

Башабшех Мурад Махмуд

Bashabsheh Murad Mahmoud

Тверской государственный технический университет“ ТвГТУ ”, г.Тверь

Аспирант / aspirant

E-Mail: sequeese@mail.ru

Масленников Борис Иванович

Maslinkov Boris Ivanovich

Тверской государственный технический университет“ ТвГТУ ”, г.Тверь

Доктор технических наук. профессор / professor

E-Mail: bimnew@yandex.ru

Скворцов Андрей Викторович

Skvortsov Andrei Viktorovich

Тверской государственный технический университет“ ТвГТУ ”, г.Тверь

К.т.н.Доцент / docent

E-Mail: starling13@mail.ru

05.13.01 системный анализ управление
и обработка информации (по отраслям)

Комбинированная имитационная модель пространственного распространения эпидемических заболеваний по холере на основе вероятностного клеточного автомата

Combined simulation model spatial distribution of epidemic diseases cholera based on probabilistic cellular automata

Аннотация: В работе рассматривается комбинированная модель пространственного распространения эпидемических заболеваний (на примере холеры) на основе вероятностного клеточного автомата и компартментной модели. Распространение эпидемии является пространственно-распределённой динамической системой, для описания пространственно-временного поведения которой возможно применение моделей класса клеточных автоматов.

The Abstract: In article consider the combined model of the spatial spread of the cholera epidemic diseases based on a probabilistic cellular automaton and compartmental model. The epidemic is spatially distributed dynamic system to describe the spatial-temporal behavior of the application of models that class of cellular automata.

Ключевые слова: Клеточные автоматы, имитационное моделирование, динамические системы, эпидемическая заболевания, модель холера.

Keywords: Cellular automata, simulation modeling, dynamical systems, epidemic diseases, cholera model.

Актуальность разработки проблемно-ориентированных систем управления ограничением эпидемических заболеваний не вызывает сомнения. Важнейшим инструментом изучения этих систем являются адекватные математические модели прогнозирования пространственного распространения эпидемии [1]. К настоящему времени создано

значительное количество таких теоретически обоснованных моделей, опирающихся на сложный математический аппарат. К общему недостатку этих моделей относят трудность применения для создания карт пространственно-временного распространения эпидемических заболеваний с учётом сложной формы географических объектов и других пространственно-определённых факторов [2].

Клеточные автоматы (КА) являются дискретными динамическими системами, представляющие собой совокупность одинаковых клеток, одинаковым образом соединённых между собой. Все клетки образуют, так называемую, решетку клеточного автомата. Решетки могут быть разных типов, отличаясь как по размерности, так и по форме клеток. Каждая клетка является конечным автоматом, состояния которого определяются состояниями соседних клеток и, возможно, ее собственным состоянием. В клеточных автоматах, как моделях вычислений, не рассматриваются входные и выходные воздействия.

При аппаратной реализации клеточные автоматы обычно называют однородными структурами. Клетки могут располагаться на одномерной прямой, плоскости или в многомерном пространстве. Каждая клетка имеет заданное количество «соседей», определяемых постановкой задачи, и может находиться в одном из нескольких состояний. Соседи устанавливаются или по наличию общих границ у клеток, или с помощью графа. Время в такой системе изменяется дискретно, такт за тактом. Состояние клетки в следующий момент времени задается как функция от ее собственного состояния и состояний соседей в текущий момент времени. Вид этой функции определяет поведение клеточного автомата [3].

При построении комбинированных моделей проводится предварительная декомпозиция процесса функционирования объекта на составляющие подпроцессы. Компартменты могут представлять реальные биологические или социальные объекты, а также могут быть просто удобной математической абстракцией. В настоящее время широкое распространение получило использование компартментных моделей. Существуют стохастические компартментные модели распространения эпидемии в условиях реализации мероприятий по активному выявлению заболевших, позволяющие прогнозировать развитие эпидемического процесса в популяции с учетом пространственного переноса заболевания. При этом сообщество, в котором протекает эпидемия делится на несколько групп (компаратментов) на основе значений характеристик, важных с эпидемической точки зрения [4].

