



ششمین کنفرانس بین‌المللی

«بازی‌های رایانه‌ای؛ فرصت‌ها و چالش‌ها»

۳۰ بهمن و ۱ اسفند ۱۳۹۹ – دانشگاه اصفهان

چگونگی واکسیناسیون افراد در بازی جدی با مدل‌سازی مبتنی بر گراف

محمد رضا محمدنژاد^۱، مرتضی دُری‌گیو^{۲*}، فرزین یغمایی^۳

۱. دانشجوی دکتری هوش مصنوعی، دانشگاه سمنان

mreza.mohammadnejad@semnan.ac.ir

۲. استادیار دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، دانشگاه سمنان

dorrigiv@semnan.ac.ir

۳. دانشیار دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، دانشگاه سمنان

f_yaghmaee@semnan.ac.ir

چکیده

بازی‌ری‌اکشن با هدف شبیه‌سازی نحوه انتقال ویروس کرونا در محیط دانشگاه طراحی شد. محیط دانشگاه در این بازی جدی با مدل‌سازی مبتنی بر عامل و مدل انتشار ویروس کرونا بر اساس مدل مستعد بیماری، در معرض آلوده و بهبود یافته شبیه‌سازی شد. در این پژوهش از مدل‌سازی مبتنی بر گراف برای مدل‌سازی نحوه گسترش بیماری در فضای بازی استفاده شده است. سپس به کمک الگوریتم‌های مرکزیت درجه و مرکزیت بینابینی مهمترین افراد برای واکسینه شدن انتخاب شده‌اند. یافته‌ها نشان می‌دهد که انتخاب هدف‌های واکنش با مدل‌سازی مبتنی بر گراف نسبت به مدل سنتی بهبود داشته و می‌تواند رشد بیماری در جامعه را کاهش دهد.

کلمات کلیدی: بازی جدی، SEIR، کرونا، شبیه‌سازی، مدل‌سازی مبتنی بر گراف، مدل‌سازی مبتنی بر عامل

۱-مقدمه

بیماری کووید-۱۹ ناشی از ویروس کرونا^۱، در حال حاضر بزرگترین مسئله در جوامع بشری است. مسئله‌ای که زندگی مردم و بسیاری از فعالیت‌های انسانی را تغییر داده است. یکی از بزرگترین تغییرات در فضای آموزشی و دانشگاهی اتفاق افتاد. بسیاری از دانشگاه‌ها تعطیل شدند و آموزش مجازی شد. آموزش مجازی نیز با مشکلاتی همراه است و نمی‌تواند جایگزین مناسبی برای آموزش حضوری شود. گزارش‌های گسترده‌ای از دانشجویان با دسترسی محدود به رایانه و اینترنت و حتی فقر گزارش شده است. بنابراین تلاش برای امکان‌پذیر شدن دوباره تدریس حضوری امری بدیهی به نظر می‌آید. در حال حاضر اکثر دانشگاه‌های دنیا به دنبال محقق کردن آموزش ترکیبی^۳ در دنیای پسا کرونا هستند. از این رو با ساخت واکنش کرونا، دانشگاه‌ها باید پیش‌بینی کنند که چه کسانی واکنش شوند تا انتقال ویروس در دانشگاه کاهش یابد. واضح است که در ابتدا واکنش کافی برای همه وجود نخواهد داشت. دریافت میلیون‌ها دوز واکنش مدت زمان زیادی طول می‌کشد. یکی از مواردی که با کمک فضای بازی و به ویژه یک بازی جدی قابل شناسایی است، نحوه اعمال واکسیناسیون است.

بازی‌های جدی بیشتر به دانشمندان کمک کرده تا مسائل مختلفی را حل کنند. به عنوان مثال می‌توان به معماهای مربوط به ژن‌ها اشاره کرد. البته فضای عمده مسائل دنیای واقعی برای بازیکنان و گیمرها جذاب نیست، که به لطف بازی‌های

¹ COVID-19

² Coronavirus

³ Blended learning



ششمین کنفرانس بین‌المللی

«بازی‌های رایانه‌ای؛ فرصت‌ها و چالش‌ها»

۳۰ بهمن و ۱ اسفند ۱۳۹۹ – دانشگاه اصفهان

جدی تا حدی این مشکل رفع شده است. این بازی‌ها به بازیکنان اجازه می‌دهد تا با تخصص علمی کم یا بدون هیچ‌گونه مهارت علمی با بزرگترین مشکلات علم مقابله کنند. گیمرها در حال حاضر نیز تا حد زیادی ارزش خود را برای حل این مشکل‌ها ثابت کرده‌اند. در سال ۲۰۱۱، افرادی که مشغول بازی Foldit (یک بازی پازل برخط در مورد تا کردن پروتئین‌ها) بودند، ساختار آنزیمی را که باعث ایجاد بیماری شبیه ایدز در میمون‌ها می‌شود، پیدا کردند. گیمرها در عرض سه هفته توانستند این مسئله را حل کنند، در حالی که این مسئله، ۱۳ سال موضوع تحقیق محققان بوده است [1].

