



دانشگاه کاشان
University of Kashan

مجله محاسبات نرم

SOFT COMPUTING JOURNAL

تارنمای مجله: scj.kashanu.ac.ir



مدل‌های عامل مبنا و کاربرد آن در بررسی خطرات انتقال بیماری همه‌گیر

محمود دادخواه^{۱*}، استادیار، نازلی بشارتی^۱، استادیار

^۱ گروه ریاضی کاربردی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران.

چکیده

اطلاعات مقاله

تاریخچه مقاله:

دریافت ۱۴ تیر ماه ۱۴۰۲

پذیرش ۳۱ شهریور ماه ۱۴۰۲

کلمات کلیدی:

مدل‌سازی ریاضی

مدل‌های عامل مبنا

همه‌گیری

مدل‌های انتقال بیماری

کووید-۱۹

بروز همه‌گیری کووید-۱۹ در جهان، بار دیگر دولت‌ها و مسئولین محلی را با چالشی بزرگ و غیرمترقبه مواجه ساخت. بررسی همه‌جوانب این همه‌گیری، متخصصین رشته‌های مختلف و به خصوص ریاضی را به عرصه مبارزه با این چالش کشاند. در این بین، مدل‌سازی ریاضی انتقال بیماری به دلیل 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 همه‌گیری‌های خطرناک را افزایش می‌دهد. در این مقاله به کمک مدل‌سازی عامل مبنا، نحوه انتشار و انتقال بیماری‌های همه‌گیر (به ویژه در محیط‌های کوچک) را بررسی کرده‌ایم. در مدل بررسی شده، فرآیند انتقال مکانی-زمانی نیز برای هر عامل در نظر گرفته شده است. همچنین تصمیم‌گیری عوامل مورد بررسی، بر اساس قوانینی خواهد بود که برای آنها 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 پیش‌بینی می‌شود. به دلیل انعطاف خوب مدل بیان شده، شبیه‌سازی‌های عددی متفاوتی با آن به اجرا گذاشته شده است. از آنچه در این پژوهش به دست آمد می‌توان دریافت که برای کنترل و مقابله با بیماری‌های همه‌گیر و به خصوص 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 دستورالعمل‌های بهداشتی و محافظتی (به عنوان مثال استفاده از ماسک و قرنطینه عوامل)، اشاره نمود.

© ۱۴۰۲ نویسندگان. مقاله با دسترسی آزاد تحت مجوز CC-BY

۱. مقدمه

ویروس‌های گروه کرونا خانواده 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 شده است 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

بروز همه‌گیری در جهان همواره یک چالش بزرگ بوده است و آخرین مورد این همه‌گیری‌ها، مربوط به کرونا ویروس است.

✧ نوع مقاله: ترویجی

* نویسنده مسئول

پست(های) الکترونیک: m_dadkhah@pnu.ac.ir (دادخواه)

nbesharati@pnu.ac.ir (بشارتی)

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 جدایی‌ناپذیر بسیاری از علوم است [۲]، [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 فرایندها، 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 [۵] و مدل‌های نوع میدان میانگین [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 در 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 مینا نشان‌دهنده یک الگوی جدید برای مدل‌سازی سیستم‌های پیچیده با استفاده از عوامل (یا عناصر) و جایگزینی برای ابزارهای ریاضی سنتی توصیف رفتار بیماری‌ها است. 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 غیرانسانی) 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 مینا 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 افراد و گروه‌ها را در خروجی مدل مشاهده نمایند. همچنین مدل‌سازی عامل مینا می‌تواند از ایجاد مدل‌های قطعی و تصادفی سلسله مراتبی 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 مینا 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 مینا، عموماً عامل‌ها نماینده تصمیم‌گیران در دستگاه هستند. عامل‌ها در هر وضعیتی گرایش دارند که انطباقی و انعطاف‌پذیر رفتار کنند. عامل‌ها به طور معمول 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 مینا، به مراجع [۸] - [۱۰] مراجعه

کنید).

چندین مدل عامل مبنا برای مدل‌سازی چگونگی انتقال بیماری با توجه به ویژگی‌های مختلف جمعیت و تاثیرگذاری بر رفتار کلی اپیدمی‌ها پیشنهاد شده است [۷]، [۱۱]. همچنین در نمونه مطالعاتی [۱۲]، از اطلاعات تاریخی برای تولید الگوهای تماس در رویکردهای عامل مبنا با هدف توصیف رفتار اپیدمی‌های بحرانی قبلی استفاده شده است. در مقابل، در مرجع [۱۳]، داده‌های تاریخی برای ارزیابی احتمال شیوع بیماری در آینده در نظر گرفته شده است. در مراجع [۱۴] و [۱۵]، دو طرح عامل مبنا، 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 تاثیر واکسیناسیون و مداخلات غیردارویی با رویکرد کووید-۱۹ در مرجع [۱۶] مورد بررسی قرار گرفته است. در مرجع [۱۷]، مدلی مبتنی بر عامل برای ارزیابی خطرات انتقال کووید-۱۹ در تاسیسات (خانه‌ها و ادارات) معرفی شده و جمعیت مورد مطالعه به دو گروه افراد مستعد ابتلا و افراد آلوده تقسیم شده‌اند. سپس با بیان قوانین حاکم بر مدل، چند سناریوی متفاوت به کمک شبیه‌سازی مورد بررسی قرار گرفته و در نهایت به بررسی نقطه پایان شیوع و نیز نقطه زانویی پرداخته شده است. در مرجع [۱۸]، 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 متغیر 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 [۱۹]، بر اساس یک توصیف ریاضی دقیق از مدل‌های مبتنی بر عامل مکانی-زمانی، دو رویکرد فراجمعیتی 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 گالرکین مدل مبتنی بر عامل تحت بررسی در فضای ansatz با ابعاد

محدود نتیجه می‌شود. در مرجع [۲۰]، مولفین 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 آنها است [۲۱]. 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 مانند آن، 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 اقدامات کنترلی را اعمال کنند و با رسیدن کشورها به اوج آلودگی، برنامه‌ریزی 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 و مراکز خدمات عمومی کاهش یابد [۲۲].

