

УДК 519.876.5

## МОДЕЛИРОВАНИЕ ЭПИДЕМИИ С ПОМОЩЬЮ КЛЕТОЧНЫХ АВТОМАТОВ

канд. техн. наук, доц. А.Ф. ОСЬКИН  
(Полоцкий государственный университет);

Д.А. ОСЬКИН  
(Белорусский государственный экономический университет, Минск)

*Рассматривается технология построения модели распространения эпидемии с помощью клеточных автоматов. Приведены краткие сведения по истории становления данной технологии моделирования. Указано, что в качестве среды для построения модели выбран табличный процессор Microsoft Excel, проанализированы достоинства и недостатки такого выбора. Описана SIR-модель распространения эпидемии и показано как она реализуется в среде Microsoft Excel. Рассмотрены результаты моделирования по различным сценариям.*

**Ключевые слова:** клеточные автоматы, Microsoft Excel, SIR-модель распространения эпидемии.

**Введение.** Вспышка коронавирусной инфекции была зарегистрирована в декабре 2019 г. в Ухане (Китайская Народная Республика). Всемирная организация здравоохранения объявила ее чрезвычайной ситуацией в области здравоохранения уже 30 января 2020 г., а 11 марта эпидемия, начавшаяся в Китае, была признана пандемией.

Пандемия вызвала серьезные социально-экономические последствия. Так, она стала причиной крупнейшей мировой рецессии после Великой депрессии – мирового экономического кризиса, начавшегося в октябре 1929 г. в США и продолжавшегося до 1939 г. Было отменено или перенесено множество культурных, научных, спортивных, политических, религиозных мероприятий. Высшие учебные заведения, а также колледжи и школы были закрыты на карантин и переведены на дистанционную форму обучения.

В связи с вышеизложенным вполне естественно представляется огромный интерес, который проявляет мировая научная общественность к изучению и моделированию распространения коронавирусной инфекции. Так, на информационном ресурсе <https://kaggle.com>, созданном и запущенном корпорацией Google LLC, организована платформа для размещения компьютерных программ, моделирующих динамику распространения инфекции и прогнозирующих ее последствия.

На платформе в открытом доступе находятся верифицированные наборы данных по динамике распространения коронавируса в различных странах, и каждый желающий может воспользоваться этими наборами при построении своей модели пандемии. Можно также разместить здесь свою программу моделирования, которую по достоинству смогут оценить все члены научного сообщества.

Существует множество подходов к реализации компьютерной модели распространения эпидемии. Преобладают модели, в основе которых лежат системы обыкновенных дифференциальных уравнений. Чаще всего для построения моделей используются программные продукты, реализующие принципы системной динамики: iThink, Dynamo, Stella, PowerSim, российская программная система AnyLogic.

Самыми распространенными моделями являются модели SIR (аббревиатура от англ. Susceptible, Infected, Recovered – *Восприимчивые, Инфицированные, Выздоровевшие*). Население в таких моделях делится на три части – восприимчивые к заболеванию, заразившиеся (инфицированные) и выздоровевшие. В процессе моделирования люди переходят из состояния в состояние, пока эпидемия не закончится.

В отличие от подходов к моделированию, описанных выше, мы будем моделировать процессы развития эпидемии, основываясь на других принципах. В основе нашей модели лежат клеточные автоматы.

**Клеточные автоматы.** Клеточным автоматом называется структура, состоящая из множества однородных элементов, для каждого из которых заданы состояния и правила поведения. Правила определяют, как будет меняться поведение каждого элемента в зависимости от состояния соседних элементов и времени. Причем как время, так и состояния элементов меняются дискретно.

Создателем клеточных автоматов является J. von Neumann, предложивший использовать их для формального моделирования механизмов самовоспроизведения [1]. В конце 1940-х – начале 1950-х годов он разработал пять теоретических моделей самовоспроизводящихся клеточных автоматов, реализовать которые не удалось, так как они оказались слишком сложными для того времени.

Свой вклад в теорию построения клеточных автоматов внес и E. Codd [2], широко известный как автор реляционной модели хранения данных. Однако и его модель не была реализована.

Основываясь на работах E. Codd, в начале 1970-х годов J. Conway построил клеточную модель, получившую название Game of Life (игра «Жизнь»). Модель имитировала поведение популяции примитивных организмов в однородной среде и получила широкую популярность.

Также вклад в развитие математической теории, описывающей поведение клеточных автоматов, внесли такие ученые, как А. Burks [3], V. Aladyev [4], T. Vollmar [5], A. Smith III [6]. Завершил построение теории S. Wolfram [7], разработавший принципы и построивший первую классификацию клеточных автоматов.

