

## ZASTOSOWANIE AUTOMATÓW KOMÓRKOWYCH W MODELOWANIU KONFLIKTÓW PRZESTRZENNYCH NA PRZYKŁADZIE MODELOWANIA EPIDEMII

Bernadetta STACHURA-TERLECKA<sup>1</sup>, Antoni LIGEZA<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w Krakowie; bstachur@agh.edu.pl

<sup>2</sup>Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w Krakowie; ligeza@agh.edu.pl

**Streszczenie:** W artykule zaprezentowano inne podejście do modelowania epidemii. Epidemia i metody jej przeciwdziałania na potrzeby tego modelowania traktowana jest jako specjalny rodzaj konfliktu przestrzennego. Do jej modelowania użyto nowego typu automatów komórkowych – Layered Competitive Cellular Automata. Zastosowanie LCCA umożliwia nie tylko modelowanie samego wyniku konfliktu, ale przede wszystkim jego przebiegu, zaś możliwość dodania wpływu zjawisk fizycznych na poszczególne strony konfliktu urealnia wyniki. Wyniki modelowania zaprezentowane są na mapie dzięki czemu można obserwować je na poszczególnych etapach modelowania. Takie podejście wychodzi na przeciw wymaganiom stawianym algorytmom modelowania.

**Słowa kluczowe:** modelowanie epidemii, automaty komórkowe, Layered Competitive Cellular Automata, modelowanie konfliktów przestrzennych.

## APPLICATION OF CELLULAR AUTOMATA IN MODELING OF SPATIAL CONFLICTS IN THE EXAMPLE OF EPIDEMIA MODELING

**Abstract:** This article presents a different approach to epidemics modeling. For the purpose of this modeling, an outbreak as well as its prevention methods are considered as a special kind of spatial conflict. A new type of cellular automata - Layered Competitive Cellular Automata (LCCA) - were used to model it. Thanks to using the LCCA one can not only model the result of the conflict, but above all its development, while the possibility of adding various physical phenomena and their influence on the conflict makes the results even more realistic. The results of the conflict modeling are presented on a map, which allows to observe and analyze them at different stages of modeling. This approach meets the requirements of modeling algorithms.

**Keywords:** epidemic modeling, Cellular Automata. Layered Competitive Cellular Automata, modeling spatial conflicts.

## 1. Wprowadzanie

Celem badań jest stworzenie modeli matematycznych działających w oparciu o automaty komórkowe dla epidemii chorób mogących wystąpić w naszym otoczeniu (np. grypa) oraz modelowanie tychże epidemii czy rozwoju chorób takich jak np. HPV.

W związku z coraz większym wpływem działania ruchów anty-szczepionkowych w niektórych krajach zaczęły na nowo pojawiać się ośrodki epidemii gruźlicy czy odry. Coraz częściej słyszy się o ich występowaniu nie tylko w krajach tzw. III świata, ale również ogniska tego typu epidemii wystąpiły w np. Ukrainie lub wystąpienie zagrożenia epidemiologicznego wirusem odry w Kieleckim Szpitalu na Czarnowie, które spowodowało zamknięcie oddziału Ratunkowego od dnia 28 czerwca 2018. Niewiele jest jednak narzędzi do modelowania przebiegu epidemii chorób prezentujących graficznie naszą walkę z tymi chorobami. Modele takie jak SIS czy SIR stosowane w automatach komórkowych nie dają pełnej wiedzy o potencjalnym rozprzestrzenianiu się wirusa czy bakterii. Nie uwzględniają one ważnych czynników takich jak żywotność patogenu poza organizmem nosiciela, czy czasu po jakim osobnik odporny staje się znów podatny na patogen (który czasami zależy od metod leczenia). Narzędzia takie powinny umożliwić modelowanie nie tylko na podstawie podstawowych informacji o chorobie, ale również uwzględniać działania człowieka w celu wyleczenia osobnika chorego jak i działania podejmowane przed wystąpieniem epidemii (szczepienia). Takie podejście do modelowania epidemii i potraktowania jej jako specyficzny rodzaj konfliktu daje możliwość dokładniejszego modelowania rozwoju i umożliwi znalezienie punktów zero oraz nosiciela zero co pozwoli choć w niewielkim stopniu na lepszą organizację i zmniejszenie skutków epidemii.

