

## Прогнозирование динамики заболеваемости норовирусной инфекцией с применением моделей временных рядов

Анна Александровна Косова<sup>1</sup>, Владислав Игоревич Чалапа<sup>2</sup>✉

<sup>1,2</sup> Уральский государственный медицинский университет, Екатеринбург, Россия

<sup>2</sup> Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор», Екатеринбург, Россия

✉ [neekewa@yandex.ru](mailto:neekewa@yandex.ru)

### Аннотация

**Введение.** Норовирусная инфекция (НВИ) является широко распространенным диарейным заболеванием, отличающимся высокой контагиозностью и вызывающим вспышки в организованных коллективах и медицинских организациях. Прогнозирование заболеваемости НВИ может способствовать своевременному и рациональному внедрению профилактических мер. **Цель исследования** – оценить возможность создания модели временных рядов для прогнозирования заболеваемости НВИ на примере Свердловской области. **Материалы и методы.** Для прогнозирования заболеваемости НВИ были выбраны модели временных рядов (ARIMA), основанные на экстраполяции наблюдаемых тенденций и не требующие для прогнозирования детальных эпидемиологических данных. Для построения моделей были использованы данные помесечных форм статистического наблюдения № 2 за 2015–2019 г., представленные Центром гигиены и эпидемиологии в Свердловской области. Все модели обучали на данных 2015–2018 гг. и тестировали на данных 2019 г. Оптимальная модель выбиралась по значениям критерия Акаике и средней ошибки, выраженной в процентах. **Результаты и обсуждение.** Динамика заболеваемости НВИ в Свердловской области характеризовалась ростом в 2015–2018 гг., при этом временной ряд являлся стационарным и характеризовался выраженной зимне-весенней сезонностью. Было получено 9 относительно состоятельных моделей, из которых оптимальный результат показала модель вида SARIMA (1,0,0)(0,0,1). Несмотря на точность прогноза на 2019 г., прогноз заболеваемости НВИ на период пандемии COVID-19 оказался несостоятельным. Предполагается, что включение в модель дополнительных предикторов (климатические параметры и данные об уровне коллективного иммунитета к НВИ), а также повышение робастности (выбросоустойчивости) модели может повысить точность прогнозирования. **Заключение.** Модели ARIMA, особенно учитывающие сезонность заболеваемости, в целом пригодны для прогнозирования динамики эпидемического процесса НВИ в Свердловской области. Ожидается, что включение в модель дополнительных параметров, описывающих климат и уровень коллективного иммунитета, может повысить точность прогнозирования. Отдельным направлением в моделировании НВИ может быть поиск робастных (выбросоустойчивых) алгоритмов.

**Ключевые слова:** норовирусная инфекция, прогнозирование, модели временных рядов, эпидемиологический надзор

**Для цитирования:** Косова А.А., Чалапа В.И. Прогнозирование динамики заболеваемости норовирусной инфекцией с применением моделей временных рядов. *Уральский медицинский журнал*. 2023;22(3):57–63. <http://doi.org/10.52420/2071-5943-2023-22-3-57-63>

© Косова А.А., Чалапа В.И., 2023

© Kosova A.A., Chalapa V.I., 2023

## Predicting the dynamics of norovirus infection using time series models

Anna A. Kosova<sup>1</sup>, Vladislav I. Chalapa<sup>2</sup>✉

<sup>1,2</sup> Ural State Medical University, Ekaterinburg, Russia

<sup>2</sup> State Research Center of Virology and Biotechnology Vector, Ekaterinburg, Russia

✉ neekewa@yandex.ru

### Abstract

**Introduction** Norovirus infection (NI) is the most prevalent cause of acute gastroenteritis and outbreaks in semi-closed settings. Forecasting of NI may improve situational awareness and control measures. **The aim of the study** is to evaluate accuracy of time-series models for forecasting of norovirus incidence (on Sverdlovsk region dataset). **Materials and methods** Simple ARIMA time-series models was chosen to forecast NI incidence via regression on its own lagged values. Dataset including passive surveillance monthly reports for Sverdlovsk region was used. All models were trained on data for 2015–2018 and tested on data for 2019. Models were benchmarked using Akaike information criterion (AIC) and mean absolute percentage error (MAPE). **Results and discussion** NI incidence in Sverdlovsk raised in 2015-2018 with strong winter-spring seasonality. The time-series incidence data was stationary. Nine significant models were found and the most accurate model was SARIMA (1,0,0)(0,0,1). Despite its accuracy on 2019 test sample, forecast on COVID-19 pandemic period was failed. It was supposed that including additional regressors (climate and herd immunity data) and choosing of more robust time-series models may improve forecasting accuracy. **Conclusion** ARIMA time-series models (especially SARIMA) suitable to forecast future incidence of NI in Sverdlovsk region. Additional investigations in terms of possible regressors and improved model robustness are needed.

