

ПРИНЦИПЫ МАТЕМАТИЧЕСКОГО МОДЕЛИРОВАНИЯ ИНФЕКЦИОННЫХ БОЛЕЗНЕЙ В ЗОНЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ДИКОЙ ПРИРОДЫ И ЖИВОТНОВОДСТВА

Владимир Александрович Кузьмин^{1✉}, Дмитрий Андреевич Орехов², Ахмед Багамаевич Айдиев³,
Андрей Викторович Цыганов⁴

^{1,2,3,4} Санкт-Петербургский государственный университет ветеринарной медицины, Российская Федерация

¹ д-р ветеринар. наук, профессор, e-mail: kuzmin@epizoo.ru, orcid.org/0000-0002-6689-3468

² канд. ветеринар. наук, доц., orcid.org/0000-0002-7858-1947

³ канд. ветеринар. наук, доц., orcid.org/0000-0002-0747-2858

⁴ канд. пед. наук, доц., orcid.org/0000-0002-0747-2858

РЕФЕРАТ

Моделирование инфекционных болезней на стыке промышленного или фермерского животноводства и дикой природы относится к редкому виду математического моделирования в силу множества возникающих проблем. Настоящая обзорная статья посвящена характеристике математических моделей в различных сочетаниях «возбудитель инфекционной болезни - нозологическая единица (болезнь с уникальным сочетанием характеристик) - вид сельскохозяйственного животного – вид дикого животного - факторы и векторы передачи патогенов». Наиболее распространенными сочетаниями видов животных были крупный рогатый скот, барсуки, кистехвостые опоссумы (для туберкулеза крупного рогатого скота), домашние свиньи и дикие кабаны (для африканской чумы свиней, классической чумы свиней, ящура и других заразных болезней). Основной целью большинства исследований в данном обзоре был анализ стратегий борьбы с инфекционными болезнями животных, в том числе с зоонозами, с акцентом на мероприятия, применяемые к хозяевам возбудителей из дикой природы, и их влиянию на домашних сельскохозяйственных животных. К некоторым стратегиям борьбы с инфекционными болезнями животных, учитывая взаимодействие домашних сельскохозяйственных и диких животных можно отнести: исключение контакта домашнего скота, птицы и кормов с дикими животными; уничтожение переносчиков возбудителей; профилактическую иммунизацию всего поголовья домашних животных, в частности собак и кошек; оральную иммунизацию диких плотоядных животных с контролем над их численностью; мониторинг состояния здоровья поголовья и передвижения животных; процедуру определения зооанитарного статуса промышленных хозяйств (компартиментализацию) для определения уровня защищенности хозяйств от проникновения опасных патогенов.

Ключевые слова: математическое моделирование инфекционных болезней, стык животноводства и дикой природы, факторы и векторы передачи возбудителей болезней между видами животных.

Для цитирования: Кузьмин В.А., Орехов Д.А., Айдиев А.Б., Цыганов А.В. Принципы математического моделирования инфекционных болезней в зоне взаимодействия дикой природы и животноводства. Нормативно-правовое регулирование в ветеринарии. 2025;3:42-47. <https://doi.org/10.52419/issn2782-6252.2025.3.42>

PRINCIPLES OF MATHEMATICAL MODELING OF INFECTIOUS DISEASES IN THE INTERACTION ZONE OF WILD NATURE AND ANIMAL HUSBANDRY

Vladimir A. Kuzmin², Dmitry An. Orekhov³, Akhmed B. Aidiev¹, Andrey V. Tsyganov⁴

^{1,2,3,4} Saint Petersburg State University of Veterinary Medicine, Russian Federation

¹ Dr. of Veterinary Science, Professor, e-mail: kuzmin@epizoo.ru, orcid.org/0000-0002-6689-3468

² Candidate of Veterinary Science, Associate Professor, orcid.org/0000-0002-7858-1947

³ Candidate of Veterinary Science, Associate Professor, orcid.org/0000-0002-0747-2858

⁴ Candidate of Pedagogical Science, Associate Professor, orcid.org/0000-0003-2994-6257

