастающей частотой инфицирования и многофакторным воздействием на жизнь и состояние здоровья человека и животных [19, 29].

Основными источниками инфекции для человека являются грызуны (крысы и мыши), насекомоядные млекопитающие (землеройки и ежи), а также сельскохозяйственные (крупный рогатый скот, свиньи, овцы, козы, лошади) и домашние животные-компаньоны (собаки и кошки) [35].

Выделяют несколько основных прямых путей передачи патогенных лептоспир здоровым животным. Прямой контакт с мочой заражённых животных является главным и наиболее частым способом передачи инфекции.

Вертикальный путь, при котором лептоспиры передаются от матери к плоду через плаценту также представляет серьёзную опасность для внутриутробного развития потомства. Трансмиссивный путь менее распространён, он также имеет значение и осуществляется через укусы заражённых кровососущих насекомых.

Опосредованная передача лептоспир происходит через взаимодействие восприимчивых животных с контаминированными предметами или объектами окружающей среды. Вероятность инфицирования зависит от различных факторов, таких как биологические свойства возбудителя, климатические, социально-демографические, и другие [8, 36].

Особенности проявления и распространения лептоспироза среди животных Арктики представляет собой малоисследованную область, что обусловило выбор нашего направления по разработке прогностических моделей инфекции [7, 42].

Африканская чума свиней (АЧС) – высококонтагиозное вирусное заболевание, наносящее огромный экономический ущерб свиноводству и продовольственной безопасности многих стран мира.

Наряду с отсутствием средств специфической профилактики, важным фактором распространения вспышек африканской чумы свиней является устойчивость возбудителя к физико-химическим воздействиям. Благодаря этому вирус может длительно сохранять жизнеспособность на объектах ветеринарно-санитарного надзора, а также в секретах и экскретах инфицированных животных. Вовлечение в эпизоотический процесс кабанов может приводить к снижению патогенности и сохранению вируса в природе [5, 14, 43].

Бешенство – зоонозная болезнь животных и человека, является одной из самых серьёзных проблем в ветеринарии и медицине. Каждый год от этой болезни умирает свыше 50 000–60 000 человек в мире.

Бешенство с средней полосе России характеризуется циркуляцией вируса в дикой природе, особенно среди лисиц, енотовидных собак, песцов,

волков, шакалов и других животных, представляющих резервуар инфекции [4, 25]. Прогнозирование числа случаев бешенства у диких и домашних животных помогает ветеринарным службам разработать соответствующие профилактические мероприятия, учитывая пространственно-временные особенности эпизоотического процесса [24, 40].

Степень разработанности проблемы. Современные информационные технологии и математическое моделирование позволяют автоматизировать сбор, анализ и прогнозирование эпизоотической ситуации. Однако качество прогнозов напрямую зависит от полноты и достоверности данных [21, 39].

В России и мире растёт спрос на краткосрочное и среднесрочное прогнозирование, адаптивные модели эпизоотического процесса. Внедряются программно-целевые системы для планирования мероприятий по профилактике и диагностике инфекционных болезней животных, электронные базы данных и автоматизация учёта эпизоотических очагов.

Также широко применяются разработки, включающие пространственные, статистические модели, а также методы машинного обучения для прогнозирования вспышек инфекционных болезней животных [113, 124, 208]. Применяются различные методы регрессионного анализа, нейронные сети, случайные леса и другие алгоритмы [14, 121, 221].

В настоящее время имеются научные и практические достижения в технологиях автоматизации и анализе данных, внедряются современные технологии, но всё ещё сохраняется много нерешённых, фундаментальных и прикладных вопросов.

Анализ и прогноз крайне чувствительны к разнородности, фрагментарности и недостаточной объективности данных. Критична интеграция информации данных из разных источников (ветеринарных, лабораторных, географических), унификация их формата и стандартов. Существует ограниченная способность моделей к учёту большого числа биологических, социальных, климатических экономических и других факторов, влияющих на динамику эпизоотий, особенно в трансграничных

случаях заноса инфекций. Для точности и адаптивности прогнозов требуется усовершенствование методов валидации моделей.

Цель и задачи. Цель исследований - разработка прогностических пространственных моделей инфекционных болезней животных и проведение географического зонирования территорий в зависимости от выявленных факторов риска на примере лептоспироза, бешенства животных и африканской чумы свиней.

Для достижения цели были поставлены задачи:

1) Проанализировать различные типы прогностических моделей, используемые в прогнозировании вспышек инфекционных болезней животных и систематизировать методологические подходы;

2) Апробировать разработанные прогностические пространственные модели по инфекционным болезням животных с разными механизмами передачи инфекции:

2.1) Оценить влияние природно-климатических факторов на возникновение очагов лептоспироза животных в Республике Саха (Якутия) и провести ранжирование территории по уровню риска распространения инфекции в условиях меняющегося климата;

2.2) Выявить ключевые факторы, влияющие на распространение лептоспироза сельскохозяйственных животных в субъектах Арктического региона России, а также спрогнозировать расширение нозоареала болезни при изменении климатических условий;

2.3) Определить пространственно-временные закономерности распространения африканской чумы свиней в субъектах Российской Федерации в зависимости от факторов риска и разработать прогностические модели с учетом особенностей эпизоотического процесса среди домашних свиней и диких кабанов;

2.4) Оценить факторы, способствующие циркуляции вируса бешенства среди диких животных и провести ранжирование субъектов России по степени

риска заболеваемости;

3. На основе разработанных пространственных прогностических моделей, сформировать единый алгоритм регрессионного моделирования вспышек инфекционных болезней животных.

Научная новизна. Для анализа динамики распространения лептоспироза, бешенства и африканской чумы свиней в Российской Федерации (РФ) было выполнено прогностическое моделирование в модельных регионах страны.

Регрессионные модели позволили оценить влияние факторов на эпизоотическую ситуацию и провести зонирование территорий по выявленным детерминантам болезней животных.

Впервые для субъектов Арктического региона были определены предикторы возникновения и распространения вспышек лептоспироза сельскохозяйственных животных, а также с помощью модели максимальной энтропии (MaxEnt), была установлена степень пригодности территории республики Саха (Якутия) для новых очагов болезни в условиях текущего и прогнозируемого климатов.

На основе обобщенной логистической регрессии были установлены пространственные особенности возникновения африканской чумы свиней (АЧС), характеризующие взаимосвязь зарегистрированных вспышек болезни с рядом факторов, в частности, перемещением животных и свиноводческой продукции.

Разработана прогностическая модель вспышек АЧС среди диких кабанов с применением отрицательной биномиальной регрессии, в результате которой были выявлены факторы риска, в числе которых наличие вспышек среди домашних свиней была определяющей.

Изучена динамика распространения бешенства среди диких животных с применением регрессионной модели, и установлена взаимосвязь регистрации очагов болезни от природно-климатических, популяционных факторов, в том числе объемом вакцинации.

Теоретическая и практическая значимость исследования.

Результаты, полученные в ходе исследований по прогностическому моделированию лептоспироза, бешенства и африканской чумы свиней, помогли улучшить понимание об эпизоотической ситуации в Российской Федерации и провести ранжирование территорий субъектов Российской Федерации по степени риска распространения очагов болезни.

Разработанные прогностические модели позволили определить основные экологические, социальные, популяционные факторы, способствующие возникновению и распространению болезней в модельных субъектах Российской Федерации. Определены территории с повышенным риском возникновения вспышек, что имеет первостепенное значение для превентивных мер и контроля распространения инфекций. Полученные данные могут быть интегрированы в разработку стратегий мониторинга и интервенций, что способствует минимизации экономических и социальных последствий, связанных с эпизоотиями особо опасных болезней животных.

Разработаны, обсуждены и утверждены на Ученом совете ФГБНУ ФИЦВиМ две методических рекомендации: «Методические рекомендации по организации и проведению противоэпизоотических мероприятий для предупреждения распространения АЧС в дикой фауне» (Протокол № 17 от 25.04.2024 г.) и «Методические рекомендации по применению статистических моделей в прогнозировании вспышек инфекционных болезней животных» (Протокол № 41 от 18.10.2024 г.).

Методология и методы исследований. Методы прогнозирования включали статистическое моделирование (применение различных типов регрессионных моделей, как обобщенная логистическая регрессия, отрицательная биномиальная регрессия, регрессии классификационного типа), метод с применением максимальной энтропии (MaxEnt), статистический анализ).

Был проведен сбор и анализ данных из различных источников, включая официальные базы информации, результаты мониторинговых исследований

на наличие антител против лептоспироза животных, а также вакцинированных диких и домашних животных против бешенства. Данные по численности популяции диких животных, как кабан, лисица, полученные по запросу из ветеринарных комитетов и министерств природных ресурсов были проанализированы с помощью статистических методов в программе R.

Исследования выполнены в Информационно-аналитическом центре (ИАЦ) ФГБУ «ВНИИЗЖ», и лаборатории эпизоотологии и биоинформатики ННИВИ-филиале ФГБНУ ФИЦВиМ в период с 2022 по 2025 гг. по темам НИР: «Разработка научно-обоснованной системы контроля инфекционных болезней животных», «Научное обеспечение совершенствования национальной системы противодействия угрозам, связанным с нотифицируемыми болезнями животных», «Разработка комплексной системы контроля инфекционных болезней животных и совершенствование методов исследования остатков запрещенных и вредных веществ в организме животных, кормах и продуктах животного происхождения («Ветеринарное благополучие»)).

Положения, выносимые на защиту:

- Моделирование инфекционных болезней животных с помощью разработки пространственных регрессионных моделей составляет методологическую основу для прогнозирования и оценки стратегий борьбы с эпизоотиями;
- Пространственно-временные закономерности распространения лептоспироза животных продемонстрировали зависимость от ряда факторов риска, таких как природно-климатические, социально-экономические и демографические условия, что позволило провести разработку прогностических моделей и ранжировать субъекты Арктического региона по степени риска заболеваемости;
- Моделирование вспышек АЧС среди домашних свиней явилось основой для прогнозирования новых неблагополучных территорий, которые определяются районами с мелкотоварным ведением свиноводства, а также интенсивностью перемещения свиней и свиноводческой продукции;

— Интродукция и интенсивность распространения АЧС среди кабанов зависят не только от плотности популяции животных, но и ряда других факторов, определяющих биобезопасность при охоте;

— Прогностическая пространственная модель очагов бешенства среди диких животных может применяться для изучения степени взаимосвязи заболевания с природно-климатическими и популяционными факторами, а также подтверждения значимости проведения вакцинальных кампаний;

— На основе апробированных прогностических моделей разработан общий алгоритм моделирования, который может быть экстраполирован на регионы со сходными климатическими и социально-демографическими условиями для формирования стратегий борьбы с инфекционными болезнями животных. Выбор модели обусловлен комплексом эпизоотологических характеристик возбудителя, определяющих механизмы передачи патогена восприимчивому хозяину.

Личный вклад соискателя. Автором диссертационной работы был проведен аналитический обзор отечественной и зарубежной литературы по изучаемой теме, а также сбор первичного материала по вспышкам инфекционных болезней животных на примере лептоспироза, бешенства и африканской чумы свиней. Автор принимал непосредственное участие в статистической обработке, анализе данных и полученных результатов моделирования. На основании полученных результатов моделирования, автором сделаны выводы и даны практические рекомендации по оптимизации противоэпизоотических профилактических мероприятий в целях недопущения заноса и распространения инфекционных болезней животных на территории субъектов Российской Федерации. Научные исследования были опубликованы в отечественных и зарубежных изданиях, что подтверждает участие автора в выполнении диссертационной работы.

Степень достоверности и апробации результатов исследований. Достоверность результатов исследования подтверждается объёмом специальных исследований (эпизоотологические, валидационные,

прогностические), проведенных по утвержденным методикам, а также статистической обработкой данных. Основные положения диссертационной работы доложены и обсуждены на заседаниях методической комиссии ФГБУ «ВНИИЗЖ» в период с 2022 по 2025 гг., на четырех научно-практических конференциях: Научно-практической конференции студентов, аспирантов и преподавателей во ВНИИЗЖ (г. Владимир, 2022 г.), КПНИ «Диагностика и мониторинг особо опасных инфекций животных, КПФНИ «Разработка вакцины против африканской чумы свиней, в том числе для перорального применения для диких кабанов» и Консорциума для реализации совместных проектов, направленных на научно-технологическое развитие страны, г. Покров, 2022-2024 г.; Международной научно-практической конференции «Фундаментальные и прикладные аспекты ветеринарной медицины на границе веков», посвященной 100-летию СибНИВИ-ВНИИБТЖ, г. Омск, 2021 г.

Публикации. По материалам диссертационной работы опубликовано одиннадцать научных работ, из них три – в рецензируемых научных изданиях (журналы «Ветеринария сегодня», «Вестник Красноярского ГАУ»), в которых должны быть опубликованы основные научные результаты диссертаций на соискание ученой степени кандидата наук по специальности 4.2.3 «Инфекционные болезни и иммунология животных».

Результаты диссертационного исследования были представлены в восьми публикациях первого уровня белого списка ВАК и базы цитирования WoS первой и второй квартили.

Структура и объем диссертации. Диссертационная работа представлена на 124 страницах компьютерного текста и включает в себя: введение, основную часть, обзор литературы, собственные исследования, заключение, библиографический список и приложение. Работа иллюстрирована 10 таблицами и 17 рисунками. Библиографический список состоит из 223 источников, в том числе 42 отечественных и 181 – зарубежных авторов.

1 ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ

1.1 Эпизоотологический мониторинг и надзор за инфекционными болезнями животных

В современном мире бактериальные и вирусные болезни животных представляют собой серьёзную проблему не только для сельского хозяйства, но и общественного здравоохранения. Вопросы профилактики, надзора и контроля инфекционных болезней животных требуют постоянного внимания научного сообщества, ветеринарных служб и органов здравоохранения на региональном, национальном и международном уровнях [13, 28]. Мониторинг инфекционных болезней животных способствует раннему выявлению очагов инфекций, оперативному реагированию, и, следовательно, облегчает контроль и надзор за распространением эпизоотий [58].

В условиях современного мира глобализация торговых отношений, предполагающая быстрое перемещение животных и животноводческой продукции между регионами, государствами и даже континентами, привела к заметному увеличению рисков распространения особо опасных и экзотических инфекционных заболеваний. Значительная часть болезней животных приходится на эмерджентные, трансграничные и зоонозные инфекции [148, 154]. При этом в условиях интенсификации торгово-экономических отношений между странами появилась необходимость в формировании и функционировании внутренней прогностической ветеринарной службы, а также определенных изменений научного обоснования организации профилактических противоэпизоотических мероприятий. По мнению некоторых отечественных и зарубежных ученых, в результате сложившейся неблагополучной эпизоотической ситуации по ряду инфекций животных, первоочередной задачей остается актуализация эпизоотологического надзора и совершенствование лабораторной диагностики [124, 145, 194].

Эпизоотологический мониторинг представляет комплексный подход к обеспечению ветеринарного благополучия, который включает в себя наблюдение и надзор за здоровьем животных в целях раннего диагностирования вспышек инфекционных болезней и принятия мер по предотвращению дальнейшего распространения. Мониторинг определяется как систематизированный процесс сбора, анализа и интерпретации данных, определяющих нозологический профиль болезней продуктивных, домашних и диких животных. Сбор первичных данных о заболеваемости в стаде, смертности, коэффициентах распространенности, а также значимости факторов риска, способствующих возникновению инфекции, составляет основу эпизоотологического мониторинга [159, 201].

Полученную в результате мониторинга здоровья животных информацию, можно использовать для анализа и разработки математических и статистических моделей, что позволяет объективно оценивать риски и прогнозировать развитие эпизоотической ситуации. На основе этих данных формируются научно обоснованные стратегии профилактических мероприятий и конкретные задачи по локализации и ликвидации очагов инфекционных болезней животных и человека [1, 36, 180].

В условиях быстро меняющегося филогенетического профиля возбудителей инфекций, а также изменений их биологических свойств, методологии, применяемые для сбора информации об эпизоотической ситуации могут определять выбор стратегий борьбы, отвечающих на новые вызовы. Методы мониторинга включают в себя использование многоуровневого подхода к сбору и анализу данных, что позволяет интегрировать различные источники информации, включая результаты лабораторных исследований, полевых наблюдений, молекулярно-генетического анализа. Это требует от специалистов навыков работы с большими объемами данных, а также постоянного обучения новым методам цифровой аналитики и освоения современного программного обеспечения. Кроме того, необходимо учитывать разнообразие методик для исследований,

которые могут быть выбраны и применены в зависимости от направления задач в эпизоотологии [3, 12, 14, 19].

Современные информационные технологии, к которым относятся географические информационные системы (ГИС, Geographic Information Systems), открытое программное обеспечение как Python, R, представляют компьютерные возможности, которые обеспечивают комплексную автоматизацию процессов сбора, хранения, обработки и анализа информации с визуализацией на электронных картах [76, 132, 169].

Например, географические карты распространения очагов заразных болезней среди животных могут быть использованы для информирования общественности и целевых групп специалистов. Инструменты геопространственного анализа, например, кластеризация, интерполяция, могут быть применены для выявления горячих точек (областей с высокой заболеваемостью). Это особенно актуально для природно-очаговых болезней животных, таких как бешенство, лептоспироз, которые имеют пространственные и временные закономерности распространения. Применение компьютерных технологий позволяют создавать модели, имитирующие динамику распространения вспышек инфекций среди животных на основе ретроспективных данных [151, 155, 204].

Статистическое моделирование вспышек — это еще один способ оценить и изучить пространственно-временные особенности возбудителей болезней, динамику распространения, взаимоотношение патогена, хозяина с факторами внешней среды на основе математических законов.

По данным анализа отечественной и зарубежной литературы для статистических моделей представлено много различных классификаций, но выбор и предпочтение всегда зависит от поставленных целей и задач, которые ориентированы на описание собранных данных и оценку эпизоотического процесса, или на предсказание (прогнозирование) ситуации. Проблема заключается в выборе статистических моделей, которые прогнозируют вспышки болезней с определенной точностью. Дополнительным

ограничением является интерпретируемость моделей экспертами той предметной области, для решения задач которой создается модель [88, 165, 217].

Современные методы машинного обучения и искусственного интеллекта могут быть применены в эпизоотологии для повышения точности прогнозирования и изучения закономерностей в распространении инфекционных заболеваний среди животных [64, 113, 214].

В результате недостаточной разработанности темы по моделированию, особенно среди существующих исследований по прогнозированию эпизоотий на территории Российской Федерации, целью настоящего исследования явилась разработка пространственных прогностических моделей инфекционных болезней животных и проведение географического зонирования регионов в зависимости от выявленных факторов риска на примере лептоспироза, бешенства животных и африканской чумы свиней, а также разработка единого алгоритма моделирования, позволяющего унифицировать подходы к оценке эпизоотической обстановки и повысить эффективность превентивных мероприятий.

1.2 Пространственно-временные особенности природно-очаговых и трансграничных инфекционных болезней животных на примере лептоспироза, бешенства и африканской чумы свиней

Эволюционные процессы, экологические и климатические изменения окружающей среды обуславливают появление новых, и трансформацию уже циркулирующих патогенов животных, преодоление видовых барьеров с возможным формированием устойчивых паразитарных систем в дикой природе. Динамичное наблюдение за возникающими вспышками болезней животных и совершенствование методов контроля их распространения становятся обязательными мероприятиями по надзору [120].

Распространение инфекционных болезней животных детерминируется комплексом факторов, включающих социальные, экономические и экологические аспекты.

Лептоспироз у животных представляет собой зоонозное инфекционное заболевание, патогенез которого обусловлен сложным взаимодействием многочисленных факторов риска, как биотических, так и абиотических, что делает его важным объектом для изучения пространственно-временных особенностей [18, 28, 108, 141, 143].

Ежегодно в мире регистрируется более 1,03 миллиона случаев лептоспироза среди людей [73].

Лептоспироз животных характеризуется высокой степенью эндемичности и распространен во многих странах мира, включая Российскую Федерацию. Большинство стран, с тропическим и субтропическим климатом, расположенных вблизи экватора находятся в зоне повышенного риска, где в результате климатических аномалий могут возникать масштабные эпидемии и эпизоотии. Кроме того, в современных условиях глобализации и изменения климата, лептоспироз стал угрозой для здоровья и жизни людей и животных [79, 128].

Факторы, способствующие росту заболеваемости лептоспирозом, включают географическое положение стран, климатические и социально-экономические факторы [105, 142, 172].

Больные лептоспирозом люди и животные, а также лептоспираносители, являются основными источниками распространения инфекции [52, 53, 150].

По данным Департамента ветеринарии МСХ Российской Федерации, лептоспироз протекает в большинстве случаев в бессимптомной форме и только у 7% положительно реагирующих сельскохозяйственных животных выявляют клинические признаки болезни [30].

Всё это обуславливает необходимость изучения особенностей распространения лептоспироза среди животных, включая динамику вспышек, филогеографию возбудителя, роль экологических и других факторов.

Несмотря на значительное количество работ, посвященных изучению лептоспироза животных, задача оптимизации и повышения эффективности мероприятий по его профилактике и контролю в России остается актуальной.

В виду климатических особенностей субъектов Арктики и Субарктики России вопросы по изучению пространственно-временных особенностей распространения лептоспироза формируют особый приоритет для исследований патогена на данных территориях.

Лептоспироз животных в условиях Крайнего Севера представляет собой оптимальную модель для разработки методологических подходов к моделированию эпизоотических процессов, прогнозирования динамики вспышек и географического зонирования территории с целью выявления приоритетных зон для проведения профилактических мероприятий.

В то время как мир продолжает бороться с хорошо известными и изученными инфекционными болезнями, такими как ящур, классическая чума свиней, которые наносят значительный экономический ущерб, но поддаются контролю с помощью вакцин и жестких ветеринарно-санитарных мероприятий, эпизоотологический ландшафт продолжает стремительно меняться под влиянием глобализации и эволюции патогенов. Ярким примером эмерджентной угрозы, является африканская чума свиней (АЧС). Из локальной проблемы стран Африки к югу от Сахары болезнь перешла в глобальную пандемию, дестабилизирующую продовольственную безопасность целых стран [57, 61, 78].

Африканская чума свиней (АЧС) – вирусное заболевание, поражающее всех представителей семейства *Suidae*, которое демонстрирует способность к трансграничному распространению, вызывая значительные экономические и социальные последствия [89]. Вирус АЧС характеризуется высокой вирулентностью и устойчивостью к воздействию внешних факторов [58, 177, 202]. Эпизоотологические данные свидетельствуют о том, что АЧС может быстро распространяться через инфицированные продукты животного происхождения, транспорт и прямой контакт между животными [49, 75, 202].

В настоящее время болезнь является эндемичной только в странах Африки, расположенных к югу от Сахары, на средиземноморском острове Сардиния, а также в некоторых странах Восточной Европы [185].

Исследования российских и зарубежных ученых по изучению роли дикого кабана в распространении АЧС показали, что дикая популяция определяет значимый вклад, но не основной [60, 118].

Несмотря на действующие планы надзора и ликвидации, регистрация вспышек АЧС как среди домашних свиней, так и популяции кабанов в регионах Российской Федерации на протяжении многих лет указывает на сохранение вируса в дикой природе. Существующие пробелы в вопросах передачи вируса АЧС от кабана домашней свинье, а также от домашней популяции в дику, увеличивают интерес к этой проблеме.

Результаты математического моделирования эпизоотического процесса африканской чумы свиней в различных географических регионах демонстрируют, что основной механизм передачи вируса между дикими кабаном реализуется преимущественно через инфицированные трупы животных [59, 62]. Этот процесс подвержен значительным вариациям в зависимости от частоты контактов животных, что выступает ключевым фактором в инициировании новых очагов болезни при относительно низкой плотности популяций [81, 174].

Gallardo с соавторами [54] предположил, что особи кабанов, выжившие после заражения АЧС, играют определенную роль в возникновении новых очагов, а также являются причиной интродукции вируса на благополучные территории.

Поскольку в настоящее время не существует эффективной вакцины или лечения АЧС, поэтому наилучшей стратегией борьбы является предотвращение заноса вируса путем улучшения пограничного контроля и надзора биологической защиты как для крупных свиноводческих хозяйств, так и для личных подсобных и фермерских хозяйств, а также отдельных охотничьих угодий [56, 58, 106].

Профилактика распространения АЧС методом ограничения миграции диких животных представляет собой более сложную задачу по сравнению со стратегиями «стемпинг-аут», применяемыми в промышленном свиноводстве. Это обусловлено комплексностью экосистем дикой природы, многообразием факторов, влияющих на передачу и распространение вируса АЧС, а также сложностью логистики для осуществления проведения мониторинга и контроля за популяциями животных [119, 178, 191].

Одной из глобальных проблем ветеринарии и медицины во многих странах мира представляет зоонозное заболевание животных и человека – бешенство. Ежегодно от бешенства во всём мире умирает более 50 000–60 000 человек [200].

Бешенство животных представляет собой зоонозное заболевание, вызываемое вирусом, который относится к семейству *Rhabdoviridae*. Вирус обладает нейротропными свойствами и способен инфицировать представителей всех классов млекопитающих, включая человека [68, 182].

В эпизоотологии Европейского бешенства выделяют три вида животных, которые определяют ведущую роль в передаче заболевания. К таким животным относятся летучие мыши, еноты и скунсы [114]. Вирус бешенства могут передавать и другие дикие животные, как лисы, волки, шакалы, ежи, барсуки, а также домашние животные-компаньоны (собаки, кошки) и сельскохозяйственные виды [25, 211]. В зависимости от экологии вируса, выделяют два типа бешенства – антропургический (городской) и природный (лесной) [2, 22].

Бешенство является эндемичным заболеванием на территории Российской Федерации, вспышки которого регистрируются круглогодично среди диких и домашних животных.

Согласно отчетам ФГБУ «Центр Ветеринарии» (ЦВ), в 2023 году в 64 регионах Российской Федерации было зарегистрировано 767 случаев бешенства, из которых 341 (42%) – среди диких животных. В дикой фауне,

88,5% случаев заболеваемости животных регистрировали среди популяций рыжих лисиц [24].

Таким образом, пространственная и временная эпизоотология бешенства в Российской Федерации зависит от численности популяции восприимчивых животных – среди диких – лисиц и енотовидных собак, а домашних – собак и кошек. В настоящее время, несмотря на реализацию программ по вакцинации диких, сельскохозяйственных и домашних животных в субъектах России, случаи бешенства продолжают регистрироваться с выраженной сезонностью. Бродячие собаки и кошки, а также дикие животные имеют особое значение как основные источники заражения вирусом людей [65, 110].

Статистические прогностические модели играют важную роль в изучении и определении особенностей эпизоотологии бешенства животных. Прогнозирование числа случаев и тенденций распространения вспышек болезни является полезным инструментом в выборе стратегий борьбы с бешенством, поскольку помогает определить сценарии развития эпизоотии. Прогнозирование очагов бешенства диких и домашних животных помогает ветеринарным службам разработать соответствующие профилактические мероприятия, учитывая пространственно-временные особенности эпизоотического процесса [46, 205].

Таким образом, природно-очаговые болезни, такие как лептоспироз и бешенство имеют четкую экосистемную детерминированность и ассоциируются с конкретными видами и условиями обитания диких животных. Высокая мобильность и способность к быстрому распространению возбудителей на большие расстояния – это основные пространственные особенности трансграничных болезней животных, что обуславливает их значительную угрозу для промышленного животноводства.

Комплексный эпизоотологический мониторинг, включающий в себя как специальные биологические исследования возбудителей, так и анализ различных факторов, способствует более точному прогнозированию и

своевременному реагированию на вспышки болезней. Это позволяет не только минимизировать негативные последствия для здоровья людей, но и оптимизировать меры по предотвращению распространения болезней среди животных.

Поэтому, в целях необходимости обеспечения продовольственной и биологической безопасности, конкурентоспособности сельскохозяйственной продукции и инвестиционной привлекательности России, прогнозирование возникновения и распространения инфекционных болезней, в частности лептоспироза, бешенства животных, африканской чумы свиней является актуальной темой для выполнения диссертационной работы.

