

패치 모델 기반의 전염병 시뮬레이션 시스템

최동훈, 박동인
한국과학기술정보연구원
e-mail : choid@kisti.re.kr

Patch Model-Based Epidemic Simulation System

Hoon Choi, Dong-In Park
Korea Institute of Science and Technology Information

요 약

지난 몇 년 동안 전염병 확산을 분석하기 위해 InFluSim 을 기반으로 한 시뮬레이션 모델에 대한 연구가 진행되어 왔다. InFluSim 은 국내 각 지역의 인구 통계학적 특성과 인구 이동 등을 고려하지 않는 한계점이 있다. 이러한 이유로 InFluSim 에 의한 시뮬레이션 결과로부터 전염병 확산에 대한 방역 대책을 마련하는 것은 부적절한 측면이 있다. 이러한 문제점을 극복하기 위해, 우리는 패치 모델을 개발하였다. 패치 모델은 전국을 16 개 권역으로 나누어 각 지역의 인구 통계학적인 특성을 고려하고, 각 지역 간의 인구 이동을 고려한다. 패치 모델은 InFluSim 모델을 기반으로 하고, 16 개 지역의 인구 통계학적 특성 및 지역 간의 인구 이동량을 네트워크 모델로 보완하였다. 본 논문은 패치 모델 기반의 시뮬레이션 시스템에 대해 서술한다.

1. 서론

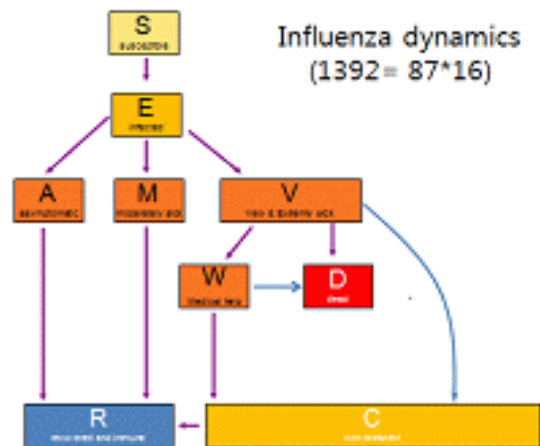
전염성이 높은 질병은 사회 경제적 손실을 유발시키므로 이에 관한 발생 예측과 통제의 필요성이 점점 높아져 가고 있다. 국내에서는 이에 대비하기 위해 InFluSim[1]을 이용한 민감도 분석을 통해 우리나라의 현실에 적합한 역학 모델을 연구한 바 있다. InFluSim 은 전국을 하나의 단위 지역으로 간주한 수학적 모델로 각 지역의 인구 통계학적 특성 및 인구 이동량을 고려하지 않기 때문에, InFluSim 에 근거하여 전염병에 대한 효과적인 대응책을 찾기엔 무리가 있다. 이러한 문제점을 해결하기 위해 InFluSim 에 근거한 패치(patch) 모델을 개발하였다. 패치는 공간에서 특정 종이 서식할 수 있는 지역을 말하며, 패치 모델[2]은 불연속적인 패치 공간에서 연속적인 시간에 따른 모델을 연립 상미분 방정식으로 나타낸 것이다.

본 논문에서 우리는 한국적 특성을 반영한 패치 모델 기반의 전염병 시뮬레이션 시스템에 대해 서술한다. 제안된 패치 모델은 전국을 16 개 지역으로 나누고 각 지역 내의 감염율, 지역 간의 인구 이동에 의한 감염율, 각 지역의 인구 통계학적 특성 등을 고려하였다. 이에 근거하여 개발된 패치 모델 기반의 전염병 시뮬레이션 시스템[3]은 시간에 따른 질병 전파의 방향, 질병의 확산 정도, 지역별 환자수 등을 계산할 수 있다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 2 절에서 국내의 지역적 특성을 고려하여 설계한 패치 모델을 서술하고, 3 절에서 이러한 패치 모델에 근거하여 개발된 전염병 시뮬레이션 시스템을 간략히 소개한다. 4 절에서 패치 모델에 관련된 해외 연구를 소개하고, 5 절에서 끝맺는다.

