

# مدلهای عامل مبنا و کاربرد آن در بررسی خطرات انتقال بیماری همه گیر

محمود دادخواه<sup>۱\*</sup>، استادیار، نازلی بشارتی<sup>۲</sup>، استادیار

<sup>۱</sup> گروه ریاضی کاربردی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران – [m\\_dadkhah@pnu.ac.ir](mailto:m_dadkhah@pnu.ac.ir)

<sup>۲</sup> گروه ریاضی کاربردی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران – [nbesharati@pnu.ac.ir](mailto:nbesharati@pnu.ac.ir)

**چکیده:** بروز همه گیری کووید ۱۹ در جهان، بار دیگر دولت‌ها و مسئولین محلی را با چالشی بزرگ و غیر مترقبه مواجه ساخت. بررسی همه جوانب این همه گیری، متخصصین رشته‌های مختلف و بخصوص ریاضی را به عرصه مبارزه با این چالش کشاند. در این بین، مدلسازی ریاضی انتقال بیماری بدلیل ماهیت ساده و قابل درک آن و نیز قابلیت اثبات شده آن در کمک به حل موضوعاتی از این دست، اهمیتی دوچندان یافت. مدلهای مختلف ارایه شده برای بیماری‌های گوناگون، قدرت بررسی و پیشگیری از ایجاد همه گیری‌های خطرناک را افزایش می‌دهد. در این مقاله به کمک مدلسازی عامل مبنا، نحوه انتشار و انتقال بیماری‌های همه گیر (به ویژه در محیط‌های کوچک) را بررسی کرده ایم. در مدل بررسی شده، فرآیند انتقال مکانی-زمانی نیز برای هر عامل در نظر گرفته شده است. همچنین تصمیم گیری عوامل مورد بررسی، بر اساس قوانینی خواهد بود که برایشان تهیه شده است. برای تعریف ویژگی‌های اجتماعی اصلی و همچنین شرایط سلامتی مورد استفاده در طول تعامل عوامل با یکدیگر، یک پروفایل فردی برای هر عامل در مدل پیش بینی می‌شود. بدلیل انعطاف خوب مدل بیان شده، شبیه سازی‌های عددی متفاوتی با آن به اجرا گذاشته شده است. از آنچه در این پژوهش بدست آمد می‌توان دریافت که برای کنترل و مقابله با بیماری‌های همه گیر و بخصوص در محیط‌های کوچک، چندین عامل باید به صورت جدی مورد توجه قرار گیرد که از آن جمله می‌توان به محدودیت جدی و شدید در جابه جایی‌های عوامل، تجمعات آنها و نیز رعایت دستورالعمل‌های بهداشتی و محافظتی (مثلاً استفاده از ماسک و قرنطینه عوامل)، اشاره نمود.

واژه‌های کلیدی: مدلسازی ریاضی، مدل‌های عامل مبنا، همه گیری، مدل‌های انتقال بیماری، کووید-۱۹.

---

## Agent-based models and their application in investigating the risks of epidemic disease transmission

Mahmood Dadkhah <sup>1\*</sup>, Nazli Besharati <sup>2</sup>,

<sup>1</sup> Assistant Professor, Department of Applied Mathematics, Payam Noor University, Tehran, Iran, Email: [m\\_dadkhah@pnu.ac.ir](mailto:m_dadkhah@pnu.ac.ir)

<sup>2</sup> Assistant Professor, Department of Applied Mathematics, Payam Noor University, Tehran, Iran, Email: [nbesharati@pnu.ac.ir](mailto:nbesharati@pnu.ac.ir)

**Abstract:** The outbreak of the **Covid-19 pandemic** in the world once again faced the governments and local officials with a big and unexpected challenge. Examining all aspects of this **epidemic** brought experts from different fields, especially mathematics, to the field of fighting this challenge. In the meantime, **mathematical modeling** of disease transmission has gained double importance due to its simple and understandable nature as well as its proven ability to help solve such issues. Different models presented for different diseases increase the power of investigation and prevention of dangerous **epidemics**. In this article, with the help of **agent-based models**, we have investigated the spread and transmission of **epidemic diseases** (especially in small environments). In the reviewed model, the spatio-temporal transfer process is also considered for each agent. Also, the decision of the investigated agents will be based on the rules prepared for them. To define the main social characteristics as well as the health conditions used during the interaction of the agents with each other, an individual profile is predicted for each agent in the model. Due to the good flexibility of the stated model, different numerical simulations have been implemented with it. From what was obtained in this research, it can be seen that in order to control and deal with **epidemic** diseases, especially in small environments, several factors must be taken seriously, of which, serious and severe restrictions on the movement of agents, their gatherings and the observance of health and protective instructions (for example, using a mask and quarantine agents) can be pointed out. **Agent-based models** have a very high capability in this field.

**Keywords:** *Mathematical modelling, Agent-based models, epidemic, disease transmission models, Covid-19.*

\* **Mahmood Dadkhah**, [m\\_dadkhah@pnu.ac.ir](mailto:m_dadkhah@pnu.ac.ir)

## ۱. مقدمه

و آخرین مورد این همه‌گیری‌ها، مربوط به کرونا ویروس است. ویروس‌های گروه کرونا خانواده‌ی بزرگی از ویروس‌ها هستند که از ویروس سرماخوردگی معمولی تا عامل بیماری‌های شدیدتری همچون سارس، مرس و کووید-۱۹ را شامل می‌شوند. تاکنون هفت نوع ویروس کرونای منتقل شده به انسان، کشف شده‌است که آخرین نوع آن‌ها، ویروس کرونای سندرم حاد تنفسی یا کووید-۱۹ است [۱]. کووید-۱۹ یک بیماری بسیار عفونی است، که از طریق روش‌های مختلف انتقال، مانند قطرات منتشر شده در هوا با عطسه یا سرفه، تماس فیزیکی مستقیم با افراد آلوده، از یک میزبان به میزبان دیگر منتقل می‌شود. در این انتقال و در بسیاری از انتقال‌های مربوط به بیماری‌های همه‌گیر، یک عامل یا مجموعه‌ای از عوامل به جمعیتی از عناصر مستعد ابتلا وارد می‌شوند. سپس عفونت از طریق اشکال مختلف انتقال خود، به سایر عوامل منتقل و در نتیجه در کل جمعیت پخش می‌شود. بروز و شیوع بیماری‌های عفونی در یک جمعیت معین، با تنظیمات جغرافیایی و جمعیتی متنوع، باید در حوزه مکانی و زمانی مورد تجزیه و تحلیل قرار گیرد تا مدل‌های پویا ایجاد شود که بینشی جهانی از رفتار شیوع بیماری‌ها ارائه دهد.

امروزه مدل‌سازی ریاضی تقریباً جزء لاینفک بسیاری از علوم است [۲ و ۳]. یک مدل ریاضی می‌تواند به پژوهشگران برای توصیف یک سیستم و مطالعه اثر مولفه‌های گوناگون در آن و همچنین، انجام پیش‌بینی پیرامون رفتارها در آن سیستم کمک کند. برای به دست آوردن نتایج بهتر از فرآیندها، مدل‌های ساده برای تجزیه و تحلیل آنها کافی نیستند. در دسترس بودن گسترده منابع محاسباتی سریع، امکان ساخت و تجزیه و تحلیل مدل‌های پیچیده‌تری را فراهم کرده است که منجر به حوزه جدیدی از دانش به نام سیستم‌های پیچیده گردیده است [۴].

برخی از شناخته‌شده‌ترین رویکردهای ریاضی، مدل‌های

معادلات دیفرانسیل (DE) [۵] و مدل‌های نوع میدان میانگین (MF) [۶] هستند که عوامل مکانی و زمانی مانند تراکم جمعیت و پویایی متغیر را در نظر نگرفته‌اند. آنها همچنین مفاهیم فضایی درون سیستم را نادیده می‌گیرند. بی‌توجهی به مولفه فضایی فرمول‌بندی مدل‌های اپیدمی را می‌توان با توصیف رفتار فضایی با استفاده از رویکرد نظریه سیستم‌های پیچیده حل کرد. یکی از چالش‌هایی که ریاضیدانان، اپیدمیولوژیست‌ها و دانشمندان کامپیوتری که در زمینه مدل‌سازی مکانی-زمانی کار می‌کنند، با آن روبرو هستند، تلاش برای درک پیچیدگی شیوع بیماری‌ها است. جستجو برای درک رفتار غیرخطی شیوع اپیدمی‌ها و علل آن به منظور کنترل آنها، منجر به تلاش‌های متعددی برای مدل‌سازی و پیش‌بینی الگوی بسیاری از بیماری‌های واگیر مختلف از طریق یک جمعیت شده است. مدل‌سازی عامل مبنا نشان‌دهنده یک الگوی جدید برای مدل‌سازی سیستم‌های پیچیده با استفاده از عوامل (یا عناصر) و جایگزینی برای ابزارهای ریاضی کلاسیک توصیف رفتار بیماری‌هاست. این مدل‌سازی یک رویکرد مدل‌سازی محاسباتی است که در آن می‌توان پدیده‌های نوظهور در سطح سیستم را از طریق مدل‌سازی صریح رفتارهای فردی و تعامل آنها با یکدیگر و با محیط مشاهده کرد [۴]. این مدل‌ها نتایج بهتری را در شرایطی ایجاد می‌کنند که در آن لازم است پویایی یک بیماری را به روشی دقیق‌تر تعیین کنیم، به ویژه زمانی که لازم است فرآیند انتقال فرد به فرد مشخص شود [۷]. تحت این نوع مدل‌سازی، جمعیتی از عوامل (انسانی یا غیر انسانی) رفتاری را حفظ می‌کنند که با مجموعه‌ای از قوانین ساده مشخص می‌شود. هدف از چنین قوانینی تقلید از حرکات فردی بازیگران واقعی هنگام تعامل با محیط محلی خود است.

