

местах выпуска сточных вод, максимально достигающие 23,1%. Несмотря на установленное нами незначительное загрязнение поверхностных водоемов присутствие даже не жизнеспособных яиц гельминтов в воде водоемов, предрасполагает к риску обсеменения этими водами почвы, песка, орошаемых сельскохозяйственных культур и создает предпосылки к созреванию пропативных стадий паразитов до инвазионных и поддержанию риска заражения населения паразитарными болезнями.

Список литературы:

1. Димидова Л.Л. Объекты окружающей природной среды, как факторы передачи паразитозов/ Л.Л. Димидова, И.В. Хуторянина, М.П. Черникова, О.С. Думбадзе и др.// Теория и практика борьбы с паразитарными болезнями. – 2019. – № 20. – С. 194-199.
2. Твердохлебова Т.И. Санитарно-паразитологический мониторинг объектов окружающей среды Ростовской области/ Т.И. Твердохлебова, Л.Л. Димидова, И.В. Хуторянина, М.П. Черникова и др.// Медицинский вестник Юга России. – 2020.– Т. 11. –№ 3. –С. 79-83.
3. Хроменкова Е.П., Димидова Л.Л., Думбадзе О.С., Упырев А.В., Хуторянина И.В., Ковалев Е.В. и др. Особенности загрязнения воды водоемов паразитарными патогенами на юге России/ Е.П. Хроменкова, Л.Л. Димидова, О.С. Думбадзе, А.В. Упырев и др. //Теория и практика борьбы с паразитарными болезнями.– 2014. –№ 15.–С. 337-339.
4. Хуторянина И.В. Санитарно-паразитологический мониторинг объектов окружающей среды юга России/ И.В. Хуторянина // В сборнике: Современные проблемы эпидемиологии и гигиены. Материалы VIII Всероссийской научно-практической конференции молодых ученых и специалистов Роспотребнадзора. Москва, 2016. –С. 230-232.
5. Хроменкова Е.П. Паразитологическая оценка поверхностных водоемов в зонах рекреации юга России/ Е.П. Хроменкова, Л.Л. Димидова, И.В. Хуторянина //В сборнике: Важнейшие вопросы инфекционных и паразитарных болезней. Сборник научных работ. Ижевск, 2016. –С. 213-215.

УДК 614.446

Чалапа В. И.¹, Гусев А. Г.¹, Косова А. А.²

**РАЗРАБОТКА КОМПЬЮТЕРИЗОВАННОЙ МЕТОДИКИ РАСЧЕТА
КОЭФФИЦИЕНТА РЕПРОДУКЦИИ И ПРОГНОЗА
ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ НА ЯЗЫКЕ R С ПРИМЕНЕНИЕМ
АДАПТИРОВАННЫХ ФОРМ ИНТЕРФЕЙСА**

1. ЕНИИВИ ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора
Екатеринбург, Российская Федерация
2. Кафедра эпидемиологии, социальной гигиены и организации
госсанэпидслужбы
Уральский государственный медицинский университет

Екатеринбург, Российская Федерация

Chalapa V. I.¹, Gusev A. G.¹, Kosova A. A.²

**DEVELOPING AN R IT SOLUTION USING ADAPTIVE INTERFACE
FORMS FOR ESTIMATING THE REPRODUCTION NUMBER AND
PROJECTION THE INFECTIOUS DISEASE INCIDENCE**

