

## مدل سازی مکانی زمانی بیماری مالاریا با استفاده از Geographic Information System و روش Cellular Automata

محمد رضا آذر مهر<sup>۱\*</sup>، محمد سعیدی مسگری<sup>۲</sup> و محمد کریمی<sup>۳</sup>

۱. کارشناس ارشد سیستم های اطلاعات جغرافیایی دانشگاه صنعتی خواجه نصیرالدین طوسی

۲. استادیار دانشکده نقشه برداری دانشگاه صنعتی خواجه نصیرالدین طوسی

۳. مربی و عضو هیات علمی دانشکده نقشه برداری، دانشگاه صنعتی خواجه نصیرالدین طوسی

\*نشانی برای مکاتبه: تهران، خیابان ولیعصر، تقاطع میرداماد، دانشکده نقشه برداری دانشگاه صنعتی خواجه نصیرالدین طوسی. تلفن: ۸۸۷۸۶۲۱۲.  
پست الکترونیکی: mr\_azarmehr@yahoo.com

پذیرش برای چاپ: فروردین هشتاد و هشت

دریافت مقاله: بهمن هشتاد و هفت

### چکیده

**مقدمه و هدف:** هر ساله افراد زیادی در جهان به بیماری مالاریا مبتلا گردیده و متأسفانه تعداد زیادی از آنها جان خود را از دست می دهند. با گسترش علم و فن آوری ابزار انسان برای مطالعه مشکلات بهداشتی از جمله بیماری ها تغییر می کند. Geographic Information System (GIS) را می توان یکی از تکنولوژی های نوین برای مطالعه انتشار بیماری دانست. هدف این تحقیق طراحی سیستمی است که نحوه انتشار مکانی بیماری مالاریا را با گذشت زمان شبیه سازی کند.

**روش کار:** برای انجام شبیه سازی از مدل سازی مکانی دینامیکی GIS، روش اتوماتای سلولی (CA) Cellular Automata و مدل همه گیری SIR استفاده شده است. مدل پیشنهادی در محیط نرم افزارهای Matlab و ArcGIS پیاده سازی شده است. برای بصری سازی انتشار بیماری از درجه ی خاکستری هر سلول استفاده شده و نحوه انتشار بیماری در منطقه و با گذشت زمان نمایش داده می شود. با توجه به آمار بالای بیماری مالاریا در شهرستان میناب استان هرمزگان، منطقه مورد مطالعه داخل این شهرستان انتخاب گردید. یافته ها: با معرفی لایه ها و پارامترهای ورودی به برنامه و اجرای آن، نحوه انتشار بیماری شبیه سازی خواهد شد. یک قابلیت مهم این مدل، سناریوسازی است. بدین منظور تاثیر پارامتر فاصله از آب راکد، تاثیر همزمان دو پارامتر درجه حرارت و رطوبت، و همچنین تاثیر پارامترهای پیشنهادی توسط متخصصین مالاریا در نحوه انتشار بیماری، شبیه سازی شده است.

**نتیجه گیری:** با استفاده از فن آوری نوین GIS و همچنین بهره بردن از روش CA، انتشار مکانی بیماری مالاریا در طول زمان قابل مدل سازی می باشد. همچنین می توان تاثیر واکسیناسیون را به عنوان یک روش جلوگیری از انتشار بیماری، به مدل اضافه کرد.

**واژگان کلیدی:** همه گیری، سیستم های اطلاعات مکانی، اتوماتای سلولی، مالاریا

### مقدمه

مالاریا یک بیماری انگلی است و عامل بیماری با گزش پشه ی ماده آنوفل به انسان منتقل می شود. پشه های ماده ی آنوفل به عنوان ناقل، واسطه ای برای انتقال آلودگی در بین انسان ها می باشد. عامل این بیماری، انگل های تک سلولی از گونه پلاسمودیوم می باشند. این بیماری در صورت عدم توجه به موقع، می تواند نتایج مرگ باری را در پی داشته باشد. سازمان جهانی بهداشت تخمین می زند که سالانه ۳۰۰ تا ۵۰۰ میلیون نفر در جهان به این بیماری مبتلا می شوند که بیش از یک میلیون نفر از آنها بر اثر بیماری جان خود را از دست می دهند.

هدف اصلی این تحقیق ارائه یک مدل مکانی زمانی بر اساس اتوماتای سلولی (Cellular Automata=CA) برای بازسازی پدیده انتشار و گسترش بیماری مالاریا می باشد.

از دیدگاه پزشکی "همه گیری" به وضعیتی اطلاق می شود که در آن بیماری بطور سریع و با وسعت زیاد در بین افراد سالم یک منطقه انتشار یابد. با توجه به اهمیتی که مسئله همه گیری در بهداشت جوامع بشری دارد، از ابتدای قرن اخیر، تلاش های میان رشته ای زیادی برای مطالعه بر روی انتشار بیماری صورت پذیرفته است. در این مورد، علم همه گیرشناسی (اپیدمیولوژی) به مدل سازی انتشار بیماری های واگیر در بین افراد جامعه پرداخته و هدف اصلی آنها فهمیدن زمان و نحوه حرکت بیماری، با هدف کنترل انتشار آن می باشد.

objects modeling) و مدل سازی داده های مکانی تاریخی (Historical spatial Data modeling) تقسیم نمود.

مدل سازی دینامیکی عبارت است از یک نمایش ریاضی از فرآیند مورد مطالعه که تحت تاثیر نیروهای موثر بر آن، وضعیت جدیدی به خود می-گیرد. مدل سازی مکانی دینامیکی به صورت یک نمایش ریاضی از فرآیندی در دنیای واقعی تعریف می شود که طی آن، وضعیت یک موقعیت مکانی روی سطح زمین در پاسخ به نیروهای متغیر وارد بر آن تغییر می-کند(۲). از نظر مدل سازی مکانی معمولاً مناسب ترین روش از نقطه نظر ساده سازی محاسباتی تشکیل شبکه منظم (رستر)، و از نظر زمانی مناسب-ترین روش ایجاد بازه های زمانی مساوی می باشد(۲). دو نوع فرآیند و به تبع آن، دو شیوه مدل سازی یعنی فرآیندهایی که تاثیر آنها بر روی یک نقطه، فقط وابسته به مقادیر همان نقطه می باشند و فرآیندهایی که تاثیر آنها روی یک نقطه، وابسته به یک همسایگی از آن نقطه می باشند را می-توان نام برد(۳):

برای انجام چنین مدل سازی هایی می توان از روشهای نوین مدل سازی که بر اساس تئوری پیچیدگی (Complexity) بنا نهاده شده اند استفاده کرد. از جمله این مدل ها می توان به روشهای اتوماتای سلولی، مدل سازی عامل مینا (agent base modeling) ، شبکه های عصبی مصنوعی (Artificial neural network) و فرکتال ها (fractals) اشاره کرد.