مدل‌سازی عامل مبنا به مدل‌سازان اجازه می‌دهد که قواعد رفتاری و وضعیتی که افراد در آن قرار می‌گیرند را مشخص کرده و در نهایت با اجرای مدل‌سازی و یا شبیه‌سازی رفتار

کمک شبیه‌سازی مورد بررسی قرار گرفته و در نهایت به بررسی نقطه پایان شیوع و نیز نقطه زانویی پرداخته شده است. در مرجع [۱۹]، یک مدل مبتنی بر عامل جدید معرفی شده که در آن، دو نوع موجودیت گروه‌های خانگی و مکان‌های عمومی را معرفی کرده‌اند و جمعیتی از  $N$  عامل را به گروه‌های خانگی، هر کدام با ۲ تا ۶ عضو تقسیم نموده‌اند. در ادامه از یک پارامتر بار ویروسی موثر برای توصیف تغییرات بار ویروسی در افراد استفاده نموده و بسته به بارهای ویروسی موثر حمل شده، فرض نموده‌اند که چهار دسته از عوامل در شبیه‌سازی وجود دارد. در مرجع [۲۰]، بر اساس یک توصیف ریاضی دقیق از مدل‌های مبتنی بر عامل مکانی-زمانی، دو رویکرد فراجمعیت متفاوت (تصادفی و قطعی تکه‌ای) ارائه شده و مراحل تقریب بین مدل‌های مختلف در این چارچوب مورد بحث قرار داده شده است. همچنین نشان داده شده است که چگونه مدل فراجمعیت تصادفی از تصویر گالری مدل مبتنی بر عامل تحت بررسی در فضای  $ansatz$  با ابعاد محدود نتیجه می‌شود. در مرجع [۲۱]، مؤلفین پس از معرفی اجمالی اصول اولیه شبیه‌سازی مبتنی بر عامل، چهار حوزه کاربردی آن با استفاده از برنامه‌های کاربردی دنیای واقعی را مورد بحث قرار داده‌اند که شامل شبیه‌سازی جریان، شبیه‌سازی سازمانی، شبیه‌سازی بازار و شبیه‌سازی انتشار می‌باشد. برای هر دسته، یک یا چند برنامه کاربردی تجاری توصیف و تحلیل شده است.

شواهد روشنی مبنی بر اینکه برخی از بیماری‌های عفونی در جمعیت انسان‌ها به صورت جغرافیایی گسترش یافته‌اند، وجود دارد که کووید-۱۹ یکی از شاخص‌ترین آنهاست [۲۲]. به همین دلیل، درک پویایی پیچیده بیماری‌های همه‌گیر با توجه به محیط‌های فضایی خاص ضروری است. محیط‌های کوچک مانند مدارس، دانشگاه‌ها، شرکت‌ها، سالنهای جشن و بازارهای سنتی، پاساژها و ...، احتمال عفونت بالایی دارند زیرا در این فضاها، نرخ تماس بالایی بین افرادی که سطوح تعامل مشترک مشابهی دارند، وجود دارد. از طرفی پیامدهای بهداشت عمومی ناشی از ابتلا به بیماری‌های همه‌گیر و بخصوص کووید-۱۹، بسیاری از دولت‌ها را وادار کرده است که مجموعه‌ای از

افراد و گروه‌ها را در خروجی مدل مشاهده نمایند. همچنین مدل‌سازی عامل مبنای می‌تواند از ایجاد مدل‌های قطعی و تصادفی سلسله‌مراتبی پشتیبانی کند جایی که نتایج در سطوح بالاتر بر روی کنش‌ها و واکنش‌های سطوح پایین‌تر به سادگی قابل چشم‌پوشی نیست. از دیگر ویژگی‌های مدل‌سازی عامل مبنای این است که از ایجاد و مطالعه دستگاه‌های جامع با سطوح چندگانه که سطوح بالاتر و پایین‌تر به طور همزمان یکدیگر را تحت تاثیر قرار می‌دهند پشتیبانی می‌کند. در مدل‌های عامل مبنای، عموماً عامل‌ها نماینده تصمیم‌گیران در دستگاه هستند. عامل‌ها در هر وضعیتی گرایش دارند که انطباقی و انعطاف‌پذیر رفتار کنند. عامل‌ها معمولاً در دستگاه به صورت مجزا قابل شناسایی هستند اما در هر حال لازم نیست که عامل‌ها به صورت کاملاً جدا از یکدیگر قابل تفکیک باشند، بلکه مرزهای جداکننده عامل‌ها می‌تواند مبهم باشد. همچنین عامل‌ها می‌توانند بخش قابل توجهی از داده‌ها را با یکدیگر به اشتراک بگذارند (برای بررسی بیشتر مبانی نظری مدل‌سازی عامل مبنای، به مراجع [8-11] مراجعه شود).

چندین مدل عامل مبنای برای مدل‌سازی چگونگی انتقال بیماری با توجه به ویژگی‌های مختلف جمعیت و تأثیرگذاری بر رفتار کلی اپیدمی‌ها پیشنهاد شده است [۷ و ۱۲]. همچنین در نمونه‌ی مطالعاتی [۱۳] از اطلاعات تاریخی برای تولید الگوهای تماس در رویکردهای عامل مبنای با هدف توصیف رفتار اپیدمی‌های بحرانی قبلی استفاده شده است. در مقابل، در مرجع [۱۴]، داده‌های تاریخی برای ارزیابی احتمال شیوع بیماری در آینده در نظر گرفته شده است. در مراجع [۱۵ و ۱۶]، دو طرح عامل مبنای که تماس فردی را برای ثبت گسترش سراسری آنفولانزا در استرالیا و سوئیس مدل می‌کنند، پیشنهاد شده است. یک مدل چندمقیاسی عامل مبنای انتقال بیماری‌های عفونی برای ارزیابی تأثیر واکسیناسیون و مداخلات غیر دارویی با رویکرد کووید-۱۹ در [۱۷] مورد بررسی قرار گرفته است. در مرجع [۱۸]، مدلی مبتنی بر عامل برای ارزیابی خطرات انتقال کووید-۱۹ در تأسیسات (خانه‌ها و ادارات) معرفی شده و جمعیت مورد مطالعه به دو گروه افراد مستعد ابتلا و افراد آلوده تقسیم شده است. سپس با بیان قوانین حاکم بر مدل، چند سناریوی متفاوت به

توزیع یکنواخت در بازه  $[0,1]$  تولید می‌کند. همچنین در مدل مورد نظر، رفتار هر فرد با مجموعه‌ای از قوانین ساده و قابل درک برای عموم، مشخص خواهد شد در حالیکه این قوانین تعاملات اساسی فرد را در داخل محیط هم در نظر می‌گیرند. بنابراین هدف این است که مدل به گونه‌ای تعریف شود که آزمون‌گر بتواند با تغییرات مد نظر خود، چند وضعیت یا چالش ممکن در برخورد با بیماری‌های همه‌گیر را به راحتی مورد بررسی قرار دهد و به کمک همین بررسی‌ها و نتایج بدست آمده از آنها، شرایط همزیستی که باید به اعضا تحمیل شود یا عاداتی که برای کاهش خطرات انتقال باید از آنها اجتناب نمود، را نیز مورد ارزیابی و آزمون قرار دهد. بنابراین نقاط برجسته این مقاله عبارتست از

- شبیه‌سازی مسئله واقعی و مد نظر قرار دادن ناهمگونی جمعیت به کمک تابع ساده  $rand(0,1)$ .
- مشخص شدن رفتار هر فرد با مجموعه‌ای از قوانین ساده و قابل درک برای عموم.
- در نظر گرفتن تعاملات اساسی فرد در داخل محیط.
- منعطف بودن و قابلیت بررسی حالات مختلف در مدل

در بخش ۲، به بیان مدل‌های عامل مبنا و خواص آن پرداخته‌ایم. در بخش ۳ مدل مورد نظر برای مطالعه را توضیح داده و قوانین مورد استفاده در آن را بیان نموده‌ایم. در ادامه و در بخش ۴، الگوریتم کلی روش را بیان نموده و در بخش ۵، به شبیه‌سازی عددی و ارزیابی مدل پرداخته‌ایم. در نهایت در بخش ۶، بحث و نتیجه‌گیری ارائه شده است.