ABSTRACT

Modeling of infectious diseases at the intersection of industrial or farm animal husbandry and wildlife is a rare type of mathematical modeling due to the many problems that arise. This review article focuses on the characteristics of mathematical models in various combinations of "pathogen of an infectious disease - nosological unit (a disease with a unique combination of characteristics) - type of farm animal - type of wild animal - factors and vectors of pathogen transmission." The most common combinations of animal species were cattle, badgers, brush-tailed opossums (for tuberculosis in cattle), domestic pigs, and wild boars (for African swine fever, classical swine fever, foot-and-mouth disease, and other contagious diseases). The primary goal of most studies in this review was to analyze strategies for controlling infectious animal diseases, including zoonoses, with a focus on interventions targeting wild hosts and their impact on domesticated livestock. Some strategies for combating infectious diseases in animals include: preventing contact between domestic livestock, poultry, and feed and wild animals; eliminating carriers of pathogens; and providing preventive immunization for all domestic animals, including dogs and cats; oral immunization of wild carnivorous animals with control over their numbers; monitoring the health status of livestock and animal movements; and the proce-

дуре for determining the zoosanitary status of industrial farms (compartmentalization) to determine the level of protection of farms from the entry of dangerous pathogens.

Key words: infectious anemia of horses, megapolis, antiepidemic measures, elimination of the epizootic outbreak.

For citation: Kuzmin V.A., Orekhov D.A., Aidiev A.B., Tsyganov A.V. Principles of mathematical modeling of infectious diseases in the zone of interaction of wildlife and livestock. Legal regulation in veterinary medicine. 2025; 3: 42-47. (in Russ) <https://doi.org/10.52419/issn2782-6252.2025.3.42>

ВВЕДЕНИЕ

В настоящее время сформировалось особое направление в математическом моделировании, связанное с инфекционными болезнями животных на границе дикой природы и домашнего скота [4, 5, 8, 13, 16, 20, 22, 25, 26]. Оно сопряжено с рядом определенных проблем, связанных с выявлением пространственно-временных закономерностей распространения заболеваний на региональном и глобальном уровне с помощью математико-картографических моделей [1, 2] и направлено на раскрытие сложных механизмов передачи болезней между экосистемами и их возникновение в новых экосистемах [3, 4, 26]. Даже элементарная оценка передачи возбудителя инфекции между видами животных, наблюдаемая в лабораторных условиях, у с.-х. животных и в дикой природе является сложной задачей. Поэтому отдельной проблемой являются способы передачи возбудителей зоонозных болезней у человека, не являющегося их резервуаром [4].

Среди с.-х. животных и людей в эпизоотологических и эпидемиологических исследованиях изучены многие факторы, способствующие передаче широкого спектра патогенов [1, 2]. Однако в дикой природе динамику передачи инфекционных агентов среди видов животных оценить сложнее [5, 10]. Характеристики животных из дикой природы, которые включают описания схем их миграций, контактов особей, количественную оценку численности популяции хозяев возбудителей - менее конкретные, чем подобные характеристики с.-х. животных [5, 6].

Следует особо учитывать трудности моделирования передачи инфекционных болезней в дикой природе, т.к. анализ контактов животных в дикой природе включает в себя сложные процессы наблюдения за распределением популяций диких особей на определенной территории; получения точных данных о частоте случаев конкретных заболеваний, данных о хозяине/резервуаре источника возбудителя [5, 7]. Эти моменты влияют на количественную оценку потенциала передачи возбудителя среди восприимчивой популяции, что необходимо учитывать при разработке механистических и стохастических моделей для инфекционных агентов в популяциях диких животных [6, 10, 13].

Цель работы – провести анализ публикаций по математическим моделям распространения инфекционных болезней в зоне взаимодействия дикой природы и животноводства.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Основные методы исследования - структурный и системный анализ документов Всемирной организации здравоохранения животных (WOAH/OIE/МЭБ), Animal Disease Information System

(ADIS). Для проведенного обзора в работе применяли ресурсы баз данных поисковых систем Elibrary, PubMed по теме статьи.

В обзорной статье проведен анализ экспериментов и научной литературы отечественных и зарубежных ученых из РФ, Новой Зеландии, Мексики, Дании, стран Южной Африки, Австралии, Южной Кореи, Великобритании и Уэльса, США, Японии, Франции, Нидерландов, ЮАР.

Обзор исследуемых статей по механистическому и стохастическому моделированию учитывал: 1) передачу возбудителей инфекций между основными видами с.-х. животных (крупный рогатый скот, домашние свиньи, овцы) и животных из дикой природы (барсуки, дикие кабаны, белохвостые олени, снежные бараны, бизоны, буйволы, слоны, кистехвостые опоссумы); 2) набор инфекционных болезней (ящур, туберкулез, сибирская язва, нодулярный дерматит, классическая чума свиней, грипп свиней, африканская чума свиней, чума крупного рогатого скота, бруцеллез, пастереллез, оспа, блутанг, пневмония овец, вызванная патогенами из семейств Mycoplasmataceae и Pasteurellaceae).