بازی جدی به عنوان بازی، مسابقه ذهنی، برنامه رایانه‌ای تعاملی، بازی دیجیتال، شبیه‌سازی، محیط مجازی و واقعیت افزوده، در زمینه‌ای جدی مانند آموزش، اهداف بهداشتی، خط مشی عمومی و ارتباطات استراتژیک تعریف می‌شود [2]. بازی جدی ری‌اکشن^۱ با هدف شبیه‌سازی انتقال ویروس کرونا در فضای دانشگاه طراحی شد. رفتار اساتید و دانشجویان در این فضا بسیار منظم و ساخت یافته است. دانشجویان و اساتید رفتار مشخص روزمره و تکراری را در یک محیط بسته تجربه می‌کنند. از این رو شبیه‌سازی در این فضا نسبتاً راحت‌تر است. در این بازی مدل مبتنی بر عامل (ABM^۲) دانشگاه پیاده‌سازی شده است [3]. در نتیجه تحلیل و آنالیز گراف انتقال ویروس در فضای بازی ممکن شده است. علی‌رغم معرفی بسیاری از ویژگی‌های واقع‌گرایانه در بازی ری‌اکشن، لازم به ذکر است که هر شبیه‌سازی و بازی، تقریبی کاملاً محدود از سناریوهای پیچیده موجود در دنیای واقعی است.

شبکه‌های اجتماعی به طور طبیعی می‌توانند به صورت گراف مدل شوند. به عنوان مثال می‌توان به گراف دنبال‌کنندگان در شبکه اجتماعی اینستاگرام اشاره نمود. به طور مشابه، ارتباط افراد در فضای بازی و انتقال ویروس در میان افراد را نیز می‌توان به صورت گراف مدل کرد. در این مدل‌سازی موجودیت‌ها گره و رابطه‌ی افراد با یکدیگر یال‌های گراف هستند. اغلب گراف‌های اجتماعی مانند گراف دوستان در فیس‌بوک بدون جهت‌اند^۳، اما گراف انتقال ویروس گراف جهت‌داری^۴ است. گراف‌ها دارای تاریخچه‌ای با قدمت طولانی‌اند. پیشینه این داده‌ساختار به سال ۱۷۳۶ برمی‌گردد، زمانی که لئونارد اویلر مسئله هفت پل کونیگزبرگ را حل کرد. مهمترین چالش در رابطه با داده‌های امروزی روابط حاکم بر داده‌ها است. امروزه نه فقط در مورد داده‌های گسسته از یکدیگر، بلکه فناوری تحلیل و آنالیز گراف ابزار قدرتمندی برای داده‌های به هم مرتبط به وجود آورده است. این فناوری در تحقیقات و راه‌حل‌های تجاری مورد استفاده قرار می‌گیرد. به عنوان مثال می‌توان به مدل‌سازی محیط‌های پویا، پیش‌بینی نحوه گسترش بیماری و غیره اشاره کرد [4]. از این رو استفاده از گراف برای یافتن افراد تأثیرگذار در شیوع بیماری در جامعه منطقی است.

ما بقی پژوهش به شرح زیر تنظیم شده است. در بخش دوم، درباره پژوهش‌های انجام شده در مورد شبیه‌سازی انتقال ویروس کرونا و استفاده از الگوریتم‌های گراف بحث شده است. ساختار بازی جدی به طور خلاصه در بخش سوم و ABM پیشنهادی، چگونگی شیوع عفونت و روش ساخت مدل گراف در بخش چهارم آمده است. نتایج و ارزیابی در بخش پنجم و نتیجه‌گیری در بخش ششم آورده شده است.

¹ REACTION : seRious gamE simulATes Coronavirus TrasmIssiONT

² Agent Based Model

³ Undirected

⁴ Directed



۲- کارهای گذشته

از زمانی که سازمان بهداشت جهانی (WHO^۱) ویروس کرونا را رسماً معرفی کرد، جامعه علمی سخت در تلاش است تا پویایی نحوه انتقال ویروس کرونا را دقیق‌تر بررسی کند. با این حال، تلاش کمی برای استفاده از پتانسیل فضای بازی برای پرداختن به سؤال‌های مربوط به این بیماری صورت گرفته است. در برخی از پژوهش‌ها مدل ریاضی برای ارائه رفتار پیچیده انتقال ویروس کرونا [6][5] پیشنهاد شد. به‌علاوه فرمول مدل‌های ریاضی فوق‌الذکر نیز پیشنهاد شده است. نتایج این پژوهش‌ها نشان داده است که علت بالقوه شیوع کرونا تماس انسان با انسان است. بنابراین، رعایت فاصله اجتماعی و ایزوله کردن انسان‌های آلوده، به طور کلی خطر گسترش کرونا را بسیار کاهش می‌دهد.

همچنین، در پژوهش [7] روشی داده‌محور برای تعیین تعداد تولید مثل مؤثر اپیدمی کرونا پیشنهاد شد. هر دو روش دستی و روش‌های مبتنی بر جستجو در این پژوهش در نظر گرفته شد که به دنبال کمک به تصمیم‌گیرندگان در ارزیابی و انتخاب استراتژی‌های موجود برای مقابله با بیماری بوده است. آن‌ها از مدل SEIR (مستعد بیماری^۲، در معرض^۳، آلوده^۴، بهبود یافته^۵) استفاده کردند. در نتیجه نشان دادند که روش آن‌ها پیش‌بینی‌هایی را ارائه می‌دهد که به واقعیت نزدیک‌تر است [7]. علاوه بر این، یک پروژه نمایشی ساده توسط تیم Unity برای نشان دادن روش‌های جدید مدل‌سازی کرونا در فضای فروشگاه ساخته شد. یافته‌های این پژوهش نشان داد که استراتژی‌هایی مانند جهت حرکت مشتری یا توقف مشتری در یک فروشگاه، انتقال ویروس را تحت تأثیر قرار می‌دهد [8]. طراحی COVID-ABS با ترکیبی از مدل SIER و ABM برای شبیه‌سازی همه‌گیری ویروس با استفاده از جامعه‌ای از عامل‌ها که رفتار مردم را تقلید می‌کردند، انجام گرفت. نتایج نشان داد که سناریوی قرنطینه و تعطیلی بهترین سیاستی و استراتژی است که آن‌ها می‌توانند در فضای شبیه‌سازی خود انتخاب کنند [9].