## ۲. مدل‌های عامل مبنا و خواص آن

با ظهور بیماری‌های عفونی جدید، مدل‌های عامل مبنا می‌توانند به عنوان ابزاری برای کمک به درک نحوه تأثیرگذاری بر یک جمعیت و نحوه واکنش ما در برابر شیوع استفاده شوند. برای انجام این کار، داشتن درک قوی از همه عوامل احتمالی در گسترش بیماری ضروری است. در مدل‌سازی بیماری باید مشخص شود که چگونه بیماری عفونی بین عوامل منتقل

اقدامات کنترلی را اعمال کنند و با رسیدن کشورها به اوج آلودگی، برنامه ریزی شده است که تحت شرایط همزیستی جدید، به حالت عادی بازگردند تا اثرات اقتصادی ناشی از بسته شدن کلی یا جزئی شرکت‌ها، دانشگاه‌ها، مدارس، مغازه‌ها، مراکز خدمات عمومی و غیره کاهش یابد [۲۳]. ذکر این نکته ضروری است که با توجه به ماهیت متفاوت بیماری‌های همه‌گیر، تشخیص دقیق یا تقریبی مقدار فاصله مجاز نزدیک شدن عاملها به هم (در این مقاله با نماد  $R$  نشان داده خواهد شد) به راحتی امکان پذیر نیست و طبق بررسی‌های میدانی در مورد بیماری و داده‌های جمع‌آوری شده از طریق نمونه‌گیری می‌توان بدن دست یافت. در این مورد در مرجع [۲۴]، مؤلفین به بررسی تعیین سطح فاصله‌گذاری اجتماعی لازم برای جلوگیری از امواج اپیدمی کووید-۱۹ در آینده پرداخته‌اند. همچنین در مرجع [۲۵]، مؤلفین به بررسی پاسخ اپیدمی به سیاست‌های فاصله‌گذاری فیزیکی و تأثیر آنها بر خطر شیوع بیماری‌های همه‌گیر و نیز اثر آن بر روی عدد بازتولید پایه و ایجاد جهش‌های جدید در اپیدمی اولیه پرداخته‌اند. در مقاله حاضر، تماس مستقیم افراد مستعد ابتلا با فرد آلوده به عنوان اصلی‌ترین بستر انتقال بیماری‌های همه‌گیر و بخصوص کووید-۱۹ در نظر گرفته می‌شود. بنابراین، فرض بر این است که بیماری‌های عفونی به دنبال شبکه‌ای از تماس بین عامل‌ها از فردی به فرد دیگر منتشر می‌شود. سپس به کمک روابط و توابع ساده ریاضی، یک مدل عامل مبنا را مورد بررسی قرار خواهیم داد. استفاده از روابط و فرمولهای ساده ریاضی برای بیان و معرفی مدل عامل مبنا، این حسن را خواهد داشت که بدور از پیچیدگیهای معمول، بتوان مفاهیم و تعاریف مربوط به یک مدل عامل مبنا را بیان نمود، برای آن برنامه و الگوریتم نوشت و آن را مورد بررسی و تجزیه و تحلیل قرار داد. در اینجا برای آنکه شبیه‌سازی به مسئله واقعی نزدیکتر شود و ناهمگونی جمعیت نیز مد نظر قرار گیرد، از تابع ساده  $rand(0,1)$  برای ارزیابی احتمال آلوده شدن فرد در مجاورت یک فرد آلوده و نیز جابجاییهای عامل کمک گرفته‌ایم. تابعی که عددی تصادفی و با

الگوهای تماس فردی در مدل‌سازی را فراهم می‌کند و امکان تحلیل راهبردها را در مقیاس کوچک نیز فراهم می‌نماید. اقدامات در نظر گرفته شده برای جلوگیری از انتقال کووید ۱۹ شامل عادات ساده‌ای مانند شستن مداوم دست‌ها، عطسه کردن در دست یا گوشه آرنج، استفاده از ماسک صورت و کم نمودن رفت و آمدها است.

### ۳. توضیحات مدل

احتمال ابتلای یک فرد به بیماری به عوامل متعددی بستگی دارد که از وضعیت سلامتی او تا نظم و انضباط او در انجام اقدامات پیشگیری و واکسیناسیون فرد را شامل می‌شود. در رویکرد حاضر، احتمال ابتلا به عفونت با استفاده از مقداری احتمالی بنام  $P_i$  مدل‌سازی می‌شود. این مقدار احتمال برای هر فردی متفاوت است و تمام عوامل احتمالی را که بر عفونت وی تأثیر مثبت یا منفی می‌گذارد، خلاصه می‌کند [۱۷].

پخش عفونت ارتباط مستقیمی با میزان تماس و تحرک بین افراد در جامعه خواهد داشت. در طرح پیشنهادی، نرخ تماس و تحرک بین افراد با مقدار احتمال  $Q_i$  مدل‌سازی می‌شود. این پارامتر شامل عوامل متعددی است که حرکت یک فرد را در محیط‌های کوچک تعیین می‌کند (مانند مشاغل تعیین شده برای فرد، تعداد کلاس‌های درس برای یک دانش آموز و غیره). این پارامتر می‌تواند برای گروه‌هایی از افراد، مانند کارگران همان منطقه، دانش‌آموزان با برنامه زمانی هماهنگ و غیره یکسان باشد. با این حال، مؤلفه‌هایی مانند مقاصد شخصی فرد، بازدید از دوستان (با عواملی شبیه به اینها) در مناطق مختلف، این پارامتر را تغییر داده و آن را برای هر فردی منحصر به فرد می‌سازد [۱۷].

### ۳.۱. مقداردهی اولیه

در مدل پیشنهادی این مقاله، با دو جمعیت (بخش) مختلف سرو کار خواهیم داشت که آنها را جمعیت افراد مستعد ابتلا و جمعیت افراد آلوده می‌نامیم. فرض کنید  $A(k) = \{a_1, a_2, \dots, a_m\}$  و  $B(k) = \{b_1, b_2, \dots, b_n\}$  باشند که عوامل مجموعه  $A$  نشان دهنده جمعیت افراد مستعد ابتلا و عوامل مجموعه  $B$  نشان دهنده جمعیت افراد آلوده در

می‌شود و چگونه بیماری در یک عامل عفونی پیشرفت می‌کند. مدل‌های عامل مبنا ساده هستند و از معماری‌های پیچیده یا قوانین رفتاری دشوار استفاده نمی‌کنند. در این نوع مدل، با مدل‌سازی جامعه، جابه‌جایی و محیط سروکار داریم. مدل‌سازی جامعه شامل شبیه‌سازی جمعیت است، مدل‌سازی جابجایی تعیین می‌کند که چگونه عوامل در محیط حرکت کنند و مدل‌سازی محیط شامل ایجاد فضایی است که در آن عوامل با هم تعامل خواهند داشت. عوامل در یک محیط (نقشه مجازی) به شکل یک شبکه یا یک فضای چند بعدی با یکدیگر تعامل دارند. عوامل می‌توانند آزادانه در محیط حرکت کنند. با این ویژگی، می‌توان رفتارهای عامل را به عنوان یک سیستم فیزیکی، مانند ترافیک، سیستم‌های بیولوژیکی، عفونت‌ها و غیره تجسم کرد.

در یک مدل عامل مبنا، ابتدا مجموعه‌ای از  $N$  عامل  $\{a_1, a_2, \dots, a_N\}$  مقداردهی اولیه می‌شوند. در این مرحله، عوامل در یک موقعیت معین یا در یک حالت خاص پیکربندی می‌شوند. سپس هر عامل  $a_i$  به صورت تصادفی یا با در نظر گرفتن ترتیب خاصی انتخاب می‌شود. برای این عامل  $a_i$ ، مجموعه‌ای از قوانین (شرایط تحمیل شده توسط سایر عوامل (عوامل خاص) یا تأثیرات محلی) به منظور تغییر موقعیت، وضعیت یا رابطه آن با سایر عوامل اعمال شده و این فرآیند تا رسیدن به یک معیار توقف مشخص تکرار می‌شود.