**Табличный процессор Microsoft Excel как среда моделирования.** Табличный процессор Excel является мощным инструментальным средством реализации вычислительных алгоритмов. Нам известен подход к решению вычислительных задач в среде Excel, который авторы В.И. Аникин, О.В. Аникина называют алгоритмическим табличным моделированием (АТМ), достоинства и недостатки которого сводятся к следующему:

1. Процесс создания табличной модели становится осмысленным и логичным, а не выполняется, как часто бывает, методом проб и ошибок, что ускоряет процесс создания модели, позволяет избежать множества ошибок.

2. Разработчик по необходимости больше внимания уделяет концептуальной модели и формализации решаемой задачи, математическим и функциональным зависимостям между переменными модели, алгоритму обработки данных, чем неопытные разработчики часто пренебрегают.

3. Создавая табличную модель по технологии АТМ, разработчик большую часть времени затрачивает на работу непосредственно с данными, тогда как при обычном программировании его внимание в основном концентрируется на процессе написания программного кода.

4. Технология АТМ превращает электронные таблицы в удобную инструментальную среду эффективного моделирования и визуализации огромного числа практически значимых вычислительных алгоритмов.

Обладая перечисленными достоинствами, технология АТМ обладает также рядом недостатков, ограничивающих область ее применения:

1. Алгоритм обработки данных должен быть вычислительным, а не процедурным, так как исходно функции табличного процессора пассивны.

2. Технология АТМ хорошо подходит для создания одномерных, двумерных, иногда трехмерных моделей, в противном случае серьезным ограничивающим фактором становится плоская структура ЭТ.

3. По быстродействию табличные модели алгоритмов значительно уступают быстродействию их программных реализаций [8].

Учитывая сказанное выше, взвесив перечисленные достоинства и недостатки, мы остановили свой выбор среды моделирования на табличном процессоре Excel, так как нами, с одной стороны, решается двумерная задача, а с другой стороны, низкое быстродействие табличной модели не является важным ограничивающим фактором.

**Описание модели.** Базовым элементом модели является квадрат размером  $50 \times 50$  клеток, размещенный на листе табличного процессора Microsoft Excel. В соответствии с концепцией SIR, каждая клетка модели может находиться в одном из трех состояний – *Восприимчивые* (Susceptible), *Инфицированные* (Infected), *Выздоровевшие* (Recovered). Присвоим каждому из состояний числовые значения. Пусть клетки, моделирующие состояние *Восприимчивые*, имеют значение «0», клетки, моделирующие состояние *Инфицированные* – начальное значение «1», а *Выздоровевшие* – значение «10». В процессе моделирования клетки, отображающие состояние *Инфицированные*, меняют свое текущее значение в сторону увеличения. Как только текущее значение такой клетки станет равным или большим некоторой величины  $\alpha$ , являющейся одним из управляющих параметров модели, клетка перейдет в состояние *Выздоровевшие*.

Кроме того, на состояние каждой клетки влияют состояния ее соседей. Для определения текущего состояния рассматриваемой клетки, мы используем окрестность Мура – совокупность из восьми клеток, имеющих общую вершину с рассматриваемой. Если текущую клетку, находящуюся в состоянии *Восприимчивые*, окружает не менее трех клеток в состоянии *Инфицированные*, то такая клетка «заболевает», т.е. переходит в состояние *Инфицированные*.

Для большей наглядности ко всем клеткам модели применено условное форматирование со следующими правилами:

- клетка остается незакрашенной, если ее текущее значение равно 0;
- клетка заливается красным цветом, если ее значение равно 1;
- клетка заливается зеленым цветом, если ее значение равно 10.

Алгоритм моделирования состоит из последовательности шагов (итераций).

На рабочем поле базового квадрата размещаем в случайном порядке клетки с текущим значением 1 – *Инфицированные*. При этом на вспомогательном квадрате отображаются клетки *Заразившиеся* от *Инфицированных*, рассчитанные в соответствии с правилами, изложенными выше. На этом завершается первая итерация (рисунок 1).

На второй итерации складываются текущие значения клеток базового и вспомогательного квадратов. Получившаяся совокупность клеток образует новый базовый квадрат. Как и в предыдущем случае, на вспомогательном квадрате отображаются клетки *Заразившиеся* от *Инфицированных* (рисунок 2).

