

ИНДЕКС РИСКА ЧУМЫ ПО ИММУНОКОМПЬЮТИНГУ

Л. А. Соколова

* Санкт-Петербургский институт информатики и автоматизации РАН
199178, Санкт-Петербург, 14-я линия В.О., д.39
Lucy@sokolova.fsnet.co.uk

УДК 681.3

Л. А. Соколова. **Индекс риска чумы по иммунокомпьютингу** // Труды СПИИРАН. Вып. 1, т. 3. — СПб: СПИИРАН, 2003.

Аннотация. На основе методов иммунокомпьютинга предлагается новый индекс риска чумы. Применение индекса показано на примере мониторинга природного очага чумы в Казахстане. — Библ. 13 назв.

UDC 681.3

L. A. Sokolova. **A Plague Risk Index by Immunocomputing** // SPIIRAS Proceedings. Issue 1, v. 3. — SPb: SPIIRAS, 2003.

Abstract. This paper proposes a new Plague Risk Index based on the Immunocomputing approach. An application of the index is provided by an example of monitoring of the natural plague focus in Kazakhstan. — Bibl. 13 items.

1. Введение

Иммунокомпьютинг (ИК) как новый подход к вычислениям был предложен в работах [8–12]. В его основе лежит биологический прототип иммунных сетей и строгие математические понятия формального протеина и формальной иммунной сети. В частности, подход к распознаванию образов на основе ИК использует понятие сингулярного разложения матриц для определения экстремальных значений энергии связи между формальными протеинами. Этот подход с успехом применялся для обработки данных мониторинга чумы [13].

В данной статье на основе методов ИК предлагается новый индекс риска чумы. Его особенностью является сжатие многомерных и разнородных данных (data fusion) в одно число, которое особенно наглядно сигнализирует об опасных ситуациях и тенденциях. Результаты использования этого индекса продемонстрированы на примере мониторинга природного очага чумы — равнины Акдала в Республике Казахстан.

2. Немного истории о проблеме чумы

Чума относится к особо опасным инфекциям. Природные очаги чумы существуют с древних времен и расположены в различных частях мира (Индия, Средняя Азия, Африка, Северная и Южная Америка). Пандемии чумы уносили огромное количество человеческих жизней. К примеру, вторая пандемия (под названием «Черная Смерть») длилась с 14 до 17 века. Как отмечают, это было самое сильное биологическое бедствие в истории. За последние 150 лет вспышки чумы регулярно происходят в различных частях мира и приводят к значительным человеческим и экономическим потерям.

В Республике Казахстан природные очаги чумы покрывают площадь в 130 миллионов га и за последние более чем 50 лет они рассматриваются как наиболее активные очаги чумы в мире. Эти очаги характеризуются различными механизмами регулирования на популяционном и биоценологическом уровнях.

Чумный эпизоотический процесс является сложной многокомпонентной динамической системой. Поведение отдельных подсистем чумной эпизоотической триады (носитель – переносчик – чумный микроб) и сложные взаимоотношения этих подсистем неоднократно исследовались микробиологами, биологами, эпидемиологами и др. [1–4]. Однако, несмотря на наличие большого экспериментального материала, характеризующего чумную триаду на популяционном, организменном и клеточном уровнях, до сих пор отсутствуют эффективные методики оценки состояния как отдельных подсистем и чумной триады в целом, так и прогнозирования возникновения эпизоотий в природных очагах чумы. Имеются отдельные работы [2–4], в которых сделаны попытки изучения динамики взаимодействующих паразито-хозяйственных отношений на популяционном уровне в чумной триаде.

В работе [13] предложен качественно новый подход к прогнозированию эпизоотий в природных очагах чумы как к задаче распознавания образов на основе математического аппарата ИК. Этот подход уже продемонстрировал свою эффективность и робастность, а также перспективность использования в будущих автоматизированных системах мониторинга чумы, возможно, с привлечением аэрокосмических средств. В данной статье предпринята попытка дальнейшего развития указанного подхода.

3. Индикаторы процессов в чумной триаде

Как указывалось выше, чумный эпизоотический процесс является многокомпонентной динамической системой со сложным взаимодействием различных подсистем чумной эпизоотической триады на различных иерархических уровнях.