В качестве методической основы использованы принципы логического анализа, приемы дескриптивной эпизоотологии и понятийный аппарат, изложенные в опубликованных работах.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Рассмотрены проблемы и возможности разработки математических моделей динамики инфекционных заболеваний на стыке дикой природы, с.-х. животных и человека [1, 2, 4, 5, 8, 13, 16, 20, 22, 25-27]; основа для моделирования эмерджентных инфекций в системах принятия управленческих решений [6, 16]; оценка риска и прогноз взаимодействия диких животных и домашнего скота с учетом эпидемиологической проекции и биобезопасности [7, 27] и другие аспекты математического моделирования инфекционных болезней.

Из 57 исследуемых в поисковом запросе статей нами были отобраны 30 публикаций, которые отображали передачу конкретной инфекции на стыке животноводства и дикой природы и включали в себя источник/ резервуар возбудителя; пространственную локализацию эпизоотического очага или гипотетической модели инфекционной болезни; векторы передачи возбудителя; принципы математического моделирования с его трудностями или ограничениями.

Следует отметить, что стандартной методологии описания эпизоотологических моделей, основанных на индивидуальном подходе

(имитационный подход [8], метод решеток клеточных автоматов [11]), не существует, что приводит к нарушениям и несогласованности в

их описаниях. Индивидуальный подход в моделях распространения инфекционных болезней животных предполагает учёт всех конкретных характеристик популяций домашних с.-х. и диких животных, в частности, пространственных и временных сообществ организмов в однородных условиях. Такие модели помогают прогнозировать распространение инфекционных заболеваний, продолжительность эпизоотий, оценивать эпизоотологические параметры и влияние управленческих решений на развитие и исход эпизоотий.

Преобладающими домашними видами животных в исследованных отечественных и зарубежных публикациях был крупный рогатый скот, который включен в следующие модели [7,13-15,17,21,23,29,30], за ними следовали свиньи [5,8,9,11,12,16,19,20,24,25], овцы [18], неспецифический домашний скот - буйволы [23]. Доминирующими дикими животными были дикие кабаны, которые включены в следующие модели [11,12,19,20,24,25], за ними следовали барсуки [7,14,21], белохвостые олени [13,15], буйволы [23,30], снежные бараны [18], кистехвостые опосумы [14], бизоны [29], слоны [27].

Среди моделей инфекционных болезней на стыке взаимодействия дикой природы и животноводства в настоящем обзоре представлены туберкулёз [7,13,14,17,21], туберкулёз, пастереллёз, оспа [27], ящур [10,11,19,23], классическая чума свиней [9,16,24], африканская чума свиней [12,20,25], чума КРС [15], бруцеллёз [22], блутанг [28], грипп свиней [8], бактериальная пневмония овец [18], оспа [27].

Большинство основных задач в исследуемых публикациях состояло в оценке стратегий борьбы в популяции с несколькими хозяевами [26,27]; оценке риска передачи инфекции домашнему скоту от диких животных на примере, соответственно туберкулёза, гриппа свиней и ящура [7,8,10]; объяснении наблюдаемой пространственной динамики эпизоотических вспышек одновременно у животных из дикой природы и у с.-х. животных на примере ящура [11]; определении последствий гипотетических сценариев вспышки классической чумы свиней [9].

Отдельные модели оценки стратегий борьбы, в основном, касались результатов противоэпизоотических мероприятий, на примере туберкулёза, только с домашним скотом независимо от применения этих мер к диким хозяевам [13] или только к животным из дикой природы (белохвостый олень - *Odocoileus virginianus*) на примере чумы крупного рогатого скота [15].

Глубокие эпизоотологические исследования проводились в Великобритании и в Уэльсе [14,17], в ходе которых осуществлен анализ результатов стратегий выборочного уничтожения барсуков (*Meles meles*), инфицированных возбудителем бычьего туберкулёза *Mycobacterium bovis*, для ликвидации туберкулёза в дикой природе. Также разработана новая стратегия ликвидации туберкулеза КРС с моделированием эпизоотической и эпидемической ситуации для выполнения надзорных и контрольных функций.

В США в штате Мичиган создана простран-

ственная стохастическая модель управления риском заражения крупного рогатого скота туберкулёзом от белохвостого оленя [13].