2. 패치 모델

우리가 제안하는 패치 모델은 전국을 16 개 지역으로 나누어, 각 패치 집단에 InFluSim 을 적용하고, 패치 간의 전염병 확산은 인구 이동량에 따른 감염율을 고려한다. 각 패치의 인구 집단을 크게 S(susceptible, 감염되지 않은 건강한) 집단, E(exposed, 잠복기 상태) 집단, I(infectious, 전염성이 있는) 집단, D(death, 병에 의한 사망) 집단, C(convalescent 전염성이 없는) 집단, W(medical help) 집단, 그리고 R(recovered, 치료되어 면역이 생긴) 집단으로 나눈다. 또한 E, I, R 의 각 집단을 병의 진행 단계나 전염성 정도(contagiousness)에 따라 세부적인 단계로 다시 나눈다. 그림 1 은 각 패치 내에서 병의 진행 단계에 따른 인구 집단 간의 연관 관계를 나타내는 기본 모델이다.



(그림 1) Patch 내의 기본 모델

S 집단에서 λ (감염율)만큼 감염되어 E 집단으로 넘어 간다. E 집단은 진행 단계에 따라 7 단계로 나뉘고, 마지막 두 단계는 전염성이 있는 단계이다. 이 단계를 지나면 I 집단으로 넘어 가며, I 집단은 증상에 따라 A(asymptomatic, 무증상) 집단, M(moderately sick, 병원에 가지 않는) 집단, V(very sick, 병에 의한 사망 가능성이 있어서 병원에 가는) 집단 중 하나로 다시 분류된다. 이들 3 집단은 전염성의 정도에 따라 19 단계로 다시 분류된다. A 집단과 M 집단의 i 단계($i < 19$) 환자들은 전염성의 변화로 $(i+1)$ 단계로 넘어가거나, 병이 나아 R 집단으로 들어 간다. 19 단계의 환자는 다음 단계 없이 R 집단으로 들어 간다. V 집단의 i 단계($i < 19$) 환자들은 전염성의 변화로 $(i+1)$ 단계로 넘어가거나, 치료를 받게 되거나 질병통제 기관의 관리 하에 놓인 W의 i 단계로 가거나, 병으로 사망해 D 집단으로 가거나, 회복기가 되어 C 집단에 속하게 된다. V 집단의 19 단계 환자는 치료를 시작해 W의 19 단계로 가거나, D 집단으로 가거나, C 집단으로 넘어 간다. W의 i 단계 환자는 전염성의 변화로 $(i+1)$ 단계로 가거나, D 집단으로 가거나, C 집단으로 간다.

패치 모델은 패치 내의 기본 모델 이외에도 16 개 패치 간의 인구 이동량에 따른 감염율을 고려한다. 감염율 λ 에 영향을 미치는 집단은 전염성이 있는 집단으로, E 집단의 6 단계와 7 단계, A 집단, M 집단, V 집단을 모두 포함하는 I 집단이다. W 집단은 전염성은 있지만 격리되어 있으므로 감염율에 영향을 미치지 않는다. 이렇게 하여 16 개 지역별로 인구 전체 집단을 총 87 개의 소집단으로 구성하였다. 이들 소집단 중에서 C, W, D 집단은 다른 지역으로 이동하지 않는다.

각 지역 간의 인구 이동량을 모델에 반영하기 위해 Hyman 의 도시 간 인구 이동량을 표현하는 식을 응용하였다. 이렇게 만들어진 k 지역($k=1,2,\dots,16$)의 수리 모델은 아래 (1)~(9)와 같다. 지역 간의 인구 이동량을 나타내는 행렬 M 은 다음과 같다. 여기서 m_{ij} 는 단위 시간당 지역 i 에서 지역 j 로 이동하는 인구수이다.

$$M = \begin{bmatrix} m_{11} & m_{12} & \dots & m_{1n} \\ m_{21} & m_{22} & \dots & m_{2n} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ m_{n1} & m_{n2} & \dots & m_{nn} \end{bmatrix}$$