**Keywords:** noroviral infection, forecasting, time-series models, surveillance

### For citation:

Kosova AA, Chalapa VI. Predicting the dynamics of norovirus infection using time series models. *Ural Medical Journal*. 2023;22(3):57–63. (In Russ.). <http://doi.org/10.52420/2071-5943-2023-22-3-57-63>

### ВВЕДЕНИЕ

Норовирусная инфекция (НВИ) является самой широко распространенной острой кишечной инфекцией, вызывая 18 % всех случаев гастроэнтерита [1]. Ежегодно в мире возникает до 677 миллионов случаев заболевания и до 200 тыс. летальных исходов [2]. Высокая контагиозность, малая величина инфицирующей дозы [3], длительное и массивное выделение вируса из организма больных [4, 5], частое бессимптомное носительство [6] в сочетании с высокой устойчивостью норовирусов во внешней среде [7] способствуют быстрому распространению заболевания в человеческой популяции [8]. Ввиду сложностей с культивированием норовирусов перспективы создания вакцины на текущий момент неясны [9].

НВИ является распространённой причиной вспышек в организованных коллективах детей и взрослых (особенно в дошкольных организациях и учреждениях длительного ухода для пожилых лиц, медицинских организациях [10]), при этом дети дошкольного возраста являются значимым резервуаром возбудителя [11]. Представление об ожидаемом времени повышенного риска заболе-

вания НВИ может способствовать своевременному введению ограничений и других дополнительных профилактических мер для снижения риска передачи инфекции. Такое рациональное использование профилактических ресурсов возможно с учетом знания прогноза заболеваемости.

Существует многообразие методик прогнозирования динамики заболеваемости, варьирующих по степени технической сложности и требованиям к объему и качеству входных данных [12]. Среди них хорошим сочетанием относительной простоты реализации и нетребовательности к детальной информации о предикторах обладают модели временных рядов, такие как ARIMA. Модели этого класса широко применяются для прогнозирования динамики эпидемического процесса COVID-19 [13], гриппа и гриппоподобных заболеваний [14, 15], энтеровирусной инфекции [16], туберкулеза [17, 18], ВИЧ-инфекции [19], бруцеллеза [20], лихорадки денге [21], малярии [22] и других заболеваний [23–25]. Модели временных рядов также применяются для прогнозирования заболеваемости гастроэнтеритами [26–30], в т.ч. НВИ [31]. Отечественные публикации, посвященные прогнозированию за-

болеваемости НВИ с использованием модели временных рядов, в открытых источниках обнаружены не были.

**Цель исследования** – оценить возможность создания модели временных рядов для прогнозирования заболеваемости НВИ на примере Свердловской области.

#### МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Принцип работы модели ARIMA (интегрированная модель авторегрессии – скользящего среднего) основан на экстраполяции наблюдаемых тенденций и циклического компонента для построения прогноза (в варианте с моделированием сезонности – SARIMA). Результаты долгосрочных наблюдений за динамикой заболеваемости НВИ указывают на то, что вероятность передачи норовирусов от человека к человеку мало варьирует во времени [32], что позволяет допустить теоретическую возможность прогнозирования заболеваемости НВИ путем экстраполяции.

Авторегрессионный компонент модели определяет взаимосвязь между прошлыми и будущими наблюдениями, в то время как скользящее среднее представляет собой оценку прогнозируемых значений ряда в зависимости от текущего и прошлых значений с участием некоторого стохастического компонента, который отражает вероятностный характер модели. Поскольку эти два компонента модели работают с допущением о стационарности временного ряда, модель дополнительно является интегрированной, то есть проблема нестационарности устраняется взятием разностей некоторого порядка от исходного временного ряда. Расширением описанной модели является модель SARIMA, в которой дополнительно описывается периодический компонент (сезонность) [33].

Для построения моделей была использована информация из помесечных форм статистического наблюдения № 2 за 2009–2020 гг., представленные Центром гигиены и эпидемиологии в Свердловской области и содержащие сведения о числе подтвержденных случаев НВИ.

