

شبیه سازی عامل مبنای گسترش مکانی- زمانی بیماری کووید-19 و بررسی تأثیر واکسیناسیون (مطالعه‌ی موردی: ارومیه)

امیرحسین ابراهیمی^{1*}، علی اصغر آل شیخ²، نوید هوشنگی³

¹ دانشجوی کارشناسی ارشد سیستم‌های اطلاعات مکانی، دانشکده‌ی مهندسی نقشه‌برداری، دانشگاه صنعتی خواجه

نصیرالدین طوسی، تهران، ایران

amirhossein183258@gmail.com

² استاد دانشکده‌ی مهندسی نقشه‌برداری، دانشگاه صنعتی خواجه نصیرالدین طوسی، تهران، ایران

alesheikh@kntu.ac.ir

³ استادیار گروه مهندسی نقشه‌برداری، دانشکده‌ی علوم زمین، دانشگاه صنعتی اراک، اراک، ایران

navid.hooshangi@yahoo.com

(تاریخ دریافت: آذر 1401، تاریخ تصویب: دی 1401)

چکیده

مدیریت مناسب بیماری‌های همه‌گیر مانند بیماری کووید-19، به دلیل تأثیرات گسترده‌ی آن‌ها در اقتصاد، فرهنگ و اجتماع جوامع بسیار حائز اهمیت است. با اعمال راهبردهای کنترلی مختلف مانند تعطیلی مدارس، محدودیت تردد شبانه و انجام واکسیناسیون جمعی، انتشار این بیماری تا حدودی کنترل شده، اما به طور کامل رفع نشده است. هدف اصلی این پژوهش ارائه‌ی مدلی مکانی-زمانی و انعطاف‌پذیر برای شبیه‌سازی انتشار بیماری کووید-19 با ایجاد امکان ارزیابی و بررسی تأثیر واکسیناسیون می‌باشد. بدین منظور، از ترکیب مدلسازی عامل مینا (ABM) و سامانه‌ی اطلاعات مکانی (GIS) در حالت‌های مختلف استفاده می‌شود. عامل‌های طراحی شده در تعامل با یکدیگر و محیط، به کمک مدل همه‌گیری SEIRD موجب انتشار بیماری شده و خصوصیات آن‌ها تحت نظر قرار می‌گیرد. برای ارزیابی مدل از داده‌های واقعی مبتلایان به بیماری در شهر ارومیه از زمان شیوع تا 140 روز بعد از آن استفاده شد. نتایج نشان می‌دهد که مدل پیاده‌سازی شده با خطای $MAPE = 32/86\%$ و $RMSE$ نرمال شده $8/62$ درصد گسترش بیماری را شبیه‌سازی می‌کند. با شبیه‌سازی فرایند اجرای واکسیناسیون، تعداد بیماران نهایی $36/12\%$ و تعداد افراد فوت شده $44/48\%$ کاهش می‌یابد. مقایسه‌ی مقادیر شبیه‌سازی شده و مقادیر واقعی نشان از شباهت 82 درصدی نتایج مدل با واقعیت دارد. خروجی این تحقیق نشان می‌دهد که مدل‌سازی عامل مینا تا حد قابل قبولی توانسته فرایند گسترش بیماری کرونا را شبیه‌سازی کرده و پیش‌بینی و پیش‌آگاهی از استراتژی‌های کنترلی ارائه دهد؛ لذا، از مدل‌های عامل مینا می‌توان در شبیه‌سازی سوبه‌های مختلف بیماری کرونا و سایر بیماری‌های همه‌گیر و همچنین شبیه‌سازی واکنش محیط و استراتژی‌های کنترلی استفاده کرد.

واژگان کلیدی: مدل‌سازی عامل مینا، بیماری‌های همه‌گیر، سامانه‌ی اطلاعات مکانی، کووید-19، واکسیناسیون.

* نویسنده‌ی رابط

1- مقدمه

همه‌گیری جهانی کووید-19 که توسط عامل SARS-CoV-2¹ ایجاد شده تأثیر مستقیم بر فعالیت‌های اجتماعی، اقتصادی و فرهنگی جامعه‌ی بشری داشته و یک چالش بین‌المللی تلقی می‌شود [1]. با وجود سیاست‌های کنترل بیماری کووید-19، بیماری در مدت 3 ماه در سراسر جهان گسترش پیدا کرده [2] و تا تاریخ 25 شهریور 1401 در حدود 6/5 میلیون نفر تلفات جانی گزارش شده‌است [3]. وقوع این همه‌گیری جهانی نشان داد که داشتن آمادگی کافی برای مواجهه با بحران‌هایی مانند این بیماری الزامی بوده و در صورت عدم وجود این آمادگی، هزینه‌های سنگین اجتماعی و اقتصادی بر جوامع تحمیل می‌شود. برنامه‌ریزی مناسب و ارزیابی راهکارهای احتمالی پیش از وقوع بحران یا در حین بحران، به خصوص در مورد پدیده‌ای تا این اندازه بزرگ و فراگیر، منجر به پیش‌آگاهی و پیش‌بینی از شرایط آینده و لذا تصمیم‌گیری صحیح در شرایط بحرانی می‌شود. با شبیه‌سازی رخدادهای احتمالی و ارزیابی سناریوهای پیش‌رو، خسارت‌های ناشی از فرایند آزمون و خطا در محیط واقعی، به حداقل رسیده و امکان مدیریت بهینه بحران فراهم می‌گردد. جهت کنترل انتشار بیماری‌های همه‌گیر مانند کووید-19 استراتژی‌های کنترلی مختلفی قابل پیاده‌سازی هستند که میزان مؤثر بودن آن‌ها در مهار بیماری باید قبل از اجرا بررسی گردد. از زمان شناسایی اولین مورد ابتلا به بیماری کووید-19 در ایران، استراتژی‌های متعددی به‌منظور کنترل این بیماری از جمله تعطیلی مدارس و مراکز آموزشی، سینماها، رستوران‌ها، محدودیت تردد شبانه، کاهش زمان کاری ادارات و همچنین فاصله‌گذاری اجتماعی بین افراد به اجرا درآمده است. طراحی و ارزیابی تأثیر این سیاست‌ها باید بر مبنای اطلاعاتی باشد که از مدل‌های قابل‌اعتماد حاصل شده تا زمان و منابع ارزشمند با پیش‌ارزیابی راهکارها و انتخاب بهترین آن‌ها حفظ شود [4, 5]. اتخاذ این گونه رویکردها بدون شبیه‌سازی و ارزیابی تأثیرات آن‌ها می‌تواند هزینه‌های سنگین اجتماعی و اقتصادی در پی داشته باشد. واکسیناسیون جمعی یکی از استراتژی‌های کنترلی نسبتاً موفق در زمینه‌ی کنترل بیماری بوده‌است. گونه‌های این ویروس تا به حال جهش‌های متعددی مانند دلتا و اومیکرون

را تجربه کرده که این جهش‌ها موجب افزایش انتشار بیماری حتی در کشورها با نرخ بالای واکسیناسیون شده‌است [5]. واکسن‌های توسعه داده‌شده در مقابل بیماری، ایمنی کاملی ایجاد نمی‌کنند و همچنین در مقابل انواع جهش‌یافته‌ی این بیماری اثر کمتری دارند [6]. با در نظر گرفتن راهبردهای کنترلی پیش‌بینی می‌شود در ادامه بیماری کووید-19 رفتار یک بیماری فصلی را از خود نشان دهد [5]. بنابراین، با توجه به امکان بروز سویه‌های جدید این بیماری و حتی وقوع بیماری‌های همه‌گیر جدید، توسعه‌ی سیستم‌های شبیه‌سازی و ارزیابی استراتژی‌های کنترلی (مانند واکسیناسیون) قبل از بکارگیری آن‌ها ضرورت دارد.

انتشار بیماری‌های همه‌گیر پدیده‌ای پویا است که در مکان و با گذشت زمان تغییر می‌کند، لذا کیفیت مدل‌سازی بیماری رابطه‌ی مستقیم با داده‌های مکانی استفاده‌شده در مدل دارد. بسیاری از مطالعات صورت‌گرفته از تحلیل‌های موجود در سامانه‌های اطلاعات مکانی² (GIS) در سطوح مختلف جهانی، ملی، منطقه‌ای و محلی در حوزه‌ی بهداشت و درمان استفاده نموده‌اند [7, 8, 9]. سامانه‌های اطلاعات مکانی توانایی بالایی در مدل‌سازی و تحلیل پدیده‌های مکانی دارند ولی در مدل‌سازی پدیده‌های زمانمند دارای ضعف‌هایی هستند [10]. در مدل‌سازی بیماری، GIS می‌تواند نحوه‌ی انتشار مکانی بیماری‌های همه‌گیر و علل مکانی آن‌ها را تجزیه و تحلیل نماید؛ بنابراین، سامانه‌ی اطلاعات مکانی نقش مهمی در مدیریت و برنامه‌ریزی برای بیماری‌های همه‌گیر دارد [10]. نحوه‌ی استفاده از روش‌های شبیه‌سازی، به گونه‌ای که داده‌های مکانی و زمانی را همزمان لحاظ کند، یکی از چالش‌های اصلی در این حوزه می‌باشد.