### اصول و مفاهیم اتوماتای سلولی

اتوماتای سلولی مدل ریاضی برای سیستم هایی است که در آنها چندین مؤلفه ساده برای ایجاد الگوهای پیچیده با هم همکاری می کنند. فضای اتوماتای سلولی از یک شبکه منظم سلولی تشکیل شده است که در هر سلول یک اتوماتون با حالات محدود (Finite state automaton) قرار دارد و می تواند  $(K > 1)$  مقدار مختلف به خود بگیرد. سلول های اتوماتای سلولی در زمانهای گسسته بطور همزمان و برطبق یک قانون انتقال محلی (Local transition rule) بنام  $\Phi$  بهنگام می شوند که در آن مقدار هر سلول براساس مقادیر سلول های همسایه تعیین میگردد (۵۴). با توجه به کاربرد اتوماتای سلولی در علوم مختلف، هر کدام از رشته ها تعریفی از CA ارائه می دهند. در ادامه تعریفی از اتوماتای سلولی دو بُعدی بیان شده است:

اتوماتای سلولی دو بُعدی، سیستم های دینامیکی گسسته ای هستند که از تعدادی محدود  $r \times c$  سلول تشکیل شده اند که بطور یکسان در یک فضای سلولی دو بُعدی جای دارند. هر سلول دارای یک حالت از مجموعه حالت های متناهی  $Q$  بوده که در هر گام زمانی مطابق با قانون انتقال محلی، حالت آن تغییر می کند. به عبارت دیگر حالت یک سلول در زمان  $t$ ، بستگی به حالت خود سلول و سلول های همسایگی در زمان  $t-1$  دارد. بطور دقیقتر، CA توسط چهار مؤلفه تعریف می گردد(۶):

$$(C, Q, V, f)$$

$C$  بیانگر فضای سلولی می باشد و به صورت زیر بیان می گردد:

$$C = \{(i, j), 1 \leq i \leq r, 1 \leq j \leq c\} \quad \text{رابطه ۱}$$

در این مدل سعی شده است که تعدادی از مشکلات و نارسایی های مربوط به مدل های توسعه داده شده قبلی برطرف گردد. جهت توسعه این مدل از توانایی های تحلیل مکانی سیستم های اطلاعات مکانی (Geographic Information System=GIS) و نیز روش اتوماتای سلولی به صورت توأم استفاده شده است. انتشار بیماری یک پدیده دینامیکی است که در مکان و با گذشت زمان تغییر می یابد. مسائل بهداشت عمومی و انتشار بیماری ها با جغرافیای منطقه رابطه مستقیم دارند و همواره دارای بُعد مکانی هستند. سیستم های اطلاعات مکانی قابلیت های زیادی در مورد مدل سازی پدیده های مکانی دارند. ترکیب GIS با زمان کاربردهای این سیستم اطلاعاتی را هر چه بیشتر گسترش می دهد. یکی از روشهای مدل سازی پدیده های دینامیکی که در آن دو مؤلفه مکان و زمان با هم در نظر گرفته شده اند، اتوماتای سلولی می باشد. اتوماتای سلولی مدل ریاضی برای سیستم هایی است که در آنها چندین مؤلفه ساده برای ایجاد الگوهای پیچیده با هم همکاری می کنند.

سناریوسازی یکی از قابلیت های مهم سیستم طراحی شده می باشد. در این مقاله با تغییر پارامترهای ورودی چندین سناریوی مختلف شبیه سازی شده و نتایج آن مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفته است.

### روش کار

با توجه به هدف این تحقیق باید با اصول و مفاهیم اولیه GIS و CA آشنا شد و سپس با کمک مدل همه گیری SIR مدل پیشنهادی را توسعه و پیاده سازی کرد.

### اصول و مفاهیم اولیه GIS

با توجه به گستردگی ارتباط GIS با دانش ها و علوم مختلف، تعاریف گوناگونی برای آن توسط محققین ارائه شده است. با توجه به هدف این مقاله، می توان این تعریف از GIS را ارائه داد: مجموعه ای از سخت افزار، نرم افزار، نیروی متخصص، داده ها و متدها است که تسهیلاتی را برای ورود، ذخیره سازی، تجزیه و تحلیل، ویرایش و خروج اطلاعات مکانی و توصیفی به صورت توأم، جهت تحقق هدف تصمیم گیری بهینه فراهم می نماید(۱). می توان اجزاء اصلی تشکیل دهنده GIS را شامل پنج بخش دانست: سخت افزار، نرم افزار، نیروی متخصص، داده و روش، که بطور هماهنگ و یکپارچه جهت رسیدن به هدف، در یک مجموعه کار می کنند.

در هر مسئله مدل سازی دست کم حضور دو عامل ضروری است: اول وجود یک مدل ریاضی (قطعی یا اتفاقی  $Y = F(X_1, X_2, \dots)$ ) است که رفتار پدیده مدل سازی شده  $Y$  در آن بر حسب پارامترهای ورودی  $(X_1, X_2, \dots)$  تصویر شده باشد. مدل ریاضی در واقع دانش ما درباره رفتار آن پدیده است و بسته به دقت آن، برآورد مدل از رفتار پدیده تا حدودی با واقعیت انطباق خواهد داشت. دوم، اطلاعات و یا پارامترهای ورودی هستند که رفتار مدل بر حسب آنها پیش بینی می گردد.