در بحث شناسایی گره‌های اثرگذار و مهم در جامعه پژوهش‌های متنوعی انجام شده است. در انتزاعی‌ترین سطح، تجزیه و تحلیل گراف می‌تواند برای پیش‌بینی رفتار اعضای در گروه‌های پویا اعمال شود. انجام این کار مستلزم درک روابط و ساختار میان گره‌ها است. الگوریتم‌های گراف با بررسی ماهیت کلی شبکه‌ها از طریق اتصالات آن‌ها، این مهم را به دست می‌آورند. همچنین با استفاده از روش‌های آنالیز گراف می‌توان توپولوژی سیستم‌های متصل را درک کرده و فرایندهای آن‌ها را مدل کرد [4]. همچنین از الگوریتم مرکزیت درجه در گراف شبکه اجتماعی توئیت برای شناسایی افراد قدرتمند از طریق روابط آن‌ها استفاده شد [10]، که ۵ نفر برتر هر گروه در این پژوهش بیش از ۴۰ میلیون دنبال‌کننده داشتند. از این الگوریتم در جدا کردن کلاهبرداران از کاربران قانونی یک وب‌سایت حراج برخط نیز استفاده شده است. نتایج این پژوهش نشان داده است که به دلیل تبانی با هدف افزایش قیمت مصنوعی، مرکزیت وزنی کلاهبرداران به طور قابل توجهی بالاتر بوده است [11].

در پژوهشی دیگر به کمک الگوریتم مرکزیت بینابینی، افراد تأثیرگذار در یک سازمان را شناسایی کرده‌اند. افراد تأثیرگذار لزوماً در سمت‌های مدیریتی نیستند، گاهی می‌توان آن‌ها را از میان کارمندان کارگزاری (که در تعامل با دیگر سازمان‌ها هستند) نیز شناسایی کرد [12]. از این الگوریتم برای شناسایی نقاط انتقال کلیدی در شبکه‌هایی مانند شبکه‌های الکتریکی نیز استفاده شده است. در نتیجه برداشته شدن پل‌های خاص می‌تواند مقاومت کلی شبکه را بهبود ببخشد [13]. در پژوهشی به کمک

¹ World Health Organization

² Susceptible

³ Exposed

⁴ Infected

⁵ Recovered



ششمین کنفرانس بین‌المللی

«بازی‌های رایانه‌ای؛ فرصت‌ها و چالش‌ها»

۳۰ بهمن و ۱ اسفند ۱۳۹۹ - دانشگاه اصفهان

الگوریتم مرکزیت بینابینی برای نویسندگان بلاگ‌ها موتور توصیه‌گیری طراحی شده تا کمک کند که مطالب آنان در توئیتر سریع‌تر گسترش پیدا کند [14]. همچنین ساختار انتقال ویروس و مدل SIR را به کمک گراف نیز پیاده‌سازی کرده‌اند. ابتدا شبکه‌های اجتماعی مصنوعی با اندازه‌های مختلف و درجه‌های متوسط با همان ویژگی خوشه‌بندی تولید شده است. سپس اپیدمی با مدل SIR در این شبکه‌ها شروع شده است. سپس با حذف کمترین تعداد گره شناسایی شده توسط الگوریتم پارتیشن‌بندی گراف، شبکه تخمینی را به طور مؤثر تکه‌تکه کرده است. بنابراین، این پژوهش اثربخشی این استراتژی هدفمند را با مقایسه آن در برابر استراتژی‌های سنتی غیر هدفمند، در کاهش اندازه اپیدمی نشان داده است [15].

۳- طراحی بازی

در این بخش، طراحی بازی ری‌اکشن، عامل‌های درون بازی و اعمالی که بازیکن می‌تواند انجام دهد مورد بحث قرار می‌گیرد. فایل بازی از این پیوند قابل دسترسی است [16]. این بازی در ژانر شبیه‌سازی مدیریت^۱ است، بازیکن در بازی می‌تواند عامل‌ها را واکسینه کند یا سیاست‌های فاصله اجتماعی و قرنطینه را در دانشگاه افزایش دهد، اما نمی‌تواند NPC^۲ها را کنترل کند. ویروس در دانشگاه شیوع پیدا می‌کند و وظیفه اصلی کاربر جلوگیری از این امر است. اگر تعداد عامل‌های آلوده به ویروس از حد آستانه عبور کند، بازی به پایان می‌رسد. بازی به صورت تک‌نفره و برای پلتفرم دستکاپ طراحی شده است. بازیکن باید بازی را با استفاده از ماوس انجام دهد. سرعت بازی قابل تنظیم است، اما بهتر است حداقل ۶۰ دقیقه برای هر بازی گذاشته شود تا از مسیریابی^۳ ضعیف توسط عامل‌ها جلوگیری شود. ۱۵۰۰ دانشجو و ۵۰ استاد در ۱۰۰ روز با یکدیگر تعامل دارند. هر روز، افراد شبیه‌سازی شده با یکدیگر در تماس هستند و این تعاملات اساس انتقال بیماری است. در ابتدای بازی، فضای دانشگاهی ایجاد می‌شود که در آن دانشجویان و اساتید حضور دارند. علاوه بر این دو، کلاس‌ها، درس‌ها، اتاق کتابخانه، اتاق اساتید، سالن دانشگاه، حیاط دانشگاه و سرویس بهداشتی وجود دارد. شایان ذکر است که اساتید و دانشجویان رفتار روزمره خود را دارند. در ابتدای هر روز، دانشجویان و اساتیدی که کلاس دارند، طبق برنامه درسی خود به دانشگاه می‌روند و در کلاس‌ها شرکت می‌کنند. دانشجویان در بین ساعت‌های کلاسی برای استراحت وارد حیاط می‌شوند. اساتید نیز در پایان کلاس به اتاق خود بر می‌گردند. همچنین در این بین اساتیدی که اتاق ندارند به اتاق مشترک اساتید می‌روند. سرانجام، در پایان روز، تمامی عامل‌ها به خانه خود برمی‌گردند. انتقال بیماری در خانه در بازی نادیده گرفته می‌شود و فقط شیوع بیماری در دانشگاه رخ می‌دهد.