На рисунке 1 представлена модель распространения эпидемического заболевания по холере. Модель динамики передачи холеры, выделяет три группы населения: восприимчивых к заболеванию (Susceptible), зараженных, инфицированных, восприимчивых (Infectious) и выздоровевших, получивших долговременный иммунитет (Recovered), и двумя состояниями для холерных вибрионов, B_H : высоко-инфекционных холерных вибрионов, B_L : низкая-инфекционных холерных вибрионов.

Общая численность населения, N , постоянная так же как имеет постоянное рождение α и уровень смертности, μ . Инфекция вызвана, глотая загрязненную воду с также высоко-инфекционные B_H (HI vibrios/ml), или B_L понижаются инфекционный (non-HI vibrios/ml) с уровнем β_H и β_L , соответственно. Это также принято, когда $B_H = K_H$ и $B_L = K_L$, вероятность получающегося приема пищи болезнь 0.5. ξ является скорость, с которой I классе способствует B_H и x является скорость, с которой B_H продвижение к B_L . Кроме того, γ является скорость, с которой случаи будут восстановлены, а δ_L является скорость, где холерный вибрион теряет свою жизнеспособность в водной среде [5].

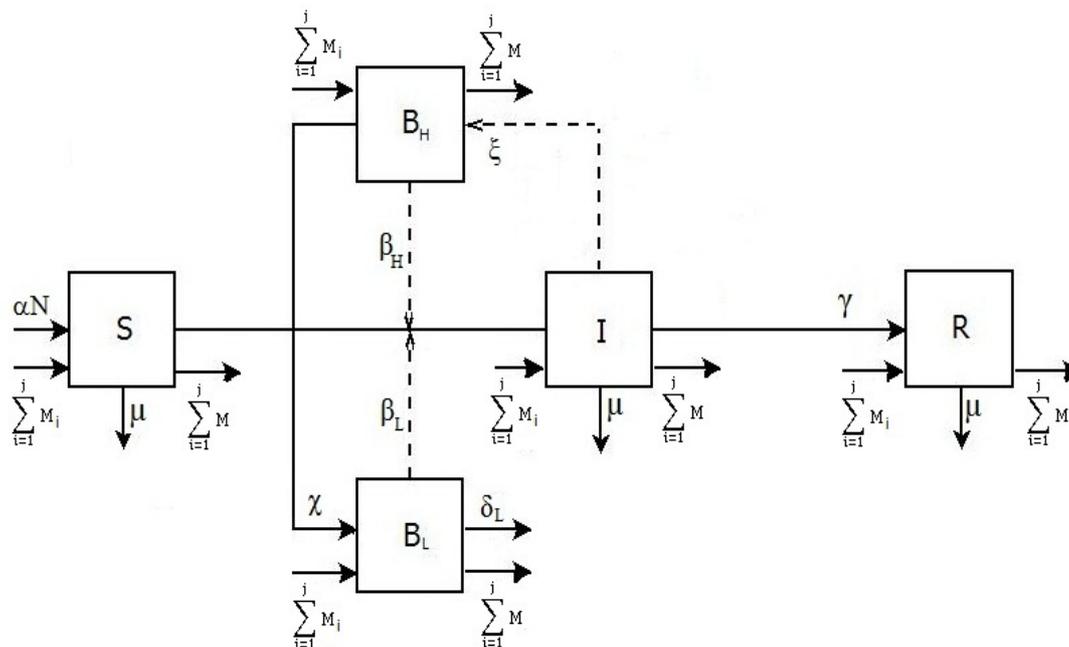


Рис.1. Компарментная модель эпидемического заболевания по холере

Где S- число индивидов в компартменте восприимчивых, I- число распространителей инфекции, R- число выздоровевших, B_H - высоко-инфекционных холерных вибрионов, B_L - низкая-инфекционных холерных вибрионов, α - частота появления новых восприимчивых в популяциями, β_H - скорость питьевой высокой инфекционных холерных вибрионов, β_L - скорость питьевой ниже инфекционных холерных вибрионов, K_H - высокая инфекции холерных вибрионов инфекционных концентрации, K_L - низкая инфекции холерных вибрионов инфекционных концентрации, ξ - скорость вклад B_H холерных вибрионов в водной среде, χ - скорость распада от B_H холерных вибрионов к снижению инфекционных состояний, γ - частота выздоровления, δ_L - естественное смерти без B_H вибриона в окружающей среде, μ - частота естественный смерти, N – общая численность населения, M - коэффициент скорость миграция, j- число соседей.