در سال‌های اخیر مدل‌سازی و شبیه‌سازی همه‌گیری بیماری کووید-19 و همچنین سیاست‌های کنترل بیماری توجه پژوهشگران زیادی را جلب نموده‌است. در مدل‌سازی و شبیه‌سازی یک پدیده به دلایلی مانند پیچیدگی پدیده و مبهم بودن آن ساده‌سازی‌هایی صورت می‌گیرد که در نتایج نهایی تأثیرگذار هستند و باعث می‌شوند مدل‌سازی‌های انجام‌شده دقت‌های متفاوتی داشته باشند. روش‌های محاسباتی و ریاضی بسیاری برای مدل‌سازی گسترش بیماری‌ها مورداستفاده قرار گرفته‌اند [11] که در سه دسته‌ی کلی مدل‌سازی ریاضی، خودکاره‌ی سلولی³ و مدل‌سازی

3 Cellular Automata (CA)

1 Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus-2

2 Geospatial Information Systems

عامل مبنا¹ تقسیم‌بندی می‌شوند. مدل‌سازی ریاضی، ابزاری مهم برای تحلیل انتشار بیماری‌های عفونی می‌باشد. با استفاده از مدل‌های ریاضی می‌توان اطلاعات مهمی از فرایند انتشار بیماری به دست آورد و همچنین راهبردهای مختلف را آزمایش نمود [12]. در تحقیقات مختلفی از مدل‌های ریاضی مانند SIS² [13]، SIR³ [14]، SIVS⁴ [15] و SIQS⁵ [16] برای پیش‌بینی و کنترل بیماری‌های همه‌گیر استفاده کرده‌اند. این مدل‌ها بر مبنای معادلات دیفرانسیل معمولی⁶ بوده و جزء اولین مدل‌های محاسباتی هستند که برای مطالعه‌ی الگوی بیماری‌های همه‌گیر مورد استفاده قرار گرفتند. بیشتر مطالعاتی که از مدل‌های ریاضی استفاده نموده‌اند، ناهمگونی⁷ جمعیت، تعاملات میان افراد و تاثیر مکان در انتشار بیماری‌های همه‌گیر را لحاظ نکرده‌اند [17]. خودکارهی سلولی و مدل‌سازی عامل‌مبنا دو روشی هستند که همراه با سامانه‌ی اطلاعات مکانی، مدل‌سازی مکانی-زمانی پدیده‌های پویا را فراهم می‌سازند و برای مدل‌سازی بیماری‌های همه‌گیر مورد استفاده قرار گرفته‌اند. در خودکارهی سلولی برخلاف مدل‌سازی ریاضی ناهمگونی جمعیت لحاظ شده ولی ارتباطات و حرکت افراد شبیه‌سازی نمی‌گردد؛ زیرا، در خودکارهی سلولی موقعیت سلول‌ها ثابت می‌باشد. در مدل‌سازی عامل‌مبنا که رویه‌ای پایین‌به‌بالا⁸ دارد، ناهمگونی جمعیت و ارتباطات و حرکت افراد مدل‌سازی می‌شود [17]؛ لذا، این روش برای مدل‌سازی سیستم‌های پیچیده⁹ به وفور استفاده شده‌است. به‌طور کلی، برای عامل‌های طراحی‌شده در مدل‌سازی عامل‌مبنا می‌توان چهار معماری منطق‌مبنا، واکنشی، باور-میل-نیت و لایه‌ای را تعریف نمود. در عامل‌های واکنشی، عمل تصمیم‌گیری در عامل بر اساس وضعیت کنونی صورت می‌پذیرد و تصمیم‌گیری نیز به‌صورت نگاشتی از وضعیت به عمل در نظر گرفته می‌شود. عامل‌های واکنشی هوشمندی محدودی دارند و سادگی یکی از ویژگی‌های بارز این معماری است. مطالعات متعددی که از مدل‌سازی عامل‌مبنا و خودکارهی سلولی برای شبیه‌سازی بیماری‌های همه‌گیر استفاده کرده‌اند، از مدل‌های ریاضی نیز کمک گرفته‌اند [18]، 11، 10، 4، 19]. در این مطالعات، عموماً لایه‌های محیط و

منطقه‌ی مورد بررسی در سامانه‌ی اطلاعات مکانی پیش‌پردازش و آماده شده‌اند [11، 4، 17، 20]. مدل‌سازی عامل‌مبنا برای شبیه‌سازی انتشار بیماری‌های سالک پوستی در اصفهان [20] و شهرستان مراوه تپه [21، 11]، آنفلوآنزای فصلی [22]، مالاریا در شهرستان میناب [10] و سرباز [17]، آبله، سل، هیپاتیت، سرخک و اوریون [4] و در سال‌های اخیر با توجه به همه‌گیری جهانی بیماری کووید-19، در شبیه‌سازی بیماری کووید-19 [1، 12، 4، 5، 23، 24] استفاده شده‌است. در زمینه‌ی بیماری کووید-19 بیشتر مطالعات با تمرکز بر بررسی تاثیرات سیاست‌های کنترل بیماری مانند تعطیلی، استفاده از ماسک، تهویه‌ی هوا، فاصله‌گذاری اجتماعی، قرنطینه کردن افراد و محدود کردن حرکت افراد در قالب سناریوهای مختلف بوده‌است. عموم این مطالعات به مدل‌سازی پویایی انتشار بیماری بدون در نظر گرفتن اطلاعات مکانی پرداخته‌اند [24، 12، 5] و برخی دیگر نیز شبیه‌سازی خود را به منظور خاصی مانند بررسی تاثیرات اقتصادی بیماری انجام داده‌اند [23، 26]. مطالعاتی که از داده‌های مکانی استفاده نکرده‌اند، اغلب با مدل‌سازی تعاملات عامل‌ها، حرکت عامل‌ها و پویایی محیط به بررسی نحوه‌ی انتشار بیماری، راهکارهای کنترل بیماری و تاثیرات اقتصادی آن در مقیاس‌های مکانی بزرگ (مانند محیط داخل یک ساختمان) پرداخته‌اند [12، 5، 1، 27]. مدل‌های توسعه داده‌شده توسط مطالعات گوناگون، در محیط‌هایی مانند NetLogo [4]، Repast [20] و AnyLogic [1، 25] و زبان‌های برنامه‌نویسی مانند C++ [24] و پایتون [23] و MATLAB [12] پیاده‌سازی شده‌اند.

مدل‌سازی مکانی-زمانی بیماری کووید-19 در مطالعات محدودی مدنظر قرار گرفته‌است [4]. در این مطالعات، برای مدل‌سازی مکانی-زمانی پدیده‌های پویا مانند انتشار بیماری‌های همه‌گیر از تلفیق سامانه‌ی اطلاعات مکانی و مدل‌سازی عامل‌مبنا استفاده شده‌است. در این رویکرد مدل‌سازی به خصوص در مورد بیماری‌های دارای ناقل مانند مالاریا، معمولاً داده‌های مکانی مانند لایه‌های رودها

6 The Ordinary Differential Equations

7 Heterogeneity

8 Bottom-Up

9 Complex Systems

1 Agent Based Modelling (ABM)

2 Susceptible-Infected-Susceptible

3 Susceptible-Infected-Recovered

4 Susceptible-Infected-Vaccinated-Susceptible

5 Susceptible-Infected-Quarantine-Susceptible

و یا نقشه‌ی پوشش گیاهی¹ (NDVI)، جهت توزیع مکانی و حرکت مناسب جمعیت عامل‌ها در مقیاس مکانی کوچکتر [20، 17] و از داده‌های زمانی جهت پویایی عامل‌ها و محیط مدلسازی استفاده می‌شود. لذا داشتن اطلاعات مناسب مکانی، زمانی و جمعیتی در مدلسازی مکانی-زمانی انتشار بیماری‌های همه‌گیر ویژگی مشترک مطالعات پیشین می‌باشد. محمدرضا رجبی و همکاران (2016) از مدلسازی عامل مبنا برای شبیه‌سازی مکانی-زمانی انتشار بیماری سالک پوستی با لحاظ اطلاعات مکانی و جمعیتی توزیع ناقلین استفاده کردند [20]. آن‌ها در مدل خود تأثیر محدودیت حرکت عامل‌ها و جمعیت آن‌ها را در نتایج نهایی بررسی کردند. مقیاس زمانی در نظر گرفته شده در مطالعه‌ی آن‌ها 12 ساعت است. قراخلو و هوشنگی (2020) به مدلسازی عامل مبنا به منظور مدلسازی مکانی-زمانی انتشار بیماری کووید-19 در شهر ارومیه پرداخته‌اند و تأثیر تعطیلی مدارس و ادارات و فاصله‌گذاری اجتماعی را در کنترل همه‌گیری بررسی کردند [4]. در تحقیق صورت گرفته فرایند واکسیناسیون شبیه‌سازی نشده و تعداد روزهای شبیه‌سازی 70 روز بوده‌است. همچنین، باتوجه به افزایش اطلاعات و آگاهی در مورد این بیماری، پارامترهای بیماری لحاظ‌شده در مدل آن‌ها نیاز به تجدید نظر دارد.

در مطالعات پیشین صورت‌گرفته برای شبیه‌سازی‌های مکانی-زمانی عامل مبنای بیماری به‌ندرت به مدلسازی راه‌کارهای پیشگیری توجه نموده‌اند. در رابطه با بیماری کووید-19 نیز این ارزیابی با محدودیت‌هایی از جمله کمبود اطلاعات و البته تغییرات پیوسته‌ی ویژگی‌های بیماری روبرو بوده است. با وجود ارزیابی استراتژی‌های کنترلی به‌صورت غیر مکانی، در این بین پیش‌بینی تأثیر واکسیناسیون با استفاده از شبیه‌سازی به‌صورت مکانی به ندرت انجام شده‌است. هدف اصلی این تحقیق ایجاد یک محیط شبیه‌سازی انعطاف‌پذیر مکانی-زمانی انتشار بیماری کرونا و بررسی قابلیت استفاده از سیستم شبیه‌سازی شده برای تعیین تأثیر واکسیناسیون در تعداد تلفات و نحوه‌ی گسترش بیماری در شهر ارومیه می‌باشد. در مطالعه‌ی کنونی، مدلسازی عامل‌مبنای گسترش بیماری کووید-19 در شهر ارومیه با طراحی جزئی‌تر حرکت و تعامل عامل‌ها

پیاده‌سازی شده و تأثیر واکسیناسیون جمعیت در مبتلایان و مرگ‌ومیرهای نهایی مطابق برنامه‌ی واکسیناسیون اجرا شده مورد بررسی قرار می‌گیرد.

2- منطقه‌ی مطالعاتی

در این پژوهش، شهر ارومیه که یکی از کلان‌شهرهای ایران و مرکز استان آذربایجان غربی است، باتوجه به در دسترس بودن داده‌های افراد مبتلا به بیماری کووید-19 و شیوع بالاتر این بیماری نسبت به ایران، به‌عنوان منطقه‌ی مطالعاتی در نظر گرفته شده‌است. این شهر طبق سرشماری سال 1395 با 736,224 نفر دهمین شهر پرجمعیت ایران است که در موقعیت جغرافیایی 45 درجه و 4 دقیقه‌ی طول شرقی و 37 درجه و 32 دقیقه‌ی عرض شمالی قرار گرفته است (شکل 1). ارتفاع مرکز شهر نسبت به دریای آزاد 1350 متر است و این شهر یکی از شهرهای ییلاقی و سردسیر ایران شناخته شده‌است. ارومیه به‌عنوان نخستین شهر دارای بیمارستان به شیوه‌ی نوین و دارای نخستین مرکز آموزش پزشکی شناخته می‌شود.

همه‌گیری کووید-19 در کشور ایران در تاریخ 30 بهمن 1398 تأیید شد [28]. از زمان شروع بیماری تا تاریخ 7 مرداد 1399، میزان شیوع بیماری در ایران، مطابق آمار رسمی 5/31 نفر در هزار نفر و در شهر ارومیه 5/55 نفر در هزار نفر بوده؛ که نشان از بالا بودن شیوع بیماری کووید-19 در شهر ارومیه نسبت به متوسط ایران در زمان شروع همه‌گیری، است. در زمان پیاده‌سازی این تحقیق (تاریخ 25 شهریور 1401) تعداد افراد مبتلا به این بیماری در کشور ایران 7540962 نفر، تعداد فوتی 144243 نفر می‌باشد و حدود 150 میلیون دوز واکسن تزریق شده‌است [3].