Состояние чумного микроба характеризуется следующими качественными и количественными дифференциальными и диагностическими свойствами [1-3]. Качественные свойства: морфология колоний, восприимчивость к «бактериофагу», глицин, ферментация, присутствие VW-антигенов, наличие факторов роста и т.д. Количественные свойства: зависимость от кальция при температуре 37 градусов цельсия, присутствие антигена Фракции 1, вирулентность (LD 50, DCL) и т. д. Наиболее часто, состояние микроба может характеризоваться только числом, выраженным через косвенные индексы, такие как инвазия носителя (большой песчанки), переносчика (блох) и т.д.

Состояние блох — переносчиков чумного микроба, выражается их количеством на один гектар, сезонной активностью поражения животных, половой и возрастной имагинальной фазой, индексами обилия, доминирования и т. д.

Состояние носителей характеризуется агрегированными факторами влияния, множеством характеристик на биоценоотическом, популяционном и организменном уровнях. Это множество включает следующие основные факторы: плотность семейных нор, численность носителей в различные сезоны, возраст и половая структура популяции; рождаемость и смертность, динамика уровня инфекционной восприимчивости, возраст, пол и генеративное состояние носителей и т.д.

Данные, характеризующие состояние членов эпизоотической триады классифицируются в зависимости от сезона (весна, лето, осень) и иногда от месяца или даже декады.

Погода, географические и пространственные характеристики составляют индикаторы внешних факторов. Характеристиками погоды являются: темпера-

тура воздуха, почвы и влажность, различные гидротермальные коэффициенты, направление и скорость ветра, рекуррентность типов атмосферных циркуляций, наличие наводнений и т.д.

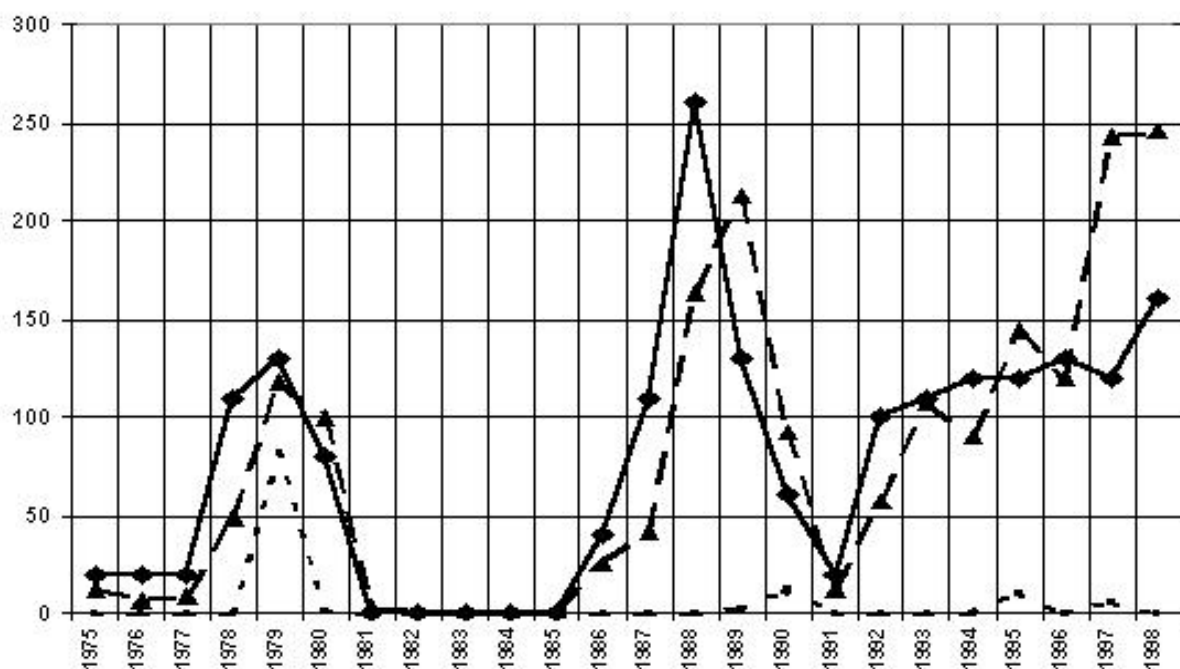


Рис. 1. Годовая пространственно-временная динамика чумной триады: носитель (ромбы), переносчик (треугольники), зараженные сектора (точки)