(1) S 집단

S 집단의 시간에 따른 변화량을 식으로 나타내면,

$$\frac{dS^k}{dt} = -\lambda^k(t)S^k + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{S^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{S^k}{N^k - C^k - W^k - D^k}$$

이며, 여기서 $\sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{S^j}{N^j - C^j - W^j - D^j}$ 은 다른 지역에서 유입되는 S 집단의 총 사람수이며,

$m_k \frac{S^k}{N^k - C^k - W^k - D^k}$ 는 다른 지역으로 유출되는 S 집단의 총 사람수이다. N^k 는 각 지역 내의 인구이며,

$\sum_{j=1}^{16} m_{jk}$ 이다.

(2) E 집단

E 집단은 다시 7 단계로 나뉘는데 6,7 단계에서는 잠복기 상태임에도 다른 사람에게 전염시킬 수 있는 감염력이 있는 단계이다.

$$\begin{aligned} \frac{dE_1^k}{dt} &= \lambda^k(t)S^k - \delta E_1^k + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{E_1^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{E_1^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ \frac{dE_2^k}{dt} &= \delta(E_1^k - E_2^k) + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{E_2^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{E_2^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ \frac{dE_3^k}{dt} &= \delta(E_2^k - E_3^k) + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{E_3^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{E_3^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ \frac{dE_4^k}{dt} &= \delta(E_3^k - E_4^k) + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{E_4^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{E_4^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ \frac{dE_5^k}{dt} &= \delta(E_4^k - E_5^k) + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{E_5^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{E_5^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ \frac{dE_6^k}{dt} &= \delta(E_5^k - E_6^k) + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{E_6^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{E_6^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ \frac{dE_7^k}{dt} &= \delta(E_6^k - E_7^k) + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{E_7^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{E_7^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \end{aligned}$$

여기서 $\sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{E_z^j}{N^j - C^j - W^j - D^j}$ 는 E 집단으로 다른 지역에서 유입되는 총 사람수이며, $m_{jk} \frac{E_z^j}{N^j - C^j - W^j - D^j}$ 는 E 집단에서 다른 지역으로 유출되는 총 사람수이다.

(3) A 집단

A 집단 사람은 자연 회복에 걸리는 시간은 연령에 따라 다르다. 병의 진행 정도에 따른 전염성 정도에 따라, A 집단을 19 단계로 나눈다.

$$\begin{aligned} \frac{dA_1^k}{dt} &= \delta(A)E_7^k - \gamma_A A_1^k + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{A_1^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{A_1^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ \frac{dA_2^k}{dt} &= \gamma_A(A_1^k - A_2^k) + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{A_2^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{A_2^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ \frac{dA_3^k}{dt} &= \gamma_A(A_2^k - A_3^k) + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{A_3^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{A_3^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ &\vdots \\ \frac{dA_{18}^k}{dt} &= \gamma_A(A_{17}^k - A_{18}^k) + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{A_{18}^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{A_{18}^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ \frac{dA_{19}^k}{dt} &= \gamma_A(A_{18}^k - A_{19}^k) + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{A_{19}^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{A_{19}^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \end{aligned}$$

여기서 $\sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{A_{19}^j}{N^j - C^j - W^j - D^j}$ 은 A 집단으로 다른 지역에서 유입되는 총 사람수이며, $m_k \frac{A_{19}^j}{N^k - C^k - W^k - D^k}$ 은 A 집단에서 다른 지역으로 유출되는 총 사람수이다.