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 امکان‌پذیر نیست و طبق بررسی‌های میدانی در مورد بیماری و داده‌های جمع‌آوری شده از طریق نمونه‌گیری می‌توان بدان دست یافت. در این مورد در مرجع [۲۳]، مولفین به بررسی تعیین سطح فاصله‌گذاری اجتماعی لازم برای جلوگیری از امواج اپیدمی کووید-۱۹ در آینده پرداخته‌اند. همچنین در مرجع [۲۴]، مولفین به بررسی پاسخ اپیدمی به سیاست‌های فاصله‌گذاری فیزیکی و تاثیر 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 به خصوص 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 مینا را مورد بررسی قرار خواهیم داد. استفاده از روابط و فرمول‌های ساده ریاضی برای بیان و معرفی مدل عامل مینا، این حسن را خواهد داشت که بدور از پیچیدگی‌های معمول، بتوان مفاهیم و تعاریف مربوط به یک مدل عامل مینا 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 مساله 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 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 حالی که 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 به دست 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 عبارتند از:

- شبیه‌سازی مساله 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.
- ادامه مقاله به شکل زیر سازماندهی شده است. در بخش ۲، به بیان مدل‌های عامل مینا و خواص آن پرداخته شده است. در بخش ۳ مدل مورد نظر برای مطالعه توضیح داده شده و قوانین مورد استفاده در آن را بیان گردیده است. در انتهای بخش ۳ الگوریتم کلی روش بیان شده و در بخش ۴، به شبیه‌سازی عددی و ارزیابی مدل پرداخته شده است. در نهایت در بخش ۵، بحث و نتیجه‌گیری ارائه شده است.

۲. مدل‌های عامل مینا و خواص آن

با ظهور بیماری‌های عفونی جدید، مدل‌های عامل مینا می‌توانند به عنوان ابزاری برای کمک به درک نحوه تاثیرگذاری بر یک جمعیت و نحوه واکنش 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 می‌شود و چگونه بیماری در یک عامل عفونی پیشرفت می‌کند.

مدل‌های عامل مینا ساده هستند و از معماری‌های پیچیده یا قوانین رفتاری دشوار استفاده نمی‌کنند. در این نوع مدل، با مدل‌سازی جامعه، جابه‌جایی و محیط سر و کار داریم. مدل‌سازی جامعه شامل شبیه‌سازی جمعیت است در حالی که مدل‌سازی جابه‌جایی تعیین می‌کند که چگونه عوامل در محیط حرکت کنند و در نهایت 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 مانند آن تجسم کرد.

در یک مدل عامل مینا، ابتدا مجموعه‌ای از N عامل به شکل $\{a_1, a_2, \dots, a_N\}$ مقداردهی اولیه می‌شوند. در این مرحله، عوامل در یک موقعیت معین یا در یک حالت خاص پیکربندی شده و

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 مدل سازی می شود. این متغیر شامل عوامل متعددی است که حرکت یک فرد را در محیط های کوچک تعیین می کند (مانند مشاغل تعیین شده برای فرد، تعداد کلاس های درس برای یک دانش آموز و مانند آن). این متغیر می تواند برای گروه هایی از افراد، مانند کارگران همان منطقه، دانش آموزان با برنامه زمانی هماهنگ و غیره یکسان باشد. با این حال، مولفه هایی مانند مقاصد شخصی فرد، بازدید از دوستان (یا عواملی شبیه به اینها) در مناطق مختلف، این متغیر را تغییر داده و آن را برای هر فردی منحصر به فرد می سازد [۱۶].

۱.۳. مقداردهی اولیه

در مدل پیشنهادی این مقاله، با دو جمعیت (بخش) مختلف سر و کار خواهیم داشت که آنها را جمعیت افراد مستعد ابتلا و جمعیت افراد آلوده می نامیم. فرض کنید $A(k) = \{a_1, a_2, \dots, a_m\}$ نشان دهنده جمعیت افراد مستعد ابتلا و $B(k) = \{b_1, b_2, \dots, b_n\}$ نشان دهنده جمعیت افراد آلوده در جامعه مورد نظر هستند. ویژگی عامل های A و B می تواند در هر تکرار k از شبیه سازی 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 هر یک از عامل های موجود در دو مجموعه A و B (یعنی a_i و b_j ها) می کند (وقتی که $i=1,2,\dots,m$ و $j=1,2,\dots,n$ است). این موقعیت ها در فضای دوبعدی (x,y) ، به صورت تصادفی و به شکل رابطه (۱) مقداردهی اولیه شده اند:

$$(a_i(k), b_j(k)) = (\{a_{i,x}(k), a_{i,y}(k)\}, \{b_{j,x}(k), b_{j,y}(k)\}) \quad (1)$$

مشابه با ایده ای که در مرجع [۱۶] 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 رابطه (۲) تعیین

سپس هر عامل a_i به صورت تصادفی یا با در نظر گرفتن ترتیب خاص، انتخاب می شود. برای این عامل، مجموعه ای از قوانین (شرایط تحمیل شده توسط سایر عوامل (عوامل خاص) یا تاثیرات 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 می شود.