Среди различных типов математических моделей распространения болезней существуют модели определённого типа (имитационная модель с мультиагентным подходом), реализация которых основана на индивидуальном подходе. В рамках таких индивидуальных систем моделирования могут быть использованы различные подходы для обозначения хозяев возбудителей, которых классифицируют как облигатных или факультативных. Наиболее распространённой эпизоотологической единицей для домашнего скота - с помощью растровых ячеек - являются точечные объекты: фермы, стада животных, населённые пункты, перекрёстки дорог, производственные площадки, местоположение которых определяется только парой координат [10]. При представлении диких животных в процессе моделирования инфекционных болезней растровые ячейки в основном основаны на ареалах обитания животных [14] и плотности их популяции на единице площади угодий, пригодных для обитания [11].

Сетевые модели использованы Bouchez-Zacria M. et al., 2018 [21] и Roy S. et al., 2011 [22] для моделирования передачи туберкулёза и бруцеллёза. Узлы сети применялись в этих моделях для обозначения ферм, пастбищ, приусадебных участков, загонов для диких животных [21,22].

В модельных исследованиях Carpenter T.E. et al., 2014 [18] применены сетевые модели с метапопуляционными подходами при пространственной оценке риска истребления снежных баранов в результате выпаса домашних овец на территориях местообитания снежных баранов. При этом для ареала обитания снежных баранов в дикой природе использованы как растры среды обитания, так и полигоны домашнего ареала.

Модели клеточных автоматов или более сложные географические автоматные модели использовали Doran R.J. et al., 2005 [11], изучая пространственную динамику вспышек ящура в Австралии в растровом изображении у диких кабанов и домашнего скота в Квинсленде в популяциях «восприимчивых-инфицированных-вылеченных домашних с.-х. животных».

В отдельных случаях смоделированная передача инфекции происходила от диких животных, которые уходили с привычных мест обитания и контактировали с домашним скотом [23], или от диких животных, которые искали новые источники пищи и воды [10], или в случаях непосредственной близости домашнего скота к лесным участкам или охотничьим угодьям [12,16].

Некоторые модели изучали однонаправленную передачу инфекции - туберкулёза от диких животных (белохвостых оленей) домашнему скоту (КРС) [13], или микоплазменной пневмонией от домашнего скота (овец) животным дикой природы (снежным баранам) [18], или бруцеллёза людям как от диких животных, так и от домашнего скота [22].

Несмотря на то, что у каждой модели были свои специфические ограничения, для которых

она была разработана, авторами публикаций выявлены основные группы препятствий, общих для всех моделей: отсутствие эмпирических оценок параметров; ограниченные данные о местонахождении диких животных; даже определение того, что представляет собой контакт между домашним скотом и дикими животными; поиск баланса между сложностью модели и её полезностью [3,4,16,20,22,25-27]. Недостаток экспериментальных данных, необходимых для разработки и корректирования моделей, условно можно разделить на: параметры, связанные с передачей возбудителей заболеваний; поведение диких животных; контакты между домашним скотом и дикими животными; уровень распространённости диких животных; межвидовой контроль за последствиями взаимодействия с.-х. животных и диких животных, которые влияют на распространение и выживание возбудителей в популяциях хозяев.[10,6,3].

Следует учесть, что даже при научном исследовании процесса передачи возбудителей инфекционных болезней между домашним скотом и дикими животными, и наличия этого эпизоотологически значимого контакта в контролируемых лабораторных условиях, данные параметры не экстраполируются на естественные условия, что ограничивает применение моделей в ветеринарной практике [7,3].

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Создание математической модели передачи заболеваний между дикими животными и домашним скотом — сложная задача, которая в рассматриваемых публикациях была решена с помощью множества методов, но только для нескольких (11-ти) сценариев инфекционных болезней [26]. Выбор структуры модели и конкретного хозяина патогена, определение факторов и векторов передачи возбудителей инфекционных болезней между видами животных, которые необходимо включить в модель — всё это требует точного представления отдельных популяций животных, отличающихся динамикой численности животных на протяжении года или ряда лет. Выбор методологии при математическом моделировании зависит от навыков исследователей;

проблемы, которую решает модель; структуры модели и хозяина возбудителя; факторов передачи патогена между с.-х. животными и дикими животными [26].

Домашние виды были моделированы по конкретным локациям содержания домашнего скота на фермах (производственная, административно-хозяйственная, для хранения и подготовки кормов, для хранения и переработки навоза) с пространственно-временной привязкой к местности. Кроме этого, с.-х. животные были разграничены по дополнительным параметрам плотности стада, определённой площади пастбища, среды обитания и численности поголовья. Виды диких животных часто моделировались с помощью параметров, характеризующих кормовой потенциал среды обитания, распределение по плотности или численности популяции животных в дикой природе [1,2]. Только в нескольких моделях с барсуками были известны точные места расположения нор, но даже в этом случае были определены лишь подземные логова, а координаты прилегающей территории приходилось определять предположительно [7,14,17,21].