1. ERIVI, FBRI SRC VB «Vector», Rospotrebnadzor

Yekaterinburg, Russian Federation

2. Department of Epidemiology, Social Hygiene and Organization of the State
Sanitary and Epidemiological Service

Ural state medical university

Yekaterinburg, Russian Federation

E-mail: neekewa@yandex.ru

Аннотация. Разработано программное средство для расчета коэффициента репродукции R_t и краткосрочного (1-3 недели, оптимально не более двух недель) прогнозирования числа случаев инфекционных заболеваний, включая COVID-19. Реализованные в программе методики вычисления детально описаны их разработчиками, валидированы и открыто опубликованы в виде кода на языке R, обладают высокими операционными характеристиками. Для расчета коэффициента репродукции R_t применен ранее описанный Cori и соавторами метод, основанный на моделировании числа случаев заболевания и серийного интервала (serial interval) с использованием распределения Пуассона. Для задач прогнозирования реализован метод, основанный на построении сценариев распространения заболевания путем семплирования марковской цепью Монте-Карло с использованием полученного вышеописанным способом значения R_t . Указанные методы расчета индекса репродукции и прогнозирования реализованы в виде бесплатной кроссплатформенной программы – графической надстройки к языку R с простым и понятным интерфейсом. Предлагаемый подход к созданию программных средств дает возможность оперативно внедрять в практику эпидемиологов самые передовые аналитические алгоритмы и решения с обеспечением максимальной дружелюбности пользователю.

Annotation. An IT solution for estimating the reproduction number, R_t , and short-term projection the infectious disease future incidence (for a one- to three-week period, optimally for two weeks at most), including that of COVID-19, was developed. The computing procedures employed by the software described in detail by their developers, validated and openly published as an R code, have high operating characteristics. A method earlier described by Cori et al. based on incidence modelling and the serial interval using Poisson distribution was employed to estimate the reproduction number, R_t . For the projection purposes, a method based on building disease spread scenarios by sampling with Markov chain Monte Carlo using the R_t value obtained by the above method was implemented. The named techniques for estimating the reproduction number and forecasting the infectious disease incidence

were implemented to create a free cross-platform graphic add-in to R with a simple and clear interface. The proposed software development approach enables the epidemiologists to leverage the most user-friendly frontline analytical algorithms and IT solutions in a fast and effective manner.

Ключевые слова: коэффициент репродукции, прогнозирование заболеваемости, COVID-19, язык R, программное средство.

Key words: reproduction number, projection, COVID-19, R language, software.

Введение

Оценка и прогнозирование развития эпидемического процесса принципиально необходимы для принятия эффективных управленческих решений. Описание и оценка эпидемиологической ситуации легко интерпретируемым обобщенным показателем повышает эффективность информирования заинтересованных сторон и слаженность их действий. Оценка эпидемиологической ситуации и тенденции ее развития с применением коэффициента репродукции (effective reproduction number, R_t) является давно известной практикой, которая на фоне пандемии COVID-19 получила особенно широкое распространение [4].

Прогнозирование эпидемиологической ситуации необходимо для своевременного перераспределения ресурсов и оценки эффективности проведенных мероприятий. В условиях быстрого развития эпидемии даже краткосрочный прогноз (в пределах нескольких недель) дает заинтересованным сторонам достаточный запас времени для принятия необходимых решений и корректировки принимаемых мер.

Существенным препятствием для внедрения вышеуказанных техник в практику является отсутствие простого и доступного средства их автоматизации. В настоящей работе описывается разработанное нами программное средство с интуитивно понятным графическим интерфейсом, предназначенное для вычисления коэффициента репродукции и краткосрочного прогнозирования числа случаев заболевания с фокусом на его применение в обстановке пандемии COVID-19.

Цель исследования – реализовать подход к разработке дружественного пользователю программного средства для статистического анализа в эпидемиологии и реализовать его на примере инструмента для расчета коэффициента репродукции R_t и краткосрочного прогнозирования инфекционной заболеваемости, в том числе COVID-19.

Материалы и методы

Для расчета коэффициента репродукции R_t применен ранее описанный Cori и соавторами метод [3], основанный на моделировании числа случаев заболевания и серийного интервала (serial interval) с использованием распределения Пуассона. В исследовании [4] показаны высокие операционные характеристики этого метода – точность оценивания и робастность (устойчивость к большому разбросу входных данных). Под серийным интервалом понимается период

времени между аналогичными фазами инфекционного заболевания в последовательных случаях цепи инфекции, распространяющейся от человека к человеку. Для расчетов использовалось значение серийного интервала и его стандартного отклонения в гамма-распределении, опубликованное ранее [5]; эти значения показали оптимальную сходимость с результатами опубликованного впоследствии систематического обзора и мета-анализа [2].