۱.۲. مدل عامل مبنای پیشنهادی برای بیماری همه گیر

کووید-۱۹

در این بخش، مدل عامل مبنای پیشنهادی را برای بررسی خطرات انتقال بیماری همه گیر مفروضی در محیط های کوچک مورد بررسی قرار می دهیم. همان طور که پیش از این اشاره شد، بیماری کووید-۱۹ یک بیماری عفونی است که از طریق روش های مختلف انتقال، مانند قطرات منتشر شده در هوا یا عطسه یا سرفه، تماس فیزیکی مستقیم با افراد آلوده و مانند آن، از یک میزبان به میزبان دیگر منتقل می شود. 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 الگوهای تماس فردی در مدل سازی را فراهم می کند و امکان تحلیل راهبردها را در مقیاس کوچک نیز فراهم می نماید. اقدامات در نظر گرفته شده برای جلوگیری از انتقال کووید-۱۹ شامل عادات ساده ای مانند شستن مداوم دست ها، عطسه کردن در دست یا گوشه آرنج، استفاده از ماسک صورت و کم نمودن رفت و آمدها است.

۳. توضیحات مدل

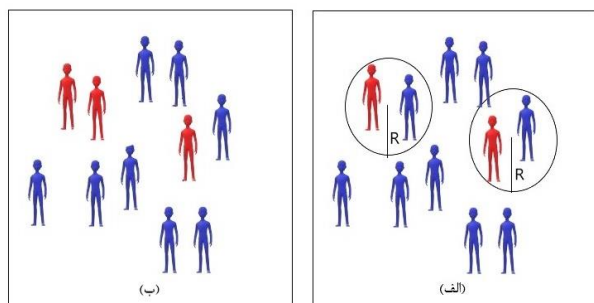
احتمال ابتلای یک فرد به بیماری به عوامل متعددی بستگی دارد که از وضعیت سلامتی تا نظم و انضباط در انجام اقدامات پیشگیری و واکسیناسیون فرد را شامل می شود. در رویکرد حاضر، احتمال ابتلا به عفونت با استفاده از مقداری احتمالی به نام P_i مدل سازی می شود. این مقدار احتمال برای هر فردی متفاوت است و تمام عوامل احتمالی را که بر عفونت وی تاثیر مثبت یا منفی می گذارد، خلاصه می کند [۱۶].

می‌شوند (کران‌های بالا و پایین ناحیه مورد نظر):

$$\begin{cases} a_{i,s}(1) = L_s + rand(0,1) \cdot (U_s - L_s) \\ b_{j,s}(1) = L_s + rand(0,1) \cdot (U_s - L_s) \end{cases} \quad (2)$$

تابع $rand(0,1)$ 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 نزدیک‌تر شدن شبیه‌سازی به مساله واقعی، ناهمگونی جمعیت نیز مد نظر قرار گرفته شده و بنابراین مقادیر احتمال P_i به طور تصادفی با اعدادی که به طور یکنواخت در محدوده‌های از پیش تعیین شده پایین (l_{in}) و بالا (u_{in}) توزیع شده‌اند، تنظیم می‌شوند (in نماد infection است). بنابراین مقادیر نزدیک به حد پایین نشان‌دهنده عواملی با شرایط ایمنی خوب و مقادیر نزدیک به حد بالا، نشان‌دهنده 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 جابه‌جایی نسبت داده می‌شود که مقداری بین صفر و یک دارند و به ترتیب با Q_i^A و Q_i^B نمایش داده خواهد شد که با آن می‌توان تماس یا جابه‌جایی را برای عوامل مستعد ابتلا (A) و آلوده (B) شبیه‌سازی کرد. این مقادیر احتمال به طور تصادفی با اعدادی که به طور یکنواخت در محدوده‌های از پیش تعیین شده پایین (l_{cm}) و بالا (u_{cm}) توزیع شده‌اند، تنظیم می‌شوند (cm نماد contact and mobility است).

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 (به عنوان مثال به شعاع R) مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌گیرد. این همسایگی در 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 تایید 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) این قانون و پیکربندی آن نشان داده شده است.



شکل (۱): قانون اول، (الف) پیکربندی اولیه و (ب) پیکربندی نهایی

از شکل (۱)، می‌توان متوجه شد که یکی از افرادی که در شعاعی کمتر یا مساوی R از فرد بیمار قرار دارد، به دلیل احتمال پایین ابتلا (به عنوان مثال با $P_1 = 0.15$)، علیرغم تماس با فرد آلوده، خودش آلوده نشده است، در حالی که فرد دیگری با احتمال بالای ابتلا (به عنوان مثال با $P_2 = 0.85$)، در تماس با فرد آلوده دیگری، آلوده شده است.

