

К.Е. Климентьев

ОПЫТ МУЛЬТИАГЕНТНОГО МОДЕЛИРОВАНИЯ ЭПИДЕМИИ

(Самарский университет)

Введение. Как известно, эпидемии инфицирующих агентов, протекающие в популяциях емкостью N и характеризующиеся состояниями S – уязвимый, I – инфицированный, R – выздоровевший с образованием иммунитета, могут быть приближенно описаны системой дифференциальных уравнений Кермака-МакКендрика [1, 3]:

$$dI(t)/dt = \beta I(t) \times (N - I(t) - R(t)) / N - \gamma I(t);$$

$$dR(t)/dt = \gamma \times I(t);$$

$$S(t) + I(t) + R(t) = N,$$

где β и γ – удельные коэффициенты размножения и подавления. Обычно параметры полагают константами (см. хотя бы [5]), но более корректно считать, что $N=N(t)$, $\beta=\beta(t)$ и $\gamma=\gamma(t)$, причем законы их изменения, хотя и детерминистичны, но часто нетривиальны. Для учета этого обстоятельства в систему включают дополнительные состояния и уравнения, что приводит к «расширенным» SIR-моделям и их сочетаниям, например [2, 3, 4, 8]: SEIR с состоянием E инкубационного периода; SIHR – с учетом состояния H госпитализации; MSIR с состоянием M предварительного, но быстро исчезающего иммунитета; SIRD с учетом D – умерших; SIRV с учетом V – вакцинированных и т.п. Другой способ учесть непостоянство параметров – придание им свойств случайных величин и процессов, что приводит к стохастическим моделям, изучаемым средствами, например, GPSS [6]. В реальности же имеет место сочетание и закономерных, и случайных законов поведения параметров N , β и γ , что может быть учтено только средствами имитационных моделей с использованием мультиагентного подхода. Настоящая статья посвящена описанию имитационных экспериментов по моделированию первого этапа (с января 2020 г. по июнь 2021 г.) эпидемии Covid-19 в г. Самара, проводимых в рамках разработки, реализации, тестирования и доработки среды имитационного моделирования, описанной в [9].

Описание принципов моделирования. Используемая среда позволяет рассматривать популяцию как совокупность независимых «агентов», обладающих собственными наборами свойств и алгоритмами поведения. Принцип поведения агентов во времени – дискретно-событийный. Возможно взаимодействие агентов, расположенных в инцидентных узлах некоторого графа (точней, сети), в качестве которых могут выступать: 1) случайные графы

общего вида; 2) «геометрические» графы; 3) графы безмасштабного вида; 4) решетки (см. [7]) и их комбинации.

