



Semnan University

Journal of Modeling in Engineering

Journal homepage: <https://modelling.semnan.ac.ir/>

ISSN: 2783-2538



Research Article

Epidemic Modeling and Flattening the Infection Curve in Social Networks

Mohammadreza Doostmohammadian^{a,*}, Soraya Doustmohamadian^b, Najmeh Doostmohammadian^b, Azam Doustmohammadian^c, Houman Zarrabi^d, Hamid R. Rabiee^e

^a Assistant Professor, Faculty of Mechanical Engineering, Semnan University, Semnan, Iran

^b Assistant Professor, Semnan University of Medical Sciences, Semnan, Iran

^c Assistant Professor, Gastrointestinal and Liver Diseases Research Center, Iran University of Medical Sciences, Tehran, Iran

^d Assistant Professor, Iran Telecom Research Center (ITRC), Tehran, Iran

^e Professor, Faculty of Computer Engineering, Sharif University of Technology, Tehran, Iran

PAPER INFO

Paper history:

Received: 26 March 2023

Revised: 22 July 2023

Accepted: 01 October 2023

Keywords:

Epidemic,
Flattening the infection curve,
Social networks,
Graph theory.

ABSTRACT

The main goal of this paper is to model the epidemic and flattening the infection curve of the social networks. Flattening the infection curve implies slowing down the spread of the disease and reducing the infection rate via social-distancing, isolation (quarantine) and vaccination. The nan-pharmaceutical methods are a much simpler and efficient way to control the spread of epidemic and infection rate. By specifying a target group with high centrality for isolation and quarantine one can reach a much flatter infection curve (related to Corona for example) without adding extra costs to health services. The aim of this research is, first, modeling the epidemic and, then, giving strategies and structural algorithms for targeted vaccination or targeted non-pharmaceutical methods for reducing the peak of the viral disease and flattening the infection curve. These methods are more efficient for nan-pharmaceutical interventions as finding the target quarantine group flattens the infection curve much easier. For this purpose, a few number of particular nodes with high centrality are isolated and the infection curve is analyzed. Our research shows meaningful results for flattening the infection curve only by isolating a few number of targeted nodes in the social network. The proposed methods are independent of the type of the disease and are effective for any viral disease, e.g., Covid-19.

DOI: <https://doi.org/10.22075/jme.2023.30259.2425>

© 2024 Published by Semnan University Press.

This is an open access article under the CC-BY 4.0 license. (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

* Corresponding author.

E-mail address: doost@semnan.ac.ir

How to cite this article:

Doostmohammadian, M., Doustmohamadian, S., Doostmohammadian, N., Doustmohammadian, A., Zarrabi, H., & Rabiee, H. R. (2024). Epidemic modeling and flattening the infection curve in social networks. *Journal of Modeling in Engineering*, 22(76), 155-165. doi: 10.22075/jme.2023.30259.2425

مدلسازی اپیدمی و هموارسازی منحنی همه‌گیری در شبکه‌های انسانی-اجتماعی

محمدرضا دوست محمدیان^{۱*}، ثریا دوست محمدیان^۲، نجمه دوست محمدیان^۳، اعظم دوست محمدیان^۴، هومن ضرابی^۴، حمیدرضا ربیعی^۵

اطلاعات مقاله	چکیده
دریافت مقاله: ۱۴۰۲/۰۱/۰۶	
بازنگری مقاله: ۱۴۰۲/۰۴/۳۱	
پذیرش مقاله: ۱۴۰۲/۰۷/۰۹	
واژگان کلیدی:	
اپیدمی، هموارسازی منحنی همه گیری، شبکه های انسانی-اجتماعی، تئوری گرافها.	در این مقاله، مساله مدلسازی اپیدمی و هموار کردن منحنی همه‌گیری بیماریها در شبکه‌های انسانی-اجتماعی مورد بررسی قرار می‌گیرد. هموارتر کردن نمودار همه-گیری به معنی کند کردن گسترش بیماری و کاهش نرخ انتقال است که با استفاده از فاصله‌گذاری اجتماعی، ایزوله کردن افراد و البته واکسیناسیون انجام می‌شود. روشهای غیردرمانی البته راههای ساده‌تر و سریعتری برای کنترل نرخ گسترش و اپیدمی بیماری هستند. با هدفمندتر کردن این روشهای غیر درمانی برای گروههایی مشخص با مرکزیت بالاتر در ساختار جامعه میتوان به نسبت نمودار هموارتری برای همه‌گیری بیماری مثل کرونا داشت بدون اینکه هزینه های درمانی خاصی تحمیل گردد. هدف در این پژوهش ابتدا مدلسازی مساله اپیدمی و سپس ارایه راهکارها و الگوریتمهای ساختاری بر مبنای ساختار شبکه انسانی اجتماعی به منظور واکسیناسیون هدفمندتر یا روشهای غیردرمانی هدفمندتر برای کاهش پیک بیماری واگیر و هموار کردن منحنی همه‌گیری می‌باشد. این راهکارها براساس ساختار گراف شبکه انسانی-اجتماعی بوده و میتوانند تا حد محسوسی در کاهش نرخ انتقال موثر باشند. بدین منظور تعداد خاصی از نودهای شبکه با مرکزیت بالا ایزوله شده و سپس نمودار همه‌گیری شبکه بررسی می‌شود. این تحقیق نتایج معناداری برای هموار کردن نمودار همه-گیری شبکه تنها با ایزوله کردن درصد کمی از نودهای خاص را نشان می‌دهد. روشهای ارایه شده در این تحقیق مستقل از نوع بیماری بوده و برای انواع بیماریهای واگیردار از جمله کووید-۱۹ موثر است.
DOI: https://doi.org/10.22075/jme.2023.30259.2425	
© 2024 Published by Semnan University Press.	
This is an open access article under the CC-BY 4.0 license. (https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)	

۱- مقدمه

همه‌گیری کرونا تاکنون ۴۲ هزار میلیارد تومان هزینه تنها به نظام سلامت کشور تحمیل کرده است. بدیهی است با روشهای پیشگیرانه و واکسیناسیون هدفمند میتوان درصد بالایی از این هزینه‌ها را که ممکن است در مواجهه پیکها و سوبه‌های جدید کرونا تحمیل شوند، از دوش دولت برداشت. در این بین، روشهای غیر دارویی (non-pharmaceutical)

همه‌گیری و بیماریهای واگیردار، هزینه‌های زیادی به کشور تحمیل میکنند. این در حالی است که با روشهای پیشگیرانه هدفمند تا حد زیادی میتوان از این هزینه‌ها بر کادر درمان و پزشکی کاست. به طوری که به نقل از وزارت بهداشت

* پست الکترونیک نویسنده مسئول: doost@semnan.ac.ir

۱. استادیار، دانشکده مهندسی مکانیک، دانشگاه سمنان

۲. استادیار، دانشگاه علوم پزشکی سمنان

۳. استادیار، مرکز تحقیقات بیماریهای گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی ایران

۴. استادیار، پژوهشگاه مخابرات ایران (ITRC)

۵. استاد، دانشکده مهندسی کامپیوتر، دانشگاه صنعتی شریف

استناد به این مقاله:

دوست محمدیان، محمدرضا، دوست محمدیان، ثریا، دوست محمدیان، نجمه، دوست محمدیان، اعظم، ضرابی، هومن، و ربیعی، حمیدرضا. (۱۴۰۳). مدلسازی اپیدمی و هموارسازی منحنی همه‌گیری در شبکه‌های انسانی-اجتماعی. مدل سازی در مهندسی، ۲۲(۷۶)، ۱۵۵-۱۶۵. doi: 10.22075/jme.2023.30259.2425

مناسبات اجتماعی و تماسهای خود با دیگران قادر به تشخیص مرکزیت اجتماعی نسبی خود بوده و بتواند با قرنطینه فردی و شخصی از افزایش نرخ انتقال بیماری جلوگیری کند. به دلیل مشابه، واکسیناسیون هدفمند براساس موقعیت اجتماعی افراد در جامعه میتواند به طریق موثرتری نرخ انتقال ویروس را کند کرده و پیکهای بیماری را کاهش دهد. استخراج چنین موقعیتهای اجتماعی براساس ساختار شبکه انسانی براساس تحلیل دادههای اپیدمی موجود میتواند تا حد مناسبی به این مساله کمک کنند و از نظر اقتصادی تاثیرات منفی کمتری بر کسب و کارها، خدمات عمومی و خدمات بهداشتی درمانی دارد. این استراتژیها نه تنها برای همهگیری بیماری کرونا بلکه همهگیری بیماریهای ویروسی مشابه را شامل می شود.

پیشینه تحقیق: بررسی و مطالعه دادههای پزشکی و همه گیری به همراه ارایه روشهای پیشگیرانه از قبیل ایزوله کردن، فاصله گذاری اجتماعی، واکسیناسیون برای پیشگیری از پیکهای سویه های جدید کرونا را بیش از پیش مورد توجه قرار داده است. اکثر این روشهای پیشگیرانه به منظور کم کردن نرخ انتقال بیماری، کاهش پیک بیماری (بطور مثال در همه گیری بیماری کرونا) و به اصطلاح هموار کردن منحنی همه گیری بیماری (flattening the infection curve) صورت میگیرد [۱-۲]. به این ترتیب که با شبیه سازی شبکه های انسانی-اجتماعی به صورت گرافی شامل نودهایی که نمایانگر افراد جامعه هستند و تماس افراد و راههای انتقال بیماری به صورت یالهای گراف به مطالعه گسترش ویروس کرونا از یک یا چند نود آلوده به سایر نودها پرداخته می شود. هر چه توزیع نودهای آلوده در طی زمان هموارتر و کشیده تر باشد نشان دهنده کم بودن بار پیک بیماری در طی زمان می باشد [۲-۷].

ترکیبی از مدلهای آماری و احتمالاتی با نام مدلهای بخش بندی (compartmental model) [8,9,10] به همراه ساختار شبکه انسانی-اجتماعی (social network) برای تحلیل گسترش اپیدمی و نحوه قرنطینه و بازگشایی قرنطینه ها در ادبیات مساله مورد بررسی قرار گرفته است. انواع مدلهای احتمالاتی موجود با در نظر گرفتن مواردی همچون ایمن شدن نسبت به ویروس پس از بیماری، مدت زمان ایمنی پس از واکسیناسیون، میزان واگیردار بودن بیماری در صورت تماس و نوع تماس طبقه بندی می شوند [۳-۴]. این مدلها محدود به بیماری کرونا نمی شوند بلکه

هزینه بسیار کمتری از روشهای دارویی (pharmaceutical) به نظام درمان کشور تحمیل میکنند. این روشها شامل پوشیدن ماسک، استفاده از الکل و شستن دستها، و البته ایزوله کردن افراد و فاصله گذاری اجتماعی به عنوان مهمترین روش غیردارویی میشوند. این روشهای غیردارویی ساده نه تنها هزینه چندانی به نظام درمان تحمیل نمیکند بلکه با کاهش پیک جمعیتی افراد بیمار بستری و همچنین به اصطلاح پزشکی تخت کردن منحنی همه گیری (flattening the infection curve) هزینه های وارد بر کادر درمان، بیمارستانها و نظام سلامت را تا حد زیادی کاهش میدهد.

فاصله گذاری اجتماعی و قرنطینه های فردی در کنار رعایت دیگر پروتوکل های بهداشتی از راههای اصلی جلوگیری و کاهش گسترش ویروس کووید-۱۹ و بیماری کرونا می باشد. از طرف دیگر، واکسیناسیون عمومی از مهمترین راهکارهای دارویی و پزشکی برای جلوگیری از این بیماری می باشد. در سالهای اخیر این روشها دو راهکار اصلی فردی در کنار قرنطینه های عمومی برای مبارزه با گسترش این ویروس در کشورهای مختلف بوده است. تحقیقات نشان میدهد در این بین قرنطینه و واکسیناسیون "هدفمند" تا حد محسوسی در کنترل این بیماری و کاهش موارد بستری در بیمارستانها موثر بوده است. یک دلیل این استراتژی های هدفمند کاهش تعداد موارد مثبت در پیک بیماری و کم کردن بار تحمیلی بر سیستم درمان میباشد. به این شکل سیستم و کادر درمانی و بیمارستانها به شکل بهتری قادر به ادامه کار و خدمت رسانی به بیماران خواهند بود.

هدف این پژوهش، مدل کردن مساله اپیدمی و سپس ارایه استراتژی های موثرتر قرنطینه و واکسیناسیون "هدفمند" برای کاهش پیک جمعیتی افراد بیمار بستری و به اصطلاح کشیده تر کردن یا هموار کردن منحنی همه گیری (flattening the infection curve) [۱] با استفاده از مطالعه ساختاری اپیدمی و همه گیری در شبکه های انسانی می باشد. از آنجا که در بسیاری از موارد، قرنطینه عمومی هزینه های بالای اقتصادی به برخی کسب و کارها وارد میکند، قرنطینه های فردی با توجه به موقعیت شغلی و اجتماعی افراد در ساختار جامعه و به اصطلاح مرکزیت اجتماعی (social centrality) میتواند اقدام جایگزین موثری باشد. نکته مهم تعیین مرکزیت افراد به صورت شخصی و محلی است بطوری که هر شخص براساس

هستند. در مقایسه با مدل شبکه بی‌مقیاس در [۱۸] که قابلیت تغییر خوشه‌بندی شبکه را ندارد از مدل شبکه با خوشه‌بندی متغیر در این مقاله استفاده شده است تا اثر خوشه‌بندی بر هموارسازی منحنی اپیدمی بهتر مشخص شود.

۲- مدل کردن اپیدمی در شبکه‌ها

۲-۱- مدل کردن شبکه‌های انسانی-اجتماعی

شبکه به شکل یک گراف با تعداد مشخصی نود (یا گره) و تعدادی لینک (یا یال) که ارتباط دهنده نودها هستند شبیه‌سازی میشوند. در گراف شبکه‌های انسانی-اجتماعی هر نود نماینده یک شخص و هر لینک بین دو نود نماینده ارتباط یا اثرگذاری بین دو شخص می‌باشد. اثرگذاری دو نود میتواند جهتدار یا بدون جهت (دوطرفه) باشد. در لینکهای جهتدار اثرگذاری از سمت یک شخص روی شخص دیگر است (به این معنی که تنها یک شخص روی شخص دیگر اثر میگذارد) و در لینکهای دوطرفه اثرگذاری و ارتباط دو شخص دوطرفه میباشد و از سمت هر دو شخص می‌باشد.