Рис.1. задается системой дифференциальные уравнения модели управления холеры имеют вид (при $\Delta t=1$) [5]:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \alpha N - \beta_H \frac{S \cdot B_H}{B_H + K_H} - \beta_L \frac{S \cdot B_L}{B_L + K_L} - \mu S; \\ \frac{dI}{dt} = \beta_H \frac{S \cdot B_H}{B_H + K_H} + \beta_L \frac{S \cdot B_L}{B_L + K_L} - (\mu + \gamma) I; \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R; \\ \frac{dB_H}{dt} = \xi I - \chi B_H; \\ \frac{dB_L}{dt} = \chi B_H - \delta_L B_L; \\ N = S + I + R; \end{array} \right. \quad (1)$$

Для решения системы (1) используются рекуррентные соотношения (при $\Delta t=1$) вида [5]:

$$\left\{ \begin{array}{l} S_{t+1} = S_t + \alpha N_t - \beta_H \frac{S_t \cdot B_{H_t}}{B_{H_t} + K_H} - \beta_L \frac{S_t \cdot B_{L_t}}{B_{L_t} + K_L} - \mu S_t; \\ I_{t+1} = I_t + \beta_H \frac{S_t \cdot B_{H_t}}{B_{H_t} + K_H} + \beta_L \frac{S_t \cdot B_{L_t}}{B_{L_t} + K_L} - (\mu + \gamma) I_t; \\ R_{t+1} = R_t + \gamma I_t - \mu R_t; \\ B_{H_{t+1}} = B_{H_t} + \xi I_t - \chi B_{H_t}; \\ B_{L_{t+1}} = B_{L_t} + \chi B_{H_t} - \delta_L B_{L_t}; \\ N_{t+1} = S_{t+1} + I_{t+1} + R_{t+1}; \end{array} \right. \quad (2)$$

Системы (1,2) соответствуют детерминированной модели эпидемии. Рекуррентные соотношения (3) для стохастической модели эпидемии имеют вид (при $\Delta t=1$) [5]:

$$\left\{ \begin{array}{l} S_{t+1} = S_t + rb(\alpha, N_t) - rb(\beta_H, (S_t \cdot B_{H_t} / (B_{H_t} + K_H))) - rb(\beta_L, (S_t \cdot B_{L_t} / (B_{L_t} + K_L))) - rb(\mu, S_t); \\ I_{t+1} = I_t + rb(\beta_H, (S_t \cdot B_{H_t} / (B_{H_t} + K_H))) + rb(\beta_L, (S_t \cdot B_{L_t} / (B_{L_t} + K_L))) - rb((\mu + \gamma), I_t); \\ R_{t+1} = R_t + rb(\gamma, I_t) - rb(\mu, R_t); \\ B_{H_{t+1}} = B_{H_t} + rb(\xi, I_t) - rb(\chi, B_{H_t}); \\ B_{L_{t+1}} = B_{L_t} + rb(\chi, B_{H_t}) - rb(\delta_L, B_{L_t}); \\ N_{t+1} = S_{t+1} + I_{t+1} + R_{t+1}; \end{array} \right. \quad (3)$$

Где S_t - количество восприимчивых особей в популяции в момент времени t , I_t - число зараженных особей в популяции в момент времени t , R_t - количество восстановленных особей в популяции в момент времени t , B_{H_t} - высоко-инфекционных холерных вибрионов в момент времени t , B_{L_t} - низкая-инфекционных холерных вибрионов в момент времени t , rb - оператор задания случайной величины в соответствии с биномиальным законом распределения. Если $rb = \text{Randbinom}(p;n)$, то p - число интенсивность, вероятность успеха, n - число испытаний.