Для тестирования гипотезы о стационарности

временного ряда использовался тест Дики – Фуллера с нулевой гипотезой о нестационарности. Модели строились с различными допущениями о том, с какой задержкой тот или иной компонент временного ряда коррелирует с собственными значениями в будущем. Порядок авторегрессии определялся с контролем по результатам анализа автокорреляционной и частичной автокорреляционной функций, остальные компоненты модели – путем последовательного перебора параметров с контролем значений информационного критерия Акаике (AIC) и средней ошибки, выраженной в процентах (MAPE). Оптимальной моделью признавалась та, которая обеспечивала минимальное значение AIC и MAPE. Нулевые гипотезы отвергались при  $p < 0,05$ .

Статистический анализ и визуализация результатов проводились в среде R версии 4.1.3 (R Core Team, 2021).

#### РЕЗУЛЬТАТЫ

С момента начала официальной регистрации случаев НВИ в Свердловской области в 2009 г. и до 2014 г. отмечались относительно низкие уровни заболеваемости, и лишь в 2015–2016 гг. был зафиксирован рост показателя с максимумом в 2018 г., когда заболеваемость впервые превысила средний многолетний уровень. Кроме того, в 2020 г. на фоне пандемии COVID-19 произошло значительное снижение заболеваемости НВИ, по-видимому, обусловленное целым комплексом причин, в первую очередь – реализацией противоэпидемических мероприятий. В связи с этим для построения модели была использована информация за 2015–2018 гг., а тестирование производилось на данных 2019 года.

В рамках разведочного анализа были определены базовые свойства временного ряда. Набор данных, выбранный для построения модели, являлся стационарным (тест Дики – Фуллера с тестированием нулевой гипотезы о нестационарности,  $p < 0,01$ ). По результатам декомпозиции временного ряда выявлена выраженная устойчивая зимне-весенняя сезонность (рис. 1), что позволило допустить возможность построения модели класса SARIMA, учитывающей сезонный компонент.

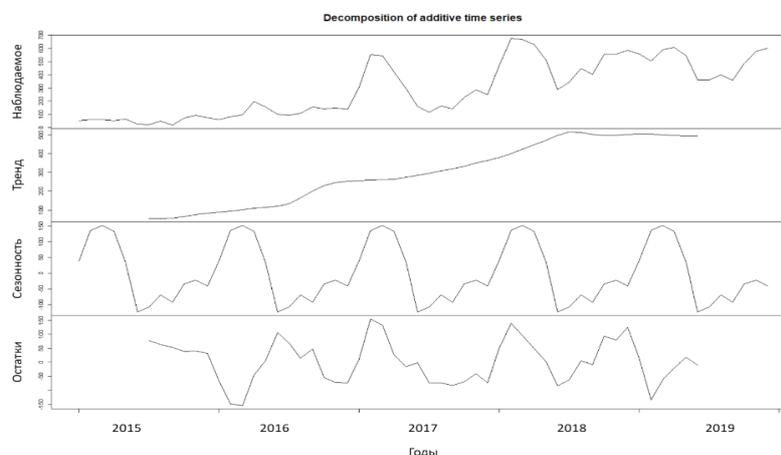


Рис. 1. Результат декомпозиции временного ряда (число случаев НВИ в Свердловской области, 2015–2019 гг.)

Для предварительного выбора параметров моделей был проведен анализ автокорреляционной и частичной автокорреляционной функций (рис. 2). Отмечено, что корреляционная функция характеризуется наибольшим значением показателя, соответствующего лагу 1 с последующим постепенным убыванием. При этом для автокорр-

реляционной функции лаг 1 является единственным лагом, значительно превышающим границу статистической значимости. Полученный результат указывает на то, что динамика числа случаев НВИ может описываться авторегрессионной функцией первого порядка (модель ARIMA вида 1, d, q).