گرافهای رندوم (یا تصادفی) مدل‌های ریاضی هستند که لینک بین نودها را به شکل رندوم مدل میکنند و معروفترین این گرافها برای مدل کردن ارتباطات بین افراد جامعه در شبکه‌های انسانی-اجتماعی با نام شبکه‌های بی‌مقیاس (scale-free) شناخته می‌شوند. در ساختار این نوع گرافها، لینکها با روشهای احتمالاتی بین نودها برقرار می‌شوند به گونه‌ای که توزیع درجه نودها (یا تعداد لینکهای متصل به هر نود) تحت تبدیل مقیاس، بدون تغییر باقی میماند. بی‌مقیاس بودن در این گونه شبکه‌ها به این معناست که با چند برابر کردن متغیر توزیع درجه نودها (مرتبط با احتمال برقراری لینکها)، شکل توزیع تغییر نمی‌کند. نحوه اتصال نودها در یک ساختار بی‌مقیاس بر اساس اتصال ترجیحی (preferential attachment) می‌باشد. معروفترین مدل برای ساخت تصادفی چنین گرافهایی مدل باراباشی-آلبرت می‌باشد [۱۸]. در این مدل احتمال ارتباط یک نود با نودهای دیگر براساس درجه نود می‌باشد. توجه شود که درجه نود براساس تعداد لینکهای متصل به نود تعیین می‌شود و دو نود که با هم مرتبط هستند همسایه نامیده می‌شوند. به این ترتیب نودهای با درجه بیشتر (یا تعداد همسایه‌های بیشتر) با احتمال قویتری به نود جدید وصل می‌شوند. به عبارت دیگر نودهای

سایر بیماریها مثل آنفلوآنزا را هم شامل می‌شوند [۱۱-۱۴]. توجه شود که مدل کردن تعاملات انسانی براساس گرافهای واقعی [۱۵-۱۶] و رندوم [۱۷-۱۹] و سپس آنالیز گسترش اپیدمی یا سایر انواع تغییرات ساختاری بسیار معمول و رایج است. بطور مثال در مرجع [۱۵] با استفاده از موقعیت افراد و تماسهایی که با هم داشته‌اند یک مدل واقعی برای شبکه‌های اجتماعی ارائه شده است که مشابهت‌هایی را با مدل‌های رندوم [۱۷-۱۹] موجود نشان می‌دهد. همچنین مدل‌های احتمالاتی بخش‌بندی بسیاری برای مدل‌سازی نرخ انتقال بیماری بین افراد آلوده و غیر آلوده ارائه شده است [۱، ۸، ۹، ۱۰]. یادآوری می‌شود که مدل‌های بخش-بندی مدل‌سازی ریاضی بیماری‌های واگیردار را ساده می‌کنند. در این مدل‌ها، جمعیت مورد مطالعه به بخش‌های محدودی با برچسب‌هایی مثل S مستعد بیماری، I آلوده یا بیمار تقسیم‌بندی می‌شوند. اعضای جامعه می‌توانند از بخشی به بخش دیگر بروند وضعیتشان تغییر کند. ترتیب این برچسب‌ها در نام‌گذاری این مدل‌ها نشان‌دهنده جریان تغییر وضعیت از بخشی به بخش دیگر است [۱].

مطالعات اخیر روابط معناداری بین گسترش همه‌گیری (بطور مثال اپیدمی کرونا) و ساختار و خصوصیات گراف شبکه انسانی و اجتماعی که ویروس در آنها گسترش می‌یابد را نشان میدهد. مطالعات و تحقیقات اکثرا از دید علم شبکه‌های پیچیده (complex networks) و تئوری گرافها (graph theory) [۱۷-۱۹] همچنین روابط و مشابهت‌های معناداری بین گسترش بیماری‌ها در شبکه‌های انسانی و گسترش ویروسها (وهمچنین بدافزارها) در شبکه‌های اجتماعی سایبری را نشان میدهند. این مشابهتها مربوط به ساختار شبکه‌ها بوده و در عمل تحلیلهای آماری و معادلات ریاضی مشابهی بر آنها حاکم است.

در مقایسه با کارهای قبلی [۱، ۲، ۱۲] که از روش ایزوله کردن (حذف کردن) لینکها برای هموار کردن منحنی اپیدمی استفاده می‌کنند در این مقاله از روش ایزوله کردن نودها استفاده شده است. به عبارت دیگر، این مقاله واکنش‌ناسیون یا قرنطینه افراد را شبیه‌سازی میکند ولی مقاله [۱، ۲، ۱۲] فاصله‌گذاری اجتماعی را شبیه‌سازی می‌کنند. در مقایسه با مدل‌های احتمالاتی استفاده شده در [۹، ۴، ۸] از مدل مستعد-آلوده (susceptible-infected) در این مقاله استفاده شده است به این معنی که افراد جامعه یا در حالت مستعد بیماری هستند یا آلوده به بیماری

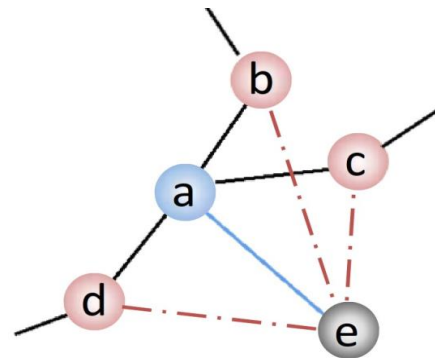
اندازه می‌گیرد. ضریب خوشگی سراسری بر پایه یک سه تایی از گره‌ها تعریف می‌شود. یک سه تایی متشکل از سه گره متصل به هم است و بنابراین یک مثلث شامل سه سه‌تایی است که هر یک به مرکزیت یکی از گره‌ها است. ضریب خوشگی نسبت تعداد کل سه‌تایی‌های بسته (یا سه برابر تعداد کل مثلث‌ها) به تعداد کل سه‌تایی‌هاست (سه‌تایی‌های باز و بسته). در یک شبکه انسانی دارای مفهوم مشخصی است. به این معنی که در شبکه با ضریب خوشگی بالا اگر دو شخص دارای یک همسایه (یا دوست) مشترک باشند به احتمال بیشتری با یکدیگر همسایه (دوست) هستند و بالعکس در شبکه انسانی با ضریب خوشگی پایین دو شخص با همسایه (دوست) مشترک با احتمال کمتری در ارتباط هستند. در مورد ضریب خوشگی مراجع [۲۱] و [۲۲] جزییات بیشتر و اطلاعات مناسبتری می‌دهند.