При моделировании миграционных потоков и перемешивания популяции на основе клеточных автоматов между элементарными популяцией, которые соответствует ячейком происходит миграция. Отбор особей для миграции может происходить следующим образом: интенсивность миграции постоянно для всей популяции; миграция происходит из всех групп равномерно [6].

Модель миграции (Migration) представляет популяцию как множество элементарных популяций. Каждая популяция обрабатывается отдельным процессором. Эти популяции развиваются независимо друг от друга в течение одинакового количества поколений T (время изоляции). По истечении времени изоляции происходит обмен особями между популяциями (миграция). Количество особей, подвергшихся обмену (вероятность миграции), метод отбора особей для миграции и схема миграции определяет частоту возникновения генетического многообразия в популяциях и обмен информацией между популяциями [7].

Важными особенностями клеточных автоматов являются следующие: способность элементов к пространственному перемещению и применение понятия состояния к новому положению; состояние каждой ячейки обновляется в результате выполнения последовательности дискретных постоянных шагов во времени; переменные в каждой ячейке изменяются одновременно ("синхронно"); правило определения нового состояния ячейки зависит только от локальных значений ячеек из некоторой окрестности данной ячейки.

Суть рассматриваемого метода моделирования пространственного распространения эпидемических заболеваний состоит в использовании комбинированной математической

модели. Предлагаемая модель представляет собой вероятностный клеточный автомат, каждая ячейка которого представляет собой модель элементарной популяции с глобальным перемешиванием. Динамика состояния ячейки описывается стохастической компартментной моделью распространения заболевания с учётом миграционных процессов.

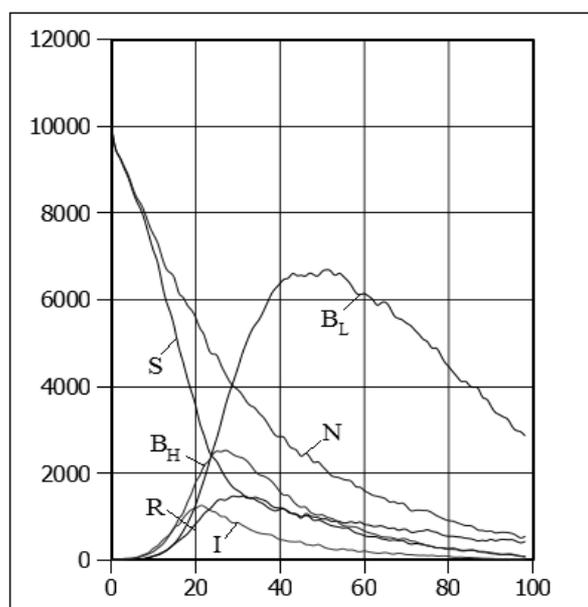
Для решения системы (3) используются рекуррентные соотношения (4) (при $\Delta t=1$) вида [5,6]:

