



دانشگاه کاشان
University of Kashan

مجله محاسبات نرم

SOFT COMPUTING JOURNAL

تارنمای مجله: scj.kashanu.ac.ir



ارائه مدلی برای شبیه‌سازی انتشار ویروس کووید-۱۹ بر اساس زنجیره مارکوف گسسته زمان*

امیرحسین یداللهی^۱، دانشجوی کارشناسی ارشد، حسین صباغیان بیدگلی^{۱*}، استادیار

^۱ گروه مهندسی کامپیوتر، دانشکده برق و کامپیوتر، دانشگاه کاشان، کاشان، ایران.

اطلاعات مقاله

چکیده

تاریخچه مقاله:

دریافت ۰۶ تیر ماه ۱۴۰۱

پذیرش ۰۴ اردیبهشت ماه ۱۴۰۲

کلمات کلیدی:

مدل‌سازی

زنجیره مارکوف

پیش‌بینی رفتار بیماری‌های همه‌گیر

انتشار ویروس کووید-۱۹

شبکه‌های ارتباطی انسانی

اثربخشی رعایت پروتکل بهداشتی ارتباطی

شیوع بیماری‌های واگیردار در جامعه به عوامل مختلفی بستگی دارد که از آن جمله می‌توان به شدت واگیری بیماری، میزان رعایت پروتکل‌های بهداشتی و ارتباطی، سرعت واکنش‌های سیستمی و ضریب تأثیر و مدت اثربخشی آن بر ایمن‌سازی، میزان تأثیر پروتکل‌های درمانی و میانگین مدت درمان اشاره نمود. وجود مدلی که بتوان به وسیله آن رفتار بیماری را برحسب پارامترهای مختلف پیش‌بینی نمود، می‌تواند به مدیران جامعه برای مقابله با این نوع بیماری‌ها کمک نماید. در مطالعاتی که تاکنون در این زمینه انجام شده، تأثیر برخی عوامل مانند رعایت دستورالعمل‌های بهداشتی، دوره پنهان بیماری و ایمنی پس از بیماری همزمان با عوامل اصلی مانند ضریب انتشار و نرخ واکنش‌های سیستمی به طور کامل در نظر گرفته نشده است. در این مقاله مدلی جدید و جامع مبتنی بر نظریه مارکوف برای پیش‌بینی رفتار بیماری کووید-۱۹ ارائه می‌شود. این مدل می‌تواند با دریافت پارامترهای داده شده رفتار بیماری را در شرایط مختلف تقلید نماید. شبیه‌سازی‌های متعدد با مقادیر مختلف پارامترهای ورودی و تشابه آن با رفتار واقعی بیماری کووید-۱۹ نشان‌دهنده صحت عملکرد مدل ارائه شده است.

© ۱۴۰۲ نویسنده‌گان. مقاله با دسترسی آزاد تحت مجوز CC-BY

۱. مقدمه

شناسایی شدند [۳]-[۵]. سپس در سال ۲۰۱۲ بیماری همه‌گیری ویروس مرس-کرونا ویروس^۳ مجدداً ظهور کرد که در خاورمیانه با ۱۷۸۲ مورد تأیید شده انسانی و ۶۴۰ مورد مرگ (تا سپتامبر ۲۰۱۶) ادامه پیدا کرد [۶]. این بار ابتدا شترها به عنوان منبع احتمالی عفونت‌های انسانی مشخص شدند [۷]. با این حال، دوباره مشخص شد که خفاش‌ها نیز میزبان این ویروس هستند و بنابراین احتمال می‌رود که آنها منبع اصلی تکامل خانواده این ویروس باشند. در دسامبر ۲۰۱۹ همه‌گیری ویروس کرونا^۴ که به کووید-۱۹ معروف شد، این بار در وهان^۵ چین ظهور کرد و به یک مشکل جدی بهداشت عمومی در سراسر جهان تبدیل شد

ویروس‌های کرونا خانواده بزرگی از ویروس‌ها هستند که باعث بیماری‌هایی مانند سندرم تنفسی حاد شدید می‌شوند. در سال ۲۰۰۲ ویروس کرونا-سارس^۱ در استان گوانگدونگ^۲ در جنوب چین ظاهر شد [۱]-[۲]. این بیماری به سرعت در بیست و هفت کشور گسترش یافت و به عنوان اولین همه‌گیری جهانی قرن ۲۱ اعلام شد. خفاش‌ها به عنوان مبدا و منبع احتمالی شیوع

* نوع مقاله: پژوهشی

* نویسنده مسئول

پست(های) الکترونیک: amirhosein972012@yahoo.com (یداللهی)

hsabaghianb@kashanu.ac.ir (صباغیان بیدگلی)

³ MERS-Coronavirus (MERS-CoV)

⁴ COVID-19

⁵ Wuhan

¹ SARS-Coronavirus (SARS-CoV)

² Guangdong

عبارتند از: میانگین متحرک خود رگرسیون فصلی^۱، مدل میانگین متحرک خود رگرسیون^۲ و شبکه‌های عصبی مصنوعی^۳ و غیره. در کنار روش‌های مذکور از زنجیره مارکوف که یک مدل تصادفی است نیز می‌توان به‌عنوان ابزاری اساسی برای حل مساله‌های پیچیده نام برد [۱۸]-[۱۹].

مطالعات متعددی در زمینه انتشار ویروس یا یک اپیدمی خاص در جهان انجام شده است. در مطالعه‌ای توسط اکرمی و همکاران در سال ۲۰۲۲، یک مدل اپیدمی برای بیماری کووید-۱۹ ارائه شده است. این مدل با توجه به عامل‌های واکسیناسیون، پروتکل‌های بهداشتی و میزان ویروس کرونا ساخته شده است. از پارامترهای فازی نرخ سرایت، نرخ بهبودی و نرخ مرگ و میر در این بیماری در مدل استفاده شده است. شبیه‌سازی نتایج نشان می‌دهد که عامل‌های واکسیناسیون و طرز عمل در اجرای پروتکل‌های بهداشتی به میزان قابل ملاحظه‌ای در کاهش یا توقف انتشار ویروس کووید-۱۹ در یک جمعیت موثر است [۲۰].

گو^۴ و محمدیانی^۵ به منظور مطالعه چگونگی انتشار اطلاعات در میان کاربران شبکه مدل SIR^۶ را ارائه کردند. هدف از این مطالعه بررسی چگونگی اثرگذاری انتشار اخبار و اطلاعات نادرست بین کاربران شبکه‌های اجتماعی و رسانه‌ها است. در این مطالعه افراد به دو گروه با مقاومت بالا و مقاومت کم در برابر دریافت اطلاعات تقسیم می‌شدند. تجزیه و تحلیل نتایج نشان داد که نوع ابزار انتشار اطلاعات و قدرت آن از جهات مختلف بر نحوه انتقال اطلاعات بین افراد تاثیر می‌گذارد [۲۱]، [۲۲].

در مطالعه دیگری کراک^۷ و باک^۸ مدل اپیدمی غیرخطی SIS^۹ را بر اساس معادلات انتشار غیرخطی شبیه‌سازی کردند. نتایج این مطالعه نشان داد که زنجیره مارکوف زمان پیوسته همواره به

[۱۰]-[۱۱]. تا نه ماه نخست هیچ دارو یا واکسن خاصی علیه کووید-۱۹ پیدا نشده بود [۱۱]. ویروسی که باعث بیماری اپیدمی کووید-۱۹ شد سندرم تنفسی حاد شدید کرونا ویروس نامیده می‌شود [۱۲]. کووید-۱۹ گونه جدیدی از ویروس کرونا است که در سال ۲۰۱۹ کشف شد و پیش از این در انسان شناسایی نشده بود [۱۳]-[۱۵].

از آنجا که این بیماری به شدت دنیا را تحت تاثیر قرار داده و باعث مرگ و میرهای متعددی در جهان شده است، انجام مطالعه و تحقیقات در مورد نحوه انتشار این ویروس و تاثیر پارامترهای مختلف از جمله ضریب سرایت سویه‌ها و میزان رعایت پروتکل‌های بهداشتی بر نحوه انتشار ویروس می‌تواند به پیش‌بینی رفتار و یا وضع قوانین پروتکلی مناسب و در نتیجه پیش‌گیری از انتشار نامتعارف و کاهش تبعات ناشی از آن موثر باشد. همچنین بررسی تاثیر واکسیناسیون با ضرایب عملکرد متفاوت نیز می‌تواند در مدیریت این اپیدمی تاثیرگذار باشد. لذا این تحقیق سعی دارد با ارائه مدلی امکان پیش‌بینی و بررسی نحوه انتشار این ویروس در شرایط مختلف را فراهم نماید.

مدل‌های ریاضی و شبیه‌سازی کامپیوتری امکان مطالعه رفتار یک جامعه در تعامل با یک بیماری را فراهم می‌کنند. در مدل‌سازی ریاضی اپیدمی، جمعیت مورد مطالعه با توجه به وضعیت افراد نسبت به پیشرفت بیماری به چند حالت (State) تقسیم می‌شوند. سپس هرگونه تغییرات جمعیتی در این حالت‌ها مانند ابتلا، بهبود، واکسیناسیون، قرنطینه، ایمنی و غیره در نظر گرفته شده و توسط روابط ریاضی فرمول‌بندی می‌شوند [۱۶]. اخیراً محققان از مدل‌های ریاضی در پژوهش‌های کاربردی در موضوعات مختلفی مانند انتشار بیماری‌های واگیردار استفاده کرده‌اند، زیرا این مدل‌ها قادر هستند که مساله‌های دنیای واقعی را به خوبی شبیه‌سازی کنند [۱۷].

