



کاربرد مدل‌های ریاضی SIR توسعه یافته در تحلیل و تجزیه ویروس‌ها با تاکید به کوید-۱۹

پوهنبار بهادر عتیق

دیپارتمنت ریاضی، پوهنچی تعلیم و تربیه، پوهنتون بدخشان
bahadur.atiq786@gmail.com

<https://orcid.org/0009-0002-1550-8010>

نویسنده

نشانی برقی
نشانی ارکاید

پوهنمل نورالدین فخری

دیپارتمنت ریاضی، پوهنچی تعلیم و تربیه، پوهنتون بدخشان
Bahaduratiq@gmail.com

<https://orcid.org/0009-0001-8493-733X>

* نویسنده

نشانی برقی
نشانی ارکاید

چکیده

در حقیقت تمام علم همه‌گیرشناسی (همه‌گیری) که با تغییرات بیماری‌ها در طول زمان یا در مکان‌های مختلف سروکار دارند، برای این‌که به‌صورت علمی ارائه شوند، باید با استفاده از فرمول‌ها و قوانین ریاضی مورد بررسی قرار گیرند، هرچند که با متغیرهای زیادی درگیر می‌شویم، اما مزایای بهتری خواهد داشت، چون همه‌گیری‌ها در علم همه‌گیرشناسی به هر اندازه‌یی که مورد تجزیه و تحلیل بیشتری قرار بگیرند، نتیجه بهتری در قبال خواهند داشت. در اینجا ما ابتدایی‌ترین مدل انتقال بیماری‌های واگیردار را که مدل SIR است معرفی و با مدل‌های انکشاف یافته و خوب‌تری که از این مدل استخراج شده مقایسه و مورد بحث قرار می‌دهیم. مدل‌های همه‌گیریک مخصوصاً مدل کلاسیک SIR یکی از بهترین ابزارهای تحلیل گسترش بیماری‌های واگیردار در دنیا است. در این مقاله مدل SIR و توسعه آن مانند SIRV و SEIR مورد بررسی قرار می‌گیرد. کاربردهای آن در پیش‌گیری و کنترل همه‌گیری‌ها به‌ویژه در بحران جهانی ویروس کوید-۱۹ که با آن آشنایی کامل داریم، تحلیل می‌شود. با استفاده از معادلات دیفرانسیل غیرخطی و تحلیل عددی، نشان داده می‌شود که چگونه این مدل‌ها به سیاست‌گذاری‌های بهداشتی و تصمیم‌گیری‌های معقول و درست پیش‌گیرانه کمک می‌کند. چون بیماری‌های که توسط باکتری‌ها، ویروس‌ها و قارچ‌ها ایجاد به‌وجود می‌آیند، از طریق تماس مستقیم مانند (عطسه، سرفه، تماس پوستی، تبادل مایعات، ...) انتقال می‌کنند. بنا بر این به سیاست‌های بهداشتی مکملی نیازمند هستیم تا از بیماری‌های که در آینده می‌آیند، یا شیوع موج دوم اینها حتی‌الامکان جلوگیری صورت گیرد.

کلید واژه‌ها: تحلیل عددی همه‌گیری، مدل SIR، مدل SIRV، مدل SEIR، مدل‌سازی

Utilization of Advanced SIR-Based Mathematical Models for Epidemic Analysis with a Focus on COVID-19

Author | **Bahadur Atiq**
Email | Mathematics, Education, Badakhshan University, Badakhshan
Orcid | <https://orcid.org/0009-0002-1550-8010>

Author | **Nooruddin Fakhri**
Email | Mathematics, Education, Badakhshan University, Badakhshan
Orcid | <https://orcid.org/0009-0001-8493-733X>

Abstract

The entire field of epidemiology, which deals with the dynamics of diseases over time or across different regions, must be analysed using mathematical formulas and principles in order to be presented scientifically. Although this involves dealing with numerous variables, it offers significant advantages, as the more comprehensively an epidemic is analysed, the more effective and accurate the outcomes will be. In this context, we introduce the most basic model of infectious disease transmission—the SIR model—and compare it with more advanced and refined models derived from it. Epidemiological models, particularly the classical SIR model, are among the most effective tools for analysing the spread of infectious diseases globally. This paper examines the SIR model and its extensions, such as the SIRV and SEIR models. Their applications in epidemic prevention and control—especially during the global crisis of the COVID-19 pandemic, with which we are well familiar—are discussed. By employing nonlinear differential equations and numerical analysis, it is demonstrated how these models contribute to health policymaking and rational, preventive decision-making. Since diseases caused by bacteria, viruses, and fungi are transmitted through direct contact such as sneezing, coughing, skin contact, and exchange of bodily fluids complementary health policies are essential to prevent future outbreaks or the resurgence of second waves of infection as much as possible.

Keywords: Numerical epidemic analysis, SIR model, SIRV model, SEIR model, mathematical modelling, transmission rate, recovery rate.