### 1.1. Przegląd dotychczas stosowanych metod modelowania epidemii

Istnieje kilka metod modelowania epidemii. Należą do nich między innymi modele SIS, SIR oraz SEIR służą one do modelowania chorób na które po zachorowaniu i wyzdrowieniu osobnik danej populacji znów staje się podatny (modele SIS) oraz do modelowania chorób w których po wyzdrowieniu osobnik populacji staje się odporny na tą chorobę (modele SIR i SEIR z tą różnicą, że w modelach SEIR wykazywani są również osobnicy w utajonej fazie choroby) (Xiao, Ruan, 2007)(Ye, Gui, Xu)(Wei, Liu, Zhou). Kolejnym sposobem modelowania epidemii jest analiza progowa (stosowana w przypadku modelowania epidemii zażywania leków), z którego można wyliczyć np. stężenie poziomu leku w organizmie w czasie stosując następujący wzór (1):

$$c(t) = e^{-kt} \int_0^t e^{kt'} d(t') dt' \quad (1)$$

Jako modele epidemiologiczne stosuje się również modele Kermecka i Mc-Kendricka [1]. Modele epidemii takie jak SIR, SEIR i inne były implementowane w klasycznych (jednowarstwowych) automatach komórkowych (S. Whitea et al., 2007) (Beauchemin et al., 2005).

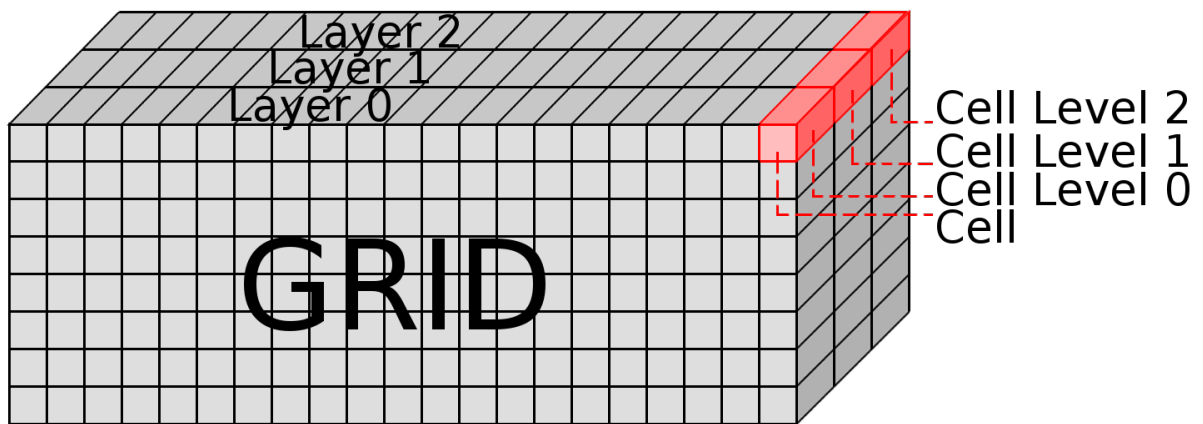
## 2. Opis problemu i metodyki badawczej