شاخه وسیعی از علم مدل سازی اختصاص به توسعه مدل های مکانی زمانی دارد که به مطالعه پدیده های مکانی متغیر در طول زمان می پردازد. کاربردهایی که نیازمند اضافه شدن بُعد زمان به GIS می-باشند را می توان به سه دسته اصلی مدل سازی مکانی دینامیکی (Dynamic Modeling) ، مدل سازی اشیاء متحرک (Moving

قالب معادلات دیفرانسیلی بوده و پارامترهای ذکر شده به همراه ضرایب  $\theta$  و  $\gamma$  همگی بزرگتر یا مساوی صفر می باشند (۷):

$$\frac{\partial S(t)}{\partial t} = -\gamma.S(t).I(t) \quad \text{رابطه ۵}$$

$$\frac{\partial I(t)}{\partial t} = \gamma.S(t).I(t) - \theta.I(t) \quad \text{رابطه ۶}$$

$$\frac{\partial R(t)}{\partial t} = \theta.I(t) \quad \text{رابطه ۷}$$

در تحقیقات متعددی مانند: Beauchemin et al., 2005 (۸) ، Satsuma et al., 2004 (۱۰) ، Ramani et al., 2004 (۹) ، Willox et al., 2003 (۱۱) ، Rousseau et al., 1997 (۱۲) و Boccara et al., 1994 (۱۳) از مدل کلاسیک SIR و روش CA برای توسعه مدل انتشار بیماری استفاده شده است. در اکثر این مدل ها به منظور ساده سازی، از مقادیر فرضی و ثابت برای مشخص کردن احتمال آلودگی کل شبکه استفاده شده است. پارامترهایی که برای مدل سازی انتخاب می شدند محدود بوده و با صرف نظر کردن از بقیه پارامترهای مؤثر در انتشار بیماری، باعث کاهش دقت مدل سازی شده اند. به علاوه تاثیر همسایه های مجاور و قطری سلول مرکزی در نظر گرفته نشده بود. در این مقاله با استفاده از مدل سازی مکانی دینامیکی GIS، توابع تجزیه و تحلیل داده های مکانی و غیرمکانی GIS، و به کار بردن روش CA، لایه-های اطلاعاتی مورد نیاز برای تعیین احتمال آلودگی فراهم شده و با توسعه تابع انتقال وضعیت، تاثیر همسایه های مجاور و قطری سلول مرکزی متفاوت در نظر گرفته می شود. علاوه بر این موارد، اکثر پارامترهای مؤثر در انتشار بیماری مالاریا در مدل لحاظ شده اند و با اینکار دقت مدل افزایش می یابد.

خصوصیات و فرضیات اصلی مدل پیشنهادی بدین صورت می باشند:

- به منظور ساده سازی مدل، عواملی همچون مرگ، تولد و مهاجرت افراد درون مدل در نظر گرفته نشده است. بنابراین میزان جمعیت هر سلول ثابت می ماند و فقط نسبت افراد مستعد، آلوده و بهبود یافته تغییر می کنند.
- توزیع جمعیت ناهمگن است یعنی تعداد افرادی که در هر سلول زندگی می کنند متفاوت می باشد.
- انتشار آلودگی توسط ناقل (پشه آنوفل) صورت می گیرد و بیماری را از شخص آلوده به فرد سالم منتقل می کند.
- فرض می گردد شخص آلوده پس از بهبودی، در برابر بیماری مصونیت همیشگی پیدا می کند.
- پشه ها به دلیل تفاوت در خصوصیات محیطی سلول ها، می توانند از سلول خودشان به سلول دیگری حرکت کنند بنابراین بیماری به مناطقی انتشار می یابد که دارای مقدار مناسبی از جمعیت انسانی، درجه حرارت، رطوبت و پوشش گیاهی باشند. به عبارتی دقیق تر احتمال حرکت پشه از یک سلول به سلول دیگر تابعی از اختلاف درجه حرارت، اختلاف رطوبت، اختلاف شاخص پوشش گیاهی و اختلاف جمعیت انسان بین سلول ها می باشد. ضریب تاثیر این موارد به ترتیب با  $\varphi_1 \dots \varphi_4$  اثر داده می شوند.

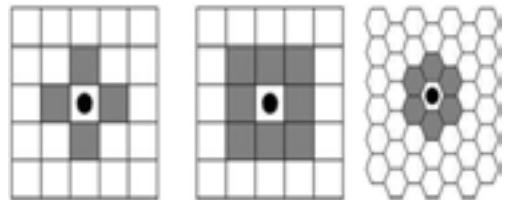
$Q$  مجموعه ای متناهی از حالت های ممکن یک سلول می باشد. مؤلفه  $V$  مجموعه متناهی از اندیسها بوده که همسایگی هر سلول را تعریف می کند:

$$V = \{(\alpha_k, \beta_k), 1 \leq k \leq n\} \subset Z \times Z \quad \text{رابطه ۲}$$

بنابراین می توان همسایگی سلول  $(i, j)$  را بدین صورت تعریف کرد:

$$V_{ij} = \{(i + \alpha_1, j + \beta_1), \dots, (i + \alpha_n, j + \beta_n)\}$$

در یک شبکه دو بُعدی، با توجه به شکل سلول ها می توان همسایه های مربعی و شش ضلعی را تعریف کرد. معروف ترین همسایگی های مربعی عبارتند از: همسایگی von Neumann که در آن همسایه ها تنها شامل چهار سلول هم جوار سلول مرکزی می باشند و همسایگی Moore که در آن علاوه بر سلول های همسایگی von Neumann، چهار سلول قطری که نزدیک ترین همسایه ها به سلول مرکزی می باشند نیز به حساب می آیند



شکل ۱: همسایگی شش ضلعی، همسایگی مربعی Moore و همسایگی مربعی von Neumann (از راست به چپ)

مؤلفه  $f$  تابع انتقال محلی می باشد و به صورت زیر بیان می گردد:

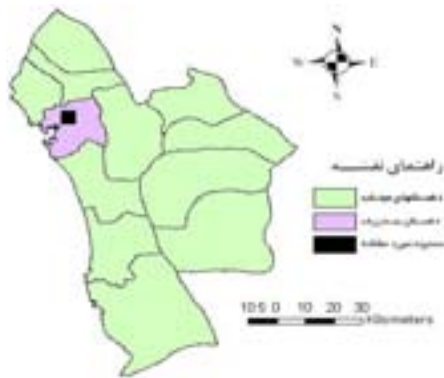
$$H_{ij}^t = f(H_{(i+\alpha_1, j+\beta_1)}^{t-1}, \dots, H_{(i+\alpha_n, j+\beta_n)}^{t-1}) \quad \text{رابطه ۴}$$

تغییر حالت سلول ها توسط  $f$  صورت می پذیرد. در رابطه بالا  $H_{ij}^t$  وضعیت سلول  $(i, j)$  را در زمان  $t$  نشان می دهد.

### مدلی برای انتشار مالاریا

با در نظر گرفتن اینکه افراد ساکن در منطقه ی مورد مطالعه به چند کلاس جمعیتی تقسیم شوند، مدل های همه گیری گوناگونی توسعه یافته اند که از آن جمله می توان مدل های SIR، SEIR، SIS، SIRS، SEIRS را نام برد. در این مدل ها بیماری به آهستگی از نقطه ای شروع به گسترش می کند و با گذشت زمان در بین افراد سالم جامعه گسترش یافته و در نتیجه تعداد افراد بیمار افزایش می یابد. همزمان با گسترش بیماری در بین افراد سالم جامعه، مبتلایان به بیماری بعد از یک دوره زمانی بهبود می یابند و موجب کاهش تعداد افراد آلوده می گردند.