1.3 Аналитические методы прогностического моделирования вспышек инфекционных болезней животных

Прогнозирование вспышек инфекционных болезней животных с применением статистического моделирования является актуальной темой в эпизоотологии. Применение многими учеными обоснованного подхода к прогнозированию, основанного на моделировании вспышек, позволяет наиболее эффективно анализировать изменения и взаимосвязи, связанные с пространственными особенностями распространения инфекционных болезней животных [64, 86]. Составление прогноза является основным инструментом для надзора и контроля за инфекционными болезнями животных [70, 168].

Прогнозирование эпизоотий и его качество зависит от ряда условий. Для составления точного прогноза необходим достаточный массив первичных эпизоотологических данных, собранных с определенной точностью и достоверностью. Период наблюдения за вспышками должен содержать информацию о долговременных трендах, сезонных и других циклических изменениях. Закономерности, выявленные в таких данных, должны находить правдоподобное объяснение с точки зрения природы возбудителя, факторов окружающей среды и популяционных характеристик животных [93, 196].

При прогнозировании также учитываются различные предикторы, имеющие значение в изменении эпизоотического процесса. Среди них можно выделить внешние или абиотические факторы, такие как климат, популяционные характеристики животных, хозяйственная деятельность человека, урбанизация, а также биотические или биологические переменные, включающие как межвидовые взаимодействия, так и филогенетические детерминанты возбудителей болезней [82, 161].

В зависимости от типа прогнозируемого события в ветеринарной практике (к примеру, сезонная вспышка гриппа) применяются математические и статистические модели.

Такие модели также применяются для изучения основных критериев эпизоотического процесса. Одним из таких значимых характеристик является интенсивность процесса, которая часто измеряется с помощью показателя пространственно-временной инцидентности (G-rate). Данный показатель количественно определяет плотность вспышек заболевания, зарегистрированных на единицу площади территории за определенный промежуток времени, что позволяет оценить скорость и масштаб распространения инфекции среди животных.

Исследования по прогнозированию эпизоотий, представленные в отечественной и зарубежной литературе, чаще включают применение следующих методов: статистические (различные типы регрессионных моделей, анализ временных рядов), математические (компарментные, агентные), модели, основанные на машинном обучении (случайный лес, искусственные нейронные сети), а также ансамблевые модели [67, 123, 144].

В биологических системах процессы, как правило, не подчиняются нормальному распределению. Поэтому вместо классических линейных регрессионных моделей часто применяют обобщенные. К таким моделям относятся обобщенная логистическая, отрицательная биномиальная регрессии, Пуассона и другие, которые строятся из допущения, что тенденция

эпизоотического процесса зависит от факторов, интенсивность которых можно рассчитать [116, 164, 192, 221].

При этом отдельные методы прогнозирования (регрессионный анализ, анализ временных рядов, искусственные нейронные сети) относительно просты в реализации, однако требуют достаточно большого объема первичных данных. Компартментные модели частично лишены этого ограничения, существует возможность быстрого их создания для прогнозирования «новых» и «возвращающихся» инфекций, однако их реализация связана с проблемой неоднородности популяций животных. Агентные модели, которые наиболее точно описывают неоднородность популяций животных, характеризуются на практике технической сложностью выполнения [91, 171].

Прогнозирование на основе регрессионных моделей часто применяется для эпизоотий с выраженной сезонностью, когда влияние климатических и других средовых факторов представляется высоковероятным. Поэтому регрессионный анализ нашел широкое применение в прогнозировании трансмиссивных и природно-очаговых инфекций. Например, прогнозы распространения клещевого энцефалита в Австрии, Германии и Швейцарии основаны на регрессионной модели, учитывающей климатические данные, плотность населения, вакцинации и индексе плодоношения европейского бука (*Fagus sylvatica*). Плоды этого дерева служат пищей для грызунов, которые являются животными резервуарами для иксодовых клещей, инфицированных вирусом [99, 181]. В рамках эпизоотологических исследований для анализа причинно-следственных связей в распространении трансграничных инфекционных заболеваний, таких как африканская чума свиней часто применяются регрессионные модели. Модели позволяют выявить корреляцию между заболеваемостью и комплексом факторов, включая перемещение живых свиней и продукции переработки свинины [139]. В частности, важным аспектом изучения динамики распространения АЧС в условиях глобализации и интенсификации агропромышленного комплекса, является применение

многоуровневых статистических методов, включая разнообразные методы классификации и регрессии [55, 147].

Таким образом, регрессионные модели являются ценным инструментом для составления прогноза болезней животных, и изучения факторов, определяющих движущие силы эпизоотического процесса.

1.4 Значение регрессионного анализа в оценке рисков распространения инфекционных болезней животных

Изучение динамики распространения эпизоотий в популяциях животных представляет собой важную часть эпизоотологии, которая основывается на статистических и математических моделях.

Выбор конкретной регрессионной модели определяется целями и задачами исследования, а также природой возбудителя и механизмами передачи инфекции [149, 222]. При наличии точечных местоположений зарегистрированных вспышек болезней животных, имеющих привязку к географическим координатам местности, а также при условии природной обусловленности заболевания применяются методы моделирования ареалов/экологических ниш (например MaxEnt) с возможностью прогнозирования нозоареала болезни [50, 84, 179].

В исследованиях по моделированию эпизоотического процесса метод максимальной энтропии обычно используется для изучения значимости факторов в формировании потенциального ареала биологических видов, являющихся природными резервуарами инфекционных заболеваний [48, 215].

Моделирование экологической ниши с применением модели MaxEnt, учитывающее факторы окружающей среды, применяют для прогнозирования вспышек природно-очаговых инфекций, таких как лептоспироз, сибирская язва, лихорадка Западного Нила и других климатически зависимых инфекций животных [100, 111, 183].

Географические регрессионные модели анализируют разнообразные экосистемы и ландшафты для прогнозирования распространения инфекций в

регионах с различной плотностью населения, климатическими характеристиками и типами содержания животных. Данный подход особенно актуален в условиях изменения климата и ландшафтов [90, 102, 195].

Leblond et al., (2007) обнаружили, что вспышки инфекционного восточного энцефалита лошадей на юге Франции были связаны с типами водных объектов и растительного покрова, которые явились благоприятными условиями для гнездования диких птиц – переносчиков вируса [140].

Можно отметить применение различных типов логистических регрессий для изучения эпизоотологического надзора при африканской чуме свиней в зависимости от различных типов мониторинга в Литве [106]. Анализ эпизоотии АЧС на Сардинии, представленный в работе Carrai S. et al., (2018) является примером применения регрессионных моделей в изучении факторов риска, связанных с персистенцией вируса [112]. В данном исследовании была использована отрицательная биномиальная регрессия, и были выявлены социально-экономические факторы как наиболее значимые в распространении АЧС на фермах, включая индекс материальной депривации, типы содержания домашних свиней и уровень биобезопасности.

Пример прямой линейной зависимости распространения африканской чумы свиней от факторов риска в Польше представлен в работе G. Timpanaro et al. 2022, в которой подтверждались две гипотезы о причинно-следственной связи между интенсивностью случаев АЧС в дикой популяции и количеством вспышек среди домашних свиней, а также наличия очагов болезни в домашней популяции от вспышек среди кабанов с учетом сезонности [94].

Также, в исследованиях Joseph Nkamwesiga et al. были изучены факторы риска распространения чумы мелких жвачных животных на территории Уганды. Для этого были использованы логистические и отрицательные биномиальные регрессии [188].

Регрессионные модели в эпизоотологии служат достаточно эффективным инструментом для выявления взаимосвязей между различными экзогенными и эндогенными факторами, и заболеваемостью бешенством,

чумой мелких жвачных животных и другими инфекционными болезнями. Их применение позволяет проводить глубокий анализ эпизоотологических данных, выявлять ключевые детерминанты распространения инфекций и разрабатывать эффективные стратегии профилактики и контроля.

1.5 Заключение по обзору литературы

На основании анализа отечественной и зарубежной литературы можно сделать вывод, что применение прогнозирования в ветеринарной практике с использованием методов статистического моделирования направлено на предотвращение возникновения и распространения вспышек инфекционных болезней животных. Данный подход позволяет выявлять не только потенциальные риски заноса и распространения инфекций, но и принимать превентивные меры, что способствует минимизации экономического ущерба и сохранению эпизоотического благополучия в регионах страны.

Регрессионные модели играют важную роль в анализе эпизоотических процессов, позволяя исследователям выявлять и количественно оценивать различные факторы риска, влияющие на динамику вспышек инфекционных болезней среди животных. Моделирование позволяет прогнозировать эпизоотическую ситуацию и оценивать эффективность принятых мер контроля и надзора.

Регрессионный анализ является многофакторным подходом, позволяющий оценивать риск возникновения инфекций и помогает разрабатывать целенаправленные стратегии ликвидации и профилактики эпизоотий.

Современные исследования в эпизоотологии подчеркивают необходимость интеграции регрессионного моделирования с другими методами, такими как машинное обучение, искусственный интеллект, геопространственный анализ, что открывает новые горизонты для более глубокого понимания эпизоотических процессов особо опасных болезней животных и человека.

В связи с этим, нами определены и сформулированы направления исследований, включающие изучение актуальных инфекционных болезней животных, на примере лептоспироза, бешенства и африканской чумы свиней, характеризующихся различными путями передачи инфекции, подбор и разработка прогностических пространственных моделей вспышек инфекционных болезней животных с учетом выявленных детерминант. На основании полученных результатов моделирования провести географическое зонирование территорий субъектов Российской Федерации и определить приоритетные зоны для целевых противоэпизоотических мероприятий.

2 СОБСТВЕННЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ

2.1 Материалы и методы исследований

2.1.1 Эпизоотологический мониторинг лептоспироза, бешенства животных и африканской чумы свиней в субъектах Российской Федерации

Выбор и характеристика модельных субъектов России для прогнозирования эпизоотической ситуации по лептоспирозу животных. В соответствии с отечественными и зарубежными исследованиями, вспышки лептоспироза среди сельскохозяйственных животных наблюдаются не только в регионах с благоприятным климатом для сохранения патогенных лептоспир, но и в умеренных и северных широтах Евразии [45, 52, 79].

Для изучения пространственно-временных особенностей распространения лептоспироза среди сельскохозяйственных животных были выбраны субъекты с резко-континентальным климатом Арктического региона Российской Федерации, неблагоприятные за период от 3 до 5 лет.

Регрессионное моделирование лептоспироза было направлено на изучение факторов риска распространения вспышек болезни среди сельскохозяйственных животных и прогнозирование эпизоотической ситуации. Для анализа были использованы ретроспективные данные о вспышках лептоспироза, полученных по запросу от региональных ветеринарных лабораторий субъектов Арктической зоны России в результате мониторинговых исследований.

Территория исследования по заболеваемости лептоспирозом среди животных включала девять субъектов, расположенных в Арктической и Субарктической зонах Российской Федерации. В этот ареал вошли Архангельская область, Мурманская область, Республика Карелия, Республика Коми, Ямало-Ненецкий автономный округ, Ненецкий автономный

округ, Красноярский край, Республика Саха (Якутия) и Чукотский автономный округ.

Характерной особенностью исследуемых территорий является низкая плотность населения, варьирующаяся в пределах от 0 до 3 человек на квадратный километр [37]. Кроме того, данные регионы отличаются экстремальными природно-климатическими характеристиками, что оказывает значительное влияние на экосистемы, биоразнообразие и социально-экономические условия их развития.

Пример локального моделирования с использованием точечных данных о местоположениях вспышек реализован для территории Республики Саха (Якутия): было проведено прогностическое моделирование заболеваемости лептоспирозом среди животных. В данном исследовании впервые к данным о вспышках лептоспироза животных за период с 1995 по 2019 год был применён метод прогностического моделирования с использованием подхода экологической ниши. Этот метод позволил определить, какие территории в Республике Саха (Якутия) наиболее благоприятны для возникновения лептоспироза, а также ранжировать их по степени риска возникновения новых очагов инфекции [111, 152].

Распространение заболеваемости лептоспирозом сельскохозяйственных животных на территории субъектов Арктического региона представлено на рисунке 1.

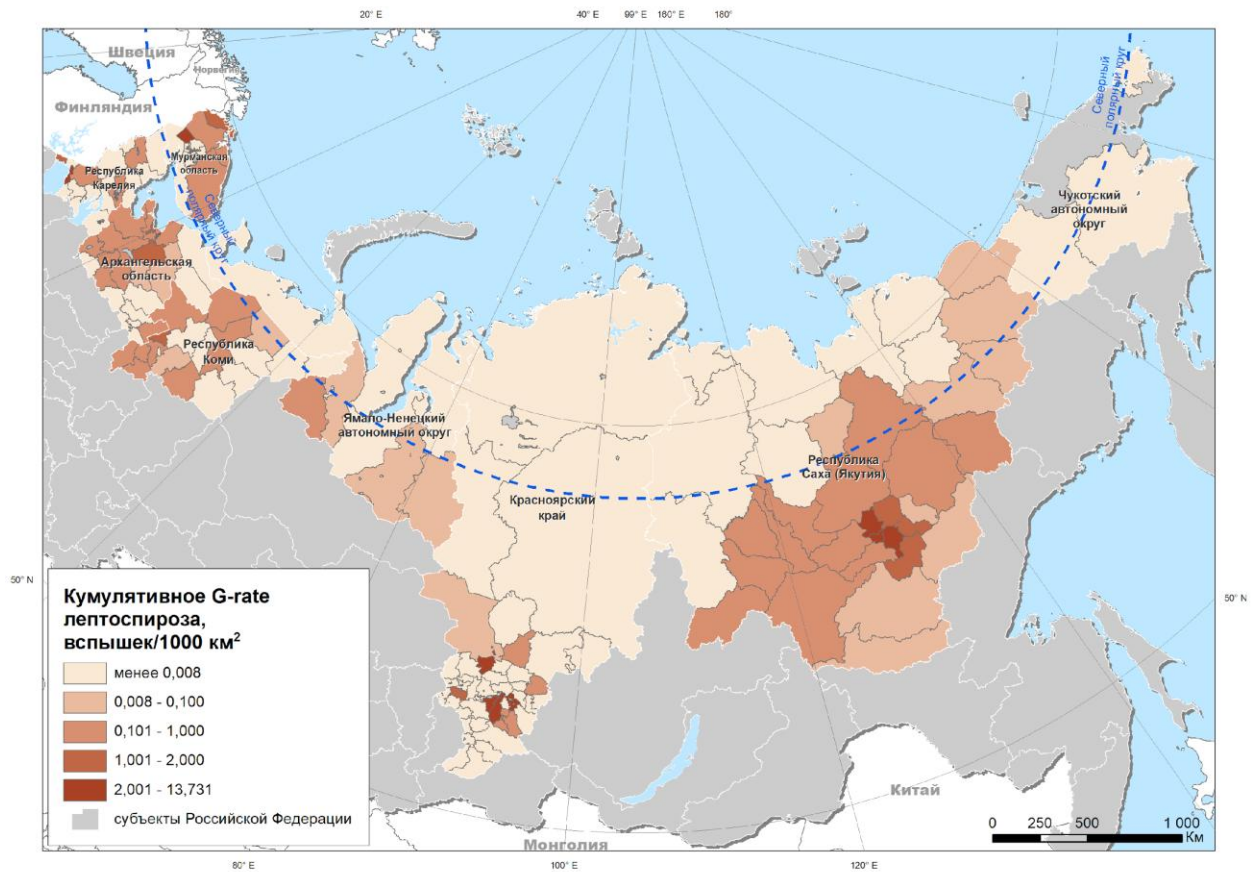


Рисунок 1. Эпизоотическая ситуация по лептоспирозу сельскохозяйственных животных на территории субъектов Арктической зоны Российской Федерации с 2000 по 2021 гг.

Распределение вспышек лептоспироза среди диких и домашних животных, зарегистрированных на территории Республики Саха (Якутия), представлено на рисунке 2.

районов региона в течение одного года. Во время эпизоотии АЧС в Самарской области в 2020 году по данным WAHIS было зарегистрировано более 40 вспышек среди диких кабанов и 41 очаг среди домашних свиней [218]. Таким образом, данный субъект был выбран в качестве модельного для изучения роли факторов распространения АЧС среди домашних свиней. Средняя плотность населения в регионе составила около 60 человек/км². Высокая плотность главных автомагистралей характерна для центральной части территории субъекта. В качестве модельных единиц в исследовании использовались муниципальные районы [37]. Значительная доля домашних свиней в данном субъекте содержалась в личных подсобных хозяйствах, характеризующихся низким уровнем биобезопасности.

С целью прогностического моделирования вспышек АЧС в популяциях домашних свиней и диких кабанов, проявляющихся спорадически на протяжении длительного времени, была выбрана Нижегородская область (рисунок 3).



Рисунок 3. Эпизоотическая ситуация по африканской чуме свиней в Нижегородской области с 2011 по 2022 гг.

Нижегородская область включает 52 муниципальных округа (районов). Протяжённость региона с севера на юг составляет около 430 километров, а в самой широкой части с запада на восток – 300 километров. Климат области умеренно-континентальный. Средняя плотность населения составляет 40 чел/км². Леса занимают значительную часть территории, их общая площадь превышает 3415 тысяч гектаров, что составляет 53% от всей площади региона. Гидрографическая сеть хорошо развита. Общая длина рек составляет около 32000 км.

Сельское хозяйство Нижегородской области включает различные направления животноводства и растениеводства. В частности, свиноводство в регионе преимущественно сосредоточено в личных подсобных хозяйствах, которые составляют 98,89% от предприятий всех форм собственности. По состоянию на 2023 год, численность кабана оценивалась в 1326 особей. Наибольшую плотность популяции кабана от 0,047 до 0,086 особей на квадратный километр можно было наблюдать в северной и юго-восточной частях области, граничащих с республиками Чувашия и Марий Эл.

На протяжении всего анализируемого периода с 2011 по 2022 гг., в районах Нижегородской области наблюдалось устойчивое неблагополучие по африканской чуме свиней.

Периодически регистрируемые вспышки африканской чумы свиней в дикой популяции демонстрируют устойчивую приуроченность к определённым территориям.

Исследование динамики болезни среди диких животных и региональными особенностями эпизоотического процесса, явилось основой для выбора региона как модельного для разработки прогностических моделей.

Выбор регионов для исследований был обусловлен доступностью данных, полученных от региональных ветеринарных служб субъектов Российской Федерации.

2.1.2 Мониторинговые исследования вспышек инфекционных болезней животных

Мониторинг лептоспироза среди сельскохозяйственных животных субъектов Арктического региона Российской Федерации. В исследовании по изучению факторов риска распространения лептоспироза животных на территории Республики Саха (Якутия) использовались данные о вспышках болезни. Очаги лептоспироза были выявлены в результате мониторинговых исследований сельскохозяйственных животных. Первоначальная информация по эпизоотической ситуации в Республике Саха (Якутия) была получена из

официальных отчетов региональной ветеринарной лабораторной службы о диагностированных случаях лептоспироза у сельскохозяйственных животных как в личных подсобных хозяйствах, так и муниципальных сельскохозяйственных предприятиях. Дополнительно, к отчетам региональных ветеринарных лабораторий, были обработаны данные статистических отчетов Федеральной службы по ветеринарному и фитосанитарному надзору Российской Федерации [30], содержащие результаты лабораторного тестирования на лептоспироз как сельскохозяйственных, так и диких животных в Республике Саха (Якутия).

Для изучения динамики заболеваемости лептоспирозом сельскохозяйственных животных на территории Арктического региона, с учетом изменения климата, в качестве показателя интенсивности эпизоотии было выбрано совокупное количество случаев болезни, зарегистрированных за весь период наблюдения на единицу площади районов (пространственно-временная инцидентность, или G-rate) [87, 131, 133].

В дальнейшем была проведена обработка данных по вспышкам лептоспироза животных. Были исключены данные с неточной атрибутивной информацией и отсутствием географических координат. Поэтому база ГИС данных включала 808 об очагах лептоспироза сельскохозяйственных животных на территории субъектов Арктики. В дальнейшем все данные были преобразованы в формат шейп-файла для дальнейшего моделирования и обработки в географической программе ArcGIS 10.8.2 и программе R 4.4.2.

Эпизоотологический мониторинг очагов АЧС среди домашних свиней и диких кабанов в Самарской и Нижегородской областях. В изучении эпизоотической ситуации и регрессионном анализе по АЧС в регионах России использовались данные по вспышкам, нотифицированные Российской Федерацией в ВОЗЖ. Согласно отчетным данным, за 2020 год в Самарской области была зарегистрирована 41 вспышка АЧС среди домашних свиней и 40 очагов среди диких кабанов. Для каждой вспышки указывались

точные географические координаты, дата начала регистрации и количество восприимчивых и инфицированных животных [218].

Информация о вспышках африканской чумы свиней (АЧС) в районах Нижегородской области за период с 2011 по 2022 гг. была получена из ВОЗЖ и дополнена информацией ФГБУ «Центр Ветеринарии». Лабораторное подтверждение АЧС проводилось в референтной лаборатории Федерального центра охраны здоровья животных (ФГБУ "ВНИИЗЖ") [31] с использованием стандартных международных методов и протоколов ПЦР-диагностики [218].

Мониторинг заболеваемости бешенством животных в районах Нижегородской области. Для создания прогностической модели по бешенству среди диких животных были использованы данные о зарегистрированных вспышках болезни, полученные от Нижегородской областной ветеринарной лаборатории за период с 2012 по 2024 гг. За анализируемый период было зарегистрировано 676 случаев бешенства [21] среди всех видов животных. Использование как описательного, так и аналитического методов исследования позволило нам провести анализ эпизоотологического профиля бешенства животных. Лабораторное подтверждение случаев болезни среди животных проводилось в областной ветеринарной лаборатории в соответствии с действующим национальным стандартом «ГОСТ 26075-13 Животные. Методы лабораторной диагностики бешенства», методом флуоресцирующих антител (МФА) [9]. Реакция считалась положительной при наличии желто-зеленого свечения гранул в мазках-отпечатках при исследовании под люминесцентным микроскопом.

Информация о вспышках болезней животных на примере лептоспироза, бешенства и африканской чумы свиней, полученная в результате запросов с региональных диагностических лабораторий и ветеринарных комитетов, была оформлена в единую базу данных, фрагмент которой представлен на рисунке 4.

1	Country	Disease	SPECIES	SpecDe	Susp/Obse	DiagRegLab	DiagRefLab	Yea	Qua	Mon	Month	Month	We	QuarStart	QuarFinis	FedDistr
46465	Russia	ASF	Wild boar		10.02.2023	26.02.2023		2023	I	2	Feb	Фев	9	27.02.2023	20.04.2023	Central'niy
46466	Russia	ASF	Domestic pigs		04.03.2023	05.03.2023	30.03.2023	2023	I	3	Mar	Мар	10	06.03.2023	07.04.2023	Yuzhniy
46467	Russia	ASF	Wild boar		09.03.2023	10.03.2023		2023	I	3	Mar	Мар	10	10.03.2023	26.04.2023	Donetskaya
46468	Russia	ASF	Wild boar		08.03.2023	13.03.2023		2023	I	3	Mar	Мар	11	13.03.2023		Privolzhskiy
46469	Russia	ASF	Domestic pigs		14.03.2023	15.03.2023	17.03.2023	2023	I	3	Mar	Мар	11	15.03.2023	29.04.2023	Sibirsky
46470	Russia	ASF	Domestic pigs		15.03.2023	16.03.2023	21.03.2023	2023	I	3	Mar	Мар	11	17.03.2023	06.04.2023	Sibirsky
46471	Russia	ASF	Genome in pork prod.			16.03.2023		2023	I	3	Mar	Мар	11	17.03.2023	24.03.2023	Sibirsky
46472	Russia	ASF	Genome in pork prod.		15.03.2023	16.03.2023		2023	I	3	Mar	Мар	11	17.03.2023	29.03.2023	Sibirsky
46473	Russia	ASF	Domestic pigs		20.03.2023	22.03.2023		2023	I	3	Mar	Мар	12	22.03.2023	02.05.2023	Sibirsky
46474	Russia	ASF	Domestic pigs		21.03.2023	22.03.2023		2023	I	3	Mar	Мар	12	23.03.2023	05.05.2023	Sibirsky
46475	Russia	ASF	Domestic pigs		21.03.2023	23.03.2023		2023	I	3	Mar	Мар	12	24.03.2023	29.04.2023	Sibirsky
46476	Russia	ASF	Genome in pork prod.		20.03.2023	24.03.2023	24.03.2023	2023	I	3	Mar	Мар	12	24.03.2023	04.04.2023	Sibirsky
46477	Russia	ASF	Domestic pigs		23.03.2023	24.03.2023		2023	I	3	Mar	Мар	12	24.03.2023	06.05.2023	Sibirsky
46478	Russia	ASF	Domestic pigs		01.04.2023	04.04.2023	05.04.2023	2023	II	4	Apr	Апр	14	05.04.2023		Privolzhskiy
46479	Russia	ASF	Wild boar		05.04.2023	07.04.2023		2023	II	4	Apr	Апр	14	12.04.2023	20.04.2023	Central'niy
46480	Russia	ASF	Genome in pork prod.		06.04.2023	07.04.2023		2023	II	4	Apr	Апр	14	07.04.2023	18.04.2023	Sibirsky

Рисунок 4. Фрагмент скомпилированной ГИС-ориентированной базы данных по вспышкам инфекционных болезней животных для разработки прогностических пространственных моделей и визуализации эпизоотической ситуации

Переменные, включенные в разработку прогностической модели заболеваемости лептоспирозом животных на территории Республики Саха (Якутия) и Арктического региона. В разработке прогностических моделей для прогнозирования вспышек лептоспироза животных важное значение определял подбор независимых переменных (факторов), определяющих динамику распространения заболеваемости в популяциях животных. Эти переменные включали климатические предикторы, плотность популяции, социально-экономические условия, а также санитарно-гигиенические и ветеринарные мероприятия.

Отбор потенциальных переменных проводили на основании анализа отечественной и зарубежной литературы, а также экспертного мнения специалистов в изучаемой предметной области [53, 138].

Факторы, определяющие интенсивность заболеваемости лептоспирозом животных в Республике Саха (Якутия) и субъектов Арктического региона представлены в таблице 1.

Таблица 1 - Переменные факторы, определяющие распространение вспышек
лептоспироза среди животных

Переменные факторы	Единицы измерения	Тип переменной
Высота над уровнем моря	м	непрерывная
Плотность населения	чел/км ²	непрерывная
Плотность сельскохозяйственных животных	условные гол/км ²	непрерывная
Объем бюджетных инвестиций, определяющий уровень финансирования сельского хозяйства в районе	тыс. руб.	непрерывная
Доля сельского населения	%	непрерывная
Доля пахотных земель, определенная к общей площади района	%	непрерывная
Доля водных объектов, вычисленная от общей площади района	%	непрерывная
Доля болот, вычисленная от общей площади района	%	непрерывная
Высота над уровнем моря	м	непрерывная
Уровень кислотности почвы	ед.	непрерывная
Средняя годовая температура воздуха	°С	непрерывная
Среднегодовая амплитуда суточной температуры	°С	непрерывная
Среднее число дней в году с температурой воздуха выше 0°С	дней	непрерывная
Годовая сумма осадков	мм	непрерывная
Годовая сумма осадков за период с температурой воздуха выше 0°С	мм	непрерывная
Годовая сумма осадков за период с температурой воздуха ниже 0°С	мм	непрерывная

Социально-экономические переменные были собраны для анализа с сайта Федеральной службы государственной статистики Росстата [37]. Высота над уровнем моря (altitude) рассчитывалась на основании цифровой модели рельефа поверхности земли с пространственным разрешением 30 угловых секунд [98]. Кислотность почвы на нулевой глубине получили из цифровой карты почвенных данных (ISRIC-World Soil Information) с пространственным разрешением 250 м [135]. Площадь водных объектов вычислялась с использованием набора данных о растительном покрове, созданного по

данным спутниковой системы Proba-V с исходным пространственным разрешением 100 x 100 м за временной период с 2000 по 2019 годы [137].