گرافیک بازی رنگارنگ است. هر زمان که عامل آلوده شود، مشخص می‌شود. در شکل ۱ این اثر مشخص شده است. بازیکن می‌تواند با انتخاب واکسن و سپس انتخاب عامل، آن عامل را واکسینه کند. نمایی از بازی در شکل ۲ نشان داده شده است. تعداد کلاس‌هایی که هر دانشجو می‌تواند بگذراند یک عدد تصادفی از یک توزیع طبیعی است که بین ۱۲ تا ۲۴ است (میانگین=۱۸، $SD^4=۲$). تعداد دوره‌هایی که هر مدرس می‌تواند داشته باشد یک عدد تصادفی از یک توزیع طبیعی است که بین ۱۰ تا ۲۴ است (میانگین=۱۷، $SD=۲/۴$). همچنین در بازی فرض بر این است که همه عامل‌ها ماسک زده‌اند. موجودیت‌های اصلی بازی، درس، اتاق، دانشجو، استاد (با اتاق) و استاد (بدون اتاق) هستند.

¹ Management simulation

² Non-Player Character

³ Navigation

⁴ Standard Deviation



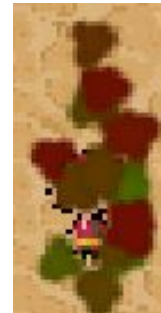
ششمین کنفرانس بین‌المللی

«بازی‌های رایانه‌ای؛ فرصت‌ها و چالش‌ها»

۳۰ بهمن و ۱ اسفند ۱۳۹۹ – دانشگاه اصفهان



شکل ۲: فضای بازی ری‌اکشن



شکل ۱: عامل آلوده به بیماری کرونا

۴- شبیه‌سازی رفتار عامل‌ها و مدل‌سازی انتقال ویروس

در این بخش، پیاده‌سازی مدل مبتنی بر عامل (ABM) در بازی ری‌اکشن شرح داده می‌شود. سپس نحوه شبیه‌سازی انتقال ویروس بین عامل‌ها در بازی نشان داده خواهد شد.

۴-۱- مدل‌های مبتنی بر عامل

تمام NPC‌های این بازی (دانشجویان و اساتید) با رفتار مشخص تعریف شده، و در بازی با یکدیگر تعامل دارند. ABM شبیه‌سازی عامل‌هایی است که با یکدیگر و محیط در تعامل‌اند. از آن‌جا که هر عامل می‌تواند از قوانین خاص خود تبعیت کند، این نوع رویکرد می‌تواند پدیده‌های کلی ناشی از رفتار منفرد عامل‌ها را به دست آورد. این مدل‌ها توضیحات زیادی در مورد دلایل اصلی منجر به شیوع بیماری ارائه می‌دهند [7]. از ABM می‌توان برای مدل‌سازی فعل و انفعالات افراد در جامعه و تعیین چگونگی تأثیر تغییرات کوچک در رفتار و تعاملات بر سطح جامعه استفاده کرد. ABM مدل‌های تصادفی هستند که تنوع رفتار انسانی را پیاده‌سازی می‌کنند [17]. همچنین اطلاعات مفصلی درباره تعامل و برخورد بین عامل‌ها (به عنوان مثال مدرسان و دانشجویان) ارائه می‌دهند. به همین جهت، ABM به طور ایده‌آل برای شبیه‌سازی رفتار عامل‌ها در جامعه مناسب، و در مطالعات پیشین کرونا نیز استفاده شده است [18].

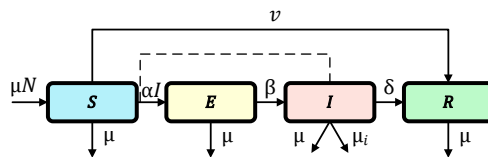
۴-۲- فرمول‌بندی مدل SEIR برای کرونا

مدل SEIR (حساس، در معرض، آلوده و بهبود یافته)، رایج‌ترین رویکرد برای مدل‌سازی شیوع بیماری‌های عفونی است. این مدل در انتشار کرونا، جمعیت را به چهار حالت مستعد بیماری (S)، در معرض (E)، آلوده (I) و بهبود یافته (R) تقسیم می‌کند. افراد در یک کلاس آلوده می‌توانند باعث آلودگی افراد دیگر شوند. نرخ انتقال از یک حالت به حالت دیگر توسط مدل تعیین می‌شود. در شکل ۳ و معادلات ۱-۴ تفسیر تغییراتی که در جامعه انسانی در انتقال کرونا با مدل SEIR رخ می‌دهد، نشان داده شده است. تعریف متغیرها و پارامترهای مدل SEIR برای کرونا در جدول ۱ ارائه شده است. مدل ریاضی گسترش کرونا را می‌توان به شرح زیر تفسیر کرد (اقتباس شده از [19]):

برای محاسبه نحوه انتقال ویروس در کلاس در بازی، از مدل پیشنهادی در [20] استفاده شده است. در این مطالعه، رویکرد جدیدی برای تخمین بار ویروسی آزاد شده توسط یک فرد آلوده بر اساس بار ویروسی در دهان، نوع فعالیت تنفسی (دم و بازدم، صحبت کردن و نجوا)، پارامترهای تنفسی فیزیولوژیکی (مثلاً میزان استنشاق) و سطح فعالیت (استراحت،