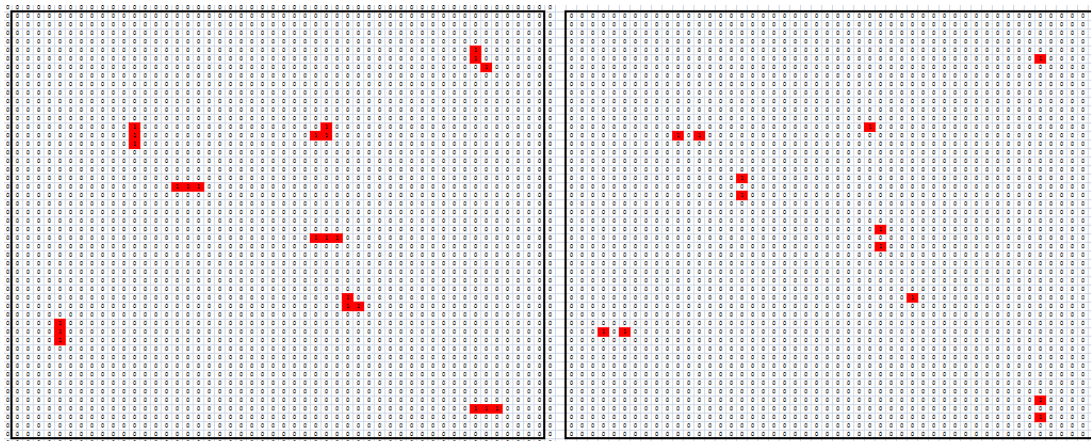


Рисунок 1. – Первая итерация процесса моделирования. Исходное состояние (базовый квадрат) и результаты расчета (вспомогательный квадрат)

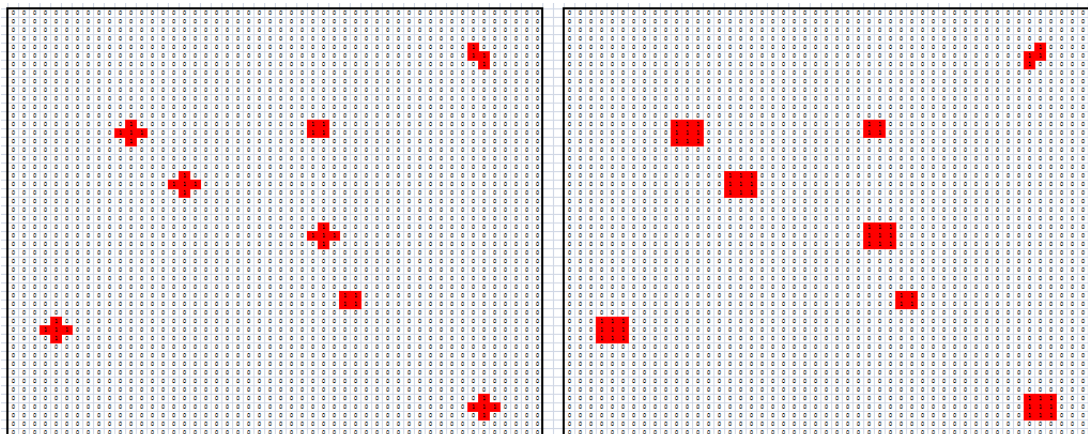


Рисунок 2. – Вторая итерация процесса моделирования. Число «заболевших» растет

Третья и дальнейшие итерации повторяют предыдущие. Качественного изменения картины не происходит до тех пор, пока текущие значения *Инфицированных* клеток не превысят параметр  $\alpha$ . В этом случае на вспомогательном квадрате появятся *Выздоровевшие* – клетки с текущим значением больше  $\alpha$ , закрасненные зеленым цветом (рисунок 3).