В данном обзоре продемонстрированы модели, которые могут быть использованы как часть системы принятия управленческих решений для предотвращения распространения различных инфекционных болезней животных (туберкулёз, ящур, сибирская язва, нодулярный дерматит, классическая чума свиней, африканская чума свиней, блутанг, бруцеллёз, микоплазменная пневмония) с учётом имеющихся знаний [1,2,4-6,9-11,13-15,17,18,21,24,27-30].

Однако, многие инфекционные болезни животных обладают специфическими особенностями, не охваченными современными теоретическими и экспериментальными работами. В частности, многочленные паразитарные системы с несколькими видами хозяев и несколькими патогенами требуют новых методов исследования для расширения знаний, полученных при изучении преимущественно экологических систем с одним хозяином и с одним возбудителем [3,10].

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Коренной Ф.И. Математико-картографическое моделирование распространения особо опасных заболеваний сельскохозяйственных животных: дисс. ...канд. геогр. наук. М.;2019:154 с.
2. Шабейкин А.А., Белименко В.В., Патрикеев В.В., Гулюкин Е.А., Кузьмин В.А. Пространственно-временные закономерности развития эпизоотического процесса АЧС в популяции кабанов. Ветеринария. 2023;11:33-39. DOI: 10.30896/0042-4846.2023.26.11.33-38
3. Buhnerkempe M.G., Roberts M.G., Dobson A.P., Heesterbeek H., Hudson P.J., Lloyd-Smith J.O. Eight challenges in modelling disease ecology in multi-host, multi-agent systems. *Epidem Chall Model Infect Dis Dyn.* 2015;10:26–30.
4. Roberts M., Dobson A., Restif O., Wells K. Challenges in modelling the dynamics of infectious diseases at the wildlife–human interface. *Epidemics.* 2021;37:100523. doi: 10.1016/j.epidem.2021.100523
5. Huyvaert K.P., Russell R.E., Patyk K.A., Craft M.E., Cross P.C., Garner M.G. et al. Challenges and opportunities developing mathematical models of shared pathogens of domestic and wild animals. *Vet Sci.* 2018;5:E92. doi: 10.3390/vetsci5040092
6. Russell R.E., Katz R.A., Richgels K.L.D., Walsh D.P., Grant E.H.C. A framework for Modeling emerging diseases to inform management. *Emerg Infect Dis.* 2017;23:1–6. doi: 10.3201/eid2301.161452
7. Barron M.C., Tompkins D.M., Ramsey D.S.L., Bosson M.A.J. The role of multiple wildlife hosts in the persistence and spread of bovine tuberculosis in New Zealand. *N Z Vet J.* 2015;63:68–76. doi: 10.1080/00480169.2014
8. Mateus-Anzola J., Wiratsudakul A., Rico-Chávez O., Ojeda-Flores R. Simulation modeling of influenza transmission through backyard pig trade networks in a wildlife/livestock interface area. *Trop Anim Health Prod.* 2019;51:2019–24. doi: 10.1007/s11250-019-01892-4
9. Boklund A., Goldbach S.G., Uttenthal A., Alban L. Simulating the spread of classical swine fever virus between a hypo-

thetical wild-boar population and domestic pig herds in Denmark. *Prev Vet Med.* 2008;85:187–206. doi: 10.1016/j.prevetmed.2008.01

10. Dion E., Van Schalkwyk L., Lambin E.F. The landscape epidemiology of foot-and-mouth disease in South Africa: a spatially explicit multi-agent simulation. *Ecol Model.* 2011;222:2059–72. doi: 10.1016/j.ecolmodel.2011.03.026

11. Doran R.J., Laffan S.W. Simulating the spatial dynamics of foot and mouth disease outbreaks in feral pigs and livestock in Queensland, Australia, using a susceptible-infected-recovered cellular automata model. *Prev Vet Med.* 2005;70:133–52. doi: 10.1016/j.prevetmed.2005.03.002

12. Yoo D.S., Kim Y., Lee E.S., Lim J.S., Hong S.K., Lee I.S., et al. Transmission dynamics of African swine fever virus, South Korea, 2019. *Emerg Infect Dis.* 2021;27:1909–18. doi: 10.3201/eid2707.204230

13. Ramsey D.S.L., O'Brien D.J., Smith R.W., Cosgrove M.K., Schmitt S.M., Rudolph B.A. Management of on-farm risk to livestock from bovine tuberculosis in Michigan, USA, white-tailed deer: predictions from a spatially-explicit stochastic model. *Prev Vet Med.* 2016;134:26–38. doi: 10.1016/j.prevetmed.2016.09.022