3- مواد و روش‌ها

روندنمای روش پیشنهادی جهت مدلسازی مکانی-زمانی انتشار بیماری کووید-19 در این پژوهش، در شکل 2 قابل‌مشاهده است. روش پیشنهادی سه گام اصلی را شامل می‌شود: (1) انتخاب و آماده‌سازی داده‌های مورد استفاده، (2) مدلسازی عامل‌مبنای انتشار بیماری، (3)

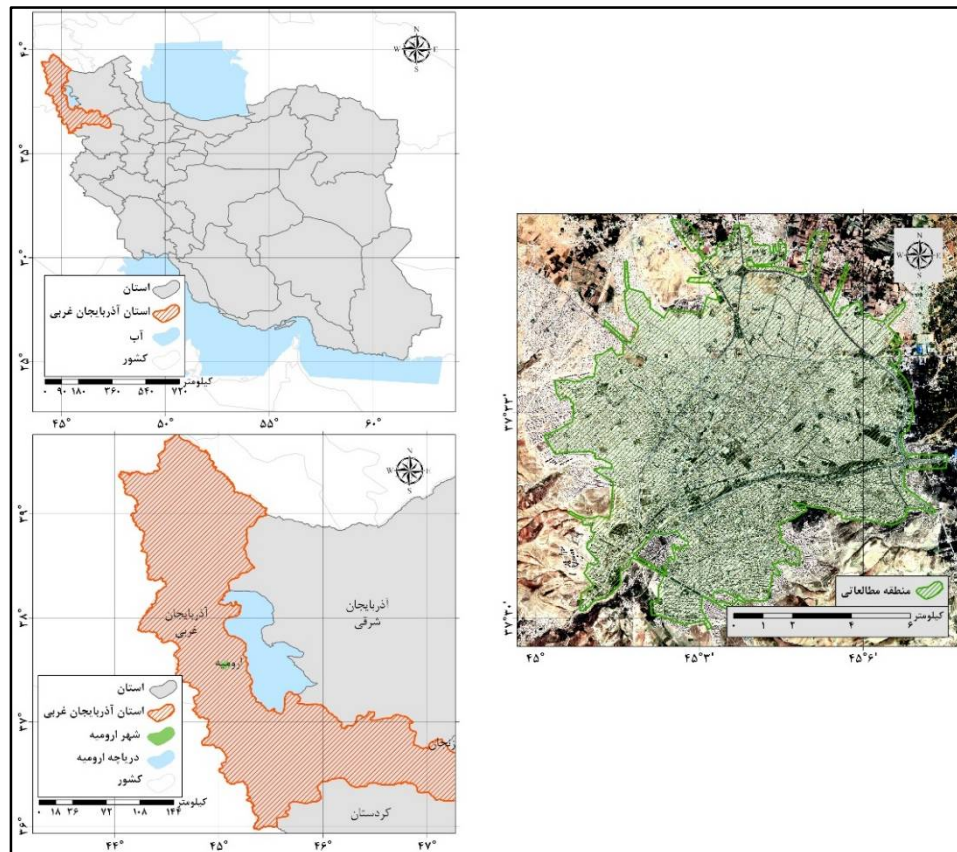
1 Normalized Difference Vegetation Index

ارزیابی مدل و بررسی نتایج. در ادامه هر یک از این گام‌ها به تفصیل بیان می‌شود.

3-1- انتخاب و آماده‌سازی داده‌های مورد استفاده

از آنجایی که انتشار بیماری‌های همه‌گیر به تعامل و حرکت افراد و خصوصیات جمعیتی آن‌ها وابسته است، لذا به اقتباس

از مطالعات رجبی و همکاران (2016) و قراخانو و هوشنگی (2020) داده‌های مربوط به تراکم و توزیع جمعیت و همچنین کاربری اراضی جمع‌آوری شد. همچنین، به منظور ارزیابی مدل پیشنهادی لازم است تا مقایسه‌ی نتایج آن با داده‌های واقعی بیماری صورت پذیرد؛ بنابراین، داده‌های مبتلایان روزانه‌ی بیماری شهر ارومیه نیز تهیه گردید. داده‌های مذکور در ادامه تشریح شده‌اند.



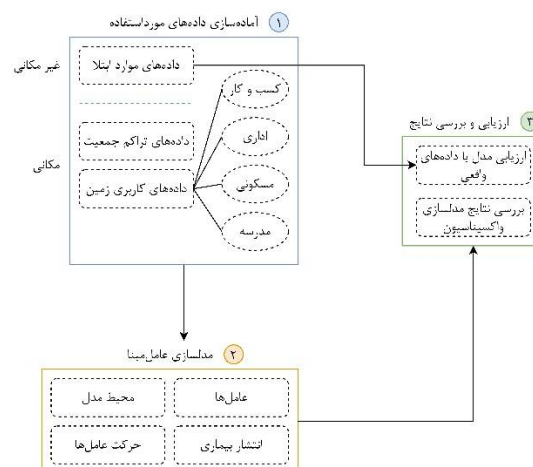
شکل 1- موقعیت شهر ارومیه واقع در استان آذربایجان غربی (منطقه‌ی مورد مطالعه)

- **داده‌های جمعیتی:** اطلاعات جمعیتی عامل‌ها در رفتار آن‌ها و همچنین تأثیر بیماری بر آن‌ها مؤثر است؛ برای مثال احتمال مرگ کودکان بر اثر بیماری نسبت به بزرگسالان کمتر می‌باشد؛ بنابراین، داده‌های جمعیتی مربوط به توزیع سن، جنسیت (جدول 1) و شغل (جدول 2) عامل‌ها در این مطالعه لحاظ شده‌است. این داده‌ها بر اساس اطلاعات آماری مرکز آمار ایران و از درگاه ملی آمار اخذ شد [29]. داده‌های توزیع سنی افراد به اقتباس از مطالعه‌ی قراخانو و هوشنگی (2020) در چهار کلاس آماده گردید.

- **داده‌های تراکم جمعیت:** پدیده‌ی انتشار بیماری به حرکت و تعامل افراد و در نتیجه موقعیت آن‌ها وابسته است؛ لذا داده‌های تراکم جمعیت برای توزیع مناسب افراد (عامل‌ها) و محل اولیه‌ی آن‌ها مورد نیاز می‌باشد (شکل 3-الف). داده‌های تراکم جمعیت شهر ارومیه از تحقیق مهدی محمدی سرین دیزج و علی خواجه مختاری (2019) استخراج شد [30].

- **داده‌های موارد ابتلا به بیماری در هر روز:** این داده‌ها جهت ارزیابی صحت نتایج مدلسازی و همچنین مقایسه‌ی نتایج نهایی مورد استفاده قرار گرفته و از طریق دانشگاه علوم

پزشکی ارومیه برای مدت 140 روز از اولین مورد ابتلا به بیماری تهیه شده‌است [31]. در این داده‌ها، تعداد نفرات مبتلایان روزانه به بیماری ثبت شده‌است که نتایج روزانه حاصل از شبه‌سازی با آن‌ها مقایسه می‌شود. این داده‌ها مربوط به افرادی است که به بیمارستان‌ها مراجعه نموده‌اند؛ لذا ممکن است افرادی به بیماری مبتلا شده باشند و به بیمارستان مراجعه نکرده باشند که طبیعتاً در داده‌ها لحاظ نشده‌اند.



شکل 2- روندنمای روش پیشنهادی

- داده‌های کاربری زمین: این داده‌ها جهت مدلسازی دقیق‌تر حرکت و تعامل افراد (عامل‌ها) جمع‌آوری شده‌است. محل زندگی و کار عامل‌ها با استفاده از این داده‌ها و توزیع تصادفی عامل‌ها در آن‌ها با توجه به تراکم جمعیتی مناطق مختلف شهر تعیین شده‌است

(شکل 3-ب). عامل‌ها در مناطق مسکونی محلی برای زندگی دارند و همچنین عاملان شاغل نیز در روزهای کاری به محل کار خود که می‌تواند کسب و کار شخصی، دولتی و مدرسه باشد می‌روند.

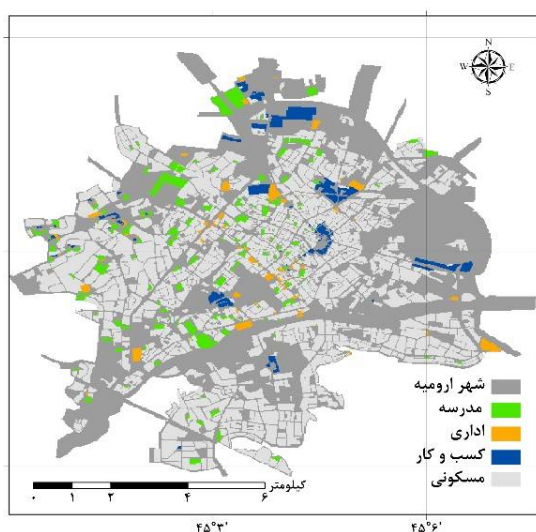
جدول 1- توزیع سنی و جنسیتی شهر ارومیه

سن	جنسیت	
	مرد	زن
کمتر از 5	5/52%	5/15%
5 تا 24	14/87%	14/40%
25 تا 64	27/65%	26/90%
64 به بالا	2/63%	2/87%
کل	50/67%	49/32%

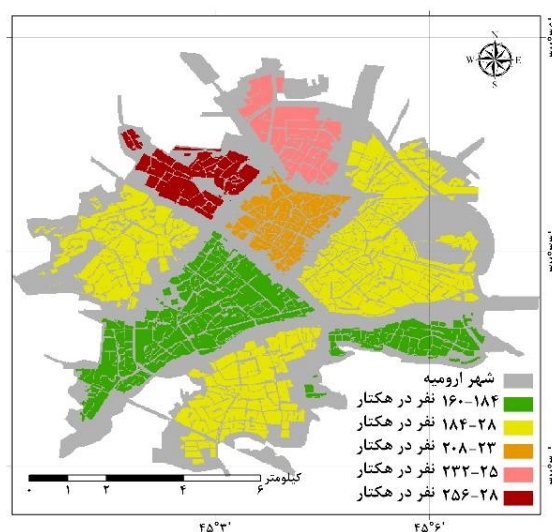
جدول 2- توزیع شغلی جمعیت شهر ارومیه

شغل	جنسیت	
	مرد	زن
دانش‌آموز/دانشجو	18/2%	16/8%
کارمند دولت	5/7%	3/2%
کسب‌وکار شخصی	49/2%	49/2%
کل	73/1%	69/2%

* باقی مردان و زنان بدون شغل هستند.
 * طبق داده‌های موجود، 30% کارمندان دولت (چه مرد و چه زن) به‌عنوان کارکنان مدارس و دانشگاه‌ها در نظر گرفته شدند.