Прогнозирование осуществлялось с использованием метода построения сценариев распространения заболевания (projections) [6], основанных на посуточной динамике числа случаев и полученного описанным способом значения R_t . Данный метод был успешно применен для прогнозирования эпидемии болезни, вызванной вирусом Эбола. Для каждого дня прогноза вычислялось 10 000 сценариев путем семплирования марковской цепью Монте-Карло (MCMC) и оценивалось распределение результатов. За доверительный интервал (95%ДИ) принимался размах от 2,5 до 97,5 перцентилей.

Использованные алгоритмы вычисления R_t и прогнозирования на его основе открыто опубликованы их авторами в виде кода на языке программирования R (версия). Данный метод прогнозирования помимо COVID-19 применим к широкому кругу инфекционных заболеваний человека и животных.

Для прогнозирования посуточного числа случаев смерти от заболевания использовано значения коэффициента летальности (в пересчете на зарегистрированные случаи заболевания – case-fatality ratio) с учетом временных взаимосвязей между соответствующими событиями.

Для выполнения расчетов и валидации прогноза использовались данные о посуточном числе случаев COVID-19 в Свердловской области, полученные на официальном интернет-портале «стопкоронавирус.рф» [1].

Для создания и отладки скрипта, осуществляющего расчет необходимых величин, использовался пакет языка R (R Core Team, 2013) русифицированной версии 4.0.2 в интегрированной среде разработки RStudio версии 1.4.1106.

Результаты исследования и их обсуждение

Было проведено прогнозирование числа случаев заболевания COVID-19 в Свердловской области на период 21.12.2020 – 14.02.2021 г. двухнедельными периодами, в начале каждого из которых прогностические значения пересчитывались с учетом обновленных данных о фактически зарегистрированном числе случаев. За указанный период фактическое число случаев заболевания ни в одном из дней наблюдения не вышло за пределы 95% ДИ прогностических значений, в 25% случаев фактическое число случаев уложилось в межквартильный размах прогностических значений.

По мере углубления прогноза (удаления от стартовой даты) неопределенность прогностических значений неуклонно возрастает. Предельная глубина прогнозирования составляет 3 недели, оптимальная составляет 1-2 недели. Обнаружено, что при быстром изменении тренда заболеваемости алгоритм прогнозирования дает погрешность, компенсируемую уменьшением

глубины прогноза до 1 недели, что требует своевременного вмешательства со стороны специалиста, выполняющего прогноз, и корректировки соответствующего параметра. Эти особенности алгоритма прогнозирования будут скорректированы в последующей версии программного средства.

Поскольку описанные методики реализованы на языке программирования R, их непосредственное применение требует специальных навыков. Чтобы оснастить специалистов эпидемиологического надзора и другие заинтересованные стороны эффективным инструментом поддержки принятия решений, нами создано бесплатное программное средство с интуитивно понятным графическим интерфейсом для расчета индекса репродукции и краткосрочного прогнозирования посуточного числа случаев заболевания COVID-19. Программа применима для расчетов и прогнозирования в отношении ряда других инфекционных заболеваний, включая грипп и гриппоподобные заболевания.

Интерфейс программы-надстройки предусматривает минимальный набор действий со стороны пользователя: выбор файла с данными для расчета в формате Microsoft Excel, выбор нозологической формы (например, COVID-19) из списка и определения глубины прогноза (количество дней).

Программный интерфейс реализован на языке Python 3.7.5 с поддержкой русского языка и использованием стандартных библиотек для реализации элементов интерфейса. Это обеспечивает возможность кроссплатформенного использования программы. Таким образом, инструмент может быть адаптирован и использоваться на всех видах вычислительной техники, независимо от производителя операционной системы и прикладных пакетов. Текущая версия, проходящая в данный момент процедуру тестирования, была разработана в операционной системе Windows 10 и была протестирована на совместимость с версиями Windows 8.1 и 7.