### ۱.۲. مدل عامل مبنای پیشنهادی برای بیماری همه‌گیر کووید-۱۹

در این بخش، مدل عامل مبنای پیشنهادی را برای بررسی خطرات انتقال بیماری همه‌گیر مفروضی در محیط‌های کوچک مورد بررسی قرار می‌دهیم. همانطور که قبلاً اشاره شد، بیماری کووید-۱۹ یک بیماری عفونی است که از طریق روش‌های مختلف انتقال، مانند قطرات منتشر شده در هوا با عطسه یا سرفه، تماس فیزیکی مستقیم با افراد آلوده و غیره، از یک میزبان به میزبان دیگر منتقل می‌شود. بنابراین مدل عامل مبنای در نظر گرفته شده در این مقاله، برای تقلید فرآیند انتقال از دیدگاه عامل ایجاد شده است. این رویکرد امکان برجسته کردن اهمیت

می‌شود که مقداری بین صفر و یک دارد و به ترتیب با  $Q_i^A$  و  $Q_i^B$  نمایش داده خواهد شد که با آن می‌توان تماس یا جابجایی را برای عوامل مستعد ابتلا (A) و آلوده (B) شبیه‌سازی کرد. این مقادیر احتمال به‌طور تصادفی با اعدادی که به‌طور یکنواخت در محدوده‌های از پیش تعیین شده پایین ( $l_{cm}$ ) و بالا ( $u_{cm}$ ) توزیع شده‌اند، تنظیم می‌شوند (cm نماد *contact and mobility*).

### ۲.۳. قوانین رفتاری

به منظور شبیه‌سازی انتقال کووید-۱۹، عوامل A و B دنباله‌ای از رفتارها را حفظ می‌کنند که با قوانینی ساده مشخص می‌شوند و تحت تأثیر تعامل جمعی بین آنها قرار می‌گیرند. برای این منظور، رفتار عناصر A، مطابق با قانون اول زیر خواهد بود که مشخص می‌کند عامل خاص  $a_i$  آلوده است یا خیر. همچنین قانون شماره دوی زیر، تماس یا جابجایی را برای عوامل مستعد ابتلا (A) و آلوده (B) بیان می‌کند.

**قانون اول:** در قانون اول، برای هر عامل  $a_i$  از A، وجود یک عامل آلوده  $b_j$  از B در همسایگی مشخصی از آن (مثلاً به شعاع R) مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌گیرد. این همسایگی واقع مقدار فاصله مجاز نزدیک شدن به فرد آلوده را شبیه‌سازی می‌کند و همانطور که در مقدمه اشاره شد، باید به کمک بررسیهای میدانی و جمع‌آوری داده‌های مربوط به هر بیماری، در مورد آن تصمیم گرفت. اگر وجود عامل آلوده تأیید شود، با یک فرآیند تصمیم‌گیری احتمالی، مشخص می‌شود که عامل  $a_i$  آلوده شده است یا خیر. تحت این فرآیند، یک عدد تصادفی  $r$  با توزیع یکنواخت در  $[0,1]$  تولید می‌شود. اگر مقدار  $r$  کمتر یا مساوی  $P_i$  باشد، عامل  $a_i$  آلوده در نظر گرفته می‌شود، در غیر این صورت،  $a_i$  علیرغم تماس با فرد آلوده، خودش آلوده نشده است. هنگامی که  $a_i$  به عنوان عامل آلوده تشخیص داده شد، از مجموعه A حذف شده و به عنوان یک عامل جدید آلوده در مجموعه B اضافه می‌شود. اگر هیچ عامل آلوده‌ای در همسایگی R از  $a_i$  شناسایی نشود، هیچ اقدامی انجام نمی‌گیرد. در شکل (۱) می‌توانیم این قانون و پیکربندی آن را ببینیم.

جامعه مورد نظر هستند. ویژگی عامل‌های A و B می‌تواند در هر تکرار k از شبیه‌سازی تغییر کند (در اینجا منظور از تکرار، روزهای مورد بررسی است). به عبارت دیگر عاملی که در تکرار قبلی در مجموعه A قرار داشت، ممکن است در تکرار یا تکرارهای بعدی در مجموعه B قرار گیرد. مدل در ابتدا و در تکرار اول ( $k=1$ )، شروع به یافتن موقعیت تک تک عامل‌های موجود در دو مجموعه A و B (یعنی  $a_i$  و  $b_j$  ها) می‌کند ( $i=1,2,\dots,m, j=1,2,\dots,n$ ). این موقعیت‌ها در فضای دوبعدی ( $x,y$ )، بصورت تصادفی و به شکل زیر مقدار دهی اولیه شده‌اند:

$$\begin{aligned} & (a_i(k), b_j(k)) \\ & = (\{a_{i,x}(k), a_{i,y}(k)\}, \{b_{j,x}(k), b_{j,y}(k)\}) \end{aligned}$$

مشابه با ایده‌ای که در [۱۷] بیان شده است، در این فرآیند، مختصات  $a_{i,s}$  و  $b_{j,s}$  یک مقدار عددی یکنواخت در بازه های ( $U_x, U_y$ ) و ( $L_x, L_y$ ) است که به شکل زیر تعیین می‌شوند (کرانه‌های بالا و پایین ناحیه مورد نظر):

$$\begin{cases} a_{i,s}(1) = L_s + \text{rand}(0,1) \cdot (U_s - L_s) \\ b_{j,s}(1) = L_s + \text{rand}(0,1) \cdot (U_s - L_s) \end{cases} \quad (1)$$

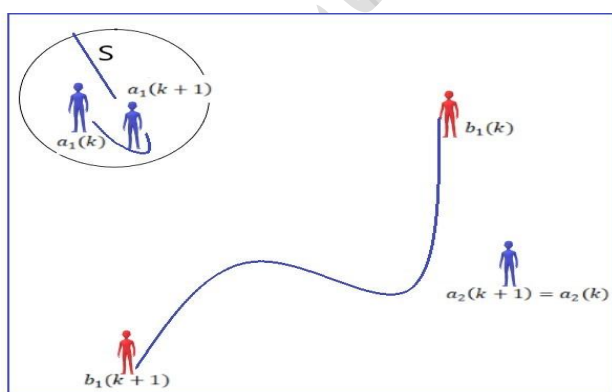
تابع  $\text{rand}(0,1)$  عددی تصادفی و با توزیع یکنواخت در بازه ۰ و ۱ تولید می‌کند. به هر عامل  $a_i$  از A، احتمال آلوده شدن  $P_i$  نسبت داده می‌شود که مقداری بین صفر و یک دارد و با آن می‌توان سناریوهای مختلفی را برای عامل  $a_i$ ، مانند مصونیت آن (مقادیر نزدیک به صفر)، نرخ انتقال طبیعی (حدود ۰/۲) یا استعداد بالای ابتلا به بیماری (مقادیر نزدیک به یک) شبیه‌سازی کرد. برای آنکه شبیه‌سازی به مسئله واقعی نزدیکتر شود، ناهمگونی جمعیت نیز مد نظر قرار گرفته شده و بنابراین مقادیر احتمال  $P_i$  به‌طور تصادفی با اعدادی که به‌طور یکنواخت در محدوده‌های از پیش تعیین شده پایین ( $l_{in}$ ) و بالا ( $u_{in}$ ) توزیع شده‌اند، تنظیم می‌شوند (in نماد *infection*). بنابراین مقادیر نزدیک به حد پایین نشان دهنده عواملی با شرایط ایمنی خوب و مقادیر نزدیک به حد بالا، نشان دهنده عواملی با استعداد بالای ابتلا به بیماری هستند. به روالی مشابه، به هر عامل  $a_i$  از A و  $b_j$  از B، عددی احتمالی برای تماس یا جابجایی نسبت داده

جابجایی‌های موضعی نشان دهنده متداول‌ترین حرکات و در زمانی است که افراد در فضای کاری خود با یکدیگر تعامل دارند و مربوط به جابجایی‌های کوچکی است که در اطراف موقعیت‌های اصلی یک عامل  $a_i(k)$  یا  $b_j(k)$  اتفاق می‌افتد. جابجایی موضعی عامل  $a_i$  یا  $b_j$  با احتمال  $\alpha$  به دست می‌آید. این حرکات مدل‌سازی می‌شوند و یک عدد تصادفی در  $[-S, S]$  به موقعیت‌های اصلی اضافه می‌کنند که در آن  $S$  نشان‌دهنده حداکثر اغتشاش مجاز است. مقدار  $S$  متناسب با جابجایی افراد در تعامل با فضای کاری خود است که می‌تواند با فرمول زیر، شبیه‌سازی شود [۱۷]:

$$\begin{cases} a_{i,s}(k+1) = a_{i,s}(k) + \text{rand}(-1,1) \cdot S \\ b_{j,s}(k+1) = b_{j,s}(k) + \text{rand}(-1,1) \cdot S \end{cases} \quad (2)$$