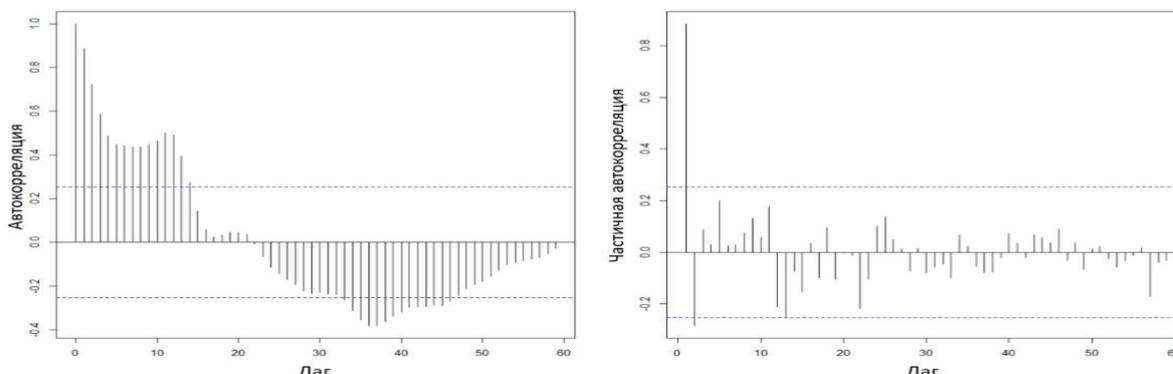


Рис. 2. Автокорреляция и частичная автокорреляция временного ряда (число случаев НВИ в Свердловской области, 2015–2019 гг.). Горизонтальным пунктиром обозначены границы уровней значимости

Путем простого перебора возможных параметров получено 9 относительно состоятельных моделей временных рядов с авторегрессией первого порядка (с учетом сезонности и без такового). Статистически значимые коэффициенты уравнений и самые низкие значения AIC и MAPE были обнаружены у двух моделей (№ 1 и № 5, табл. 1), однако у модели № 1 остатки не являлись «белым шумом» (тест Льюнг – Бокса,  $p = 0,01$ ), поэтому за оптимальную была принята

модель SARIMA (1,0,0)(0,0,1), продемонстрировавшая приемлемую точность на тестовой выборке (MAPE 22 %). Результаты прогнозирования с использованием данной модели приведены на рис. 3. На 2019 г. спрогнозирована стабилизация динамики заболеваемости на довольно высоком уровне относительно ранее наблюдавшихся значений. Фактические значения тестовой выборки не вышли за пределы доверительного интервала для прогноза.

Таблица 1

Сравнительная характеристика моделей временных рядов (динамика заболеваемости НВИ в Свердловской области), построенных на обучающей выборке 2015–2018 гг.

№ п/п	Модель	AR (sAR)		MA (sMA)		AIC	MAPE	LBQ (p)
		B	95 % ДИ	B	95 % ДИ			
ARIMA								
1	(1,0,0)	0,91	0,79–1,03*	-	-	573	17	0,01
2	(1,1,0)	0,32	0,05–0,58*	-	-	554	27	0,01
3	(1,1,1)	-0,39	-0,72–0,06	0,90	0,73–1,07*	551	36	0,08
4	(1,0,1)	0,81	0,62–1,01*	0,65	0,20–1,09*	566	20	0,07
SARIMA								
5	(1,0,0)(0,0,1)	0,91	0,79–1,02*	(0,65)	(0,20–1,10)*	562	22	0,08
6	(1,0,1)(0,0,1)	0,82	0,62–1,01*	0,53 (0,58)	-0,17–1,08 (0,15–1,00*)	559	16	0,02
7	(1,1,0)(0,1,0)	0,16	-0,17–0,48	-	-	411	76	0,12
8	(1,1,0)(0,1,1)	0,17	-0,15–0,50	(-0,21)	(-0,59–0,18)	412	71	0,14
9	(1,1,0)(1,1,0)	0,17 (-0,19)	-0,15–0,50 (-0,53–0,15)	-	-	412	72	0,15

Примечание. AR – авторегрессионный компонент, sAR – авторегрессионный компонент для сезонности, MA – компонент скользящего среднего, sMA – компонент скользящего среднего для сезонности, AIC – информационный критерий Акаике, MAPE – средняя ошибка, выраженная в процентах, B – коэффициент уравнения, p – статистическая значимость коэффициента уравнения, LBQ(p) – статистическая значимость теста Льюнг – Бокса (нулевая гипотеза – остатки модели являются «белым шумом»). Символом «\*» обозначены статистически значимые коэффициенты уравнения.