از میان مدل های موجود در زمینه همه گیری، مدل SIR دارای کاربرد بیشتری بوده و از آن به طور گسترده ای برای شبیه سازی انتشار بیماری ها استفاده شده است. این مدل برای اولین بار توسط دو محقق به نامهای Kermack و McKendrick در سال ۱۹۲۷ ارائه شد. در این مدل جمعیت انسانها به سه کلاس: افراد مستعد برای گرفتن بیماری (Susceptible=S)، افراد آلوده شده (infected=I) و افراد بهبود یافته (Recovered=R) تقسیم می شوند. فرمول عمومی SIR در



شکل ۲: موقعیت منطقه مورد مطالعه.

لازم است از روی اطلاعات مکانی و محیطی موجود در منطقه مطالعاتی، لایه های ورودی به مدل را تهیه کنیم. پارامترهای مورد نیاز برای شیوع مالاریا عبارتند از: درجه حرارت، رطوبت، وجود پوشش گیاهی، وجود آب راکد و وجود جمعیت انسان. با توجه به نقشه های موجود از منطقه و با استفاده از آنالیز فاصله در نرم افزار ArcGIS، لایه های مربوط به فاصله از پوشش گیاهی و فاصله از آب های راکد تهیه می شوند. منطقه مورد مطالعه شامل ۱۳ روستا است و هر روستا دارای اطلاعات توصیفی ای نظیر نام، میزان جمعیت، میانگین درجه حرارت، و رطوبت نسبی می باشد. با کمک اطلاعات توصیفی مربوط به جمعیت هر روستا، و استفاده از آنالیز چگالی (Density) در نرم افزار ArcGIS می توان لایه جمعیت انسان را تهیه کرد. همچنین لایه های مربوط به درجه حرارت و رطوبت نسبی منطقه نیز از طریق این اطلاعات توصیفی و با انجام آنالیز درون یابی Kriging قابل استخراج هستند.

با توجه به آنالیزهای مورد نیاز، تصمیم گرفته شد که لایه های ورودی به مدل پیشنهادی دارای ساختار رستری در اندازه ی ۱۰۰ در ۱۰۰ پیکسل باشند و عدد هر پیکسل بین ۰ تا ۱۰ قرار داشته باشد. بنابراین لازم است بعد از تهیه لایه ها و با توجه به میزان اهمیت آنها در شیوع مالاریا، آنالیز طبقه بندی مجدد (Reclassify) انجام گیرد. با انجام آنالیز طبقه بندی مجدد، ارزش هر پیکسل از ابتدا تعریف شده و مقدار جدیدی می گیرد. با انجام مشاوره هایی که با کارشناسان مالاریا صورت گرفت، یکسری جداول تهیه گردید که میزان اهمیت پارامترهای مورد نیاز برای شیوع مالاریا را مشخص می کند. به عنوان نمونه در طبقه بندی مجدد لایه ی درجه حرارت، دمای ۳۴ تا ۳۵ درجه سانتی گراد مقدار ۱۰ را به خود اختصاص می دهد و با کاهش شرایط مساعد برای زیست پشه ی آنوفل دمای زیر ۲۰ درجه سانتی گراد مقدار ۱ را می گیرد. شکل ۳ لایه های آماده شده برای ورود به مدل را نمایش می دهند.

• میزان احتمال آلودگی عددی بین ۰ تا ۱ بوده و از روی لایه های اطلاعاتی درجه حرارت، رطوبت، فاصله از پوشش گیاهی، فاصله از آب راکد و جمعیت انسان محاسبه می گردد (رابطه ۸). بنابراین احتمال آلودگی ثابت نبوده و مقدارش برای هر سلول متفاوت می باشد. این عدد بیانگر توانایی گسترش بیماری توسط پشه ها به افراد مستعد، با توجه به شرایط فیزیکی موجود در هر سلول می باشد.

$$v_{ij} = (A.T_{ij}) + (B.H_{ij}) + (C.G_{ij}) + (D.M_{ij}) + (E.P_{ij}) \quad \text{رابطه ۸}$$

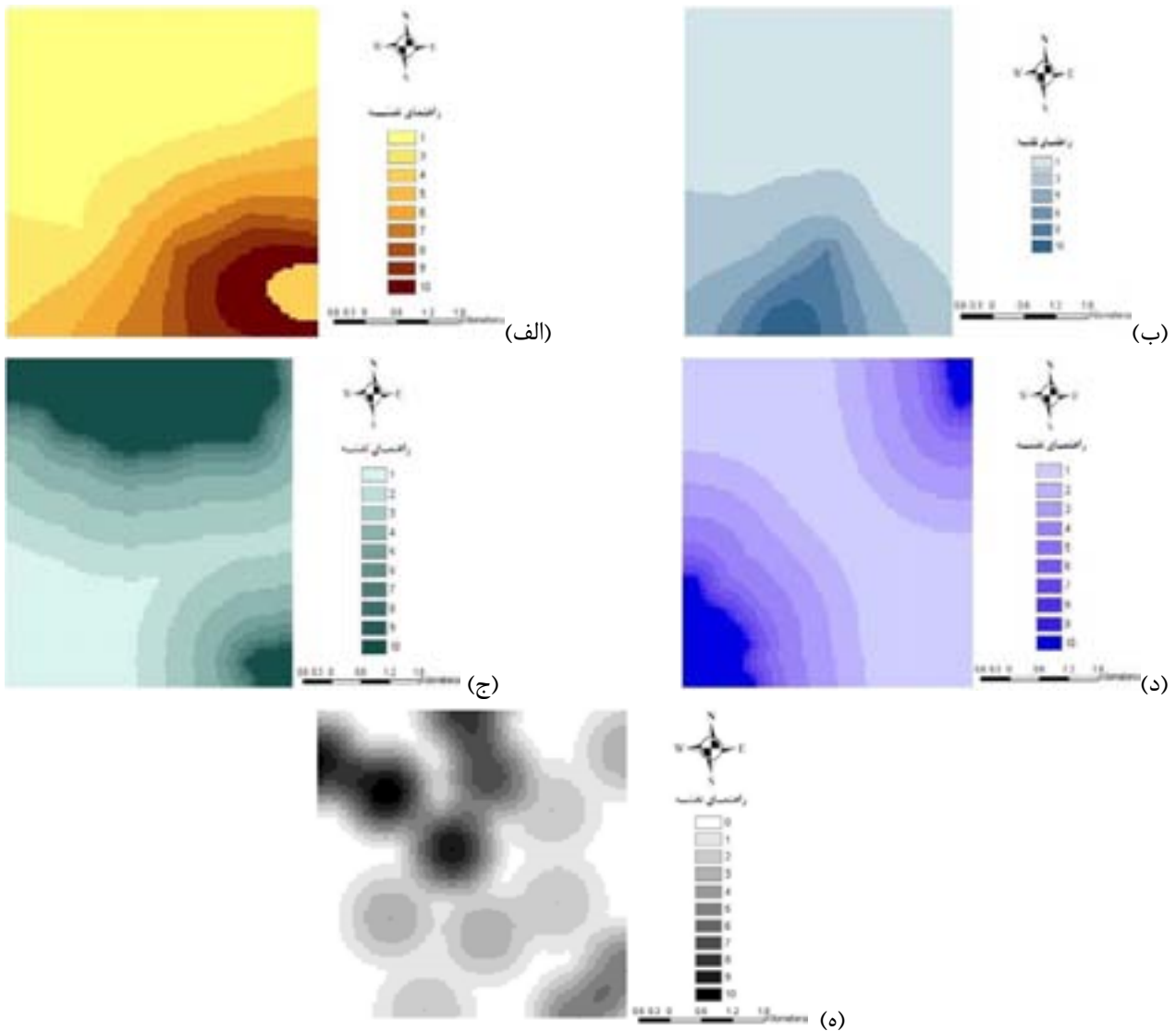
در رابطه بالا  $E, D, C, B, A$  به ترتیب بیانگر وزن لایه درجه حرارت ( $T$ )، رطوبت ( $H$ )، فاصله از پوشش گیاهی ( $G$ )، فاصله از آب راکد ( $M$ ) و جمعیت انسان ( $P$ ) می باشند که باید جمع آنها برابر با یک باشد. اندیس  $ij$  مکان پیکسل مورد نظر هر لایه را نشان می دهد. نسبت آلودگی سلول ( $i, j$ ) در زمان  $t + 1$  از رابطه زیر بدست می آید: رابطه ۹