(ب)



(الف)

شکل 3- الف) نقشه‌ی تراکم جمعیتی، ب) نقشه‌ی کاربری زمین

داده‌های کاربری زمین در شهر ارومیه از شهرداری شهر دریافت شد. در ادامه داده‌ها در محیط سامانه‌ی اطلاعات مکانی پیش‌پردازش شده و نقشه‌ی مناطق با کاربری‌های مسکونی، مدارس، ادارات و کسب‌وکارها به روش آزمون و خطا با اندازه‌ی پیکسل 10 متری در محیط سامانه‌ی اطلاعات مکانی آماده گردید.

3-2- مدل عامل‌مبنای پیشنهادی

سیستم‌های پیچیده سامانه‌هایی هستند که رفتار کلی آن‌ها نتیجه‌ی رفتار و تعامل اجزای آن‌ها است. مدلسازی عامل‌مبنا رویه‌ای از جزء به کل دارد؛ لذا با در نظر گرفتن عامل‌ها (افراد) و تعامل آن‌ها به عنوان اجزای سیستم، برای بررسی رفتار سامانه‌های پیچیده مناسب است [29]. در انتشار بیماری‌های همه‌گیر نیز، افراد به عنوان اجزای سیستم، با تعامل خود با یکدیگر بیماری را انتقال می‌دهند. دو جزء اصلی یک مدل عامل‌مبنا محیط و عامل‌ها می‌باشند. عامل‌ها با یکدیگر و محیط می‌توانند تعامل داشته باشند. عامل‌های طراحی‌شده در این تحقیق، به اقتباس از سایر مطالعات مشابه، اقدامات خود را تنها بر اساس مشاهدات و وضعیت کنونی انتخاب می‌نمایند و به محیط خود و یا سایر عامل‌ها واکنش نشان می‌دهند و تاریخچه‌ی ادراکی را در نظر نمی‌گیرند؛ بنابراین، عامل‌های طراحی‌شده در مدل پیشنهادی از نوع واکنشی می‌باشند. در ادامه خصوصیات مدل عامل‌مبنای پیشنهادی تشریح می‌شود.

3-2-1- محیط مدل عامل‌مبنا

محیط مدلسازی عامل‌مبنا می‌تواند پویا و یا ثابت باشد. در مدل پیشنهاد شده، محیط مدل ایستا است؛ در نتیجه، در طول شبیه‌سازی محیط تغییری نمی‌کند. در برخی از مطالعات، محیط پویا است و آلودگی محیط نیز می‌تواند منجر به انتقال بیماری شود [24] ولی در این پژوهش به علت مقیاس کوچک مکانی آن آلودگی محیط در نظر گرفته نشده‌است. محیط مدلسازی، شهر ارومیه در نظر گرفته شده و عامل‌ها در این محیط حضور دارند. از داده‌های مکانی بخش 3-1 برای ایجاد محیط استفاده شده‌است. عامل‌های مدل دارای شغل و محل زندگی می‌باشند که حرکت آن‌ها بین این دو محل صورت

می‌پذیرد؛ بنابراین، داده‌های مربوط به کاربری زمین جهت مشخص نمودن مسیر حرکت عامل‌ها بین محل زندگی و محل کار که در پخش بیماری تأثیر مهمی دارد، مورد استفاده قرار می‌گیرند؛ همچنین، انتشار بیماری به تراکم جمعیت و نحوه‌ی توزیع عامل‌ها نیز بستگی دارد که داده‌های تراکم جمعیتی به منظور توزیع مناسب و مطابق واقعیت جمعیت عامل‌ها وارد مدل شده‌اند و توزیع عامل‌ها مطابق این داده‌ها صورت گرفته‌است. بنابراین، داده‌های مذکور، محیط مدلسازی را تشکیل می‌دهند و هر پیکسل از این محیط خصوصیات این داده‌ها را اختیار می‌کند.

3-2-2- مشخصات عامل‌ها

باتوجه به این که انتقال بیماری کووید-19 از طریق ارتباط مستقیم افراد صورت می‌پذیرد، بنابراین تنها عامل انسانی جهت مدلسازی در نظر گرفته شده‌است. اگرچه این بیماری از طریق محیط نیز انتقال می‌یابد، ولی باتوجه به مقیاس مدلسازی، تأثیر محیط در انتشار بیماری در نظر گرفته نشده‌است. عامل‌ها می‌توانند در محیط حرکت کنند و با محیط و یکدیگر تعامل دارند و بیماری از این طریق انتشار می‌یابد. عامل‌ها دارای خصوصیات هستند که این خصوصیات در رفتار آن‌ها تأثیر دارد. برای هر عامل جنسیت در نظر گرفته شده‌است. سن عامل‌ها در احتمال مرگ و میر آن‌ها تأثیر دارد؛ عامل‌هایی که سن آن‌ها بالا است دارای احتمال مرگ بیشتری می‌باشند. همچنین واکسیناسیون مطابق برنامه‌ی واکسیناسیون ایران از مسن‌ترین افراد آغاز می‌شود. دوره‌ی نهفتگی و بهبودی بیماری برای هر عامل متفاوت است. عامل‌ها همگی دارای محل زندگی هستند و محل زندگی آن‌ها نیز می‌تواند با چندین عامل مشترک باشد. برخی از آن‌ها دارای محل کار و مدرسه هستند و شغل آن‌ها می‌تواند دانش‌آموز، کارمند اداری و دارای کسب‌وکار شخصی باشد. هر عامل مقدار R_0 مخصوص خود را دارد که این عدد متوسط تعداد افرادی را که یک فرد مبتلا می‌تواند آلوده کند، مشخص می‌کند. برای هر یک متناسب با سن آن احتمال مرگ از طریق بیماری در نظر گرفته شده و هر یک باتوجه به مقدار R_0 خود می‌توانند افراد دیگر را مبتلا نمایند. همچنین، وضعیت بیماری آن‌ها می‌تواند یکی از حالات مدل $SEIRD^1$ باشد که در بخش 3-2-4 تشریح شده‌است.

1 Susceptible-Exposed-Infected-Recovered-Dead

مطابق پژوهش قراخلو و هوشنگی (2020)، از لحاظ زمانی، هر 15 دقیقه یک تکرار زمانی در نظر گرفته شده‌است و مدلسازی صورت گرفته، باتوجه به داده‌های بیماری موجود که برای 140 روز جمع‌آوری شدند، از شبیه‌سازی 140 شبانه‌روز پشتیبانی می‌نماید. جمعیت عامل‌ها مطابق سرشماری سال 1395 برابر با 736224 نفر می‌باشد که به‌منظور سهولت پردازش، هر عامل نماینده‌ی 50 نفر است؛ هرچه تعداد نفراتی که یک عامل نماینده‌ی آن‌ها است کمتر باشد، مدل به واقعیت نزدیک‌تر است. توزیع سنی و جنسیتی عامل‌ها مطابق آمار منابع انسانی شهر ارومیه در نظر گرفته شده‌است (بخش 3-1). توزیع محل زندگی عامل‌ها، تعداد افرادی که در هر خانه زندگی می‌کنند و در نهایت جمعیت عامل‌ها مطابق داده‌های تراکم جمعیتی این شهر (بخش 3-1) می‌باشد.

3-2-3- حرکت عامل‌ها

حرکت عامل‌ها موجب تعامل عامل‌ها با یکدیگر در موقعیت‌های مختلف مانند محل کار و یا حتی مسیر حرکت آن‌ها می‌شود؛ بنابراین، از این طریق، امکان انتشار بیماری به عامل‌های دیگر توسط یک عامل وجود دارد. با لحاظ این که پیچیده‌تر نمودن مدل حرکت عامل‌ها هزینه‌ی محاسباتی به اجرای مدل تحمیل می‌کند، در این مطالعه به اقتباس از Rodriguez و همکاران (2022) از مدل حرکت تصادفی آنان و حرکت مستقیم استفاده شده‌است [5]. عامل‌های شاغل و دانش‌آموز پیاده در روزهای کاری و در ساعت 7 صبح و با سرعت معینی از محل زندگی خود خارج شده و به سمت محل کار و یا مدرسه می‌روند و تمامی عامل‌ها در ساعت 9 صبح به محل کار خود می‌رسند؛ آنگاه، پس از اتمام کار در ساعت 16 به خانه باز می‌گردند و تا ساعت 18 عصر همگی به محل زندگی خود می‌رسند؛ مسیر آن‌ها بین این دو محل خطی راست است و عامل‌ها در طول این مسیر، به‌صورت تصادفی مقداری منحرف می‌شوند تا حرکت آن‌ها با واقعیت تطابق بیشتری داشته باشد. سرعت حرکت عامل‌های پیاده به صورتی در نظر گرفته شده تا تمامی عامل‌ها در مدت‌زمان 2 ساعت از خانه به محل کار خود برسند. پس از بازگشت به خانه، در بین ساعات 18 تا 21، در فاصله‌ی تقریبی 300 متری که به شکل تصادفی تعیین می‌گردد، از محل زندگی خود به‌منظور گذراندن اوقات فراغت، خرید و تفریح به‌صورت تصادفی حرکت نموده و سپس به خانه باز می‌گردند. در

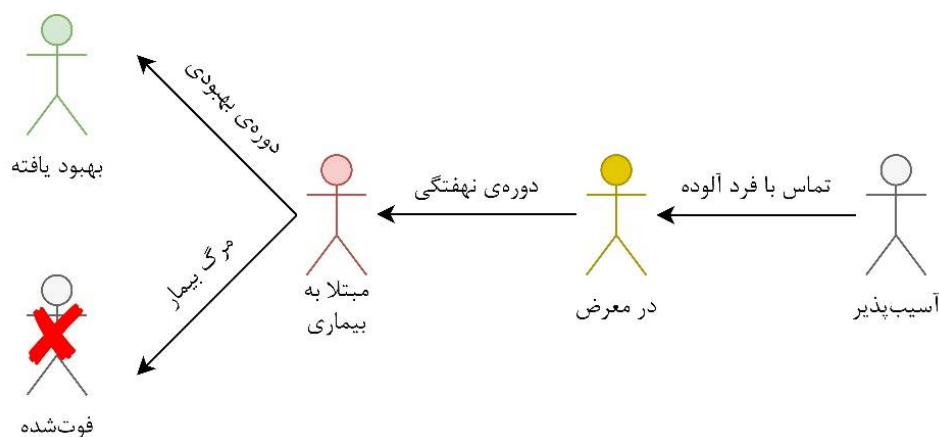
روزهای تعطیل حرکت تصادفی مذکور در اوقات فراغت جایگزین حرکت به سمت محل کار می‌شود؛ بنابراین، افراد هنگامی که در خانه هستند، زمانی که سر کار هستند، زمانی که در مسیر بین محل کار و محل زندگی هستند و حتی در زمان گذراندن اوقات فراغت خود امکان انتقال بیماری را دارند. برخی از عامل‌ها با ماشین شخصی خود جابه‌جا می‌شوند که برای این دسته از عامل‌ها احتمال مبتلا شدن به بیماری در مسیر بین محل کار و زندگی وجود ندارد؛ بنابراین، نیازی به لحاظ کردن حرکت آن‌ها نیست و موقعیت آن‌ها مستقیماً به موقعیت مقصد تغییر می‌کند. سرعت حرکت عامل‌های پیاده که از حمل‌ونقل عمومی استفاده کرده و یا پیاده به محل کار خود می‌روند، 2 کیلومتر در 15 دقیقه در نظر گرفته شده‌است و این سرعت در مدل قابل تغییر می‌باشد. از سفر عامل‌ها به خارج از شهر و همچنین ورود عامل‌های جدید صرف‌نظر شده‌است.