به طور کلی امروزه، روش‌های زیادی برای حل مساله پیچیده با رویکرد پیش‌بینی وجود دارد. برخی از راهبردها در این زمینه

¹ SARIMA

² ARIMA

³ ANN

⁴ Guo

⁵ Mohammadiani

⁶ Susceptible-Infective-Removed compartment

⁷ Krak

⁸ Bock

⁹ Susceptible infected susceptible

شبکه‌های ارتباطات انسانی دنیای واقعی نشان داده است [۲۷]- [۲۹].

وانگ و گیلث^۷ مدل حذف سرایت در یک شبکه به نام SPIR^۸ را ارائه دادند که این مدل بر اساس زنجیره مارکوف گسسته است. نتایج نشان می‌دهد که انتشار در شبکه‌های شامل انسان سلسله مراتبی هستند و با وجود ویژگی ذاتی متفاوت اما قابل دسته‌بندی انسان‌ها در مواجهه با پدیده انتشار، مدیریت شبکه قابل پیش‌بینی است [۳۰]، [۳۱].

انتشار ویروس نیز مانند انتشار اطلاعات بین افراد مختلف شبکه‌ای ایجاد می‌کند و تاثیرپذیری و یا عدم تاثیرپذیری آن در افراد مختلف متفاوت است. نمونه این موارد را می‌توان در انتشار یک ویروس در جامعه مشاهده کرد که در نهایت در صورت عدم کنترل می‌تواند کل جامعه را درگیر کند و یا در صورت کنترل بیماری، همه‌گیری آن را به درصد کمی از جامعه همگرا کرد.

در مطالعات فوق تماس‌های فردی به عنوان سرایت یا انتقال اطلاعات در نظر گرفته شده ولی تاثیر رعایت دستورالعمل‌های بهداشتی، اثر فعالیت‌های درمانی و عوامل پیشگیرانه مانند واکسن و سابقه ابتلا را به طور همزمان در نظر نمی‌گیرند. در حقیقت در مدل‌های ارائه شده تاکنون برخی حالت‌ها و در نتیجه برخی گذر حالت‌های لازم و تاثیرگذار بر الگوی رفتاری همه‌گیری نادیده گرفته شده است. در این مقاله، یک مدل همه‌گیری جدید و جامع مبتنی بر زنجیره مارکوف برای مطالعه انتشار ویروس کووید-۱۹ پیشنهاد شده است. در این مدل سعی شده با افزودن تعدادی حالت و پارامتر، مواردی مانند دوره نهفته بیماری، ایمنی پس از بهبودی، ضریب شکست واکسیناسیون و ضریب رعایت دستورالعمل‌ها نیز در نظر گرفته شود.

مدل توسعه داده شده قادر است هشت حالت مختلفی را که هر فرد ممکن است در مواجهه با ویروس در آن قرار گیرد، نمایش دهد. مدل پیشنهادی شباهت زیادی به یک زنجیره مارکوف زمان گسسته دارد که برای گام‌های زمانی دلخواه ثابت قابل شبیه‌سازی است. برای شبیه‌سازی روند انتشار ویروس از

یک توزیع محدود همگرا می‌شود. میانگین این توزیع با توجه به شرایط مختلف مساله درصدی از جمعیت اولیه خواهد بود [۲۳]، [۲۴].

واندن^۱ و همکاران مدلی برای انتقال یک بیماری بر اساس یک سیستم معادلات دیفرانسیل معمولی ارائه دادند. نتایج نشان داد که در نهایت تعادل انتقال بیماری پایدار است. آنها معتقدند که این مدل می‌تواند در شرایط مختلف با پیچیدگی‌های متفاوت نیز بکار گرفته شود و این موضوع یک ویژگی مهم برای کنترل بیماری است [۲۵].

تامبسیوت^۲ و همکاران برای بررسی تاثیر انتشار برخی اطلاعات نادرست در جامعه مدل معادلات دیفرانسیل تاخیری^۳ را ارائه داده و تجزیه و تحلیل کردند. در این تحقیق مدلی مجزا از دو فرآیند متقابل در شبکه‌ای در نظر گرفته شده که در آن افراد به دو گروه افراد زودباور و بدبین تفکیک شده‌اند. شبیه‌سازی گسترده و تجزیه و تحلیل نتایج نشان می‌دهد که شبکه، از گسترش یک شایعه با نرخ‌های فراموشی کم بسیار تاثیر می‌پذیرد اما زمانی که شایعه با نرخ‌های سریع‌تر فراموش می‌شوند، تاثیری زیادی ندارد [۲۶].

برخی محققان برای ارتقا توانایی شبکه انسانی در برابر انتشار اطلاعات و بیماری همه‌گیری در جامعه، یک الگوریتم موازی را برای برنامه‌ریزی ارائه دادند. در این مطالعات، یانگ^۴، وانگ^۵ و کاک^۶ روشی رتبه‌بندی مبتنی بر موقعیت گره و همسایگی آن، با پیچیدگی محاسباتی کم را پیشنهاد کردند. روش پیشنهادی از اطلاعات تکرار برای تشخیص بیشتر موقعیت گره استفاده می‌کند و همچنین به طور کامل تاثیر همسایگی را روی قابلیت سرایت یک گره در نظر می‌گیرد. علاوه بر این، از روش آنتروپی برای وزن دادن به موقعیت گره و ویژگی‌های همسایگی استفاده شد. نتایج آزمایش از نظر یکنواختی، صحت و کارایی عملکرد خوب روش پیشنهادی را هم در شبکه‌های مجازی و هم در

¹ Van Den

² Tambuscio

³ Delayed differential equations

⁴ Yang

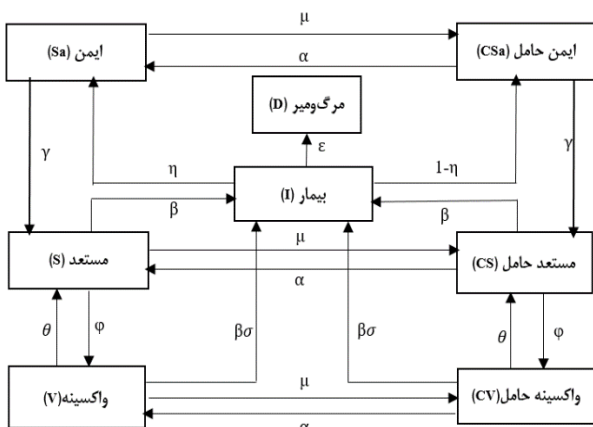
⁵ Wang

⁶ Kaeck

⁷ Gillath

⁸ Susceptible-pre-symptomatic, symptomatic infectious-removed from the infectious pool

فایزر) تعیین شده است [۳۴]–[۳۶].



شکل (۱): فرآیند انتشار مدل SVISA_CA

جدول (۱): تعریف پارامترهای اصلی در مدل SVISA_CA

پارامتر	شرح
$N(t)$	تعداد کل افراد در زمان t
$S(t)$	تعداد افراد مستعد در زمان t
$I(t)$	تعداد افراد بیمار در زمان t
$V(t)$	تعداد افراد واکسینه شده در زمان t
$CV(t)$	تعداد افراد واکسینه حامل ویروس در زمان t
$CS(t)$	تعداد افراد مستعد حامل ویروس در زمان t
$Sa(t)$	تعداد افراد ایمن در زمان t
$CSa(t)$	تعداد افراد ایمن حامل ویروس در زمان t
$D(t)$	تعداد مرگ و میر در واحد زمان
β	احتمال تبدیل یک فرد مستعد به بیمار در هر گام زمانی
γ	احتمال تبدیل فرد ایمن به فرد مستعد در هر گام زمانی
φ	احتمال واکسیناسیون افراد مستعد در هر گام زمانی
θ	احتمال تبدیل فرد واکسینه به فرد مستعد در هر گام زمانی
σ	احتمال شکست واکسن فرد واکسینه در هر گام زمانی
α	احتمال از بین رفتن ویروس از فرد حامل در هر گام زمانی
μ	احتمال تبدیل فرد غیر حامل به حامل ویروس
η	احتمال تبدیل فرد بیمار به ایمن (غیرحامل) پس از بهبودی
ϵ	احتمال فوت فرد بیمار در هر گام زمانی
P	ضریب رعایت پروتکل در جامعه

۲.۱. زنجیره مارکوف

مدل مارکوف گسسته زمان، برای مدل‌سازی سیستم‌هایی که دارای تعداد حالات کاری قابل شمارش هستند، مناسب است.

معادلات دینامیکی غیرخطی مدل مارکوف استفاده می‌شود. مدل پیشنهادی پارامتری است و تاثیر پارامترهای مختلف آن به وسیله شبیه‌سازی بررسی خواهد شد.

در ادامه این مقاله در بخش ۲ مدل پیشنهادی به تفصیل در چند بخش شامل زنجیره مارکوف، مدل انتشار ویروس و ساختار شبکه بیان می‌شود. سپس در بخش ۳ نتایج حاصل از شبیه‌سازی ارائه شده و مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌گیرد. در نهایت در بخش ۴ جمع‌بندی و نتیجه‌گیری نهایی ذکر می‌شود.

۲. مدل پیشنهادی

در این تحقیق به منظور شبیه‌سازی روند انتشار ویروس کووید-۱۹ و بررسی تاثیر پارامترهای مختلف انتشار این ویروس، از زنجیره مارکوف گسسته زمان استفاده شده و بر اساس آن مدلی برای انتشار ویروس ارائه شده است. مدل پیشنهادی شامل ۸ حالت است و مانند مدل‌های مشابه (SVIS) [۳۲]–[۳۳]، با ادغام حروف اول اسامی این هشت حالت، SVISA_Ca نامیده شده است. در این مدل هر شخص می‌تواند در هر یک از حالت‌های مستعد (S)، بیمار (I)، واکسینه (V)، ایمن (Sa)، واکسینه حامل (CV)، مستعد حامل (CS)، ایمن حامل (CSa) و مرگ (D) باشد. حالت ایمن مربوط به دوره محدودی پس از بهبودی است که شخص در این دوره مشابه فرد واکسینه شده دارای ایمنی نسبی در مقابل بیماری است.