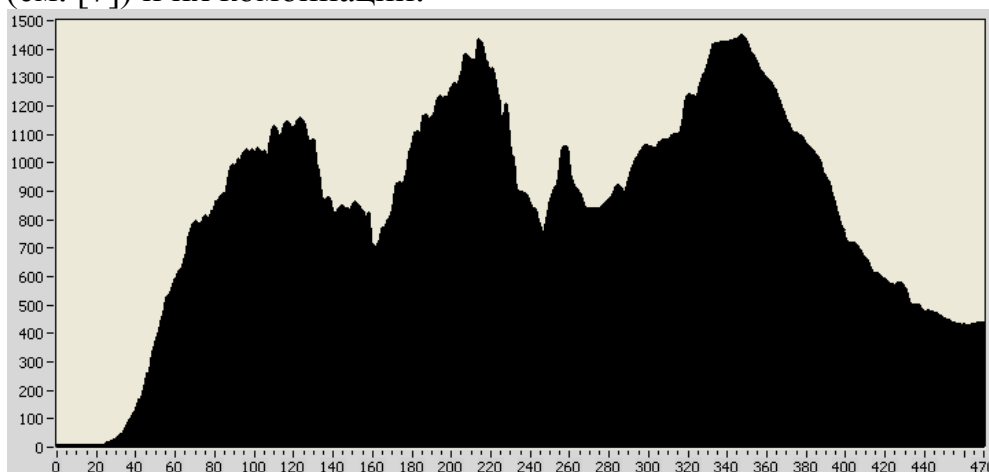


Рис. 1. Эпидемия «уханьского» штамма в г. Самара

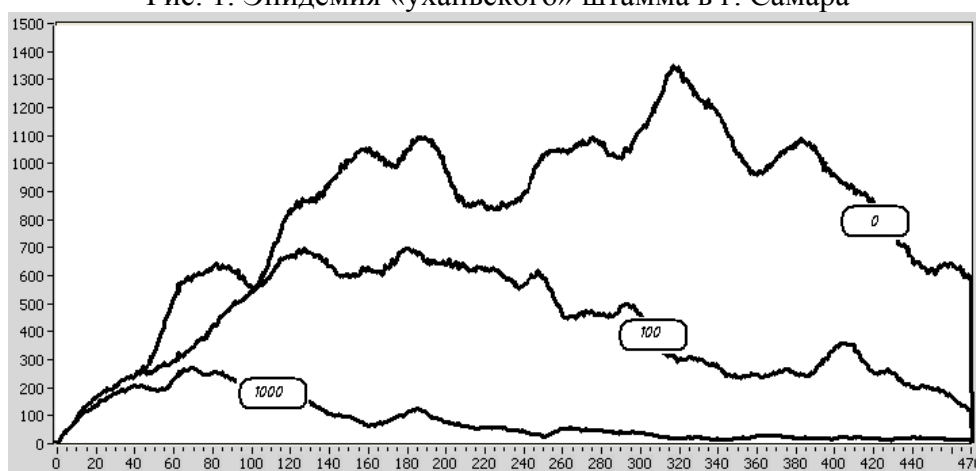


Рис. 2. Типичные «модельные» кривые

Построение и уточнение модели производилось путем постепенного итеративного ее усложнения – в результате изучения интересующих областей факторного пространства [6] и добавления, при необходимости, новых факторов. Оценка адекватности модели производилась путем сравнения течения модельной эпидемии с реальными данными (см. рис. 1), взятыми с Интернет-ресурса <https://covid.observer.ru/63> (данные для г. Самары на временном интервале «март 2020 г. – июль 2021 г.» получены путем «масштабирования» сведений, приведенных для всей Самарской области).

Следующие факторы, характерные для «Уханьского» штамма Covid-19, при моделировании считались предопределенными и неизменными: 1) размер популяции $N=1130000$ агентов; 2) продолжительность инкубационного периода – 5 дней; 3) длительность этапа распространения инфекции – 5 дней (начиная с 3-го дня инкубационного периода); 4) продолжительность заболевания – 21 день; 5) количество изначально вакцинированных или невосприимчивых – 0; 6) ежедневное количество смертельных исходов – 0.

В результате параметрической идентификации модели изучалось воздействие следующих факторов. 1) топология графа отношений между агентами – комбинация «решеток»; 2) размеры кластера $C \in [3..6]$; 3) вероятность $P \in [0..1]$ переноса инфекции при однократном контакте; 4)

первоначальное количество инфицированных $I_0 \in \{0, C, 2C, 3C, 4C\}$; 5) количество ежедневных «внешних инъекций» в популяцию $U \in [0..C]$; 6) первоначальное количество вакцинированных/невосприимчивых $V_0 \in [0..N]$; 7) количество ежедневных «вакцинаций» $V \in [0..2500]$.

Особого внимания заслуживает «среда обитания» агентов, а фактически – топология графа отношений. Граф, как предполагается, должен отражать структуру коммуникаций жителей города и представляет собой систему кластеров постоянного размера, каждый из которых является «тесным миром» (small world), внутри которого каждый узел инцидентен каждому (см. рис. 3). Кроме того, каждый узел графа является членом: 1) постоянного кластера «семья»; 2) постоянного кластера «трудовой коллектив» (школьный класс, студенческая группа и т.п.) и 3) переменного кластера «транспорт». «Переменность» означает, что набор составляющих узлов меняется на каждом шаге моделирования случайным образом, обеспечивая «пространственное» распространение инфекции.