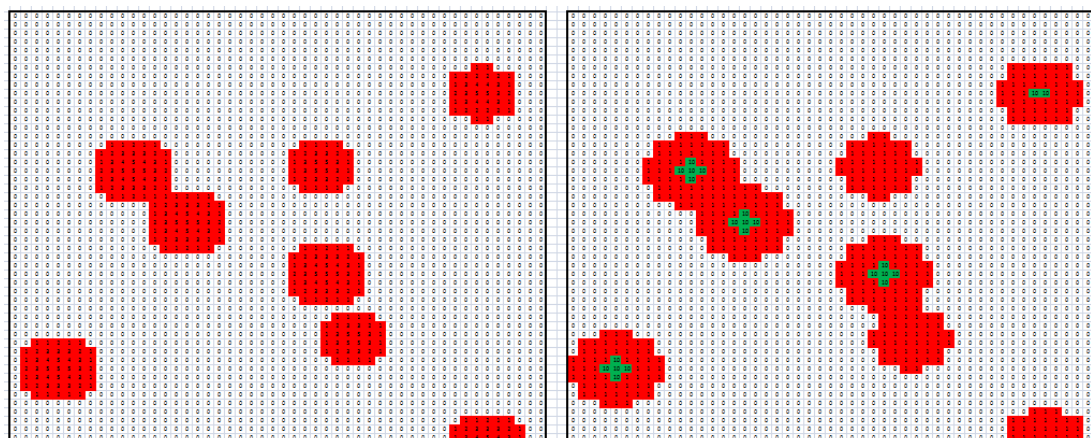


Рисунок 3. – N-я итерация процесса моделирования. Появились первые *Выздоровевшие*

Далее процесс продолжается по той же схеме.

**Сценарии моделирования. Модель SIR-1.** Исследование процесса распространения эпидемии начнем с классической SIR: в модели три типа клеток (*Восприимчивые*, *Инфицированные*, *Выздоровевшие*), «умерших» клеток нет, вакцинация не проводилась.

Результаты моделирования представлены на рисунках 4 и 5.



Рисунок 4. – Развитие эпидемии.  
Итерации 1, 3, 5



Рисунок 5. – Развитие эпидемии.  
Итерации 7, 9, 11

Как было указано выше, на рисунках красным цветом выделены *Инфицированные*, зеленым – *Выздоровевшие*.

На рисунках 6–8 соответственно представлены графики изменения числа *Восприимчивых*, *Болеющих* и *Выздоровевших*. Как видно из графика, приведенного на рисунке 7, пик эпидемии приходится на 6-ю итерацию. Интересным является тот факт, что после того как 80% жителей региона переболело, в моделируемом регионе вырабатывается коллективный иммунитет, а число заразившихся резко снижается (рисунок 6).

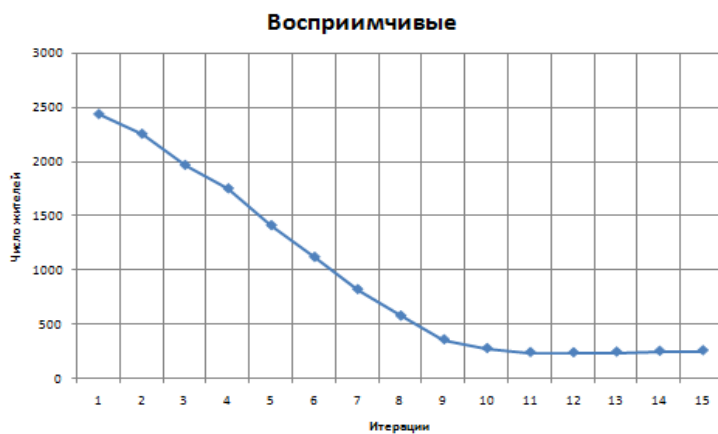
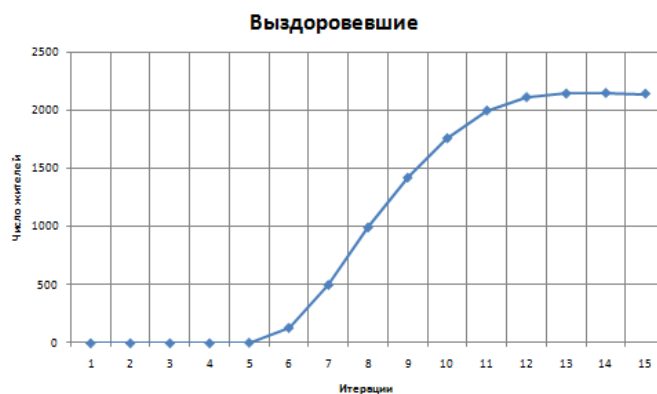


Рисунок 6. – Число жителей региона, восприимчивых к заболеванию

Рисунок 7. – Число болеющих жителей региона



Рисунок 8. – Число выздоровевших жителей региона



**Сценарии моделирования. Модель SIR-2.** Оценим влияние вакцинации на процесс развития эпидемии. Для этого дополним описанную выше модель «вакцинированными» клетками. Присвоим им текущее значение «10», так как эти клетки, как и клетки, отображающие *Выздоровевших*, являются носителями антител. Очевидно, что соответствующие клетки окрасятся в зеленый цвет.