مقدمه

همه‌گیری بیماری‌های واگیردار همواره یکی از جدی‌ترین تهدیدهای سلامت عمومی در طول تاریخ بشریت بوده است. از طاعون سیاه در قرن چهاردهم میلادی تا آنفلوآنزای اسپانیایی در آغاز قرن بیستم، بشر بارها با بحران‌های گسترده‌ای مواجه شده است که ناشی از گسترش سریع و مهارناپذیر عوامل بیماری‌زا بوده‌اند. در قرن بیست و یکم نیز، با ظهور بیماری‌های نوپدید چون سندروم تنفسی حاد شدید (SARS) در سال ۲۰۰۳، سندروم تنفسی خاورمیانه (MERS) در سال ۲۰۱۲، و سرانجام همه‌گیری جهانی ویروس کرونا (COVID-19) از سال ۲۰۱۹، اهمیت تحلیل علمی رفتار اپیدمی‌ها و پیش‌بینی روند گسترش آن‌ها، بیش از پیش برجسته شده است. در چنین شرایطی، مدل‌سازی ریاضی به‌عنوان یکی از ابزارهای بنیادین در فهم، تحلیل و مدیریت اپیدمی‌ها، جایگاهی ویژه یافته است. مدل‌های ریاضی نه‌تنها امکان شناسایی ساختارهای پنهان در دینامیک گسترش بیماری را فراهم می‌سازند، بلکه ابزاری مؤثر برای شبیه‌سازی سناریوهای مختلف، ارزیابی اثربخشی راهبردهای مداخله‌ای، و اتخاذ تصمیم‌های مبتنی بر داده و شواهد در سطح سیاست‌گذاری بهداشتی و عمومی محسوب می‌شوند. کاربرد این مدل‌ها، به‌ویژه در شرایط بحرانی مانند همه‌گیری‌های گسترده و ویروسی، می‌تواند نقش کلیدی در شناسایی عوامل مؤثر بر انتشار بیماری، زمان‌بندی و اجرای اقدامات پیش‌گیرانه، و نیز کاهش پیامدهای بهداشتی، اقتصادی و اجتماعی ایفا نماید. از میان مدل‌های مختلف اپیدمیولوژیک، مدل‌های کلاسیکی چون SIR، SEIR و SIRV به‌دلیل سادگی نسبی، قدرت تبیین بالا و قابلیت توسعه‌پذیری، ابزارهایی کارآمد برای بررسی رفتارهای پیچیده بیماری‌های واگیردار فراهم می‌آورند.

تبیین مسأله

شیوع و همه‌گیری بیماری‌های عفونی مزمن مانند کرونا، مشکلات زیادی را در سطوح مختلف ملی و بین‌المللی در موضوع سلامت، مدیریت بحران و سیاست‌گذاری سلامت ایجاد کرده است. تنها ابزار و مسأله‌ای که به ما در درک رفتار بیماری و نحوه پیش‌گیری از شیوع آن کمک میکند، مدل‌های ریاضی همه‌گیرشناسی هستند. مدل کلاسیک (SIR) علاوه بر مزایایی که دارد، دارای یک سری کاستی‌هایی است که ما را از واقعیت‌های پشت پرده همه‌گیری‌ها بی‌خبر نگه می‌دارد. این کاستی‌ها عبارتند از: نادیده گرفتن رفتارهای اجتماعی، تماس یک‌نواخت، در نظر گرفتن جمعیت ثابت... که اگر شکل توسعه‌یافته این مدل‌ها در نظر گرفته شود و پیش‌بینی رفتار همه‌گیری‌ها و نتایج آن‌ها با این مدل مقایسه شود، نتایج بهتری خواهد داشت.

پرسش‌های تحقیق

پرسش اصلی: تفاوت مدل کلاسیک SIR با مدل‌های توسعه یافته آن در چیست؟

پرسش‌های فرعی

۱. نتایج این مدل‌ها چگونه می‌تواند در سیاست‌های سلامت و بهداشت مورد استفاده قرار گیرد؟
۲. کدام پارامترهای اساسی بر دقت مدل‌های پیش‌بینی اپیدمی تاثیر گذار اند؟
۳. این مدل‌ها تا چه حد می‌توانند روند همه‌گیری ویروس کرونا را پیش‌بینی کنند؟