در این مدل افراد ایمن، مستعد و واکسینه خود به دو دسته حامل و غیرحامل تقسیم می‌شوند بنابراین در مجموع ۶ حالت را ایجاد خواهند کرد. دو حالت دیگر مربوط به حالت بیمار و حالت مرگ است. شکل (۱)، حالت‌های مختلف و گذر بین آنها را همراه با نرخ گذرها و به صورت پارامتری نشان می‌دهد. پارامترهای مدل پیشنهادی نیز در جدول (۱) شرح داده شده‌اند. تعداد حالت‌ها و نحوه تبدیل آنها به یکدیگر با توجه به گزارش‌های منتشر شده توسط سازمان‌های مختلف (وزارت بهداشت، سازمان جهانی بهداشت و سایت واکسن‌های مدرنا و

¹ susceptible-infected-vaccinated-susceptible

² Susceptible, Infected, Vaccinated, Safe, Carrier Vaccinated, Carrier Susceptible, Carrier Safe, Dead

۲.۲. مدل شبیه‌سازی انتشار ویروس کووید-۱۹

به منظور توصیف روند انتشار ویروس کووید-۱۹، مفهوم واکسیناسیون مداوم در شبکه در نظر گرفته شده و ایمنی افراد بعد از بهبود بیماری نیز به عنوان یک حالت اصلی در شبکه مورد بررسی قرار گرفته است. از آنجا که افراد ایمن، مستعد و واکسینه، خود ممکن است به دلایل مختلف حامل ویروس باشند، هر کدام از این افراد خود به دو دسته حامل و غیرحامل تقسیم شده‌اند. بنابراین، کل جمعیت زنده موجود در جامعه به چهار دسته کلی افراد مستعد (حامل و غیرحامل)، افراد بیمار، افراد ایمن (حامل و غیرحامل) و افراد واکسینه (حامل و غیرحامل) تقسیم شده‌اند.

رابطه (۴) نمایش ریاضی مدل مارکوف پیشنهادی است که نمودار آن در شکل (۱) نشان داده شده است. این معادله، با توجه به ۱۸ گذر موجود در نمودار، شامل ۱۸ رابطه است. این روابط نشان‌دهنده گذرهای مختلف حالت بوده و در هنگام شبیه‌سازی تغییر وضعیت یک فرد از هر حالت مبدا به هر حالت مقصد را مشخص می‌کنند. در این روابط، X_i^{t+1} حالت بعدی گره i در زمان $t+1$ ، X_i^t حالت جاری گره i در زمان t ، N تعداد افراد جامعه را نمایش داده و فضای حالت مدل پیشنهادی به شکل $Z_i \in [S, V, I, Sa, CS, CV, GSa, D]$ تعریف می‌شود. نمایش دیگر زنجیره مارکوف زمان گسسته، نمایش ماتریسی است که در آن زنجیره مارکوف به وسیله ماتریس احتمال گذر P نمایش داده می‌شود. این ماتریس در مدل پیشنهادی در رابطه (۵) آورده شده است. هر درایه P_{ij} ماتریس، احتمال گذر از حالت i به حالت j را نشان می‌دهد. درایه روی قطر اصلی (P_{ii}) ، احتمال عدم تغییر حالت، (احتمال ماندن در حال i) است که مقدار آن مکمل یک جمع احتمال تمام گذرهای خروجی از حالت i است. بنابراین مجموع درایه‌های روی هر سطر این ماتریس برابر یک است.

بر اساس رابطه (۴)، می‌توان روابط مربوط به رفتار گذرای مدل

در این مدل با هرگام زمانی حالت جاری سیستم به حالت جدید تغییر وضعیت می‌دهد. در زنجیره مارکوف حالت جدید بر اساس حالت جاری و احتمالات گذر به حالات بعدی مشخص می‌شود.

زنجیره مارکوف بر اساس تعریف بدون حافظه است. به عبارت دیگر، در این مدل حالت جدید به حالات ماقبل حالت جاری بستگی ندارد و فقط وابسته به حالت جاری است. رابطه (۱) بیان ریاضی بدون حافظه بودن زنجیره $X^{(0)}, X^{(1)}, X^{(2)}, \dots, X^{(n)}, X^{(n+1)}$ است که در آن حالت تصادفی سیستم در مرحله جاری و $X^{(n+1)}$ حالت تصادفی سیستم در مرحله بعد است.

$$P(X^{(n+1)} = i | X^{(n)} = j, X^{(n-1)} = i_{n-1}, \dots, X^{(0)} = i_0) = P_{ij} \quad (1)$$

یک زنجیره مارکوف می‌تواند با مجموعه مقادیر احتمال گذر بین حالات مختلف که به طور معمول به صورت ماتریسی نشان داده می‌شود بیان شود. شکل کلی ماتریس احتمال گذر در رابطه (۲) نشان داده شده است که در آن P_{ij} یک عدد نامنفی کوچک‌تر و مساوی یک است که احتمال تغییر از حالت جاری i به حالت بعدی j را بیان می‌کند.

$$P = \begin{bmatrix} P_{00} & P_{01} & P_{02} & \dots \\ P_{10} & P_{11} & P_{12} & \dots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ P_{i0} & P_{i1} & P_{i2} & \dots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \end{bmatrix} \quad (2)$$

در این ماتریس حاصل جمع هر سطر برابر یک است. این ویژگی در رابطه (۳) نشان داده شده است.

$$P_{ij} \geq 0, \quad i, j \geq 0$$

$$\sum_{j=0}^{\infty} P_{ij} = 1, \quad i = 0, 1, \dots \quad (3)$$

روش دیگر نمایش مدل مارکوف نمایش گرافی آن است که به شکل یک ماشین حالت با تعدادی حالت و تعدادی کمان نشان داده شده و احتمال هرگذر روی کمان مربوطه نوشته می‌شود. در بخش بعدی مدل پیشنهادی برای انتشار ویروس کووید-۱۹ شرح داده می‌شود.

¹ Transition probability matrix

صورت مجاورت با یک فرد بیمار یا حامل و با احتمال گذر مربوطه (β) انجام می‌شود. یا گذر یک فرد از حالت بیمار (I) به حالت ایمن (Sa) برای هر گره تنها پس از گذراندن دوره بیماری و با احتمال گذر مربوطه (η) انجام می‌شود. برای هر یک از دوره‌های زمانی یک مقدار تصادفی با توزیع یکنواخت در یک بازه زمانی در نظر گرفته می‌شود. بازه‌های در نظر گرفته شده برای شبیه‌سازی مدل پیشنهادی در جدول (۳) در بخش ۳ آورده شده است.

پیشنهادی را به دست آورد. رابطه (۶) تغییر تعداد افراد موجود در هر یک از ۸ حالت تعریف شده در مدل پیشنهادی را در گذر از گام زمانی t به گام زمانی $t + 1$ توصیف می‌کند. نکته‌ای که لازم است در اینجا به آن اشاره شود و لازم است در زمان شبیه‌سازی مدل رعایت شود این است که برخی گذر حالت‌ها در این مدل دارای پیش شرط مجاورت و برخی گذر حالت‌ها دارای دوره زمانی هستند. به عنوان مثال گذر یک فرد از حالت مستعد (S) به حالت بیمار (I) برای هر گره تنها در

$$\begin{cases}
 P[X_i^{t+1} = I | X_i^t = S] = \beta, & P[X_i^{t+1} = CS | X_i^t = S] = \mu, & P[X_i^{t+1} = V | X_i^t = S] = \varphi, \\
 P[X_i^{t+1} = Sa | X_i^t = I] = \eta, & P[X_i^{t+1} = CSa | X_i^t = I] = 1 - \eta, & P[X_i^{t+1} = D | X_i^t = I] = \varepsilon, \\
 P[X_i^{t+1} = I | X_i^t = V] = \beta\sigma, & P[X_i^{t+1} = S | X_i^t = V] = \theta, & P[X_i^{t+1} = CV | X_i^t = V] = \mu, \\
 P[X_i^{t+1} = CSa | X_i^t = Sa] = \mu, & P[X_i^{t+1} = S | X_i^t = Sa] = \gamma, & \\
 P[X_i^{t+1} = Sa | X_i^t = CSa] = \alpha, & P[X_i^{t+1} = CS | X_i^t = CSa] = \gamma, & \\
 P[X_i^{t+1} = I | X_i^t = CS] = \beta, & P[X_i^{t+1} = S | X_i^t = CS] = \alpha, & P[X_i^{t+1} = CV | X_i^t = CS] = \varphi, \\
 P[X_i^{t+1} = CS | X_i^t = CV] = \theta, & P[X_i^{t+1} = I | X_i^t = CV] = \beta\sigma, & P[X_i^{t+1} = V | X_i^t = CV] = \alpha,
 \end{cases}
 \quad \forall i \in \{1, 2, \dots, N\} \quad (4)$$

$$P = \begin{bmatrix}
 -\beta S - \varphi S - \mu S & \beta S & \varphi S & 0 & \mu S & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & 1 - \eta I - (1 - \eta)I - \varepsilon I & 0 & \eta I & 0 & 0 & 0 & (1 - \eta)I & \varepsilon I \\
 \theta V & \beta\sigma V & 1 - \theta V - \beta\sigma V - \mu V & 0 & 0 & \mu V & 0 & 0 & 0 \\
 \gamma Sa & 0 & 0 & 1 - \gamma Sa - \mu Sa & 0 & 0 & 0 & \mu Sa & 0 \\
 \alpha CS & \beta CS & 0 & 0 & 1 - \beta CS - \varphi CS - \alpha CS & \varphi CS & 0 & 0 & 0 \\
 0 & \beta\sigma CV & \alpha CV & 0 & \theta CV & 1 - \theta CV - \beta\sigma CV - \alpha CV & 0 & 0 & 0 \\
 0 & 0 & 0 & \alpha CSa & \gamma CSa & 0 & 1 - \gamma CSa - \alpha CSa & 0 & 0 \\
 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1
 \end{bmatrix} \quad (5)$$