ایستادن و ورزش سبک) پیشنهاد شده است. به عنوان مثال، طبق یافته‌های این مطالعه، احتمال انتقال ویروس توسط فرد بیمار در کلاس به مدت ۶۰ دقیقه با تهویه هوا نزدیک به ۰/۶ درصد برای دانشجویان است. اگر فرد بیمار یک استاد باشد، احتمالاً انتقال بیماری به ۱/۵ درصد افزایش می‌یابد؛ زیرا میزان صحبت کردن اساتید بیشتر از دانشجویان است. در بازی طراحی شده، پارامترهای مربوط به فرد و فعالیت در کلاس مانند مطالعه ذکر شده در نظر گرفته شده است. در بازی، انتقال ویروس از سطح و همچنین انتقال ویروس در حیاط مورد توجه قرار نگرفت.



شکل ۳: ساختار شماتیک مدل SEIR برای بیماری کرونا (اقتباس شده از [19])

$$\frac{dI}{dt} = \beta E - (\mu_i + \delta + \mu)I \quad (3)$$

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - (\alpha I + \mu + v)S \quad (1)$$

$$\frac{dR}{dt} = \delta I + vS - \mu R \quad (4)$$

$$\frac{dE}{dt} = \alpha I S - (\beta + \mu)E \quad (2)$$

جدول ۱: پارامترهای مدل SEIR

پارامتر	توضیح	مقدار
N	جمعیت	۱۵۵۰
S	مستعد (Susceptible)	ابتدا برابر تعداد کل جمعیت
E	در معرض (Exposed)	ابتدا ۰
I	آلوده (Infected)	ابتدا ۴
R	درمان شده (Recovered)	ابتدا برابر تعداد عامل واکنس خورده
μ	نرخ مرگ میر	برای ساده‌سازی ۰
α	احتمال تغییر از حالت S به E	با قرار گرفتن در کنار فرد آلوده
β	احتمال تغییر حالت از E به I	بر اساس پژوهش [20]، ۰/۶ اگر فرد آلوده دانشجوی باشد و ۱/۵ اگر استاد باشد
μ_i	نرخ مرگ	برای ساده‌سازی ۰
δ	احتمال تغییر از I به R	۱
v	تعداد واکنس	۳۰ واکنس

۴-۳- مدل‌سازی گراف انتقال بیماری در فضای بازی

در طی فرآیند مدل‌سازی مبتنی بر گراف، باید مشخص شود که کدام موجودیت در مجموعه داده باید گره باشد؟ کدام ارتباط می‌تواند یک یال باشد؟ و کدام یک از داده‌ها باید کنار گذاشته شود. این فرآیند تکراری و اغلب متکی به آزمون و خطا است. گره‌ها اولین موجودیت‌های قابل شناسایی در مسئله‌اند که یکی از دو واحد اساسی گراف را تشکیل می‌دهند. واحد اساسی دیگر روابط و یال‌ها است.

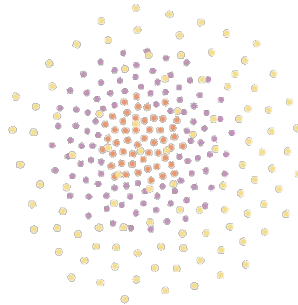
گره‌ها اغلب برای نشان دادن موجودیت‌ها استفاده می‌شوند، اما می‌توانند سایر اجزای مسئله را نیز نشان دهند. برای مدل‌سازی انتقال بیماری در فضای دانشگاه موجودیت‌های دانشجوی، استاد و کلاس درسی گره در نظر گرفته شد (شکل ۴).



ششمین کنفرانس بین‌المللی

«بازی‌های رایانه‌ای؛ فرصت‌ها و چالش‌ها»

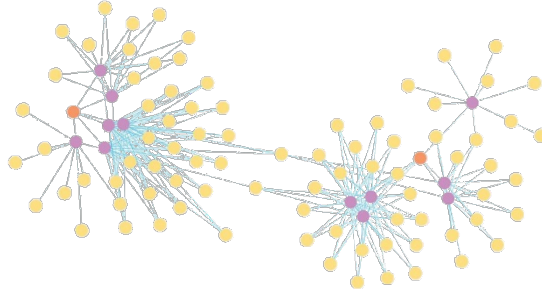
۳۰ بهمن و ۱ اسفند ۱۳۹۹ – دانشگاه اصفهان



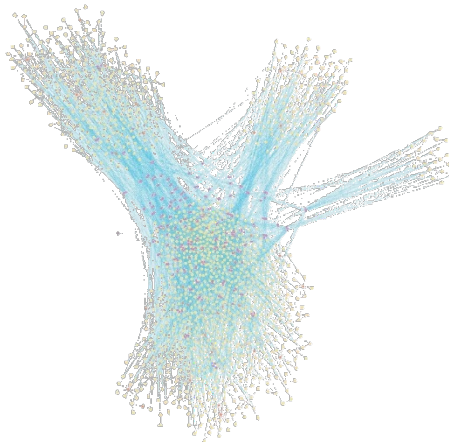
شکل ۴: نمونه‌ای از گره‌های فضای مسئله؛ گره‌های زرد رنگ: دانشجویان، نارنجی: اساتید و بنفش: کلاس‌های درسی

پس از تعیین موجودیت‌های اصلی و گره‌ها نیاز است تا قطعه حیاتی دیگر که روابط بین موجودیت‌ها است به مدل‌سازی اضافه شود. یک رابطه دو گره را به هم متصل می‌کند و این امکان را می‌دهد تا گره‌های مربوط به یک داده خاص را پیدا کرد. روابط میان گره‌ها در فضای انتقال بیماری می‌تواند به صورت زیر باشد. نمونه‌ای از گراف در شکل ۵ نشان داده شده است.