۲-۲- مدل کردن اپیدمی

برای مدل کردن اپیدمی از مدل شبکه بی‌مقیاس بدون جهت (با ارتباطات دوطرفه) برای شبکه انسانی-اجتماعی استفاده شده است. هدف مدل کردن نحوه انتقال آلودگی نودها (بیماری یا ویروس) از یک نود آلوده مرجع است. در هر پله زمانی نود آلوده تمام نودهای همسایه خود را آلوده میکند و سپس نودهای همسایه آلوده شده همسایه‌های خود را آلوده میکنند و به این ترتیب بیماری پله به پله از یک نود آلوده در طی زمان به نودهای دیگر منتقل می‌شود. رابطه بین زمان آلوده شدن نودهای جدید نسبت به نود مرجع با مفهوم کوتاه‌ترین مسیر در گراف (shortest path) ارتباط دارد. مسیر بین دو نود در یک گراف به معنی یالهای متصل کننده دو نود در گراف هستند و طول این مسیر تعداد یالهایی است که باید از آن عبور کرد تا از یک نود به نود دیگر رسید. به عبارت دیگر دنباله‌ای از نودهای دوبه دو متمایز که از نود u شروع و به نود v ختم می‌شود به طوری که هر دو رأس متوالی این دنباله در گراف مجاور یا همسایه هم باشند. طول یک مسیر برابر است با تعداد یال‌های موجود در آن مسیر (یکی کمتر از تعداد رؤس موجود در آن مسیر. مسیر بین دو نود به طور کلی یکتا نیست و کوتاه‌ترین این مجموعه یالها (یا مجموعه نودها) به عنوان کوتاه‌ترین مسیر شناخته میشود.

در ادامه دو مثال ساده برای روشن شدن بهتر مساله و

با درجه بیشتر دارای مرکزیت بالاتری در گراف هستند. در شبکه‌های انسانی این اتصال ترجیحی به این معنی است که افراد جدید ترجیح می‌دهند با افراد قدیمی که تعداد دوستان بیشتری دارند دوست شوند. در مدل هولم-کیم نمونه‌ای دیگر از ساز و کارهای پیشنهادی برای ایجاد شبکه‌های بی‌مقیاس است [۱۹]. در این مدل علاوه بر اتصال ترجیحی افزایش خوشه‌بندی (clustering) شبکه نیز مدنظر است. به این منظور علاوه بر اتصال ترجیحی نودها تمایل به اتصال سه تایی یا مثلث (triad) دارند. به عبارت دیگر هر نود علاوه بر اتصال به نودهای دارای مرکزیت و درجه بالاتر به یک یا چندتا از همسایه‌های این نودها نیز متصل می‌شود. این اطلاعات در شکل (۱) به اختصار توضیح داده شده است. در شبکه انسانی این روش به این معنی است که نودها پس از ارتباط با افراد با تعداد دوستان بالا ترجیحاً با یک یا چند دوست فرد مذکور نیز دوست می‌شوند.

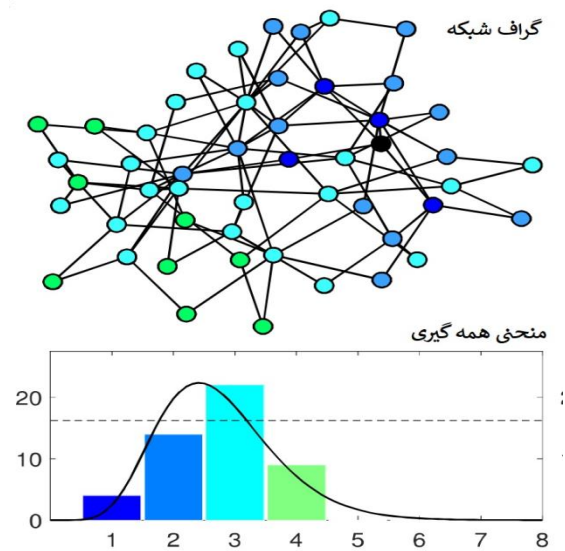


شکل ۱- احتمال اتصال نود جدید مشکی e به نودهای موجود متناسب با درجه نودهاست. با توجه به اینکه درجه نودهای قرمز b, c, d برابر ۲ و درجه نود آبی a برابر ۳ است ترجیح (و احتمال) اتصال نود مشکی به نود آبی ۱.۵ برابر نودهای قرمز است. این اصل با عنوان اتصال ترجیحی شناخته می‌شود. برای افزایش خوشه‌بندی پس از اتصال نود مشکی به نود آبی با درجه بالا، نود جدید مشکی به یکی از همسایه‌های قرمز این نود نیز متصل می‌شود تا یک مثلث یا سه تایی تشکیل شود. به این اتصال تشکیل سه گانه (triad) گفته می‌شود [۲۰].

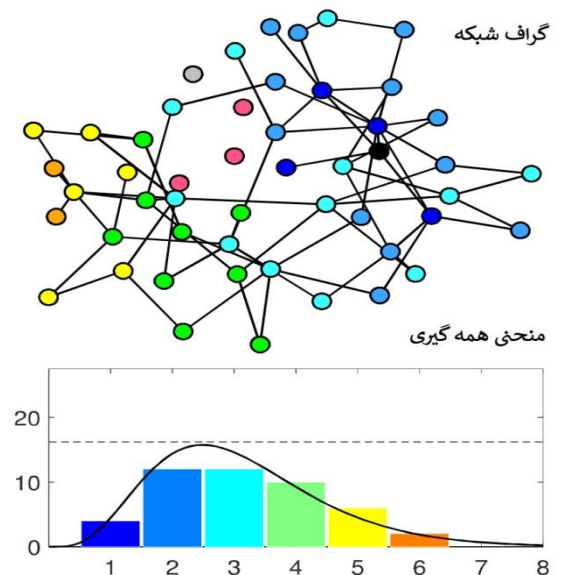
مدل هولم-کیم بیشتر به شبکه‌های انسانی-اجتماعی واقعی نزدیک است چرا که بر خلاف مدل باراباشی-آلبرت، مدل هولم-کیم شبکه‌هایی با ضریب خوشگی (clustering coefficient) بالاتری تولید می‌کند.

ضریب خوشگی در یک شبکه معیاری است که درجه گره‌ها در یک گراف که تمایل به ایجاد یک خوشه با هم دارند را

در شکل (۳) تا حد محسوسی کشیده‌تر و هموارتر شده و مسیر انتقال ویروس از نود (شخص) آلوده به سایر نودها (اشخاص جامعه) تا حد محسوسی طولانی‌تر شده است. به این ترتیب پیک منحنی انتقال ویروس یا همان منحنی همه‌گیری (infection curve) کاهش یافته و در زیر خط فرضی نشانگر ظرفیت مراکز خدماتی بهداشتی درمانی قرار گرفته است.



شکل ۲- انتقال بیماری از نود آلوده (به رنگ مشکی) به نودهای همجوار. نودهای هم‌رنگ دارای فاصله ساختاری مشابهی (از دید گراف شبکه) از نود آلوده هستند.



شکل ۳- انتقال بیماری از نود آلوده (به رنگ مشکی) به نودهای همجوار. نودهای هم‌رنگ دارای فاصله ساختاری مشابهی (از دید گراف شبکه) از نود آلوده هستند. با ایزوله کردن تنها سه نود قرمز (با مرکزیت بالا در شبکه) منحنی همه‌گیری هموارتر شده است و زیر خط فرضی ظرفیت درمانی قرار گرفته است.