Для изучения влияния климатических переменных на заболеваемость лептоспирозом животных использовались данные многолетних наблюдений метеостанций на территории Российской Федерации за период с 1981 по 2015 гг. («современный климат»). Изучение динамики вспышек лептоспироза животных с учетом потенциальных изменений климатических условий на территории субъектов Арктического региона с 2081 по 2100 годы, был использован прогностический набор данных. Переменные были рассчитаны на основе 14 климатических моделей международного проекта CMIP5 [204]. Использовался сценарий изменения климата RCP 8.5, представляющий наиболее «жесткий» вариант эмиссии парниковых газов [197].

Переменные, включенные в разработку прогностической модели вероятности возникновения вспышек АЧС в Самарской области. В 2020 году в Самарской области зафиксирована масштабная эпизоотия африканской чумы свиней (АЧС), характеризующаяся значительным распространением болезни среди домашних свиней и диких кабанов. Результаты свидетельствуют о серьезной эпизоотической ситуации в регионе и необходимости проведения комплексных противоэпизоотических мероприятий, включающих прогностическое моделирование динамики вспышек и выноса инфекции на благополучные территории соседних регионов.

Данные о плотности населения и популяции свиней были получены из Федеральной службы государственной статистики Российской Федерации [37]. Данные численности популяции кабана были получены в результате запроса Комитета охоты и рыболовства [Комитет охоты и рыболовства Самарской области]. Информация о населенных пунктах и небольших фермерских хозяйствах были получены из официального реестра поднадзорных объектов [32]. Данные о перемещении свиней и продуктов из свинины между Самарской областью и регионами России, где в 2019 и 2020

годах были зафиксированы случаи АЧС, получены из государственной информационной системы Россельхознадзора «Меркурий» [11]. Эта система позволяет отслеживать движение грузов, контролируемых ветеринарной службой. Сведения о дорожной сети взяты с официального сайта Правительства Самарской области. Информация о лесных массивах извлечена из набора растровых данных, созданных системой дистанционного зондирования Земли Проба-V с 2000 по 2018 год с пространственным разрешением 100×100 м [10].

В таблице 2 представлены геопространственные переменные, включенные в анализ факторов риска АЧС в Самарской области России.

Таблица 2 - Переменные, включенные в анализ изучения факторов риска АЧС в Самарской области Российской Федерации

Переменные факторы	Единицы измерения	Тип переменной	Медиана (мин-макс)
Общая протяженность основных дорог	км	непрерывная	306,6 (23,3-650,8)
Общая плотность дорог	км ⁻¹	непрерывная	0,63 (0,32-17,3)
Плотность населения	чел/км ²	непрерывная	12,7 (5,7-1428,7)
Плотность личных подсобных хозяйств	хозяйство/м ²	непрерывная	0,5 (0-5,3)
Плотность домашних свиней	гол/км ²	непрерывная	0,9 (0,18-7,89)
Среднее количество свиней в личных подсобных хозяйствах	гол	непрерывная	1,2 (0-616)
Общее количество животных, введенных из неблагополучных по АЧС, регионов России	голов или да/нет	непрерывная или категориальная	75 (0-1319)
Общее количество продукции свиноводства, введенной из неблагополучных по АЧС, регионов России	кг	непрерывная	120422 (0-7126257)
Районы области, граничащие с неблагополучными по АЧС	да/нет	категориальная	0-1
Доля сельского населения в районе	%	непрерывная	0,8 (0-1)
Лесные площади в районе в доле от общей площади	%	непрерывная	9,8 (0-29,7)
Количество вспышек АЧС среди кабанов	количество да/нет	непрерывная или категориальная	1 (0-7)

Переменные, включенные в разработку прогностической модели заболеваемости домашних свиней и диких кабанов в Нижегородской области. Данные о численности кабана по районам за период с 2011 по 2022 гг. были получены по запросу Комитета по охране, использованию и воспроизводству объектов животного мира Нижегородской области [17]. В связи с противоэпизоотическими мероприятиями по регулированию численности кабана, данные по численности животных в районах Нижегородской области за период исследования варьировали, поэтому плотность рассчитывалась на общую площадь района и в дальнейшем рассматривалась как динамическая переменная (Рисунок 5). Данные по распределению домашних свиней по районам области были получены с официального сайта Федеральной службы государственной статистики России [37]. Информация по количеству домашних свиней в личных подсобных хозяйствах и их численности была получена по запросу Комитета ветеринарии Нижегородской области [21].

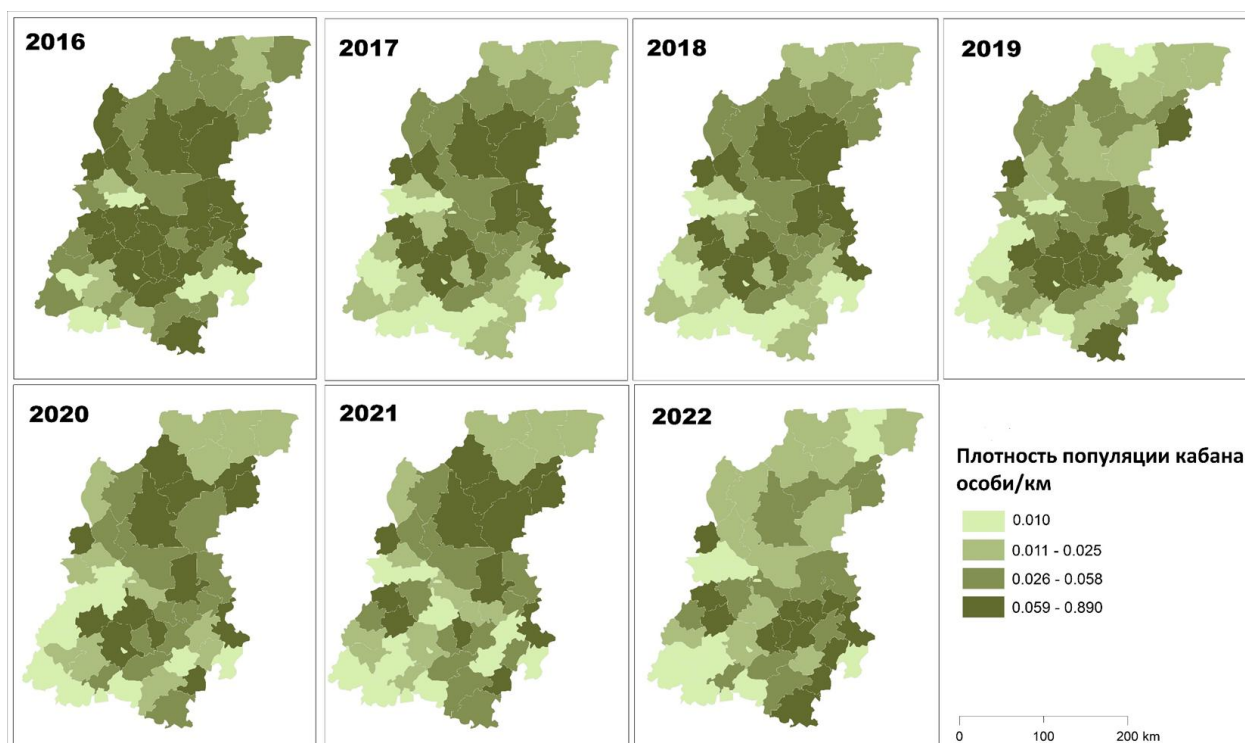


Рисунок 5. Плотность популяции дикого кабана как динамически меняющаяся переменная, включенная в прогностную модель АЧС среди домашних свиней и диких кабанов в районах Нижегородской области

Ландшафтные переменные были собраны из векторных и растровых ГИС-слоев Open Street Map (OSM) Нижегородской области [163]. Они включали процентное соотношение водных объектов (рек, озер), процент растительного покрова, протяженность и плотность дорог, и другие показатели. Все переменные были извлечены и обобщены по районам области с вычислением медианных значений при помощи инструмента зональной статистики в программе ArcGIS Pro версии 2.7.1 (Таблица 3).

Таблица 3 – Переменные, включенные в анализ факторов риска АЧС в Нижегородской области, 2011–2022 гг.

Переменные	Единицы измерения	Медиана (минимум-максимум)	Значение корреляции
1	2	3	4
Водные объекты в (реки, озера)	%	0,6 (0,07-17,3)	3,4
Площадь болот	км ²	13,7 (0-7989,3)	1,73
Площадь растительного покрова, включая лесные насаждения	км ²	495,5 (3,1-2937,8)	4,39
Процент растительного покрова, включая лесные насаждения	%	35,7 (0,35-81,8)	3,23
Количество сельских поселений	ед.	83,5 (2-1518)	2,98
Общая площадь охотничьих хозяйств	км ²	1213 (215-8401,8)	1,76
Количество подкормочных площадок	ед.	9,5 (0-58)	3,91
Количество охотничьих хозяйств	ед.	3 (0-13)	2,71
Суммарная протяженность дорог	км	543,7 (21,1-1410,0)	2,45
Общая площадь основных дорог	км ²	0,42 (0,29-0,62)	3,97
Количество вспышек АЧС среди домашних свиней	число	0 (0-4)	1,89
Количество вспышек АЧС среди диких кабанов	число	0 (0-12)	1,37
Количество кабанов на одно охотничье хозяйство	гол/хоз-во	15,1 (0-74,5)	1,39

1	2	3	4
Количество личных подсобных хозяйств	ед.	66,5 (8-435)	1,69
Плотность популяции домашних свиней	гол/км ²	0,495 (0,07-137,8)	1,38
Плотность населения	чел/км ²	14,3 (4,5-3051,1)	1,31
Процент сельского населения	%	0,445 (0,01-1)	1,48
Плотность популяции дикого кабана	гол/км ²	0,016 (0,008-0,87)	1,25

Данные о перемещении свиней и свиноводческой продукции в Нижегородской области были получены из государственной информационной системы "Меркурий" [29]. Моделирование было проведено по данным за период с 2019 по 2021 годы и включало следующие переменные:

1. Общее количество живых свиней, ввезенных из других регионов Российской Федерации в Нижегородскую область, выраженное в головах.
2. Общая масса свиноводческой продукции, поставленная из субъектов Российской Федерации в Нижегородскую область, в килограммах.

В программе R с помощью теста на мультиколлинеарность (Variance Inflation Factor) был проведен анализ переменных на взаимную корреляцию. В окончательный вариант регрессионной модели вошли только те переменные, у которых коэффициент инфляции дисперсии был меньше 7 [158, 159].

Переменные, включенные в разработку прогностической регрессионной модели возникновения очагов бешенства среди диких животных в Нижегородской области. Для объяснения очаговой заболеваемости бешенством среди животных в районах Нижегородской области рассматривались такие факторы, как плотность населения, количество населенных пунктов, протяженность дорог в районе, численность лисиц и площадь лесных насаждений.

В результате анализа литературы были выбраны переменные на основании их значимости в возникновении и распространении вспышек бешенства среди диких и домашних животных [187, 198].

Информация о плотности населения, количестве населенных пунктов и количестве сельскохозяйственных животных (крупный рогатый скот, лошади, овцы) была получена с сайта государственной статистики [37], данные о численности лисиц с сайта Регионального комитета по надзору в сфере охоты и рыболовства Нижегородской области (17). Численность домашних животных-компаньонов и сведения о вакцинированных животных были получены по материалам ветеринарных статистических отчетов [21]. Протяженность дорожной сети и доля лесных насаждений были извлечены с сайта Open Street Maps [163].

Сведения о количестве доз вакцины от бешенства для диких, домашних и сельскохозяйственных животных, а также данные о наименовании, пути и способе введения, были взяты из ветеринарных отчетов Управления ветеринарии Нижегородской области о плановой вакцинации и инструкций по применению вакцин против бешенства.

Планирование вакцинации в районах с высоким риском распространения бешенства животных осуществлялось на основании данных по численности различных видов сельскохозяйственных и оценок численности диких животных, а также количества доз вакцины, использованной для первичной иммунизации.

2.2 Методы исследований по разработке прогностических моделей

2.2.1 Прогностическая модель заболеваемости лептоспирозом животных в Республике Саха (Якутия) с применением метода экологической ниши (*MaxEnt*)

Прогнозирование вспышек лептоспироза животных для территории Республики Саха (Якутия) проводили, используя метод экологической ниши с принципом максимальной энтропии (*MaxEnt*).

Метод экологической ниши был разработан Phillips [152, 167] и в настоящее время является одним из наиболее популярных в моделировании

определения ареала распространения видов в зависимости от влияния факторов внешней среды. В рамках данного исследования был составлен прогноз заболеваемости лептоспирозом животных в зависимости от комплекса абиотических факторов [79].

Принцип, лежащий в основе метода максимальной энтропии, заключается в поиске распределения вероятностей каждого фактора, которое равномерно описывало бы его изменение в диапазоне, заданном данными о локализации случаев лептоспироза животных (т.е. имело бы максимальную информационную энтропию) для определенной географической территории [47, 153]. В результате моделирования была создана карта, которая определяла вероятность возникновения очагов болезни в зависимости от сочетания факторов в каждой географической ячейке анализируемой территории республики Саха (Якутия).

Эффективность прогностической модели оценивалась способностью различать данные присутствия очагов лептоспироза на территории республики. Оценка модели проводилась с помощью определения площади под ROC-кривой (AUC), которая показывает вероятность того, что случайно выбранная точка зарегистрированного случая лептоспироза животных будет иметь высокую предсказательную ценность [223].

Вклад каждой переменной в финальную модель оценивался в процентах значимости, по которому составлялся вывод о наиболее значимых факторах риска лептоспироза животных. Оценку значимости переменных в модели проводили с помощью инструмента складного ножа или Jackknife. Качество модели оценивалось с помощью метода перекрестной проверки, что позволило получить результаты, включающие средние значения по 10 репликациям и показатели стандартного отклонения.

В прогнозировании вспышек лептоспироза на территории Арктического региона была использована климатическая модель INMCM4 на период 2081-2100 гг. [213].

Сравнение уровня пригодности и ранжирование территории республики Саха (Якутия) по степени риска возникновения вспышек лептоспироза животных в современном и прогностическом климате было проведено путем создания карты аномалий. Географическая карта с визуализацией зон риска лептоспироза была получена путем вычитания современных климатических показателей из прогнозируемых, после чего значения были нормализованы по величине стандартного отклонения, рассчитанного для современного климата. Определение территории республики Саха (Якутия), с условиями, наиболее пригодными для возникновения вспышек лептоспироза было проведено в соответствии с тремя условными классами риска: 1) если разность находилась в пределах одного стандартного отклонения, то условия, определенные моделью считались статистически незначимыми; 2) разность ниже одного стандартного отклонения указывала на регионы, где прогнозировалось снижение существующего риска вспышек лептоспироза; 3) разность выше одного стандартного отклонения обозначала территорию, где прогнозировалось увеличение заболеваемости лептоспирозом среди животных.

Для изучения динамики заболеваемости лептоспирозом среди животных на уровне административно-территориального деления было выполнено зонирование республики Саха (Якутия) путем вычисления доли ячеек результирующего раstra со значениями вероятности риска выше 0,5 или 50 % для каждого муниципального района, как для современного, так и для прогностического климатов.

2.2.2 Разработка прогностической пространственной модели на основе метода случайного леса (Random Forest) для оценки факторов риска, влияющих на заболеваемость лептоспирозом животных в Арктическом регионе России

Прогностическая модель, основанная на методе случайного леса (*Random Forest*), была разработана для предсказания вспышек лептоспироза у

сельскохозяйственных животных на территории субъектов Арктики и Субарктики России. Модель учитывала влияние различных факторов окружающей среды, включая переменные современного и прогнозируемого климатов. Климатические переменные были собраны за период с 1981 по 2015 годы с баз данных метеорологических станций Российской Федерации (текущий или «современный» климат). Также в анализ были включены с прогнозируемыми значениями климатических переменных сценария RCP 8.5, который представляет наиболее жесткое воздействие климатических условий из-за повышенного количества выбросов парниковых газов [209].

В качестве показателя интенсивности распространения лептоспироза среди животных была определена переменная, включающая общее количество случаев болезни на единицу площади по районам – показатель G-rate [44].

Метод регрессионного анализа - *Random Forest* основан на создании ансамбля деревьев решений, где каждое дерево формируется на основе отдельной выборки, извлеченной из исходного обучающего набора данных методом бутстрэппинга [136, 212].

Оценка регрессионной модели осуществлялась посредством усреднения предсказанных значений, генерируемых каждым отдельным деревом в ансамбле деревьев решений.

В разработке прогностической модели лептоспироза животных на территории Арктического региона было использовано 1000 деревьев для обучения модели с четырьмя случайно выбранными переменными на каждое дерево решений и 1000 деревьев для тестирования, при этом 25% входных данных по инцидентности заболеваемости были выбраны случайным образом. Первоначальное обучение и валидация модели проводились для территорий с ненулевыми случаями лептоспироза и численностью поголовья сельскохозяйственных животных, то есть в 71 муниципальном районе Арктики. Качество регрессионной модели оценивалось с помощью коэффициента детерминации (R^2), который показывает долю вариации данных, объясняемую моделью. Коэффициент детерминации был определен

как для обучающей модели, так и для тестируемой модели, а также для общей прогнозной модели всего Арктического региона. Также были определены значения вклада каждой переменной в модель, основанные на сумме всех коэффициентов Джини [71].

Кластеризацию остатков регрессии проверяли с помощью теста Морана. Значения индекса, близкие к нулю при p -значении более 0,05, подтверждали, что остатки были распределены случайно [67, 69].

Для обеспечения точности прогнозов учитывались только те районы, для которых значения объясняющих факторов находились в пределах, определенных обучаемым набором данных. Для визуализации изменения показателя заболеваемости лептоспирозом для каждого муниципального образования была составлена карта риска.

2.2.3 Выявление факторов риска возникновения очагов африканской чумы свиней в Самарской области с использованием обобщенной логистической регрессии (*Generalized Logistic Regression Model*), учитывающей перемещения свиней и свиноводческой продукции

Для выявления взаимосвязи между вспышками АЧС среди домашних животных в районах Самарской области и факторами риска, включая перемещение и ввоз свиней и свиноводческой продукции был применен метод обобщенной линейной логистической регрессии (GLLR) [96, 190]. Для создания прогностической регрессионной модели в качестве зависимой переменной были взяты категории, определяющие присутствие или отсутствие случаев болезни среди домашних свиней в районах Самарской области.

Модель была адаптирована путем пошагового исключения незначимых переменных с целью минимизации информационного критерия Акаике (AIC) с помощью функции `stepAIC` в программе R [8]. Значимость переменных в модели оценивалась на основе t -критерия Стьюдента. Для оценки качества

модели использовались доля объясненной вариации зависимой переменной и статистика Вальда, которая определяет эффективность независимых переменных на основе нулевой гипотезы [149, 164]. Для оценки общего качества модели был использован тест Хосмера–Лемешоу, который проверяет значимость различий между ожидаемыми и наблюдаемыми показателями в модели [96, 192, 212].

Пространственное распределение как зависимой переменной, так и остатков модели оценивалось с помощью теста пространственной автокорреляции Морана. Присутствие автокорреляции могло указывать на присутствие необъяснимой кластеризации изучаемого события, неучтенной независимыми переменными [69].

2.2.4 Разработка пространственной модели выявления взаимосвязи между инцидентностью африканской чумы свиней и плотностью популяции кабанов, а также другими факторами риска в Нижегородской области

Для анализа факторов риска африканской чумы свиней, зарегистрированных в районах Нижегородской области с 2011 по 2022 годы, было проведено прогностическое моделирование с применением логистической и отрицательной биномиальной регрессий.

Исследование взаимосвязи эпизоотии африканской чумы свиней (АЧС) с факторами риска в регионе проводилось в несколько этапов:

1. Пространственно-временной кластерный анализ для выявления совпадения территорий высокой плотности популяции кабанов с кластерами случаев АЧС в данной популяции.
2. Обобщённая логистическая регрессия была применена для оценки связи между вспышками АЧС у кабанов и плотностью их популяции.
3. С целью выявления взаимосвязи между неблагополучными по АЧС районами Нижегородской области и некоторыми статическими

факторами для домашних свиней, а также популяции кабанов были использованы логистическая и отрицательная биномиальная регрессионные модели.

4. Анализ кросс-корреляции был проведен для изучения связи между вспышками АЧС в районах области и интенсивностью ввоза свиней и свиноводческой продукции за период с 2019 по 2021 гг. [192].

Для оценки качества моделей применялись следующие статистические тесты:

1. Хосмера-Лемешова, который оценивал, насколько наблюдаемые частоты событий совпадают с ожидаемыми в подгруппах [164, 192].

2. Шапиро-Уилка был применён для проверки нормальности распределения остатков регрессионного анализа [122].

3. Тест локальной автокорреляции Морана I оценивал остатки на предмет пространственной кластеризации [69, 190].

2.2.5 Определение риска возникновения африканской чумы свиней среди кабанов в районах Нижегородской области с применением отрицательной биномиальной регрессионной модели (*Negative Binomial Regression Model*)

Для анализа корреляции между совокупностью вспышек африканской чумы свиней (АЧС) в каждом административном районе Нижегородской области и факторами риска распространения инфекции были применены регрессионные модели. В данном исследовании были протестированы две регрессионные модели, каждая из которых предназначена для изучения различных аспектов вспышек африканской чумы свиней. Первая модель, логистическая регрессия, была направлена на выявление факторов, способствующих возникновению или отсутствию вспышек АЧС. Вторая модель, отрицательная биномиальная регрессия, использовалась для оценки

частоты вспышек АЧС в различных районах, что позволило определить уровень инцидентности заболевания [185, 212].

В исследовании использован метод поэтапного исключения независимых переменных с применением информационного критерия Акаике (AIC) и функции stepAIC из статистического пакета R. Оценка значимости коэффициентов проводилась с помощью t-теста Стьюдента с вычислением отношения коэффициента к стандартной ошибке и определением р-значимости. При интерпретации результатов применялся комплексный подход, учитывающий статистическую значимость, вклад переменных в снижение AIC и их предметную релевантность, что позволило создать статистически обоснованную и содержательно валидную регрессионную модель.

Качество соответствия выбранных моделей характеризовалось коэффициентом детерминации (R^2), который представляет собой долю вариации, объясняемую моделью.

При сравнении моделей учитывались одновременно значения критерия AIC и коэффициента детерминации (R^2), чтобы найти баланс между точностью и простотой.

Этот методологический подход позволил не только выявить ключевые факторы риска, но и оценить их вклад в общую динамику распространения АЧС на территории Нижегородской области, что приобретает важное значение для разработки эффективных мер профилактики и контроля болезни.

2.2.6 Моделирование инцидентности бешенства среди дикой популяции животных от факторов риска в районах Нижегородской области

Основной целью разработки прогностической модели было выявление и количественная оценка факторов риска, способствующих возникновению очагов бешенства среди диких животных. Поставленная задача послужила методологической основой для разработки комплексного подхода,

направленного на изучение пространственно-временных особенностей распространения болезни и связи с экологическими факторами, способствующих росту и обновлению популяции диких животных в Нижегородской области.

Для анализа факторов риска бешенства мы использовали отрицательную биномиальную регрессионную модель [43, 149]. В качестве переменной отклика в этой модели было выбрано общее количество случаев болезни, зарегистрированных за исследуемый период в каждом районе. Были рассмотрены три группы животных: 1) дикие животные, 2) домашние животные-компаньоны (собаки и кошки) и 3) дикие, домашние и сельскохозяйственные виды животных. Отрицательная биномиальная регрессионная модель применяется для анализа вероятности возникновения определенного количества событий в течение заданного времени, особенно когда вариабельность переменной отклика превышает её среднее значение (сверхдисперсия) [125].

Выбор отрицательной биномиальной регрессионной модели для прогнозирования бешенства был обоснован распределением переменной отклика, которое показало выраженную сверхдисперсию: среди диких животных среднее значение зарегистрированных случаев составило 5,37, дисперсия - 37,22; для домашних животных-компаньонов (собак и кошек) - 4,096 (14,29); всех видов животных - 9,40 (78,28).

Регрессионные модели настраивали методом последовательного исключения независимых переменных. Значимость переменных проверяли с помощью t-критерия Стьюдента. Чтобы оценить общее качество моделей, использовали коэффициент детерминации R^2 . Пространственное распределение как зависимой переменной, так и остатков моделей на автокорреляцию анализировали с помощью коэффициента Морана I [69].

3 РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

3.1 Прогнозирование риска возникновения вспышек лептоспироза животных с помощью модели экологической ниши (*MaxEnt*) в республике Саха (Якутия) Российской Федерации

В результате проведенного моделирования динамики заболеваемости лептоспирозом животных были впервые систематизированы данные о случаях болезни в Арктическом регионе Российской Федерации, а также Республике Саха (Якутия) по ретроспективным данным.

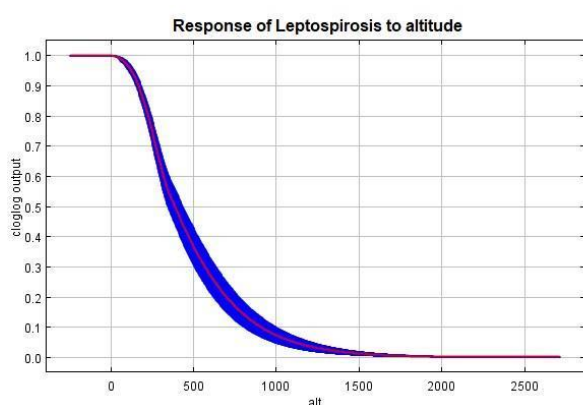
Прогностическое моделирование расширение нозоареала лептоспироза животных на территории Арктического региона, проведенное с помощью программы MaxEnt, продемонстрировало высокую предсказательную способность модели, о чем свидетельствует высокое значение площади под ROC-кривой, которое составило 0,930. В результате были выявлены ключевые климатические факторы, влияющие на возникновение очагов лептоспироза среди сельскохозяйственных животных на территории Республики Саха (Якутия). Среди них можно выделить такие параметры, как средняя температура самого влажного квартала (Bio_8), высота над уровнем моря (altitude), типы земельного покрова (land cover), плотность поголовья крупного рогатого скота (cattle density), а также характеристики почвы, включая тип (soils) и кислотность (soils pH). Эти факторы были определены как наиболее значимые в контексте оценки эпизоотологической уязвимости региона.

Географическое распределение вспышек лептоспироза среди сельскохозяйственных животных было обусловлено совокупностью факторов, проанализированных выше. Значения вклада переменных в модель экологической ниши составили: 10,26 %, 36,33 %, 10,82 %, 5,03 %, 2,06 % и 4,15 % соответственно. В формировании зон риска лептоспироза животных в Республике Саха (Якутия) значительную роль сыграл фактор плотности поголовья крупного рогатого скота, который составил 7,71 %.

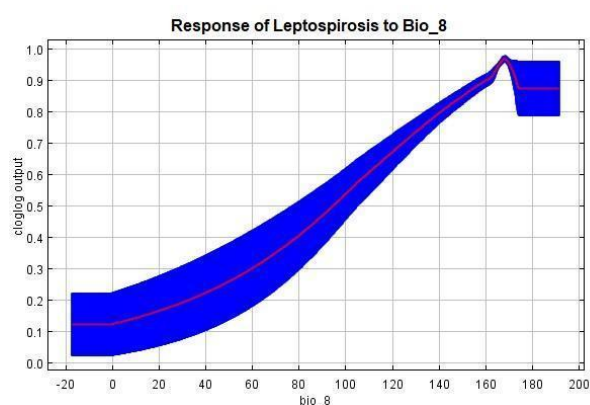
Анализ кривых отклика для шести основных переменных (Рисунок 6) выявил, что высокое распространение вспышек лептоспироза наблюдается в самые теплые месяцы года, в районах с высокой плотностью животных, особенно при пастбищном типе содержания животных. Эти территории характеризуются развитым животноводством и благоприятными почвенными характеристиками.

Риск распространения лептоспироза среди животных напрямую связан с увеличением среднемесячной температуры и численности поголовья сельскохозяйственных животных. В Арктическом регионе патогенные лептоспиры могут сохраняться в различных типах растительного покрова. К таким типам относятся городские территории, прибрежные растительные зоны, незакрытые грунтовые поверхности, болота, реки, водоемы и леса, где могут произрастать как хвойные, так и лиственные деревья.