- دانشجویان با شماره ۱، جلسه درسی با شماره ۱ را دارد. استاد با شماره ۱، از دانشجویان با شماره ۱ بیماری گرفته است.
 - استاد با شماره ۱، جلسه درسی با شماره ۱ را دارد. دانشجویان با شماره ۲، از دانشجویان با شماره ۱ بیماری گرفته است.
- داشتن جلسه درسی رابطه‌ای است که در شروع بازی مشخص است. اما انتقال بیماری از یک عامل به عامل دیگر در زمان اجرای بازی مشخص می‌شود. به عنوان نمونه، شکل ۶ گراف انتقال و پیروس در فضای بازی را نشان می‌دهد.



شکل ۵: گراف محیط دانشگاه؛ گره‌های با رنگ زرد: دانشجویان، نارنجی: اساتید، بنفش: جلسه درسی، ارتباط داشتن کلاس با یال به رنگ آبی



شکل ۶: گراف انتقال و پیروس در فضای بازی به همراه یال داشتن کلاس؛ گره‌های زرد رنگ: دانشجویان، نارنجی: اساتید، بنفش: جلسه درسی، ارتباط داشتن کلاس با یال به رنگ آبی و گرفتن بیماری با رنگ مشکی



ششمین کنفرانس بین‌المللی

«بازی‌های رایانه‌ای؛ فرصت‌ها و چالش‌ها»

۳۰ بهمن و ۱ اسفند ۱۳۹۹ – دانشگاه اصفهان

۴-۴- یافتن افراد هدف برای واکسیناسیون

از الگوریتم‌های مرکزیت^۱ برای درک نقش گره‌های خاص در گراف و تأثیر آن‌ها بر روی شبکه استفاده می‌شود. این الگوریتم‌ها می‌توانند مهم‌ترین گره‌ها را شناسایی و پویایی گروه مانند اعتبار، قابلیت دسترسی، سرعت گسترش اطلاعات و پل‌های بین گروه‌ها را درک کنند. به همین دلیل برای یافتن افراد تأثیرگذار در انتقال بیشتر بیماری در فضای بازی می‌توان از این الگوریتم‌ها استفاده کرد. در این مقاله از دو الگوریتم مرکزیت درجه^۲ و مرکزیت بینابینی^۳ برای یافتن افراد هدف استفاده می‌شود.

مرکزیت درجه، تعداد روابط ورودی و خروجی یک گره را محاسبه می‌کند و برای یافتن گره‌های محبوب در یک گراف استفاده می‌شود. مرکزیت درجه توسط لیتون سی. فریمن در سال ۱۹۷۹ پیشنهاد شد [21].

درک میزان دسترسی به یک گره، اندازه‌گیری نسبتاً مهمی است و بدین معنی است که می‌تواند با چند گره دیگر در ارتباط باشد. درجه گره تعداد روابط مستقیم آن است. به عنوان مثال، شخصی با درجه بالایی در یک گراف انتقال ویروس، تماس‌های زیادی خواهد داشت و احتمال انتقال بیشتر بیماری توسط فرد در گراف بیشتر است.

بعضی اوقات مهم‌ترین گره در گراف، گره با بیشترین درجه نیست. بلکه این واسطه‌ها هستند که گروه‌هایی را که بیشترین کنترل را بر منابع یا جریان اطلاعات دارند، کنترل می‌کنند. مرکزیت بینابینی راهی برای تشخیص میزان تأثیر گره بر جریان اطلاعات یا منابع موجود در گراف است. به طور معمول برای یافتن گره‌هایی استفاده می‌شود که به عنوان پلی از یک قسمت گراف به قسمت دیگر عمل می‌کنند.

الگوریتم مرکزیت بینابینی ابتدا کوتاه‌ترین (وزنی) مسیر بین هر جفت گره را در یک گراف محاسبه می‌کند. هر گره بر اساس تعداد این کوتاه‌ترین مسیرها که از گره عبور می‌کنند، یک نمره دریافت می‌کند. مرکزیت بینابینی با افزودن نتایج فرمول ۵ برای همه مسیرها محاسبه می‌شود [4].

$$B(u) = \sum_{s \neq u \neq t} \frac{p(s, u, t)}{p} \quad (5)$$

به گونه ای که:

- u یک گره است،
 - p تعداد کل کوتاه‌ترین مسیرها بین گره‌های s و t است.
 - $p(u)$ تعداد کوتاه‌ترین مسیرها بین گره‌های s و t است که از گره u عبور می‌کنند.
- فرآیند اجرای الگوریتم به این صورت است؛
- مرحله ۱: ابتدا باید برای هر گره کوتاه‌ترین مسیرهایی را که از آن عبور می‌کنند، پیدا کرد.
 - مرحله ۲: برای هر کوتاه‌ترین مسیر در مرحله ۱، درصد آن از کل کوتاه‌ترین مسیرهای ممکن را برای آن جفت محاسبه کرد.
 - مرحله ۳: برای یافتن نمره مرکزیت گره، تمام مقادیر را در مرحله ۲ جمع کرد.
 - مرحله ۴: این فرآیند را برای هر گره تکرار کرد.