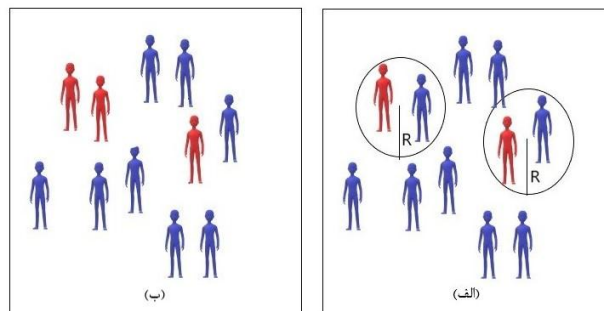
جابجایی کلی به حرکتی اطلاق می‌شود که افراد به دور از موقعیت قبلی خود انجام می‌دهند. این حرکات بیان‌کننده اعمالی مانند تغییرات در منطقه، بازدید از یک آزمایشگاه معین، استراحت در کافی شاپ و غیره هستند. جابجایی کلی عامل  $a_i$  یا  $b_j$  با احتمال  $1 - \alpha$  به دست می‌آید. این جابجایی را می‌توان با فرمول زیر شبیه‌سازی نمود [۱۷]:

$$\begin{cases} a_{i,s}(k+1) = L_s + \text{rand}(0,1) \cdot (U_s - L_s) \\ b_{j,s}(k+1) = L_s + \text{rand}(0,1) \cdot (U_s - L_s) \end{cases} \quad (3)$$



شکل ۲. قانون دوم: تماس و جابجایی افراد در محیط

در شکل (۲)، این قانون را به تصویر کشیده ایم. در این شکل دو عامل  $a_1$  و  $a_2$  از  $A$  و یک عامل  $b_1$  از  $B$  انتخاب شده‌اند و موضع ابتدایی آنها مشخص است. فرض می‌کنیم  $Q_{a_1} = 0/9$



شکل ۱. قانون اول: پیکربندی اولیه (الف) - پیکربندی نهایی (ب)

از شکل (۱)، می‌توان متوجه شد یکی از افرادی که در شعاعی کمتر یا مساوی  $R$  از فرد بیمار قرار دارد، به دلیل احتمال پایین ابتلا (مثلاً با  $P_1 = 0/15$ ) علیرغم تماس با فرد آلوده، خودش آلوده نشده است، در حالیکه فرد دیگری با احتمال بالای ابتلا (مثلاً با  $P_2 = 0/85$ ) در تماس با فرد آلوده، آلوده شده است.

**قانون دوم:** در قانون دوم، مشابه با ایده‌ای که در [۱۷] و [۱۸] بیان شده است، تماس و جابجایی هر عامل از  $A$  و  $B$  تعیین می‌شود. بر اساس این قانون، ابتدا از طریق آزمون احتمالی، مشخص می‌شود که آیا عامل  $a_i$  یا  $b_j$  جابجا شده یا در همان موقعیت قبلی باقی مانده است. برای این فرآیند، یک عدد تصادفی  $r$  با توزیع یکنواخت در  $[0,1]$  تولید می‌شود. اگر مقدار  $r$  کمتر یا مساوی  $Q_i^A$  یا  $Q_i^B$  باشد، موقعیت جدید عامل  $a_i$  یا  $b_j$  اصلاح می‌شود، در غیر این صورت،  $a_i$  یا  $b_j$  مکان قبلی خود را حفظ می‌کنند. پس از تصمیم‌گیری در مورد حرکت، این مدل شامل دو نوع حرکت متفاوت است: جابجایی موضعی (با فواصل کوتاه) و جابجایی کلی (با فواصل طولانی). هر دو حرکت از جابجایی‌های اساسی که توسط افراد در داخل محیط انجام می‌شود، تقلید می‌کنند. برای تصمیم‌گیری در مورد نوع حرکت انجام شده توسط عامل  $a_i$  یا  $b_j$ ، یک قانون احتمالی دیگر در نظر گرفته می‌شود و جابجایی موضعی با احتمال  $\alpha$  و جابجایی کلی با احتمال  $1 - \alpha$  اعمال می‌شود. از آنجایی که معمولاً جابجایی‌های موضعی بیشتر از جابجایی‌های کلی است بنابراین فرض خواهیم کرد که  $\alpha \in [0/6, 0/8]$  باشد.



کران پایین احتمال  $(0, L_y = 250, U_x = 0, U_y = 250)$ . اولیه آلودگی ( $l_{in}$ ) و کران بالای آن ( $u_{in}$ ) به ترتیب برابر  $0/1$  و  $0/3$  در نظر گرفته شده است (که با توجه به میانگین احتمال آلودگی  $0/2$  [۲۶ و ۲۷]، با یک فاصله واقعی مطابقت دارد). حدود بالا ( $u_{cm}$ ) و پایین ( $l_{cm}$ ) احتمال تماس یا جابجایی نیز با توجه به مقدار محاسبه شده جابجایی در شرکت‌ها و دانشگاه‌ها [۲۸ و ۲۹]، به ترتیب اعداد  $0/4$  و  $0/2$  در نظر گرفته شده اند. احتمال جابجایی موضعی هم  $\alpha = 0/8$  مقدار اغتشاش مجاز  $S = 2$  در نظر گرفته شده است. با  $R = 1/5m$  و نیز تعداد تکرارهای مختلف، اجرای این مدل در شکل ۳ نشان داده شده است. این شکل نتایج برخوردها و تعامل عامل‌ها در تکرارهای مختلف فرآیند شبیه‌سازی را نشان می‌دهد. از شکل مشخص است که چگونه بیماری با افزایش تعداد تکرارها، عامل به عامل منتقل می‌شود بطوریکه در  $k = 100$  تکرار، کمترین آلودگی را داریم (همان یک شخص اولی که آلوده بود) و در  $k = 300$  تکرار، تعداد افراد آلوده به ۱۱ نفر رسیده است. این در حالی است که در  $k = 500$  تکرار، تعداد افراد آلوده به ۲۵ نفر رسیده و در  $k = 1000$  تکرار، ۲۷۰ نفر آلوده می‌شوند.

#### آزمایش دوم: تغییر پارامترهای مختلف مدل - تغییر در ابعاد محیط

در آزمایش دوم، با تمام شرایط بیان شده در آزمایش اول، صرفاً مکان را به ابعاد ۲۰۰ در ۲۰۰ کاهش می‌دهیم (نتیجه کوچک شدن محیط بر افزایش آلودگی). نتایج شبیه‌سازی این آزمایش با ۱۰۰، ۳۰۰، ۵۰۰ و ۱۰۰۰ تکرار، در شکل ۴ نشان داده شده است. می‌توان دید که در پایان ۱۰۰ تکرار تعداد افراد آلوده از ۱ به ۲، در پایان ۳۰۰ تکرار تعداد افراد آلوده از ۱۱ به ۲۸، در پایان ۵۰۰ تکرار تعداد افراد آلوده از ۲۵ به ۱۵۳ و افزایش یافته است و در پایان ۱۰۰۰ تکرار تعداد افراد آلوده از ۲۷۰ به ۲۹۸ افزایش یافته است. این بیانگر این نکته است که با کاهش فضای تعامل افراد باهم، تعداد افراد آلوده بشدت بالا می‌رود.

#### آزمایش سوم: تغییر پارامترهای مختلف مدل - تغییر در احتمال‌های شیوع

با توجه به کم بودن  $Q_{a_2} = 0/15$  و  $Q_{b_1} = 0/9$  باشند. مقدار احتمال  $Q_{a_2}$ ، عامل  $a_2$  تحت تأثیر قانون دوم قرار نمی‌گیرد و بنابراین  $a_2(k+1) = a_2(k)$  است. اما از آنجایی که مقدار احتمال تماس و جابجایی برای عامل‌های  $a_1$  و  $b_1$  زیاد است، طبق قانون دوم عمل خواهند کرد. در شکل با توجه به مقدار فرضی  $\alpha$ ، برای عامل  $a_1$  جابجایی موضعی و برای عامل  $b_1$  جابجایی کلی در نظر گرفته شده است بطوریکه موضع جدید  $a_1(k)$  در محل  $a_1(k+1)$  در همسایگی به شعاع  $S$  از آن قرار دارد و موضع جدید  $b_1$  توسط یک موقعیت تصادفی در داخل محیط تعیین می‌شود.

#### ۴. الگوریتم کلی روش

الگوریتم (۱) ساختار کلی کارهایی که باید انجام شود را به سادگی بیان می‌کند.

#### ۵. شبیه‌سازی عددی مدل

در این بخش، مدل پیشنهادی تحت چند حالت پایه آزمایش می‌شود. مدل منعطف است و آزمایش چندین فرضیه را امکان پذیر می‌کند. تحت این قانون، می‌توان حالت‌های مختلف را با در نظر گرفتن شرایط فرضی متمایز که تحلیل آنها در شرایط واقعی غیرممکن است، آزمایش کرد. در مقایسه با روش‌های آزمایشی، استفاده از مدل عامل مبنا باعث صرفه جویی در زمان و منابع اقتصادی می‌شود. هدف از آزمایش‌های مورد بحث در این بخش نشان دادن ویژگی‌های مدل و نتایجی است که می‌تواند ارائه دهد. در این بخش از نرم افزار متلب (MATLAB) نسخه ۲۰۲۰ و یک دستگاه رایانه همراه با رم ۳۲ گیگ و سیستم عامل ویندوز ۱۱ به همراه پردازنده core i7 استفاده شده است. خواننده علاقمند می‌تواند برای دریافت کد متلب نوشته شده و جزئیات آن به انتهای همین مقاله رجوع کند.