اهمیت تحقیق

با توجه به افزایش فراوانی و شدت بیماری‌های عفونی در منطقه و جهان، نیاز به ابزارها و وسایل دقیق‌تری برای تحلیل و مطالعه دقیق این بیماری‌ها وجود دارد. از آنجا که سیاست‌های پیشگیرانه سلامت با استفاده از این تحقیقات و نتایج مدل‌ها در نظر گرفته می‌شوند، شایسته است با استفاده از مدل‌های (SIR) و مدل‌های استخراج شده از آن، بهترین مدل و مدلی که از ترکیب همه مدل‌های SIR استخراج شده است، معرفی شود. با پیدایش بیماری‌های واگیر دار در سطح جهانی، ضرورت به ابزارها و وسایل تحلیلی برای پیش‌بینی روند شیوع و کنترل همه‌گیری‌ها قبل از قبل احساس می‌گردید. یکی از ابزارهای اساسی در این راستا، مدل‌های ریاضیکی همه‌گیرشناسی است. مدل محبوب SIR که در سال ۱۹۲۷ توسط دو دانشمند بنام‌های کرمک و مک-کندریک معرفی شد، نقطه آغاز تحلیل ریاضی گسترش بیماری‌های عفونی و ویروسی بود. این مدل مبتنی بر سه گروه جمعیتی (افراد مستعد، افراد آلوده، افراد بهبود یافته) است. در سال‌های اخیر توسعه این مدل‌ها با در نظر گرفتن ویژگی‌های واقعی مانند نهفتگی بیماری (SEIR) یا واکسیناسیون (SIRV)، باعث شده تا دقت و کاربرد آن افزایش یابد. در این مقاله ضمن معرفی این مدل‌ها، تمرکز ما بر تحلیل ریاضیکی و کاربرد آن‌ها در کنترل بیماری‌های نظیر کوید - ۱۹ می‌باشد.

اهداف تحقیق

هدف اصلی: مقایسه عملکرد مدل‌ها در تحلیل و تجزیه ویروس کرونا و بررسی حساسیت مدل‌های SIRV و SEIR نسبت به پارامترهای انتقال و واکسیناسیون.

اهداف فرعی

۱. تحلیل و تجزیه مدل کلاسیک (SIR) با استفاده از معادلات ریاضیکی.
۲. توضیح و شرح مدل کلاسیک همراه مدل‌های توسعه یافته آن.

پیشینه تحقیق

مدل SIR اولین بار توسط کرمک (Kermack) و مک کندریک (Mackendrick) معرفی شد. (کندریک، کرمیک، ۱۹۲۷). پس از آن کندی، اندراسون (Anderson)، می (May) و هتکوت (Hethcote) این نظریه را برای ارائه مدل‌های دقیق‌تر برای بیماری‌های عفونی توسعه دادند

(سوان و هتکوت، ۱۹۹۱). مدلی برای ویروس کرونا نیز توسط لی (Li et al) و همکاران، جوردانو (Giordano)، فرگسون (Ferguson) پیشنهاد شد. در این مدل آنها فواصل، میزان تماس، قرنطینه‌ها و واکسیناسیون را تجزیه و تحلیل کردند. این روند هنوز در برخی کشورها ادامه دارد (لی و همکاران، ۲۰۲۰)

مدل کلاسیک SIR: مدل کلاسیک SIR یکی از ساده‌ترین و موثرترین مدل‌های ریاضی برای توصیف و تشریح پویایی بیماری‌های واگیردار است. در این مدل کل جمعیت مورد نظر به سه دسته تقسیم گردیده است که عبارتند از:

$S(t)$: تعداد افراد مستعد بیماری در زمان (t)

$I(t)$: تعداد افراد آلوده و ناقل بیماری در زمان (t)

$R(t)$: تعداد افرادی که صحتمند شده اند یا وفات کرده اند و دیگر در جمع ناقل بیماری نیستند. در اینجا فرض ما بر این متکی است، که کل جمعیت ثابت است و ما جمعیت در زمان (t) را به N نشان می دهیم.

$$N = S(t) + I(t) + R(t) \quad (1)$$

معادلات دیفرانسیل مدل SIR بصورت زیر تعریف کرده است.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = -\gamma I \end{cases} \quad (2)$$

که در آن β نرخ انتقال بیماری (تعداد افرادی که توسط یک شخص بیمار یا آلوده در واحد زمان آلوده می شود)، γ نرخ بهبودی یا (معکوس مدت زمان عفونت) می باشد.

نسبت حاصل $\frac{\beta}{\gamma}$ را به عنوان عدد پایه تولید (Basic Reproduction Number) یا بنام R_0 شناخته می شود که دو حالت دارد:

۱. اگر $R_0 > 1$ بوده باشد، همه گیری رشد می کند یعنی جامعه را تحت پوشش قرار می دهد.

۲. اگر $R_0 < 1$ باشد بیماری خاموش می شود یا بیماری قابل ریشه کن کردن است.

تحلیل مدل SIR در همه گیری کوید -۱۹: شیوع ویروس کوید-۱۹ یکی از بارزترین چالش ها و مشکلات جهانی در قرن اخیر بوده، که از مدل کلاسیک SIR به عنوان ابزار اولیه برای تحلیل و تجزیه این همه گیری استفاده کرده اند. در این بخش تحلیل ریاضیکی و مفهومی کوید-۱۹ را با این مدل بررسی می کنیم:

با استفاده از داده های اصلی نرخ انتقال بیماری (β) و نرخ بهبودی (γ) برای کوید-۱۹ در کشور های مختلف تخمین گردیده است. بگونه مثال در آغار بحران در کشور دوست چین، مقدار (R_0) بین ۲ تا ۳ گذارش شده بود، که این یک مقدار بسیار بالا است.