¹ Centrality algorithms

² Degree Centrality

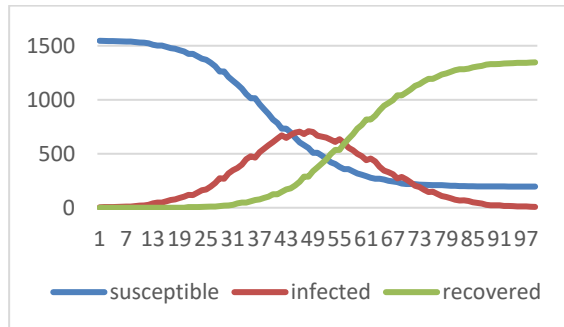
³ Betweenness Centrality



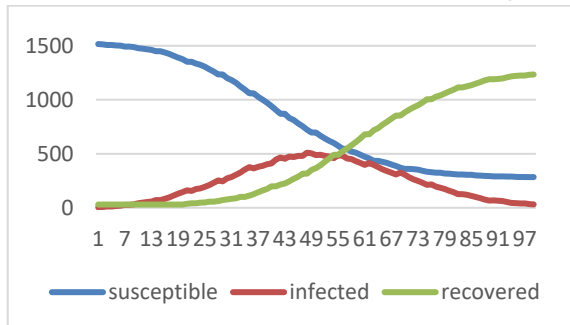
۵- نتایج و ارزیابی

بازی به مدت ۱۰۰ روز در سطح سخت و بدون ورود بازیکن انجام شد. در نتیجه سناریوهای مشخص شده در بازی ارزیابی و تأثیر آن بر روند گسترش بیماری مشاهده شود. پنج سناریو برای چگونگی واکسیناسیون افراد در نظر گرفته شد. سپس، تأثیر روش‌های واکسیناسیون بر شیوع بیماری مورد ارزیابی قرار گرفت.

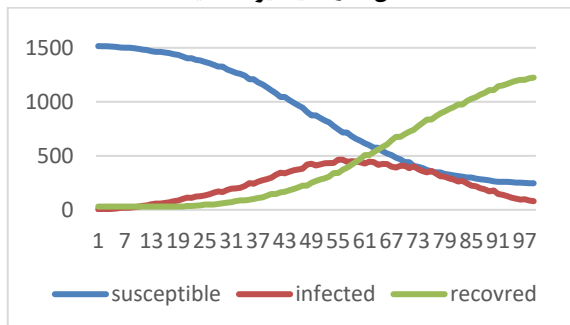
- سناریو یک: استفاده نکردن از واکسن (شکل ۷)
- سناریو دو: استفاده از همه واکسن‌های موجود به طور تصادفی روی دانشجویان (شکل ۸)
- سناریو سه: واکسیناسیون تصادفی اساتید (شکل ۹)
- سناریو چهار: واکسیناسیون افراد منتخب توسط الگوریتم مرکزیت بینابینی (شکل ۱۰)
- سناریو پنج: واکسیناسیون افراد منتخب توسط الگوریتم مرکزیت درجه (شکل ۱۱)



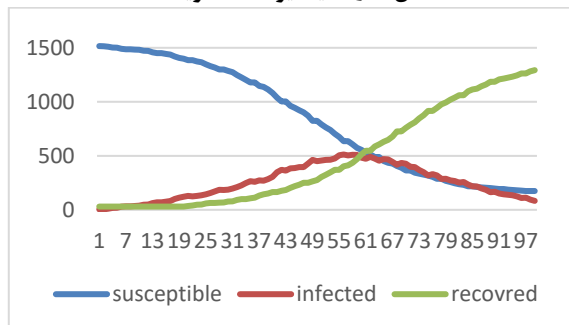
شکل ۷: بدون واکسن



شکل ۸: واکسیناسیون دانشجویان



شکل ۹: واکسیناسیون اساتید



شکل ۱۰: واکسیناسیون افراد به واسطه الگوریتم مرکزیت بینابینی

شکل ۱۱: واکسیناسیون افرادی که توسط الگوریتم مرکزیت درجه



نتایج حاصل از اجرای شبیه‌سازی در جدول ۲ نشانه داده شده است.

جدول ۲: مشاهدات شبیه‌سازی سناریوهای مختلف واکسیناسیون

میزان گسترش بیماری	مدت زمان رسیدن به اوج بیماری	سناریو
۷۰۹	۴۸	بدون واکسن
۵۱۰	۴۸	واکسیناسیون اساتید
۵۸۹	۵۶	واکسیناسیون دانشجویان
۵۱۲	۵۶	انتخاب اهداف با الگوریتم مرکزیت بینایی
۴۶۴	۵۵	انتخاب اهداف با الگوریتم مرکزیت درجه

۶- نتیجه‌گیری

بازی جدی ری‌اکشن فضای دانشگاه در دنیای واقعی را شبیه‌سازی کرده است. از این رو گراف انتقال بیماری در فضای شبیه‌سازی نزدیک به واقعیت ساخته شده است. در فضای بازی اگر واکسیناسیون انجام نشود، طی ۴۸ روز، بیماری به بالاترین سطح شیوع (میزان ۷۰۹) می‌رسد. با واکسیناسیون دانشجویان و اساتید به ترتیب طی ۴۸ و ۵۶ روز به مقادیر ۵۱۰ و ۵۸۹ می‌رسد، که نشان دهنده استراتژی بهتر در سناریوهای سنتی واکسیناسیون اساتید است. همچنین با وجود واکسن در فضای بازی میزان گسترش بیماری ۴۰ درصد کاهش یافته، هرچند تعداد واکسن‌های موجود در فضای بازی نزدیک به ۲ درصد از کل جمعیت بوده که نشان از اهمیت واکسیناسیون است.