$$I_{ij}^{t+1} = (1 - \epsilon) I_{ij}^t + v_{ij}^t \cdot S_{ij}^t \cdot I_{ij}^t + S_{ij}^t \cdot k \left( \sum_{(\alpha, \beta) \in \{(-1,0), (0,-1), (0,1), (1,0)\}} g_{\alpha\beta}^{(i,j)} \cdot v_{i+\alpha, j+\beta} \cdot I_{i+\alpha, j+\beta}^t \right) + S_{ij}^t \cdot l \left( \sum_{(\alpha, \beta) \in \{(-1,0), (0,-1), (0,1), (1,0)\}} g_{\alpha\beta}^{(i,j)} \cdot v_{i+\alpha, j+\beta} \cdot I_{i+\alpha, j+\beta}^t \right)$$

$g_{\alpha\beta}^{(i,j)}$  احتمال جابجایی ناقل از سلول های همسایه به سلول ( $i, j$ ) می باشد. همسایه های سلول ( $i, j$ ) توسط اندیسهای  $\alpha, \beta$  تعریف می گردند. ضرایب  $k$  و  $l$  میزان تاثیر سلولهای مجاور و قطری سلول مرکزی را بیان می کنند. ضریب بهبودی  $\epsilon$  توسط کارشناسان و با توجه به شرایط بیماری تعریف می گردد.

## پیاده سازی

طبق آمار گرفته شده از بخش کنترل مالاریای وزارت بهداشت و مقایسه آمار مالاریا در شهرستانهای مختلف، شهرستان میناب به عنوان منطقه ای با آمار شیوع بالا شناخته شد. در این شهرستان، دهستان بندزرک دارای شرایط جغرافیایی مناسبی برای شیوع مالاریا می باشد چون با داشتن آب های راکد، پوشش گیاهی و همچنین شرایط آب و هوایی مساعد، منطقه ای مناسب برای تولید و تکثیر ناقل بیماری، و در نتیجه انتشار بیماری مالاریا می باشد. منطقه انتخاب شده به شکل مربع و طول ۵ کیلومتر، درون دهستان بندزرک واقع در شرق استان هرمزگان و در جوار خلیج فارس و دریای عمان بوده و از نظر آب و هوایی در تابستان ها دارای آب و هوایی گرم و مرطوب، و در زمستان ها معتدل می باشد.



شکل ۳: لایه های آماده سازی شده (الف) درجه حرارت، (ب) رطوبت، (ج) فاصله از پوشش گیاهی، (د) فاصله از آب راکد و (ه) جمعیت انسان.

اساساً پسندیده تر است که سیستم ایجاد شده بتواند تعداد نقاط متعدد و مختلفی را به عنوان نقاط شروع همه گیری قبول نماید. در این تحقیق به منظور ساده سازی مدل، تصمیم گرفته شد که به صورت ثابت ۳ نقطه به عنوان شروع همه گیری اخذ شوند. با معرفی این نقاط لایه احتمال آلودگی و احتمال جابجایی ناقل طبق فرمول های مربوطه محاسبه می شوند و بر اساس آنها میزان آلودگی جدید هر سلول در زمان جدید به دست می آید. در هر مرحله زمانی، بعد از اینکه میزان آلودگی سلول ها محاسبه گردید نوبت به نمایش آنها می رسد. برای بصری سازی نحوه انتشار بیماری، از درجه خاکستری هر سلول استفاده می گردد بدین طریق که از روی میزان آلودگی هر سلول عددی بین صفر (سفید) تا یک (سیاه) به آن سلول اختصاص داده می شود. با کنار هم قرار دادن شبکه های سلولی بدست آمده از مراحل مختلف (مراحل زمانی ۱، ۲۰، ۴۰، ۶۰، ۸۰، ۱۰۰، ۱۲۰ و ۱۴۰)، نحوه انتشار بیماری با گذشت زمان به نمایش در خواهد آمد.