$$\begin{cases}
 \Delta S = S(t+1) - S(t) = -\beta S(t) + \gamma Sa(t) - \varphi S(t) + \theta V(t) - \mu S(t) + \alpha CS(t) \\
 \Delta I = I(t+1) - I(t) = \beta S(t) + \beta CS(t) - \eta I(t) - (1 - \eta)I(t) + \beta\sigma V(t) + \beta\sigma CV(t) - \varepsilon I(t) \\
 \Delta V = V(t+1) - V(t) = \varphi S(t) - \theta V(t) - \beta\sigma V(t) - \mu V(t) + \alpha CV(t) \\
 \Delta Sa = Sa(t+1) - Sa(t) = \eta I(t) - \gamma Sa(t) - \mu Sa(t) + \alpha CSa(t) \\
 \Delta CS = CS(t+1) - CS(t) = -\beta CS(t) + \gamma CSa(t) - \varphi CS(t) + \theta CV(t) + \mu S(t) - \alpha CS(t) \\
 \Delta CV = CV(t+1) - CV(t) = \varphi CS(t) - \theta CV(t) - \beta\sigma CV(t) + \mu V(t) - \alpha CV(t) \\
 \Delta CSa = CSa(t+1) - CSa(t) = (1 - \eta)I(t) - \gamma CSa(t) + \mu Sa(t) - \alpha CSa(t) \\
 \Delta D = D(t+1) - D(t) = \varepsilon I(t)
 \end{cases} \quad (6)$$

۲.۲.۱. تجزیه و تحلیل ساختار شبکه

دنیای فیزیکی شکل می‌گیرد و انتقال ویروس از شخص حامل به فرد مستعد صرفاً در فاصله نزدیک فیزیکی صورت می‌گیرد. این موضوع در هنگام شبیه‌سازی مدل در نظر گرفته می‌شود. به این ترتیب که فضای فیزیکی به شکل یک ماتریس با سلول‌های مربعی ۱ متر در ۱ متر مدل می‌شود و تنها فرد مستعدی که در یک سلول مشترک با حامل ویروس یا بیمار قرار گیرد، احتمال تبدیل شدن به یک فرد حامل یا بیمار را خواهد داشت. در این شبکه افراد به روش قدم زدن تصادفی در سلول‌های ماتریس جابجا می‌شوند. سهم احتمال ماندن در سلول جاری را می‌توان

مدل مارکوف پیشنهادی در حقیقت وضعیت هر فرد از افراد جامعه را مدل می‌کند. این افراد که از طریق روابط اجتماعی با یکدیگر در ارتباط هستند یک شبکه پیچیده را تشکیل می‌دهند. روابط اجتماعی بین افراد یک جامعه در دنیای فیزیکی بستر انتشار بیماری‌های واگیردار است. به طور مشابه روابط انسان‌ها شبکه‌های اجتماعی نیز بستر انتشار اخبار منفی است. با توجه به اینکه مدل پیشنهادی این مقاله مربوط به بیماری‌های واگیردار و به طور خاص مربوط به کووید-۱۹ است در شبکه مربوط در

مستعد حامل یا در دوره پنهان بیماری بهبود می‌یابد و به حالت مستعد برمی‌گردد و یا اینکه پس از مدتی به حالت بیمار می‌رود. به عبارت دیگر از دوره پنهان بیماری خارج شده و به دوره بروز علائم می‌رود. فرد مستعد حامل می‌تواند مشابه یک بیمار باعث انتقال ویروس به افراد مستعد (سالم) شود. در مدل پیشنهادی زمان پنهان بیماری با مقدار β مدل می‌شود. β احتمال تبدیل یک فرد مستعد حامل به بیمار است و زمان پنهان بیماری با آن رابطه معکوس دارد. با افزایش β میانگین زمان نهفتگی کاهش و با کاهش β میانگین زمان نهفتگی افزایش می‌یابد.

شرح انتقال حالت گره: در مدل ارائه شده ۱۸ گذر حالت وجود دارد که در ادامه هر یک از آنها معرفی می‌شود.

(۱) گذر $S \rightarrow I$: وقتی فرد مستعد با فرد بیمار یا فرد حامل ویروس ارتباط برقرار می‌کند، به احتمال β در گام زمانی بعدی به بیماری مبتلا شده و حالت فرد از مستعد به بیمار تغییر می‌کند.

(۲) گذر $S \rightarrow V$: در هر گام زمانی فرد مستعد به احتمال ρ اقدام به واکسیناسیون کرده و از حالت مستعد به واکسینه تغییر حالت می‌دهد.

(۳) گذر $S \rightarrow CS$: وقتی فرد مستعد با فرد بیمار یا فرد حامل ارتباط برقرار می‌کند به احتمال μ ویروس را دریافت کرده و به حالت مستعد حامل تغییر وضعیت می‌دهد.

(۴) گذر $I \rightarrow Sa$: فرد بیمار پس از گذراندن مدت درمان، به احتمال η بهبود یافته و به حالت ایمن فاقد ویروس تغییر وضعیت می‌دهد.

(۵) گذر $I \rightarrow CSa$: فرد بیمار که تحت درمان قرار گرفته و بهبود یافته، به احتمال $1 - \eta$ به حالت ایمن حامل تغییر وضعیت می‌دهد. در این حالت، می‌تواند در صورت تماس با دیگران آنها را به بیماری مبتلا یا به حالت حامل ویروس ببرد.

(۶) گذر $V \rightarrow S$: یک فرد واکسینه شده به مرور زمان ایمنی خود را از دست داده و به فرد مستعد تبدیل می‌شود، لذا در مدل پیشنهادی در هر واحد زمانی، فرد واکسینه شده

به رعایت دستورالعمل تعبیر کرد که در مدل پیشنهادی با p نشان داده شده است. در هر گام هر فرد می‌تواند در مکان قبلی خود بماند یا به یکی از ۸ سلول مجاور خود نقل مکان کند. بنابراین با هر گام ارتباطات شبکه دچار تغییر خواهد شد و شبکه‌ای جدید بوجود خواهد آمد. تغییر مجاورت‌ها و گذر زمان دو عامل تغییر وضعیت گره‌ها هستند که در زیربخش بعد به طور دقیق‌تر به آن پرداخته می‌شود.

۲.۲.۲. تجزیه و تحلیل حالت گره

شرح وضعیت گره: در مدل پیشنهادی انتشار ویروس کووید-۱۹، هر فرد می‌تواند در یکی از هشت حالت مدل مارکوف شکل (۱) باشد. بنابراین افراد جامعه به هشت دسته تقسیم می‌شوند. سه دسته اصلی افراد مستعد (S)، ایمن (Sa) و واکسینه (V) هستند. در مقابل، متناظر این سه دسته، افراد مستعد حامل (CS)، ایمن حامل (CSa) و واکسینه حامل (CV) قرار دارند. دسته هفتم و هشتم شامل افراد بیمار (I) و افراد درگذشته (D) هستند. در مدل پیشنهادی، فرد مستعد در صورت تماس با فرد حامل یا بیمار ویروس را دریافت کرده و به یک فرد بیمار یا حامل تبدیل می‌شود. فرد بیمار (پس از گذراندن دوره درمان) در صورت بهبودی به یک فرد ایمن تبدیل می‌شود. فرد ایمن در تماس با فرد حامل مستقیماً دچار بیماری نمی‌شود ولی ممکن است به یک فرد ایمن حامل تبدیل شود یا با گذر زمان با یک نرخ معین (γ) به حالت مستعد برگردد و از حالت مستعد دچار بیماری شود. این موضوع برای فرد واکسینه شده کمی متفاوت است به این معنی که فرد واکسینه علاوه بر احتمال تبدیل به واکسینه حامل، می‌تواند در صورت شکست واکسن، بیمار هم بشود. برای افراد حامل غیربیمار، بجز ایمن حامل احتمال بیماری وجود دارد.

همانطور که توضیح داده شد، در مدل ارائه شده، فرد مستعد با قرار گرفتن در کنار فرد بیمار و دریافت ویروس به یکی از دو حالت «بیمار» یا «مستعد حامل» تبدیل شده که هر کدام احتمال مخصوص به خود را دارد. حالت «مستعد حامل» دقیقاً نقش دوره پنهان بیماری را بازی می‌کند به این ترتیب که شخص

می‌شود. بنابراین، در مدل پیشنهادی در هر گام زمانی، فرد واکسینه‌شده حامل به احتمال θ به فرد مستعد حامل تبدیل می‌شود.

(۱۴) گذر $CV \rightarrow CS$: در هر واحد زمانی فرد مستعد به احتمال ϕ اقدام به واکسیناسیون کرده و از حالت مستعد حامل به واکسینه‌شده حامل تغییر حالت می‌دهد.

(۱۵) گذر $CS \rightarrow I$: یک فرد مستعد حامل بدلیل اینکه خود حامل ویروس است بدون نیاز به مجاورت با فرد مبتلا یا حامل دیگر می‌تواند به احتمال β مبتلا شده و حالت فرد از مستعد حامل به بیمار تغییر می‌کند. این تغییر وضعیت را می‌توان به عبور از حالت پنهان بیماری و بروز علائم به صورت آشکار تعبیر کرد.

(۱۶) گذر $CSa \rightarrow CS$: هر فرد ایمن حامل پس از مدتی ایمنی خود را از دست داده و به فرد مستعد حامل تبدیل شده و بر همین اساس، در مدل پیشنهادی در هر واحد زمانی، فرد ایمن به احتمال γ به فرد مستعد تبدیل می‌شود.

(۱۷) گذر $Sa \rightarrow CSa$: وقتی فرد ایمن با فرد بیمار یا حامل ارتباط برقرار می‌کند، به احتمال μ ویروس را دریافت کرده و به حالت ایمن حامل تغییر وضعیت می‌دهد.