$$\begin{cases} S_{t+1} = S_t + rb(\alpha, N_t) - rb(\beta_H, (S_t \cdot B_{H_t} / B_{H_t} + K_H)) - rb(\beta_L, (S_t \cdot B_{L_t} / B_{L_t} + K_L)) - rb(\mu, S_t) + rb(M; S_t^i) - rb(M; S_t); \\ I_{t+1} = I_t + rb(\beta_H, (S_t \cdot B_{H_t} / B_{H_t} + K_H)) + rb(\beta_L, (S_t \cdot B_{L_t} / B_{L_t} + K_L)) - rb((\mu + \gamma), I_t) + rb(M; I_t^i) - rb(M; I_t); \\ R_{t+1} = R_t + rb(\gamma, I_t) - rb(\mu, R_t) + rb(M; R_t^i) - rb(M; R_t); \\ B_{H_{t+1}} = B_{H_t} + rb(\xi, I_t) - rb(\chi, B_{H_t}) + rb(M; B_{H_t}^i) - rb(M; B_{H_t}); \\ B_{L_{t+1}} = B_{L_t} + rb(\chi, B_{H_t}) - rb(\delta_L, B_{L_t}) + rb(M; B_{L_t}^i) - rb(M; B_{L_t}); \end{cases} \quad (4)$$

При моделировании комбинированной модели на основе клеточных автоматов. В работе нами принято, что имеется 9 ячеек, в одной из которых содержатся заболевшие носители бактерий вида холерных вибрионов. В остальных ячейках такого состояния нет.

В описаном имитационном эксперименте нами приняты следующие значения параметров системы (4): $\alpha=0.08$, $\beta_H=0.21$, $\beta_L=0.21$, $K_H=1428$, $K_L=10^6$, $\gamma=0.2$, $\chi=0.2$, $\xi=0.5$, $\delta_L=0.033$, $\mu=0.11$, $M=0.1$. Начальные условия: первая ячейка $S(0)=10000$, $I(0)=0$, $R(0)=0$, $B_H(0)=9$, $B_L(0)=1$, остальные ячейки $S(0)=10000$, $I(0)=0$, $R(0)=0$, $B_H(0)=0$, $B_L(0)=0$ не изменяются во всех экспериментах.

Результаты приведены на рисунке 2 график распространение эпидемии по холере, на основе вероятностного клеточного автомата в стахостической модели. Решения найдены в интервале времени [0-100] лет. Для выполнения этой задачи используется программы gnumeric spreadsheet [8].



Где S - число восприимчивых,
 I - число инфицированных,
 R - число выздоровевших,
 B_H - высоко-инфекционных холерных вибрионов,
 B_L - низкая-инфекционных холерных вибрионов

Рис.2. Общей модель распространения эпидемии по холере при стахостической модели

На рисунке 3 приведены графики переменных состояния распространителей инфекции (I), во всех ячейках в интервале времени [0-100] лет.