راهکار پیشنهادی آمده است. در شکل (۲) با داشتن گراف یک شبکه انسانی-اجتماعی منحنی همه‌گیری شبکه براساس کوتاه‌ترین مسیر (فاصله) نودها از نود آلوده مشخص شده است. نودهای هم‌رنگ دارای فاصله یکسان (فاصله از لحاظ تعداد یالها) از نود آلوده به رنگ مشکی هستند. این نودهای هم‌رنگ در فاصله زمانی یکسانی نسبت به نود آلوده قرار دارند و با آلوده شدن این نودها نمودار همه‌گیری براساس تعداد نودهای آلوده شده در فاصله یکسان از نود آلوده مرجع قابل رسم است. در واقع نودهای هم‌رنگ در کوتاه‌ترین مسیر یکسانی از نود مرجع یا ریشه قرار دارند. در نمودار میله‌ای رنگ هر میله براساس رنگ نودها در شبکه مشخص شده است. با فرض اینکه شبکه نودها شبکه بی-مقیاس scale-free باشد توزیع نمودار میله ای کوتاه‌ترین مسیر نودها به شکل توزیع تابع گاما خواهد بود. با پوشاندن (fit) توزیع گاما به نمودار میله‌ای کوتاه‌ترین مسیر نودها می‌توان نمودار همه‌گیری (infection curve) شبکه را یافت. در صورت بالاتر بودن این منحنی از خط فرضی ظرفیت مراکز خدماتی بهداشتی درمانی (خط نقطه چین در شکل) فشار زیادی به این مراکز برای پوشش و درمان بیماران وارد می‌شود. مدل موجود در این مقاله بر اساس تئوری گرافها و مدل بخش‌بندی (compartmental) [۱] برای اپیدمی استفاده شده است. مدل آسیب‌پذیر-آلوده یا مستعد-بیمار (susceptible-infected) که در این مقاله استفاده شده یکی از مدل‌های معروف در اپیدمیولوژی است که البته مشابهت‌هایی هم با مدل‌های گسترش ویروس در فضای مجازی دارد. در مدل آسیب‌پذیر-آلوده استفاده شده، نرخ انتقال بسیار بالا در نظر گرفته شده است. به این معنی که تمام همسایه‌های نود آلوده در مرحله بعدی با نرخ احتمال ۱ آلوده می‌شوند و به این ترتیب نرخ انتقال در مدل آسیب‌پذیر-آلوده نزدیک ۱ در نظر گرفته شده است.

یک مثال ساده برای هموار کردن این منحنی همه‌گیری ایزوله کردن تعدادی از نودهاست. بطور مثال با قرنطینه هدفمند تنها ۳ نود قرمز (۶ درصد افراد جامعه هدف) می‌توان ارتباط این نودها با سایر نودهای شبکه را قطع کرد. این موضوع با حذف یالهای نودهای قرمز در شکل (۳) نشان داده شده است که باعث افزایش طول کوتاه‌ترین مسیر بین اکثر نودهای شبکه با نود آلوده میشود. به این ترتیب نودهای بیشتری در فاصله دورتری (کوتاه‌ترین مسیر بزرگتر) از نود آلوده قرار می‌گیرند و منحنی انتشار ویروس

۳- مدل هموار کردن منحنی همه گیری

۳-۱- معیارهای مرکزیت

معیارهای مرکزیت (centrality measures) کمیت‌هایی برای مشخص کردن میزان اهمیت نودها در شبکه هستند. به عبارت دیگر این معیارها مهم بودن یا مهم نبودن یک نود را برای یک ماربرد و هدف خاص در شبکه‌های انسانی-اجتماعی مشخص می‌کنند. معیارهای مختلفی برای نشان دادن میزان اهمیت نودها براساس موقعیت ساختاری نود در گراف شبکه ارایه شده است که در ادامه لیستی از این معیارها آورده شده است. در این مقاله این معیارها برای انتخاب نودهای هدف برای ایزوله کردن (یا قرنطینه کردن) مورد استفاده قرار می‌گیرند. تعدادی از این معیارها در مرجع [۳] و مقاله مروری [۲۳] لیست شده اند.

درجه (degree): برابر است با تعداد یال‌هایی از گراف که به یک نود متصل‌اند یا به عبارتی تعداد همسایه‌ها (نودهای مجاور) یک نود. برای نود i درجه نود با $d(i)$ مشخص می‌شود.

نزدیکی (closeness): برابر است با عکس فاصله یا کوتاهترین مسیر یک نود تا نودهای دیگر. نودی که بیشترین مقدار نزدیکی را دارد سرعت دسترسی بیشتری به نودهای دیگر دارد و میتواند در مدت زمان کمی به همه نودها اطلاعات بدهد یا (در این مقاله) بیماری را منتقل کند.

بینابینی (betweenness):

برابر است با نسبت تعداد دفعاتی که یک نود روی کوتاه ترین مسیر نودهای دیگر قرار می‌گیرد. در واقع این معیار اهمیت نسبی یک نود را با استفاده از ترافیکی که آن نود بین بقیه نودها ایجاد کرده بیان می‌کند که این مقدار برابر است با تقسیم تعداد مسیرها بین تمام جفت نودها بر تمام مسیرها بین جفت نودهایی که نود مورد نظر را دربردارند. در واقع این معیار مشخص میکند که چه تعداد از نودهای شبکه برای ارتباط سریعتر باهم (با واسطه کمتر) به این نود نیاز دارند.

بوناچیچ (Bonacich): این معیار $E(i)$ با عنوان بردار ویژه (eigen centrality) هم شناخته می‌شود و مقدار آن با استفاده از ماتریس مجاورت (adjacency matrix) شبکه بدست می‌آید [۲۴]. در واقع E بردار ویژه چپ مربوط به بزرگترین مقدار ویژه ماتریس مجاورت است. اگر نودی به نودهای با مرکزیت بالا متصل باشد تحت تاثیر آن اهمیت

یا مرکزیت نود مذکور نیز بالا می‌رود. این معیار در واقع با روشی تکراری مرکزیت نودهای مجاور یا همسایه را نیز در نظر می‌گیرد.

کاتز (Katz): طبق این معیار یک نود ارزش بالایی دارد اگر هم خودش درجه بالایی داشته باشد و به نودهای با درجه بالا مرتبط باشد و آن نودهای مجاور خود به نودهای با درجه بالا متصل باشند و به همین ترتیب ارتباط با نودهای دورتر اثرگذار است. در این معیار نودهای در فاصله دورتر با یک ضریب مثلا a شمرده می‌شوند. به عبارت دیگر از جمع تمام مسیرهای ژئودسی (geodesic) بین آن نود و تمام نودهای قابل دسترس به آن بدست می‌آید. این مسیرها وزن دار می‌باشند به طوری که وزن مسیرهایی که همسایه مجاور را به آن نود وصل می‌کنند بزرگتر از وزن مسیرهایی است که همسایه‌های دورتر را به آن نود وصل می‌کنند [۲۵].