4-2-3- انتشار بیماری

مدلسازی انجام‌شده در نرم‌افزار NetLogo 6.2.2 انجام شده‌است؛ زیرا مدلسازی عامل‌مبنای پدیده‌ها در این محیط ساده است و همچنین این محیط قابلیت مقیاس‌پذیری و قدرت محاسباتی بالایی دارد [30]. برای مدلسازی انتشار بیماری از مدل SEIRD استفاده شده‌است. بر مبنای این مدل، هر یک از عامل‌های انسانی می‌تواند دارای حالات «آسیب‌پذیر»، «در معرض بیماری»، «مبتلا به بیماری»، «بهبود یافته» و «فوت شده» باشد (شکل 4) [31]. هرگاه افراد آسیب‌پذیر در فاصله‌ی معینی از عامل‌های بیمار یا در معرض بیماری قرار گیرند، چه در هنگام کار و یا چه در محل زندگی خود باشند، با احتمال معینی بیماری به آن‌ها منتقل می‌شود. بنابراین، حالت آن‌ها به در معرض بیماری بودن تغییر می‌یابد. در این حالت، بیماری از عامل به باقی عامل‌ها انتشار پیدا نمی‌کند و پس از گذشت دوره‌ی نهفتگی بیماری که برای هر عامل می‌تواند متفاوت باشد، نشانه‌های بیماری ظاهر گشته و حالت فرد به آلوده (مبتلا به بیماری) تغییر پیدا می‌کند. در حالت مبتلا، عامل می‌تواند بیماری را به سایر عامل‌ها منتقل کند و در این حالت عامل ممکن است با احتمال مشخصی فوت کند و یا در طول دوره‌ی بهبودی خود سالم مانده و حالت وی به عامل بهبود یافته تغییر نماید. با توجه به دوره‌ی نسبتاً کوتاه شبیه‌سازی (140 روز) عامل‌های

بهبود یافته به حالت آسیب‌پذیر خود باز نمی‌گردند. در طول شبیه‌سازی، به‌منظور تطابق مدل با واقعیت، روزهای تعطیل

و تعطیلی ادارات و مدارس مطابق تاریخ‌های واقعی در نظر گرفته شده‌است.



شکل 4- مدل SEIRD مورد استفاده [5]

برنامه‌ی روزانه‌ی عامل‌ها در روزهای تعطیل و روزهای کاری نیز متفاوت است. برنامه‌ی واکسیناسیون با نرخ مشخص و قابل‌تغییری از مسن‌ترین گروه سنی آغاز می‌شود. در حین انتقال بیماری واکسیناسیون افراد نیز انجام می‌شود. با انجام واکسیناسیون، احتمال ابتلای اشخاص به بیماری مطابق واقعیت کاهش پیدا می‌کند و همچنین بررسی نتایج مداخلات کنترل‌کننده‌ی دیگر بیماری در مدل امکان‌پذیر است. احتمال ابتلای افراد واکسینه شده بین $4/5$ تا 6 برابر نسبت به حالت عادی کاهش می‌یابد و همچنین احتمال فوت عامل‌های واکسینه شده نیز 10 برابر ضعیف‌تر می‌شود [5]. پارامترهای مربوط به انتشار بیماری در جدول 3 قابل‌مشاهده می‌باشند. مطابق این جدول، پارامترهای انتشار بیماری با استفاده از توزیع یکنواخت و توزیع نرمال (دارای میانگین و انحراف از معیار) تعیین می‌شوند. تاریخ شروع شبیه‌سازی 6 اسفند سال 1398 در نظر گرفته شده‌است. بیماری کووید-19 ابتدا از چین و از طریق قم وارد ایران شد؛ سپس، فردی این بیماری را از قم به شهر ارومیه منتقل نمود [36]. در تاریخ 8 اسفند سال 1398 اولین مورد ابتلا به بیماری کووید-19 در شهر ارومیه ثبت شد.

در تاریخ 21 اسفند سال 1398، 51 مورد ابتلا به این بیماری در این شهر ثبت شده‌است. بنابراین، شروع مدل‌سازی با یک عامل آلوده به بیماری آغاز می‌شود. همچنین، مدارس و مراکز آموزشی توسط دولت از یک هفته قبل از تشخیص اولین مورد تعطیل شدند؛ در نتیجه، عامل‌های دانش‌آموز و دانشجو در طول شبیه‌سازی به

محل تحصیل خود نرفته و در محل زندگی خود باقی می‌مانند. همچنین، براساس اطلاعات آماری مرکز آمار ایران فرض شده‌است که 30 درصد کارمندان دولت که در مراکز آموزشی کار می‌کنند تعطیل و در خانه می‌باشند (بخش 3-1).

3-3- نحوه‌ی ارزیابی مدل

ارزیابی مدل مشخص می‌کند که مدل‌سازی انجام‌شده چه تطابقی با واقعیت داشته و دارای چه دقتی می‌باشد. در حال حاضر روش استاندارد برای ساخت مدل‌های عامل‌مبنا وجود ندارد [5]؛ بنابراین، ارزیابی این مدل‌ها در مطالعات مختلف به شکل‌های گوناگونی انجام شده‌است. پذیرفته‌ترین روش برای ارزیابی کارایی روش‌های عامل‌مبنا مقایسه کردن نتایج مدل‌سازی با داده‌های واقعی است. در روش‌های مدل‌سازی عامل‌مبنای بیماری تعاملات گوناگون میان افراد مدل‌سازی می‌گردد؛ به همین دلیل، اخذ داده‌های بیماری از طریق آزمایشات عملی دشوار و گاهی نیز غیرممکن است [5]. بنابراین مدل‌سازی انجام‌شده باید توسط داده‌های موجود ارزیابی گردد. از طرفی، در یک پدیده‌ی پیچیده (مانند انتشار بیماری کووید-19) عواملی ناشناخته و بعضاً پدیده‌های تصادفی دخیل هستند که در مدل‌سازی به صورت مستقیم لحاظ نمی‌شوند؛ بلکه برای مدل‌سازی آن‌ها از مقادیر تصادفی و احتمالات (مانند پارامترهای جدول 3) استفاده می‌شود و این کار در نتایج نهایی تاثیرگذار می‌باشد.

جدول 3- پارامترهای مدل پیشنهادی

پارامتر	مقدار	میانگین	انحراف از معیار	مرجع
احتمال انتقال بیماری به افراد واکسینه شده	17-22%	-	-	[5]
نرخ مرگومیر بر اساس سن	5 سال به پایین	0%	-	[4]
	5 تا 24 سال	0-0/2%	-	
	24 تا 64 سال	0/2-3/6%	-	
	بالای 64 سال	3/6-14/8%	-	
دوره‌ی نهفتگی بیماری	2 تا 14 روز	8	2	[4]
دوره‌ی بهبودی از بیماری	14 تا 28 روز	21	2/625	[32]
R0	2/06 تا 2/52 نفر	2/29	0/716	[33]
اندازه‌ی سلول‌های محیط	10 متر	-	-	تخمین نویسنده
تیک‌های زمانی	15 دقیقه	-	-	تخمین نویسنده
سرعت عامل‌های بدون خودرو	8 کیلومتر در ساعت	-	-	تخمین نویسنده
فاصله‌ی انتقال بیماری	6 متر	-	-	تخمین نویسنده
نرخ واکسیناسیون افراد	0/13% افراد در هر روز	-	-	[3]
جمعیت عامل‌های دارای خودروی شخصی	63%	-	-	[34]
تعداد روزهای شبیه‌سازی	140 روز	-	-	تخمین نویسنده
تاریخ شروع مدلسازی	6 اسفند 1398	-	-	[35]
تعداد افراد معادل یک عامل	50 نفر	-	-	تخمین نویسنده
درصد کارمندان آموزش و پرورش	30%	-	-	[4]

$$NRMSE = \frac{RMSE}{x_{max} - x_{min}} \quad (2)$$

در رابطه‌ی 1، x_i مقادیر شبیه‌سازی، $\hat{x}_i$ مقادیر داده‌های واقعی و n تعداد روزهای شبیه‌سازی می‌باشد. در رابطه‌ی 2، x_{max} و x_{min} به ترتیب بیشینه و کمینه‌ی مقادیر مشاهده‌شده را نمایش می‌دهند.

$$MAPE = \frac{100}{n} \sum_{i=1}^n \left| \frac{da_i - P_i}{da_i} \right| \quad (3)$$

در رابطه‌ی 3، da_i مقادیر واقعی، P_i مقادیر شبیه‌سازی و n تعداد روزهای شبیه‌سازی را نشان می‌دهد. رابطه‌ی 1 جهت بررسی خطا به صورت مطلق و روابط 2 و 3 برای بررسی خطای نسبی مورد استفاده قرار گرفته‌است. به

در نتیجه، به منظور کاهش اثر این مقادیر تصادفی، شبیه‌سازی باید چندین مرتبه تکرار گردد. به همین منظور، در این پژوهش از داده‌های بیماری شهر ارومیه جهت بررسی دقت مدلسازی استفاده شده‌است و شبیه‌سازی انجام‌شده چندین مرتبه تکرار گردیده‌است. در هر روز شبیه‌سازی نیز تعداد مبتلایان محاسبه می‌شود. لذا، با مقایسه‌ی داده‌های واقعی و داده‌های حاصل از شبیه‌سازی می‌توان صحت عملکرد مدل را بررسی نمود. به منظور ارزیابی مدل از خطای جذر میانگین مربعات¹ (RMSE) و مقدار نرمال‌شده‌ی آن و میانگین درصد خطای مطلق² (MAPE) استفاده شده‌است. روابط 1، 2 و 3 نحوه‌ی محاسبه‌ی این سه شاخص را نشان می‌دهند.