Modelowanie epidemii jest bardzo skomplikowaną procedurą wymagającą uwzględnienia wielu czynników takich jak temperatura powietrza, wilgotność powietrza, typ podłoża (Murry, 2006) oraz typ wirusa grypy. Czynniki te determinują wirulencję, zakaźność i długość życia wirusa poza ustrojem nosiciela. Kolejnymi istotnymi czynnikami są działania pozwalające zapobiec rozprzestrzenianiu się choroby takie jak szczepienia oraz ich skuteczność, ilość zaszczepionych osób, metody leczenia, czas zarażenia. Dopiero po uwzględnieniu tych czynników możemy rozpocząć modelowanie epidemii. W przypadku który został podjęty w trakcie badań rozważano wirusy grypy typu A i B. Dla modeli w których trzeba uwzględnić tak dużą liczbę różnych czynników wpływających na jeden aspekt modelowania lub w przypadku niektórych na wszystkie jego strony dobrze nadają się automaty komórkowe. Jako dane wejściowe dla rozwiązania problemu modelowania epidemii zostały podane dane o szczepieniach (2014r.) i ich skuteczności dostępne na stronach: Narodowego Instytutu Zdrowia Publicznego (PZH, 10.10.2017) oraz Centers for Disease Control and Prevention (CDC, 11.10.2017), zaś jako struktura zostało zastosowane LCCA (Stachura-Terlecka, Ligęza, 2015).

W celu stworzenia matematycznego modelu wsadowego dla Layered Competitive Cellular Automata wykorzystaliśmy informację na temat ilości zaszczepionych osób w Polsce w 2014 roku oraz ilość zachorowań w tymże roku. Ilość zachorowań z ostatniej dekady zestawiliśmy ze średnią miesięczną temperaturą oraz wilgotnością w celu znalezienia ich wpływu na ilość zachorowań.

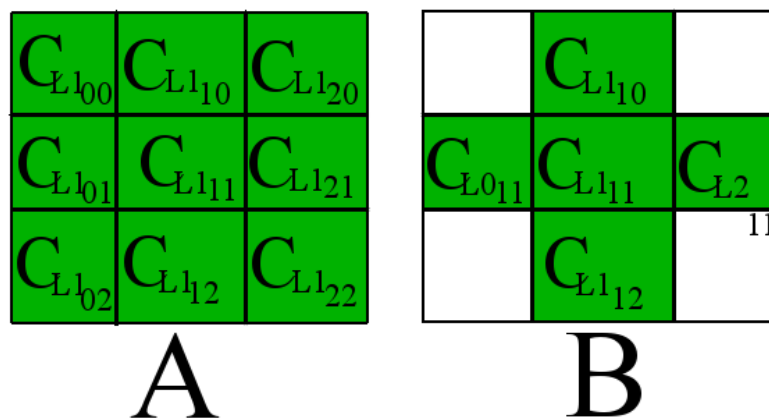
## 3. Proponowane rozwiązanie

Zaproponowane przez nas rozwiązanie oparte jest o nową implementację automatów komórkowych czyli Layered Competitive Cellular Automata (LCCA). Główne różnice między tradycyjnymi automatami komórkowymi, a LCCA polega na warstwowości tych drugich oraz możliwości modelowania kilku stron osobno przy uwzględnieniu ich wpływu na siebie nawzajem.



**Rysunek 1.** Graficzna prezentacja idei Layered Competitive Cellular Automata oraz wielowarstwowej komórki (Stachura-Terlecka, Ligęza, 2015).

Pojedyncza komórka automatu LCCA składa się dla modelowania epidemii z 3 poziomów (warstw). Warstw w LCCA jest zawsze o jedną więcej niż stron konfliktu. Warstwa zero (Level 0 (Rysunek 1)) jest odpowiedzialna za przechowywanie informacji przestrzennych (ukształtowanie terenu, typ podłoża itp.), w warstwie 1 (Level 1 (Rysunek 1)) modelowane są wszystkie zjawiska zachodzące po stronie wirusa. W tym celu pobierane są nie tylko informacje z sąsiednich komórek tej samej warstwy jak w przypadku standardowego sąsiedztwa moora (Kułakowski, 2000) (Chudari et al., 2001), ale również pobierane są informacje odnośnie typu powierzchni znajdującej się w warstwie 0 (tzw. GRID) oraz informacje w warstwy 2 dla tej samej komórki (Rysunek 2).



**Rysunek 2.** Graficzna prezentacja sąsiedztwa używanego podczas modelowania epidemii przedstawiony w dwóch rzutach (A) rzut główny (B) rzut z prawej strony.