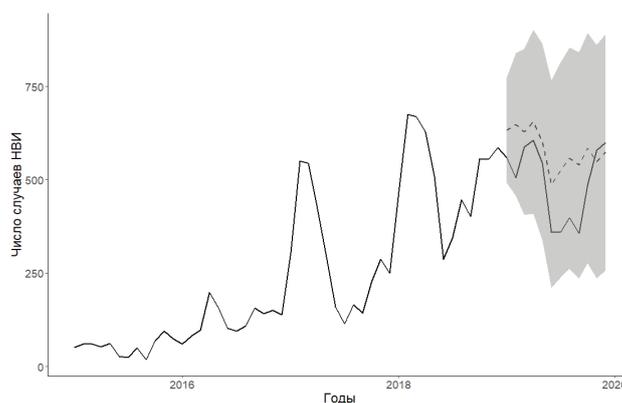


Рис. 3. Прогноз заболеваемости НВИ (абс. число случаев) в Свердловской области в 2019 г. (пунктирная линия) и его 95 % ДИ в сравнении с фактически наблюдаемыми значениями (сплошная линия)

### ОБСУЖДЕНИЕ

Согласно градации точности прогноза по величине MAPE, предложенной ранее [27] в исследовании с моделированием заболеваемости острым гастроэнтеритом, настоящая модель занимает пограничное положение между «относительно точной» ( $MAPE < 20$ ) и «относительно содержательной» ( $MAPE < 50$ ). В указанном исследовании авторы добились большей точности (значение MAPE составило до 12 % для модели SARIMA и до 11 % для усложненной модели SARIMA с включением климатических параметров), что может быть связано с использованием другой системы эпидемиологического надзора (учитывались все случаи диарейных заболеваний, включая случаи без лабораторного подтверждения). Последнее обстоятельство может также указывать на то, что при недостаточной доступности лабораторной диагностики НВИ перспективным направлением может быть моделирование заболеваемости острыми кишечными инфекциями (суммарно) с последующим вычислением доли НВИ на основании результатов выборочных исследований или моделирования другим методом [8].

Включение в прогностическую модель заболеваемости НВИ климатических параметров, по-видимому, является оправданным, поскольку выраженная сезонность НВИ частично объясняется влиянием факторов внешней среды, включая климат. Известно, что между температурой воздуха и заболеваемостью гастроэнтеритами вирусной этиологии, включая НВИ, имеется сильная обратная корреляционная связь, соответственно включение в модель климатических параметров в качестве предикторов будет способствовать повышению качества краткосрочного прогноза заболеваемости НВИ [34]. Кроме того, хотя механизмы иммунного ответа на норовирус продолжают изучаться, включение в модель предикторов, связанных с уровнем коллективного иммунитета также может повысить точность модели [35].

Результаты настоящего исследования свидетельствуют о том, что использованное семейство

моделей в целом является перспективным с точки зрения дальнейшего повышения точности прогноза за счет включения в модель дополнительных предикторов, потенциально оказывающих влияние на эпидемический процесс. Полученная экспериментальная модель показывает приемлемую точность, но нуждается в дальнейшем совершенствовании.

В то же время, проведенное исследование имеет ряд ограничений. Во-первых, полученная модель основана на экстраполяции ранее наблюдавшихся тенденций, допуская их воспроизводимость в будущем. Следствием этого является несостоятельность модели при попытке прогнозировать заболеваемость НВИ на 2020–2021 гг., когда ограничительные мероприятия в связи с пандемией COVID-19 привели к значительному снижению уровня заболеваемости НВИ [36]. Здесь следует отметить, что существующие методы прогнозирования принципиально не могут быть состоятельны на фоне беспрецедентных событий, не выводимых из теоретических представлений об устройстве изучаемой паразитарной системы или из результатов ретроспективных наблюдений за ней (что справедливо для пандемии COVID-19). Во-вторых, модель на данном этапе не учитывает влияние на эпидемический процесс конкретных факторов, таких как климат, изменение иммунной прослойки за счет естественного движения населения и появление новых генотипов возбудителя. В-третьих, ранее было показано, что доля случаев НВИ, учитываемых официальной статистикой, может варьировать от региона к региону и это обстоятельство следует учитывать при построении прогностической модели для конкретного региона, что может ограничивать работоспособность модели при ее экстраполяции на другую территорию или при изменении системы диагностики и регистрации случаев заболевания [37].

Однако, несмотря на все вышеперечисленные ограничения, полученная экспериментальная модель позволяет ответить на вопрос об ожидаемом количестве случаев НВИ за определенный период

времени в будущем и в усовершенствованном виде может быть использована в рамках диагностической подсистемы эпидемиологического надзора.

### ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Модели временных рядов, особенно учитывающие сезонность заболеваемости (такие как SARIMA), в целом пригодны для прогнозирования динамики эпидемического процесса НВИ в Свердловской области, особенно при условии хорошо от-

лаженной лабораторной диагностике и регистрации случаев. Ожидается, что включение в модель дополнительных параметров, описывающих климат и уровень коллективного иммунитета, может повысить точность прогнозирования. Кроме того, важным направлением в моделировании эпидемического процесса НВИ представляется поиск алгоритмов, обладающих большей робастностью (устойчивостью к выбросам) в сравнении с SARIMA.

### СПИСОК ИСТОЧНИКОВ / REFERENCES

1. Farahmand M, Moghoofoei M, Dorost A et al. Global prevalence and genotype distribution of norovirus infection in children with gastroenteritis: A meta-analysis on 6 years of research from 2015 to 2020. *Rev Med Virol.* 2021;32(1):e2237. <http://doi.org/10.1002/rmv.2237>.
2. Pires SM, Fischer-Walker CL, Lanata CF et al. Aetiology-specific estimates of the global and regional incidence and mortality of diarrhoeal diseases commonly transmitted through food. *PLoS ONE.* 2015;10(12):e0142927. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0142927>.
3. Teunis PFM, Moe CL, Liu P et al. Norwalk virus: How infectious is it? *J Med Virol.* 2008;80(8):1468–1476. <http://doi.org/10.1002/jmv.21237>.
4. Teunis PFM, Sukhire FHA, Vennema H et al. Shedding of norovirus in symptomatic and asymptomatic infections. *Epidemiol Infect.* 2015;143(8):1710–1717. <http://doi.org/10.1017/S095026881400274X>.
5. Gustavsson L, Norden R, Westin J et al. Slow clearance of norovirus following infection with emerging variants of genotype GII.4 strains. *J Clin Microbiol.* 2017;55(5):1533–1539. <http://doi.org/10.1128/JCM.00061-17>.
6. Qi R, Huang YT, Liu JW et al. Global prevalence of asymptomatic norovirus infection: a meta-analysis. *EClinicalMedicine.* 2018;2-3:50–58. <http://doi.org/10.1016/j.eclinm.2018.09.001>.
7. Barclay L, Park GW, Vega E et al. Infection control for norovirus. *Clin Microbiol Infect.* 2014;20(8):731–740. <http://doi.org/10.1111/1469-0691.12674>.
8. Косова А.А., Чалапа В.И., Итани Т.М., Семенов А.В. Эпидемиологическая характеристика норовирусной инфекции. *Уральский медицинский журнал.* 2022;21(3):114–128. <http://doi.org/10.52420/2071-5943-2022-21-3-114-128>.  
Kosova AA, Chalapa VI, Itani TM, Semenov AV. Epidemiological portrait of norovirus infection. *Ural medical journal.* 2022;21(3):114–128. (In Russ.). <http://doi.org/10.52420/2071-5943-2022-21-3-114-128>.
9. Ettayebi K, Tenge VR, Cortes-Penfield NW et al. New insights and enhanced human norovirus cultivation in human intestinal enteroids. *mSphere* 2021;6(1):e01136-20. <http://doi.org/10.1128/mSphere.01136-20>.
10. O'Brien SJ, Sanderson RA, Rushton SP. Control of norovirus infection. *Curr Opin Gastroenterol.* 2019;35(1):14–19. <http://doi.org/10.1097/MOG.0000000000000491>.
11. Hebbelstrup B, Jokelainen P, Yde Nielsen AC et al. Children attending day care centers are a year-round reservoir of gastrointestinal viruses. *Sci Rep.* 2019;9(1):3286. <http://doi.org/10.1038/s41598-019-40077-9>.