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \hat{x}_i)^2} \quad (1)$$

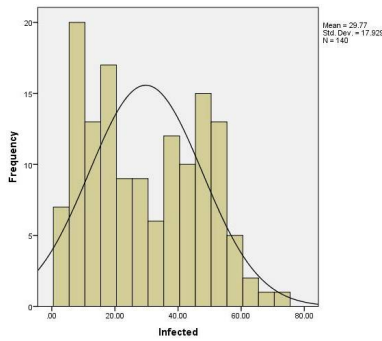
2 Mean Absolute Percentage Error

1 Root-mean-square deviation

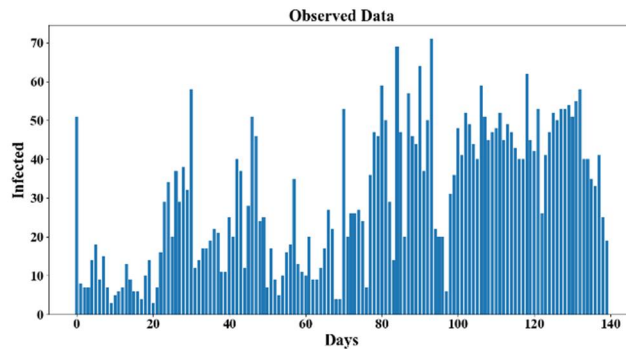
منظور ارزیابی میزان شباهت نتایج مدل با داده‌های واقعی از رابطه‌ی 4 استفاده شده‌است.

$$Similarity = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n |x_i - \hat{x}_i|}{\sum_{i=1}^n \hat{x}_i} \quad (4)$$

در رابطه‌ی 4، x_i مقادیر شبیه‌سازی، $\hat{x}_i$ مقادیر داده‌های واقعی و n تعداد روزهای شبیه‌سازی می‌باشد؛ هرچه اختلاف بین نتایج شبیه‌سازی و واقعیت بیشتر باشد، شباهت محاسبه‌شده کمتر است.

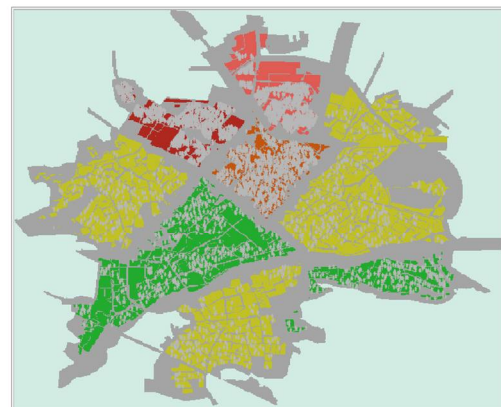
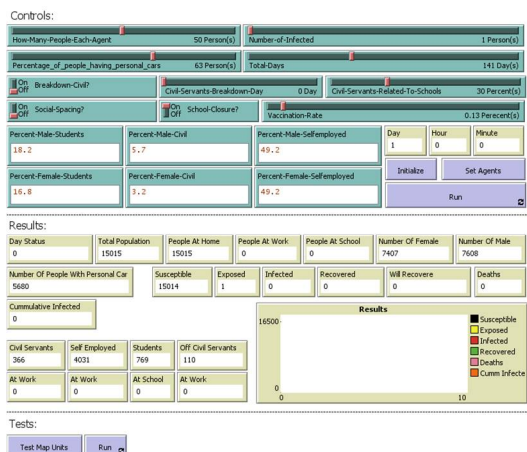


(ب)



(الف)

شکل 5) بررسی داده‌های گسترش بیمار در 140 روز: الف) روند داده‌ها، ب) توزیع داده‌ها



شکل 6- رابط کاربری مدل توسعه داده‌شده

4- نتایج و بحث

در این بخش ابتدا خروجی‌های شبیه‌سازی تشریح شده و سپس ارزیابی مدل با داده‌های واقعی انجام می‌شود. در نهایت، تأثیر اجرای برنامه‌ی واکسیناسیون در نتایج نهایی مورد بررسی قرار می‌گیرد.

4-1- خروجی‌های مدل

داده‌های روزانه‌ی مبتلایان به بیماری در طول 140 روز نوسانات بسیار زیادی دارد (شکل 5-الف)؛ بیشترین

تعداد مبتلایان ثبت‌شده‌ی روزانه در این دوره 71 نفر (در تاریخ 24 خرداد 1399) بوده‌است و کمترین آن 3 نفر (در تاریخ 1 فروردین 1399) بوده‌است. در هر روز 30 نفر به طور متوسط به بیماری مبتلا شده‌اند. در شکل 5-الف مشاهده می‌شود که در ابتدای همه‌گیری نرخ ابتلای افراد پایین و نوسان¹ بالا بوده‌است. پس از اواسط این دوره، نرخ ابتلای افراد افزایش پیدا کرده و به ثباتی نسبی می‌رسد. توزیع فراوانی داده‌ها بر اساس شکل 5-ب می‌باشد. به‌منظور بررسی توزیع داده‌های بیماری، با استفاده از آزمون شاپیرو-ویلک که روشی برای بررسی نرمال بودن

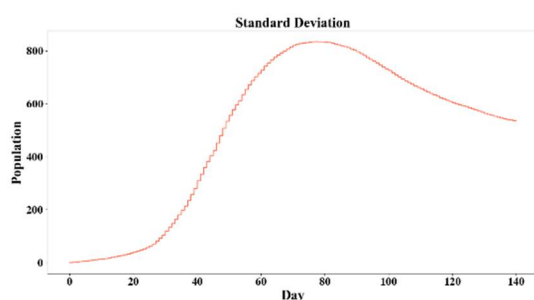
1 Fluctuation

توزیع داده‌ها است، مقدار احتمال معنی‌داری¹ صفر حاصل شد و مشخص شد که داده‌های بیماری از توزیع نرمال پیروی نمی‌کنند. باتوجه به زمان و تعداد عامل‌های در نظر گرفته شده، هر اجرای شبیه‌سازی حدود 20 دقیقه به طول می‌انجامد. خروجی‌های مدل نهایی شامل تعداد عامل‌های با حالات مختلف مدل SEIRD، یعنی عامل‌های آسیب‌پذیر، در معرض بیماری، بیمار، بهبودیافته و فوت‌شده در هر فاصله زمانی می‌باشد. شکل 6 رابط کاربری مدل توسعه داده‌شده را در نرم‌افزار NetLogo 6.2.2 نمایش می‌دهد. پارامترهای در نظر گرفته‌شده برای مدل‌سازی در شکل 6 قابل‌مشاهده هستند؛ تمامی این پارامترها مانند تعداد عامل‌ها، تعداد عامل‌های بیمار در شروع شبیه‌سازی، درصد عامل‌های دارای خودروی شخصی، تعداد روزهای شبیه‌سازی، تعطیلی مدارس و ادارات، توزیع جمعیت از لحاظ شغل، سن و جمعیت، نرخ واکسیناسیون عامل‌ها و حتی پارامترهای مربوط به انتشار بیماری قابل تغییر هستند. لازم به ذکر است که با توجه به تصادفی بودن ماهیت برخی از پارامترها (مانند محل زندگی و شغل افراد که به شکل تصادفی انتخاب می‌شود)، به‌منظور استقلال مناسب نتایج از شرایط اولیه و اثر پارامترهای تصادفی در آن‌ها، شبیه‌سازی باید چندین مرتبه تکرار گردد. در این تحقیق، به اقتباس از مطالعه‌ی قراخلو و هوشنگی (2020)، 100 مرتبه شبیه‌سازی انجام‌شده تکرار شد.

2-4- ارزیابی مدل

شکل 7 نتایج مدل‌سازی به همراه داده‌های واقعی بیماری شهر ارومیه را نشان می‌دهد. نمودار آبی‌رنگ میانگین 100 اجرای شبیه‌سازی و نمودارهای قرمز و سبز به ترتیب بیشترین و کمترین مقادیر ثبت‌شده در این 100 اجرا را نمایش می‌دهند. نموداری که به شکل خط‌چین ترسیم شده‌است، داده‌های واقعی جمع‌آوری‌شده را نشان می‌دهد. در شکل 7-ب و 7-ج تعداد بیماران و عامل‌های فوت‌شده در هر روز شبیه‌سازی به همراه مقادیر ثبت‌شده‌ی بیشینه و کمینه در 100 اجرای شبیه‌سازی قابل‌مشاهده است. در شکل 7 مشاهده می‌شود که اختلاف بین نمودارهای بیشینه و کمینه بازه‌ی گسترده‌ای را شامل می‌شود و رنگ قرمز در میان این دو نمودار، این اختلاف را مشخص می‌کند. این اختلاف تأثیر پارامترهای

تصادفی مدل را بازتاب می‌دهد که در این شبیه‌سازی این پارامترها بسیار تأثیرگذار بوده‌اند. در این شکل مشاهده می‌شود که میانگین شبیه‌سازی‌های انجام‌شده تا روز صد و چهاردهم (که با خط عمودی قرمز مشخص شده‌است) از لحاظ بصری مشابه روند واقعی بیماری است و از این لحظه به بعد نرخ ابتلا به بیماری در شبیه‌سازی کاهش پیدا کرده و داده‌های واقعی تا بیشینه‌ی شبیه‌سازی‌های انجام‌شده پیشرفت کرده‌است. دلیل این اختلاف، می‌تواند ناشی از ابتلا و ایمن شدن مناطق پرتراکم شهر از لحاظ جمعیت در شبیه‌سازی باشد و پس از آن سرعت ابتلای افراد در شبیه‌سازی کاهش پیدا کرده‌است. همچنین، علت وجود اختلاف بین نتایج واقعی و مدل‌سازی انجام‌شده قبل از روز صد و چهاردهم می‌تواند ناشی از آن باشد که داده‌های واقعی تنها افراد مبتلای مراجعه‌کننده به بیمارستان‌ها را در نظر گرفته‌اند؛ در صورتی که در واقعیت بسیاری از افراد بیمار به بیمارستان مراجعه نکردند. خطای جذر میانگین مربعات (RMSE) محاسبه شده برای مدل‌سازی انجام‌شده، مقدار 354/78 نفر (8/62٪، مقدار نرمال شده) برای کل مدت شبیه‌سازی و 290/36 نفر (9/77٪، مقدار نرمال شده) تا روز صد و چهاردهم می‌باشد. مقدار شاخص MAPE نیز 32/86٪ محاسبه گردید.