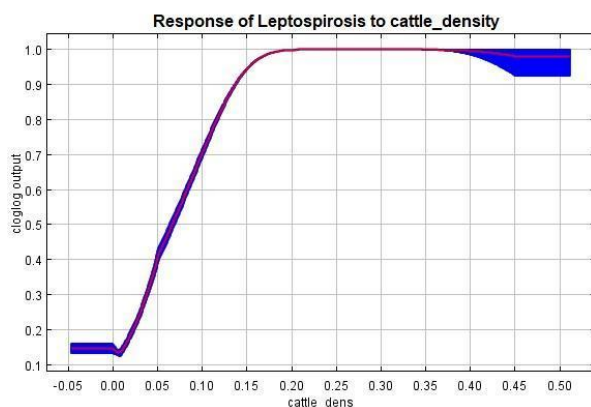
Территории с повышенным риском регистрации вспышек лептоспироза характерны гумусовые, подзолистые, аллювиальные и глейсолевые почвы, что было подтверждено результатами инструмента «складного ножа» или Jackknife.



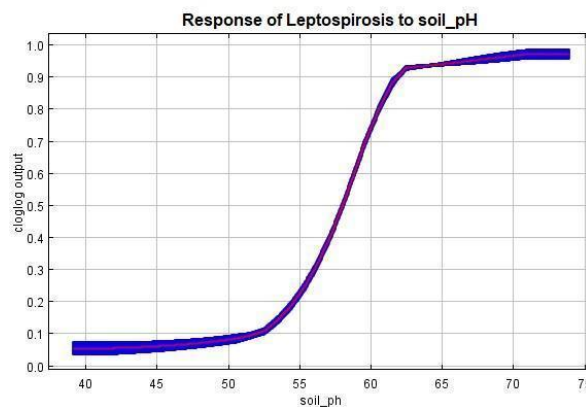
(a) Кривая отклика значений высоты над уровнем моря (altitude)



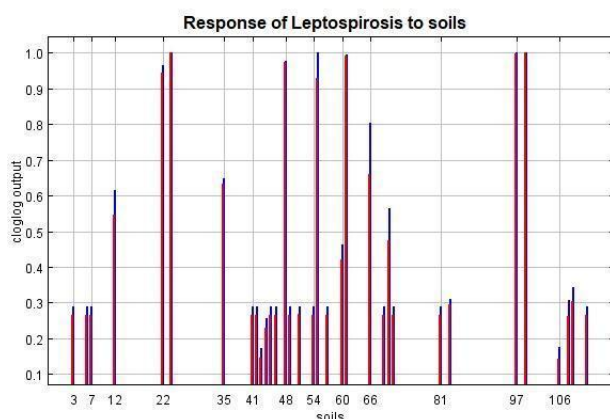
(b) Кривая отклика значений средней температура самого влажного квартала (bio_8)



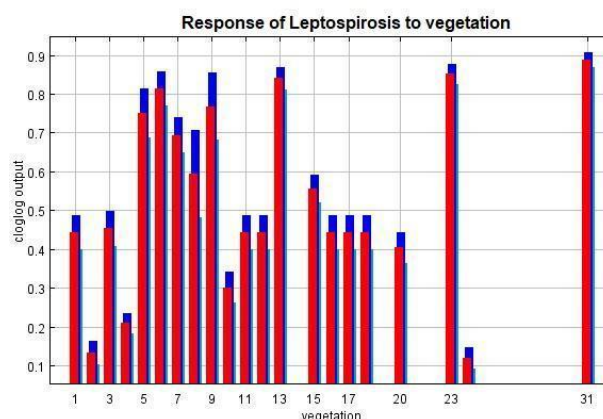
(с) Кривая отклика плотности крупного рогатого скота (cattle density)



(d) Кривая отклика значений кислотности почвы (soil pH)



(е) График отклика типы почв (soils)



(f) График отклика растительного покрова (land cover)

Рисунок 6. Графики переменных (a-f), определяющих распространение вспышек лептоспироза на территории районов республики Саха (Якутия), вычисленные с помощью инструмента складного «ножа» (Jackknife)

По данным литературы, патогенные лептоспиры чаще всего передаются через воду. Этот способ заражения является наиболее распространенным для животных. Вода, загрязненная патогенными видами лептоспир, становится основным источником инфекции для животных [79, 199].

В качестве фактора риска, определяющего расстояние от вспышек лептоспироза до ближайших водоемов, было применено Евклидово расстояние. Однако данный фактор не оказал значительного влияния на рост уровня заболеваемости животных. Одним из основных значимых социально-

экономических факторов риска лептоспироза по результатам моделирования явилась плотность поголовья сельскохозяйственных животных.

Графики отклика прогнозируемых значений кислотности и типов почв определили значимость представленных переменных в распространении вспышек лептоспироза среди животных Арктики и Субарктики. Вклад факторов составляет 2,71 % и 2,51 % соответственно.

На основании анализа литературных данных было установлено, что отдельные виды лептоспир обладают высокой способностью к сохранению инфекционной активности в различных средах, особенно в почвенных субстратах [51, 103, 184].

В рамках данного исследования, посвященного прогнозированию распространения лептоспироза животных, была разработана модель экологической ниши, обладающая рядом существенных преимуществ. Однако, несмотря на ее эффективность, следует отметить наличие определенных ограничений, требующих дальнейшего анализа и оптимизации для повышения точности и надежности модели.

Во-первых, вероятно, присутствует смещение данных по вспышкам лептоспироза, связанное с выявлением больных животных в местах содержания рядом с людьми. Во-вторых, заболевание может встречаться исключительно в антропогенных зонах, где деятельность человека привела к значительным изменениям в экосистеме.

3.2 Прогнозирование заболеваемости лептоспирозом сельскохозяйственных животных с помощью модели случайного леса (*Random Forest*) на территории Арктического региона Российской Федерации

В ходе исследования динамики вспышек лептоспироза среди животных арктических и субарктических регионов России были выявлены пространственные особенности распространения инфекции. Моделирование, основанное на применении алгоритма случайного леса (*Random Forest*),

позволило создать прогностическую модель высокой точности, которая определила основные факторы, способствующие росту инцидентности лептоспироза на исследуемой территории.

Вокруг каждого местоположения вспышки была создана буферная зона, диаметром в 2,5 км для возможности учета вероятной неопределенности в географической регистрации очага болезни. Анализ по пространственному распределению лептоспироза показал, что в основном вспышки произошли в полярных или северных климатических регионах с преобладанием пахотных земель, лесов и кустарников. 85% случаев лептоспироза животных было отмечено в экологической зоне «Полярные влажные возделываемые земли на равнинах» (рисунок 7).

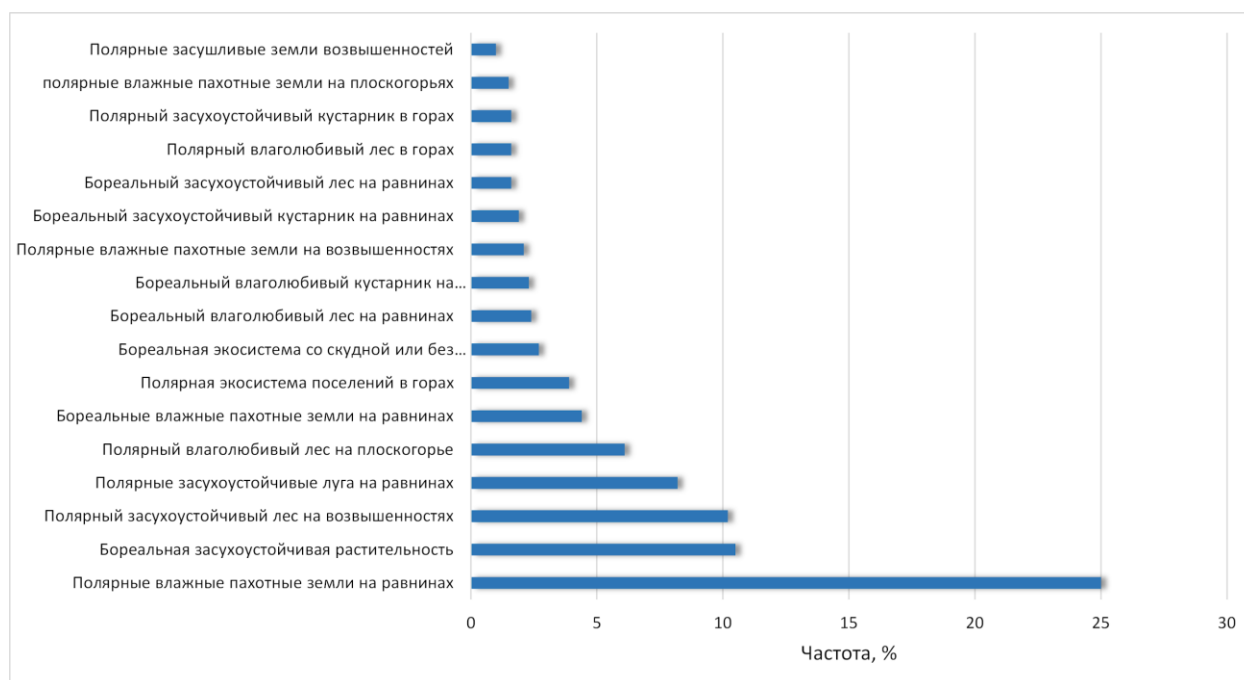


Рисунок 7. Диаграмма, характеризующая основные типы экосистем, связанные с увеличением частоты вспышек лептоспироза среди сельскохозяйственных животных в субъектах Арктики и Субарктики

Все данные были разделены на обучающую выборку, охватывающую 75% от всех случаев лептоспироза, включенных в анализ, и 25% тестовой выборки для проведения прогнозирования заболеваемости животных районов Арктики и Субарктики России.

Модель, обученная с помощью алгоритма классификации и регрессии на основе леса, показала высокую точность при анализе данных о заболеваемости животных. Коэффициент детерминации (R^2) составил 0,94 ($p \leq 0,001$), что свидетельствует о хорошем соответствии модели исходным данным. Результаты тестирования также подтвердили эффективность модели, с коэффициентом детерминации 0,53 ($p \leq 0,001$).

В ходе комплексного анализа факторов, влияющих на распространение лептоспироза, с использованием многофакторного моделирования, выявлено, что социально-экономические показатели, такие как численность населения, доля пахотных земель, плотность сельскохозяйственных животных и объём инвестиций в сельское хозяйство на единицу площади, играют ключевую роль в пространственном распределении очагов болезни [104, 160, 172].

В таблице 4 отображён вклад переменных в процентах, выявленных в ходе регрессионного анализа.

Таблица 4 – Относительная важность переменных, основанная на результатах моделирования лептоспироза животных в зависимости от факторов риска

Переменные	Уровень значимости переменной, %
Плотность сельскохозяйственных животных, гол/1 км ²	24,57
Доля пахотных земель в общей площади района	24,39
Плотность населения, чел/км ²	24,09
Объём бюджетных инвестиций в сельское хозяйство на единицу площади района	10,72
Среднее число дней в году с температурой воздуха выше 0°C, дней	6,62
Среднегодовая амплитуда суточной температуры, °C	5,02
Средняя годовая температура воздуха, °C	5,00
Доля болот в общей площади района	4,95
Высота над уровнем моря, м	4,77
Годовая сумма осадков, мм	4,50
Годовая сумма осадков за период с температурой воздуха выше 0°C	4,38
Доля сельского населения	4,26
рН почвы	4,25
Доля водных объектов к общей площади района	3,94
Годовая сумма осадков за период с температурой воздуха ниже 0°C,	3,12
Объём бюджетных инвестиций в сельское хозяйство на человека	2,93

Климатические и ландшафтные условия оказывали меньшее влияние на распределение частоты случаев лептоспироза. Анализ остатков регрессии на пространственную автокорреляцию не выявил тенденций к группированию данных (коэффициент Морана составил $-0,003$ при уровне значимости $p \geq 0,05$).

На основе анализа распределения плотности случаев лептоспироза среди животных в Арктических регионах была создана прогностическая карта для современного климата (рисунок 8).

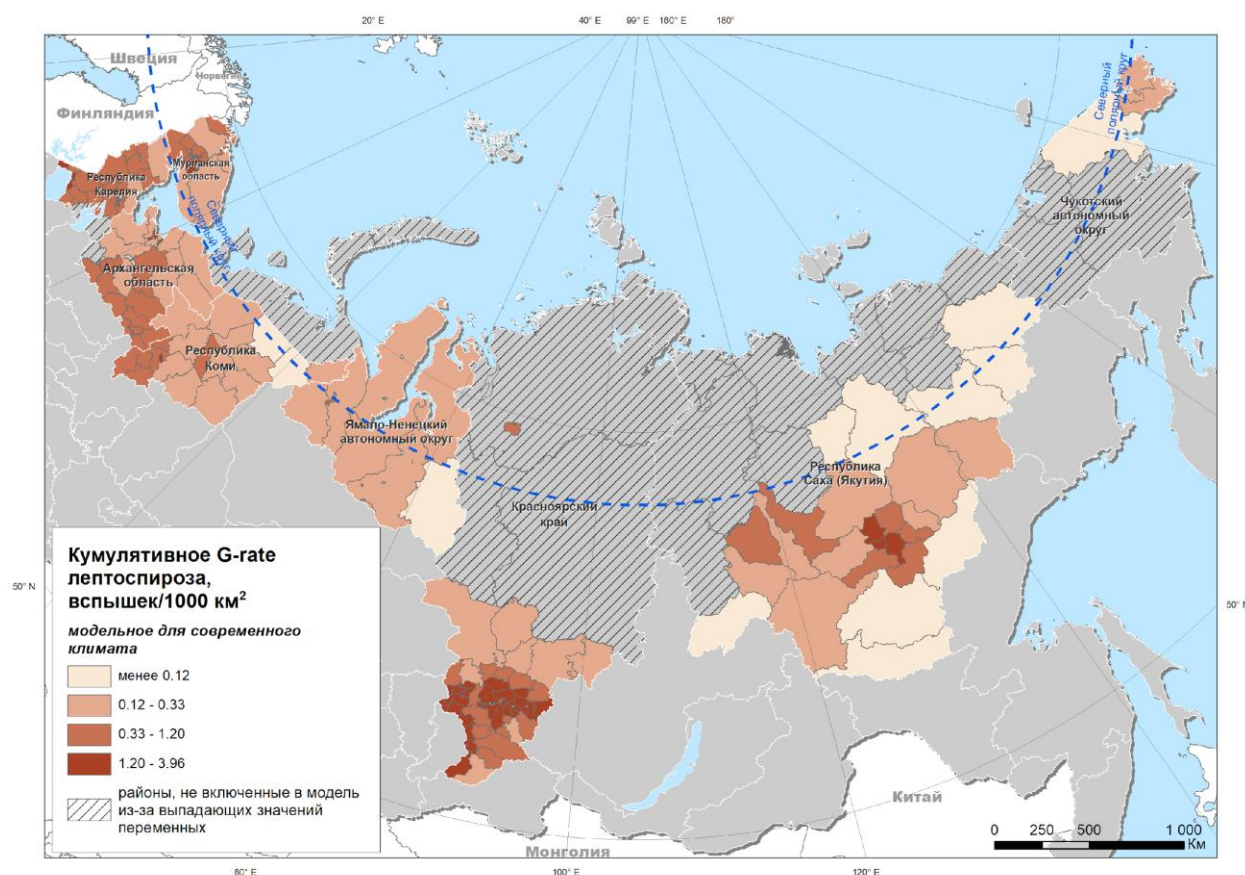


Рисунок 8. Модельная плотность вспышек лептоспироза (G-rate) субъектов Арктического региона в условиях современного климата (1981-2015)

Прогнозирование динамики эпизоотической ситуации по лептоспирозу до 2100 года в условиях наиболее неблагоприятного климатического сценария выявило среднегодовое количество дней с температурой выше 0°C в качестве основного климатического индикатора, оказывающего значительное влияние на распространение вспышек болезни.

Нами было отмечено, что составленный прогноз эпизоотической ситуации основывался исключительно на предполагаемых изменениях климатических условий, которые, по результатам модели оказывают значительно меньшее влияние на частоту возникновения случаев лептоспироза по сравнению с социально-экономическими факторами. Таким образом, изменения в структуре животноводства и освоение новых территорий могут оказывать более значительное влияние на заболеваемость лептоспирозом животных в Арктических субъектах, чем климатические изменения.

3.3 Прогнозирование риска возникновения вспышек африканской чумы свиней в Самарской и Нижегородской областях с помощью обобщенной логистической и отрицательной биномиальной регрессий

3.3.1 Разработка прогностической модели распространения вспышек АЧС среди домашних свиней в районах Самарской области методом обобщенной логистической регрессии

Результаты логистической модели прогнозирования риска возникновения африканской чумы свиней среди домашних свиней в районах Самарской области представили потенциальную значимость факторов перемещения живых свиней и продукции свиноводства как основного фактора, играющего роль в возникновении эпизоотии в области. В определенной степени имеют отношение к заносу вируса АЧС в Самарскую область также плотность личных подсобных хозяйств (ЛПХ) и общее поголовье свиней в районах. Наличие общей границы с неблагополучными по АЧС областями как фактора риска болезни в домашнем свиноводстве оказались менее значимыми.

Разработанная прогностическая модель для выявления связи между вероятностью возникновения АЧС в районах Самарской области и

перемещением живых животных и продукции из свиноводства представила высокую эффективность.

Диагностические критерии разработанной регрессионной модели, оценивающей взаимосвязь между вероятностью возникновения АЧС в районах Самарской области и перемещением живых животных и продукции свиноводства, подтвердили её адекватность. Эффективность модели оценивалась по следующим показателям: минимальное значение информационного критерия Акаике (AIC), статистически значимый критерий Вальда ($p < 0,0001$) и приемлемый уровень объяснённой дисперсии (коэффициент детерминации $R^2 = 0,67$). Диагностические метрики регрессионной модели представлены в таблице 5. Тест Хосмера-Лемешоу составил 6,11 ($p \leq 0,63$), что подтвердило общую значимость модели. Эти результаты свидетельствуют о высокой прогностической способности модели и ее возможности адекватно оценивать вероятность возникновения вспышек АЧС в районах Самарской области на основе факторов риска.

Анализ пространственной автокорреляции не выявил значимых закономерностей. Коэффициент Морана для зависимой переменной составил -0,02 ($z = 0,06$; $p = 0,94$). Для остатков регрессионной модели этот показатель был равен -0,13 ($z = -0,73$; $p = 0,46$). Таким образом, пространственная автокорреляция не была обнаружена ни в переменной ответа, ни в остатках регрессии.

Исследование выявило корреляцию между инцидентностью АЧС среди домашних свиней и такими факторами риска как плотность популяции свиней, уровень биологической безопасности хозяйств и количество личных подсобных хозяйств (ЛПХ). [77, 127, 130].

Анализ данных моделирования показал наличие обратной связи между вспышками АЧС и протяженностью дорожной сети. Это указывает на то, что случаи заболевания АЧС чаще возникают в менее развитых регионах, удалённых от городов, где преобладают небольших ферм с ограниченным количеством животных [97, 130].

Таблица 5 – Статистические метрики обобщенной логистической регрессионной модели АЧС среди домашних свиней Самарской области

Переменные	Коэффициент регрессии	Стандартная ошибка	<i>p</i> -значение	Отношение шансов (OR)
Количество живых свиней, перемещенных из неблагополучных по АЧС регионов	5,92	2,78	0,03	371,52
Объем экспорта продукции свиноводства из неблагополучных по АЧС, регионов	$4 \cdot 10^{-6}$	$2 \cdot 10^{-6}$	0,06	1,001
Общая численность поголовья свиней	0,002	0,001	0,09	1,002
Плотность личных подсобных хозяйств	1,078	0,65	0,09	2,94
Наличие общих границ с неблагополучными по АЧС, регионами страны	4,49	3,64	0,21	89,18

Пространственно-временной регрессионный анализ не выявил значимой корреляции между вспышками АЧС среди домашних свиней и очагами среди кабанов. Таким образом, гипотеза о прямой связи эпизоотий в этих двух популяциях не подтвердилась [60, 95, 175].

Была выдвинута гипотеза о том, что распространенность вспышек АЧС среди домашних свиней связана с деятельностью человека, определяющая торговые и экономические отношения, и посещениями людьми мест обитания и нагула диких кабанов. Тем не менее, результаты пространственно-временного анализа следует интерпретировать с определенной

осторожностью, поскольку информация о вспышках зависит от качества анализируемых данных.

3.3.2 Прогностическая модель для оценки вероятности распространения вспышек африканской чумы свиней в Нижегородской области с учётом факторов риска

В рамках исследования, направленного на выявление факторов риска африканской чумы свиней в районах Нижегородской области, были применены логистическая и отрицательная биномиальная регрессионные модели. Также в качестве одной из независимых переменных рассматривалась плотность популяции кабана в районах Нижегородской области. Однако, результаты регрессионного анализа продемонстрировали несостоятельность данного фактора как значимой переменной в объяснении зарегистрированных случаев инфекции в дикой популяции.

Коэффициент достоверности показателя плотности популяции кабана превысил значение 0,05, что свидетельствует о его статистической незначимости. Это указывает на то, что данный фактор не является основным, определяющим возникновение вспышек АЧС среди кабанов в районах исследуемого региона.

Ретроспективный анализ численности популяции кабанов в районах Нижегородской области за период с 2016 по 2022 годы показал, что на начальном этапе эпизоотии вспышки африканской чумы свиней в дикой фауне чаще всего регистрировались в северной части области. Средняя плотность популяции кабанов в этих районах составляла от $0,025 \pm 0,003$ до $0,068 \pm 0,005$ особей/км². В динамике за период с 2017 по 2019 гг. распространение очагов АЧС географически сместилось в южные районы области, где плотность популяции кабанов была значительно ниже и составляла менее 0,025 особи/км².

В таблице 6 представлены статистические характеристики логистической регрессионной модели. Анализ выявил, что в районах

Нижегородской области уровень заболеваемости африканской чумой свиней (АЧС) связан с числом личных подсобных хозяйств и протяжённостью дорожной сети.

Коэффициент детерминации регрессионной модели составил 0,70, что свидетельствует об оптимальном подборе независимых переменных.

Таблица 6 – Статистические характеристики логистической регрессионной модели зависимости возникновения АЧС среди домашних свиней от факторов риска в районах Нижегородской области, 2011–2022 гг.

Переменные	Отношение шансов (OR)	95% CI доверительный интервал для OR	<i>p</i> -значение
Константа	0,439	0,087–2,212	0,318
Количество мелкотоварных ферм	1,397	1,003–2,500	0,025
Общая протяженность дорог, м	0,997	0,991–1,001	0,053

Примечание: OR (odds ratio) – показатель, характеризующий отношение вероятности возникновения вспышек АЧС, 95% CI – 95% границы доверительного интервала.

Предварительный анализ пространственных особенностей распространения вспышек АЧС в субъектах России позволил нам сделать предположение о существующей взаимосвязи наличия очагов инфекции среди домашних свиней с маршрутами транспортировки и плотностью популяции животных. Мы выдвинули гипотезу, что интродукция вируса АЧС в районы Нижегородской области могла произойти из-за нелегальной торговли и перемещения животных и продуктов переработки свинины [157, 186, 207]. Согласно исследованиям Taylor R.A. et al. (2020), легальная торговля домашними свиньями считается важным фактором риска передачи вируса АЧС в странах Западной Европы [202].

Наше исследование выявило значительную положительную связь между поставками свинины в регион и случаями АЧС среди домашних свиней. Этот

вывод также подтверждается результатами зарубежных исследователей по изучению факторов риска АЧС [173, 202]. В этих работах была использована полуколичественная математическая модель, направленная на изучение факторов, определяющих вероятность возникновения АЧС в технологической цепочке производства и продажи свинины, контаминированной вирусом [134].

В результате проведенного кросскорреляционного анализа было установлено, что количество вспышек АЧС среди домашних свиней отстает от поставок продукции из свинины по времени на 0–2 месяца. Изменения указаны на графиках автокорреляционной функции (ACF), представляющей временные пики зависимости зарегистрированных вспышек АЧС среди домашних свиней (а) и диких кабанов (б) от импорта свиноводческой продукции в районы Нижегородской области (рисунок 9). В результате недостаточной информации о поставках и поставщиках свиноводческой продукции, достоверно утверждать о присутствии контаминации доставляющихся грузов не предоставляется возможным.

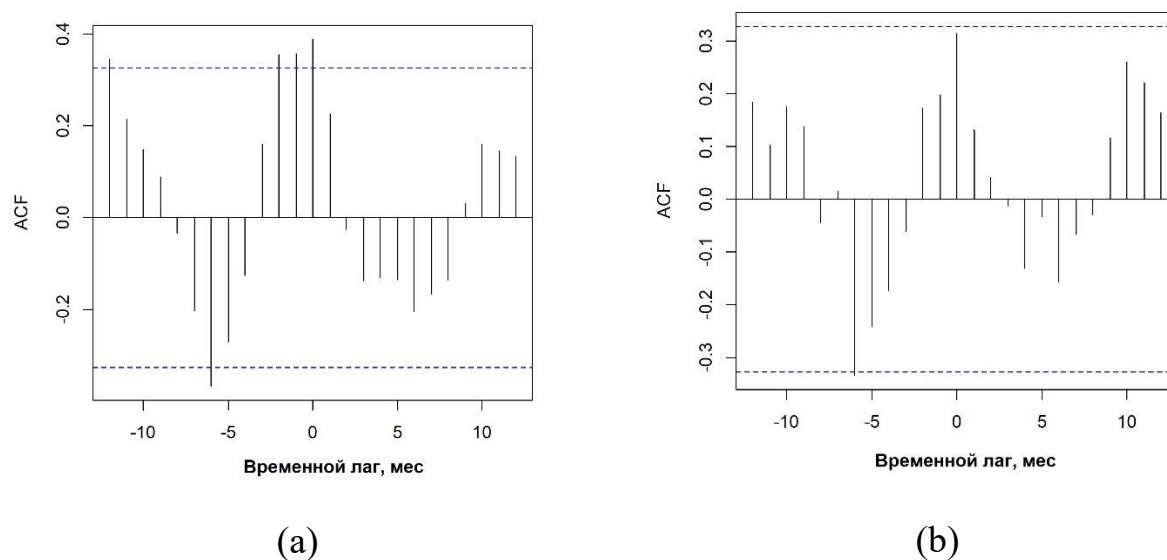


Рисунок 9. Графики автокорреляционной функции (ACF) между импортом продукции из свинины и: вспышками АЧС среди популяции домашних свиней (а), вспышками АЧС среди кабанов (б)

3.3.3 Модель на основе отрицательной биномиальной регрессии (*Negative Binomial Regression*) в прогнозировании инцидентности вспышек африканской чумы свиней в зависимости от факторов риска в Нижегородской области

Хотя регрессионный анализ не подтвердил прямой связи между плотностью кабанов и частотой вспышек АЧС, была выявлена зависимость пространственно-временного распределения болезни от экологических факторов. Этот результат указывает на возможную роль объектов окружающей среды как резервуара вируса [59, 118, 178].

Коэффициенты регрессионного анализа заболеваемости АЧС среди диких кабанов, учитывающего климатические и социально-демографические факторы, представлены в таблице 7.

Таблица 7 – Статистические метрики отрицательной биномиальной регрессионной модели зависимости инцидентности вспышек АЧС среди диких кабанов в Нижегородской области от факторов риска

Переменные	Коэффициент регрессии	Стандартная ошибка	p-значение
1	2	3	4
Константа	-1,659	0,523	0,001
Процент водоемов (%)	-0,231	0,099	0,019
Количество охотничьих хозяйств	0,266	0,075	0,0003
Вспышки АЧС среди домашних свиней	0,520	0,274	0,057

Результаты регрессионного анализа определили ключевые факторы, значимо связанные со вспышками АЧС среди кабанов в Нижегородской области. К ним относятся: доля площадей поверхностных водоёмов, количество охотничьих хозяйств и наличие случаев АЧС среди домашних свиней. Распределение остатков модели было близко к случайному, что указывает на её адекватное соответствие данным.