(4) M 집단

M 집단의 사람이 자연 회복에 걸리는 시간은 연령

에 따라 다르다. 병의 진행 정도에 따른 전염성 정도에 따라 M 집단을 전염성 정도에 따라 19 단계로 나눈다.

$$\begin{aligned} \frac{dM_1^k}{dt} &= \delta(M)E_7^k - \gamma_M M_1^k + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{M_1^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{M_1^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ \frac{dM_2^k}{dt} &= \gamma_M (M_1^k - M_2^k) + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{M_2^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{M_2^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ \frac{dM_3^k}{dt} &= \gamma_M (M_2^k - M_3^k) + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{M_3^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{M_3^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ &\vdots \\ \frac{dM_{18}^k}{dt} &= \gamma_M (M_{17}^k - M_{18}^k) + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{M_{18}^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{M_{18}^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ \frac{dM_{19}^k}{dt} &= \gamma_M (M_{18}^k - M_{19}^k) + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{M_{19}^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{M_{19}^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \end{aligned}$$

여기서 $\sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{M_z^j}{N^j - C^j - W^j - D^j}$ 는 M 집단으로 다른 지역에서 유입되는 총 사람수이며, $m_k \frac{M_z^k}{N^k - C^k - W^k - D^k}$ 는 M 집단에서 다른 지역으로 유출되는 총 사람수이다.

(5) V 집단

V 집단을 병의 정도에 따라 19 단계로 나눈다.

$$\begin{aligned} \frac{dV_1^k}{dt} &= \delta(V)E_7^k - (\gamma_V + \alpha + \gamma)V_1^k + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{V_1^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{V_1^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ \frac{dV_2^k}{dt} &= \gamma_V (V_1^k - V_2^k) - (\alpha + \gamma)V_2^k + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{V_2^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{V_2^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ \frac{dV_3^k}{dt} &= \gamma_V (V_2^k - V_3^k) - (\alpha + \gamma)V_3^k + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{V_3^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{V_3^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \\ &\vdots \\ \frac{dV_{19}^k}{dt} &= \gamma_V (V_{18}^k - V_{19}^k) - (\alpha + \gamma)V_{19}^k + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{V_{19}^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{V_{19}^k}{N^k - C^k - W^k - D^k} \end{aligned}$$

여기서 $\sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{V_z^j}{N^j - C^j - W^j - D^j}$ 는 V 집단으로 다른 지역에서 유입되는 총 사람수이며, $m_k \frac{V_z^k}{N^k - C^k - W^k - D^k}$ 는 V 집단에서 다른 지역으로 유출되는 총 사람수이다.

(6) W 집단

이 집단의 사람은 병의 진행 정도에 따른 전염성 정도에 따라 19 단계로 나눈다. 이 집단의 사람들은 다른 지역으로 유출되거나 다른 지역에서 유입되는 인구는 없다.

$$\begin{aligned} \frac{dW_1^k}{dt} &= \alpha V_1^k - (\gamma_w + \tau)W_1^k \\ \frac{dW_2^k}{dt} &= \alpha V_2^k - \gamma_w(W_1^k - W_2^k) - \tau W_2^k \\ \frac{dW_3^k}{dt} &= \alpha V_3^k - \gamma_w(W_2^k - W_3^k) - \tau W_3^k \\ &\vdots \end{aligned}$$

$$\frac{dW_{19}^k}{dt} = \alpha V_{19}^k - \gamma_w(W_{18}^k - W_{19}^k) - \tau W_{19}^k$$

(7) C 집단

이 집단의 사람은 회복기에 있으며, 유출 또는 유입되는 인구는 없다.

$$\frac{dC^k}{dt} = \gamma_w W_{19}^k + \gamma_v V_{19}^k + \gamma_c C_{19}^k$$

(8) R 집단

이 집단의 사람은 회복되어 면역을 가진 사람이다.

$$\frac{dR^k}{dt} = \gamma_A A_{19}^k + \gamma_M M_{19}^k + \gamma_C C^k + \sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{R^j}{N^j - C^j - W^j - D^j} - m_k \frac{R^k}{N^k - C^k - W^k - D^k}$$

여기서 $\sum_{j=1}^{16} m_{jk} \frac{R^j}{N^j - C^j - W^j - D^j}$ 는 다른 지역에서 유입되는 R 집단의 총 사람수이며, $m_k \frac{R^k}{N^k - C^k - W^k - D^k}$ 는 다른 지역으로 유출되는 R 집단의 총 사람수이다.