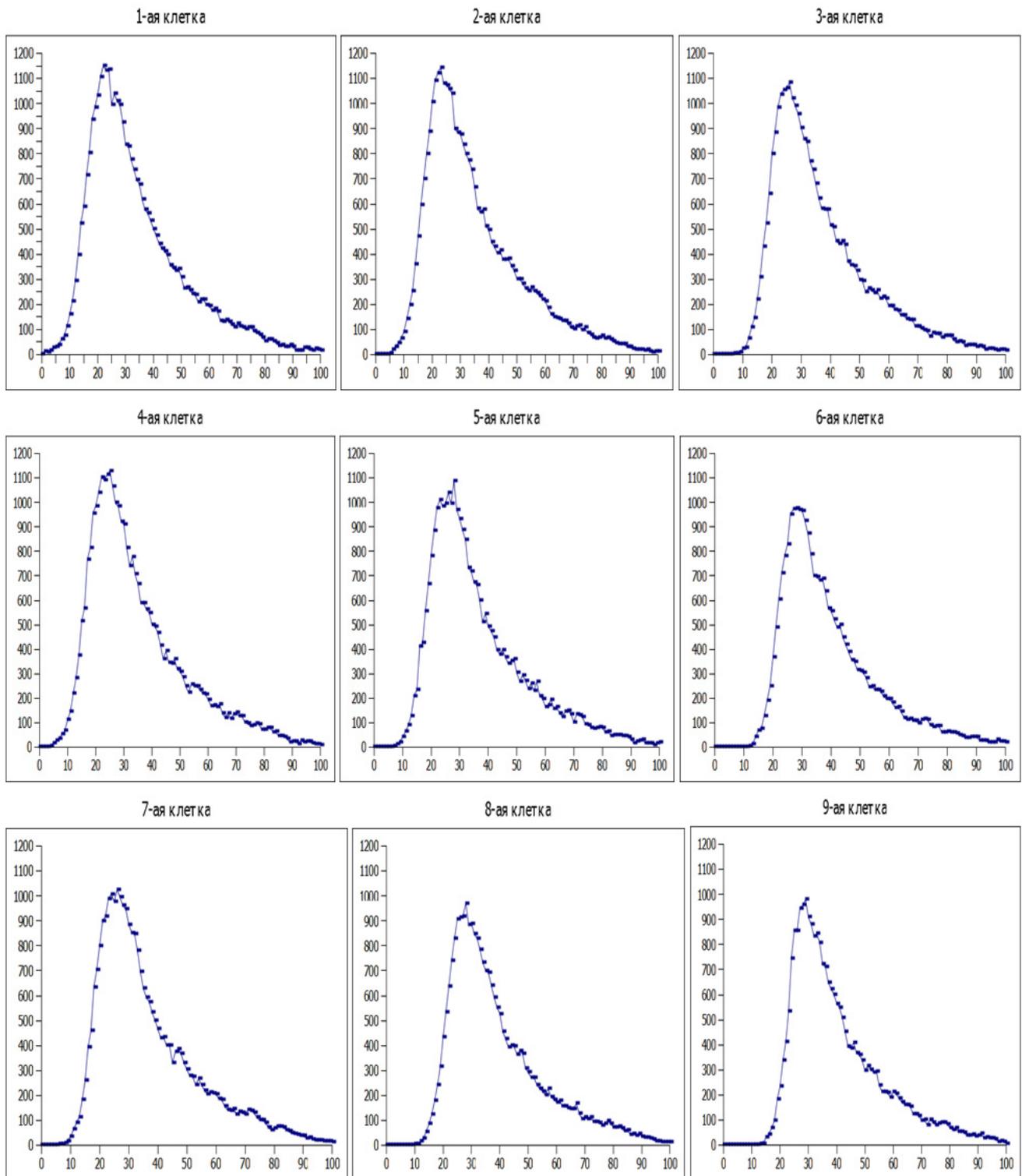
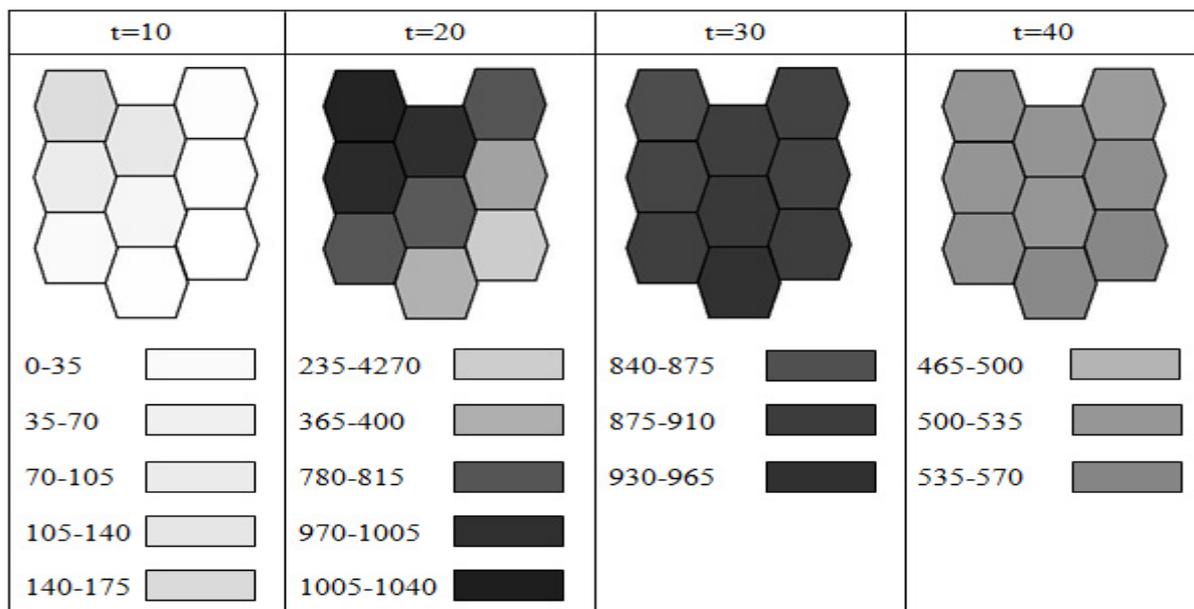