12. Siettos CI, Russo L. Mathematical modeling of infectious disease dynamics. *Virulence.* 2013;4(4):295–306. <http://doi.org/10.4161/viru.24041>.
13. Ghafouri-Fard S, Mollahmed-Rahimi H, Motie P et al. Application of machine learning in the prediction of COVID-19 daily new cases: A scoping review. *Heliyon.* 2021;7(10):e08143. <http://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e08143>.
14. Kandula S, Shaman J. Near-term forecasts of influenza-like illness: An evaluation of autoregressive time series approaches. *Epidemics.* 2019;27:41–51. <http://doi.org/10.1016/j.epidem.2019.01.002>.
15. Бухарбаева, Л. Я., Егорова Ю. В. Прогнозирование региональной заболеваемости гриппом и ОРВИ на основе авторегрессионных моделей. Управление экономикой: методы, модели, технологии: Материалы XVIII Международной научной конференции, Уфа – Красноуфольск, 18–20 октября 2018 года. Уфа : Уфимский государственный авиационный технический университет ; 2018. С. 301–305.  
Bukharbaeva LY, Egorova YV. Forecasting the regional incidence of influenza and acute respiratory viral infections on the basis of autoregressive models. Management of economics: methods, models, technologies: Proceedings of the XVIII International Scientific Conference, Ufa – Krasnousolsk, October 18–20, 2018. Ufa : Ufa State Aviation Technical University ; 2018. pp. 301–305. (In Russ.).  
URL: [http://bcugatu.ru/wp-content/uploads/2018/10/MNC\\_UE\\_20183.pdf](http://bcugatu.ru/wp-content/uploads/2018/10/MNC_UE_20183.pdf).
16. Liu L, Luan RS, Zhu XP et al. Predicting the incidence of hand, foot and mouth disease in Sichuan province, China using the ARIMA model. *Epidemiol Infect.* 2016;144(1):144–151. <http://doi.org/10.1017/S0950268815001144>.
17. Zhao D, Zhang H, Cao Q et al. The research of ARIMA, GM(1,1), and LSTM models for prediction of TB cases in China. *PLoS One.* 2022;17(2):e0262734. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0262734>.
18. Махкамова З.Р., Овсянникова Н.М., Голубова Т.Н. с соавт. Прогноз первичной заболеваемости туберкулезом легких (числа случаев) в Республике Крым. *Научные ведомости Белгородского государственного университета. Серия: Медицина. Фармация.* 2017;19(268):127–138.  
Makhkamova Z.R., Ovsyannikova N.M., Golubova T.N. et al. Forecast of primary pulmonary tuberculosis morbidity (number of cases) in the Republic of Crimea. *Scientific Journal of Belgorod State University. Series: Medicine. Pharmacy = Nauchnye vedomosti Belgorodskogo gosudarstvennogo universiteta. Serija: Medicina. Farmacija.* 2017;19(268):127–138. (In Russ.).
19. Xu B, Li J, Wang M. Epidemiological and time series analysis on the incidence and death of AIDS and HIV in China. *BMC Public Health.* 2020;20(1):1906. <http://doi.org/10.1186/s12889-020-09977-8>.
20. Alim M, Ye G-H, Guang P et al. Comparison of ARIMA model and XGBoost model for prediction of human brucellosis in mainland China: a time-series study. *BMJ Open.* 2020;10(12):e039676. <http://doi.org/10.1136/bmjopen-2020-039676>.