قانون دوم: در قانون دوم، مشابه با ایده‌ای که در مراجع [۱۶] و [۱۷] بیان شده است، تماس و جابه‌جایی هر عامل از A و B

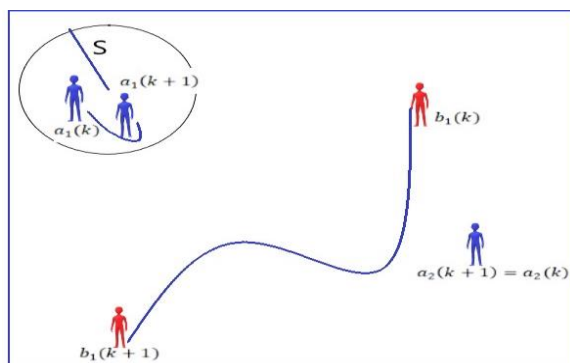
۲.۳. قوانین رفتاری

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

می‌توان با رابطه (۴) شبیه‌سازی نمود [۱۶]:

$$\begin{cases} a_{i,s}(k+1) = L_s + \text{rand}(0,1) \cdot (U_s - L_s) \\ b_{j,s}(k+1) = L_s + \text{rand}(0,1) \cdot (U_s - L_s) \end{cases} \quad (4)$$

در شکل (۲)، این قانون به تصویر کشیده شده است. 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. حال فرض کنید $Q_{a_1} = 0.9$ ، $Q_{a_2} = 0.15$ و $Q_{b_1} = 0.9$ باشند. با توجه به کم بودن مقدار احتمال Q_{a_2} ، عامل a_2 تحت تاثیر قانون دوم قرار نمی‌گیرد و بنابراین $a_2(k+1) = a_2(k)$ است. اما از آنجایی که مقدار احتمال تماس و جابه‌جایی برای عامل‌های a_1 و b_1 زیاد است، طبق قانون دوم عمل خواهند کرد. در شکل (۲) با توجه به مقدار فرضی α ، برای عامل a_1 جابه‌جایی موضعی و برای عامل b_1 جابه‌جایی کلی در نظر گرفته شده است به طوری که 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.



شکل (۲): قانون دوم، تماس و جابه‌جایی افراد در محیط

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

۴. شبیه‌سازی عددی مدل

در این بخش، مدل پیشنهادی تحت چند حالت پایه آزمایش می‌شود. از آنجایی که مدل پیشنهادی منعطف است، آزمایش چندین فرضیه را امکان‌پذیر 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

تعیین می‌شود. بر اساس این قانون، ابتدا از طریق آزمونی احتمالی، مشخص می‌شود که آیا عامل a_i یا b_j جابه‌جا 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_j^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: جابه‌جایی موضعی (با فواصل کوتاه) و جابه‌جایی کلی (با فواصل طولانی). هر دو حرکت از جابه‌جایی‌های 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 با آن جابه‌جایی موضعی با احتمال α و جابه‌جایی کلی با احتمال $1 - \alpha$ اعمال می‌شود. از آنجایی که به طور معمول جابه‌جایی‌های موضعی بیشتر از جابه‌جایی‌های کلی است، بنابراین فرض می‌کنیم که $\alpha \in [0.6, 0.8]$ باشد.

جابه‌جایی‌های موضعی نشان‌دهنده متداول‌ترین حرکات و در زمانی است که افراد در فضای کاری خود با یکدیگر تعامل دارند و مربوط به جابه‌جایی‌های کوچکی در اطراف موقعیت‌های اصلی یک عامل $a_i(k)$ یا $b_j(k)$ است. جابه‌جایی موضعی عامل a_i یا b_j با احتمال α به دست می‌آید. این حرکات مدل‌سازی می‌شوند و یک عدد تصادفی در بازه $[-S, S]$ به موقعیت‌های اصلی اضافه می‌کنند که در آن S نشان‌دهنده حداکثر اغتشاش مجاز است. مقدار S متناظر با جابه‌جایی افراد در تعامل با فضای کاری خود است که می‌تواند با رابطه (۳)، شبیه‌سازی شود [۱۶]:

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

جابه‌جایی 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 کافی‌شاپ و مانند آن هستند. جابه‌جایی کلی عامل a_i یا b_j با احتمال $1 - \alpha$ به دست می‌آید. این جابه‌جایی را

۱.۴. آزمایش اول: عملکرد پایه

در آزمایش اول، مدل پیشنهادی با در نظر گرفتن جمعیتی از ۳۰۰ عامل حساس (A) با تنها یک فرد آلوده (B) آزمایش می‌شود. همچنین محیطی با ابعاد ۲۵۰ در ۲۵۰ برای شبیه‌سازی محیط عامل‌ها طراحی شده است ($U_x = 0, L_y = 250, L_x = 0$ و $U_y = 250$). کران پایین احتمال اولیه آلودگی (l_{in}) و کران بالای آن (u_{in}) به ترتیب با ۰/۱ و ۰/۳ مقداردهی اولیه شده‌اند که با توجه به میانگین احتمال آلودگی ۰/۲ [۲۵] با یک فاصله واقعی مطابقت دارد. حدود بالا (u_{cm}) و پایین (l_{cm}) احتمال تماس یا جابه‌جایی نیز با توجه به مقدار محاسبه شده جابه‌جایی در شرکت‌ها و دانشگاه‌ها [۲۶] به ترتیب اعداد ۰/۴ و ۰/۲ در نظر گرفته شده‌اند وقتی احتمال جابه‌جایی موضعی $\alpha = 0.8$ و مقدار اغتشاش مجاز $S = 2$ فرض شده است. با $R = 1.5m$ و نیز تعداد تکرارهای مختلف، اجرای مدل پیشنهادی در شکل (۳) نشان داده شده است. این شکل نتایج برخوردها و تعامل عامل‌ها در تکرارهای مختلف شبیه‌سازی را نشان می‌دهد. از شکل مشخص است که چگونه بیماری با افزایش تعداد تکرارها، عامل به عامل منتقل می‌شود به طوری که در ۱۰۰ تکرار ($k = 100$)، کمترین آلودگی را داریم (همان یک شخص اولی که آلوده بود) و در ۳۰۰ تکرار، تعداد افراد آلوده به ۱۱ نفر رسیده است. این در حالی است که در ۵۰۰ تکرار، تعداد افراد آلوده به ۲۵ نفر رسیده و در ۱۰۰۰ تکرار، ۲۷۰ نفر آلوده می‌شوند.