Пространственно-временное распространение АЧС в Нижегородской области определяется ключевыми факторами окружающей среды. Лесные массивы, создавая благоприятные условия для популяции кабанов, способствуют поддержанию эпизоотического процесса в дикой природе. Важную роль также играет площадь водных объектов, которая оказывает значимое влияние на уровень заболеваемости в районе, определяя места нахождения останков погибших животных [60, 62, 203].

Вспышки АЧС среди домашних свиней представляют потенциальную угрозу для распространения инфекции среди диких кабанов. Основными каналами передачи вируса в дику популяцию могли явиться недостаточные меры биобезопасности во время охоты, а также прямой контакт диких кабанов с инфицированными останками домашних свиней, утилизированными с нарушением ветеринарно-санитарных норм [106, 176, 182].

Возникновение вспышек африканской чумы свиней среди кабанов или домашних свиноводческих хозяйств создает угрозу для распространения вируса среди соседних популяций. Таким образом, существует прямая зависимость между близостью эпизоотического очага и риском заражения восприимчивых животных, что является основным пунктом при планировании противоэпизоотических мероприятий.

3.4 Оценка факторов риска бешенства, включая вакцинацию диких животных, выявленных в результате пространственного моделирования очагов болезни в Нижегородской области

В результате прогностического моделирования, учитывающего популяционные и социально-демографические переменные (в том числе вакцинацию), были установлены основные предикторы вспышек бешенства среди диких животных. К ним относятся плотность популяции, доля лесных массивов и уровень вакцинации.

Регрессионная модель для районов Нижегородской области, неблагоприятных по бешенству, определила фактор вакцинации как основной

и подтвердила его значимую связь со вспышками среди диких животных. Коэффициент детерминации модели составил 0,71, а коэффициент регрессии для вакцинации был отрицательным, что указывает на значимый профилактический эффект. Кроме того, моделью также был определен предиктор, отражающий плотность популяции лисиц (таблица 8).

Таблица 8 – Статистические метрики регрессионной модели выявления факторов риска бешенства в популяции диких животных

Переменные	Коэффициент регрессии	Стандартная ошибка	<i>p</i> -значение
Плотность популяции лисиц, особей/км ²	1,193	0,289	0,000
Доля лесов, %	0,547	0,012	0,000
Объем вакцинации диких животных, доз	-1,798	0,559	0,001

Для проверки остатков регрессионной модели на пространственную автокорреляцию мы использовали коэффициент Морана. Значение статистики составило 1,0262 ($p=0,617$). Таким образом, статистически значимой пространственной автокорреляции в остатках модели не выявлено.

На основании результатов разработанной регрессионной модели, направленной на выявление факторов риска распространения бешенства среди домашних животных в Нижегородской области, установлено, что наиболее значимыми предикторами заболеваемости в районах области являются вспышки бешенства среди лисиц, а также доля вакцинированных диких, домашних животных-компаньонов. Результаты регрессионного анализа представлены в таблице 9.

Таблица 9 – Статистические метрики регрессионной модели выявления факторов риска бешенства в популяции животных-компаньонов

Переменные	Коэффициент регрессии	Стандартная ошибка	<i>p</i> -значение
Количество случаев бешенства у лисиц	0,184	0,034	0,000
Объем вакцинации домашних животных, доз	-1,03	0,43	0,000
Объем вакцинации диких животных, доз	-1,08	-0,234	0,000

Прогностическое моделирование заболеваемости бешенством среди всех видов животных выявило ряд значимых факторов риска. Наиболее важными предикторами были определены: общая плотность популяции лисиц, плотность населения, количество сельских поселений, доля лесных площадей и численность вакцинированных диких животных (таблица 10).

Таблица 10 – Статистические метрики регрессионной модели выявления факторов риска бешенства в популяции всех видов животных

Переменные	Коэффициент регрессии	Стандартная ошибка	<i>p</i> -значение
Плотность лисиц, особей/км ²	1.083	0.144	0.005
Плотность населения, чел/км ²	1.278	0.031	0.000
Количество сельских поселений	0.026	0.008	0.002
Доля лесов, %	0.047	0.013	0.014
Объем вакцинации диких животных, доз.	0.014	0.006	0.039

Уровень вакцинации, определяемый как доля использованных доз вакцины, был выявлен как значимый предиктор снижения заболеваемости бешенством животных в регионе. Охват вакцинацией в популяции диких животных может ограничивать распространение бешенства как внутри этой популяции, так и среди других видов [121].

Регрессионный анализ показал статистически значимую связь между заболеваемостью бешенством домашних животных и интенсивностью профилактических мероприятий в дикой природе. Этот результат подтверждает гипотезу о том, что вспышки среди домашних животных обусловлены активной циркуляцией вируса в популяциях диких животных, прежде всего лисиц [117, 146, 214].

Для планирования зон вакцинации диких животных и расчёта необходимого количества доз требуется предварительная оценка плотности их популяции в районах Нижегородской области. С помощью прогнозного моделирования на основе геоинформационных систем (ГИС) была создана карта риска, которая может служить основой для разработки стратегии профилактической вакцинации как диких, так и домашних животных.

Комплексный подход, включающий мониторинг эпизоотической ситуации, оптимизацию логистики вакцинации и работу с населением, позволит существенно снизить риск регистрации вспышек бешенства животных и обеспечить эпидемиологическую безопасность региона.

3.5 Ранжирование территории республики Саха (Якутия) и субъектов Арктического региона по степени риска лептоспироза животных.

Для прогнозирования очагов лептоспироза на территории республики Саха (Якутия) экологическая ниша определялась не только имеющимися вспышками, зарегистрированными на территории республики, но и для всей системы «резервуарный хозяин – патоген – окружающая среда».

Ранжирование территории по степени роста регистрации очагов лептоспироза среди животных на уровне административных поселений республики Саха (Якутия) проводилось путем учета доли пространственных ячеек с оптимальной пригодностью выше 50 % («ячеек высокого риска») для каждого субъекта с учетом переменных окружающей среды, в последствии, категоризации по трем классам.

В результате ранжирования территории республики Саха (Якутия) по степени риска в возникновении очагов лептоспироза в зависимости от климатических и социально-экономических факторов были выделены районы с высоким показателем, где необходимы усиленные меры по эпидемиологическому надзору и профилактике животных. В условиях современного климата к таким районам (улусам) были отнесены: Намский, Усть-Алданский, Алексеевский, Чурапчинский районы и городской округ Якутск. Кроме того, 14 районов оценены как районы среднего риска. В условиях прогнозируемого климатического сценария, согласно результатам ранжирования республики с применением методологии экологической ниши, Медино-Кангаласский, Амгинский и Усть-Майский районы были классифицированы как области с высоким риском заболеваемости. Зона среднего риска, в свою очередь, расширилась на три дополнительных административных района. Эти выводы базируются на комплексном анализе экологических, климатических и социально-экономических факторов, что позволяет сделать обоснованные прогнозы относительно потенциальных угроз и уязвимостей данных территорий (рисунок 10).

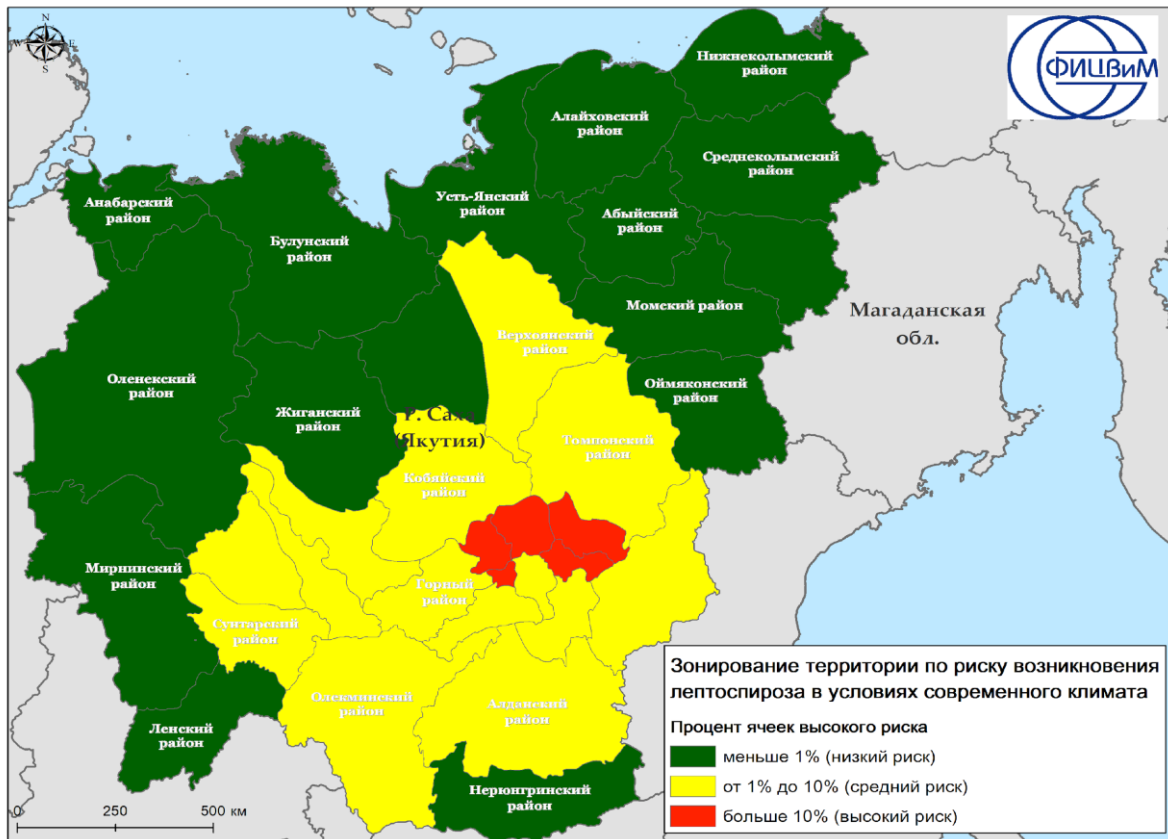


Рисунок 10. Ранжирование территории республики Саха (Якутия) по степени риска лептоспироза животных в условиях современного климата

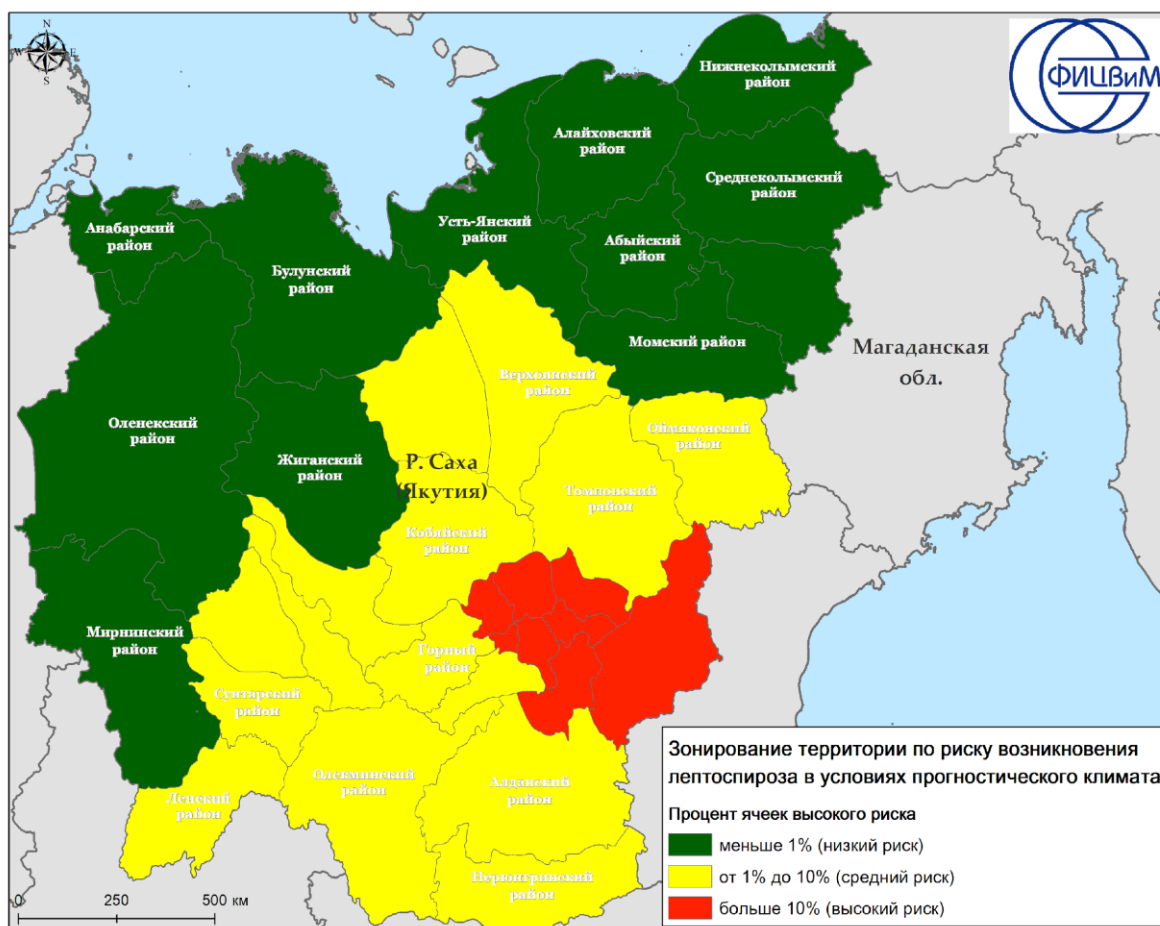


Рисунок 11. Ранжирование территории республики Саха (Якутия) по степени риска лептоспироза животных в условиях прогностического климата

Экстраполяция модели, адаптированной к современным климатическим условиям Арктического региона, позволила создать картографическое представление ожидаемой плотности случаев лептоспироза. Данная карта демонстрирует высокую степень корреляции с наблюдаемым распределением показателя плотности случаев на модельной территории. В результате анализа были идентифицированы территории субъектов Арктической зоны Российской Федерации, характеризующиеся максимальной плотностью вспышек лептоспироза или районы высокого риска лептоспироза (рисунок 12).

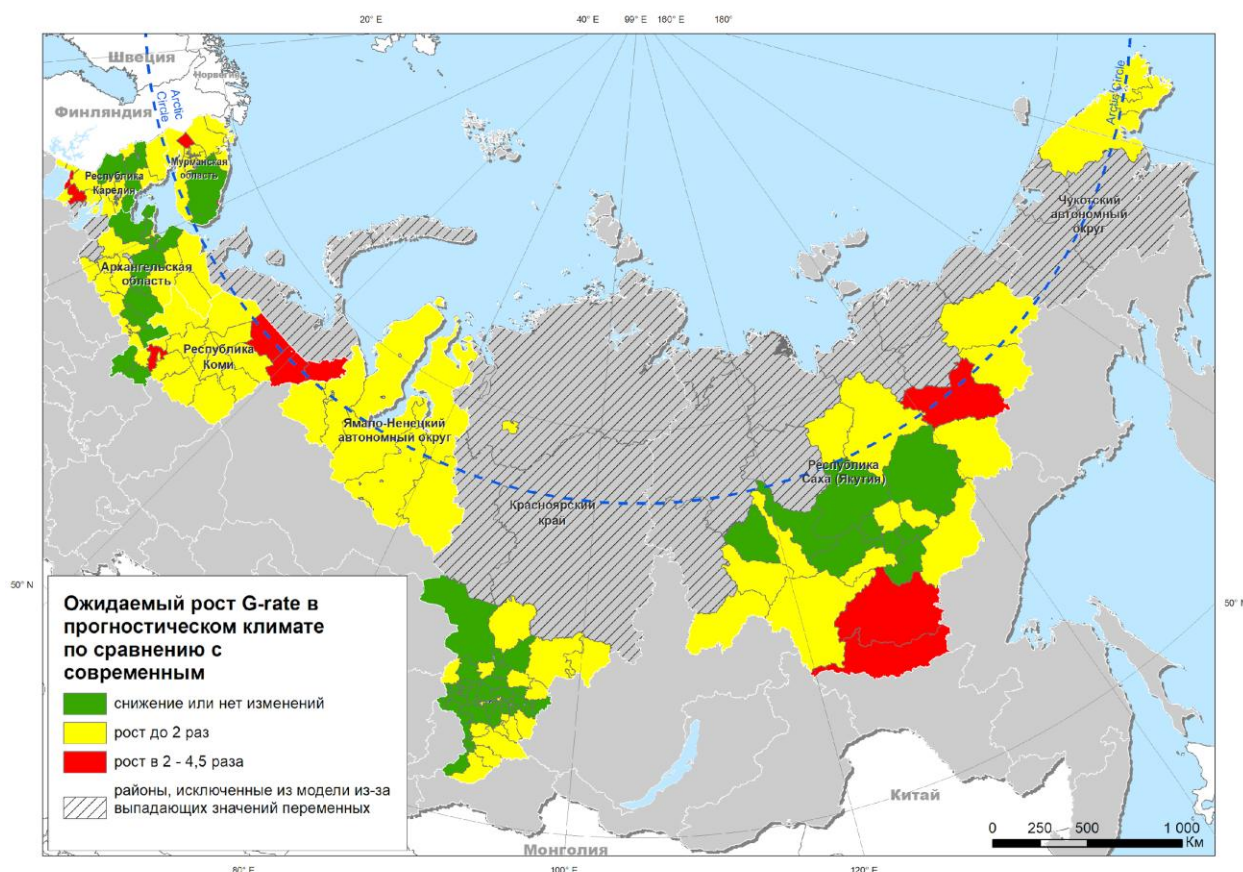


Рисунок 12. Динамика вспышек лептоспироза животных в зависимости от современных и прогнозируемых климатических условий субъектов Арктики и Субарктики

К территориям высокого риска распространения лептоспироза животных, полученных в результате прогностического моделирования субъектов Арктики и Субарктики, относятся районы, расположенные в Республике Саха (Якутия), расположенные в юго-восточной части, центральные и южные районы Красноярского края, отдельные районы территории республики Карелия, и центральной части Мурманской области.

Моделирование с использованием переменных для прогнозируемого климата на период до 2100 г. продемонстрировало увеличение плотности вспышек лептоспироза животных на большей части исследуемой территории.

Изменения климатических условий до 2100 года потенциально увеличило показатель прогнозируемых вспышек лептоспироза среди сельскохозяйственных животных. Особенно это было отмечено в северной части европейской России и Западной Сибири. Прогнозы показывают, что в

некоторых из этих регионов вероятность вспышек лептоспироза, обусловленных климатическими факторами, вырастет более чем в четыре раза.

Результаты исследования подтверждают эффективность подхода «Единое здоровье» (One Health) для профилактики лептоспироза животных в Арктике и Субарктике, поскольку он учитывает комплексное влияние антропогенных факторов, плотности животных и условий окружающей среды.

3.6 Ранжирование территории Нижегородской и Самарской областей по риску возникновения и распространения вспышек АЧС

На основе проведенного моделирования была разработана карта риска для территорий Самарской области. Эта карта служит ключевым инструментом для превентивного контроля за эпизоотической обстановкой в регионе.

Для оценки риска возникновения вспышек африканской чумы свиней (АЧС) в Самарской области применили логистическую регрессию. Этот метод помогает прогнозировать вероятность заболевания в разных районах. Результаты анализа показали, что риск выше там, где хорошо развита дорожная сеть и много личных подсобных хозяйств (рисунок 13).

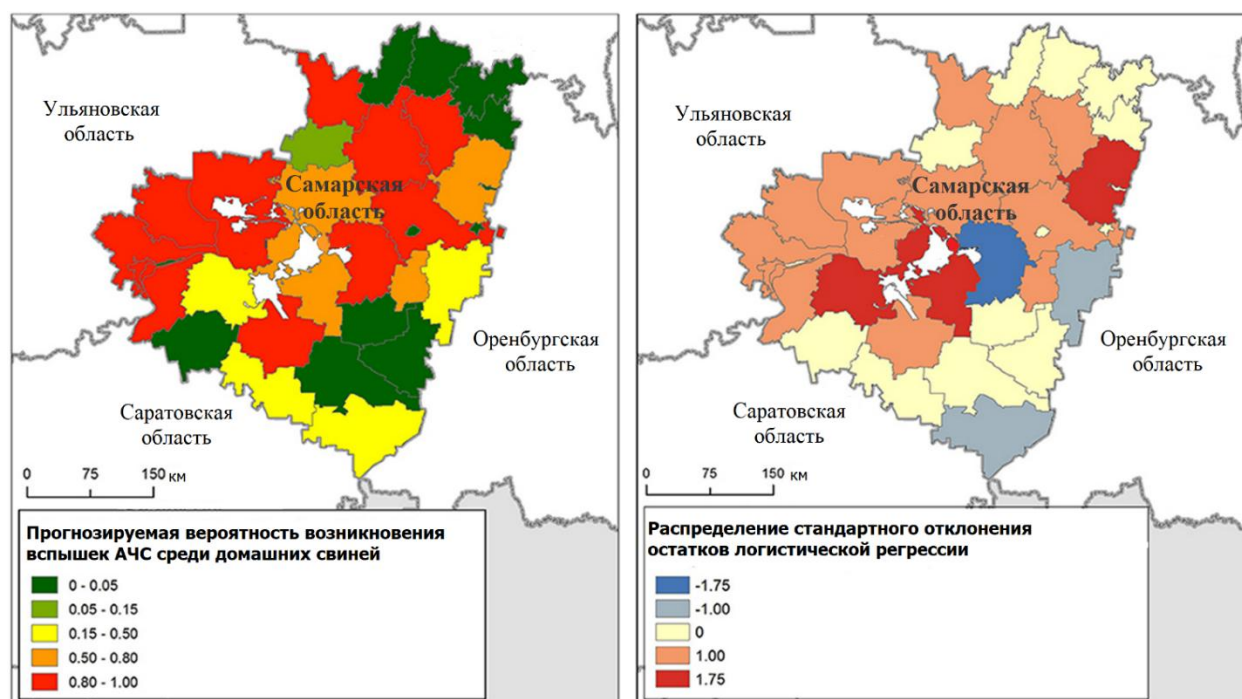


Рисунок 13. Прогнозируемая вероятность возникновения вспышек африканской чумы свиней (АЧС) в районах Самарской области (слева) и распределение стандартного отклонения регрессионных остатков (справа), полученное с помощью обобщенной логистической регрессии

Модель, хорошо подобранная по факторам риска (что видно по распределению остатков на карте), обладает высокой прогностической ценностью. Это подтверждается отсутствием значимой пространственной кластеризации вспышек, выявленным тестом на автокорреляцию.

Основным ограничением данного исследования является невозможность полноценного учёта некоторых факторов риска из-за отсутствия релевантных данных. В частности, не удалось оценить влияние нелегальной торговли домашними свиней и продукции, а также учесть динамику межрайонных перемещений животных в Самарской области.

В результате проведенного моделирования АЧС в районах Нижегородской области в зависимости от популяционных и социально-демографических факторов было проведено ранжирование районов области по степени вероятности возникновения очагов болезни.

Результаты ранжирования были визуализированы в виде географической карты Нижегородской области, где каждому району присвоен

цвет в соответствии с оценкой вероятности возникновения вспышек АЧС. Это позволяет наглядно оценить географическое распределение риска.

Применение логистической регрессионной модели в пространственном распределении вспышек африканской чумы свиней (АЧС) среди домашних свиней позволило идентифицировать территории области с повышенным эпизоотическим риском возникновения инфекции. На рисунке 14 (слева) представлено, что юго-западные и юго-восточные районы Нижегородской области составили области с высоким риском заболеваемости АЧС.

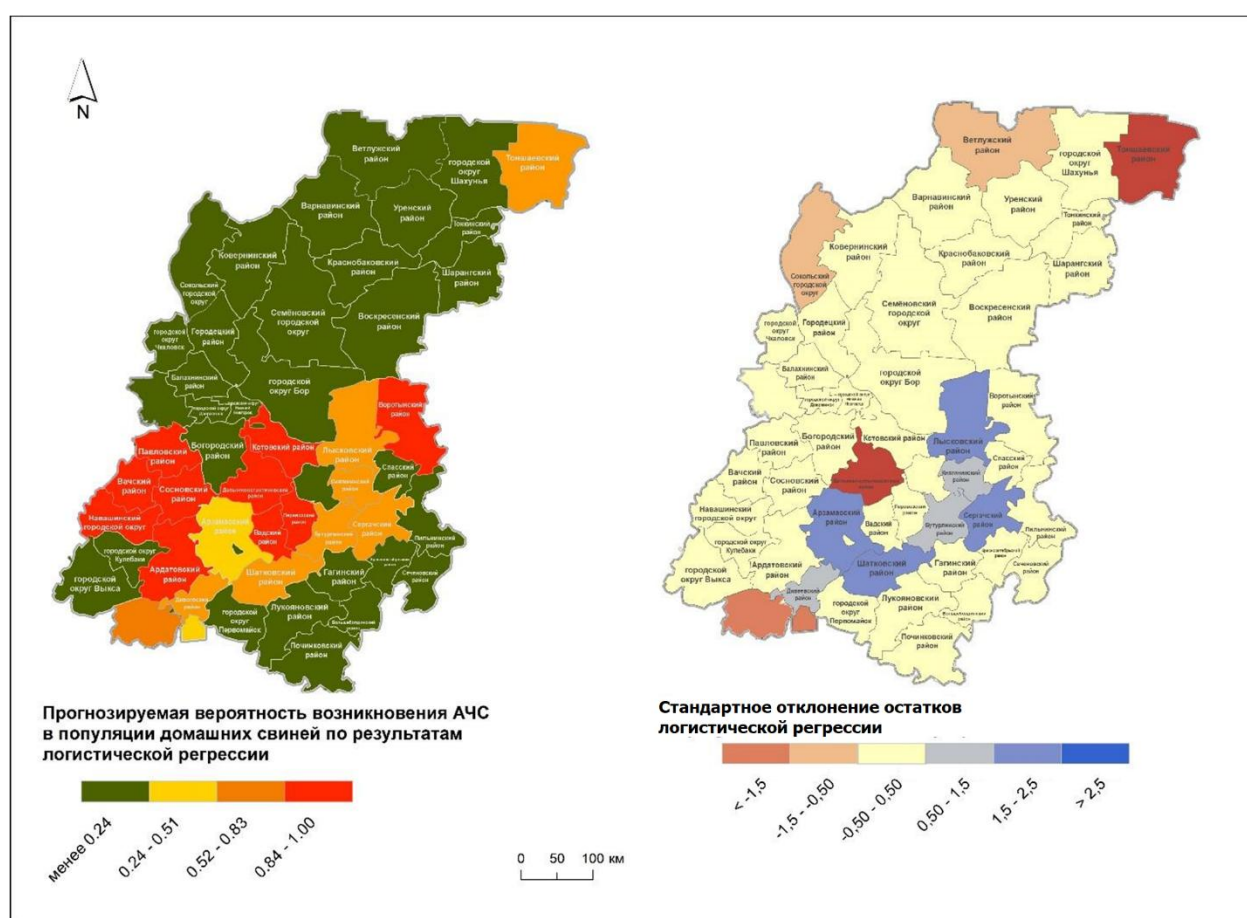


Рисунок 14. Прогнозируемая вероятность возникновения вспышек АЧС у домашних свиней (слева) и распределение остатков модели в Нижегородской области (справа)

Повышенный риск возникновения очагов болезни среди домашних свиней в результате регрессионного анализа был установлен для Павловского, Вачского, Навашинского, Сосновского и Воротынского районов. Ключевым фактором риска, прогнозирующим неблагоприятное по

АЧС в районах области, была определена высокая плотность личных подсобных хозяйств, что формирует благоприятные условия для устойчивой циркуляции и распространения вируса.

Результаты моделирования также показали, что остатки модели были распределены случайным образом без формирования кластеров (рисунок 14, справа). Данный факт свидетельствует о том, что выявленные в результате моделирования АЧС, закономерности, являются статистически значимыми, и не могут быть объяснены случайными взаимосвязями.

С помощью отрицательной биномиальной регрессии были проанализированы и спрогнозированы вспышки АЧС среди кабанов в районах Нижегородской области и ранжированы по степени риска в зависимости от выявленных факторов.