برای شبیه سازی می توان از مقادیر اولیه زیر استفاده نمود:

$$S(0) = N - 1, \quad I(0) = 1, \quad R(0) = 0$$

در صورتی که هیچ اقدامی مداخله گونه مثل قرنطین، استفاده از ماسک و واکسیناسیون انجام نشود، منحنی آلودگی به شکل زنگوله ای رشد کرده و پس از پیک کاهش می یابد. اما اعمال مداخلات باعث کاهش و در نتیجه کاهش پیک آلودگی خواهد شد.

مدل های توسعه یافته (SEIR) و (SIRV):

برای افزایش دقت فرضیات زیادی به مدل SIR اضافه خواهد شد که در نتیجه دو مدل مهم توسعه یافته بوجود می آید که عبارت اند از:

۱. مدل SEIR: در این مدل دوره نهفتگی بیماری در نظر گرفته شده و جمعیت یا نفوس به (۴) بخش تقسیم گردیده است که عبارت اند از:

i. افراد مستعد یا افرادی که در معرض خطر ابتلا به ویروس قرار دارند و به S(I) نمایش داده می شود.

ii. افراد در معرض بیماری که بیماری اورا به شکل ابتدایی گرفته ولی هنوز ناقل بیماری نیست که به E(t) نمایش می دهند.

iii. افراد آلوده یا آنانیکه به شکل درست مبتلا به بیماری بوده و بیماری از این ها به افراد سالم انتقال می کند که به I(t) نشان داده می شود.

iv. افراد صحت یافته یا فوت شده که اینها دیگر ناقل بیماری به افراد مستعد نیستند که به R(t) نشان داده می شود.

v. بین آلودگی و شروع انتقال هفت روز فاصله است. که نقش کلیدی E(t) را نمایان می کند. اینک معادلات مدل SEIR بصورت زیر فرمول بندی گردیده است.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \delta E \\ \frac{dI}{dt} = \delta E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases} \quad (3)$$

که در آن δ نرخ انتقال افراد از حالت نهفته به حالت آلوده است. مثال تطبیقی: همه گیری آنفلونزا در یک مکتب در سال ۱۹۷۸ در کشور انگلستان، شیوع آنفلونزای نوع A اتفاق افتاد. پژوهشگران مشاهدات عینی و دقیقی از روند گسترش بیماری در میان متعلمین داشتند:

(i) تعداد کل متعلمین ۷۶۲ نفر بود

(ii) تعداد مبتلایان اولیه ۳ نفر بودند

(iii) طول مدت بیماری ۳ تا ۵ روز دوام داشت

(iv) بدون مداخله رسمی (مثل تعطیلی یا واکسیناسیون)

مدل کلاسیک SIR را روی این جمعیت تطبیق می کنیم.

$$N = 762, \quad I(0) = 3, \quad S(0) = 759, \quad R(0) = 0$$

$\gamma = \frac{1}{4}$ (فرض اوسط دوره بیماری ۴ روز)، نظر به داده های موجود نرخ انتقال تخمین زده شد: $\beta = 0.365$

در نتیجه:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} = \frac{0.365}{0.25} = 1.46$$

تطبیق این نظریه با واقعیت: مدل برای ما نشان میدهد که تقریباً نصف از جمعیت درگیر بیماری می شوند. و شبیه سازی با این پارامترها نشان داده که اوج ابتلای مردم به بیماری در روز هشتم اتفاق می افتد. در نتیجه مدل با داده های واقعی کاملاً مطابقت دارد.

نتیجه تطبیق مثال بالا نمایانگر اینست که مشاهدات میدانی (پیشینه تجربی) چگونه به پارامترهای مدل SIR تبدیل می شوند. و مدل ریاضیکی کلاسیک می تواند رفتار واقعی یک همه گیری را به درستی تجدید کند.

مثال تطبیقی: تحلیل شیوع ویروس ابولا با مدل انکشاف یافته SEIR:

ویروس ابولا یکی از بیماری های بسیار کشنده و دارای دوره نهفتگی (نه به شکل انتقال پذیر ولی آلوده کننده) است که در سال (۲۰۱۴) در غرب افریقا (مثل سیرالیون)، شیوع شدید ویروس ابولا رخ داد.

این بیماری دارای ویژگی های خاصی مانند:

(a) دوره نهفتگی (۷) روزه: یعنی افراد در این هفت روز آلوده شده اند اما هنوز ناقل بیماری به

دیگران نمی باشند.

(b) دوره انتقال (۱۰) روزه: در این ده روز افراد ناقل بیماری بوده و خودشان نیز بیمار اند.

(c) نرخ مرگ و میر و بهبودی بالا.