۲.۴. آزمایش دوم: تغییر در ابعاد محیط

در آزمایش دوم، با در نظر گرفتن تمام شرایط بیان شده در آزمایش اول، صرفاً مکان به ابعاد ۲۰۰ در ۲۰۰ کاهش داده شده است. دلیل این کار، کوچک شدن محیط برای بررسی آلودگی است. 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

مقایسه با روش‌های آزمایشی، استفاده از مدل عامل مینا باعث صرفه‌جویی 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 نرم‌افزار متلب (MATLAB) نسخه ۲۰۲۰ و یک دستگاه رایانه همراه با رم ۳۲ گیگ و سیستم عامل ویندوز ۱۱ دارای پردازنده core i7 استفاده شده است. خواننده علاقمند می‌تواند برای دریافت کد متلب نوشته شده به انتهای همین مقاله رجوع کند.

الگوریتم (۱): الگوریتم کلی روش پیشنهادی

$A, B, l_{in}, u_{in}, l_{cm}, u_{cm}, [L_x, U_x, L_y, U_y],$
 $\alpha, maxiter, R, S, k = 1$ ورودی‌ها

$P_i \leftarrow \text{InitializeProbInfec}(A, l_{in}, u_{in})$ مقداردهی اولیه

$Q_i^A, Q_j^B \leftarrow \text{InitializeProbMobi}(A, B, l_{cm}, u_{cm})$
 $A(k), B(k) \leftarrow \text{InitializePosi}(A, B, [L_x, U_x, L_y, U_y])$

while $k \leq maxiter$ **do** قانون اول

for each $a_i(k) \in A(k)$

$F \leftarrow \text{find an infected agent in neighbor } (B(k), R)$

if ($F == 1$) **then**

if ($rand \leq P_i$) **then**

$A(k) \leftarrow \text{Delete from } A(a_i);$

$B(k) \leftarrow \text{Include in } B(b_j);$

end if;

end if;

end for;

for each $a_i(k) \in A(k)$ قانون دوم برای A

if ($rand \leq Q_i^A$) **then**

if ($rand \leq \alpha$) **then**

$a_i(k+1) \leftarrow \text{Local Movement}(a_i(k), S);$

else

$a_i(k+1) \leftarrow \text{Long Movement}([L_x, U_x, L_y, U_y]);$

end if

else

$a_i(k+1) = a_i(k)$

end if;

end for;

for each $b_j(k) \in B(k)$ قانون دوم برای B

if ($rand \leq Q_j^B$) **then**

if ($rand \leq \alpha$) **then**

$b_j(k+1) \leftarrow \text{Local Movement}(b_j(k), S);$

else

$b_j(k+1) \leftarrow \text{Long Movement}([L_x, U_x, L_y, U_y]);$

end if

else

$b_j(k+1) = b_j(k)$

end if;

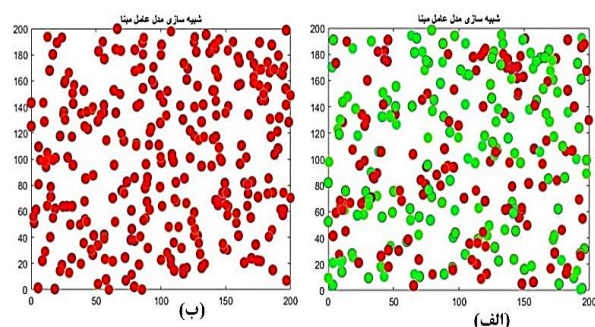
end for;

$k = k + 1$

end while

۳.۴. آزمایش سوم: تغییر در احتمال‌های شیوع

در آزمایش سوم، با در نظر گرفتن تمام شرایط بیان شده در آزمایش دوم، فرض می‌کنیم به دلیل عدم وجود مراقبت‌های لازم بهداشتی و رعایت نکردن دستورالعمل‌ها، احتمال شیوع از $0/2$ به $0/3$ 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 عدم رعایت دستورالعمل‌های بهداشتی، باید منتظر انفجار در افراد آلوده بود.