(۱۸) گذر $Sa \rightarrow S$: هر فرد ایمن پس از مدتی ایمنی خود را از دست داده و به فرد مستعد تبدیل می‌شود. بر همین اساس در مدل پیشنهادی در هر واحد زمانی، فرد ایمن به احتمال γ به فرد مستعد تبدیل می‌شود.

۳. شبیه‌سازی و تجزیه و تحلیل نتایج

به منظور شبیه‌سازی و تجزیه و تحلیل نحوه انتشار ویروس کووید-۱۹ با استفاده از مدل پیشنهادی، ابتدا شبیه‌سازی بر اساس مقادیر اولیه برای ره یک از پارامترهای مدل انجام شده و سپس برای بررسی تاثیر هر پارامتر، با ثابت نگه‌داشتن مقدار سایر پارامترها و تغییر پارامتر مورد نظر شبیه‌سازی تکرار شده است. مقدار اولیه پارامترهای مدل جمعیت اولیه در نظر گرفته شده در شبیه‌سازی فرآیند انتشار در جدول (۲) و زمان‌های مختلف دوره بیماری در جدول (۳) نشان داده شده است. این

به احتمال θ به فرد مستعد تبدیل می‌شود.

(۷) گذر $V \rightarrow I$: از آنجایی که واکسن ۱۰۰ درصد موثر نیست و امکان مبتلا شدن افراد واکسینه‌شده نیز وجود دارد پارامتری به عنوان احتمال شکست واکسن به نام σ در نظر گرفته شده که در احتمال ابتلای فرد مستعد یعنی β ضرب و احتمال ابتلای فرد واکسینه‌شده یعنی $\sigma\beta$ را بوجود می‌آورد. به این ترتیب وقتی فرد واکسینه‌شده با فرد بیمار یا حامل ارتباط برقرار می‌کند به احتمال $\sigma\beta$ مبتلا شده و حالت فرد از واکسینه‌شده به بیمار تغییر می‌کند.

(۸) گذر $CV \rightarrow I$: فرد واکسینه‌شده حامل بدلیل اینکه خود حامل ویروس است بدون نیاز به مجاورت با فرد مبتلا یا حامل دیگر می‌تواند به احتمال $\sigma\beta$ مبتلا شده و حالت فرد از واکسینه‌شده حامل به بیمار تغییر می‌کند.

(۹) گذر $V \rightarrow CV$: وقتی فرد واکسینه‌شده با فرد بیمار یا حامل ارتباط برقرار می‌کند، به احتمال μ ویروس را دریافت کرده و به حالت واکسینه‌شده حامل تغییر وضعیت می‌دهد.

(۱۰) گذر $CV \rightarrow V$: یک فرد واکسینه‌شده حامل، به مرور زمان ویروس خود را از دست داده و مجدد به حالت واکسینه‌شده فاقد ویروس برمی‌گردد. بنابراین، در مدل پیشنهادی در هر واحد زمانی، فرد واکسینه‌شده حامل به احتمال α به فرد واکسینه‌شده تبدیل می‌شود.

(۱۱) گذر $CS \rightarrow S$: یک فرد مستعد حامل، به مرور زمان ویروس خود را از دست داده و مجدد به حالت مستعد فاقد ویروس برمی‌گردد. بنابراین، در مدل پیشنهادی در هر واحد زمانی، فرد مستعد حامل به احتمال α به فرد مستعد تبدیل می‌شود.

(۱۲) گذر $CSa \rightarrow Sa$: یک فرد ایمن حامل، به مرور زمان ویروس خود را از دست داده و مجدد به حالت ایمن فاقد ویروس برمی‌گردد. بنابراین، در مدل پیشنهادی در هر گام زمانی، فرد ایمن حامل به احتمال α به فرد ایمن تبدیل می‌شود.

(۱۳) گذر $CV \rightarrow CS$: یک فرد واکسینه‌شده حامل به مرور زمان ایمنی خود را از دست داده و به فرد مستعد حامل تبدیل

هشت مکان مجاور را به عنوان مقصد انتخاب کرده و به آن نقل مکان می‌کند.

روند انتشار ویروس بدین صورت است که هر فرد در صورت بیمار یا حامل بودن، ویروس را به افراد ملاقات شونده منتقل می‌کند. اگر فرد ملاقات شونده پیش از این واکسینه شده یا به خاطر سابقه ابتلا به بیماری در حالت ایمنی باشد، ویروس را دریافت نمی‌کند، در غیر اینصورت در هر گام زمانی که ملاقات طول بکشد به احتمال β ویروس را دریافت می‌کند. اگر فرد ملاقات شونده ویروس را دریافت کند، به فرد بیمار تبدیل شده و در مرحله بعد مانند یک انتقال‌دهنده، عمل می‌کند. این یک نمونه از تغییر حالت فرد مستعد به بیمار است که با توجه به ضرایب مربوطه در معادلات لحاظ شده است. برای سایر تبدیل حالت‌ها نیز با توجه به ضریب مربوطه و توضیحات ذکر شده در بخش ۲،۲،۲ (شرح انتقال حالت گره) می‌توان سایر حالت‌های ارتباطی بین افراد حاضر در مدل را مورد بررسی قرار داد. این فرآیند در یک دوره ۶۰۰ روزه با گام زمانی روزانه در نرم‌افزار متلب شبیه‌سازی شده که نتایج آن در ادامه مورد بررسی قرار خواهد گرفت.

جدول (۳): مدت زمان‌های در نظر گرفته شده در مدل

مدت دوره به صورت تصادفی	نماد	موقعیت اولیه ثانویه فرد	موقعیت اولیه فرد
۳ الی ۷ هفته	$I \rightarrow Sa$	ایمن	بیمار
۳ الی ۷ هفته	$I \rightarrow CSa$	ایمن حامل	بیمار
۳ الی ۴ ماه	$Sa \rightarrow S$	مستعد	ایمن
۳ الی ۴ ماه	$CSa \rightarrow CS$	مستعد حامل	ایمن حامل
۱ الی ۴ روز	$CSa \rightarrow Sa$	ایمن	ایمن حامل
۱ الی ۴ روز	$CV \rightarrow V$	واکسینه	واکسینه حامل
۱ الی ۴ روز	$CS \rightarrow S$	مستعد	مستعد حامل

۳،۱. شبیه‌سازی اولیه مدل انتشار ویروس

در شبیه‌سازی اولیه سعی شده است با در نظر گرفتن آمار جهانی انتشار ویروس کووید-۱۹ به طور تقریبی برای هر یک از پارامترها یک مقدار میانگین در نظر گرفته شود. این مقادیر در

اعداد و ارقام مقادیر تقریبی هستند که با مراجعه به وبگاه‌های معتبری مانند، وزارت بهداشت ایران، وبگاه رسمی کرونا، سازمان جهانی بهداشت، وبگاه واکسن مدرنا و فایزر [۳۴]- [۳۶] و با ارزیابی و تحلیل اعداد و ارقام متفاوت منتشر شده در آنها محاسبه و مورد استفاده قرار گرفته است.

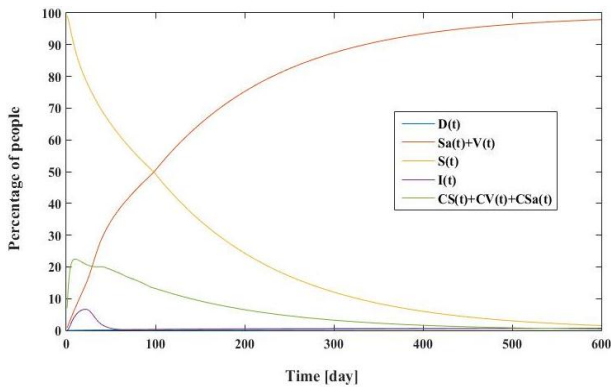
جدول (۲): مقدار اولیه پارامترها و جمعیت در شبیه‌سازی مدل پیشنهادی

مقدار	نماد	ضرایب مدل
۱۰۰۰۰۰	$S(t=0)$	تعداد افراد مستعد در زمان t_0
۵۰۰	$I(t=0)$	تعداد افراد بیمار در زمان t_0
۳۰	$V(t=0)$	تعداد افراد واکسینه شده در زمان t_0
۵	$CV(t=0)$	تعداد افراد واکسینه حامل ویروس در زمان t_0
۵۰	$CS(t=0)$	تعداد افراد مستعد حامل ویروس در زمان t_0
۲۰	$Sa(t=0)$	تعداد افراد ایمن در زمان t_0
۵	$CSa(t=0)$	تعداد افراد ایمن حامل ویروس در زمان t_0
۱۰۰۶۱۰	$N(t=0)$	تعداد کل افراد در زمان t_0
۰/۷۵	β	احتمال تبدیل یک فرد مستعد به فرد بیمار
۰/۷۵	γ	احتمال تبدیل فرد ایمن به مستعد
۰/۰۰۷	φ	احتمال واکسیناسیون افراد مستعد
۰/۰۰۱	θ	احتمال تبدیل فرد واکسینه به فرد مستعد
۰/۰۰۸	σ	احتمال شکست واکسن برای افراد واکسینه
۰/۱	α	احتمال از بین رفتن ویروس از فرد حامل
۰/۰۸	μ	احتمال تبدیل فرد غیرحامل به حامل ویروس
۰/۸	η	احتمال حامل نبودن فرد بیمار پس از بهبودی
۰/۰۰۰۵	ε	احتمال فوت فرد بیمار در واحد زمان
۰/۵	P	ضریب رعایت پروتکل در جامعه

در این شبیه‌سازی ابتدا محیطی مشبک با ابعاد ۱۶۰۰ در ۱۶۰۰ متر در نظر گرفته شده و تعداد ۱۰۰ هزار نفر از افراد جامعه به صورت تصادفی در سلول‌های این محیط قرار گرفته‌اند. در این محیط هر سلول هشت سلول همسایه دارد. مکان اولیه هر فرد به طور تصادفی مشخص شده و در یک سلول جای می‌گیرد. تعداد افراد یک سلول می‌تواند صفر، یک یا بیشتر از یک نفر باشد. هر فرد در هر گام با روش قدم زدن تصادفی^۱ یکی از

^۱ Random Walk

افراد مستعد هم با توجه به اینکه جامعه به صورت روزانه در حال واکسیناسیون مداوم است، در حال کاهش بوده و به این ترتیب سرایت بیماری با کاهش افراد مستعد که در نتیجه شرایط واکسیناسیون ۰/۷ درصد در روز بوجود آمده، در کمتر از چند ماه کنترل می‌شود.