14. Smith G.C., Delahay R.J., McDonald R.A., Budgey R. Model of selective and non-selective Management of Badgers (*Meles meles*) to control bovine tuberculosis in badgers and cattle. *PLoS One.* 2016;11:e0167206. doi: 10.1371/journal.pone.0167206

15. Agudelo M.S., Grant W.E., Wang H.-H. Effects of white-tailed deer habitat use preferences on southern cattle fever tick eradication: simulating impact on “pasture vacation” strategies. *Parasit Vectors.* 2021;14:102. doi: 10.1186/s13071-021-04590-z

16. Yang Y., Nishiura H. Assessing the geographic range of classical swine fever vaccinations by spatiotemporal modelling in Japan. *Transbound Emerg Dis.* 2022;69:1880–9. doi: 10.1111/tbed.14171

17. Birch C.P.D., Goddard A., Tearne O. A new bovine tuberculosis model for England and Wales (BoTMEW) to simulate epidemiology, surveillance and control. *BMC Vet Res.* 2018;14:273. doi: 10.1186/s12917-018-1595-9

18. Carpenter T.E., Coggins V.L., McCarthy C., O'Brien C.S., O'Brien J.M., Schommer T.J. A spatial risk assessment of bighorn sheep extirpation by grazing domestic sheep on public lands. *Prev Vet Med.* 2014;114:3–10. doi: 10.1016/j.prevetmed.2014.01.008

19. Ward M.P., Garner M.G., Cowled B.D. Modelling foot-and-mouth disease transmission in a wild pig-domestic cattle ecosystem. *Aust Vet J.* 2015;93:4–12. doi: 10.1111/avj.12278

20. Mugabi F., Duffy K.J. Exploring the dynamics of African swine fever transmission cycles at a wildlife-livestock interface. *Nonlinear Anal-Real World Appl.* 2023;70:103781. doi: 10.1016/j.nonrwa.2022.103781

21. Bouchez-Zacria M., Courcoul A., Durand B. The distribution of bovine tuberculosis in cattle farms is linked to cattle trade and badger-mediated contact networks in South-Western France, 2007–2015. *Front Vet Sci.* 2018;5:173. doi: 10.3389/fvets.2018.00173

22. Roy S., McElwain T.F., Wan Y. A network control theory approach to modeling and optimal control of zoonoses: case study of brucellosis transmission in sub-Saharan Africa. *PLoS Negl Trop Dis.* 2011;5:e1259. doi: 10.1371/journal.pntd.0001259

23. Jori F., Etter E. Transmission of foot and mouth disease at the wildlife/livestock interface of the Kruger National Park, South Africa: can the risk be mitigated? *Prev Vet Med.* 2016;126:19–29. doi: 10.1016/j.prevetmed.2016.01.016

24. Hayama Y., Shimizu Y., Murato Y., Sawai K., Yamamoto T. Estimation of infection risk on pig farms in infected wild boar areas-epidemiological analysis for the reemergence of classical swine fever in Japan in 2018. *Prev Vet Med.* 2020;175:104873. doi: 10.1016/j.prevetmed.2019.104873

25. Muñoz F., Pleydell D.R.J., Jori F. A combination of probabilistic and mechanistic approaches for predicting the spread of African swine fever on Merry Island. *Epidemics.* 2022;40:100596. doi: 10.1016/j.epidem.2022.100596

26. Wiethoelter A.K., Beltrán-Alcrudo D., Kock R., Mor S.M. Global trends in infectious diseases at the wildlife-livestock interface. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2015;112:9662–7. doi: 10.1073/pnas.1422741112

27. Jori F., Hernandez-Jover M., Magouras I., Dürr S., Brookes V.J. Wildlife–livestock interactions in animal production systems: what are the biosecurity and health implications? *Anim Front Rev Mag Anim Agric.* 2021;11:8–19. doi: 10.1093/af/vfab045

28. Jacquot M., Nomikou K., Palmarini M., Mertens P., Biek R. Bluetongue virus spread in Europe is a consequence of climatic, landscape and vertebrate host factors as revealed by phylogeographic inference. *Proc Biol Sci.* 2017;284:20170919. doi: 10.1098/rspb.2017.0919

29. Kilpatrick A.M., Gillin C.M., Daszak P. Wildlife-livestock conflict: the risk of pathogen transmission from bison to cattle outside Yellowstone National Park. *J Appl Ecol.* 2009;46:476–85. doi: 10.1111/j.1365-2664.2008.01602.x