#### آزمایش اول: عملکرد پایه

در آزمایش اول، این مدل با در نظر گرفتن جمعیتی از ۳۰۰ عامل حساس (A) با تنها یک فرد آلوده (B) آزمایش می‌شود. محیطی با ابعاد ۲۵۰ در ۲۵۰ در نظر گرفته شده است ( $L_x =$

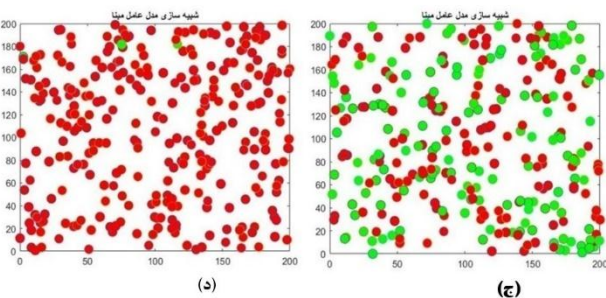
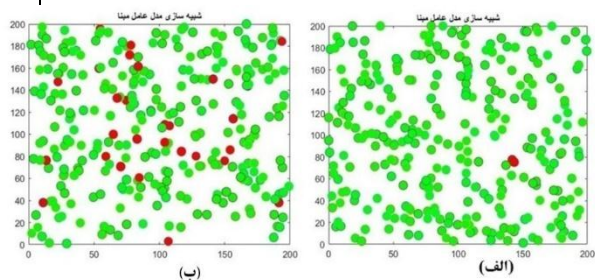
در آزمایش سوم، با تمام شرایط بیان شده در آزمایش دوم، فرض می‌کنیم بدلیل عدم وجود مراقبت‌های لازم بهداشتی و رعایت نکردن دستورالعمل‌ها، احتمال شیوع از ۰/۲ به ۰/۳ رسیده باشد. نتایج شبیه‌سازی این آزمایش با ۵۰۰ و ۱۰۰۰ تکرار، در شکل ۵ نشان داده شده است. می‌توان دید که در پایان ۵۰۰ تکرار تعداد افراد آلوده از ۱ به ۱۵۱ و در پایان ۱۰۰۰ تکرار

تعداد افراد آلوده از ۱ به ۳۰۱ رسیده است، یعنی تقریباً تمام افراد آلوده شده‌اند. این بیانگر این نکته است که در غیاب مراقبت‌های بهداشتی لازم یا رعایت نکردن دستورالعمل‌های بهداشتی، باید منتظر انفجار در افراد آلوده باشیم.

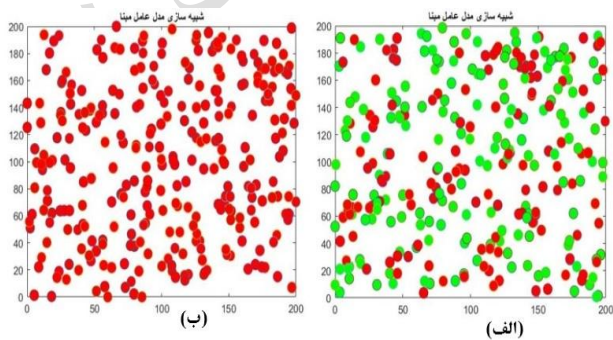
### الگوریتم ۱. الگوریتم کلی روش بیان شده

$A, B, l_{in}, u_{in}, l_{cm}, u_{cm}, [L_x, U_x, L_y, U_y], \alpha, maxiter, R, S, k = 1$	ورودی
$P_i \leftarrow \text{InitializeProbInfec}(A, l_{in}, u_{in})$ $Q_i^A, Q_j^B \leftarrow \text{InitializeProbMobi}(A, B, l_{cm}, u_{cm})$ $A(k), B(k) \leftarrow \text{InitializePosi}(A, B, [L_x, U_x, L_y, U_y])$	مقداردهی اولیه
<b>While</b> $k \leq maxiter$ <b>do</b>	
<b>For each</b> $a_i(k) \in A(k)$ $F \leftarrow \text{find an infected agent in neighbor } (B(k), R)$ <b>if</b> $(F == 1)$ <b>then</b> <b>if</b> $(rand \leq P_i)$ <b>then</b> $A(k) \leftarrow \text{Delete from } A(a_i); \quad B(k) \leftarrow \text{Include in } B(b_j);$ <b>End if; end if; end for;</b>	قانون اول
<b>For each</b> $a_i(k) \in A(k)$ <b>if</b> $(rand \leq Q_i^A)$ <b>then</b> <b>if</b> $(rand \leq \alpha)$ <b>then</b> $a_i(k + 1) \leftarrow \text{Local Movement}(a_i(k), S);$ <b>else</b> $a_i(k + 1) \leftarrow \text{Long Movement}([L_x, U_x, L_y, U_y]);$ <b>end if</b> <b>else</b> $a_i(k + 1) = a_i(k)$ <b>end if; end for;</b>	قانون دوم برای A

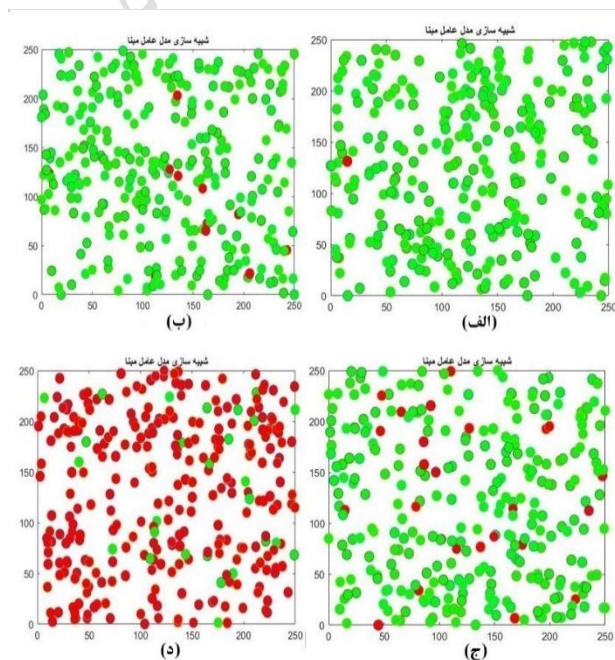
<pre> For each <math>b_j(k) \in B(k)</math> If (<math>rand \leq Q_j^B</math>) then     If (<math>rand \leq \alpha</math>) then <math>b_i(k+1) \leftarrow \text{Local Movement}(b_i(k), S)</math>;     else <math>b_i(k+1) \leftarrow \text{Long Movement}([L_x, U_x, L_y, U_y])</math>;     end if else <math>b_i(k+1) = b_i(k)</math> end if; end for;  <math>k = k + 1</math>  End while                 </pre>	<p>قانون دوم برای <math>B</math></p>
---	--------------------------------------



شکل 4. اجرای مدل عامل مینا با (الف:  $k = 100$ ), (ب):  $k = 300$ , (ج:  $k = 500$ ) و (د:  $k = 1000$ ) تکرار در آزمایش دوم



شکل 5. اجرای مدل عامل مینا با (الف)  $k = 500$  و (ب)  $k = 1000$  تکرار در آزمایش سوم



شکل 3. اجرای مدل عامل مینا با (الف:  $k = 100$ ), (ب):  $k = 300$ , (ج:  $k = 500$ ) و (د:  $k = 1000$ ) تکرار در آزمایش اول

## آزمایش چهارم: بررسی نرخ شیوع و نمودار افراد آلوده در مدل

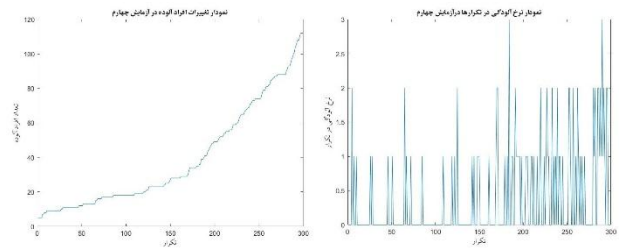
شکل ۷. اجرای مدل عامل مبنا با  $k = 300$  تکرار در آزمایش چهارم