21. López-Montenegro LE, Pulecio-Montoya AM, Marcillo-Hernández GA. Dengue cases in Colombia: mathematical forecasts for 2018-2022. *MEDICC Rev.* 2019;21(2):38-45. <http://doi.org/10.37757/MR2019.V21.N2-3.8>.
22. Ferrão JL, Earland D, Novela A et al. Malaria temporal variation and modelling using time-series in Sussundenga district, Mozambique. *Int J Environ Res Public Health.* 2021;18(11):5692. <http://doi.org/10.3390/ijerph18115692>.
23. Rahmanian V, Bokaie S, Haghdooost A, Barooni M. Temporal analysis of visceral leishmaniasis between 2000 and 2019 in Ardabil Province, Iran: A time-series study using ARIMA model. *J Family Med Prim Care.* 2020;9(12):6061-6067. [http://doi.org/10.4103/jfmpc.jfmpc\\_1542\\_20](http://doi.org/10.4103/jfmpc.jfmpc_1542_20).
24. Zhang H, Wen Sh, Zheng J et al. Meteorological factors affecting respiratory syncytial virus infection: A time-series analysis. *Pediatr Pulmonol.* 2020;55(3):713-718. <http://doi.org/10.1002/ppul.24629>.
25. Raycheva R, Stoilova Y, Kevorkyan A, Rangelova V. Epidemiological Prognosis of Pertussis Incidence in Bulgaria. *Folia Med (Plovdiv).* 2020;62(3):509-514. <http://doi.org/10.3897/folmed.62.e49812>.
26. Medina DC, Findley SE, Guindo B, Doumbia S. Forecasting non-stationary diarrhea, acute respiratory infection, and malaria time-series in Niono, Mali. *PLoS One.* 2007;2(11):e1181. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0001181>.
27. Kam HJ, Choi S, Cho JP et al. Acute diarrheal syndromic surveillance. *Appl Clin Inform.* 2010;1(2):79-95. <http://doi.org/10.4338/ACI-2009-12-RA-0024>.
28. Daisy SS, Islam AKM, Akanda AS et al. Developing a forecasting model for cholera incidence in Dhaka megacity through time series climate data. *J Water Health.* 2020;18(2):207-223. <http://doi.org/10.2166/wh.2020.133>.
29. Fang X, Liu W, Ai J et al. Forecasting incidence of infectious diarrhea using random forest in Jiangsu Province, China. *BMC Infect Dis.* 2020;20(1):1-8. <http://doi.org/10.1186/s12879-020-4930-2>.
30. Avoka JA, Dun-Dery EJ, Seidu I et al. Time series analysis of the relationship between diarrhea in children and Rota 2 vaccine in the Fanteakwa District of the eastern region of Ghana. *BMC Pediatr.* 2021;21(1):1-9. <http://doi.org/10.1186/s12887-021-02540-3>.
31. Muhsen K, Kassem E, Rubenstein U et al. No evidence of an increase in the incidence of norovirus gastroenteritis hospitalizations in young children after the introduction of universal rotavirus immunization in Israel. *Hum Vaccin Immunother.* 2019;15(6):1284-1293. <http://doi.org/10.1080/21645515.2019.1599522>.
32. Misumi M, Nishiura H. Long-term dynamics of Norovirus transmission in Japan, 2005-2019. *PeerJ.* 2021;9:e11769. <http://doi.org/10.7717/peerj.11769>.
33. Cong J, Ren M, Xie Sh, Wang P. Predicting seasonal influenza based on SARIMA model, in Mainland China from 2005 to 2018. *Int J Environ Res Public Health.* 2019;16(23):4760. <http://doi.org/10.3390/ijerph16234760>.
34. Sung J, Cheong H-K, Kwon H-J, Kim J-H. Pathogen-specific response of infectious gastroenteritis to ambient temperature: National surveillance data in the Republic of Korea, 2015-2019. *Int J Hyg Environ Health.* 2022;240:113924. <http://doi.org/10.1016/j.ijheh.2022>.
35. Havumaki J, Eisenberg JNS, Mattison CP et al. Immunologic and epidemiologic drivers of norovirus transmission in daycare and school outbreaks. *Epidemiology.* 2021;32(3):351-359. <http://doi.org/10.1097/EDE.0000000000001322>.
36. Yasmin F, Ali SH, Ullah I. Norovirus outbreak amid COVID-19 in the United Kingdom; priorities for achieving control. *J Med Virol.* 2022;94(3):1232-1235. <http://doi.org/10.1002/jmv.27426>.
37. Ondrikova N, Clough HE, Cunliffe NA et al. Understanding norovirus reporting patterns in England: a mixed model approach. *BMC Public Health.* 2021;21(1):1245. <http://doi.org/10.1186/s12889-021-11317-3>.

**Сведения об авторах****А.А. Косова**

– кандидат медицинских наук, доцент,  
kosova\_anna2003@mail.ru,  
<https://orcid.org/0000-0002-0268-8887>

**В.И. Чалapa**

– аспирант, neekewa@yandex.ru,  
<https://orcid.org/0000-0001-5823-5257>

**Конфликт интересов.**

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Источник финансирования.**

Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования при проведении исследования.

**Этическая экспертиза** не применима.

**Информированное согласие** не требуется.

Статья поступила в редакцию 07.11.2022;  
одобрена после рецензирования 16.01.2023;  
принята к публикации 02.05.2023.

**About the authors****A.A. Kosova**

– Ph.D. in Medicine, Associate Professor,  
kosova\_anna2003@mail.ru,  
<https://orcid.org/0000-0002-0268-8887>

**V.I. Chalapa**

– Postgraduate student, neekewa@yandex.ru,  
<https://orcid.org/0000-0001-5823-5257>

**Conflicts of interests**

The authors declare no conflicts of interests.

**Funding source**

The authors state that there is no external funding for the study.

**Ethics approval** is not applicable.

**Informed consent** is not required.

The article was submitted 07.11.2022; approved after reviewing 16.01.2023; accepted for publication 02.05.2023.