30. Phepa P.B., Chirove F., Govinder K.S. Modelling the role of multi-transmission routes in the epidemiology of bovine tuberculosis in cattle and buffalo populations. *Math Biosci.* 2016;277:47–58. doi: 10.1016/j.mbs.2016.04.003

REFERENCES

1. Korennoy, F.I. Mathematical and cartographic modeling of the spread of particularly dangerous diseases in farm animals: diss. ... Cand. Geogr. Sci. (2019): 154 p. (in Russ)

2. Shabeykin, A.A., Belimenko, V.V., Patrikeev, V.V., Gulyukin, E.A., Kuzmin, V.A. Spatiotemporal patterns of development of the ASF epizootic process in the wild boar population. *Veterinary Science.* 2023; 11: 33–39. (in Russ) DOI: 10.30896/0042-4846.2023.26.11.33-38

3. Buhnerkempe M.G., Roberts M.G., Dobson A.P., Heesterbeek H., Hudson P.J., Lloyd-Smith J.O. Eight challenges in modelling disease ecology in multi-host, multi-agent systems. *Epidem Chall Model Infect Dis Dyn.* 2015;10:26–30.

4. Roberts M., Dobson A., Restif O., Wells K. Challenges in modelling the dynamics of infectious diseases at the wildlife–human interface. *Epidemics.* 2021;37:100523. doi: 10.1016/j.epidem.2021.100523

5. Huyvaert K.P., Russell R.E., Patyk K.A., Craft M.E., Cross P.C., Garner M.G. et al. Challenges and opportunities developing mathematical models of shared pathogens of domestic and wild animals. *Vet Sci.* 2018;5:E92. doi: 10.3390/vetsci5040092

6. Russell R.E., Katz R.A., Richgels K.L.D., Walsh D.P., Grant E.H.C. A framework for Modeling emerging diseases to inform management. *Emerg Infect Dis.* 2017;23:1–6. doi: 10.3201/eid2301.161452

7. Barron M.C., Tompkins D.M., Ramsey D.S.L., Bosson M.A.J. The role of multiple wildlife hosts in the persistence and spread of bovine tuberculosis in New Zealand. *N Z Vet J.* 2015;63:68–76. doi: 10.1080/00480169.2014