نظر به این ویژگی ها معلوم است که مدل کلاسیک SIR برای بررسی این بیماری بطور همه جانبه کافی نبوده و از مدل SEIR استفاده می شود، چون دوره پنهان $E(t)$ در آن در نظر گرفته شده است.

فرض کنیم در شهر ۵۰۰۰۰ نفر درگیر ویروس ابولا شده باشند.

(a) افراد اولیه آلوده شده ۵۰ نفر

(b) تعداد آمار اولیه نهفته شده ها ۲۰۰ نفر

(c) نرخ انتقال بیماری $\beta = 0.4$

(d) نرخ ورود از نهفته به آلوده $\delta = \frac{1}{7} \approx 0.143$

(e) نرخ بهبودی افراد آلوده $\gamma = \frac{1}{10} = 0.1$

شرایط اولیه:

(a) $S(0) = 49750$

(b) $E(0) = 200$

(c) $I(0) = 50$

(d) $R_0 = 0$

تحلیل عددی و مفهومی: اگر این مدل با نرم افزار های مانند: MATLAB یا Python شبیه

سازی صورت گیرد چنین نتایجی خواهد داشت:

بدون مداخله مستقیم: تعداد افراد در دوره $E(t)$ به سرعت افزایش می یابند و پس از چند

روز شامل $I(t)$ می گردند.

تاخیر میان افزایش $E(t)$ و افزایش $I(t)$ منجر به پیک تاخیری در تعداد بیماران می شود.

منحنی گراف $E(t)$ و $I(t)$ بصورت دوج پی در پی ظاهر می شوند.

اگر در روند مداخله صورت بگیرد و کنترل شود: با قرنطین یا دفن ایمن اجساد باعث کاهش سریع

تر نرخ ورود افراد به $E(t)$ می شویم. پیک ها نرم تر و سطح آلودگی تمام جامعه کمتر می گردد.

نتیجه تطبیق: این مثال بیان می کند که در بیماری های با دوره نهفتگی (مانند کرونا، ابولا، آبله

میمون، ...) مدل SEIR نسبت به مدل کلاسیک SIR بهتر و با نتایج ملموس تر و مفید تر می

باشد.

از طرفی تحلیل های مدل SEIR می تواند بر سیاست گذاران بهداشتی کمک کند تا از ظهور موج

تازه دیگر عفونت یا ویروس جلوگیری شود.

۲. مدل SIRV (همراه با واکسیناسیون):

در این مدل فرض بر اینست که بخش از این افراد با استفاده از واکسیناسیون از حالت مستعد

خارج شده اند. که معادله زیر برای افراد مستعد واکسینه شده بکار می رود.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} - VS \quad (4)$$

که در آن V نرخ واکسیناسیون است.

در مدل SIRV از فرمول‌های زیر استفاده می‌شود.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} - V \\ \frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I \\ \frac{dV}{dt} = VS \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases} \quad (3)$$

در این مدل علاوه بر انتقال بیماری و بهبودی، تاثیر واکسیناسیون مستقیم در کاهش جمعیت حساس S دیده می‌شود. اگر این مدل را با داده‌های مثال بالا شبیه‌سازی کنیم طور مثال با روش‌های اوایلر یا روش رانگ-کوتاه: بدون واکسیناسیون: در این حالت بیش‌تر از ۹۰٪ جمعیت مبتلا به این بیماری می‌شوند. پیک آلودگی در روزهای ۱۰ الی ۱۵ بسیار شدید و سریع رخ می‌دهد. مدل SIRV (با واکسیناسیون):

(a) واکسیناسیون اگر روزانه صورت بگیرد باعث کاهش سریع افراد مبتلا $S(t)$ می‌گردد.

(b) در نتیجه پروسه واکسیناسیون نرخ انتقال $\beta \frac{SI}{N}$ کاهش پیدا می‌کند.

(c) به سبب واکسیناسیون اوج بیماری کندتر و یا با تاخیر رخ می‌دهد.

(d) به سبب واکسیناسیون جمعیت زیادی پیش از ابتلا ایمن و محفوظ می‌شوند.

$$V(30) = (0.01)(99000)30 = 29700$$

بدین معنی است که در پایان یک ماه ۳۰٪ جمعیت بدون درگیری مستقیم با بیماری محافظت شده‌اند.

نتیجه تطبیق: مدل SIRV بطور درست و همه‌جانبه نشان می‌دهد که واکسیناسیون حتی اگر به وقت هم شروع نشود می‌تواند همه‌گیری را کنترل کند، این مدل در مقایسه با مدل کلاسیک SIR نشان می‌دهد که افزایش V (نرخ واکسیناسیون) باعث کاهش R_0 و در نهایت باعث توقف بیماری و سرانجام باعث ریشه کن شدن بیماری از جامعه می‌گردد.

تحلیل مدل SIR در همه‌گیری کوید-۱۹: شیوع کوید-۱۹ یکی از چالش‌های بس‌مهم جهانی در قرن اخیر بوده، مدل SIR بعنوان ابزار اولیه برای تحلیل و بررسی این همه‌گیری به کار رفته

است. در این بخش تحلیل ریاضیکی و مفهومی کوید-۱۹ را با استفاده از این مدل بررسی می کنیم.