На основании данных регрессионного анализа эпизоотической ситуации по африканской чуме свиней (АЧС) в популяциях кабана на территории Семеновского и Варнавинского районов прогнозировалось от трех до четырех вспышек болезни. Данный прогноз был подтверждён последующими регистрациями вспышек в указанных районах.

В соответствии с прогнозируемым количеством очагов АЧС среди диких кабанов в Арзамасском и Вознесенском районах к 2023 году ожидалось от двух до трех вспышек. В южных районах области, таких как Сосновский и Бутурлинский, а также некоторых районах северной части области, включая Борский, Воскресенский и Шарангский, граничащие с Кировской областью и Республикой Марий Эл, а также Ветлужский и Ковернинский районы, в которых были спрогнозированы от одной до двух вспышек АЧС (рисунок 15 слева).

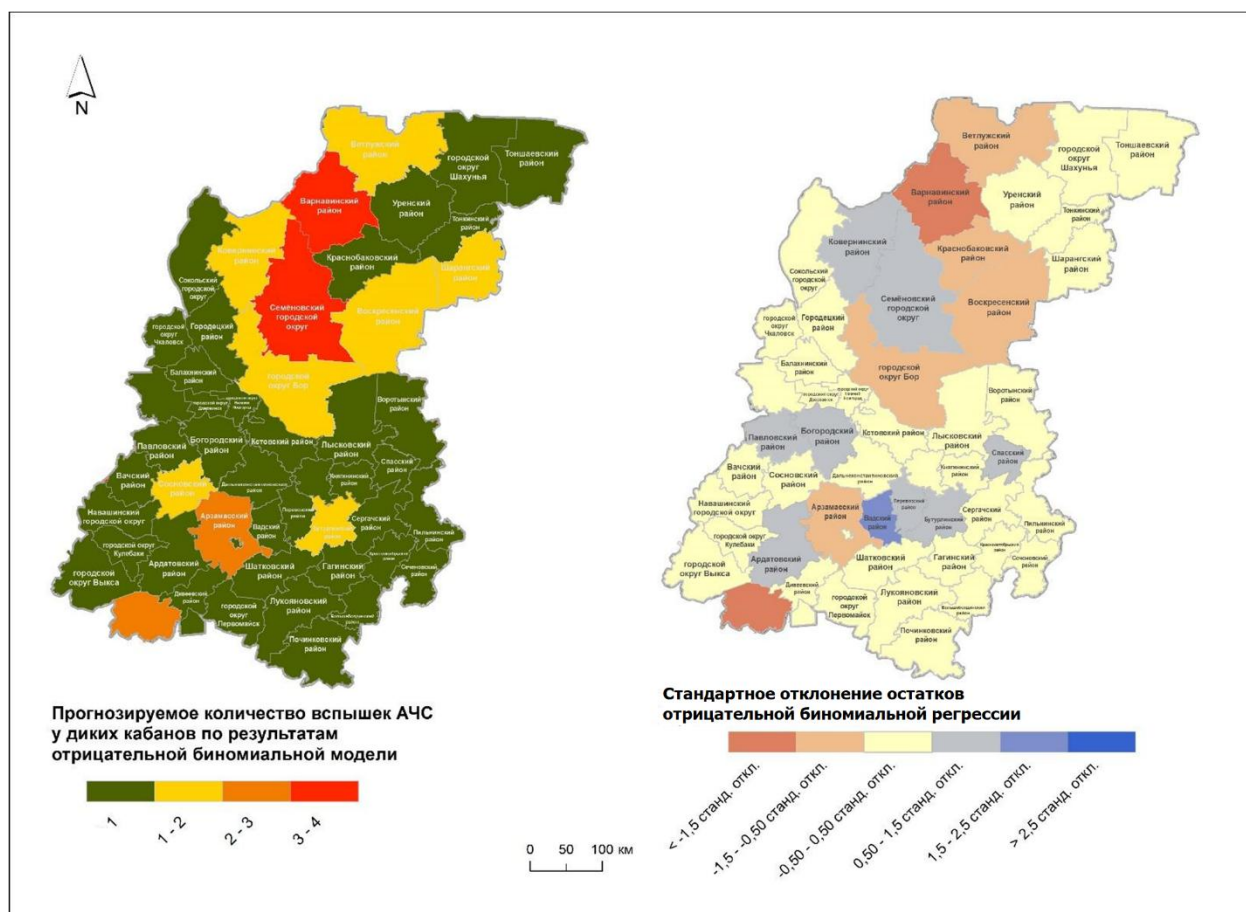


Рисунок 15. Прогнозируемая инцидентность вспышек АЧС среди диких кабанов (слева) и распределение остатков отрицательной биномиальной модели в Нижегородской области (справа) в Нижегородской области

Для указанных районов типична высокая плотность охотничьих хозяйств и мозаика лесных биотопов (хвойные и лиственные леса). Эта комбинация факторов формирует среду, благоприятную для длительного сохранения возбудителя АЧС.

Случайный характер распределения стандартного отклонения остатков модели (рисунок 15 справа) свидетельствует о том, что выявленные закономерности распространения АЧС по территориям районов Нижегородской области статистически значимы и отражают реальные взаимосвязи с факторами, а не случайные совпадения в данных.

3.7 Ранжирование территории Нижегородской области по степени риска распространения вспышек бешенства среди диких животных

На рисунке 16 представлена карта, демонстрирующая прогнозируемое количество вспышек бешенства среди различных видов животных. На рисунке представлено прогнозируемое количество вспышек бешенства среди диких животных и распределение стандартного отклонения остатков регрессионной модели (рисунок 17). Эта визуализация способствует выявлению потенциальных зон повышенного риска возникновения вспышек бешенства среди диких видов животных.

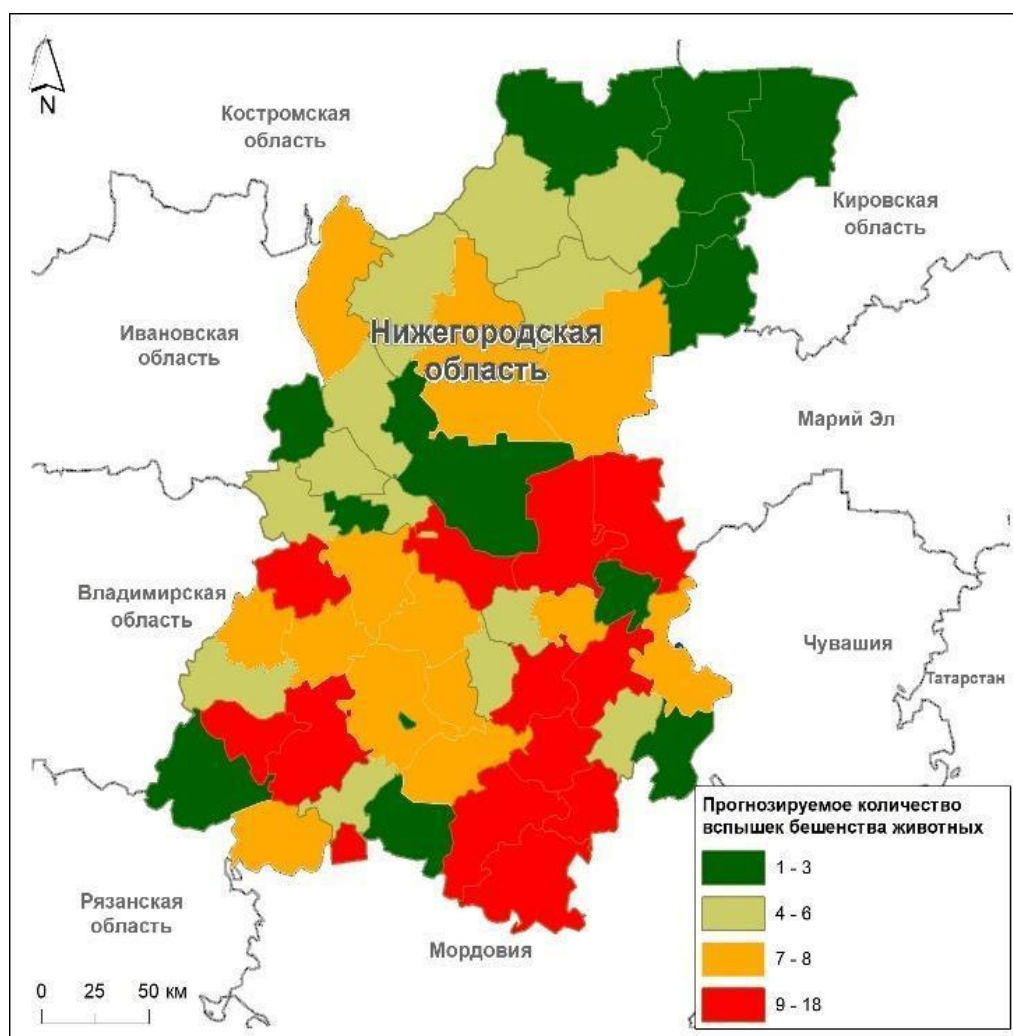


Рисунок 16. Прогнозируемая вероятность возникновения вспышек бешенства среди диких животных в районах Нижегородской области по результатам отрицательной биномиальной регрессионной модели

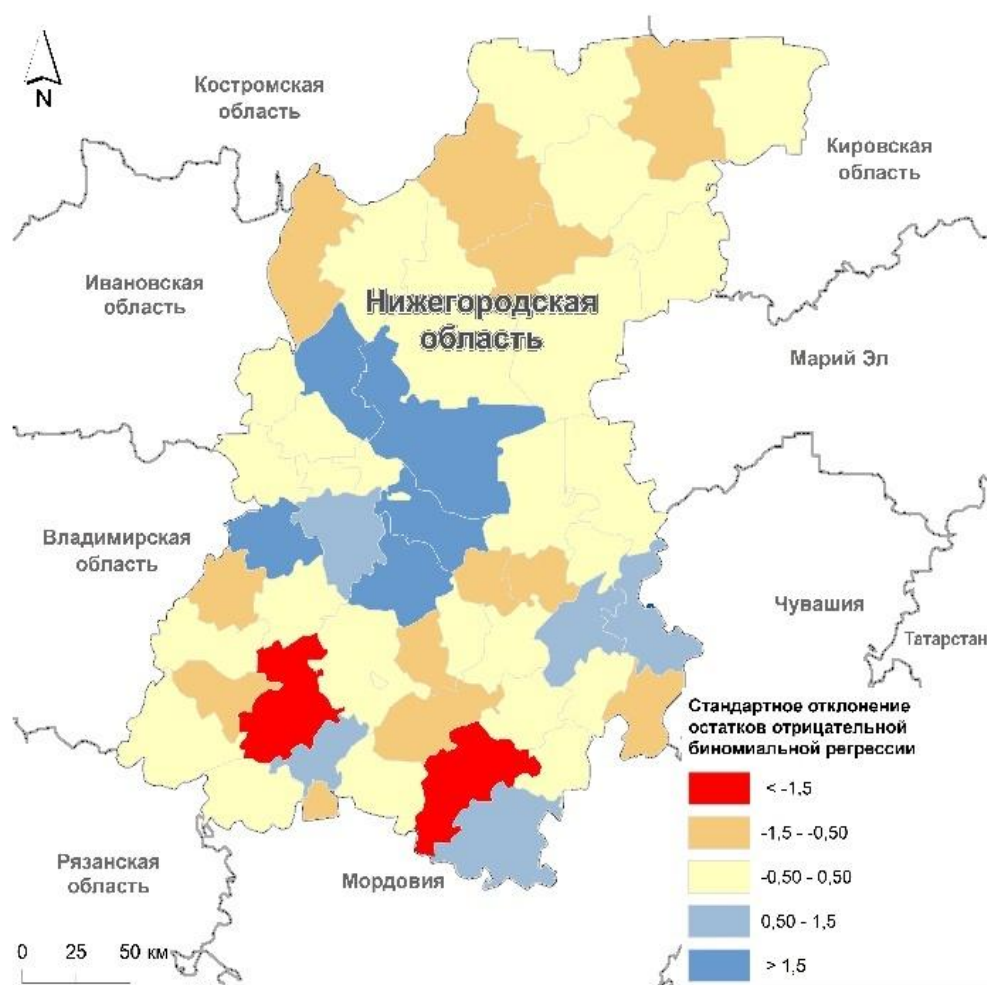


Рисунок 17. Распределение регрессионных остатков отрицательной биномиальной регрессионной модели вероятности возникновения бешенства в Нижегородской области

По результатам прогностического моделирования бешенства среди животных в Нижегородской области были определены географические районы, попадающие в зону наибольшего риска распространения инфекции, где прогнозируется инцидентность вспышек бешенства от 11 до 18. Область повышенного риска распространения бешенства среди диких животных представлена следующими районами: Павловский, Лысковский, Воротынский, Кстовский, Бутурлинский, Сергачский, Гагинский, Кулебакский, Ардатовский, Лукояновский и Починковский.

Данные районы расположено преимущественно в южной части области, и характеризуются максимальным количеством сельских населенных пунктов,

высокой плотностью населения и численностью диких животных, являющихся основными переносчиками вируса – рыжих лисиц.

Коэффициент детерминации (R^2) регрессионной модели достиг значения 0,79, что свидетельствует о высоком уровне объясненной дисперсии зависимой переменной. Проведенный анализ пространственной автокорреляции остатков модели выявил значение индекса Морана I равное 0,096, при этом z-оценка составила -1,271, а соответствующий уровень значимости — 0,204. Эти результаты позволяют сделать вывод об отсутствии статистически значимой пространственной автокорреляции в остатках модели. Таким образом, тест подтвердил, что в распределении данных не наблюдается ни пространственных зависимостей, ни кластеризации, что свидетельствует о корректности спецификации модели и адекватности ее применения для прогнозирования вспышек бешенства животных.

3.8 Алгоритм разработки прогностических пространственных моделей на основе регрессионного анализа вспышек инфекционных болезней животных на примере лептоспироза, бешенства и африканской чумы свиней на территории субъектов Российской Федерации

Моделирование вспышек лептоспироза, бешенства животных и африканской чумы свиней среди домашних свиней и диких кабанов позволило сформировать общий алгоритм прогнозирования вспышек других природно-очаговых и трансграничных болезней животных, который включает следующие этапы:

1. Выбор модельных территорий на основе ретроспективного анализа вспышек. Критериями отбора могут являться вспышки, зарегистрированные за период не менее пяти лет, охватывающие различные природно-климатические зоны. Фактор доступности данных представляет важное значение в построении моделей. Для анализа использовались данные ветеринарной отчетности, сводные материалы природоохранных ведомств, данные дистанционного зондирования Земли

(ДЗЗ) и векторные геоинформационные слои.

2. Отбор предикторов, определяющих вероятность возникновения вспышек лептоспироза животных, бешенства и АЧС на модельных территориях Российской Федерации на основе систематического анализа литературных источников.
3. Выбор типа регрессионной модели распространения инфекционных болезней животных осуществлялся на основе анализа распределения и свойств зависимой переменной.
4. Предварительная обработка и подготовка данных для последующего регрессионного анализа.
5. Проведение регрессионного анализа различными методами (MaxEnt, Random Forest, обобщенной линейной логистической регрессии (GLLR) и отрицательной биномиальной регрессии). Оценка регрессионных коэффициентов, обучение и валидация моделей.
6. Количественное определение факторов риска возникновения и распространения: лептоспироза животных на территории Арктики, АЧС в популяциях дикого кабана и домашних свиней, бешенства животных на территории Самарской и Нижегородской областей.
7. Ранжирование территорий по уровню эпизоотического риска на основе результатов регрессионного моделирования и анализа регрессионных остатков. Составление итоговых прогностических карт пространственного распределения риска для каждой болезни методом геоинформационного картографирования.

4 ЗАКЛЮЧЕНИЕ

4.1 Итоги исследований

1. Разработан и апробирован на примере лептоспироза, АЧС и бешенства универсальный методологический подход, основанный на построении пространственных регрессионных моделей. Данный подход подтвердил свою эффективность как современная инструментальная основа для перехода от ретроспективного анализа к проактивному прогнозированию эпизоотической ситуации и сравнительной оценке стратегий борьбы.

2. Впервые для Арктического региона России с применением машинного обучения (Random Forest, Maxent) установлено, что социально-экономические и демографические факторы играют доминирующую роль в распространении лептоспироза по сравнению с климатическими (количество осадков, среднегодовая температура). На основе пространственной регрессионной модели проведено ранжирование субъектов региона по степени эпизоотического риска.

3. Показано, что распространение АЧС среди домашних свиней детерминировано преимущественно антропогенными факторами: структурой свиноводства (мелкотоварный сектор) и интенсивностью хозяйственных связей, обуславливающих перемещение животных и продукции. Разработанные прогностические модели для территорий Самарской и Нижегородской областей подтвердили свою эффективность для прогнозирования риска интродукции инфекции.

4. Использование прогностических моделей вспышек АЧС в популяции кабанов позволяет сделать утверждение, что риск заноса и распространения вируса АЧС на территории Нижегородской области зависит не только от плотности восприимчивого поголовья животных, а также от антропогенных факторов, связанных с ведением охотничьего хозяйства и низким уровнем биобезопасности.

5. Установлено, что экологические и популяционные факторы, определяют

распространение вспышек бешенства животных на территории Российской Федерации. Моделирование количественно обосновало высокую эффективность программ вакцинации диких животных как ключевого инструмента контроля, что является основой для оптимизации превентивных мероприятий.

6. Выбор прогностической пространственной модели проводится на основе комплексного анализа эпизоотологических характеристик и механизмов передачи возбудителей болезней животных. Обоснованный выбор модели определяется необходимостью учитывать разнообразие факторов, влияющих на распространение инфекций среди популяций животных.

4.2 Практические предложения

Разработаны и внедрены в практику региональных ветеринарных ведомств и учебный процесс сельскохозяйственных ВУЗов по подготовке ветеринарных специалистов: «Методические рекомендации по организации и проведению противоэпизоотических мероприятий для предупреждения распространения АЧС в дикой фауне (протокол № 17 от 25.04.2024 г.); «Методические рекомендации по применению статистических моделей в прогнозировании вспышек инфекционных болезней животных (протокол № 41 от 18.10.2024 г.)».

Получена карта обратной связи с Институтом ветеринарной биомедицины и инженерии Верхневолжского государственного агробиотехнологического университета (Протокол №6 от 01 августа 2025 г.) и Нижегородским государственным агротехнологическим университетом имени Л.Я. Флорентьева (Протокол №6 от 01 августа 2025 г.) о том, что материалы диссертационной работы приняты к использованию в учебном процессе и научно-исследовательской работе на кафедрах вуза.

4.3 Перспективы дальнейшей разработки темы

Перспективы дальнейшей разработки прогностического моделирования вспышек инфекционных болезней животных с применением регрессионных моделей открывают новые горизонты для ветеринарной науки, контроля заболеваний и управления рисками. Применение современных технологий и подходов позволит повысить эффективность и точность прогнозов, что в конечном итоге приведет к улучшению здоровья животных и безопасности пищевых продуктов.

Разработка моделей, адаптированных к специфике разных регионов и типов животноводства, что поможет улучшить точность прогнозов и рекомендаций. Применение регрессионных моделей в исследованиях по анализу динамики распространения болезней позволит осуществить расширение направления на другие инфекции животных, такие как бруцеллез, заразный узелковый дерматит, ящур и другие, что позволит сравнить методологию и обобщить подходы в моделировании.

На основе результатов регрессионного моделирования разрабатываются практические рекомендации и меры по профилактике и контролю вспышек инфекционных болезней для сельхозпроизводителей и ветеринарных служб. Прогнозные модели позволяют оценить эффективность различных сценариев вмешательств, что способствует формированию научно обоснованной ветеринарной политики и стратегий управления заболеваниями.

5 СПИСОК СОКРАЩЕНИЙ

АЧС – Африканская чума свиней;

AUC (Area Under the Curve) – площадь под кривой, является метрикой в машинном обучении для оценки моделей бинарной классификации;

ГИС (Geographic Information Systems) – геоинформационные системы;

GLM (Generalized linear models) – обобщенная линейная модель;

ИАЦ – Информационный Аналитический Центр;

ISRIC (World Soil Information) – является глобальным справочным центром достоверных данных о почвах, структуре, типам и основным свойствам;

CMIP5 (Coupled Model Intercomparison Project) - проект Всемирной программы исследований климата (ВПИК), предоставляющий климатические прогнозы для понимания прошлых, настоящих и будущих изменений климата;

CI (confidence interval) – доверительный интервал, диапазон значений, в котором с определённой вероятностью (например, 95% или 99%) находится истинное значение параметра генеральной совокупности;

ЛПХ – личное подсобное хозяйство;

MaxEnt – это алгоритм машинного обучения, используемый для построения моделей на основе неполной информации, часто для прогнозирования ареалов распространения видов, где известны только данные о присутствии;

МФА – это серологический метод диагностики, используемый для обнаружения антигенов (например, вирусов, бактерий) или антител в биологических образцах. Он основан на связывании меченых флуоресцентными красителями антител со специфическими антигенами, после чего связанные комплексы выявляются под флуоресцентным микроскопом благодаря свечению красителя;

МЭБ (OIE - Office International des Epizooties) – является историческим названием всемирной организации здравоохранения животных (ВОЗЖ);

OR (Odds Ratio) – показатель, который определяет отношение шансов, то есть показывает, во сколько раз есть шансы возникновения события;

OSM (Open Street Map) – сайт, созданный сообществом картографов, которые добавляют и поддерживают данные о дорогах, тропах, кафе, вокзалах и о многих других объектах по всему миру;

ПЦР – это метод молекулярной биологии, который позволяет многократно увеличить (амплифицировать) количество определённых участков ДНК или РНК для последующего анализа;

R^2 – коэффициент детерминации является статистическим критерием, который показывает, какая доля вариации (изменчивости) зависимой переменной объясняется независимыми переменными в регрессионной модели;

RABV (Rabies virus) – нейротропный вирус, возбудитель бешенства у человека и животных. Передача вируса может происходить через слюну животных и (реже) при контакте с человеческой слюной;

Random Forest – метод случайного леса, представляющий алгоритм машинного обучения, который состоит из множества отдельных независимых «решающих деревьев»;

Россельхознадзор – Федеральная служба по ветеринарному и фитосанитарному надзору Российской Федерации;

Росстат – Федеральная служба государственной статистики (Росстат) является федеральным органом исполнительной власти, осуществляющим функции по формированию официальной статистической информации о социальных, экономических, демографических, экологических и других общественных процессах в Российской Федерации, а также в порядке и случаях, установленных законодательством Российской Федерации по контролю в сфере официального статистического учета;

ROC (Receiver Operating Characteristic) – рабочая характеристика приёмника, график, позволяющий оценить качество бинарной классификации, отображает соотношение между долей объектов от общего количества

носителей признака, верно классифицированных как несущие признак, и долей объектов от общего количества объектов, не несущих признака, ошибочно классифицированных как несущие признак;

RCP 8.5 (Representive Concentration Pathway) – сценарии изменения климата, позволяющие прогнозировать будущие концентрации парниковых газов;

РФ – Российская Федерация;

SEIR – (Susceptible – Exposed – Infected – Recovered) «восприимчивые, контактные, инфицированные, выздоровевшие»: модель для описания распространения заболеваний с инкубационным периодом;

stepAIC - stepwise model selection by AIC - пошаговый алгоритм поиска наиболее оптимальной модели по поиску наименьшего информационного критерия Акаике;

VIF (Variance Inflation Factor) – коэффициент инфляции дисперсии, который измеряет, насколько сильна мультиколлинеарность (корреляционная взаимосвязь) между независимыми переменными в регрессионной модели;

WANIS – международная система оповещения о здоровье животных, которая собирает и представляет информацию о болезнях животных, включённых в список WOAH, и требующих наблюдения;

World Terrestrial Ecosystems - это глобальный набор растровых данных с пространственным разрешением 250 метров, определяющий 431 тип экосистем, включая как «естественные» экосистемы (например, различные виды лесов, кустарников, лугов, голых территорий и т. д.), так и «преобразованные» ландшафты (например, пахотные земли, поселения);

WoS (Web of Science) – международная поисковая платформа и наукометрическая база данных, которая содержит библиографическую и реферативную информацию о рецензируемой научной литературе;

Jackknife – «складной нож», один из методов ресэмплинга (линейное приближение статистического бутстрэпа), используется для оценки погрешности в статистическом выводе.

6 СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Актуализация данных о сибиреязвенных стационарно неблагополучных пунктах и почвенных очагах как основа совершенствования эпизоотолого-эпидемиологического мониторинга сибирской язвы в Российской Федерации / А. Ю. Попова, А. Н. Куличенко, В. Г. Акимкин [и др.] // Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунологии. – 2025. – Т. 102. – № 3. – С. 271-283.
2. Анализ эпизоотии бешенства в Центральном федеральном округе России за 2018–2022 годы / О. В. Анисина, Н. М. Пухова, О. А. Богомоллова [и др.] // Аграрная наука. – 2023. – Т. 8155. – № 9. – С. 26-31
3. Белименко, В. В. Оптимизация информационных потоков и цифровизация системы государственного эпизоотологического мониторинга / В. В. Белименко // Ветеринария и кормление. – 2018. – № 7. – С. 19-22.
4. Бельчихина, А.В. Ретроспективный анализ эпизоотической ситуации по бешенству животных на территории российской федерации / А.В. Бельчихина, А. К. Караулов // Ветеринария сегодня. – 2016. – Т. 1. – С. 64-70.
5. Власов, М. Е. Биологические свойства изолятов вируса африканской чумы свиней, выделенных в различных регионах российской федерации от кабанов и домашних свиней 4.2.3: автореферат диссертации на соискание ученой степени кандидата ветеринарных наук / М. Е. Власов. – Владимир, 2021. – 19 с.
6. Внешнесредовые риски для здоровья и проблемы здравоохранения в арктических и субарктических регионах / Ж. Рейс, Н.В. Зайцева, П. Спенсер // Анализ риска здоровью. – 2022. – Т.8. – № 3. – С. 21–38.
7. Выявление и генотипирование патогенных лептоспир, циркулирующих среди грызунов на территории Санкт-Петербурга / Р. Р. Баимова, Е. Г. Рябико, Д. И. Гречишкина [и др.] // Проблемы особо опасных инфекций. – 2025. – Т. 115. – № 2. – С. 72-78.
8. Гельман, Э. Регрессия: теория и практика. С примерами на R и Stan / Э. Гельман, Дж. Хилл, А. Вехтари; перевод В. С. Яценков. — Москва: ДМК

Пресс, 2022. — 748 с.

9. ГОСТ 26075-2013 Животные. Методы лабораторной диагностики бешенства. Animals. Methods of Laboratory Diagnostic of Rabies [Электронный ресурс]. – URL: <https://docs.cntd.ru/document/1200104625> – Загл. с экрана (date accessed: 25.09.2025).

10. ГОСТ Р 70664-2023 Дистанционное зондирование Земли из космоса. Данные дистанционного зондирования Земли из космоса. Общие требования к стереообработке Remote sensing of the Earth from space. Remote sensing data of the Earth from space. General requirements for stereo processing [Электронный ресурс]. – URL: <https://docs.cntd.ru/document/1302181173> – Загл. с экрана (дата обращения: 01.10.2025)

11. Груздев, К. Н. Опыт борьбы с африканской чумой свиней в Российской Федерации и его значение для других стран / К. Н. Груздев, А. К. Караулов, А. С. Иголкин. // Ветеринария сегодня. – 2020. – Т. 0. – № 1. – С. 38-43.

12. Гулюкин, А. М. Риск-ориентированный подход в системе мониторинга инфекционных болезней животных / А. М. Гулюкин, В. В. Белименко // Аграрная наука. – 2018. – Т. 320. – № 11-12. – С. 14-16.

13. Динамика развития и практические меры профилактики африканской чумы свиней / А. Н. Чернов, С. Н. Забашта, А. А. Шевченко [и др.] // Ветеринария Северного Кавказа. – 2023. – Т. 2. – С. 0-2.

14. Дягилев, Г. Т. Эпидемиологическая и эпизоотическая ситуация по сибирской язве в республике Саха (Якутия) / Г. Т. Дягилев, М. П. Неустроев // Ветеринария и кормление. – 2019. – Т. 7. – С. 11-14.