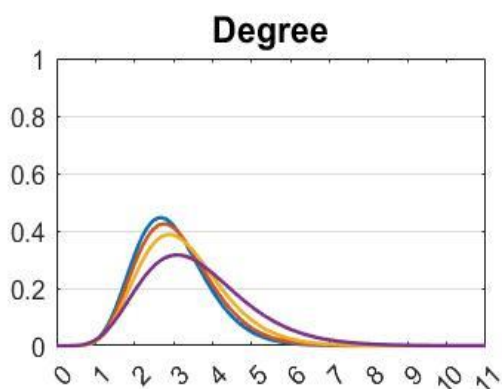
رتبه پیج (Page rank):

در این معیار ابتدا به همه ندها ارزش یکسانی داده می‌شود و سپس هر نود ارزش خود را به نسبت مساوی بین همسایگانش تقسیم میکند و ارزش جدید هر نود برابر است با مجموع امتیازاتی که نودهای همسایه به آن میدهند. این پروسه تا زمانی که تمام امتیازات نودها همگرا شوند ادامه پیدا می‌کند و در نهایت امتیاز هر نود برابر است با رتبه پیج آن نود. این معیار در واقع هم درجه نود و هم یکتا بودن لینکهای متصل به آن نود را ترتیب اثر می‌دهد. به عبارت دیگر نود i دارای رتبه پیج بالایی است اگر نودهای همسایه اش j دارای مرکزیت بالایی باشند و نود i یکی از معدود همسایه‌های نود j باشد [۲۶].

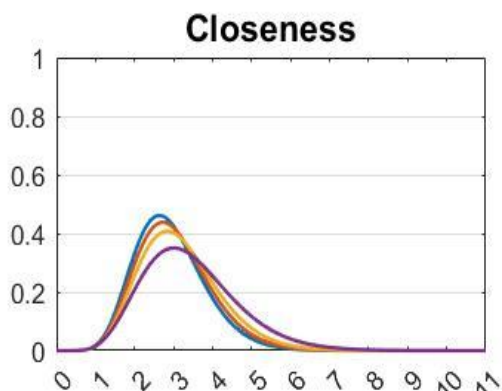
نیروی مورد انتظار (expected force): این معیار که براساس آنروپی تعریف شده به صورت خاص برای مساله اپیدمی ارائه شده است [۲۷]. ارزش یک نود طبق این معیار براساس تعداد موردانتظار نیروی انتقال بیماری (force of infection) بعد از دو پله اثرگذاری و انتقال بیماری از نود موردنظر (آلوده) تعریف می‌شود. در این معیار درجه یک نود نیز دخیل می‌شود و بطور کلی یک نود با درجه کم ممکن است ارزش بالایی داشته باشد در صورتی که با نودهای با درجه بالا در ارتباط باشد.

این معیارها را میتوان به صورت کلی یا به صورت محلی در هر نود محاسبه کرد (بطور مثال با استفاده از استراتژی رندوم [۲۸]).

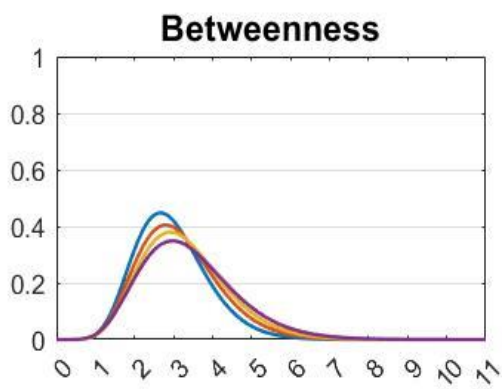
در شکل (۶)، براساس معیار بینابینی در شکل (۷)، براساس معیار بوناچیچ در شکل (۸)، براساس معیار کاتز در شکل (۹)، براساس معیار رتبه پیچ در شکل (۱۰)، و براساس معیار نیروی مورد انتظار در شکل (۱۱) آمده است. توجه کنید که نمودارها برای شبکه‌های بی‌مقیاس با خوشه‌بندی‌های مختلف تکرار شده است تا اثر خوشه‌بندی هم در ایزوله کردن مشخص شود.



شکل ۵- هموار کردن نمودار همه‌گیری با ایزوله کردن ۳٪ نودهای مهم براساس معیار درجه



شکل ۶- هموار کردن نمودار همه‌گیری با ایزوله کردن ۳٪ نودهای مهم براساس معیار نزدیکی

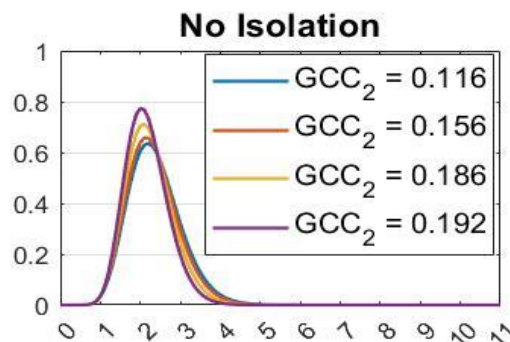


شکل ۷- هموار کردن نمودار همه‌گیری با ایزوله کردن ۳٪ نودهای مهم براساس معیار بینابینی

پس از تعیین مرکزیت نودها هدف بعدی ایزوله کردن نودهای با مرکزیت بالا براساس این معیارها می‌باشد.

۳-۲- ایزوله کردن نودها

برای هموار کردن منحنی همه‌گیری باید نودهای با اهمیت بالا از لحاظ اپیدمیولوژیکی را ایزوله یا قرنطینه کرد تا نرخ انتقال بیماری را در شبکه با افزایش طول مسیر انتقال بیماری، کند کرد. به عبارت دیگر با قرنطینه کردن نودهایی که دارای مرکزیت بالایی هستند طول کوتاه‌ترین مسیر بین نودها در شبکه افزایش می‌یابد و مسیر انتقال بیماری بین نودها طولانی‌تر شده و در نتیجه نمودار همه‌گیری هموارتر می‌شود. مثالی از هموارتر کردن نمودار همه‌گیری در شبکه با ایزوله کردن نودها پیشتر در شکل (۳) ارایه شد. در این بخش برای ایزوله کردن نودها انواع معیارهای مرکزیت مورد بررسی قرار می‌گیرند. به این ترتیب که تعداد معینی از نودهای با مرکزیت بالا ایزوله شده و لینکهای ارتباطی آنها با نودهای دیگر قطع می‌شود. سپس اثر ایزوله کردن روی منحنی همه‌گیری با شبیه‌سازی مونته کارلو (Monte-Carlo) بررسی می‌شود. برای این منظور شبکه‌های بی-مقیاس با تعداد ۲۰۰ نود براساس مدل باراباشی-آلبرت و مدل هولم-کیم با ضرایب خوشه‌بندی (clustering coefficient) مختلف در نظر گرفته می‌شود. نمودار همه-گیری برای ۱۰ شبکه بی‌مقیاس میانگین‌گیری مونته کارلو می‌شود. این نمودار در شکل (۴) آمده است. توجه شود که در این مرحله هنوز ایزوله کردن نودها صورت نگرفته است.