شکل (۲): درصد افراد بیمار، مستعد، ایمن (در اثر بیماری و واکسیناسیون)، حامل ویروس و مرگ و میر ناشی از انتشار ویروس کووید-۱۹

همان‌طور که گفته شد، با توجه به نتایج شبیه‌سازی اوج سرایت بیماری در حدود یک ماه اول رخ داده و تقریباً ۸ درصد از افراد جامعه را درگیر بیماری کرده است. نتایج نشان می‌دهد، افرادی که دچار بیماری شده‌اند با فرض نرخ مرگ و میر ۰/۰۵ درصد، پس از حدود ۱۴ تا ۲۴ روز (قرنطینه در منزل و یا بهبودی کامل با بستری در بیمارستان) بهبود می‌یابند و به دلیل وجود آنتی‌بادی در بدن به یک فرد ایمن تبدیل می‌شوند. بنابراین همان‌طور که در شکل (۳) قابل مشاهده است، درصد افراد ایمن (ناشی از ایجاد آنتی‌بادی در نتیجه بهبود بیماری) با یک تاخیر یک ماهه نسبت به پیک بیماری (شکل (۲)) تا ماه دوم افزایش یافته و سپس با کنترل بیماری در جامعه و عدم سرایت بیماری و از بین رفتن آثار آنتی‌بادی در بدن افراد ایمن، از تعداد افراد ایمن کاسته خواهد شد. نمودار زرد رنگ نیز مجموع افراد واکسینه و ایمن در جامعه را نشان می‌دهد که با شرایط شبیه‌سازی انجام شده و نرخ واکسیناسیون داده شده، حدود یک سال طول می‌کشد تا بتوان حدود ۹۰ درصد افراد جامعه را در برابر این بیماری ایمن کرد.

جداول (۲) و (۳) نشان داده شده است. شبیه‌سازی برای جمعیت صدهزار نفر و با گام زمانی ۱ شبانه‌روز انجام شده است. احتمال واکسن زدن هر نفر در یک شبانه‌روز ۰/۰۷ در نظر گرفته شده، یعنی در هر شبانه‌روز ۰/۷ درصد واجدین شرایط واکسن می‌زنند. ضریب رعایت پروتکل بهداشتی در جامعه ۵۰ درصد در نظر گرفته شده به این معنی که حدود نیمی از افراد جامعه در هنگام رفت و آمد، فاصله اجتماعی و یا سایر موارد پروتکل بهداشتی را رعایت می‌کنند.

تنظیم دو پارامتر β و μ به مقدار دلخواه، سرعت انتقال ویروس را تعیین می‌کند، به این ترتیب که مقدار بیشتر، باعث سرعت انتقال بیشتر می‌شود. در شبیه‌سازی‌های انجام شده این مقادیر متناسب با سویه اصلی کووید-۱۹ انتخاب شده است. به منظور شبیه‌سازی رفتار هر یک از سویه‌های دیگر نیز می‌توان به طور جداگانه ضرایب متناسب با آن سویه را تنظیم نمود. لذا مدل قادر به شبیه‌سازی همه سویه‌ها بوده و شبیه‌سازی آن منوط به تنظیم دقیق ضرایب با توجه به آمار و اطلاعات موجود و مطالعه جامع میدانی برای هر یک از سویه‌ها است.

شکل (۲) نمودار تغییرات زمانی درصد افراد بیمار، مستعد، ایمن (ایمنی بعد از بیماری و واکسیناسیون) و همچنین کل حامل‌های ویروس (شامل مستعد حامل، واکسینه حامل و ایمن حامل) را نشان می‌دهد. این شکل نشان می‌دهد با واکسیناسیون ۰/۷ درصد واجدین شرایط در روز تحت شرایط مشخص شده در کمتر از ۲۴۰ روز (۸ ماه) می‌توان ایمنی ۸۰ درصدی در جامعه ایجاد کرد حتی اگر واکسن مورد نظر ۰/۸ درصد احتمال شکست داشته باشد. نمودار تعداد افراد بیمار نشان می‌دهد بخش عمده سرایت بیماری در حدود ۴۰ روز ابتدایی رخ داده که هنوز درصد کمی از افراد جامعه واکسینه شده‌اند. همچنین این روند نشان می‌دهد که در این حالت سرایت بیماری فقط دارای یک پیک بیماری بوده که در همان دو ماه ابتدایی شروع واکسیناسیون رخ می‌دهد. نمودار حامل ویروس هم نشان می‌دهد که پس از افزایش حدود ۲۳ درصدی افراد حامل در جامعه در یک ماه اول، با توجه به شرایط واکسیناسیون این تعداد پس از سه ماه تقریباً نصف شده و با سرعت قابل ملاحظه‌ای رو به کاهش خواهد بود. نمودار

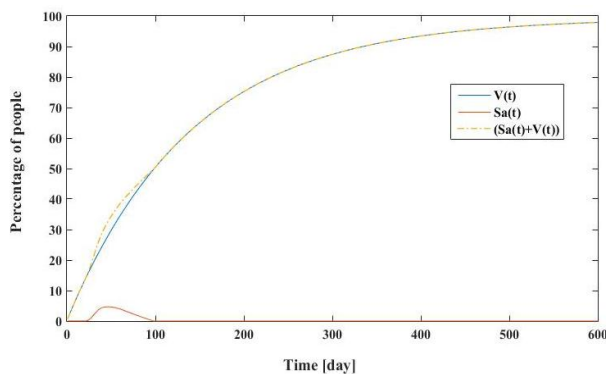
وجود اینکه خود بیمار نیستند، به دلیل رفت و آمد در جامعه، در انتقال ویروس به سایرین نقش مهمی را ایفا خواهد کرد. با توجه به روند موجود در جامعه (ضریب واکسیناسیون ۰/۷ درصد و رعایت پروتکل ۵۰ درصد)، تعداد افراد ناقل موجود در جامعه تا ماه ابتدایی به یک پیک ۲۷ درصدی می‌رسد و در نهایت دو ماه بعد نیمی از آن کاهش یافته و پس از آن روند کاهش ادامه یافته تا کمتر از یک سال درصد قابل توجهی از افراد ناقل موجود در جامعه کاهش می‌یابند.

۳.۲. تاثیر پارامترها بر روند انتشار

دو پارامتر مهم موجود در این شبیه‌سازی که به‌نحوی به عملکرد یک جامعه در مواجهه با یک بیماری همه‌گیر بستگی دارد، ضریب واکسیناسیون و فاکتور رعایت پروتکل‌های بهداشتی است. ضریب واکسیناسیون به‌نحوی عملکرد دولت و فاکتور رعایت پروتکل بهداشتی عملکرد ملت را در مواجهه با بیماری نشان می‌دهد. لذا در ادامه، تاثیر این دو پارامتر به‌طور مجزا در روند انتشار بیماری در مدل پیشنهادی مورد بررسی قرار می‌گیرد.

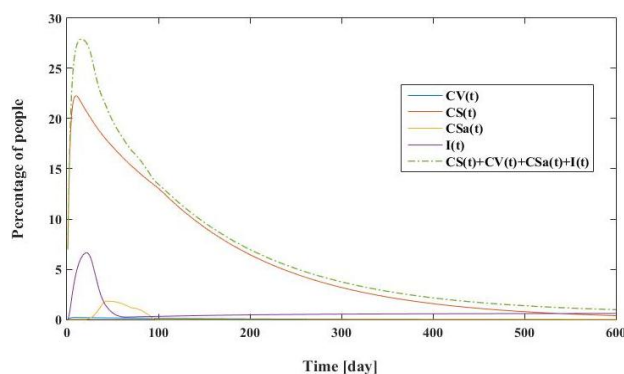
۳.۲.۱. تاثیر روند واکسیناسیون بر انتشار ویروس

در مدل‌سازی اولیه، ضریب واکسیناسیون ۰/۷ درصد در روز در نظر گرفته شده بود که باعث مهار بیماری در یک بازه چند ماهه و ایجاد سطح ایمنی ۸۰ درصد در یک بازه ۸ ماهه شد. در این بخش برای بررسی تاثیر واکسیناسیون (با حفظ شرط رعایت پروتکل بهداشتی ۵۰ درصد)، مقدار ضریب واکسیناسیون از ۰/۱ درصد تا ۰/۹ درصد در روز تغییر داده شده و نتایج مورد بررسی قرار گرفته است. شکل (۵) نمودار تعداد افراد بیمار را در این حالت نشان می‌دهد. همان‌طور که در این شکل مشاهده می‌شود مدل پیشنهادی می‌تواند موج‌های متوالی همه‌گیری را به نمایش بگذارد هرچند موج‌های نشان داده شده در این نمودار بیانگر تکرار همه‌گیری با مقادیر پارامترهای سوپه اولیه است ولی در صورت لزوم می‌توان با در اختیار داشتن مقادیر پارامترها به ازای هر سوپه در هنگام شبیه‌سازی پس از پایان هر موج پارامترها را برای موج بعدی متناسب با سوپه بعدی تنظیم کرد. به‌عنوان مثال