### ۶. بحث و نتیجه گیری

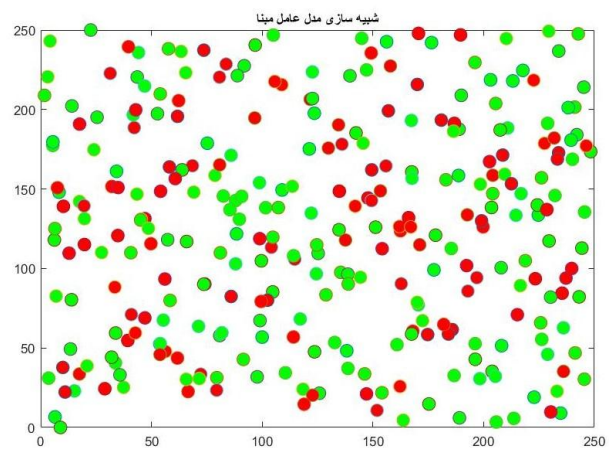
در این مقاله، یک مدل عامل مبنا برای بررسی و ارزیابی خطرات انتقال بیماری‌های همه‌گیر در محیط‌های کوچک ارائه شد. مدل پیشنهادی همچنین شامل یک نمایه فردی برای هر عامل بود که ویژگی‌های اجتماعی اصلی و شرایط بهداشتی مورد استفاده در طول تعاملات آن را تعریف می‌نمود. در مدل پیشنهادی، عوامل شبیه‌سازی شده بسته به قوانین برنامه‌ریزی شده، تصمیم می‌گرفتند. برای این منظور، رفتار عوامل در معرض ابتلا (A)، مطابق با قانون اول بود که در آن مشخص می‌شد عامل خاص  $a_i$  آلوده است یا خیر. همچنین قانون دوم، تماس یا جابجایی را برای عوامل مستعد ابتلا (A) و آلوده (B) بیان می‌نمود که بر طبق آن هم دونوع جابجایی موضعی و کلی مورد بررسی قرار گرفت. بر طبق نتایجی که در شبیه‌سازیهای انجام شده بدست آمد، مشخص شد که چگونه بیماری با افزایش تعداد تکرارها، عامل به عامل منتقل می‌شود بطوریکه در تعداد کمی از تکرارها، کمترین آلودگی را داریم و با افزایش تعداد تکرارها، تعداد افراد آلوده نیز بالا می‌رود. در آزمایش بعدی، اثر کوچک شدن محیط بر افزایش آلودگی بررسی و مشخص شد که با کاهش فضای تعامل افراد باهم، تعداد افراد آلوده بشدت بالا می‌رود. از آنجا که مدل منعطف بود و آزمایش چندین فرضیه را امکان پذیر می‌نمود، در آزمایش سوم، تغییر پارامترهای مختلف مدل و بخصوص تغییر در احتمال‌های شیوع مورد بررسی قرار گرفت و نتایج نشان داد که در غیاب مراقبت‌های بهداشتی لازم یا رعایت نکردن دستورالعمل‌های بهداشتی، باید منتظر انفجار در افراد آلوده باشیم.

از آنچه در این پژوهش بدست آمد می‌توان دریافت که برای کنترل و مقابله با بیماری‌های همه‌گیر در محیط‌های کوچک، چندین عامل باید به صورت جدی مورد توجه قرار گیرد که از آن جمله می‌توان به محدودیت جدی و شدید در جابه‌جایی‌های عوامل، تجمعات آنها و نیز رعایت پروتکلها و

در آزمایش چهارم، می‌خواهیم نرخ شیوع آلودگی و نمودار تغییرات افراد آلوده را بررسی نماییم. در اینجا جمعیتی از ۳۰۰ عامل حساس (A) با ۵ فرد آلوده (B) آزمایش می‌شود. محیط هم با ابعاد ۲۵۰ در ۲۵۰ در نظر گرفته شده است. کران پایین و بالای احتمال اولیه آلودگی به ترتیب برابر ۰/۱ و ۰/۳ در نظر گرفته شده است. همچنین کران پایین و بالای احتمال تماس یا جابجایی نیز به ترتیب اعداد ۰/۲ و ۰/۴ فرض شده اند. احتمال جابجایی موضعی  $\alpha = 0/8$  و مقدار اغتشاش مجاز  $S = 2$  در نظر گرفته شده است. با  $R = 2m$  و  $k = 300$  تکرار، اجرای این مدل در شکل ۷ نشان داده شده است. در شکل ۶، نمودار نرخ شیوع بیماری در تکرارها و نمودار تغییرات افراد آلوده در جمعیت مورد بررسی هم به نمایش در آمده است.



شکل ۶. نمودار نرخ آلودگی و تغییرات افراد آلوده در آزمایش چهارم



Societies and Social Simulation, 23(4), (2020) 1-14.  
[Doi: 10.18564/jasss.4421](https://doi.org/10.18564/jasss.4421)

- [9] M.Tracy, M. Cerdá, K.M. Keyes, "Agent-Based Modeling in Public Health: Current Applications and Future Directions", *Annu Rev Public Health*. 2018 Apr 1;39:77-94.  
[Doi: 10.1146/annurev-publhealth-040617-014317](https://doi.org/10.1146/annurev-publhealth-040617-014317)
- [10] Hunter E, Mac Namee B, Kelleher J. An open-data-driven agent-based model to simulate infectious disease outbreaks. *PLoS ONE* 13(12), 2018: e0208775.  
[Doi: 10.1371/journal.pone.0208775](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0208775)
- [11] U. Wilensky, W. Rand, *An Introduction to Agent-Based Modeling: Modeling Natural, Social, and Engineered Complex Systems with NetLogo*. 2015, The MIT Press.
- [12] I.M. Longini A. Nizam, S. Xu, K. Ungchusak, W. Hanshaworakul, D.A. Cummings, M.E., Halloran, "Containing pandemic influenza at the source", *Science* (New York, N. Y.) 2005. 309 (5737), 1083–1087. [Doi: 10.1126/science.1115717](https://doi.org/10.1126/science.1115717)
- [13] T. Smieszek, M. Balmer, J. Hattendorf, K.W.Axhausen, J. Zinsstag, R.W. Scholz, "Reconstruction the 2003/2004 H3N2 Influenza Epidemic in in Switzerland with a spatially explicit, individual-based model," *BMC Infectious Diseases*, vol. 11, no. 1, p. 115, 2011.  
[Doi: 10.1186/1471-2334-11-115](https://doi.org/10.1186/1471-2334-11-115)
- [14] M. Eichner, M.Schwehm, N.Wilson, M.G. Baker, "Small Islands and Pandemic Influenza: Potential Benefits and Limitations of Travel Volume Reduction as a Border Control Measure", 2009.  
[Doi: 10.1186/1471-2334-9-160](https://doi.org/10.1186/1471-2334-9-160)
- [15] O.M.Cliff, N. Harding, M. Piraveenan, E.Y. Erten., M. Gambhir, M. Prokopenko, "Investigating Spatiotemporal Dynamics and Synchrony of Influenza Epidemics in Australia: an Agent-Based Modelling Approach". *Simulation Modelling Practice and Theory*, 2018. vol. 87, 412–431.  
[Doi: 10.1016/j.simpat.2018.07.005](https://doi.org/10.1016/j.simpat.2018.07.005)
- [16] M. Marini, C. Brunner, N. Chokani, S.R. Abhari, "Enhancing response preparedness to influenza epidemics: Agent-based study of 2050 influenza season in Switzerland", *Simulat. Model. Pract. Theor.* 2020. (103) 102091.  
[Doi.: 10.1016/j.simpat.2020.102091.](https://doi.org/10.1016/j.simpat.2020.102091)

دستورالعمل‌های بهداشتی و محافظتی (مثلاً استفاده از ماسک و قرنطینه عوامل)، برای آنها اشاره نمود. بدلیل انعطاف خوب مدل بیان شده، توانستیم شبیه‌سازی‌های عددی متفاوتی را با آن به اجرا بگذاریم. با توجه به اینکه در علم پزشکی، کنترل و مراقبت مقدم بر درمان است، برای کارهای آتی می‌توان مدل را بیشتر توسعه داد و اثر عوامل جدید یا پیش‌بینی نشده و نیز کنترل بهینه مدل را نیز مورد مطالعه و بررسی قرار داد که منجر به ارایه راهکارهای کنترلی جهت کاهش هزینه‌های بخش درمان و اقتصاد کشور خواهد شد.