شکل ۴- شبیه‌سازی مونته کارلو نمودار همه‌گیری برای ضرایب خوشه‌بندی سراسری (GCC) مختلف

در مرحله بعد تعداد ۳٪ نودها براساس معیارهای مرکزیت مختلف ایزوله می‌شوند و نمودار همه‌گیری برای همان ۱۰ شبکه بی‌مقیاس میانگین‌گیری مونته کارلو می‌شود. به این ترتیب نمودار همه‌گیری هموار شده (بعد از ایزوله کردن) براساس معیار درجه در شکل (۵)، براساس معیار نزدیکی

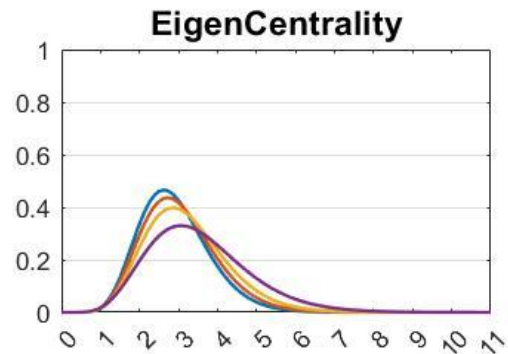
همانطور که مشاهده میشود، در مقایسه شکل‌های (۵) تا (۱۱) که نمودار را بعد از ایزوله کردن نشان میدهند با شکل (۴) که در آن هیچ ایزوله کردنی صورت نگرفته است، نمودارهای همه‌گیری تا حد محسوسی هموار شده‌اند. نکته جالب اینکه نمودارهای مربوط به شبکه‌های بی‌مقیاس با خوشه‌بندی بالاتر به نسبت بیشتری هموار شده‌اند. همچنین هر دو دسته معیارهای بر مبنای درجه و بر مبنای مسیر معیارهای مناسبی برای انتخاب نودهای هدف برای ایزوله کردن (قرنطینه) هستند.

برای ارزیابی یک شاخص برای مقایسه منحنی‌ها مقدار پیک منحنی پیش از نرمالیزه کردن در جدول ۱ آمده است. در این جدول اعداد نشان داده شده مقدار بیشترین تعداد بیمار قبل و بعد از ایزوله کردن (یا واکسیناسیون) نودهای هدف بر اساس معیارهای مختلف مرکزیت را نشان میدهد. مقدار نرمالیزه شده این مقادیر (پس از تقسیم بر تعداد کل مسیرهای انتقال بیماری) به شکل منحنی‌های توزیع احتمالاتی در شکل‌های (۴) تا (۱۱) به نمایش گذاشته شده است. همانطور که از جدول ۱ مشخص است مقدار پیک بیماری تا حد محسوسی بعد از ۳٪ ایزولاسیون نودها کاهش پیدا کرده است و این کاهش برای شبکه‌های با خوشه‌بندی بالاتر محسوس‌تر و مشخص‌تر است.

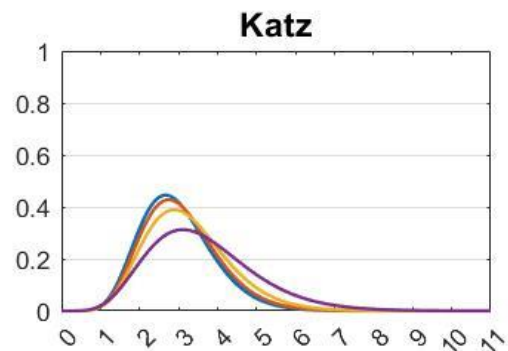
جدول ۱- پیک بیماری بدون ایزوله کردن و با روشهای ایزوله کردن متفاوت برای مقادیر مختلف خوشه‌بندی

	0.116	0.156	0.186	0.192
GCC	6137	6716	7731	8582
None	6137	6716	7731	8582
Deg	4124	3413	2932	2456
Clos	4113	3631	3088	2662
Bet	4139	3601	3090	2342
Eig	4147	3621	3015	2598
Katz	4125	3426	2943	2496
Page	4117	3400	2925	2415
Exf	4125	3423	2947	2499

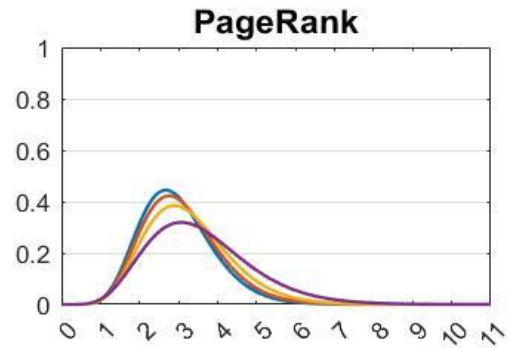
توجه شود که ایزوله کردن نود در گراف به معنی حذف راه‌های انتقال بیماری از این نود به نودهای همسایه است. در دنیای واقعی در این مورد میتوان از واکسیناسیون هدفمند نیز استفاده کرد، به این معنی که با واکسیناسیون فرد لینک‌های انتقال بیماری به همسایه‌ها و اطرافیان از فرد واکسینه شده (به جای ایزوله کردن و قرنطینه) تا حد خوبی



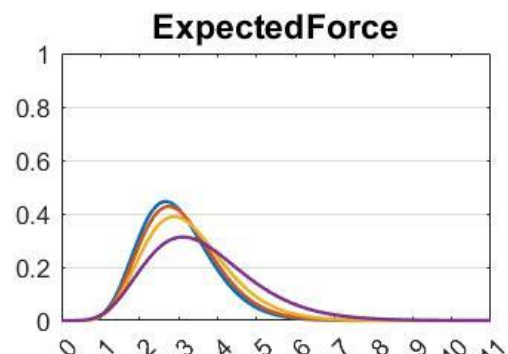
شکل ۸- هموار کردن نمودار همه‌گیری با ایزوله کردن ۳٪ نودهای مهم براساس معیار بوناچیچ



شکل ۹- هموار کردن نمودار همه‌گیری با ایزوله کردن ۳٪ نودهای مهم براساس معیار کاتز



شکل ۱۰- هموار کردن نمودار همه‌گیری با ایزوله کردن ۳٪ نودهای مهم براساس معیار رتبه پیج



شکل ۱۱- هموار کردن نمودار همه‌گیری با ایزوله کردن ۳٪ نودهای مهم براساس معیار نیروی موردانتظار

با ایزوله کردن تعدادی از نودها و حذف لینکهای این نودها مساله قرنطینه اشخاص یا واکسیناسیون اشخاص شبیه-سازی می‌شود. با استفاده از این شبیه‌سازی‌ها می‌توان انواع روشها برای انتخاب نودهای هدف ایزولاسیون را بررسی کرد. روش پیشنهادی در این مقاله استفاده از معیارهای مرکزیت است که نودها را براساس اهمیت رتبه‌بندی می‌کند و سپس نودهای با اهمیت بالا ایزوله می‌شوند. این نوآوری امکان بررسی انواع معیارهای مرکزیت را فراهم می‌کند. نوآوری بعدی امکان بررسی شبکه‌ها با خوشه‌بندی‌های متفاوت است. به این ترتیب که با تغییر خوشه‌بندی شبکه مساله هموار کردن منحنی اپیدمی با استفاده از معیارهای مرکزیت مختلف بررسی می‌شود. نتیجه جالب این که شبکه‌های با خوشه‌بندی بالاتر با استفاده از این روش ایزوله کردن نودهای با مرکزیت بالا نتیجه بهتر و منحنی اپیدمی هموارتری می‌دهد.