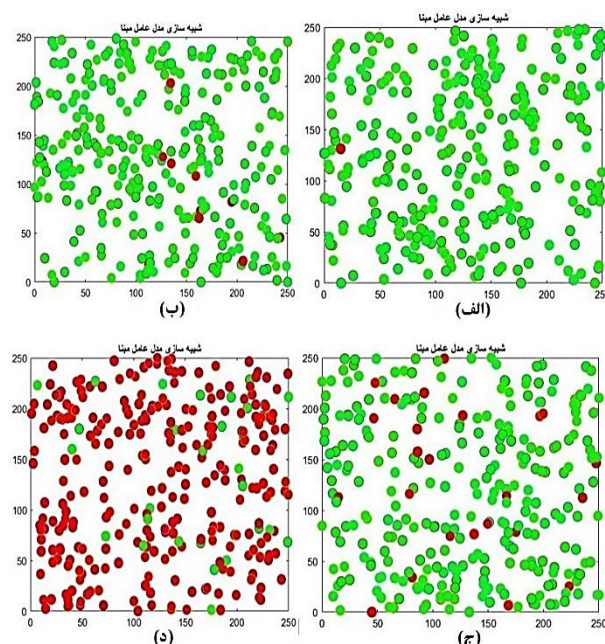


شکل (۵): اجرای مدل عامل مینا با (الف) ۵۰۰ و (ب) ۱۰۰۰ تکرار در آزمایش سوم

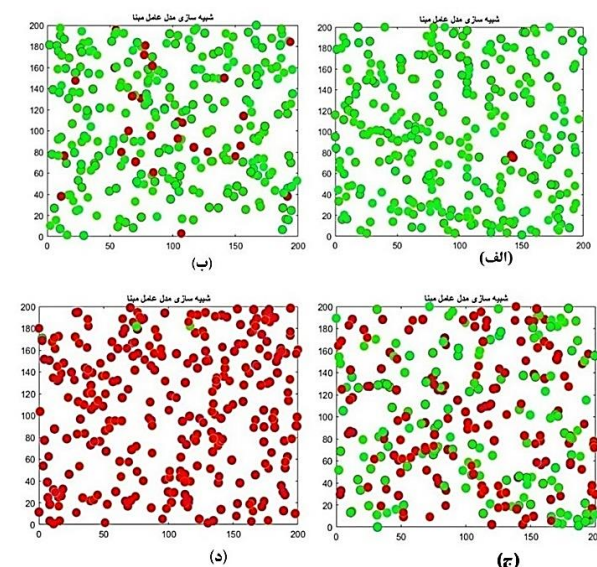
۴.۴. آزمایش چهارم: بررسی نرخ شیوع و نمودار افراد آلوده در مدل

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 با $0/1$ و $0/3$ مقداردهی شده‌اند. همچنین کران پایین و بالای احتمال تماس یا جابه‌جایی نیز به ترتیب اعداد $0/2$ و $0/4$ فرض شده‌اند وقتی که احتمال جابه‌جایی موضعی $\alpha = 0.8$ و مقدار اغتشاش مجاز $S = 2$ است. با $R = 2m$ و ۳۰۰ تکرار، اجرای این مدل در شکل (۶) نشان داده شده است. در شکل‌های (۷) و (۸)، نمودار نرخ شیوع

آلوده از ۲۵ به ۱۵۳ 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 با هم، تعداد افراد آلوده به شدت بالا می‌رود.



شکل (۳): اجرای مدل عامل مینا با (الف) ۱۰۰، (ب) ۳۰۰، (ج) ۵۰۰ و (د) ۱۰۰۰ تکرار در آزمایش اول

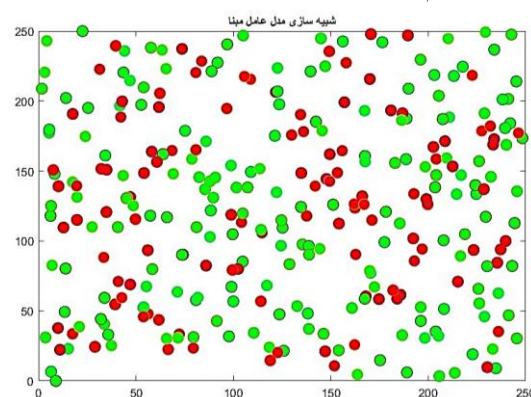


شکل (۴): اجرای مدل عامل مینا با (الف) ۱۰۰، (ب) ۳۰۰، (ج) ۵۰۰ و (د) ۱۰۰۰ تکرار در آزمایش دوم