## مراجع مراجع

- [1] G. Li, R., Hu, X. Gu, "A close-up on COVID-19 and cardiovascular diseases", *Nutr. Metabol. Cardiovasc. Dis.* 2020. [Doi: 10.1016/j.numecd.2020.04.001](https://doi.org/10.1016/j.numecd.2020.04.001)
- [2] N.T.J. Bailey, *The mathematical theory of infectious diseases and its applications*, Griffin. 1975. (28) 479–480.
- [3] U. Wilensky, W. Rand, *An Introduction to Agent-Based Modeling: Modeling Natural, Social, and Engineered Complex Systems with Net Logo*, MIT Press, 2010
- [4] S. Banisch, *Markov Chain Aggregation for Agent-Based Models*, Springer Verlag, 2016.
- [5] Y. Li, Q. Zhang, "The balanced implicit method of preserving positivity for the stochastic SIQS epidemic model", *Physica A*, 2020. (538) 122972.  
[Doi: 10.1016/j.physa.2019.122972](https://doi.org/10.1016/j.physa.2019.122972)
- [6] W. O. Kermack, A. McKendrick. A. G, *A Contributions to the mathematical theory of epidemics* (Part I), *Proc. R. Soc.* 1927. (115), 700–721.  
[Doi: 10.1098/rspa.1927.0118](https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118)
- [7] T.C. Germann, K. Kadau, I.M. Longini, C.A. Macken, "Mitigation strategies for pandemic influenza in the United States", *Proc. Natl. Acad. Sci. Unit. States Am.* 103 (15) (2006) 5935–5940.  
[Doi. 10.1073/pnas.0601266103](https://doi.org/10.1073/pnas.0601266103)
- [8] E. Hunter, B.M. Namee, J. Kelleher, "A Hybrid Agent-Based and Equation Based Model for the Spread of Infectious Diseases", *Journal of Artificial*



- [26] Y.Huang, L.Yang, H. Dai, F.Tian, K. Chen , "Epidemic Situation and Forecasting of COVID-19 in and outside China "[Preprint], Bull World Health Organ, 16 March 2020, Doi: [10.2471/BLT.20.255158](https://doi.org/10.2471/BLT.20.255158). E-pub.
- [27] World Health Organization, Modes of transmission of virus causing COVID-19: implications for IPC precaution recommendations, Retrieved from, <https://www.who.int/news-room/commentaries/detail/modes-of-transmission-of-virus-causing-covid-19-implications-for-ipc-precaution-recommendations>.
- [28] M.Wardhana, "Spatial analysis of users movement pattern and its socialization on public facilities and environment through the ESVA", Procedia-Social and Behavioral Sciences. 2016. 227,101–106. Doi: [10.1016/j.sbspro.2016.06.049](https://doi.org/10.1016/j.sbspro.2016.06.049).
- [29] J.Steen, H.Markhede, Spatial and social configurations in offices, Journal of Space Syntax, 2010. (1), 121–132.
- [17] L. Kou, X. Wang, Y. Li Y., X. Guo, H. Zhang "A multi-scale agent-based model of infectious disease transmission to assess the impact of vaccination and non-pharmaceutical interventions: The COVID-19 case", J. Saf. Sci. Resil., 2 (4) (2021), 199-207. Doi: [10.1016/j.jnlssr.2021.08.005](https://doi.org/10.1016/j.jnlssr.2021.08.005).
- [18] E. Cuevas, "An agent-based model to evaluate the COVID-19 transmission risks in facilities." Computers in biology and medicine 121 (2020): 103827. Doi: [10.1016/j.combiomed.2020.103827](https://doi.org/10.1016/j.combiomed.2020.103827)
- [19] A. Datta, P. Winkelstein, and S. Sen. "An agent-based model of spread of a pandemic with validation using COVID-19 data from New York State." Physica A: Statistical Mechanics and its Applications 585 (2022): 126401. Doi: [10.1016/j.physa.2021.126401](https://doi.org/10.1016/j.physa.2021.126401).
- [20] W. Stefanie, J. Zonker, C. Schütte, N. D. Conrad "Mathematical modeling of spatio-temporal population dynamics and application to epidemic spreading". Mathematical biosciences 336 (2021): 108619. Doi: [10.48550/arXiv.2205.05000](https://doi.org/10.48550/arXiv.2205.05000)
- [21] E. Bonabeau. "Agent-based modeling: Methods and techniques for simulating human systems". Proceedings of the national academy of sciences 99.suppl\_3 (2002): 7280-7287. Doi: [10.1073/pnas.082080899](https://doi.org/10.1073/pnas.082080899).
- [22] A. Abbas, P. Mahmood, "Investigation of a mathematical fuzzy epidemic model for the spread of corona-virus in a population.," Soft Computing Journal, vol. 11, no. 1, pp. 2-9, 2022.
- [23] M. Parsamanesh., A. Akrami. " Sensitivity Analysis of a Mathematical Fuzzy Epidemic Model for COVID-19", Soft Computing Journal, In press, Doi: [10.22052/SCJ.2023.248364.1100](https://doi.org/10.22052/SCJ.2023.248364.1100)
- [24] N.Cheetham, W.Waites., et al. "Determining the level of social distancing necessary to avoid future COVID-19 epidemic waves: a modelling study for North East London." Sci Rep 11, 5806 (2021). Doi: [10.1038/s41598-021-84907-1N](https://doi.org/10.1038/s41598-021-84907-1N).
- [25] F. Vanni, D. Lambert, L. Palatella., " Epidemic response to physical distancing policies and their impact on the outbreak risk", Papers 2007.14620, arXiv.org, revised Jul 2020. Doi: [10.48550/arXiv.2007.14620](https://doi.org/10.48550/arXiv.2007.14620)

### کد متلب برای مدلسازی عامل مبنا

```
clear all
Su=50;
Inf=5;
Total=Su+Inf;
maxiter=10;
alpha=0.8;
R=1.5;
PrInf=0.2; %0.2
Sick=zeros(1,maxiter);
Anterior=0;
S=2;
range=[0 200 0 200];
xrange=range(2)-range(1);
yrange=range(4)-range(3);
xn=rand(1,Su)*xrange+range(1);
yn=rand(1,Su)*yrange+range(3);
rangeI=[0.1 0.3];
rangeP=rangeI(2)-rangeI(1);
ProbPer=rand(1>Total)*rangeP+rangeI(1);
rangeM=[0.2 0.4];
rangePM=rangeM(2)-rangeM(1);
ProbPos=rand(1>Total)*rangePM+rangeM(1);
People=zeros>Total,3);
PeopleN=zeros>Total,3);
People(1:Su,1)=xn;
People(1:Su,2)=yn;
People(1:Su,3)=0;
xn=rand(1,Inf)*xrange+range(1);
yn=rand(1,Inf)*yrange+range(3);
People(Su+1:Su+Inf,1)=xn;
People(Su+1:Su+Inf,2)=yn;
People(Su+1:Su+Inf,3)=1;
for gen=1:maxiter
    Sick(gen)=sum(People(:,3));
    Rate(gen)=Sick(gen)-Anterior;
    X(:,1)=People(:,1);
    X(:,2)=People(:,2);
    Y = pdist(X);
    Z = squareform(Y);
    for id=1>Total
        if (People(id,3)==0)
            Ab=Z(:,id);
```

```

Ab(id)=1000;
indice=find(Ab<=R);
indiceM=find(People(indice,3));
if ((isempty(indice)||isempty(indiceM)))
    PeopleN(id,3)=0;
    if (rand<=ProbPos(id))
        if (rand<=alpha)
            xn=People(id,1)+randn*S;
            yn=People(id,2)+randn*S;
            if xn<range(1)
                xn=range(1);
            end
            if xn>range(2)
                xn=range(2);
            end
            if yn<range(3)
                yn=range(3);
            end
            if yn>range(4)
                yn=range(4);
            end
            PeopleN(id,1)=xn;
            PeopleN(id,2)=yn;
        else
            xn=rand*xrange+range(1);
            yn=rand*yrange+range(3);
            PeopleN(id,1)=xn;
            PeopleN(id,2)=yn;
        end
    else
        PeopleN(id,1)=People(id,1);
        PeopleN(id,2)=People(id,2);
    end
else
    if (rand<=ProbPer(id))
        PeopleN(id,3)=1;
        PeopleN(id,1)=People(id,1);
        PeopleN(id,2)=People(id,2);
    else
        PeopleN(id,3)=0;
        PeopleN(id,1)=People(id,1);
        PeopleN(id,2)=People(id,2);
    end
end
end

```



```

end
if (People(id,3)==1)
    PeopleN(id,3)=1;
    if (rand<=ProbPos(id))
        if (rand<=0.8)
            xn=People(id,1)+randn*S;
            yn=People(id,2)+randn*S;
            if xn<range(1)
                xn=range(1);
            end
            if xn>range(2)
                xn=range(2);
            end
            if yn<range(3)
                yn=range(3);
            end
            if yn>range(4)
                yn=range(4);
            end
            PeopleN(id,1)=xn;
            PeopleN(id,2)=yn;
        else
            xn=rand*xrange+range(1);
            yn=rand*yrange+range(3);
            PeopleN(id,1)=xn;
            PeopleN(id,2)=yn;
        end
    else
        PeopleN(id,1)=People(id,1);
        PeopleN(id,2)=People(id,2);
    end
end
end
end
    People=PeopleN;
for in=1:Total
    if People(in,3)==0
plot(People(in,1),People(in,2),'o','markersize',10,'markerf
acecolor','g');
        hold on
    else
plot(People(in,1),People(in,2),'o','markersize',10,'markerf
acecolor','r');

```

```
        hold on
    end
end

title('شبه سازی مدل عامل مینا')
drawnow;
hold off
end
DE= diff(Sick);
figure
subplot(2,2,1)
plot(Sick)
title('تعداد نهایی افراد بیمار')
hold on
subplot(2,2,2)
plot(DE, 'LineStyle', '-', 'MarkerFaceColor', 'red')
title('تعداد افراد بیمار در هر تکرار')
```

پذیرفته شده در مجله محاسبات نرم