На рис. 1 представлены графики изменения годовой численности носителя - большой песчанки (сплошные линии), переносчика – блохи (штриховые линии) и количества зараженных секторов (пунктирные линии) для ландшафтно-экологического района Прибалхашского природного очага чумы – равнины Акдала. Под сектором понимается квадрат 10×10 км. Сектор считается зараженным, если в нем найдены либо зараженные носитель, переносчик или нора.

Как видно из рис. 1, эпизоотический процесс начинается на пике численностей носителя и переносчика. Рисунок также демонстрирует уникальный случай, когда после «сильного» эпизоотического процесса с 1977 по 1981 гг., наблюдался период депрессии с 1981 по 1984 гг. с нулевой численностью популяций носителя и переносчика.

Эпизоотический период характеризуется, как правило, высокой восприимчивостью популяции носителей к чумному микробу, высокой плотностью и большой численностью носителей и переносчиков. Накопление чумных микробов повышает их вирулентность. Их увеличение вызывает специфическую реакцию в популяции носителей, что приводит к уменьшению плотности, как популяции носителя, так и популяции переносчика, и уменьшению вирулентности чумного микроба.

Таким образом, индикаторы процессов в чумной триаде являются весьма многочисленными и разнородными. Поэтому прямое использование их значений, получаемых в результате мониторинга, мало что дает для общей оценки текущего состояния чумной триады и прогнозирования риска эпизоотии. В связи с этим, в данной статье предлагается новый обобщенный индекс, который является единой комплексной оценкой всех указанных индикаторов.

4. Индекс риска чумы

На основе иммунокомпьютинга [8-13], предлагается следующий метод расчета индекса риска чумы (ИРЧ), значение которого будем обозначать PRI (Plague Risk Index):

1. По результатам мониторинга сформировать матрицу M размерности $m \times n$, где m — годы мониторинга, которые соответствуют строкам матрицы, а n — значения параметров мониторинга, которые соответствуют столбцам матрицы.
2. Методом сингулярного разложения матрицы M вычислить левый сингулярный вектор $Y = [y_1, \dots, y_m]$, который соответствует первому (максимальному) сингулярному числу матрицы.
3. Задать значение масштабного множителя риска r , для приведения значений компонент сингулярного вектора y_1, \dots, y_m к масштабу обобщенных результатов мониторинга (масштаб вертикальной оси графика на рис. 1).
4. Умножить все значения компонент сингулярного вектора на множитель риска, взять целые части от полученных произведений, и получить вектор индексов риска чумы по годам: $Entier[rY]$.
5. Для каждого года $i, i=1, \dots, m$, значение ИРЧ определяется как i -я компонента вектора индексов: $PRI(i) = Entier[ry_i]$.

5. Пример

Рассмотрим результаты мониторинга 45 параметров состояния природного очага чумы на равнине Акдала в Казахстане за 11 лет [7]. Сформируем матрицу M размерности 11×45 , и рассчитаем значения ИРЧ по методу, описанному в предыдущем разделе. В соответствии с рис. 1, зададим масштабный множитель риска $r = 125$.

Результаты расчетов представлены в таб. 1.

Таблица 1. Индекс риска чумы по результатам мониторинга равнины Акдала

m	Год	Y	ИРЧ	Риск эпизоотии
1	1976	0.106	13	
2	1977	0.101	13	
3	1978	0.184	23	
4	1979	0.560	70	Высокий !!!
5	1980	0.125	16	
6	1981	0.108	13	
7	1984	0.107	13	
8	1985	0.109	14	
9	1986	0.170	21	
10	1987	0.298	37	Средний
11	1988	0.680	85	Высокий !!!