15. Заболоцкая, Т. В. Применение инновационных технологий в управлении инфекциями в животноводстве / Т. В. Заболоцкая, А. В. Стауфен, М. Ю. Волков // Техника и технологии в животноводстве. – 2024. – № 1. – Р. 33-38.

16. Комитет охоты и рыболовства Самарской области [Электронный ресурс]: Официальный сайт. – URL: <https://dor.samregion.ru/> Загл. с экрана (дата

обращения: 30.09.2025).

17. Комитет ветеринарии по Нижегородской области [Электронный ресурс]. – URL: <https://gfi-no.ru/nm/> Загл. с экрана (дата обращения: 25.09.2025).

18. Комитет по охране, использованию и воспроизводству объектов животного мира Нижегородской области [Электронный ресурс]. – URL: <https://ohotnadzor.government-nnov.ru/> Загл. с экрана (дата обращения: 01.10.2025).

19. Корякина, Л. П. Этиологическая структура лептоспироза животных в республике Саха (Якутия) / Л. П. Корякина, А. А. Никитина, А. И. Павлова // Инновации и продовольственная безопасность. – 2021. – Т. 1. – № 31. – С. 106-112.

20. Макаров, В. В. Глобальная эпизоотология сибирской язвы. 2. Заболеваемость человека как индикатор эпизоотического неблагополучия и факторы риска / В. В. Макаров, Н. Я. Махамат // Ветеринария сегодня. – 2019. – Т. 2. – № 29. – С. 46-49.

21. Меркурий. Ветис. Государственная информационная система в области ветеринарии / Государственная информационная система в области ветеринарии [Электронный ресурс]. – URL: <https://mercury.vetrif.ru/> Загл. с экрана (дата обращения: 01.10.2025).

21. Методика подбора и синтеза математических моделей эпизоотического процесса / А. И. Богданов, Б. С. Монгуш, В. А. Кузьмин [и др.] // Нормативно-правовое регулирование в ветеринарии. – 2022. – Т. 14. – № 11. – С.

22. Нуратинов Р. А. Экологическая дивергенция вируса бешенства / Р. А. Нуратинов // Юг России: экология, развитие. – 2013. – С. 62-72.

23. Поедаемость приманок для оральной вакцины против бешенства диких плотоядных животных / А. В. Парошин, С. Б. Воскресенский, А. Е. Метлин, К. Н. Груздев // Ветеринария и кормление. – 2018. – Т. 22. – № 1. – С. 18-20.

24. Полещук, Е. М. Особенности эпидемической и эпизоотической

ситуации по бешенству в Российской Федерации в 2023 году в сравнении с многолетними данными / Е. М. Полещук, Е. С. Савкина, Г. Н. Сидоров // Проблемы особо опасных инфекций. – 2025. – Том. 11. – № 1. – С. 65-73.

25. Полещук, Е. М. Сравнительный анализ особенностей эпизоотологической и эпидемической обстановки и риска заражения бешенством в Российской Федерации в начале XXI века / Е. М. Полещук, Г. Н. Сидоров // Проблемы особо опасных инфекций. – 2020. – № 4. – С. 16–25.

26. Полещук, Е. М. Эпизоотолого-эпидемиологическая характеристика бешенства в России в 2019–2021 гг. / Е. М. Полещук, Г. Н. Сидоров, Е. С. Савкина // Проблемы особо опасных инфекций. – 2023. – № 2. – С. 49-60.

27. Разумова А.А. Патент на изобретение RU 2847815 C1, 15.10.2025. Вакцина поливалентная эмульсионная против лептоспироза лошадей. № 2024133003 : заявл. 02.11.2024 : опубл. 15.10.2025 / А.А. Разумова, А.С. Шарыпов, М.И. Доронин; заявитель Федеральное государственное учреждение Всероссийский научно-исследовательский институт защиты животных.

28. Результаты и перспективы совместных действий ветеринарных служб стран СНГ в области диагностики и контроля инфекционных болезней животных / Д. А. Лозовой, А. Е. Метлин, А. М. Рахманов, И. А. Чвала // Международный сельскохозяйственный журнал. – 2019. – Т. 2. – С. 48-52.

29. Ретроспективный анализ распространения лептоспироза в южном регионе России / С. В. Пруцаков, В. В. Меньшенин, Н. Н. Кружнов [и др.] // Ветеринария и кормление. – 2019. – № 2. – С. 11-14.

30. Россельхознадзор. Федеральная служба по ветеринарному и фитосанитарному надзору [Электронный ресурс]. – URL: <https://fsvps.gov.ru/jepizooticheseskaja-situacija/rossija/> Загл. с экрана (дата обращения: 08.05.2025).

31. Референтная лаборатория по африканской чуме свиней [Электронный ресурс]: Официальный сайт. – URL:

<https://arriah.ru/ic/laboratorno-diagnosticheskiy-tsentr/struktura/referentnaya-laboratoriya-po-afrikanskoy-chume-sviney/> Загл. с экрана (дата обращения: 25.09.2025).

32. Самарское ветеринарное объединение [Электронный ресурс]: Официальный сайт. – URL: <https://gbusosvo.ru/> Загл. с экрана (дата обращения: 30.09.2025).

33. Ситуационный анализ по приоритетным для промышленного свиноводства болезням свиней: пути улучшения биозащиты предприятий в Российской Федерации / А. С. Оганесян, М. А. Шибает, О. Н. Петрова [и др.] // Ветеринария сегодня. – 2024. – Т. 13. – № 4. – С. 396-404.

34. Соболева, Г. Л. Актуальные вопросы лептоспироза людей и животных / Г. Л. Соболева, Ю. В. Ананьина, И. В. Непоклонова // Российский ветеринарный журнал. – 2017. – № 8. – С. 14-18.

35. Современное состояние популяций позвоночных животных и их роль в поддержании природных очагов зоонозов на территории Ставропольского края / Н.Ф. Василенко, Д.А. Прислегина, Н.В. Цапко [и др.] // Проблемы особо опасных инфекций. – 2021. – Т. 993. – № 4. – С. 54-61.

36. Современное состояние проблемы природно-очаговых инфекций на территории Волгоградской области / В. П. Смелянский, К. В. Жуков, Н. В. Бородай [и др.] // Здоровье населения и среда обитания. – ЗНиСО. – 2021. – Т. 29. – № 11. – С. 83-93.

37. Федеральная служба государственной статистики [Электронный ресурс]: Официальный сайт. – URL: <https://rosstat.gov.ru/> Загл. с экрана (дата обращения: 25.09.2025).

38. Чунин, С. А. Модель геоинформационной системы поддержки принятия решений об эпизоотической ситуации в муниципальном образовании / С. А. Чунин // Нормативно-правовое регулирование в ветеринарии. – 2022. – Т. 4. – С. 54-59.

39. Шишков, А.В. Усовершенствование технологии изготовления вакцины против бешенства для оральной иммунизации плотоядных. 4.2.3:

автореферат диссертации на соискание ученой степени кандидата ветеринарных наук / А.В. Шишков. – г. Владимир, 2021. – 22 с.

40. Щербаков, А. В. Молекулярная эпизоотология ящура (обзор) / А. В. Щербаков // Ветеринария сегодня. – 2024. – Т. 13. – № 1. – С. 11-19.

41. Эпидемиологическая ситуация по лептоспирозу в мире и в Российской Федерации / Е. Н. Алферина, Н. С. Маркосьян, Я. А. Объедкина, Н. С. Корнев // Международный научно-исследовательский журнал. – 2024. – Т. 11. – № 149. – С. 1-6.

42. Эпизоотологическая методология в диагностике, терапии и профилактике инфекционных, паразитарных и незаразных болезней животных / В. В. Макаров, П. А. Паршин, О. И. Сухарев [и др.] // Ветеринарная патология. – №1. – 2009. – С. 103-111.

43. A brief introduction to mixed effects modelling and multi-model inference in ecology / X. A. Harrison, L. Donaldson, M. E. Correa-Cano [et al.] // Peer J. – 2018. – Vol. 6. – P. e4794.

44. A global examination of ecological niche modeling to predict emerging infectious diseases: a systematic review / T. J. Lawrence, B. P. Takenaka, A. Garg [et al.] // Frontiers in Public Health. – 2023. – Vol. 11. – P.1244084.

45. A global one health perspective on leptospirosis in humans and animals / J. E. Sykes, D. A. Haake, C. D. Gamage [et al.] // Journal of the American Veterinary Medical Association. – 2022. – Vol. 260. – № 13. – P. 1589 – 1596.

46. A logistic regression model to predict the next rabies virus host-shift event / C. Boutelle, N. Mollentze, C. Gigante [et al.] // Scientific Reports. – 2025. – Vol. 15. – P. 19306.

47. A maximum entropy model for predicting wild boar distribution in Spain / J. Bosch, F. Mardones, A. Pérez [et al.] // Spanish Journal of Agricultural Research. – 2014. – Vol. 12. – № 4. – P. 984-999.

48. A model for leveraging animal movement to understand spatio-temporal disease dynamics / M. Q. Wilber, A. Yang, R.

Boughton, R. S. Miller // Ecology Letters. – 2022. – Vol. 25. – № 6. – P. 1290-1304.

49. A review of environmental risk factors for african swine fever in european wild boar / H. Bergmann, K. Schulz, F. J. Conraths, C. Sauter-Louis // Animals. – 2021. – Vol. 11. – № 9. – P. 2692

50. A systematic mapping protocol of methods and practices employed in ecological niche modelling of anthrax / J. Gachohi, B. Bett, S. Karanja [et al.] // Global Epidemiology. – 2019. – Vol. 1. – P. 100014.

51. A systematic review of Leptospira in water and soil environments / E. Bierque, R. Thibeaux, D. Girault [et al.] // PloS one. – 2020. – Vol. 15. – № 1. – P. e0227055.

52. A systematic review on leptospirosis in cattle: A European perspective / C. Sohm, J. Steiner, J. Jöbstl [et al.] // One Health. – 2023. – Vol. 17. – P. 100608

53. Adamu, S. Systematic Review of the Environmental and Socioeconomic Factors of Leptospirosis Transmission / S. Adamu, V. Neela // International Journal of Infectious Diseases. – 2023. – Vol. 130. – P. S139.

54. African swine fever: A global view of the current challenge. Vol. 1 / M. C. Gallardo, A. de la T. Reoyo, J. Fernández-Pinero [et al.] // Porcine Health Management. – 2023. – Vol. 130. – P. S139.

55. African Swine Fever (ASF) Trend Analysis in Wild Boar in Poland (2014–2020) / M. P. Frant, A. Gal-ciso, Ł. Bocian, A. Zi // Animals. – 2022. – Vol. 12. – № 9. – P. 1170.

56. African Swine Fever and Its Control Measures in Wild Boar: A " De Iure Conditio " Analysis in the European Union / S. Migliore, H. A. Hussein, P. Galluzzo [et al.] // Animals. – 2024. – Vol. 14. – № 1. – P. 14.

57. African Swine Fever Epidemiology and Control / L. K. Dixon, K. Stahl, F. Jori [et al.] // Annual Review of Animal Biosciences. – 2020. – Vol. 8. – P. 221-246.

58. African swine fever in wild boar / S. More, M. A. Miranda, D. Bicout [et al.]

// EFSA Journal. – 2018. – Vol. 16. – № 7. – P. 5344

59. African swine fever in wild boar: ecology and biosecurity / V. Guberti [et al.]. – Food & Agriculture Org., 2022. – Vol. 28.

60. African swine fever in wild boar in europe—a review / C. Sauter-Louis, F. J. Conraths, C. Probst [et al.] // Viruses. – 2021. – Vol. 13. – № 9. – P. 1717

61. African Swine Fever Survey in a European Context / A. De Torre, J. Bosch, S. Manuel [et al.] // Pathogens. – 2022. – Vol. 11. – № 2. – P. 137.

62. African swine fever virus survival in buried wild boar carcasses / L. Zani, M. Masiulis, P. Bušauskas [et al.] // Transboundary and Emerging Diseases. – 2020. – Vol. 67. – № 5. P. 2086–2092.

63. African swine fever virus introduction into the EU in 2014: Experience of Latvia / E. Oļševskis, V. Guberti, M. Seržants [et al.] // Research in Veterinary Science. – 2016. – Vol. 105. – P. 28-30.

64. Afshari Safavi, E. Assessing machine learning techniques in forecasting lumpy skin disease occurrence based on meteorological and geospatial features / E. Afshari Safavi // Tropical Animal Health and Production. – 2022. – Vol. 54. – № 55. – P. 11.

65. Aliyeva, C. Scientific Risk Assessment of Rabies / C. Aliyeva, S. Zeynalova // One Health Journal. – 2023. – Vol. 1. – № 1. – P. 47-52.

66. All Hands on Deck: Transdisciplinary Approaches to Emerging Infectious Disease / M.W. Parkes, L. Bienen, J. Breilh [et al.] // Ecohealth. – 2005. – Vol. 2. – № 4. – P. 258-272.

67. An Introductory Framework for Choosing Spatiotemporal Analytical Tools in Population-Level Eco-Epidemiological Research / K. S. T. Kanankege, J. Alvarez, L. Zhang, A. M. Perez // Frontiers in Veterinary Science. – 2020. – Vol. 7 - P. 339

68. Animal rabies: a systematic review / S. R. Nurumal, J. Mansor, M. Ghazali

[et al.] // Malaysian Journal of Public Health Medicine. – 2022. – Vol. 22. – № 3. – P. 145-152.

69. Anselin, L. Local Indicators of Spatial Association—LISA / L. Anselin // Geographical Analysis. – 1995. – Vol. 27. – № 2. – P. 93-115.

70. Applications of machine learning in animal and veterinary public health surveillance / J. Guitian, M. Arnold, Y. Chang, E. L. Snary // OIE Revue Scientifique et Technique. – 2023. – Vol. 42. – P. 230-241.

71. Application of Random Forest Algorithm on Feature Subset Selection and Classification and Regression / J. K. Jaiswal, R. Samikannu // Proceedings - 2nd World Congress on Computing and Communication Technologies, WCCCT 2017. – 2017. – P. 65-68.

72. Assessment of the factors for the presence of wild boar near outdoor and extensive pig farms in two areas of Eastern Europe / M. Sebastián-Pardo, E. Laguna, S. Csányi [et al.] // EFSA Journal. – 2023. – Vol. 20. – № 5. – 87 pp.

73. Azócar-Aedo, L. Basic Aspects and Epidemiological Studies on Leptospirosis Carried Out in Animals in Chile: A Bibliographic Review / L. Azócar-Aedo // Tropical Medicine and Infectious Disease. – 2023. – Vol. 8. – № 2. – P. 97.

74. Baldwin R.A. Use of Maximum Entropy Modeling in Wildlife / R.A. Baldwin // Entropy– 2009. – Vol. 11. – № 4. – P. 854-866.

75. Bellini, S. Preventive measures aimed at minimizing the risk of African swine fever virus spread in pig farming systems / Acta Vet Scand S. Bellini, D. Rutili, V. Guberti. –2016. Vol. 58. – P. 82

76. Big data–model integration and AI for vector-borne disease prediction / D. P. C. Peters, D. S. McVey, E. H. Elias [et al.] // Ecosphere. – 2020. – Vol. 11. – № 6. – P. e03157

77. Biosecurity levels and farm characteristics of African swine fever outbreak and unaffected farms in Estonia—what can be learned from them? / A. Viltrop, K. Reimus, T. Niine, K. Mõtus // *Animals*. – 2022. – Vol. 12. – № 1. – P. 68
78. Blome, S. African swine fever – A review of current knowledge / S. Blome, K. Franzke, M. Beer // *Virus Research*. – 2020. – Vol. 287. – P. 198099.
79. Bradley, E. A. Leptospirosis and the Environment: A Review and Future Directions / E. A. Bradley, G. Lockaby // *Pathogens*. – 2023. – Vol. 12. – № 9. – P. 1167
80. Brunn J. Humans, wildlife and hunting: Prospects for a comprehensive health monitoring system / J. Brunn, P.H. Bréchat // *Médecine & Droit*. – 2024. – Vol. 185. – P. 37-46
81. Cartographical analysis of African swine fever outbreaks in the territory of the Russian Federation and computer modeling of the basic reproduction ratio / V. M. Gulenkin, F. I. Korennoy, A. K. Karaulov, S. A. Dudnikov // *Preventive Veterinary Medicine*. – 2011. – Vol. 102. – № 3. – P. 167-174.
82. Cheng, J. Risk factors for the spread of African Swine Fever in China: A systematic review of Chinese-language literature / J. Cheng, M. P. Ward // *Transboundary and Emerging Diseases*. – 2022. – Vol. 69. – № 5. – P. e1289-e1298.
83. Comparison of ARIMA and Random Forest time series models for prediction of avian influenza H5N1 outbreaks / M. J. Kane, N. Price, M. Scotch, P. Rabinowitz // *BMC Bioinformatics*. – 2014. – Vol. 15. – № 1. – P. 276
84. Comparison of GARP and Maxent in modelling the geographic distribution of *Bacillus anthracis* in Zimbabwe / S. M. Chikerema, I. Gwitira, A. Murwira [et al.] // *Zimbabwe Veterinary Journal*. – 2017. – Vol. 35. – № 01. – P. 1-6.
85. Correction: Crossing the Interspecies Barrier: Opening the Door to Zoonotic Pathogens / C. Gortazar, L. A. Reperant, T. Kuiken [et al.] // *PLOS Pathogens*. – 2014. – Vol. 10. – № 6. – P. e1004129.

86. Cross-correlation and time series analysis of rabies in different animal species in Nepal from 2005 to 2018 / S. P. Shrestha, W. Chaisowwong, M. Upadhyaya [et al.] // *Heliyon*. – 2024. – Vol. 10. – № 3. – P. e25773.

87. Current and potential use of animal disease data by stakeholders in the global south and north / D. Grace, K. Amenu, C. J. Daborn [et al.] // *Preventive Veterinary Medicine*. – 2024. – Vol. 226. – P. 106189.

88. Current understanding of the airborne transmission of important viral animal pathogens in spreading disease / A. La, Q. Zhang, N. Cicek, K. M. Coombs // *Biosystems Engineering*. – 2022. – Vol. 224. – P. 92-117.

89. Cwynar, P. African Swine Fever Status in Europe / P. Cwynar, J. Stojkov, K. Wlazlak // *Viruses*. – 2019. – Vol. 11. – № 4. – P. 310.

90. Dallas, T. A. Testing predictability of disease outbreaks with a simple model of pathogen biogeography / T. A. Dallas, C. J. Carlson, T. Poisot // *Royal Society Open Science*. – 2019. – Vol. 6. – № 11. – P. 190883

91. Data-driven agent-based model building for animal movement through Exploratory Data Analysis / D. J. Butts, N. E. Thompson, S. A. Christensen [et al.] // *Ecological Modelling*. – 2022. – Vol. 470. – P. 110001.

92. Delving into Machine Learning's Influence on Disease Diagnosis and Prediction / B. Shivahare, J. Singh, V. Ravi [et al.] // *Open Public Health Journal*. – 2024. – Volume 17. – P. e18749445297804

93. Deployment of an intelligent and secure cattle health monitoring system / J. Arshad, T. A. Siddiqui, M. I. Sheikh [et al.] // *Egyptian Informatics Journal*. – 2023. – Vol. 24. – № 2. – P. 265-275.

94. Development of African Swine Fever in Poland / G. Timpanaro, E. Zbieta, J. Szymá Nska, M. Dziwulaki. // *Agriculture*. – 2022. – Vol. 12. – № 1. – P. 119.

95. Dixon, L. K. African swine fever / L. K. Dixon, H. Sun, H. Roberts // *Antiviral Research*. – 2019. – Vol. 165. – P. 34-41.

96. Domínguez-Almendros, S. Logistic regression models / S. Domínguez-Almendros, N. Benítez-Parejo, A. R. Gonzalez-Ramirez // *Allergol Immunopathol (Madr)*. – 2011. – Vol. 39. – № 5. – P. 295-305
97. Drivers, risk factors and dynamics of african swine fever outbreaks, southern highlands, Tanzania / F. O. Fasina, H. Kissinga, F. Mlowe [et al.] // *Pathogens*. – 2020. – Vol. 9. – № 3. – P. 155.
98. EarthExplorer. [Электронный ресурс]. – URL: <https://earthexplorer.usgs.gov/>. – (дата обращения: 24.10.2020).
99. Ecological and environmental factors affecting the risk of tick-borne encephalitis in Europe, 2017 to 2021 / F. Dagostin, V. Tagliapietra, G. Marini [et al.] // *Eurosurveillance*. – 2023. – Vol. 28. – № 42. – P. 2300121
100. Ecological Niche Modeling of Aedes and Culex Mosquitoes: A Risk Map for Chikungunya and West Nile Viruses in Zambia / R. M. Velu, G. Kwenda, S. Bosomprah [et al.] // *Viruses*. – 2023. – Vol. 15. – № 9. – P. 1900.
101. Ecological niche modeling re-examined: A case study with the Darwin's fox / Escobar, L. E. Ecological Niche Modeling: An Introduction for Veterinarians and Epidemiologists / L. E. Escobar, H. Qiao, J. Cabello, A.T. Peterson // *Ecology and Evolution*. – 2018. – Vol. 8. – № 10. – P. 4757-4770.
102. Endo, A. Predicting the Spread of Vector-Borne Diseases in a Warming World / A. Endo, P. Amarasekare // *Frontiers in Ecology and Evolution*. – 2022. – Vol. 10. – P. 758277
103. Environmental and Behavioural Determinants of Leptospirosis Transmission: A Systematic Review / M. A. Mwachui, L. Crump, R. Hartskeerl [et al.] // *PLoS Neglected Tropical Diseases*. – 2015. – Vol. 9. – № 9. – P. e0003843.
104. Environmental and Occupational Factors Associated with Leptospirosis: A Systematic Review / M. Baharom, N. Ahmad, R. Hod [et al.] // *Heliyon*. – 2023. – Vol. 10. – № 1. – P. e23473.

105. Environmental risk factors of leptospirosis in urban settings: A systematic review protocol / M. H. A. Mutalip, M. A. F. Mahmud, N. A. Lodz [et al.] // *BMJ Open*. – 2019. – Vol. 9. – № 1. – P. e023359.

106. Epidemiological analyses of African swine fever in the European Union: (September 2020 to August 2021) / J. V. Baños, A. Boklund, A. Gogin [et al.] // *EFSA Journal*. – 2022. – Vol. 20. – № 5. – P. 7290

107. Epidemiological analysis of African swine fever in the European Union (September 2019 to August 2020) / D. Desmech, G. Gerbier, C.G. Schmidt [et al.] // *EFSA Journal*. – 2021. – Vol. 19. – № 5. – P. 6572

108. Epidemiological aspects of leptospirosis in cattle herds from indigenous reserves / A. S. Guedelha, D. da S. A. Guedelha, A. K. A. Sousa [et al.] // *Acta Veterinaria Brasilica*. – 2019. – Vol. 13. – № 3. – P. 126-134.

109. Epidemiology, transmission dynamics, risk factors, and future directions of rabies in the Arabian Peninsula using one health approach: a review / M.M. Islam, A. Naeem, P.P. Mshelbwala [et al.] // *European Journal of Public Health*. – 2025. – Vol. 3. – № 1. – P. i14-i22.

110. Ertl, H. C. J. Rabies and Rabies Vaccines / H. C. J. Ertl. – Philadelphia: USA – 2020. – 1-205 p.

111. Escobar, L. E. Ecological Niche Modeling: An Introduction for Veterinarians and Epidemiologists / L. E. Escobar // *Frontiers in Veterinary Science*. – 2020. – Vol. 7. – P. 519059.

112. Evaluation of biological and socio-economic factors related to persistence of African swine fever in Sardinia / S. Cappai, S. Rolesu, A. Coccollone [et al.] // *Preventive Veterinary Medicine*. – 2018. – Vol. 152. – P. 1-11.

113. Fernando F.R., Dorin R.R., Saravanan M. Disease Prediction Using Machine Learning, 2023 2nd International Conference on Vision Towards Emerging Trends in Communication and Networking Technologies (ViTECoN),

114. Flis, M. Rabies in Europe in 2010–2019 / M. Flis // Bulgarian Journal of Veterinary Medicine. – 2021. – Vol. 24. – № 4. – P. 544-558.
115. Forecasting zoonotic infectious disease response to climate change: Mosquito vectors and a changing environment / A. W. Bartlow, C. Manore, C. Xu [et al.] // Veterinary Sciences. – 2019. – Vol. 6. – № 2. – P. 40
116. Fox, J. An R Companion to Applied Regression / J. Fox, S. Weisberg // Thousand Oaks CA: Sage. – Third Edition – 2019. – P. 608.
117. Foxes at your front door? Habitat selection and home range estimation of suburban red foxes (*Vulpes vulpes*) / H. T. Kobryn, E. J. Swinhoe, P. W. Bateman [et al.] // Urban Ecosystems. – 2023. – Vol. 26. – P. 1-17.
118. Gervasi, V. African swine fever endemic persistence in wild boar populations: Key mechanisms explored through modelling / V. Gervasi, V. Guberti // Transboundary and Emerging Diseases. – 2021. – Vol. 68. – № 5. – P. 2812-2825.
119. Gervasi, V. Estimating the risk of environmental contamination by forest users in African Swine Fever endemic areas / V. Gervasi, A. Marcon, V. Guberti // Acta Veterinaria Scandinavica. – 2022. – Vol. 64. – P. 16.
120. Gibson, A. K. Evolution and Ecology of Parasite Avoidance / A. K. Gibson, C. R. Amoroso // Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics. – 2022. – Vol. 53. – P. 47-67.
121. Goszczyński, J. Changes in the density and spatial distribution of red fox dens and cub numbers in central Poland following rabies vaccination / J. Goszczyński, M. Misiorowska, S. Juszko // Acta Theriologica. – 2008. – Vol. 53. – № 2. – P. 121-127.
122. Hamed, K. H. The distribution of Kendall's tau for testing the significance of cross-correlation in persistent data / K. H. Hamed // Hydrological Sciences Journal. – 2011. – Vol. 56. – № 5. – P. 841-853.

123. Harnessing functional feed additives for sustainable production: the role of *Bacillus coagulans* and *Paenibacillus polymyxa* mixture in improving production and health of meat-type quails / F. M. Reda, M. Alagawany, A. S. Salah [et al.] // *Frontiers in Veterinary Science*. – 2025. – Vol. 12. – P. 1639681
124. Hartskeer, R. A. The Role of Leptospirosis Reference Laboratories / R. A. Hartskeer, L. D. Smythe. // *Current Topics in Microbiology and Immunology*. – 2015. – Vol. 387. – P. 273-288.
125. Hilbe, J.M. Negative Binomial Regression, second edition / J.M. Hilbe. – 2nd Edition. Cambridge University Press: New York. – 2011. – P. 553.
126. How to make more from exposure data? An integrated machine learning pipeline to predict pathogen exposure / N. M. Fountain-Jones, G. Machado, S. Carver [et al.] // *Journal of Animal Ecology*. – 2019. – Vol. 88. – № 10. – P. 1447-1461.
127. Hsu, C. H. Space–Time Dynamics of African Swine Fever Spread in the Philippines / C. H. Hsu, M. Montenegro, A. Perez // *Microorganisms*. – 2023. – Vol. 11. – № 6. – P. 1492
128. Human Leptospirosis Infection in Fiji: An Eco-epidemiological Approach to Identifying Risk Factors and Environmental Drivers for Transmission / C.L. Lau, C.H. Watson, J.H. Lowry [et al.] // *PLoS Neglected Tropical Diseases*. – 2016. – Vol. 10. – № 1. – P. e0004405.
129. Hypothesis Testing in the Bayesian Framework / S. Shikano // *Swiss Political Science Review*. – 2019. – Vol. 25. – № 3. – P. 288-299.
130. Identification of Risk Factors for African Swine Fever: A Systematic Review / H. Bergmann, J. Dups-Bergmann, K. Schulz [et al.] // *Viruses*. – 2022. – Vol. 14. – № 10. – P. 2107.
131. Incidence, risk factors, and control of Rabies in Ethiopia: A systematic review and meta-analysis / B. T. Regassa, W. Tosisa, D. Eshetu [et al.] // *PLoS Neglected Tropical Diseases*. – 2025. – Vol. 19. – № 3. – P. e0012874.