8. Mateus-Anzola J., Wiratsudakul A., Rico-Chávez O., Ojeda-Flores R. Simulation modeling of influenza transmission through backyard pig trade networks in a wildlife/livestock interface area. *Trop Anim Health Prod.* 2019;51:2019–24. doi: 10.1007/s11250-019-01892-4
9. Boklund A., Goldbach S.G., Uttenthal A., Alban L. Simulating the spread of classical swine fever virus between a hypothetical wild-boar population and domestic pig herds in Denmark. *Prev Vet Med.* 2008;85:187–206. doi: 10.1016/j.prevetmed.2008.01
10. Dion E., Van Schalkwyk L., Lambin E.F. The landscape epidemiology of foot-and-mouth disease in South Africa: a spatially explicit multi-agent simulation. *Ecol Model.* 2011;222:2059–72. doi: 10.1016/j.ecolmodel.2011.03.026
11. Doran R.J., Laffan S.W. Simulating the spatial dynamics of foot and mouth disease outbreaks in feral pigs and livestock in Queensland, Australia, using a susceptible-infected-recovered cellular automata model. *Prev Vet Med.* 2005;70:133–52. doi: 10.1016/j.prevetmed.2005.03.002
12. Yoo D.S., Kim Y., Lee E.S., Lim J.S., Hong S.K., Lee I.S., et al. Transmission dynamics of African swine fever virus, South Korea, 2019. *Emerg Infect Dis.* 2021;27:1909–18. doi: 10.3201/eid2707.204230
13. Ramsey D.S.L., O'Brien D.J., Smith R.W., Cosgrove M.K., Schmitt S.M., Rudolph B.A. Management of on-farm risk to livestock from bovine tuberculosis in Michigan, USA, white-tailed deer: predictions from a spatially-explicit stochastic model. *Prev Vet Med.* 2016;134:26–38. doi: 10.1016/j.prevetmed.2016.09.022
14. Smith G.C., Delahay R.J., McDonald R.A., Budgey R. Model of selective and non-selective Management of Badgers (*Meles meles*) to control bovine tuberculosis in badgers and cattle. *PLoS One.* 2016;11:e0167206. doi: 10.1371/journal.pone.0167206
15. Agudelo M.S., Grant W.E., Wang H.-H. Effects of white-tailed deer habitat use preferences on southern cattle fever tick eradication: simulating impact on “pasture vacation” strategies. *Parasit Vectors.* 2021;14:102. doi: 10.1186/s13071-021-04590-z
16. Yang Y., Nishiura H. Assessing the geographic range of classical swine fever vaccinations by spatiotemporal modeling in Japan. *Transbound Emerg Dis.* 2022;69:1880–9. doi: 10.1111/tbed.14171
17. Birch C.P.D., Goddard A., Tearne O. A new bovine tuberculosis model for England and Wales (BoTMEW) to simulate epidemiology, surveillance and control. *BMC Vet Res.* 2018;14:273. doi: 10.1186/s12917-018-1595-9
18. Carpenter T.E., Coggins V.L., McCarthy C., O'Brien C.S., O'Brien J.M., Schommer T.J. A spatial risk assessment of bighorn sheep extirpation by grazing domestic sheep on public lands. *Prev Vet Med.* 2014;114:3–10. doi: 10.1016/j.prevetmed.2014.01.008
19. Ward M.P., Garner M.G., Cowled B.D. Modelling foot-and-mouth disease transmission in a wild pig-domestic cattle ecosystem. *Aust Vet J.* 2015;93:4–12. doi: 10.1111/avj.12278
20. Mugabi F., Duffy K.J. Exploring the dynamics of African swine fever transmission cycles at a wildlife-livestock interface. *Nonlinear Anal-Real World Appl.* 2023;70:103781. doi: 10.1016/j.nonrwa.2022.103781
21. Bouchez-Zacria M., Courcoul A., Durand B. The distribution of bovine tuberculosis in cattle farms is linked to cattle trade and badger-mediated contact networks in South-Western France, 2007–2015. *Front Vet Sci.* 2018;5:173. doi: 10.3389/fvets.2018.00173
22. Roy S., McElwain T.F., Wan Y. A network control theory approach to modeling and optimal control of zoonoses: case study of brucellosis transmission in sub-Saharan Africa. *PLoS Negl Trop Dis.* 2011;5:e1259. doi: 10.1371/journal.pntd.0001259
23. Jori F., Etter E. Transmission of foot and mouth disease at the wildlife/livestock interface of the Kruger National Park, South Africa: can the risk be mitigated? *Prev Vet Med.* 2016;126:19–29. doi: 10.1016/j.prevetmed.2016.01.016
24. Hayama Y., Shimizu Y., Murato Y., Sawai K., Yamamoto T. Estimation of infection risk on pig farms in infected wild boar areas-epidemiological analysis for the reemergence of classical swine fever in Japan in 2018. *Prev Vet Med.* 2020;175:104873. doi: 10.1016/j.prevetmed.2019.104873
25. Muñoz F., Pleydell D.R.J., Jori F. A combination of probabilistic and mechanistic approaches for predicting the spread of African swine fever on Merry Island. *Epidemics.* 2022;40:100596. doi: 10.1016/j.epidem.2022.100596
26. Wiethoelter A.K., Beltrán-Alcrudo D., Kock R., Mor S.M. Global trends in infectious diseases at the wildlife-livestock interface. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2015;112:9662–7. doi: 10.1073/pnas.1422741112
27. Jori F., Hernandez-Jover M., Magouras I., Dürr S., Brookes V.J. Wildlife–livestock interactions in animal production systems: what are the biosecurity and health implications? *Anim Front Rev Mag Anim Agric.* 2021;11:8–19. doi: 10.1093/af/vfab045
28. Jacquot M., Nomikou K., Palmarini M., Mertens P., Biek R. Bluetongue virus spread in Europe is a consequence of climatic, landscape and vertebrate host factors as revealed by phylogeographic inference. *Proc Biol Sci.* 2017;284:20170919. doi: 10.1098/rspb.2017.0919
29. Kilpatrick A.M., Gillin C.M., Daszak P. Wildlife-livestock conflict: the risk of pathogen transmission from bison to cattle outside Yellowstone National Park. *J Appl Ecol.* 2009;46:476–85. doi: 10.1111/j.1365-2664.2008.01602.x
30. Phepa P.B., Chirove F., Govinder K.S. Modelling the role of multi-transmission routes in the epidemiology of bovine tuberculosis in cattle and buffalo populations. *Math Biosci.* 2016;277:47–58. doi: 10.1016/j.mbs.2016.04.003

Поступила в редакцию / Received: 27.06.2025

Поступила после рецензирования / Revised: 27.07.2025

Принята к публикации / Accepted: 30.09.2025