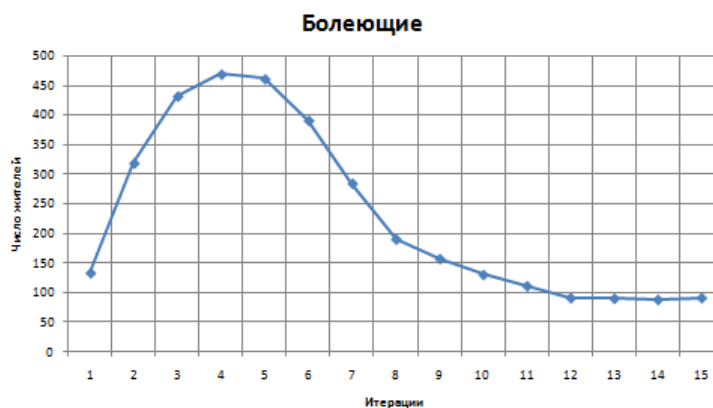
Будем считать, что к началу эпидемии провакцинировалось примерно 30% населения региона. Как при этом будет развиваться эпидемия показано на рисунках 9 и 10. Как в этом случае изменяется число болеющих показано на рисунке 11.



Рисунок 9. – Развитие эпидемии с учетом вакцинации. Итерации 1, 3, 5



Рисунок 10. – Развитие эпидемии с учетом вакцинации Итерации 7, 9, 11



**Рисунок 11. – Число болеющих жителей региона**

**Заключение.** Моделирование различных сценариев развития эпидемии показало следующее:

1) несмотря на простоту, модель адекватно отображает процессы развития эпидемии в некотором замкнутом регионе;

2) в модели естественным образом отобразился феномен формирования коллективного иммунитета. Никаких дополнительных улучшений вносить в модель не потребовалось;

3) также естественно было учтено влияние вакцинации на развитие эпидемии. При заданных параметрах модели всего 30% вакцинированных позволили снизить максимальное число болеющих почти в три раза (с 1273 в случае отсутствия вакцинации до 469 при 30% вакцинированных);

4) наличие параметров, позволяющих регулировать динамику отображения моделируемых процессов, делает возможным использование модели для прогнозирования эпидемиологической ситуации в заданном регионе при условии его относительной автономности;

5) в модели не учитываются возможные летальные исходы, что, безусловно, является ее недостатком;

6) доработка модели с учетом большего количества влияющих факторов позволят повысить точность и эффективность моделирования.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Von Neumann, J. Theory of Self Reproducing automata / J. Von Neumann ; ed. A.W. Burks. – Champaign, IL : University of Illinois Press, 1966.
2. Codd, E.F. Cellular Automata / E.F. Codd. – Academic Press, 2014. – 132 p.
3. Essays on Cellular Automata / Ed. A. Burks. – Champaign, IL : University of Illinois Press, 1970. – 375 p.
4. Aladyev, V.Z. Mathematical theory of homogeneous structures and their applications / V.Z. Aladyev/ – Tallinn, Estonia : Valgus, 1980.
5. Vollmar, T. Cellular spaces and parallel algorithms, and introductory survey / T. Vollmar // Feilmeier, M. Parallel Computation Parallel Mathematics / M. Feilmeier. – Amsterdam, The Netherlands : North-Holland Publishing Co., 1977. – 49–58.
6. Smith III, A. Introduction to and survey of polyautomata theory / A. Smith III // Automata, Languages, Development. – Amsterdam, The Netherlands : North-Holland Publishing Co., 1976.
7. Wolfram, S. Theory and Applications of Cellular Automata: Including Selected Papers 1983–1986 / S. Wolfram. – NJ : World Scientific Publishing Co.Inc. : River Edge, 1986.
8. Аникин, В.И. Визуальное табличное моделирование клеточных автоматов в Microsoft Excel / В.И. Аникин, О.В. Аникина. – Тольятти : ПВГУС, 2013. – 324 с.

Поступила 30.03.2021

#### MODELING AN EPIDEMIC WITH CELLULAR AUTOMATION

**A. OSKIN, D. OSKIN**

*The technology of constructing a model of the spread of an epidemic using cellular automata is considered. Brief information on the history of the formation of this modeling technology is given. It is indicated that the Microsoft Excel spreadsheet processor is selected as the environment for building the model, and the advantages and disadvantages of this choice are listed. The SIR-model of the spread of the epidemic is described and it is shown how this model is implemented in the MS Excel environment. The results of modeling for various scenarios are considered.*

**Keywords:** cellular automata, Microsoft Excel, SIR-epidemic spreading model.