132. Infection prediction in swine populations with machine learning / A. Halev, B. Martínez-López, M. Clavijo [et al.] // *Scientific Reports*. – 2023. – Vol. 13. – P. 17738.
133. Informatics progress of the Global Burden of Animal Diseases programme towards data for One Health / K. Raymond, N. BenSassi, G. T. Patterson [et al.] // *OIE Revue Scientifique et Technique*. – 2023. – Vol. 42. – P. 218-229.
134. Introduction of African Swine Fever into the European Union through Illegal Importation of Pork and Pork Products / S. Costard, B. A. Jones, B. Martínez-López [et al.] // *PLOS ONE*. – 2013. – Vol. 8. – № 4. – P. e61104.
135. ISRIC -- World Soil Information. [Электронный ресурс]. – URL: isric.org/. – (дата обращения: 25.09.2025).
136. Jiménez-Valverde, A. The uniform AUC: Dealing with the representativeness effect in presence-absence models / A. Jiménez-Valverde. // *Methods in Ecology and Evolution*. – 2022. – Vol. 13. – № 6. – P. 1224-1236.
137. Land cover map of Russia derived from Proba-V satellite data / V. A. Egorov, S. A. Bartalev, P. A. Kolbudaev [et al.] // *Sovrem. Probl. Distantcionnogo Zo. Zemli iz Kosmosa*. – 2018. – Vol. 15. – № 2. – P. 282-286.
138. Landscape, Socioeconomic, and Meteorological Risk Factors for Canine Leptospirosis in Urban Sydney (2017–2023): A Spatial and Temporal Study / X. Lu, C. Griebisch, J. M. Norris, M. P. Ward // *Veterinary Sciences*. – 2023. – Vol. 10. – № 12. – P. 697.
139. Lauron, H. J. An integrated fuzzy multi-criteria decision-making model for determining the interdependencies among the african swine fever spread factors / H. J. Lauron, D. P. M. Abellana // *Decision Analytics Journal*. – 2024. – Vol. 11. – P. 100454.
140. Leblond, A. West Nile Virus Outbreak Detection Using Syndromic Monitoring in Horses / A. Leblond, P. Hendriks, P. Sabatier. // *Vector Borne Zoonotic Disease*. – 2007. – Vol. 7. – № 3. – P. 403-410.

141. Leptospira and leptospirosis / T. R. Fraga, E. Carvalho, L. Isaac, A. S. Barbosa // Molecular Medical Microbiology, Third Edition. – 2024. – P. 1849-1871.
142. Leptospirosis, Climate and Satellite-based Environmental Factors: A Temporal Modeling / P. W. Dhewantara, W. Hu, W. Zhang [et al.] // Online Journal of Public Health Informatics. – 2019. – Vol. 11. – № 1. – P. e396.
143. Leptospirosis trends in China, 2007–2018: A retrospective observational study / H. Zhang, C. Zhang, Y. Zhu [et al.] // Transboundary and Emerging Diseases. – 2020. – Vol. 67. – № 3. – P. 1119-1128.
144. Lessons Learned From the Stakeholder Engagement in Research: Application of Spatial Analytical Tools in One Health Problems / K. S. T. Kanankege, N. B. D. Phelps, H. M. Vesterinen [et al.] // Frontiers in Veterinary Science. – 2020. – Vol. 7. – P. 254.
145. Literature review on worldwide surveillance systems targeting transboundary zoonotic and emerging diseases within the holistic One-Health perspective / S. Zanet, R. Vada, F. Benatti [et al.] // EFSA Journal. – 2022. – Vol. 19. – № 12. – P. EN-7767
146. Local rabies transmission and regional spatial coupling in European foxes / L. Baker, J. Matthiopoulos, T. Müller [et al.] // PLOS ONE. – 2020. – Vol. 15. – № 5. – P. e0220592.
147. Machine Learning-based Prediction of African Swine Fever (ASF) in Pigs / R. M. Nadeem, S. zia ullah, M. T. Tahir Bajwa [et al.] // VFAST Transactions on Software Engineering. – 2024. – Vol. 12. – № 3. – P. 199-216.
148. Malik, Y. Emerging and Transboundary Animal Viruses / Y. Malik, R. K. Singh, M. P. Yadav. – Series Editor: Yashpal Singh Malik. – 2020. – 27-55 p.
149. Mamun, A. Model Selection in Generalized Linear Models / A. Mamun, S. Paul // Symmetry. – 2023. – Vol. 15. – № 10. – P. 1905.

150. Mapping risk of leptospirosis in China using environmental and socioeconomic data / J. Zhao, J. Liao, X. Huang [et al.] // BMC Infectious Diseases. – 2016. – Vol. 16. – P. 343.

151. Mathematical modeling in perspective of vector-borne viral infections: a review / R. Prasad, S. K. Sagar, S. Parveen, R. Dohare // Beni-Suef University Journal of Basic and Applied Sciences. – 2022. – Vol. 11. – P. 102

152. Maximum entropy modeling of species geographic distributions / S. B. Phillips, R.P. Anderson, R.E. Schapire // Ecological Modelling. – 2006. – Vol. 190. – № 3-4. – P. 231-259.

153. Maximum entropy modeling risk of anthrax in the Republic of Kazakhstan / S. K. Abdrakhmanov, Y. Y. Mukhanbetkaliyev, F. I. Korennoy [et al.] // Preventive Veterinary Medicine. – 2017. – Vol. 144. – P. 149-157.

154. Migratory Wave due to Conflicts: Risk of Increased Infection From Zoonotic Diseases / S. Salajegheh Tazerji, P. Magalhães Duarte, R. Gharieb [et al.] // Transboundary and Emerging Diseases. – 2025. – Vol. 2025. – P. 5571316.

155. Modelling control strategies against classical swine fever: Influence of traders and markets using static and temporal networks in Ecuador / A. Acosta, N. C. Cardenas, C. Imbacuan [et al.] // Preventive Veterinary Medicine. – 2022. – Vol. 205. – P. 105683.

156. Modelling the Spatial Distribution of ASF-Positive Wild Boar Carcasses in South Korea Using 2019-2020 National Surveillance Data / J. S. Lim, T. Vergne, S. Il Pak, E. Kim // Animals. – 2021. – Vol. 11. – № 5. – P. 1208

157. Monitoring of African Swine Fever in the Wild Boar Population of the Most Recent Endemic Area of Spain / L. Mur, M. Boadella, B. Martínez-López [et al.] // Transboundary and Emerging Diseases. – 2012. – Vol. 59. – № 6. – P. 526-531.

158. Multicollinearity in Regression Analyses Conducted in Epidemiologic Studies / K. P. Vatcheva, M. Lee, J.B. McCormick, M.H. Rahbar // Epidemiology: Open Access. – 2016. – Vol. 6. – № 2. – P. 16.

159. New Prairie Press Variance inflation factors in regression models with / L. Murray, H. Nguyen, Y. Lee [et al.] // Conference on Applied Statistics in Agriculture 2012 - 24th Annual Conference Proceedings – 2012. – P. 1-18.

160. Notobroto, H. B. Sociodemographic, behavioral, and environmental factors associated with the incidence of leptospirosis in highlands of Ponorogo Regency, Province of East Java, Indonesia / H. B. Notobroto, Y. A. Mirasa, F. S. Rahman // Clinical Epidemiology and Global Health. – 2021. – Vol. 12. – P. 100911.

161. Nuha, N. F. Literature Review: Relationship of Environmental Risk Factors and the Incidence of Leptospirosis in Settlements (2018–2023) / N. F. Nuha, N. A. Aprilianintyas, D. Novitasari // Jurnal Kesehatan Lingkungan. – 2023. – Vol. 15. – № 3. – P. 235-246.

162. One health zoonotic disease prioritization and systems mapping: An integration of two One Health tools / K. Varela, G. Goryoka, A. Suwandono [et al.] // Zoonoses and Public Health – 2023. – Vol. 70. – № 2. – P. 146-159.

163. OpenStreetMap. [Электронный ресурс]. – URL: www.openstreetmap.org/#map=3/69.62/-74.90. – (дата обращения: 01.10.2025).

164. Park, H. A. An introduction to logistic regression: From basic concepts to interpretation with particular attention to nursing domain / H. A. Park // Journal of Korean Academy of Nursing. – 2013. – Vol. 43. – № 2. – P. 154-164.

165. Pathak, R. K. Veterinary systems biology for bridging the phenotype–genotype gap via computational modeling for disease epidemiology and animal welfare / R. K. Pathak, J. M. Kim // Briefings in Bioinformatics. – 2024. – Vol. 25. – № 2. – P. bbae025.

166. Phillips, S.J. Maximum Entropy Modeling of Species Geographic Distributions / S.J. Phillips, R.P. Anderson, R.E. Schapire // Ecological Modelling. – 2006. – Vol. 190. – № 3-4. – P. 231-259

167. Phillips, S. J. Modeling of species distributions with Maxent: New extensions and a comprehensive evaluation / S. J. Phillips, M. Dudík // *Ecography*. – 2008. – Vol. 31. – № 2. – P. 161-175.

168. Pillai, N. Mathematical and Artificial Intelligence Models for Zoonotic Foodborne Pathogens: A Survey / N. Pillai, M. Ramkumar, B. Nanduri // *Microorganisms*. – 2022. – Vol. 10. – № 10. – P. 1911.

169. Predicting infectious disease for biopreparedness and response: A systematic review of machine learning and deep learning approaches / R. Keshavamurthy, S. Dixon, K. T. Pazdernik, L. E. Charles // *One Health*. – 2022. – Vol. 15. – P. 100439.

170. Predicting spread and effective control measures for African swine fever—Should we blame the boars? / R. A. Taylor, T. Podgórski, R. R. L. Simons [et al.] // *Transboundary and Emerging Diseases*. – 2021. – Vol. 68. – № 2. – P. 397-416.

171. Rabies transmission in the Arctic: An agent-based model reveals the effects of broad-scale movement strategies on contact risk between Arctic foxes / O. Tardy, C. Lenglos, S. Lai [et al.] // *Ecological Modelling*. – 2023. – Vol. 476. – P. 110207.

172. Rachmawati, I. Literature Review: Environmental Risk Factors of Leptospirosis in Indonesia / I. Rachmawati, M. S. Adi, Nurjazuli // *Poltekita: Jurnal Ilmu Kesehatan*. – 2023. – Vol. 16. – № 4. – P. 505-512

173. Relevant measures to prevent the spread of African Swine Fever in the European Union Domestic Pig Sector / C. Jurado, M. Martínez-Avilés, A. D. La Torre [et al.] // *Frontiers Veterinary Science*. – 2018. – Vol. 16. – № 5. – P. 77.

174. Reproductive Ratio for the Local Spread of African Swine Fever in Wild Boars in the Russian Federation / I. Iglesias, M. J. Muñoz, F. Montes [et al.] // *Transboundary and Emerging Diseases*. – 2016. – Vol. 63. – № 6. – P. e237-e245.

175. Research gap analysis on African swine fever / J. Álvarez, D. Bicout, A. Boklund [et al.] // *EFSA Journal*. – 2019. – Vol. 17. – № 8. – P. 5811.

176. Research objectives to fill knowledge gaps in African swine fever virus survival in the environment and carcasses, which could improve the control of African swine fever virus in wild boar populations / S. S. Nielsen, J. Alvarez, D. J. Bicout [et al.] // EFSA journal. – 2021. – Vol. 19. – № 6. – P. 6675.

177. Risk and protective factors for ASF in domestic pigs and wild boar in the EU, and mitigation measures for managing the disease in wild boar / A. E. Boklund, K. Ståhl, M. Á. Miranda Chueca [et al.] // EFSA Journal. – 2024. – Vol. 22. – P. e9095.

178. Risk of African swine fever virus transmission among wild boar and domestic pigs in Poland / K. M. Pepin, T. Borowik, M. Frant [et al.] // Frontiers in Veterinary Science. – 2023. – Vol. 10. – P. 1295127.

179. Risk Prediction and Variable Analysis of Pine Wilt Disease by a Maximum Entropy Model / Z. Hao, G. Fang, W. Huang [et al.] // Forests. – 2022. – Vol. 13. – № 2. – P. 342.

180. Role of molecular genetic methods for avian influenza diagnostics in the epizootological monitoring system / S. Maryna, O. Pishchanskyi, A. Mezhenyskyi [et al.] // International Journal of Infectious Diseases. – 2019. – Vol. 79. – № 1. – P. 96.

181. Rubel, F. Tick-borne encephalitis incidence forecasts for Austria, Germany, and Switzerland / F. Rubel, K. Brugger // Ticks and Tick-borne Diseases. – 2020. – Vol. 11. – № 5. – P. 101437.

182. Rupprecht, C. Lyssaviruses and rabies: Current conundrums, concerns, contradictions and controversies / C. Rupprecht, I. Kuzmin, F. Meslin // F1000Research. – 2017. – Vol. 6. – P. 184.

183. Seasonality and Ecological Suitability Modelling for Anthrax (*Bacillus anthracis*) in Western Africa / C. Pittiglio, S. Shadomy, A. El Idrissi [et al.] // Animals. – 2022. – Vol. 12. – № 9. – P. 1146.

184. Seeking the environmental source of Leptospirosis reveals durable bacterial viability in river soils / R. Thibeaux, S. Geroult, C. Benezech [et al.] // PLoS Neglected Tropical Diseases. – 2017. – Vol. 11. – № 2. – P. e0005414

185. Socio-economic factors as indicators for various animal diseases in Sardinia / F. Loi, A. Laddomada, A. Coccollone [et al.] // PLOS ONE. – 2019. – Vol. 14. – № 6. – P. e0217367.

186. Spatial and functional organization of pig trade in different european production systems: Implications for disease prevention and control / A. Relun, V. Grosbois, J. M. Sánchez-Vizcaíno [et al.] // Frontiers in Veterinary Science. – 2016. – Vol. 3. – P. 4.

187. Spatial-temporal risk factors in the occurrence of rabies in Mexico / R. Ortega-Sánchez, I. Bárcenas-Reyes, J. Luna-Cozar [et al.] // Geospatial Health. – 2024. – Vol. 19. – № 1.

188. Spatio-temporal cluster analysis and transmission drivers for Peste des Petits Ruminants in Uganda / J. Nkamwesiga, F. Korennoy, P. Lumu et al. // Transboundary and Emerging Diseases. – 2022. – Vol. 69. – № 5. – P. e1642-e1658.

189. Spatiotemporal clustering and Random Forest models to identify risk factors of African swine fever outbreak in Romania in 2018–2019 / M. Andraud, S. Bougeard, T. Chesnoiu, N. Rose. // Scientific Reports. – 2021. – Vol. 11. – P. 2098.

190. Sroka, C. J. Odds ratios from logistic, geometric, Poisson, and negative binomial regression models / C. J. Sroka, H. N. Nagaraja // BMC medical research methodology. – 2018. – Vol. 18. – P. 112.

191. Stability of African Swine Fever Virus in Soil and Options to Mitigate the Potential Transmission Risk / J. Carlson, M. Fischer, L. Zani [et al.] // Pathogens. – 2020. – Vol. 9. – № 11. – P. 977.

192. Stoltzfus, J. C. Logistic regression: A brief primer / J. C. Stoltzfus // Academic Emergency Medicine. – 2011. – Vol. 18. – № 10. – P. 1099-1104.

193. Strategic risk factor selection in disease risk mapping applied to the African swine fever outbreak in Sweden / H. Kim, E. Chenais, C. Hultén [et al.] // *Preventive Veterinary Medicine*. – 2025. – Vol. 242. – P. 106576.

194. Surveillance and response strategies for zoonotic diseases: a comprehensive review / M. Sharan, D. Vijay, J. P. Yadav [et al.] // *Science in One Health*. – 2023. – Vol. 2. – P. 100050.

195. Swearengen, J. R. Choosing the right animal model for infectious disease research / J. R. Swearengen // *Animal Models and Experimental Medicine*. – 2018. – Vol. 1. – № 2. – P. 100-108.

196. Tadesse, B. Application of Geographical Information System in Animal Disease Surveillance and Control: A Review / B. Tadesse, A. Amare // *Ethiopian Veterinary Journal*. – 2021. – Vol. 25. – № 1. – P. 128-143.

197. Taylor, K. E. An overview of CMIP5 and the experiment design. Vol. 93 / K. E. Taylor, R. J. Stouffer, G. A. Meehl // *American Meteorological Society*. – 2012. – Vol. 93. – № 4. – P. 485-498.

198. Tenzin. Anthropogenic and environmental risk factors for rabies occurrence in Bhutan / Tenzin, N. K. Dhand, M. P. Ward // *Preventive Veterinary Medicine*. – 2012. – Vol. 107. – № 1-2. – P. 21-26.

199. The association between natural drinking water sources and the emergence of zoonotic leptospirosis among grazing beef cattle herds during a human outbreak / L. Zamir, M. Baum, S. Bardenstein [et al.] // *One Health*. – 2022. – Vol. 14. – P. 100372.

200. The impact of transmission dynamics of rabies control: Systematic review / W. Rattanavipapong, M. Thavorncharoensap, S. Youngkong [et al.] // *Vaccine*. – 2019. – Vol. 37. – N 1. – P. A154-A165.

201. The Importance of Accurate Host Species Identification in the Framework of Rabies Surveillance, Control and Elimination / P. De Benedictis, S. Leopardi, W. Markotter, A. Velasco-Villa // *Viruses*. – 2022. – Vol. 14. – № 3. – P. 492.

202. The Risk of Infection by African Swine Fever Virus in European Swine Through Boar Movement and Legal Trade of Pigs and Pig Meat / R. A. Taylor, R. Condoleo, R. R. L. Simons [et al.] // *Frontiers in Veterinary Science*. – 2020. – Vol. 6. – P. 486.

203. The Role of the Wild Boar Spreading African Swine Fever Virus in Asia: Another Underestimated Problem / E. Cadenas-Fernández, S. Ito, C. Aguilar-Vega [et al.] // *Frontiers in Veterinary Science*. – 2022. – Vol. 9. – P. 844209.

204. Thompson, R. N. Preface to theme issue "Modelling infectious disease outbreaks in humans, animals and plants: Epidemic forecasting and control" / R. N. Thompson, E. Brooks-Pollock // *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*. – 2019. – Vol. 374. – P. 20190375.

205. Time series analysis and forecasting of the number of canine rabies confirmed cases in Thailand based on national-level surveillance data / V. Punyapornwithaya, W. Thanapongtharm, C. Jainonthee [et al.] // *Frontiers in Veterinary Science*. – 2023. – Vol. 10. – P. 1294049.

206. Tools and opportunities for African swine fever control in wild boar and feral pigs: a review / P. Palencia, S. Blome, R.K. Brook [et al.] // *European Journal of Wildlife Research*. – Vol. 69. – P. 69.

207. Transboundary spread of pig diseases: The role of international trade and travel. Vol. 15 / D. Beltran-Alcrudo, J. R. Falco, E. Raizman, K. Dietze // *BMC Veterinary Research*. – 2019. – Vol. 15. – P. 64.

208. Transmission modelling of environmentally persistent zoonotic diseases: a systematic review / E. M. Rees, A. Minter, W. J. Edmunds [et al.] // *The Lancet Planetary Health*. – 2021. – Vol. 5. – № 7. – P. e466-e478.

209. U.S. Climate Thresholds - LOCA RCP 8.5 Early Century. – URL: . – (дата обращения: 25.09.2025).

210. Use of a voluntary testing program to study the spatial epidemiology of Johne's disease affecting dairy herds in Minnesota: A cross sectional study / K. S. T.

Kanankege, G. Machado, L. Zhang [et al.] // BMC Veterinary Research. – 2019. – Vol. 15. – № 1. – P. 429.

211. Variation in host home range size decreases rabies vaccination effectiveness by increasing the spatial spread of rabies virus / K. M. McClure, A. T. Gilbert, R. B. Chipman [et al.] // Journal of Animal Ecology. – 2020. – Vol. 89. – № 6. – P. 1375-1386.

212. Venables, W. N. Modern Applied Statistics with S / W. N. Venables, B. D. Ripley. – 4th Edition. Springer New York, NY. – 2002. – P. 498.

213. Volodin, E. M. Simulating present-day climate with the INMCM4.0 coupled model of the atmospheric and oceanic general circulations / E. M. Volodin, N. A. Dianskii, A. V. Gusev // Izvestiya - Atmospheric and Ocean Physics. – 2010. – Vol. 46. – № 4. – P. 414-431.

214. Wardeh, M. Integration of shared-pathogen networks and machine learning reveals the key aspects of zoonoses and predicts mammalian reservoirs / M. Wardeh, K. J. Sharkey, M. Baylis // Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences. – 2020. – Vol. 287. – № 1920. – P. 20192882.

215. Warren, D. L. Ecological niche modeling in Maxent: the importance of model complexity and the performance of model selection criteria / D. L. Warren, S. N. Seifert. – 2011. – Vol. 21. – № 2. – P. 335-342.

216. Wild boar ecology: a review of wild boar ecological and demographic parameters by bioregion all over Europe / P. Pascual-Rico, P. Acevedo, M. Apollonio [et al.] // EFSA Journal. – 2022. – Vol. 19. – № 3. – 27 pp.

217. Woolhouse, M. How to make predictions about future infectious disease risks / M. Woolhouse // Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences. – 2011. – Vol. 366. – P. 2045-2054.

218. World Organization for Animal Health. WAHIS. [Электронный ресурс]. – URL: <https://www.woah.org/>. – (дата обращения: 22.06.2023).

219. World Terrestrial Ecosystems [Электронный ресурс]. – URL: <https://www.arcgis.com/apps/mapviewer/index.html?layers=926a206393ec40a590d8caf29ae9a93e> – Загл. с экрана (дата обращения: 25.09.2025).

220. Yatbantoong N. Factors Associated with Leptospirosis in Domestic Cattle in Salakphra Wildlife Sanctuary, Thailand / N. Yatbantoong, R. Chaiyarat // International Journal of Environmental Research and Public Health. – 2019. – Vol. 16. – № 6. – P. 1042.

221. Zeileis, A. Regression models for count data in R / A. Zeileis, C. Kleiber, S. Jackman // Journal of Statistical Software. – 2008. – Vol. 27. – № 8. – P. 1-25.

222. Zhang, D. Post-model-selection inference in linear regression models: An integrated review / D. Zhang, A. Khalili, M. Asgharian // Statistics Surveys. – 2022. – Vol. 16. –P. 86-136.

223. Zoning the territory of the Republic of Kazakhstan as to the risk of rabies among various categories of animals / S. K. Abdrakhmanov, A. A. Sultanov, K. K. Beisembayev et al. // Geospatial Health. – 2016. – Vol. 11. – № 2. – P. 429.

ПРИЛОЖЕНИЯ**Приложение 1**

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение
«Федеральный исследовательский центр вирусологии и микробиологии»
(ФГБНУ ФИЦВиМ)

УТВЕРЖДАЮ

Директор ФГБНУ ФИЦВиМ

Колбасов Д.В.



«26» 04 2024 г.

МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ

по организации и проведению противозoonотических мероприятий для
предупреждения распространения африканской чумы свиней в дикой фауне

Вольгинский 2024

УДК: 619:616.98:578.842.1: 591.9-036.22

Авторы:

Захарова О.И.	научный сотрудник лаборатории эпизоотологии и биоинформатики
Коренной Ф.И.	главный научный сотрудник, канд. геогр. наук
Гасанов Р.Р.	начальник группы, канд. вет. наук
Бурова О.А.	заместитель руководителя группы
Яшин И.В.	директор ННИВИ-филиала ФГБНУ ФИЦВиМ, канд. биол. наук
Блохин А.А.	заведующий лабораторией эпизоотологии и биоинформатики, канд. вет. наук

Методические рекомендации предназначены для специалистов учреждений ветеринарного профиля, природопользователей, научно-педагогических работников, студентов и аспирантов высших учебных заведений.

Рецензенты:

Е.П. Сисягина, д-р. биол. наук, проф. (ФГБОУ ВО «Нижегородский государственный агротехнологический университет»); С.Ж. Цыбанов, д-р. биол. наук, проф. (ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр вирусологии и микробиологии).

Методические рекомендации рассмотрены и рекомендованы к утверждению на заседании Объединенного ученого совета ФГБНУ ФИЦВиМ «25» апреля 2024 г., протокол № 17

ВВЕДЕНА В ДЕЙСТВИЕ с «26» 04 2024г.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение
«Федеральный исследовательский центр вирусологии и микробиологии»
(ФГБНУ ФИЦВиМ)



УТВЕРЖДАЮ
Директор
ФГБНУ ФИЦВиМ
Колбасов Д.В.
«23» *сентября* 2024 г.

**МЕТОДИЧЕСКИЕ РЕКОМЕНДАЦИИ
ПО ПРИМЕНЕНИЮ СТАТИСТИЧЕСКИХ МОДЕЛЕЙ В
ПРОГНОЗИРОВАНИИ ВСПЫШЕК ИНФЕКЦИОННЫХ
БОЛЕЗНЕЙ ЖИВОТНЫХ**

Ак
Чтс
"Па

Вольгинский 2024 г.

УДК: 619:616.9-036.22

Авторы:

Захарова О.И.	научный сотрудник лаборатории эпизоотологии и биоинформатики
Блохин А.А.	заведующий лабораторией эпизоотологии и биоинформатики, кандидат ветеринарных наук
Бурова О.А.	заместитель руководителя группы в лаборатории эпизоотологии и биоинформатики
Яшин И.В.	директор ННИВИ-филиал ФГБНУ ФИЦВиМ, кандидат биологических наук
Гасанов Р.Р.	начальник группы, кандидат ветеринарных наук
Караулов А.К.	советник директора ВНИИЗЖ, кандидат ветеринарных наук
Коренной Ф.И.	главный научный сотрудник, кандидат географических наук

Методические рекомендации предназначены для специалистов учреждений ветеринарного профиля, преподавателей, студентов, а также могут быть использованы организациями, осуществляющие мониторинг и прогнозирование эпизоотической ситуации по инфекционным болезням животных.

Рецензент:

Методические рекомендации рассмотрены и рекомендованы к утверждению на заседании объединенного ученого совета 46-18 10 2024 г., протокол № 41

ВВЕДЕНЫ В ДЕЙСТВИЕ с «23» октября 2024 г.

УТВЕРЖДАЮ:

Директор института ветеринарной
медицины и биотехнологии

С.С. Терентьев

«05» августа 2025 г.



КАРТА ОБРАТНОЙ СВЯЗИ

Данные информационного письма о диссертационной работе Захаровой Ольги Игоревны на тему: «Эпизоотологический мониторинг и разработка прогностических пространственных моделей инфекционных болезней животных» рассмотрены на заседании института ветеринарной медицины и биотехнологии (протокол № 6 от 01 августа 2025г.) и приняты к использованию в учебном процессе и научно-исследовательской работе на кафедрах вуза.

Подпись С.С. Терентьева заверяю.

Ученый секретарь _____ Горбунов П.А.

05.08.2025 г.



УТВЕРЖДАЮ

Декан ветеринарного факультета
ФГБОУ ВО Нижегородский ГАТУ
им. Л.Я. Флорентьева

Е.В. Медова
«30» *сентября* 2025 г.



Карта обратной связи

Данные информационного письма о диссертационной работе Захаровой Ольги Игоревны на тему: «Эпизоотологический мониторинг и разработка прогностических пространственных моделей инфекционных болезней животных» рассмотрены на заседании ученого совета ветеринарного факультета ФГБОУ ВО Нижегородский ГАТУ им. Л.Я. Флорентьева (протокол № 1 от 22 сентября 2025 г.) и приняты к использованию в учебном процессе и научно-исследовательской работе на кафедре «Эпизоотология, паразитология и ветеринарно-санитарная экспертиза» ФГБОУ ВО «Нижегородский государственный агротехнологический университет имени Л.Я. Флорентьева».

Заведующий кафедрой «Эпизоотология,
паразитология и ветеринарно-санитарная
экспертиза» ФГБОУ ВО Нижегородский ГАТУ
им. Л.Я. Флорентьева, доктор ветеринарных наук,
профессор, Почетный работник ВПО РФ

Юлия Викторовна
Пашкина

«29» сентября 2025 г.