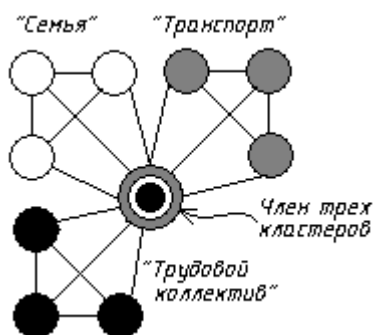


Рис. 3. Структура графа коммуникаций

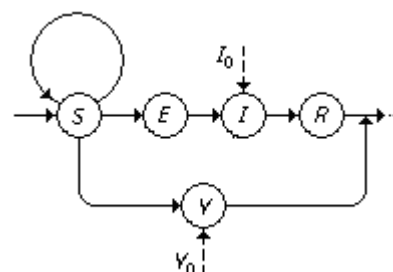


Рис 4. Граф смены состояний

Алгоритм поведения агентов отражает взаимодействие членов популяции в условиях развития SEIRV-модели (см. рис. 4).

Шаг моделирования – 1 сутки.

Результаты и их обсуждение. Результаты идентификации проводились при условии $V_0=0$. Наиболее «похожее» развитие эпидемии (см. рис. 2) наблюдалось при следующих параметрах: 1) размер кластера $C=4$, валентность узлов такого графа равна $k=3 \times C-3=9$, коэффициент кластеризации $c=3$; 2) вероятность переноса инфекции $P \approx 0.034$; 3) первоначальное количество инфицированных $I_0=8$, при меньших количествах эпидемия «стартовала» очень редко; 4) на момент начала эпидемии иммунных нет $V_0=0$.

Также исследовалось влияние последовательной вакцинации членов популяции. Результаты представлены на рис. 2, где кривая (1) описывает течение эпидемии без вакцинации, кривая (2) при условии 100 вакцинаций в день и кривая (3) – при условии 1000 вакцинаций в день (45% вакцинированных агентов в конце эпидемии).

Общий вывод – среда моделирования позволяет исследовать влияние на течение эпидемии различных факторов. Но адекватность модели пока недостаточна, необходимо включение в рассмотрение дополнительных факторов, таких как: нерегулярность графа связей; «сезонный» характер вероятности переноса инфекции и т.п.

Литература

1. Братусь А.С., Новожилов А.С., Платонов А.П. Динамические системы и модели биологии. - М.: Физматлит, 2010. – 400 с.
2. Климентьев К.Е. Компьютерные вирусы и антивирусы: взгляд программиста. – М.: ДМК-Пресс, 2013. – 656 с.
3. Климентьев К.Е. Аналитические модели взаимодействия мобильных агентов // В сб. «Перспективные информационные технологии в научных исследованиях, проектировании и обучении (ПИТ 2013): труды научн.-техн. конф. с межд. участием» – Самара: изд-во СНЦ РАН, 2013. – С. 54-56.
4. Мамедова Т.Ф., Титков М.Д. Математическая модель распространения инфекционных заболеваний // Огарев-Онлайн №13 (150), Саранск, 2020. – URL: <http://journal.mrsu.ru/wp-content/uploads/2020/11/titkov-mamedova.pdf>
5. Сайфитдинов Т.И., Маликов Р.Ф. Имитационное моделирование эпидемии COVID-19 // Перспективные информационные технологии (ПИТ 2020): труды Международной научно-технической конференции. – Самара: Издательство Самарского научного центра РАН, 2020. – С. 390-394.
6. Советов Б.Я., Яковлев С.А. Моделирование систем. - М.: Высшая школа, 1998. – 319 с.
7. Эфрос А.Л. Физика и геометрия беспорядка. – М.: Наука, 1982. – 176 с.
8. Khoshn S., Salih1 R., Sulaimany S. Mathematical Modelling for Coronavirus Disease (COVID-19) in Predicting Future Behaviors and Sensitivity Analysis // Math. Mo del. Nat. Phenom. 15 (2020) 33. – URL: <https://doi.org/10.1051/mmnp/2020020>.
9. Климентьев К.Е. Мультиагентное моделирование процессов распространения и взаимодействия инфицирующих существ // Программные продукты и системы. - Тверь, 2018. - 1(31) - с. 744-748.