## 4. Wyniki

Warunki dla warstwy wirusów zależne są od typu wirusa grypy, ten zaś wybierany jest losowo z prawdopodobieństwem spotkania typu A 0,3 – 0,4 zaś typu B 0,6 – 0,7, i są opisane wzorem(2). Długość życia wirusa poza organizmem nosiciela określa parametr Time. Parametr ten jest zależny od podłoża: najkrótszy czas życia w optymalnych warunkach jest dla podłoża twardego i jest on szacowany na około 4h (za CDC), zaś najdłuższy jest szacowany na 24h.

$$Z_{C1n} = xy * Zar * W \quad (2)$$

gdzie:

$Z_{C1n}$  – współczynnik zaraźliwości wirusa w danej komórce,

$x$  - współczynnik zależny od temperatury zadanej przez użytkownika,

$y$  - współczynnik zależny od wilgotności zadanej przez użytkownika,

$Zar$  - zaraźliwość wirusa grypy typu A lub B,

$W$  - wirulencja zależna od typu grypy.

Warunki dla warstwy, w której modeluje się leczenie oraz wszystkie metody przeciwdziałania zachorowaniom opisane są wzorem (3) i zależne od spotkania osoby zaszczepionej lub nie. Tak jak w warstwie rozwoju wirusa tak i tu mamy do czynienia z parametrami time1 i określa on czas przez jaki wirus jest roznoszony przez nosiciela oraz time2 określający czas przez jaki jednostka jest odporna na zachorowanie. Czas ten waha się w przedziale od 4h do 216h.

$$C_{p2n} = Z_{C1n} \quad (3)$$

gdzie:

$C_{p2n}$  – prawdopodobieństwo zachorowania na grypę.

Dla uproszczenia w przypadku osoby zaszczepionej prawdopodobieństwo zachorowania równe jest zeru (CDC).

Wizualizacja działania algorytmu realizowana jest na mapie konturowej. Przykładem wizualizacji działania algorytmu jest mapa przedstawiona na Rysunku 3 (Rysunek 3).

Kolor bładoniebieski na rozważanym terenie Polski określa ludzi bez zwiększonej odporności na wirus grypy, zielone ogniska to ogniska osób zaszczepionych lub takich które uzyskały choć szczątkową odporność w wyniku przebycia choroby, czerwone ogniska są zaś ogniskami potwierdzonych wystąpień choroby.



**Rysunek 3.** Wyniki modelowania przedstawione na mapie konturowej Polski.

Mapy konturowe zaimplementowane są na stronie internetowej. Poprzez interfejs Web użytkownik w prosty sposób może ustawiać podstawowe parametry symulacji, jak i obserwować jej wyniki na mapie oraz wykresie (Rysunek 4).



**Rysunek 4.** Interfejs użytkownika WebGUI.

## 5. Dyskusja

Rozwiązanie przedstawione w ramach tego artykułu jest rozwinięciem automatów komórkowych. Layered Competitive Cellular Automata (LCCA) oraz modyfikacja pixelLCCA (poszczególne komórki reprezentowane są przez jeden pixel – bardzo gęste sieci) i jest odpowiedzią na problemy i wymagania stawiane dzisiejszym symulatorom

konfliktów. Dzięki swojej budowie i zasadzie działania umożliwiają one modelowanie nie tylko epidemii, ale również innego typu konfliktów co powoduje, że po modyfikacji matematycznego modelu wsadowego są one bardzo uniwersalnym narzędziem do modelowania. Konflikty jakie możemy modelować dzięki stosowaniu LCCA to np.:

- katastrofy naturalne (powodzie, pożary),
- epidemie,
- terroryzm,
- uszkodzenia infrastruktury krytycznej,
- konflikty o charakterze technicznym (np. usuwanie plam oleju w morzu),
- konflikty w grach komputerowych (jako jedna ze stron).