با استفاده از داده های واقعی، نرخ انتقال β و نرخ بهبود γ برای کوید-۱۹ در کشور های مختلف دنیا تخمین زده شده است. برای مثال در آغاز بحران در کشور چین مقدار R_0 بین ۲ تا ۳ گزارش شده بود که واقعا یک رقم حیران کننده بوده و برای شبیه سازی می توان از مقادیر اولیه بصورت زیر استفاده نمود.

$$S(0) = N - 1, \quad I(0) = 1$$

$R(0) = 0$ در صورتی که هیچ اقدامی مداخله گونه مانند قرنطین، ماسک، یا هم واکسیناسیون انجام نشود، گراف منحنی آلودگی به شکل زنگوله یی رشد می کند و پس از پیک کاهش می یابد. اما اعمال مداخلات بخش های بهداشتی باعث کاهش آلودگی و در نتیجه کاهش پیک آلودگی خواهد شد.

مثال تطبیقی اثر واکسیناسیون بر کنترل همه گیری سرخک در یک شهر کوچک:

پیش زمینه نظری: اگر در شهری با جمعیت ۱۰۰۰۰۰ نفر، شیوع بیماری سرخک اتفاق افتاده باشد. در این شهر برنامه واکسیناسیون همزمان با آغاز شیوع همه گیری اجرا می گردد.

دیده می شود که این بیماری دارای قابلیت سرایت بالا را داشته (مشابه به واقعیت) است، یعنی:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \approx 12 \rightarrow \beta = 1.2, \quad \gamma = 0.1$$

شرایط اولیه:

$$S(0) = 99000, \quad I(0) = 1000, \quad R(0) = 0, \quad V(0) = 0$$

مقایسه انتقادی مدل ها:

ویژگی مدل	SIR	SEIR	SIRV
ساختار کلی	۳ بخشی است (مستعد، آلوده، بهبود یافته)	۴ بخشی + دوره نهفتگی (E)	۴ بخشی + واکسینه شده (V)
فرض اساسی	بدون تاخیر و واکسین	وجود دوره پنهان (نهفتگی)	وجود واکسیناسیون در کنار بیماری
دقت	متوسط	بالا برای بیماری های نهفته	بالا برای سیاست گذاری واکسینی
مناسب برای	آفتلوزا، سرخک ساده	ابولا، کرونا، آبله	سرخک، کوید-۱۹، آفتلوزای واکسینه شده
پارامتر بیشتر	خیر	بله: δ	بله: V (واکسیناسیون)
سادگی حل	ساده	کمی پیچیده	پیچیده اما قابل حل

مثال تطبیقی برای مقایسه این سه مدل: شیوع بیماری کوید-۱۹ در یک شهر 100000 نفری
 $N = 100000, I(0) = 100, S(0) = 99000, R(0) = 0, \beta = 0.3, \gamma = 0.1$

مدل SEIR (با دوره نهفتگی):

(a) دوره نهفتگی ۵ روزه یعنی $\delta = \frac{1}{5} = 0.2$

(b) $E(0) = 200$

مدل SIRV با واکسیناسیون:

(a) واکسیناسیون ۱٪ افراد مستعد در روز یعنی: $V = 0.01$

(b) $V(0) = 0$

نتایج شبیه سازی تطبیقی مفهومی:

(۱) مدل: SIR

(a) پیک سریع در روز ۲۵ الی ۳۰ اتفاق می افتد

(b) ۶۰٪ جمعیت آلوده می شوند.

(c) بدون کنترل و بدون پیش بینی دقیق پنهان کاری ویروس

(۲) مدل SEIR

(a) پیک با تاخیر چند روزه ظاهر می شود.

(b) موج $E(t)$ (نهفته) زود تر بالا می رود و از کنترل خارج می شود.

(c) شبیه سازی بهتر رفتار واقعی کوید-۱۹

(d) سیاست گذاری های بهداشتی می تواند پروسه افزایش $E(t)$ را درک نماید، تا پیک $I(t)$ در

راه است، پیش گیری صورت گیرد.

(۳) مدل: SIRV

(a) با واکسیناسیون روزانه ۱٪ حرکت منحنی $I(t)$ بسیار ملایم و نرم می شود

(b) پیک به تاخیر می افتد و شدت آن کمتر می شود.

(c) مدل امکان آزمون سناریوهای واکسین را فراهم می کند.

بهترین مدل:

بهترین مدل کدام است:

هدف تحلیل	بهترین مدل
آموزش مفاهیم اساسی و رفتار کلی همه گیری	SIR
پیش بینی همه گیری های بادوره نهفتگی	SEIR
سیاست گذاری پروسه واکسین و مداخلات بهداشتی	SIRV

برای بیماری‌های مانند کوید-۱۹ که هم دوره نهفتگی دارند و هم نیاز به واکسیناسیون، بهترین مدل ترکیب SEIR و V است، یعنی مدل (SEIRV).