حذف می‌شود. به عبارت دیگر، بطور مثال در مورد نود ایزوله شده در گراف با رعایت کامل پروتوکلهای بهداشتی، فاصله‌گذاری اجتماعی و یا واکسیناسیون راههای انتقال بیماری به اطرافیان (نودهای همسایه در گراف) حذف شده اند و امکان انتقال بیماری از آن نود به نودهای دیگر همسایه‌اش وجود ندارد. توجه شود که این مقاله صرفاً به مساله بیماری کرونا نمی‌پردازد بلکه هر نوع اپیدمی را شامل می‌شود.

۳-۳- نوآوری‌ها

بطور کلی نوآوریهای این مدل در ارایه یک مدل ریاضی با استفاده از تئوری گرافها برای گسترش یک بیماری در شبکه‌های انسانی-اجتماعی و مساله هموار کردن منحنی همه‌گیری در شبکه است. این مدل امکان بررسی گسترش انواع بیماری‌ها در انواع شبکه‌ها را میدهد و یک مدل بسیار کلی است. نوآوری بعدی در ارایه یک روش برای هموار کردن منحنی همه‌گیری مدل شده است. به این ترتیب که

مراجع

- [1] P. Block, M. Hoffman, I.J. Raabe, J.B. Dowd, C. Rahal, R. Kashyap, and M.C. Mills. "Social network-based distancing strategies to flatten the COVID-19 curve in a post-lockdown world." *Nature human behaviour* 4, no. 6 (2020): 588-596.
- [2] A. Reyna-Lara, . Soriano-Paños, S. Gómez, C. Granell, J.T. Matamalas, B. Steinegger, A. Arenas, and J. Gómez-Gardeñes. "Virus spread versus contact tracing: Two competing contagion processes." *Physical Review Research* 3, no. 1 (2021): 013163.
- [3] M. Doostmohammadian, H.R. Rabiee, and U.A. Khan. "Centrality-based epidemic control in complex social networks." *Social Network Analysis and Mining* 10 (2020): 1-11.
- [4] C. Nowzari, V.M. Preciado, and G.J. Pappas. "Analysis and control of epidemics: A survey of spreading processes on complex networks." *IEEE Control Systems Magazine* 36, no. 1 (2016): 26-46.
- [5] S. Chang, E. Pierson, P.W. Koh, J. Gerardin, B. Redbird, D. Grusky, and J. Leskovec. "Mobility network models of COVID-19 explain inequities and inform reopening." *Nature* 589, no. 7840 (2021): 82-87.
- [6] A. Araivanov. "A social network model of COVID-19." *Plos one* 15, no. 10 (2020): e0240878.
- [7] W.P. Brandon. "Flattening epidemic curves and Covid-19: policy rationales, inequality, and racism." *Journal of Health Care for the Poor and Underserved* 33, no. 3 (2022): 1700-1714.
- [8] F. Brauer. "Compartmental models in epidemiology." *Mathematical epidemiology* (2008): 19-79.
- [9] F. Brauer, C. Castillo-Chavez, and Z. Feng. *Mathematical models in epidemiology*. Vol. 32. New York: Springer, 2019.
- [10] G.O. Fosu, J.M. Opong, and J.K. Appati. "Construction of compartmental models for COVID-19 with quarantine, lockdown and vaccine interventions." *Lockdown and Vaccine Interventions* (April 12, 2020) (2020).
- [11] N.M. Ferguson, D.A. Cummings, C. Fraser, J.C. Cajka, P.C. Cooley, and D.S. Burke. "Strategies for mitigating an influenza pandemic." *Nature* 442, no. 7101 (2006): 448-452.
- [12] R.J. Glass, L.M. Glass, W.E. Beyeler, and H.J. Min. "Targeted social distancing designs for pandemic influenza." *Emerging Infectious Diseases* 12, no. 11 (2006): 1671.
- [13] C.I. Siettos, and L. Russo. "Mathematical modeling of infectious disease dynamics." *Virulence* 4, no. 4 (2013): 295-306.

- [14] D. Bell, A. Nicoll, K. Fukuda, P. Horby, A. Monto, F. Hayden, C. Wylks, L. Sanders, and J. Van Tam. "Non-pharmaceutical interventions for pandemic influenza, national and community measures." *Emerging Infectious Diseases* 12, no. 1 (2006): 88-94.
- [15] P. Klepac, S. Kissler, and J. Gog. "Contagion! the bbc four pandemic—the model behind the documentary." *Epidemics* 24 (2018): 49-59.
- [16] J.A. Firth, J. Hellewell, P. Klepac, S. Kissler, A.J. Kucharski, and L.G. Spurgin. "Using a real-world network to model localized COVID-19 control strategies." *Nature Medicine* 26, no. 10 (2020): 1616-1622.
- [17] R. Toivonen, J.P. Onnela, J. Saramäki, J. Hyvönen, and K. Kaski. "A model for social networks." *Physica A: Statistical mechanics and its applications* 371, no. 2 (2006): 851-860.
- [18] A.L. Barabási, and R. Albert. "Emergence of scaling in random networks." *Science* 286, no. 5439 (1999): 509-512.
- [19] P. Holme, and B.J. Kim. "Growing scale-free networks with tunable clustering." *Physical Review E* 65, no. 2 (2002): 026107.
- [20] M. Doostmohammadian, and U.A. Khan. "On the controllability of clustered Scale-Free networks." *Journal of Complex Networks* 8, no. 1 (2020): cnz014.
- [21] S. Wasserman. "Social network analysis: Methods and applications." *The Press Syndicate of the University of Cambridge* (1994).
- [22] R.D. Luce, and A.D. Perry. "A method of matrix analysis of group structure." *Psychometrika* 14, no. 2 (1949): 95-116.
- [23] L. Lü, D. Chen, X.L. Ren, Q.M. Zhang, Y.C. Zhang, and T. Zhou. "Vital nodes identification in complex networks." *Physics Reports* 650 (2016): 1-63.
- [24] P. Bonacich, and P. Lloyd. "Eigenvector-like measures of centrality for asymmetric relations." *Social Networks* 23, no. 3 (2001): 191-201.
- [25] L. Katz. "A new status index derived from sociometric analysis." *Psychometrika* 18, no. 1 (1953): 39-43.
- [26] A. Arasu, J. Novak, A. Tomkins, and J. Tomlin. "PageRank computation and the structure of the web: Experiments and algorithms." In *Proceedings of the eleventh international World Wide Web conference, poster track*, pp. 107-117. 2002.
- [27] G. Lawyer. "Understanding the influence of all nodes in a network." *Scientific Reports* 5, no. 1 (2015): 8665.
- [28] M. Doostmohammadian, S. Pourazarm, and U.A. Khan. "Distributed algorithm for shortest path problem via randomized strategy." In *Proceedings of the 11th IEEE International Conference on Networking, Sensing and Control*, pp. 463-467. IEEE, 2014.