برنامه نویسی مربوط به مدل پیشنهادی در زبان برنامه نویسی Matlab انجام شده است. در ابتدا لایه هایی که از مرحله قبل در محیط GIS بدست آمده اند را باید به عنوان ورودی اولیه به مدل معرفی کرد. سپس از طریق واسط کاربر گرافیکی (Graphic User Interface=GUI) پارامترهای زیر مدل به برنامه وارد می گردند؛

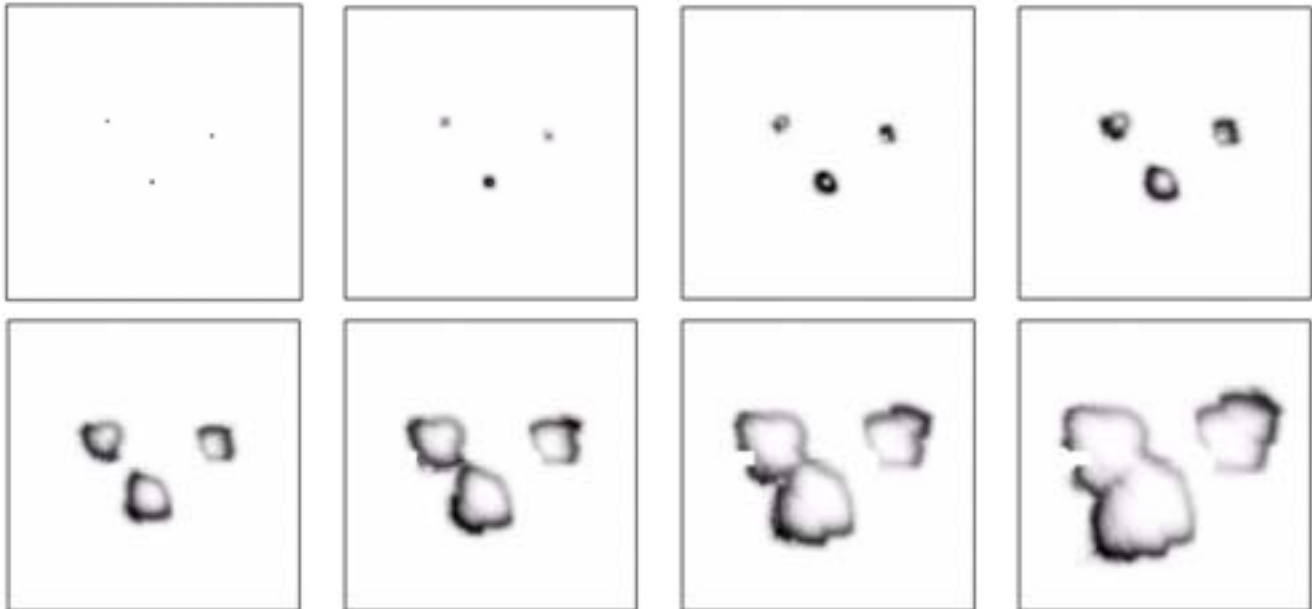
- نسبت افراد آلوده شده، مستعد و بهبود یافته در سلول آلوده ابتدایی  $(R_0^{t=0}, I_0^{t=0}, S_0^{t=0})$
- وزن لایه های ورودی  $(E, D, C, B, A)$
- ضرایب اختلاف درجه حرارت، رطوبت، شاخص پوشش گیاهی و جمعیت انسان  $(\varphi_1 \dots \varphi_4)$
- ضرایب تاثیر همسایه های مجاور و قطری سلول مرکزی  $(l$  و  $k)$
- ضریب بهبودی  $(\mathcal{E})$
- تعداد تکرارهای برنامه  $(U)$

## یافته‌ها

یکی از قابلیت‌های مهم این مدل سناریوسازی است یعنی می‌توان با تغییر پارامترهای ورودی برنامه، اثر آنها را در نحوه انتشار بیماری مشاهده کرد. در ادامه چند سناریو را مورد تجزیه و تحلیل قرار خواهیم داد.

## تاثیر پارامتر فاصله از آب راکد

به منظور نشان دادن تاثیر پارامتر فاصله از آب راکد در گسترش بیماری، در یک سناریوی ساده با اغراق در میزان اثرگذاری این پارامتر نحوه عمل مدل به نمایش گذاشته می‌شود. بدین منظور، میزان تاثیر فاصله از آب راکد را ۸۰ درصد، و تاثیر بقیه پارامترها در تعیین لایه احتمال آلودگی ۵ درصد در نظر می‌گیریم.

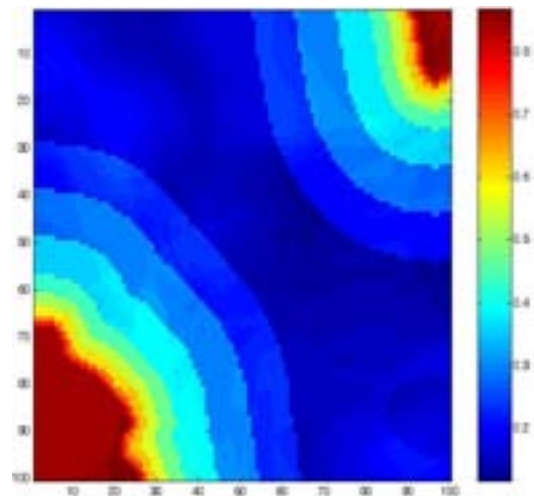


شکل ۴: سناریوی اختصاص وزن ۸۰ درصد به لایه فاصله از آب راکد و نمایش تاثیر آن بر نحوه انتشار بیماری از سه نقطه.

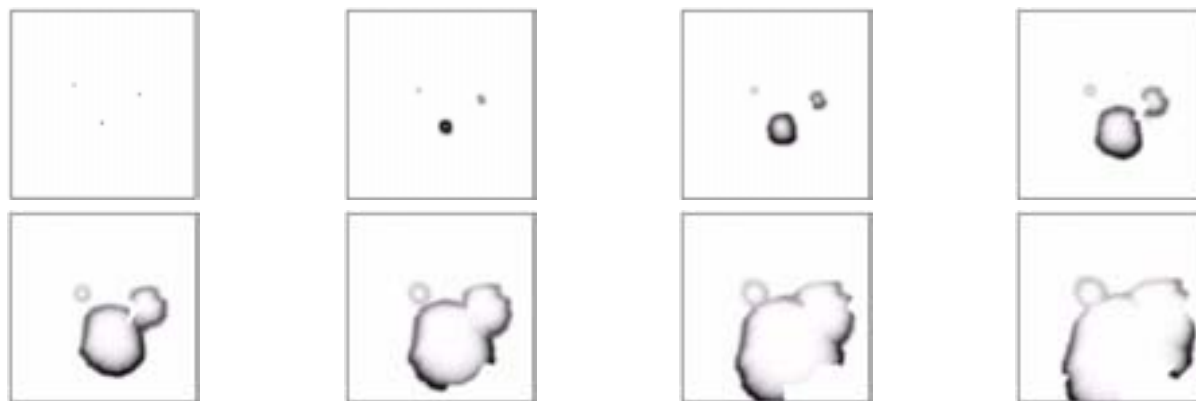
## تاثیر همزمان پارامتر درجه حرارت و رطوبت

اگر میزان تاثیر درجه حرارت در تعیین لایه احتمال آلودگی ۴۵ درصد و میزان تاثیر رطوبت ۴۰ درصد در نظر گرفته شود و تاثیر بقیه پارامترها ۵ درصد باشد، خروجی بدست آمده به صورت شکل ۶ می‌باشد. از کنار هم قرار دادن تصاویر شکل ۶ به این نتیجه می‌رسیم که با آغاز بیماری از سه نقطه درون منطقه‌ی مورد مطالعه، بیماری با سرعت و شدت بیشتری به سمت جنوب و جنوب شرقی منطقه کشیده می‌شود و حرکت آلودگی به سمت شمال و غرب منطقه دارای سرعت کمتری می‌باشد.