در سناریوهایی که با استفاده از الگوریتم‌های مرکزیت بینایی و درجه بودند، به ترتیب طی ۵۵ و ۵۶ روز میزان گسترش بیماری به مقادیر ۴۶۴ و ۵۱۲ رسیدند که نشان از آن بود که واکسیناسیون افراد منتخب طبق الگوریتم مرکزیت درجه می‌تواند ۹ درصد نتیجه بهتری نسبت به سناریو واکسیناسیون اساتید به وجود آورد.

مراجع

- [1] By Michael J. Coren, "Foldit Gamers Solve Riddle of HIV Enzyme within 3 Weeks," 2011. <https://www.scientificamerican.com/article/foldit-gamers-solve-riddle/>.
- [2] W. Mestadi, K. Nafil, R. Touahni, and R. Messoussi, "An Assessment of Serious Games Technology: Toward an Architecture for Serious Games Design," *Int. J. Comput. Games Technol.*, vol. 2018, 2018, doi: 10.1155/2018/9834565.
- [3] M. Mohmmadnejad, M. Dorrigiv, and F. Yaghmaee, "A Serious Game Designed to Simulates Coronavirus Transmission," *Int. Serious Games Symp.*, 2020.
- [4] R. Dondi, G. Mauri, and I. Zoppis, *Graph Algorithms*, vol. 1-3. 2018.
- [5] A. Zeb, E. Alzahrani, V. S. Erturk, and G. Zaman, "Mathematical Model for Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) Containing Isolation Class," *Biomed Res. Int.*, vol. 2020, 2020, doi: 10.1155/2020/3452402.
- [6] B. Lopman *et al.*, "A model of COVID-19 transmission and control on university campuses," 2020, doi: 10.1101/2020.06.23.20138677.
- [7] S. Ghamizi *et al.*, "Data-driven Simulation and Optimization for Covid-19 Exit Strategies," *Proc. ACM SIGKDD Int. Conf. Knowl. Discov. Data Min.*, pp. 3434-3442, 2020, doi: 10.1145/3394486.3412863.
- [8] P. Wani and D. Lange, "Simulation + coronavirus." [Online]. Available: <https://resources.unity.com/white-papers/simulation-coronavirus-whitepaper>.
- [9] P. C. L. Silva, P. V. C. Batista, H. S. Lima, M. A. Alves, F. G. Guimarães, and R. C. P. Silva, "COVID-ABS: An agent-based model of COVID-19 epidemic to simulate health and economic effects of social distancing interventions," *Chaos, Solitons and Fractals*, vol. 139, 2020, doi: 10.1016/j.chaos.2020.110088.
- [10] Gemma Joyce, "The Most Influential Men and Women on Twitter 2017." <https://www.brandwatch.com/blog/react-influential-men-and-women-2017/> (accessed Jan. 07, 2021).
- [11] P. B. B, H. Kobayashi, and N. Shimizu, "Two Step Graph-Based Semi-supervised," vol. 1, pp. 165-179, 2015, doi: 10.1007/978-3-319-23461-8.



ششمین کنفرانس بین‌المللی



«بازی‌های رایانه‌ای؛ فرصت‌ها و چالش‌ها»

۳۰ بهمن و ۱ اسفند ۱۳۹۹ – دانشگاه اصفهان

-
- [12] C. Morselli and J. Roy, “Brokerage qualifications in ringing operations,” *Criminology*, vol. 46, no. 1, pp. 71–98, 2008, doi: 10.1111/j.1745-9125.2008.00103.x.
- [13] R. V. Solé, M. Rosas-Casals, B. Corominas-Murtra, and S. Valverde, “Robustness of the European power grids under intentional attack,” *Phys. Rev. E - Stat. Nonlinear, Soft Matter Phys.*, vol. 77, no. 2, pp. 1–7, 2008, doi: 10.1103/PhysRevE.77.026102.
- [14] S. Wu, L. Gong, W. Rand, and L. Raschid, “Making recommendations in a microblog to improve the impact of a focal user,” *RecSys'12 - Proc. 6th ACM Conf. Recomm. Syst.*, pp. 265–268, 2012, doi: 10.1145/2365952.2366010.
- [15] J. Hadidjojo and S. A. Cheong, “Equal graph partitioning on estimated infection network as an effective epidemic mitigation measure,” *PLoS One*, vol. 6, no. 7, 2011, doi: 10.1371/journal.pone.0022124.
- [16] M. Mohmmadnejad, “REACTION.”
https://www.dropbox.com/sh/2c7ljiz10yqyol/AACM_i3GDUqeHarqoXc4YRi2a?dl=0.
- [17] C. S. M. Currie *et al.*, “How simulation modelling can help reduce the impact of COVID-19,” *J. Simul.*, vol. 14, no. 2, pp. 83–97, 2020, doi: 10.1080/17477778.2020.1751570.
- [18] P. T. Gressman and J. R. Peck, “Simulating COVID-19 in a university environment,” *Math. Biosci.*, vol. 328, no. August, p. 108436, 2020, doi: 10.1016/j.mbs.2020.108436.
- [19] S. Annas, M. Isbar Pratama, M. Rifandi, W. Sanusi, and S. Side, “Stability analysis and numerical simulation of SEIR model for pandemic COVID-19 spread in Indonesia,” *Chaos, Solitons and Fractals*, vol. 139, p. 110072, 2020, doi: 10.1016/j.chaos.2020.110072.
- [20] G. Buonanno, L. Stabile, and L. Morawska, “Estimation of airborne viral emission: Quanta emission rate of SARS-CoV-2 for infection risk assessment,” *Environ. Int.*, vol. 141, no. April, p. 105794, 2020, doi: 10.1016/j.envint.2020.105794.
- [21] L. C. Freeman, “Centrality in social networks,” *Soc. Networks*, vol. 1, no. 3, pp. 215–239, 1979, doi: 10.1016/0378-8733(78)90021-7.