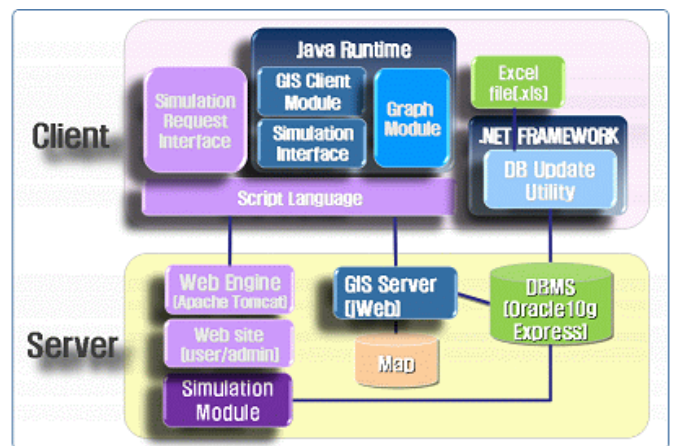
(9) D (Dead Individuals)

이 집단은 사망자 집단이다.

$$\frac{dD^k}{dt} = \tau \sum_{i=1}^{19} \frac{d}{dt} (V_i^k + W_i^k)$$

3. 전염병 시뮬레이션 시스템

전염병 시뮬레이션 시스템[3]의 구조는 그림 2 와 같다.



(그림 2) 전염병 시뮬레이션 시스템의 구조

Simulation Request Interface 는 사용자에게 시뮬레이션 시나리오(초기 발생 지역, 단계별 감염력, 무증상 기간, 경증 기간, 진료 시기, 사망률 등 모수값)를 설정하여 시뮬레이션을 요청하고, 그 시뮬레이션 결과를 볼 수 있는 웹 인터페이스를 제공한다.

Simulation Interface 는 Simulation Request Interface 와

Server 사이에서 사용자의 시나리오와 시뮬레이션 결과를 전달하는 기능을 한다. GIS Client Module 은 시뮬레이션 결과를 지도 상에 도식하며, 이를 위해 애플릿 구동을 위한 Java Runtime 을 포함하고 있다.

Simulation Module 은 시나리오를 받아 패치 모델 기반의 전염병 시뮬레이션 프로그램을 실행하여, 그 결과를 DB 에 기록한다. GIS Server 는 모든 공간 연산을 제공하며, 패치 모델이 필요로 하는 16 개 지역에 대한 지리 데이터를 MapDB 에서 관리한다. 패치 모델은 전국을 16 개 지역으로 나누고 이들 간의 인구 이동을 고려하기 때문에, 각 지역별로 도식을 하기 위해 MapDB 는 각 지역을 하나의 레이어로 하여 16 개 레이어로 구성되어 있다.

4. 관련 연구

공중 보건 정책은 피해 예측 모델을 통해 병의 대유행을 통제하는 데 달려 있다. InluSim[1]은 비교적 현실적이고 정확한 모델을 제시하고 있기 때문에 독일과 스위스 등에서 공중 위생관리에 적용하기 위한 기획 도구로 활용되고 있다. InluSim 은 결정론적 모델로서 고전적인 SEIR 모델에 나이군과 위험군의 요소를 넣어 확장시킨 것으로, 이들 군 간의 전염은 접촉 행렬(contact matrix)에 기초하고 있다. 나이군과 위험군, 각 파라미터는 2005 년 독일의 상황에 맞게 설정된 것이다.