Сравнение полученных результатов с рис. 1 показывает, что предлагаемый ИРЧ четко сигнализирует о пиках численности носителя и переносчика в 1979 и 1988 годах (см. сплошные и штриховые линии на рис. 1). Заметим, что за этими пиками непосредственно следуют вспышки эпизоотии (пик в 1979 и нача-

ло в 1989 — см. пунктирные линии на рис. 1). Следовательно, предлагаемый ИРЧ вполне оправдывает свое название, т.к. высокие значения ИРЧ, фактически, сигнализируют о близящейся вспышке эпизоотии.

Благодарности

Данная работа частично поддержана в рамках проекта Еврокомиссии INCO-Copernicus ICA2-CT-2000-10048 STEPICA "Чума в Центральной Азии: эпидемиологическое исследование, фокусирующееся на пространственно-временной динамике".

Реальные данные для модельной демонстрации возможностей иммунокомпьютинга на примере ландшафтно-экологического района – равнины Акдала (Казахстан) за период с 1975 по 1998 годы были получены в Казахском Научном Центре карантинных и зоонозных болезней имени М. Айкимбаева (бывшем Казахском противочумном институте) в рамках проекта МНТЦ К-159-98.

Литература

- [1] Агеев В. С. Паразитарные контакты носителей в речных долинах пустынных зон Казахстана и их участие в чумной эпизоотологии. — Саратов, Россия, 1975. — сс. 3–19.
- [2] Айкимбаев А. М. И др. Эпидемиологическое обследование чумы в Урал-Эмбенском и Устюртском автономном очагах. — Алма-Ата, Казахстан, Гылым, 1994.— 178 с.
- [3] Аубакиров С. А. Инструкция по ландшафтно-эпизоотическому обследованию природных очагов чумы в Центральной Азии и Казахстане. — Алма-Ата, Казахстан, Гылым, 1990.
- [4] Marshall E., Frigessi A., Stenseth N.C, Holden M., Ageyev V.S and. Klassovskiy N.L. Plague in Kazakhstan: a Bayesian model for the temporal dynamics of a vector-transmitted infectious disease. Oslo, University of Oslo, 2001.
- [5] Sokolova S. P., Sokolova L. A. Immunocomputing for Complex Interval Objects. // Proc. 1-st International Conference on Artificial Immune Systems (ICARIS — 2002). — University of Kent at Canterbury, UK, 2002. — pp. 222–230.
- [6] Sokolova S. P., Sokolova L.A. Interval Artificial Immune System for Complex Objects // Труды Международной научной конференции «Информационные технологии и автоматизация производственных процессов», Алматы, 2002. — сс. 34–37.
- [7] Sokolova S. P., Abdullina V.Z., et all. (Ed. Tarakanov A.O.) Artificial Immune System for the Gerbil Natural Plague Focus. Almaty, 2002, 179 p.
- [8] Тараканов А. О. Математические модели биомолекулярной обработки информации: формальный пептид вместо формального нейрона // РАН, Проблемы информатизации, 1998, 1. — с. 46–51.
- [9] Тараканов А. О. Математические модели обработки информации на основе результатов самосборки. Дисс. д.ф.-м.н. — СПб: СПИИРАН, 1999. — 250 с.
- [10] Тараканов А. О. Формальные иммунные сети: математическая теория и технология искусственного интеллекта // Теоретические основы и прикладные задачи интеллектуальных информационных технологий (ред. Юсупов Р. М.). — СПб: СПИИРАН, 1998. — с. 65–70.
- [11] Tarakanov A.O. Formal peptide as a basic agent of immune networks: from natural prototype to mathematical theory and applications // Proc. of the 1st Int. Workshop of Central and Eastern Europe on Multi-Agent Systems (CEEMAS'99) . — St.Petersburg, Russia, 1999, pp. 281–292.
- [12] Tarakanov A., Dasgupta D. A formal model of an artificial immune system // BioSystems, 2000, 55 (1-3). — pp. 151–158.
- [13] Tarakanov A., Sokolova S., Abramov B., Aikimbayev A. Immunocomputing of the natural plague foci // Proc. of the Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO-2000), Workshop on Artificial Immune Systems. — Las Vegas, USA, 2000. — pp. 38–41.