شکل 8- انحراف معیار شبیه‌سازی‌های انجام‌شده در هر روز شبیه‌سازی برای مقادیر جمعیت آلوده‌ی تجمعی

همچنین، نرخ مبتلایان روزانه به بیماری کووید-19 در واقعیت برابر 29/40 و در میانگین شبیه‌سازی‌ها برابر مقدار 26/60 می‌باشد که اختلاف کمی دارند و شباهت محاسبه شده نیز بین نتایج شبیه‌سازی و مقادیر واقعی برابر مقدار 82/1 درصد است. شکل 8 انحراف معیار مقادیر محاسبه‌شده‌ی شبیه‌سازی‌ها در هر روز شبیه‌سازی را نمایش می‌دهد. همان‌طور که مشاهده می‌شود انحراف معیار مقادیر محاسبه

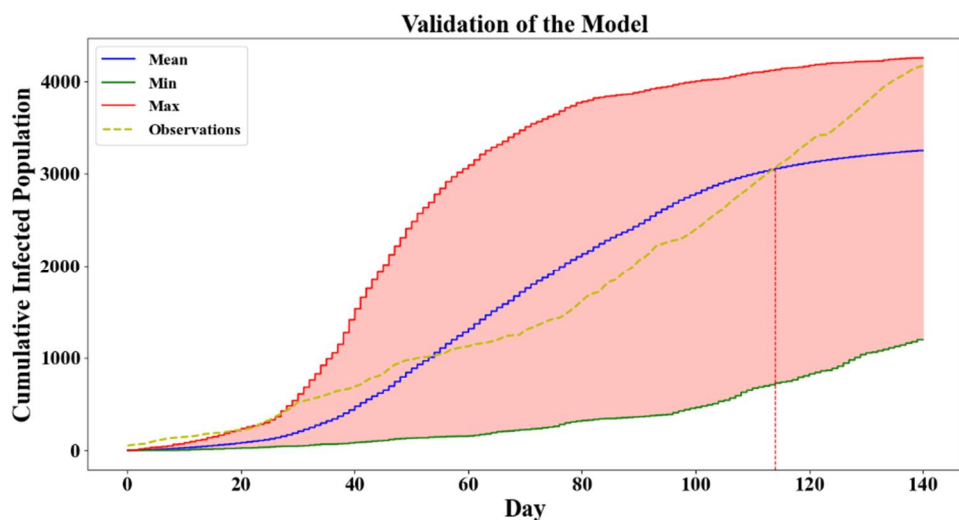
¹ p-value

شده در ابتدا زیاد شده و سپس کاهش پیدا می‌کند و تأثیر پارامترهای تصادفی نیز در نتایج نهایی به‌خوبی در این نمودار قابل مشاهده می‌باشد.

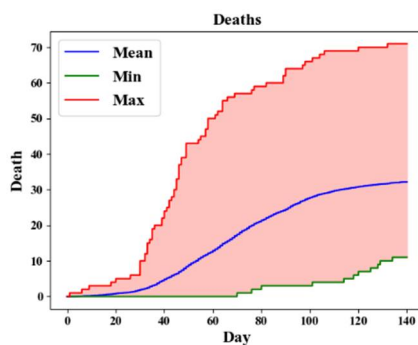
3-4- بررسی تأثیر واکسیناسیون

به‌منظور بررسی تأثیر واکسیناسیون در کنترل بیماری، پیاده‌سازی روند واکسیناسیون اجرایی در ایران مدلسازی شده است. روند واکسیناسیون عامل‌ها از مسن‌ترین عامل‌ها با نرخ $0/13\%$ جمعیت که نرخ متوسط

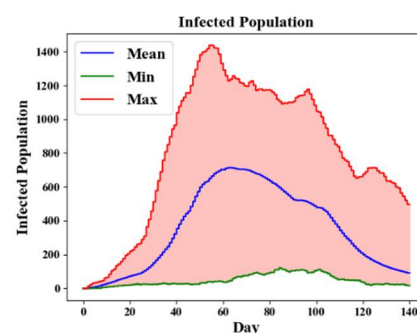
واکسیناسیون ایران از تاریخ 21 بهمن 1399 تا تاریخ 13 شهریور 1401 می‌باشد، آغاز شده و تا پایان شبیه‌سازی ادامه پیدا می‌کند. شکل 9 نمودار جمعیت تجمعی عامل‌های آلوده را نمایش می‌دهد. نتایج نشان می‌دهند که با اجرای برنامه‌ی واکسیناسیون، تعداد مبتلایان بیماری در طی 140 روز انجام واکسیناسیون، $36/12\%$ درصد کاهش پیدا می‌کند؛ بنابراین، هرچه واکسیناسیون زودتر و با سرعت بیشتری انجام شود، تعداد مبتلایان به بیماری کووید-19 با سرعت بیشتری کاهش پیدا می‌کند.



(الف)



(ج)



(ب)

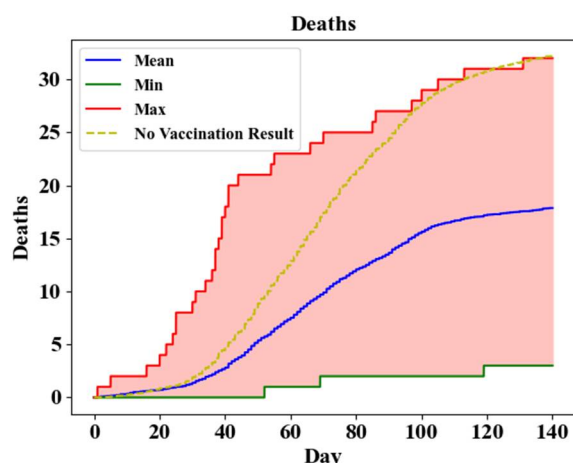
شکل 9- نمودار تعداد بیماران و مرگ و میر شبیه‌سازی: (الف) تعداد مبتلایان تجمعی، (ب) تعداد افراد فوت‌شده و (ج) تعداد افراد مبتلای روزانه

مشابهی رخ می‌دهد. با اجرای برنامه‌ی واکسیناسیون، بیشینه‌ی مبتلایان روزانه $38/22\%$ و مرگ‌ومیر افراد نیز $44/48\%$ کاهش پیدا می‌کند و این به معنای کنترل راحت‌تر بیماری و مبتلایان می‌باشد. طبق داده‌های واقعی، پس از شروع واکسیناسیون در ایران، میزان مرگ‌ومیر بیماران 27% کاهش پیدا کرده ولی نرخ مبتلایان به

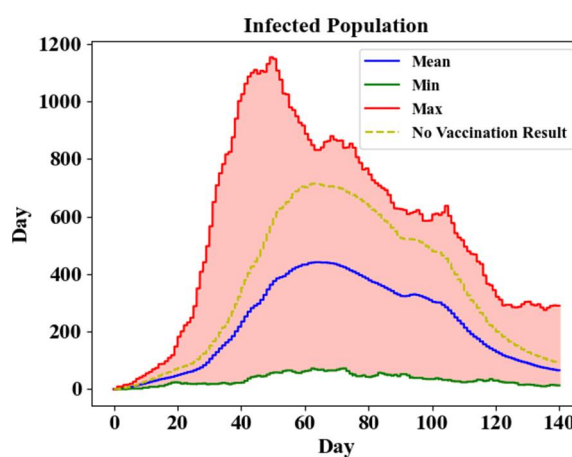
در شکل 10 نمودارهای مبتلایان و مرگ‌ومیر روزانه قابل مشاهده است. همان‌طور که در نمودار مربوط به مبتلایان روزانه مشاهده می‌شود، نرخ مبتلایان روزانه با اجرای برنامه‌ی واکسیناسیون کاهش پیدا می‌کند؛ ولی بیشینه‌ی مبتلایان روزانه چه با در نظر گرفتن واکسیناسیون و چه بدون در نظر گرفتن آن در زمان‌های

بیماری افزایش یافته است. دلیل این امر امکان ابتلای دوباره افراد به بیماری است که در شبیه‌سازی انجام شده با توجه به مدت زمان شبیه‌سازی، لحاظ نشده‌است؛ همچنین، مصونیت ایجاد شده توسط واکسن‌های مختلف متفاوت است و رعایت سیاست‌های کنترل بیماری توسط تمامی افراد جامعه صورت نمی‌گیرد. با توجه به اینکه در تحقیقات پیشین عملاً تاثیر واکسیناسیون در فرایند

مدلسازی بررسی نشده، عملاً امکان مقایسه نتایج مدل پیشنهادی با سایر مدل‌ها فراهم نشد. در تنها بررسی صورت گرفته که بدون شبیه‌سازی مکانی بوده، رودریگز و همکاران (2022) بیان کردند با واکسیناسیون 80 درصدی افراد نرخ ابتلا به بیماری به طور قابل ملاحظه‌ای کاهش پیدا می‌کند، که نتیجه‌ی این تحقیق هم‌راستا با نتایج آن‌ها بوده‌است.



(ب)



(الف)

شکل 10- نمودارهای مبتلایان و مرگ‌ومیرهای روزانه در شبیه‌سازی واکسیناسیون: (الف) بیماران روزانه و (ب) مرگ‌ومیر روزانه

5- نتیجه‌گیری

همه‌گیری کووید-19 در سال‌های اخیر مهم‌ترین چالش سلامت جهانی بوده‌است. استراتژی‌ها و محدودیت‌های اعمال شده برای کاهش انتشار کووید-19 عموماً اثر منفی بر روی جوامع بشری داشته و لازم است ارزیابی و تحلیل شوند. در این مطالعه شبیه‌سازی مکانی-زمانی بیماری کووید-19 با توجه به خصوصیات و مشخصات این بیماری صورت پذیرفت. نتایج حاکی از خطای RMSE نرمال شده‌ی 8/62 درصدی مدل نسبت به واقعیت می‌باشد؛ لذا، با وجود اینکه فرایند انتشار بیماری سیستمی پیچیده است که در آن‌ها رفتار کلی سیستم از رفتار و تعامل اجزا حاصل می‌شود، استفاده از مدل‌های عامل مبنای انعطاف‌پذیر می‌توانند در جهت پیش‌بینی شرایط آینده‌ی بیماری و همچنین تأثیر سیاست‌ها و استراتژی‌های کنترل بیماری استفاده شوند. نتایج مدلسازی تأثیر واکسیناسیون نیز نشان داد که اجرای واکسیناسیون موجب کاهش چشمگیر مبتلایان و مرگ‌ومیر افراد (44/48 درصد) شده‌است. در این مورد نیز مدل عامل مبنای توسعه داده شده توانسته با دقت قابل قبولی

دنیای واقعی را براساس رفتار اجزای آن سیستم شبیه‌سازی کند؛ لذا، از این رویکرد می‌توان جهت آزمایش و ارزیابی سناریوهای گوناگون استفاده کرد.