Dzięki stosowaniu zmiennej ilości warstw zależnej od ilości stron konfliktu możemy modelować również bardziej złożone konflikty z większą niż 2 ilością stron które nie prowadzą współpracy.

Dzięki stosowaniu pLCCA możliwe jest wizualizowanie przebiegu konfliktu na mapach konturowych.

Dotychczasowe rozwiązania stosowane do celu symulacji przebiegu epidemii w tym również implementacja modelu SIR oraz jego rozwinięć dawało nam odpowiedź jak będzie wyglądał przebieg samego rozwoju epidemii bez uwzględniania wpływu działań mających na celu ograniczenie epidemii, zastosowanie LCCA pozwala obserwować przebieg rozwoju epidemii z uwzględnieniem wszystkich działań podejmowanych przez drugą stronę tego konfliktu.

## 6. Wnioski i przyszłe prace

Modelowanie epidemii jest jednym z przykładów modelowania konfliktu w tym przypadku to konflikt między odpornością oraz zdobyciami medycyny, a wirusami. Dzięki modelowaniu epidemii mamy szansę na znalezienie odpowiedzi na nurtujące pytania o próg wyszczepialności jaki powinien być utrzymany w celu zapobieżenia występowaniu epidemii danej choroby (utrzymaniu tzw. odporności zbiorowej).

Ewaluacja działania modelu jest trudną operacją i możemy ją wykonać opierając się na danych historycznych. Procedura testu modelu polega na uruchomieniu go z założonymi (występującymi w przeszłości) danymi o średniej temperaturze i wilgotności powietrza. Następnie następuje wylosowanie przypadkowych komórek jako komórek zainfekowanych.

Ze względu na specyfikę epidemii uzyskanie bardzo wysokiego potwierdzenia poprawności modelu graniczącego z pewnością jest w zasadzie niemożliwe (wystarczy drobne zmiany związane z ewolucją wirusa i skuteczność modelu spadnie), jednak modelowanie tych zjawisk pozwala nam ciągle oszacować rozwój epidemii.

W przyszłości zostaną stworzone modele dla innych chorób poza grypą.

## Bibliografia

1. Beauchemin, C., Samuel, J., Tuszynska, J. (2005). A simple cellular automaton model for influenza A viral infections. *Journal of Theoretical Biology*, 232, 2, 223-234.
2. Chaudhuri, P., Chowdhury D., Nandi S., Chattopadhyay S. (2001). Additive Cellular Automata. *Theory and Applications*, 1.
3. CDC <https://www.cdc.gov/flu/>
4. Kułakowski, K. (2000). *Cellular Automata*, Kraków: OEN AGH.
5. Murray, J.D. (2006). *Wprowadzenie do biomatematyki*. Warszawa: Wydawnictwo Naukowe PWN.
6. Państwowy Zakład Higieny. (10.10.2017). <http://wwwold.pzh.gov.pl/oldpage/epimeld/grypa/index.htm>
7. Situngkir H. (2004). *Epidemiology through cellular automata*. Case of Study: Avian Influenza in Indonesia, (not publishing).
8. Stachura-Terlecka, B., Ligeza, A. (2015). Modeling and analysis of spatial conflicts with Layered Competitive Cellular Automata. Andrzej Dziech, Mikołaj Leszczuk, Remigiusz Baran. *Multimedia Communications, Services and Security: 8th International Conference, MCSS*.
9. Wei X., Liu L., Zhou W. (2017). Global stability and attractivity of a network-based SIS epidemic model with nonmonotone incidence rate. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 469.
10. Whitea S., Martín del Rey A., Rodríguez Sánchez G. (2007). Modeling epidemics using cellular automata. *Applied Mathematics and Computation*, 186, 193-202.
11. Xiao, D., Ruan, S. (2007). Global analysis of an epidemic model with nonmonotone incidence rate. *Mathematical Biosciences*.
12. Ye, H., Gui, W., Xu, H. (2017). Global convergence analysis of a class of epidemic models. *Applied Mathematical Modelling*, 47.