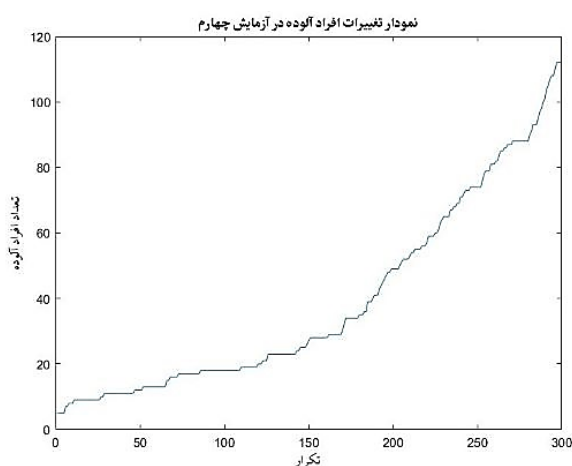
۵. بحث و نتیجه‌گیری

در این مقاله، یک مدل عامل مینا 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، مطابق با قانون اول بود که در آن مشخص می‌شد یک عامل خاص آلوده است یا خیر. همچنین قانون دوم، تماس یا جابه‌جایی را برای عوامل مستعد ابتلا و آلوده بیان می‌نمود که بر طبق آن هم دو نوع جابه‌جایی موضعی و کلی مورد بررسی قرار گرفت. بر طبق نتایجی که در شبیه‌سازی‌ها به دست آمد، مشخص شد که چگونه بیماری با افزایش تعداد تکرارها، عامل به عامل منتقل می‌شود به طوری که 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 با هم، تعداد افراد آلوده به شدت بالا می‌رود. از آنجا که مدل منعطف بود و آزمایش چندین فرضیه را امکان‌پذیر می‌نمود، در آزمایش سوم، تغییر متغیرهای مختلف مدل و به خصوص تغییر در احتمال‌های شیوع مورد بررسی قرار گرفت و نتایج نشان داد که در غیاب مراقبت‌های بهداشتی لازم و یا عدم رعایت دستورالعمل‌های بهداشتی، باید منتظر انفجار در افراد آلوده بود. از آنچه در این پژوهش به دست 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 دستورالعمل‌های بهداشتی و محافظتی (مانند استفاده از ماسک و قرنطینه عوامل)، برای آنها اشاره نمود. با توجه به اینکه در علم پزشکی، کنترل و مراقبت مقدم بر درمان است، برای کارهای آتی می‌توان مدل را

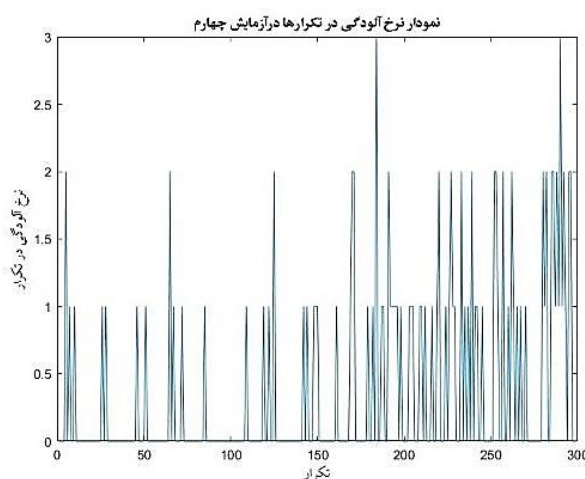
بیماری در تکرارها و نمودار تغییرات افراد آلوده در جمعیت مورد بررسی هم به نمایش در آمده است.



شکل (۶): اجرای مدل عامل مینا با ۳۰۰ تکرار در آزمایش چهارم



شکل (۷): نمودار تغییرات افراد آلوده در آزمایش چهارم



شکل (۸): نمودار نرخ آلودگی در آزمایش چهارم

```

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
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
        end
    end
end

```

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 ارائه راه‌کارهای کنترلی جهت کاهش هزینه‌های بخش درمان و اقتصاد کشور خواهد شد.

پیوست

پیوست (۱): کد متلب برای مدل‌سازی عامل مینا

```

clear all
Su=50;
Inf=5;
Total=Su+Inf;
maxiter=10;
alpha=0.8;
R=1.5;
PrInf=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;
        end
    end
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')
```

تعارض منافع: نویسندگان اعلام می‌کنند که هیچ تعارض منافی ندارند.

```
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
People=PeopleN;
for in=1:Total
    if People(in,3)==0
        plot(People(in,1),People(in,2),'o','marke
rsize',10,'markerfacecolor','g');
        hold on
    else
        plot(People(in,1),People(in,2),'o','marke
rsize',10,'markerfacecolor','r');
        hold on
    end
end
end
title('شبیه سازی مدل عامل مینا')
drawnow;
hold off
end
```

مراجع

- [1] G. Li, R. Hu, and X. Gu, "A close-up on COVID-19 and cardiovascular diseases," *Nutr. Metab. Cardiovasc. Dis.*, vol. 30, no. 7, pp. 1057-1060, 2020, doi: 10.1016/j.numecd.2020.04.001.
- [2] N.T.J. Bailey, *The mathematical theory of infectious diseases and its applications*, 2nd edition, Charles Griffin & Company Ltd, 1976.
- [3] U. Wilensky and W. Rand, *An Introduction to Agent-Based Modeling: Modeling Natural, Social, and Engineered Complex Systems with NetLogo*, MIT Press, 2015.
- [4] S. Banisch, *Markov Chain Aggregation for Agent-Based Models*, Springer Cham, 2016, doi: 10.1007/978-3-319-24877-6.
- [5] Y. Li and Q. Zhang, "The balanced implicit method of preserving positivity for the stochastic SIQS