패치 간의 이동성을 고려한 모델 [4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,13,15]에 대한 많은 연구가 있어 왔다. 대표적인 두 가지만 소개하면 다음과 같다. Kermack 과 McKendrick[4]이 만든 가장 간단한 SIR 모델은 각 집단의 인구가 무작위로 섞여 있다고 가정한다. 전염병 전파의 초창기에 확산을 예측하기 위해서는 무작위로 섞여 있지 않고 개인이 집단 사이를 이동하는 모델이 필요하다. 물론, 도시 내에서 병이 초기 단계를 지나고 나면 무작위로 섞여 있다고 가정할 수 있다. 무작위로 섞인 모델은 광대한 지역에 인구가 고르지 않게 분포한 경우에 질병 전파를 예측하는 데에도 쓰인다. Rvachev 와 Longini[5]는 홍콩에서 시작한 전염병이 비행기를 통해 다른 51 개 세계 주요 도시로 퍼지는 Multi-city epidemic model 을 개발하였다. 이 모델은 각 도시의 전염병 전파를 결정론적 미분 방정식으로 모델링하였다. S 집단과 I 집단이 도시 안에 무작위로 섞여 있다고 가정한다. 도시 간에는 무작위로 섞여 있지 않다고 가정하는데, 이것을 비행기에 의한 이동으로 모델링하고 있다.

5. 결론

우리는 전국을 16 개 지역으로 나누고 각 지역의 인구 통계 정보와 지역 간의 인구 이동량에 근거하여 한국의 특성에 적합한 패치 모델을 개발하였으며, 이에 근거한 전염병 시뮬레이션 시스템을 개발하였다. 이 시스템은 전염병 대유행에 대비하여, 사회 경제적 피해 최소화 대책 마련에 필요한 기초 자료를 생산하는 데 활용될 수 있다. 패치 모델은 전쟁터나 재난

지역에서 시공간적인 개념으로 통계 역학을 표현하기에 좋은 모델이다. 따라서 평시에 공중 보건학적 관점의 대응책 마련뿐만 아니라, 전시에 생물학전에 대비한 전략 마련에 활용하면 국가 안보에도 기여할 수 있다.

참고문헌

- [1] Eichner M, Schwehm M, Duerr H, Brockmann S: Software The influenza pandemic preparedness planning tool InluSim. BMC Infectious Diseases 2007, 7:17.
- [2] I. Hanski, Metapopulation Dynamics, Nature 1998, 136:41-49.
- [3] <http://duku.kisti.re.kr> KISTI 2009.
- [4] Kermack, W. O. and McKendrick, A. G. "A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics." Proc. Roy. Soc. Lond. A 1927, 115:700-721
- [5] L. A. Rvachev and I. M. Longini, Jr.: A mathematical model for the global spread of influenza. Math. Biosci 1985, 75:3-22.
- [6] W. B. Bodmer and L. L. Cavalli-Sforza: A migration matrix model for the study of random genetic drift. Genetics 1968, 59:565-592
- [7] I. Blumen, M. Kogan, and P. J. McCarthy: The Industrial Mobility of Labor as a Probability Process(Cornell Stud. Ind. Labor Relations, No. 6), Cornell Univ. Press, Ithaca, N.Y., 1955.
- [8] R. B. Ginsberg: Semi-Markov processes and mobility. J. Math. Sociol 1971, 1:233-262.
- [9] N. W. Henry, R. McGinnis, and H. W. Tegtmeier: A finite model of mobility. J. Math. Sociol. 1971, 1:107-118.
- [10] R. McGinnis: A stochastic model of social mobility. Am. Sociol. Rev. 1968, 33:712-722.
- [11] S. Spilerman: Extensions of the mover-stayer model. Am. J. Sociol. 1972, 78:599-627.
- [12] B. Singer and S. Spilerman: Social mobility models for heterogeneous populations. Sociological Methodology 1973-1974, H. Costner, Ed., Jossey-Bass, San Francisco, 1974, pp. 356-401.
- [13] B. Singer and S. Spilerman: Clustering on the main diagonal in mobility matrices. Sociological Methodology. K. F. Schuessler, Ed., Jossey-Bass, San Francisco 1979, pp. 172-208.
- [14] D. D. McFarland: Intra-generational social mobility as a Markov process: including a time-stationary Markovian model that explains observed declines in mobility rates over time. Am. Sociol. Rev. 1970, 35:463-476.
- [15] S. Spilerman: The analysis of mobility processes by the introduction of independent variables into a Markov chain. Am. Sociol. Rev. 1972, 37:277-294.