اما اگر در میان سه مدل اصلی بخواهیم یکی آنرا به عنوان بهترین، جامع ترین، دقیق ترین و کاربردی ترین مدل انتخاب کنیم، مدل SIRV با قابلیت در نظر گرفتن سیاست‌های بهداشتی، انعطاف پذیر ترین ابزار تحلیل و کنترل همه گیری است.

مدل: SEIRV ترکیب واقع گرایانه از همه گیری ها با نهفتگی و واکسیناسیون:

(۱) ساختار جمعیت

در این مدل جمعیت به پنج گروه تقسیم می شود.

متغیر	توزیع
S(t)	افراد مستعد به ابتلا (Susceptible)
E(t)	افراد در دوره نهفتگی (Exposed)
I(t)	افراد آلوده و ناقل (Infectious)
R(t)	افراد بهبود یافته یا فوت کرده (Removed)
V(t)	افراد واکسینه شده (Vaccinated)

(۲) معادلات مدل:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} - V \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \delta E \\ \frac{dI}{dt} = \delta E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = -VS \end{cases} \quad (5)$$

توضیح و تشریح پارامترها:

(a) β نرخ انتقال بیماری

(b) V نرخ واکسیناسیون

(c) δ نرخ ورود از نهفتگی به آلوده

(d) γ نرخ بهبودی

(e) N کل جمعیت مطلوب $N = S + E + I + R + V$

(۳) تطبیقات مدل: شیوع یک بیماری جدید و نا شناخته در یک شهری با نفوس 100000 نفری

در نظر گرفته می شود.

فرض می کنیم بیماری مشابه کرونا با شرایط زیر وجود داشته باشد:

(a) دوره نهفتگی آن $\delta = 5days = 0.2$

(b) دوره بیماری آن $\gamma = 10days = 0.1$

(c) نرخ انتقال آن $\beta = 0.3$

(d) نرخ واکسیناسیون در آن $V = 0.01 = 1\%$

شرایط اولیه:

$$S(0) = 95000, E(0) = 3000, I(0) = 1500, \\ R(0) = 500, V(0) = 0$$

(۴) تفسیر مفهومی مدل:

(a) افراد مستعد $S(t)$ آلوده می شوند و وارد بخش $E(t)$ می شوند یا واکسین شده وارد بخش $V(t)$ می شوند

(b) افراد از $I(t)$ وارد $R(t)$ شده و در پایان از محدوده همه گیری خارج می شوند.

(c) واکسیناسیون به مرور باعث کاهش جمعیت حساس شده و در نتیجه باعث افت پروسه انتقال می شود.

(۵) تحلیل رفتاری مدل:

با حل عددی سیستم مدل فوق نمودار ها نشان می دهد که :

(a) تابع $E(t)$ به سرعت در حال افزایش بوده، این نشان دهنده هشدار زود هنگام برای وقوع سریع پیک بیماری است.

(b) تابع $V(t)$ به تدریج رشد نموده و باعث کاهش نسبت $\beta SI/N$ می شود.

(c) تابع $I(t)$ در روز های ۲۰ الی ۳۰ به اوج خود می رسد، اما شدت این اوج در مدل بدون واکسین بسیار بیشتر و بالاتر است.

(d) واکسیناسیون موجب پایداری بیماری نشده و در نهایت باعث خاموشی آن می گردد.

(۶) مزیت های مدل:

(a) در نظر گرفتن دوره نهفتگی برای پیش بینی پنهان کاری بیماری

(b) مراعات کردن پروسه واکسیناسیون همزمان با شیوع بیماری

(c) امکان سنجش پیش سیاست های پیشگیرانه و تعیین سطح بهینه برای واکسیناسیون.

این مدل یک چارچوب ریاضیکی کامل و واقع گرایانه برای تحلیل همه گیری های مانند: آبله، سرخک و بیماری های نو ظهور است.