В процессе работы с программой пользователь запускает формируемый программой скрипт на языке R, нажав на кнопку интерфейса. После выполнения процедуры расчета и формирования графических и текстовых файлов с входными данными программа-надстройка выводит полученные данные по структурированному шаблону, позволяющему легко интерпретировать полученные в процессе расчета данные.

Выводы:

1. Разработанное программное средство является простым в применении и позволяет быстро и эффективно решать задачи вычисления коэффициента репродукции и прогнозирования числа случаев заболевания COVID-19.

2. Предлагаемый подход к созданию программных средств дает возможность оперативно внедрять в практику эпидемиологов самые передовые аналитические алгоритмы и решения с обеспечением максимальной дружелюбности пользователю.

Список литературы:

1. Коронавирус COVID–19: Официальная информация о коронавирусе в России на портале – стопкоронавирус.рф [Электронный ресурс]. URL: <https://стопкоронавирус.рф> (дата обращения: 19.03.2021).
2. Alene M. [et al.]. Serial interval and incubation period of COVID-19: a systematic review and meta-analysis / Alene M. et al. // BMC Infectious Diseases. – 2021. – Т. 21. – №. 1. – С. 1-9.
3. Cori A. A New Framework and Software to Estimate Time-Varying Reproduction Numbers During Epidemics / Cori A. et al. // American journal of epidemiology. – 2013. – Т. 178. – №. 9. – С. 1505-1512.
4. Gostic K. M. Practical considerations for measuring the effective reproductive number, R_t / Gostic K. M. et al. // PLoS computational biology. – 2020. – Т. 16. – №. 12. – С. e1008409.
5. Nishiura H. Serial interval of novel coronavirus (COVID-19) infections / Nishiura H., Linton N. M., Akhmetzhanov A. R. // International journal of infectious diseases. – 2020. – Т. 93. – С. 284-286.
6. Nouvellet P. A simple approach to measure transmissibility and forecast incidence / Nouvellet P. et al. // Epidemics. – 2018. – Т. 22. – С. 29-35.

УДК 615.33:582.998.2

**Юсупов Р.М., Бабина Н.А., Гажеева Т.П., Закамская Е.С.
ИССЛЕДОВАНИЕ АНТИМИКРОБНОЙ АКТИВНОСТИ ВОДНО-
ЭТАНОЛЬНЫХ ЭКСТРАКТОВ ТЫСЯЧЕЛИСТНИКА
ОБЫКНОВЕННОГО (*ACHILLEA MILLEFOLIUM L.*) И КАЛЕНДУЛЫ
ЛЕКАРСТВЕННОЙ (*CALENDULA OFFICINALIS L.*) В ОТНОШЕНИИ
СТАФИЛОКОККА**

Кафедра биохимии, клеточной биологии и микробиологии, кафедра
экологии

Марийский государственный университет
Йошкар-Ола, Российская федерация

**Yusupov R. M., Babina N. A., Gazheev T. P., Zakamskayua E. S.
RESEARCH OF ANTIMICROBIAL ACTIVITY OF WATER-
ETHANOL EXTRACTS OF YARROW (*ACHILLEA MILLEFOLIUM L.*)
AND CALENDULA OFFICINALIS (*CALENDULA OFFICINALIS L.*)
AGAINST STAPHYLOCOCCUS**

Cathedra of biochemistry, cell biology and microbiology, cathedra of ecology
Mari state university

Yoshkar-Ola, Russian Federation
E-mail: renat.yusupov.99@mail.ru

Аннотация. В настоящей работе представлено исследование бактерицидных свойств в отношении музейного штамма *St. aureus 209 p* водно-этанольных экстрактов тысячелистника обыкновенного (*Achillea millefolium L.*)