شکل (۳): درصد افراد ایمن (ایمنی پس از بیماری) و واکسینه در جامعه

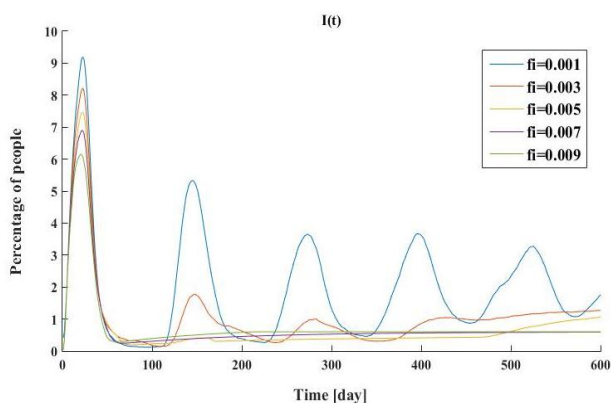
با توجه به حمل ویروس توسط افراد مستعد حامل، واکسینه حامل و ایمن حامل و اینکه امکان انتقال ویروس توسط آنها نیز وجود دارد، آنها نیز در کنار افراد بیمار به‌عنوان افراد ناقل در نظر گرفته شده‌اند. به عبارت دیگر، افراد ناقل شامل مجموع افراد بیمار و افراد غیربیماری است که به‌نحوی حامل ویروس هستند. شکل (۴)، نمودار درصد افراد حامل و بیمار را به صورت جدا و همچنین نمودار مجموع درصد آنها را به عنوان درصد ناقلین موجود در جامعه را نشان می‌دهد. همان‌طور که در این شکل قابل مشاهده است، بر اساس مقادیر تعیین شده برای پارامترهای مدل در جدول (۲)، بیشترین سهم افراد ناقل متعلق به افراد مستعد حامل است.



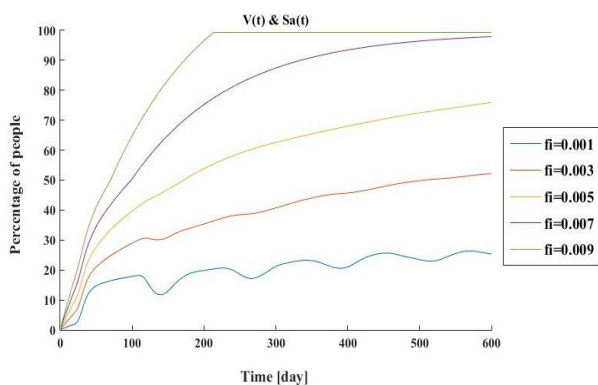
شکل (۴): درصد افراد بیمار و حامل ویروس و در نتیجه تعداد افراد ناقل در جامعه به دلیل انتشار ویروس کووید-۱۹

این نتایج همچنین نشان می‌دهد اگر ضریب انتقال ویروس به افراد مستعد بدون و با تبدیل آنها به مستعد حامل در عمل واقعیت داشته باشد، در ماه‌های ابتدایی شروع واکسیناسیون تعداد بالایی از افراد جامعه به مستعد حامل تبدیل شده و با

جامعه‌ای با ضریب واکسیناسیون $0/9$ درصد واکسینه شود، در بازه حدوداً هفت ماهه می‌تواند جامعه را به حداکثر سطح ایمنی برساند. روند سینوسی تغییرات افراد ایمن در شکل (۶) که در ضرایب پایین واکسیناسیون در جامعه مشاهده می‌شود نیز به دلیل وجود پیک‌های بیماری توضیح داده شده در شکل (۵) بوده و هر بار پس از یک تاخیر زمانی (در حدود یک ماه) به دلیل بهبود بیماری، رخ می‌دهد. این نتایج نشان می‌دهد که سرعت افزایش ایمنی در جامعه با ضریب واکسیناسیون بیش از $0/5$ درصد در روز تاثیر زیادی بر کنترل بیماری در یک مدت زمانی محدود دارد.



شکل (۵): تغییرات درصد افراد بیمار در جامعه به دلیل انتشار ویروس کووید-۱۹ با تغییرات ضریب واکسیناسیون روزانه در جامعه



شکل (۶): تغییرات درصد افراد ایمن (ایمنی ناشی از بیماری و واکسیناسیون) در جامعه به دلیل انتشار ویروس کووید-۱۹ با تغییرات ضریب واکسیناسیون روزانه در جامعه

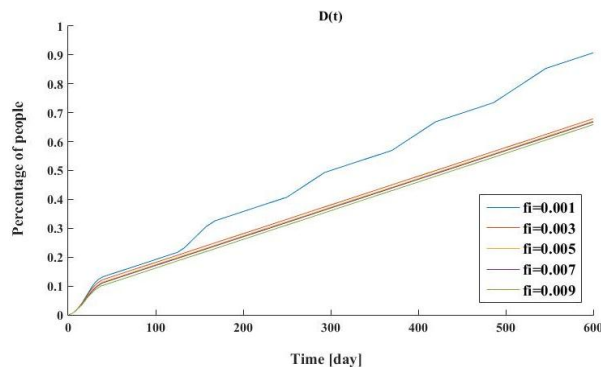
شکل (۷) تغییرات درصد افراد ناقل (مجموع افراد بیمار و حامل ویروس)، با تغییر ضریب واکسیناسیون را نشان می‌دهد. این

برای مدل‌سازی برخی سویه‌ها که ایمنی ناشی از ابتلای پایینی دارند کافی است مقدار $0/7$ (احتمال رفتن از حالت ایمن به حالت مستعد) را نزدیک به ۱ انتخاب کنیم. در این صورت یک بیمار در صورت بهبود به سرعت (در شبیه‌سازی حداکثر با یک توقف یک‌روزه) از حالت ایمن عبور کرده و به حالت مستعد خواهد رفت.

نتایج همچنین نشان می‌دهد که با افزایش ضریب واکسیناسیون، پیک اولیه بیماری و درصد افراد بیمار در جامعه، در طول فرآیند شبیه‌سازی کاهش می‌یابد. نکته قابل توجه در این بخش این است که با کاهش ضریب واکسیناسیون، علاوه بر افزایش درصد افراد بیمار در پیک اول، شاهد پیک‌های بیماری در چندین دوره مختلف در طول مدت شبیه‌سازی خواهیم بود. نتایج نشان می‌دهد، حدوداً هر سه الی چهار ماه یکبار یک دوره اوج بیماری در جامعه رخ می‌دهد که مشابه این اتفاق در کشور ایران در حدود دو سال اخیر نیز رخ داده است. به نظر می‌رسد که یکی از دلایل وجود پیک دوره‌ای در انتشار این ویروس، خاصیت دوره‌ای سرایت بیماری و خاصیت دوره‌ای بهبود بیماری در جامعه است. نتایج نشان می‌دهد برای کنترل این فرآیند دوره‌ای در جامعه باید نرخ واکسیناسیون جامعه افزایش یابد. نتایج بیانگر این است که با ضریب واکسیناسیون بیش از $0/5$ درصد در روز می‌توان فرآیند دوره‌ای اوج‌گیری ویروس کووید-۱۹ را در یک جامعه (با فرض رعایت ۵۰ درصدی پروتکل بهداشتی) کنترل کرد. سوالی که در اینجا ممکن است مطرح شود این است که «چرا مقدار قله در موج‌های ایجاد شده در دنیای واقعی برخلاف نتایج شبیه‌سازی افزایشی است؟». این امر می‌تواند به دلیل کاهش رعایت پروتکل‌ها پس از هر موج همه‌گیری در دنیای واقعی باشد، در حالی که ضریب رعایت پروتکل‌ها در شبیه‌سازی به صورت ثابت و برابر با ۵۰ درصد در نظر گرفته شده است.

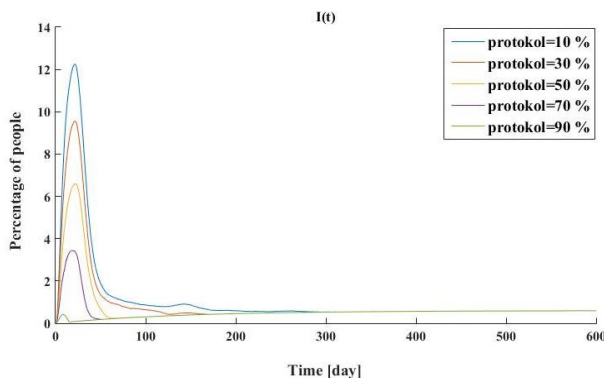
شکل (۶) تغییرات درصد افراد ایمن (ایمنی ناشی از بیماری و واکسیناسیون) را با تغییر ضریب واکسیناسیون روزانه نشان می‌دهد. نتایج همان‌طور که قابل پیش‌بینی هست، نشان می‌دهد با افزایش ضریب واکسیناسیون، سطح ایمنی قابل قبول در بازه کوتاه‌تری در جامعه رخ خواهد داد. به‌عنوان مثال در صورتی که

واکسن خریداری شده دارد. بنابراین تا زمان فراهم شدن شرایط مطلوب به منظور ایجاد واکسیناسیون در جامعه و حتی در حین واکسیناسیون، رعایت پروتکل‌های بهداشتی و اجتماعی می‌تواند نقش به‌سزایی در کنترل سرایت بیماری در جامعه ایفا کند. البته در این مورد نیز دولت‌ها نقش مهمی در فرهنگ‌سازی و آگاه کردن جامعه و ایجاد شرایط مطلوب برای تحقق این مهم دارند.