Рис.3. *Графики переменных состояния распространителей инфекции (I)*

Сравнение всех ячеек по интенсивности окрашивания в зависимости от значения числа переменных состояния распространителей инфекции (I). Представлено в таблице в моменты времени $t=10,20,30,40$ лет.

Таблица



Таким образом, в результате исследований комбинированной модели распространения эпидемии по холере на основе клеточных автоматов установлено, что миграционные потоки, вызывающие перемешивание в популяции, приводят к активации эпидемического процесса в изначально «здоровых» элементарных популяциях и пространственному переносу эпидемии.

Скорости миграции имеют значительное влияние на передачу и распределение инфекции в каждой ячейке. В результате все клетки приобретают признаки друг от друга, под влиянием скорости миграции.

Установлено, что в интервале времени $t=10-30$ лет, число распространителей инфекции (I) в ячейках существенно отличаются друг от друга. В интервале времени $t=30-40$ лет, таких отличений не наблюдается.

С увлечением времени число переменных состояния распространителей инфекции (I) практический уравнивается во всех ячейках.

При удалении от центра возникновения инфекции уменьшается значений максимуму число инфицировано.

ЛИТЕРАТУРА

1. В.К. Ванаг Исследование пространственно распределенных динамических систем методами вероятностного клеточного автомата (рус.) // Успехи физических наук. Обзоры актуальных проблем. : журнал. — май 1999. — Т. 169. — № 5. — С. 481-505.
2. Советов Б. Я. Моделирование систем: Учеб. для вузов/ Б. Я Советов С. А Яковлев// 3-е изд., перераб. и доп. — М.: Высш. Шк -2001.С 343
3. Варшавский В.И. Однородные структуры / В.И. Варшавский, В.Б. Мараховский, В.А.Песчанский, Л.Я. Розенблюм. М - 1973.
4. Масленников. Б. И. Математическое обеспечение информационно-аналитической медицинской системы программные продукты и системы/ Б. И. Масленников, А. В. Скворцов международное научно-практическое приложение к международному журналу «Проблемы теории и практики управления».- 2008.- С. 158-160.
5. David M. Hartley, J. Glenn Morris Jr., and David L. Smith. Hyperinfectivity: A Critical Element in the Ability of *V. Cholerae* to Cause Epidemics.
6. Каток. А. Б. Перемешивание (динамические системы), введение в современную теорию динамических систем / А. Б. Каток, Б. Хасселблат.
7. Панченко Т.В. Генетические алгоритмы [Текст]: Учебно-методическое пособие / под ред. Тарасевича-Астрахань. Ю.Ю. Панченко. Т.В // издательский дом "Астраханский университет" , 2007- С.87.
8. Gnumeric - 10.03.2008. [электронный ресурс] / Ron White. Режим доступа: <http://www.pcworld.com/article/232785/gnumeric.html>.

Рецензент: Дмитриев Геннадий Андреевич, д.т.н., профессор, заслуженный деятель науки и техники РФ, зав. Кафедрой Автоматизации технологических процессов Тверского государственного технического университета.