وقتی تاثیر ۸۰ درصدی فاصله از آب راکد را برای تعیین لایه احتمال آلودگی در نظر بگیریم در نتیجه احتمال آلودگی در نزدیکی آب راکد بیشتر از نواحی دیگر می‌باشد (شکل ۵). بنابراین با مقایسه شکل ۵ و نتایج حاصل از شبیه‌سازی در شکل ۴، می‌توان فهمید که بیماری بعد از شروع، باید با شدت بیشتری به سمت جنوب غربی و شمال شرقی حرکت کند زیرا در این نواحی آب راکد وجود دارد.



شکل ۵: لایه احتمال آلودگی با توجه به وزن ۸۰ درصدی فاصله از آب راکد.



شکل ۶: سناریوی اختصاص وزن ۴۵ درصد به درجه حرارت و ۴۰ درصد به رطوبت و نمایش تاثیر آنها بر نحوه انتشار بیماری از سه نقطه.

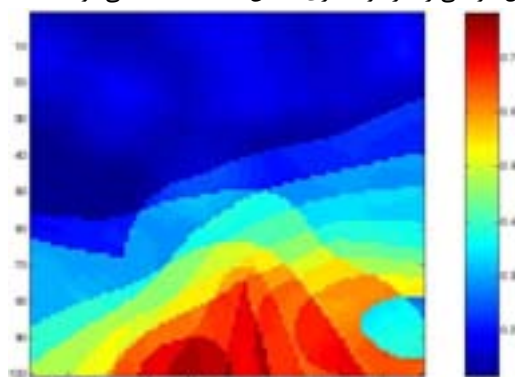
### تاثیر همه پارامترها طبق نظر متخصصین مربوط به مالاریا

در آخرین سناریو، مقدار پارامترها را طبق نظر متخصصین مربوط به مالاریا از طریق واسط کاربر مربوطه (شکل ۸) وارد برنامه می کنیم. نتایج شبیه سازی به صورت شکل ۹ می باشد.

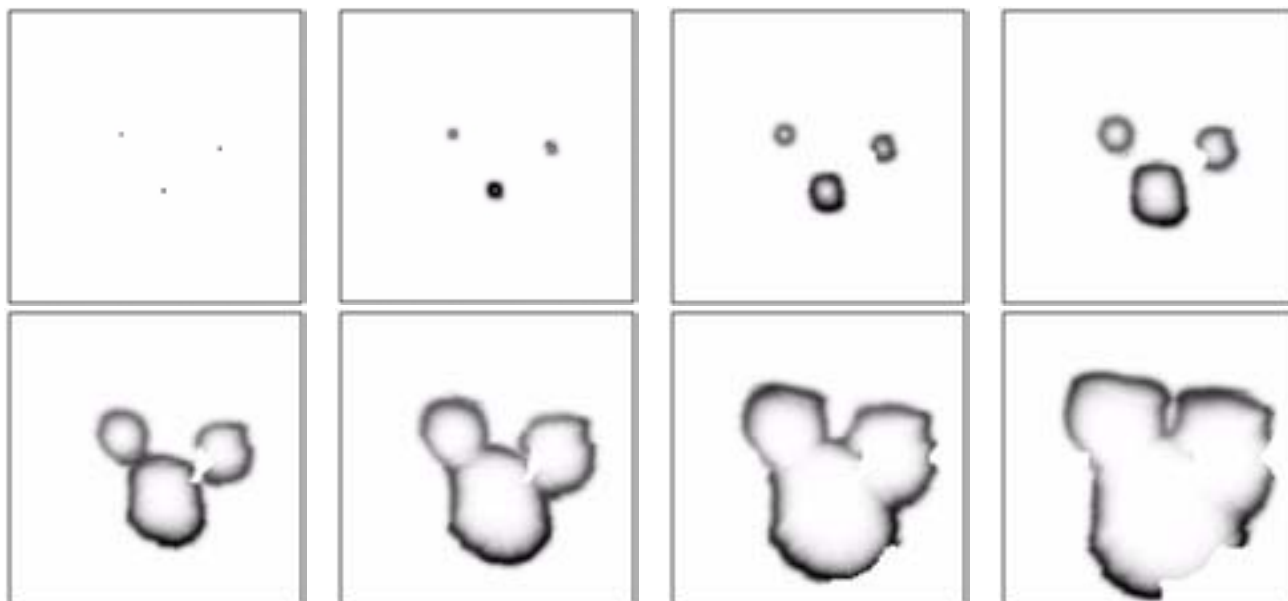


شکل ۸: معرفی مقدار پارامترهای مدل، طبق نظر کارشناسان مالاریا.

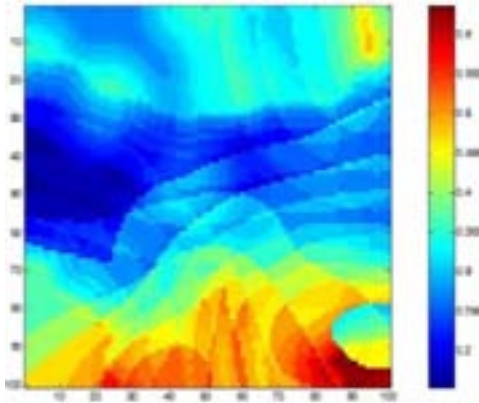
علت این امر را می توان با بررسی لایه احتمال آلودگی درک کرد. شکل ۷ بیانگر این موضوع است که در قسمت جنوب و جنوب شرقی منطقه احتمال آلودگی بیشتر می باشد و با حرکت به سمت شمال منطقه احتمال آلودگی شدیداً کاهش می یابد. بنابراین قسمت جنوب منطقه بیشترین احتمال آلودگی را دارد و بیماری به این سمت کشیده می شود.