- epidemic model,” *Physica A Stat. Mech. Appl.*, vol. 538, p. 122972, 2020, doi: 10.1016/j.physa.2019.122972.
- [6] W.O. Kermack and A.G. McKendrick, “A Contributions to the mathematical theory of epidemics,” *Proc. Royal Soc. London, Series A*, vol. 115, no. 772, pp. 700-721, 1927, doi: 10.1098/rspa.1927.0118.
- [7] T.C. Germann, K. Kadau, I.M. Longini Jr, and C.A. Macken, “Mitigation strategies for pandemic influenza in the United States,” *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, vol. 103, no. 15, pp. 5935-5940, 2006, doi: 10.1073/pnas.0601266103.
- [8] E. Hunter, B.M. Namee, and J.D. Kelleher, “A Hybrid Agent-Based and Equation Based Model for the Spread of Infectious Diseases,” *J. Artif. Soc. Soc. Simul.*, vol. 23, no. 4, pp. 1-14, 2020, doi: 10.18564/jasss.4421.
- [9] M. Tracy, M. Cerda, and K.M. Keyes, “Agent-Based Modeling in Public Health: Current Applications and Future Directions,” *Annu. Rev. Public Health*, vol. 39, pp. 77-94, 2018, doi: 10.1146/annurev-publhealth-040617-014317.
- [10] E. Hunter, B. Mac Namee, and J. Kelleher, “An open-data-driven agent-based model to simulate infectious disease outbreaks,” *PLoS One*, vol. 13, no. 12, p. e0208775, 2018, doi: 10.1371/journal.pone.0208775.
- [11] I.M. Longini Jr, A. Nizam, S. Xu, K. Ungchusak, W. Hanshaoworakul, D.A.T. Cummings, and M.E. Halloran, “Containing pandemic influenza at the source,” *Science*, vol. 309, no. 5737, pp. 1083-1087, 2005, doi: 10.1126/science.1115717.
- [12] T. Smieszek, M. Balmer, J. Hattendorf, K.W. Axhausen, J. Zinsstag, and R.W. Scholz, “Reconstruction the 2003/2004 H3N2 Influenza Epidemic in in Switzerland with a spatially explicit, individual-based model,” *BMC Infect. Dis.*, vol. 11, p. 115, 2011, doi: 10.1186/1471-2334-11-115.
- [13] M. Eichner, M. Schwehm, N. Wilson, and M.G. Baker, “Small Islands and Pandemic Influenza: Potential Benefits and Limitations of Travel Volume Reduction as a Border Control Measure,” *BMC Infect. Dis.*, vol. 9, p. 160, 2009, doi: 10.1186/1471-2334-9-160.
- [14] O.M. Cliff, N. Harding, M. Piraveenan, E.Y. Erten., M. Gambhir, and M. Prokopenko, “Investigating Spatiotemporal Dynamics and Synchrony of Influenza Epidemics in Australia: an Agent-Based Modelling Approach,” *Simul. Model. Pract. Theory*, vol. 87, pp. 412-431, 2018, doi: 10.1016/j.simpat.2018.07.005.
- [15] M. Marini, C. Brunner, N. Chokani, and S.R. Abhari, “Enhancing response preparedness to influenza epidemics: Agent-based study of 2050 influenza season in Switzerland,” *Simul. Model. Pract. Theory*, vol. 103, p. 102091, 2020, doi: 10.1016/j.simpat.2020.102091.
- [16] L. Kou, X. Wang, Y. Li, X. Guo, and 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.*, vol. 2, no. 4, pp. 199-207, 2021, doi: 10.1016/j.jnlssr.2021.08.005.
- [17] E. Cuevas, “An agent-based model to evaluate the COVID-19 transmission risks in facilities,” *Comput. Biol. Med.*, vol. 121, p. 103827, 2020, doi: 10.1016/j.combiomed.2020.103827.
- [18] 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 Stat. Mech. Appl.*, vol. 585, p. 126401, 2022, doi: 10.1016/j.physa.2021.126401.
- [19] S. Winkelmann, J. Zonker, C. Schutte, and N.D. Conrad, “Mathematical modeling of spatio-temporal population dynamics and application to epidemic spreading,” *Math. Biosci.*, vol. 336, p. 108619, 2021, doi: 10.48550/arXiv.2205.05000.
- [20] E. Bonabeau, “Agent-based modeling: Methods and techniques for simulating human systems,” in *Proc. Natl. Acad. Sci. USA (PNAS)*, 2002, pp. 7280-7287, doi: 10.1073/pnas.082080899.
- [21] A. Akrami and M. Parsamanesh, “Investigation of a mathematical fuzzy epidemic model for the spread of coronavirus in a population,” *Soft Comput. J.*, vol. 11, no. 1, pp. 2-9, 2022, doi: 10.22052/scj.2022.246053.1045 [In Persian].
- [22] M. Parsamanesh and A. Akrami, “Sensitivity Analysis of a Mathematical Fuzzy Epidemic Model for COVID-19,” *Soft Comput. J.*, vol. 12, no. 1, pp. 34-37, 2023, doi: 10.22052/SCJ.2023.248364.1100.
- [23] N. Cheetham, W. Waites, I. Ebyarimpa, W. Leber, K.

- Brennan, and J. Panovska-Griffiths, "Determining the level of social distancing necessary to avoid future COVID-19 epidemic waves: a modelling study for North East London," *Sci. Rep.*, vol. 11, no. 1, p. 5806, 2021, doi: 10.1038/s41598-021-84907-1.
- [24] F. Vanni, D. Lambert, and L. Palatella, "Epidemic response to physical distancing policies and their impact on the outbreak risk," *arXiv*, 2020, doi: 10.48550/arXiv.2007.14620.
- [25] World Health Organization, Modes of transmission of virus causing COVID-19: implications for IPC precaution recommendations (2023, May. 1), [Online]. Available: <https://www.who.int/news-room/commentaries/detail/modes-of-transmission-of-virus-causing-covid-19-implications-for-ipc-precaution-recommendations>.
- [26] M. Wardhana, "Spatial analysis of users movement pattern and its socialization on public facilities and environment through the ESVA," *Proc. Soc. Behav. Sci.*, vol. 227, pp. 101-106, 2016, doi: 10.1016/j.sbspro.2016.06.049.