نتیجه‌گیری

مدل‌سازی ریاضی یکی از ابزارهای توانمند در تحلیل رفتار بیماری‌های واگیر و پشتیبانی از تصمیم‌گیری‌های بهداشتی در سطوح ملی و بین‌المللی به‌شمار می‌رود. در این پژوهش، با بهره‌گیری از مدل کلاسیک SIR و نسخه‌های توسعه‌یافته آن یعنی SEIR و SIRV، پویایی ویروس کرونا در شرایط مختلف مورد بررسی قرار گرفت. نتایج به‌دست‌آمده نشان می‌دهد که هرچند مدل SIR چارچوب پایه و ساده‌ای برای تحلیل گسترش بیماری فراهم می‌سازد، اما افزودن عوامل مهمی مانند دوره‌ی نهفتگی (در مدل SEIR) و واکسیناسیون (در مدل SIRV) می‌تواند دقت پیش‌بینی مدل را به‌طور چشمگیری افزایش دهد. این امر به‌ویژه در مناطقی با منابع محدود بهداشتی، اهمیت زیادی دارد؛ چرا که بهره‌گیری از این مدل‌ها می‌تواند در تدوین سیاست‌های مؤثر پیش‌گیرانه و برنامه‌ریزی واکنش‌های سریع و هدفمند نقش حیاتی ایفا کند. افزون بر آن، تحلیل حساسیت مدل نسبت به پارامترهای کلیدی مانند نرخ انتقال و نرخ بهبودی، نشان می‌دهد که تغییرات جزئی در این متغیرها می‌تواند تأثیرات قابل‌توجهی بر دینامیک کلی همه‌گیری داشته باشد. این موضوع اهمیت توجه دقیق به داده‌های واقعی، و به‌روزرسانی مستمر مدل‌ها را در طول زمان نشان می‌دهد. در مجموع، تلفیق تحلیل‌های ریاضی با داده‌های تجربی و اپیدمیولوژیک، راهکاری مؤثر برای پیش‌بینی روند همه‌گیری‌ها، مهار به‌موقع آن‌ها، و ارتقای سلامت جمعی فراهم می‌سازد. آینده‌ی بهداشت عمومی به‌شدت وابسته به توانایی ما در بهره‌گیری هوشمندانه از چنین ابزارهای تحلیلی خواهد بود.

منابع

- Allen, L. J. S. (2008). An introduction to stochastic epidemic models. In *Mathematical epidemiology* (pp. 81–130). Springer.
- Anderson, R. M., & May, R. M. (1991). *Infectious diseases of humans: dynamics and control*. Oxford University Press.
- Arino, J., & van den Driessche, P. (2003). A multi-city epidemic model. *Mathematical Population Studies*, 10(3), 175–193.
- Arino, J., Brauer, F., van den Driessche, P., Watmough, J., & Wu, J. (2006). A final size relation for epidemic models. *Mathematical Biosciences & Engineering*, 3(4), 681–693.
- Brauer, F., Castillo-Chavez, C., & Feng, Z. (2019). *Mathematical models in epidemiology*. Springer.
- Diekmann, O., Heesterbeek, J. A. P., & Britton, T. (2013). *Mathematical tools for understanding infectious disease dynamics*. Princeton University Press.
- Eikenberry, S. E., et al. (2020). To mask or not to mask: Modeling the potential for face mask use by the general public to curtail the COVID-19 pandemic. *Infectious Disease Modelling*, 5, 293–308.
- Ferguson, N., et al. (2020). Report 9: Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID-19 mortality and healthcare demand. Imperial College London.
- Giordano, G., et al. (2020). Modelling the COVID-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in Italy. *Nature Medicine*, 26(6), 855–860.
- Gumel, A. B., McCluskey, C. C., & Watmough, J. (2006). An SVEIR model for assessing potential impact of an imperfect anti-SARS vaccine. *Mathematical Biosciences & Engineering*, 3(3), 485–512.
- Heesterbeek, J. A. P. (2000). *Mathematical epidemiology of infectious diseases*. Wiley.
- Hethcote, H. W. (2000). The mathematics of infectious diseases. *SIAM Review*, 42(4), 599–653.
- Keeling, M. J., & Rohani, P. (2008). *Modeling infectious diseases in humans and animals*. Princeton University Press.
- Kermack, W. O., & McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society A*, 115(772), 700–721.
- Korobeinikov, A., & Maini, P. K. (2004). Non-linear incidence and stability of infectious disease models. *Mathematical Medicine and Biology*, 21(2), 113–128.

- Kucharski, A. J., et al. (2020). Early dynamics of transmission and control of COVID-19: a mathematical modelling study. *The Lancet Infectious Diseases*, 20(5), 553–558.
- Li, Q., et al. (2020). Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-infected pneumonia. *New England Journal of Medicine*, 382(13), 1199–1207.
- Ma, J., & Earn, D. J. D. (2006). Generality of the final size formula for an epidemic of a newly invading infectious disease. *Bulletin of Mathematical Biology*, 68(3), 679–702.
- Martcheva, M. (2015). *An Introduction to Mathematical Epidemiology*. Springer.
- Ngonghala, C. N., et al. (2020). Mathematical assessment of the impact of non-pharmaceutical interventions on curtailing the 2019 novel Coronavirus. *Mathematical Biosciences*, 325, 108364.
- Singhal, T. (2020). A review of coronavirus disease-2019 (COVID-19). *Indian Journal of Pediatrics*, 87(4), 281–286.
- Weiss, H. H. (2013). The SIR model and the foundations of public health. *Materials Matemàtics*, 2013, 1–17.
- World Health Organization. (2020). Coronavirus disease (COVID-19) pandemic. <https://www.who.int>
- Wu, Z., & McGoogan, J. M. (2020). Characteristics of and important lessons from the coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak in China. *JAMA*, 323(13), 1239–1242.