شکل ۷: لایه احتمال آلودگی با توجه به وزن ۴۵ درصدی لایه درجه حرارت و ۴۰ درصدی رطوبت.



شکل ۹: نمایش انتشار مالاریا از سه نقطه طبق پارامترهای اخذ شده از متخصصین مربوط به بیماری مالاریا.



شکل ۱۰: لایه احتمال آلودگی با توجه به نظر کارشناسان.

برای تفسیر شکل ۹ می توان از لایه ای احتمال آلودگی استفاده کرد. با ترکیب لایه های ورودی و پارامترهایی که توسط کاربر به برنامه معرفی می گردد، لایه احتمال آلودگی به صورت شکل ۱۰ در می آید. همانطور که در شکل نیز کاملاً واضح است احتمال آلودگی در قسمت جنوبی منطقه نسبت به سایر مناطق بیشتر می باشد زیرا مطابق با شکل ۳، در قسمت جنوبی شرایط مساعدتری از نظر درجه حرارت و رطوبت برای انتشار بیماری فراهم می باشد. در نتیجه بیماری بیشتر به سمت مناطق جنوبی کشیده می شود و حرکت بیماری به سمت غرب و مناطق شمالی با سرعت کمتری اتفاق می افتد.

### نتیجه گیری

مالاریا یکی از بیماری های واگیر می باشد و برای شبیه سازی نحوه انتشار بیماری می توان از توانایی های مکانی GIS استفاده کرد و با بهره بردن از روش CA، انتشار مکانی بیماری در طول زمان را به خوبی مدل سازی کرد. در طی انجام مراحل مختلف این تحقیق موارد ذیل نتیجه گیری و پیشنهاد شدند:

- در مقایسه با تحقیقات انجام شده قبلی، در این تحقیق معیارهای جدیدی وارد مدل سازی گردید که مثالی از آن عبارتند از:  
- احتمال آلودگی برای هر پیکسل شبکه عدد ثابتی لحاظ نشده و این مقدار تابعی از عوامل مربوط بوده است که در خود CA طراحی و اجرا گردید.
- علاوه بر پارامترهای معمول در مدل سازی انتشار مالاریا، پارامتر جمعیت انسان نیز در محاسبه احتمال آلودگی وارد شد.
- اثر سلول های مجاور و قطری در محاسبه میزان آلودگی سلول مرکزی به صورت مختلف وارد گردید.
- یک قابلیت مهم این مدل امکان تولید و بررسی سناریوهای گوناگون می باشد یعنی می توان مقدار پارامترها را تغییر داد و تاثیر آنها را در نحوه انتشار بیماری مشاهده کرد.

- با توجه به ایجاد و گسترش روشهای مدل سازی پدیده های مکانی زمانی در جهان، می توان با اتصال روشهایی مانند روش مدل سازی عامل مینا و GIS مسائل گسترش بیماری را بیشتر مورد بررسی قرار داد.
- در اجرای برنامه، تعداد نقاط شروع همه گیری ثابت و برابر ۳ در نظر گرفته شده است. این امکان وجود دارد که با گسترش مدل و انجام برنامه نویسی بیشتر، تعداد نقاط ورودی و میزان آلودگی آنها به صورت مستقل وارد گردد.
- مدل را می توان گسترش داد و اثر واکسیناسیون را در آن لحاظ کرد. با در نظر گرفتن اثر واکسیناسیون در مدل می توان نتیجه ای آن را در نحوه انتشار بیماری بررسی نمود.
- می توان با توسعه مدل اثر عامل مرگ و میر در اثر بیماری را هم لحاظ نمود.
- همچنین می توان اثر سفرهای انسانی بین سکونت گاه ها را لحاظ نمود. این عامل در کنار تغییر مکان پشه ها، عامل مهمی در انتقال بیماری می باشد.
- مدل حاضر را می توان با اعمال تغییراتی، برای مدل سازی انتشار سایر بیماری های واگیر توسعه داد.

## REFERENCES

1. Hornsby K. and M. Egenhofer. Modeling Moving Objects Over Multiple Granularities, *Annals of Mathematics and Artificial Intelligence* (2002). vol: 36, No: 1, pp: 177-194.
2. Burrough P.A., GIS & Dynamic Modeling and Geocomputation, In: *Geocomputation: A Primer*, Eds: Longley P.A., Brookes S.M., McDonnell B., UK (1998), pp: 165-191.
3. DeMers M.N., *GIS Modeling in Raster*, New York: John Wiley and Sons (2002).
4. Pal Chaudhuri P, D. Roy Chowdhury, S. Nandi, and S. Chattopadhyay, *Additive Cellular Automata Theory and Applications*, IEEE Computer Society Press (1997). vol: 1, pp: 235-242.



5. Wolfram S. Twenty Problems in the Theory of Cellular Automata, *Physica Scripta* (1985). vol: 9, pp: 170-183.
6. A. Martin delRey, G. Rodriguez Sanchez. Modeling epidemics with CA. *Applied Mathematics and Computation* (2006). vol: 16, pp: 19–23.
7. G. Schneckeneither, N. Popper, G. Zauner, F. Breitenecker. Modelling SIR-type epidemics by ODEs, PDEs, difference equations and cellular automata – A comparative study. *Simulation Modelling Practice and Theory* (2008). vol: 16, pp: 1014–1023.
8. C. Beauchemin, J. Samuel, J. Tuszynski, A simple cellular automaton model for influenza A viral infections. *Biology* (2005). vol: 232, pp: 223–234.
9. A. Ramani, A.S. Carstea, R. Willox, G. Grammaticos, Oscillating epidemics: a discrete-time model, *Physica A* (2004). vol: 333, pp: 278–292.
10. J. Satsuma, R. Willox, A. Ramani, B. Grammaticos, A.S. Carstea, Extending the SIR epidemic model, *Physica A* (2004). vol: 336, pp: 369–375.
11. R. Willox, B. Grammaticos, A.S. Carstea, A. Ramani, Epidemic dynamics: discrete-time and cellular automaton models, *Physica A* (2003). vol: 328, pp: 13–22.
12. G. Rousseau, G. Giorgini, R. Livi, H. Chate', Dynamical phases in a cellular automaton model for epidemic propagation, *Physica D* (1997). vol: 103, pp: 554–563.
13. N. Boccara, K. Cheong, M. Oram, A probabilistic automata network epidemic model with birds and deaths cyclic behaviour, *Journal Physic A-Math* (1994). vol: 27, pp: 1585–1597.