در پیاده‌سازی مدل‌های عامل مبنای محدودیت‌هایی مانند سرعت پردازش شبیه‌سازی منجر می‌شوند تعداد نفراتی که هر عامل نماینده‌ی آن‌ها است محدود شود. همچنین، داده‌های بیماری با توجه به عدم مراجعه‌ی تمام جمعیت مبتلایان دارای خطا می‌باشد. سفر افراد به شهر و خارج شدن افراد از شهر نیز می‌تواند در انتشار بیماری مؤثر باشد که در این تحقیق در نظر گرفته نشده‌است. عوامل تأثیرگذار در انتشار بیماری نیز در این مطالعه محدود هستند. نتایج نهایی با وجود محدودیت‌های بیان شده نشان داد که اجرای سریع و به‌موقع برنامه‌ی واکسیناسیون می‌تواند در کنترل همه‌گیری کووید-19 و حتی بیماری‌های مشابه بسیار تأثیرگذار باشد. همچنین، امکان توسعه‌ی این مدل به شهرهای دیگر و استفاده از اطلاعات مکانی کامل‌تر در شبیه‌سازی سایر بیماری‌ها وجود دارد. شبیه‌سازی انجام شده نشان داد که به دلیل ماهیت تصادفی برخی از پارامترهای در نظر گرفته شده، لازم است تا حساسیت مدل

عامل‌ها و سفر آن‌ها در انتشار بیماری می‌تواند در مطالعات آینده دنبال شود. استفاده از داده‌های کامل‌تر و در نتیجه لحاظ معیارهای بیشتر مانند آلودگی محیط، بیماری‌های زمینه‌ای افراد، ارتباطات اجتماعی افراد و خطوط حرکت آن‌ها می‌تواند به بهبود مدل‌سازی کمک کند.

نسبت به این پارامترها سنجیده شود؛ زیرا ممکن است این پارامترها در واقعیت نیز در انتشار بیماری‌های همه‌گیر بسیار تأثیرگذار باشند؛ بنابراین، آنالیز حساسیت مدل‌سازی‌های انتشار بیماری‌های همه‌گیر در پژوهش‌های آتی پیشنهاد می‌شود. بررسی نحوه‌ی تأثیر لایه‌های مکانی مختلف، موقعیت

مراجع

- [1] F. Araya, "Modeling the spread of COVID-19 on construction workers: An agent-based approach," *Safety Science*, vol. 133, p. 105022, 2021.
- [2] S. L. Chang, N. Harding, C. Zachreson, O. M. Cliff and M. Prokopenko, "Modelling transmission and control of the COVID-19 pandemic in Australia," *Nature Communications*, vol. 11, p. 5710, 2020.
- [3] W. Organization, "Coronavirus (COVID-19) Dashboard," 16 September 2022. [Online]. Available: <https://covid19.who.int/>.
- [4] N. M. Gharakhanlou and N. Hooshangi, "Spatio-temporal simulation of the novel coronavirus (COVID-19) outbreak using the agent-based modeling approach (case study: Urmia, Iran)," *Informatics in Medicine Unlocked*, vol. 20, p. 100403, 2020.
- [5] A. Rodríguez, E. Cuevas, D. Zaldivar, B. Morales-Castañeda, R. Sarkar and E. H. Houssein, "An agent-based transmission model of COVID-19 for re-opening policy design," *Computers in Biology and Medicine*, vol. 148, p. 105847, 2022.
- [6] C. J. L. Murray and P. Piot, "The Potential Future of the COVID-19 Pandemic: Will SARS-CoV-2 Become a Recurrent Seasonal Infection?," *JAMA*, vol. 325, pp. 1249-1250, April 2021.
- [7] A. C. Morrison, C. Ferro, R. Pardo, M. Torres, B. Devlin, M. L. Wilson and R. B. Tesh, "Seasonal abundance of *Lutzomyia longipalpis* (Diptera: Psychodidae) at an endemic focus of visceral leishmaniasis in Colombia," *Journal of medical entomology*, vol. 32, no. 4, pp. 538-48, July 1995.
- [8] A. Mollalo, A. Alimohammadi, M. R. Shirzadi and M. R. Malek, "Geographic information system-based analysis of the spatial and spatio-temporal distribution of zoonotic cutaneous leishmaniasis in Golestan Province, north-east of Iran.," *Zoonoses and public health*, vol. 62, no. 1, pp. 18-28, February 2015.
- [9] R. A. J. Williams and A. T. Peterson, "Ecology and geography of avian influenza (HPAI H5N1) transmission in the Middle East and northeastern Africa," *International Journal of Health Geographics*, vol. 8, p. 47, 2009.
- [10] J. Jafari, A. Jiryaei and M. S. Mesgari, "Modeling the Spread of Infectious Diseases Malaria," *Journal of Geomatics Science and Technology*, vol. 11, 2021.
- [11] M. Tabasi and A. A. Alesheikh, "Development of an Agent-Based Model for Simulation of the Spatiotemporal Spread of Leishmaniasis in GIS (Case Study: Maraveh Tappeh)," *Journal of Geomatics Science and Technology*, vol. 8, 2019.
- [12] E. Cuevas, "An agent-based model to evaluate the COVID-19 transmission risks in facilities," *Computers in Biology and Medicine*, vol. 121, p. 103827, 2020.
- [13] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, "A contribution to the mathematical theory of epidemics," *Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character*, vol. 115, p. 700–721, 1927.
- [14] N. T. J. Bailey and others, *The mathematical theory of infectious diseases and its applications*, Charles Griffin & Company Ltd, 5a Crendon Street, High Wycombe, Bucks HP13 6LE., 1975.
- [15] J. Arino, C. C. McCluskey and P. van den Driessche, "Global Results for an Epidemic Model with Vaccination that Exhibits Backward Bifurcation," *SIAM Journal on Applied Mathematics*, vol. 64, pp. 260-276, 2003.
- [16] X.-B. Zhang, H.-F. Huo, H. Xiang and X.-Y. Meng, "Dynamics of the deterministic and stochastic SIQS epidemic model with non-linear incidence," *Applied Mathematics and Computation*, vol. 243, pp. 546-558, 2014.
- [17] N. M. Gharakhanlou, M. S. Mesgari and N. Hooshangi, "Developing an agent-based model for simulating the dynamic spread of Plasmodium vivax malaria: A case study of Sarbaz, Iran," *Ecological Informatics*, vol. 54, p. 101006, 2019.

- [18] M. R. Azarmehr, M. S. Mesgari and M. Karimi, "Spatio - temporal modelling of malaria disease by geo-spatial information system (GIS) and cellular automata (CA)," *Infectious diseases and tropical medicine*, vol. 15, no. 48, pp. 61-, 2010.
- [19] S. H. White, A. M. del Rey and G. R. Sánchez, "Modeling epidemics using cellular automata," *Applied Mathematics and Computation*, vol. 186, pp. 193-202, 2007.
- [20] M. Rajabi, P. Pilesjö, M. R. Shirzadi, R. Fadaei and A. Mansourian, "A spatially explicit agent-based modeling approach for the spread of Cutaneous Leishmaniasis disease in central Iran, Isfahan," *Environmental Modelling & Software*, vol. 82, pp. 330-346, 2016.
- [21] M. Tabasi and A. A. Alesheikh, "A Review of the Applications of Agent Based Simulation in Epidemic Diseases (Case study: Cutaneous Leishmaniasis)," *Geospatial Engineering Journal*, vol. 8, 2017.
- [22] M. Tabasi and A. A. Alesheikh, "Modeling Spatial Spread of Epidemic Diseases using Agent-based Simulation (Case Study: Seasonal Influenza)," *Journal of Geomatics Science and Technology*, vol. 6, 2017.
- [23] P. C. L. Silva, P. V. C. Batista, H. S. Lima, M. A. Alves, F. G. Guimarães and R. C. P. Silva, "COVID-ABS: An agent-based model of COVID-19 epidemic to simulate health and economic effects of social distancing interventions," *Chaos, Solitons & Fractals*, vol. 139, p. 110088, 2020.
- [24] A. Bouchnita and A. Jebrane, "A hybrid multi-scale model of COVID-19 transmission dynamics to assess the potential of non-pharmaceutical interventions.," *Chaos, solitons, and fractals*, vol. 138, p. 109941, September 2020.
- [25] R. German, A. Djanatljev, L. Maile, P. Bazan and H. Hackstein, "Modeling Exit Strategies from COVID-19 Lockdown with a Focus on Antibody Tests," *medRxiv*, 2020.
- [26] W. Mckibbin and R. Fernando, "The Global Macroeconomic Impacts of COVID-19: Seven Scenarios," *Asian Economic Papers*, vol. 20, p. 1-55, August 2020.
- [27] F. Araya, "Modeling working shifts in construction projects using an agent-based approach to minimize the spread of COVID-19," *Journal of Building Engineering*, vol. 41, p. 102413, 2021.
- [28] A. Takian, A. Raoofi and S. Kazempour-Ardebili, *COVID-19 battle during the toughest sanctions against Iran.*, vol. 395, 2020, pp. 1035-1036.
- [29] U. Wilensky and W. Rand, *An introduction to agent-based modeling: modeling natural, social, and engineered complex systems with NetLogo*, Mit Press, 2015.
- [30] S. Abar, G. K. Theodoropoulos, P. Lemarinier and G. M. P. O'Hare, "Agent Based Modelling and Simulation tools: A review of the state-of-art software," *Computer Science Review*, vol. 24, pp. 13-33, 2017.
- [31] I. Korolev, "Identification and estimation of the SEIRD epidemic model for COVID-19.," *Journal of econometrics*, vol. 220, no. 1, pp. 63-85, January 2021.
- [32] W. H. O. (WHO), "Report of the WHO-China Joint Mission on Coronavirus Disease 2019 (COVID-19)," 2019. [Online]. Available: <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/who-china-joint-mission-on-covid-19-final-report.pdf>.
- [33] S. Zhang, M. Diao, W. Yu, L. Pei, Z. Lin and D. Chen, "Estimation of the reproductive number of novel coronavirus (COVID-19) and the probable outbreak size on the Diamond Princess cruise ship: A data-driven analysis.," *International journal of infectious diseases : IJID : official publication of the International Society for Infectious Diseases*, vol. 93, pp. 201-204, April 2020.
- [34] "Statistical Center of Iran," 2017. [Online]. Available: <https://www.amar.org.ir/>.
- [35] "Urmia University of Medical Sciences," [Online]. Available: <https://webda.umsu.ac.ir/>.
- [36] W. Organization, "General's opening remarks at the media briefing on COVID-19," 11 March 2020. [Online]. Available: <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19---11-march-2020>.