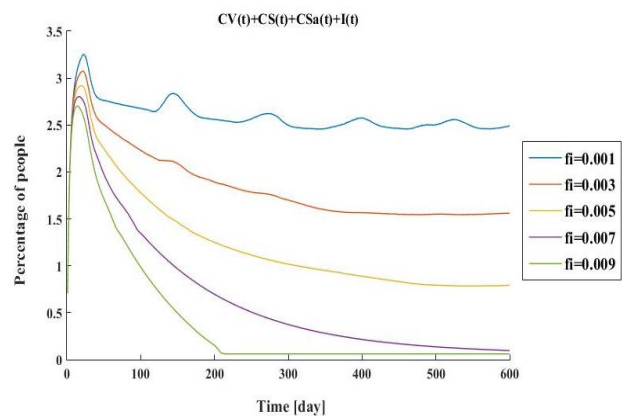
شکل (۸): تغییرات درصد تجمعی مرگ و میر در جامعه به دلیل انتشار ویروس کووید-۱۹ با تغییرات ضریب واکسیناسیون روزانه در جامعه

در ادامه، برای بررسی تاثیر رعایت پروتکل‌های بهداشتی و اجتماعی در جامعه مقدار این ضریب از ۱۰ درصد (یعنی رعایت ضعیف پروتکل) تا ۹۰ درصد (یعنی رعایت شدید پروتکل) تغییر کرده و با حفظ ضریب واکسیناسیون ۰/۷ نتایج مورد بررسی قرار می‌گیرد. شکل (۹) نمودار درصد افراد بیمار را در این حالت نشان می‌دهد. نتایج نشان می‌دهد با افزایش فاکتور رعایت پروتکل‌ها، پیک اولیه بیماری و درصد افراد بیمار در جامعه در طول فرآیند شبیه‌سازی با سرعت قابل ملاحظه‌ای کاهش می‌یابد.



شکل (۹): تغییرات درصد افراد بیمار در جامعه به دلیل انتشار ویروس کووید-۱۹ با تغییرات فاکتور رعایت پروتکل در جامعه

نتایج نشان می‌دهد که واکسیناسیون تا چه اندازه می‌تواند در کاهش تعداد افراد ناقل در جامعه موثر باشد. به عنوان مثال اگر واکسیناسیون با میانگین نرخ پایینی مانند ۰/۱ درصد در روز انجام شود، با توجه به اینکه واکسن‌های موجود دارای نرخ شکست هم می‌باشند، نمی‌توان بیماری را کنترل کرد و چنانچه در شکل (۷) قابل مشاهده است، درصد افراد ناقل موجود در جامعه پس از گذشت ۶۰۰ روز از فرآیند شبیه‌سازی، در حدود ۲۷ درصد باقی می‌ماند. به عبارت دیگر، نتایج نشان می‌دهد برای کنترل بیماری در جامعه می‌بایست واکسیناسیون با یک حداقل نرخ قابل قبول اجرا شود تا بتواند با در نظر گرفتن احتمال شکست واکسن، تغییرات دوره‌ای سرایت بیماری را کنترل کند.



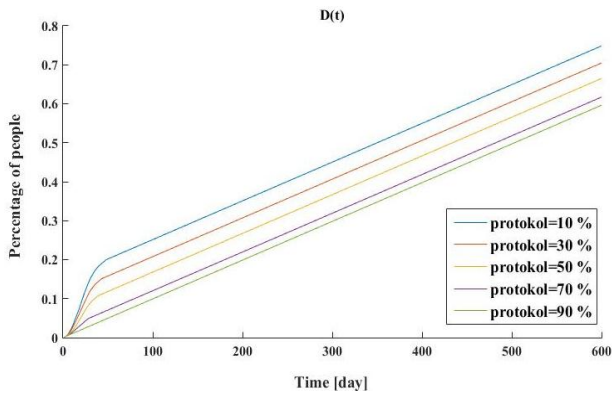
شکل (۷): تغییرات درصد افراد ناقل در جامعه به دلیل انتشار ویروس کووید-۱۹ با تغییرات ضریب واکسیناسیون روزانه در جامعه

شکل (۸) اثر تغییر ضریب واکسیناسیون روزانه بر مجموع درصد مرگ و میر را نشان می‌دهد. همان‌طور که مشاهده می‌شود، کاهش ضریب واکسیناسیون می‌تواند باعث افزایش مرگ و میر در جامعه شود. بنابراین، به طور کلی می‌توان گفت که ضریب واکسیناسیون روزانه می‌تواند به صورت قابل توجهی در کاهش میزان مرگ و میر موثر بوده و هرچه واکسیناسیون با سرعت بیشتری انجام شود، از شیوع دوره‌ای بیماری جلوگیری کرده و در نتیجه از میزان مرگ و میر در جامعه کاسته خواهد شد.

۳،۲،۲. تاثیر رعایت پروتکل‌ها در حین اجرای واکسیناسیون

به طور کلی واکسیناسیون و تاثیر آن در جامعه منوط به وجود واکسن در جامعه، توانایی خرید دولت و همچنین میزان شکست

کاهش رعایت پروتکل در جامعه می‌تواند باعث افزایش سرعت مرگ و میر در ماه‌های ابتدایی و در نتیجه افزایش تعداد مرگ و میر در دوره شبیه‌سازی شود.



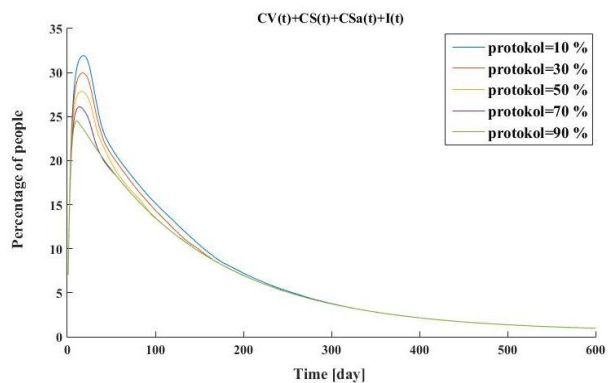
شکل ۱۱- درصد تغییرات تجمعی مرگ و میر در جامعه به دلیل انتشار ویروس کووید-۱۹ با تغییرات فاکتور رعایت پروتکل در جامعه

۴. نتیجه‌گیری

به طور کلی نتایج این مطالعه نشان‌دهنده قابلیت زنجیره مارکوف برای مدل‌سازی و شبیه‌سازی انتشار بیماری کووید-۱۹ در جامعه است. ارزیابی‌های انجام شده، رفتار معقول مدل را در واکنش به تغییر پارامترهای مختلف در نحوه انتشار این ویروس را نشان می‌دهد. نتایج مختلف شبیه‌سازی تاثیر هر یک از پارامترهای مختلف را بر روی عملکرد مدل در تقلید رفتار انتشار ویروس کووید-۱۹ نشان می‌دهد که با نتایج و رفتار این ویروس در دنیای واقعی مطابقت دارد. به عنوان مثال نتایج به دست آمده از تاثیر دو پارامتر مهم شامل ضریب واکسیناسیون و فاکتور رعایت پروتکل در جامعه که به ترتیب قابل کنترل توسط دولت‌ها و مردم هستند، می‌تواند نتایج مثبت و قابل قبولی را در کنترل بیماری در پی داشته باشد. در پی کاهش ضریب واکسیناسیون، علاوه بر افزایش درصد افراد بیمار در پیک اول، موجب به وجود آمدن پیک‌های بیماری در چندین دوره مختلف در طول مدت شبیه‌سازی خواهد شد و تقریباً هر سه الی چهار ماه یکبار یک دوره اوج بیماری در جامعه رخ می‌دهد. از طرف دیگر، بررسی ضریب رعایت پروتکل‌های بهداشتی نشان می‌دهد که اگر رعایت یکبارچه و سخت‌گیرانه پروتکل‌ها به درستی در جامعه اجرا

مقایسه شکل (۹) با شکل (۵) نشان می‌دهد که تاثیر رعایت پروتکل‌ها در مهار بیماری بسیار بیشتر از واکسیناسیون در جامعه بوده و درصد افراد بیمار را می‌تواند از ۱۲ درصد تا کمتر از ۱ درصد کاهش دهد. بنابراین رعایت پروتکل‌ها یکی از مهمترین روش‌های مقابله با این بیماری برای جوامعی است که اعتقادی به واکسیناسیون ندارند. البته تحمل افراد جامعه و نحوه مدیریت دولت می‌تواند در اجرای این کار بسیار تاثیرگذار باشد.

شکل (۱۰) تاثیر تغییر فاکتور رعایت پروتکل‌ها بر تغییرات درصد افراد ناقل (مجموع افراد بیمار و حامل ویروس) در جامعه را نشان می‌دهد. این نمودار نشان می‌دهد که رعایت پروتکل به خصوص در زمانی که بیماری به اوج خود رسیده می‌تواند در کنترل بیماری بسیار تاثیرگذار باشد و درصد افراد ناقل را از ۳۳ درصد تا ۲۵ درصد کاهش دهد. همچنین نمودارهای شکل (۹) و (۱۰) نشان می‌دهد که رعایت پروتکل‌ها اگر به درستی در جامعه اجرا شود، در شش ماه نخست درصد افراد بیمار و ناقل به شدت کاهش یافته و پس از آن چنانچه در شکل (۱۰) مشاهده می‌شود نمودارها بر هم منطبق شده و این موضوع نشان می‌دهد که بعد از گذشت شش ماه رعایت یکبارچه و سخت‌گیرانه پروتکل‌ها به همراه واکسیناسیون پیوسته با نرخ ۰/۷ درصد در روز می‌توان سرایت بیماری در جامعه را به خوبی کنترل کرد.



شکل (۱۰): درصد تغییرات افراد ناقل (مجموع افراد بیمار و حامل ویروس) به دلیل انتشار کووید-۱۹ با تغییرات فاکتور رعایت پروتکل‌ها در جامعه

شکل (۱۱) اثر تغییر فاکتور رعایت پروتکل‌ها بر مجموع درصد مرگ و میر را نشان می‌دهد. همان‌طور که قابل مشاهده است،

مدل ارائه شده می‌تواند برای مطالعه رفتار سویه‌های مختلف با ضریب سرایت متفاوت در جوامع مختلف و تحت شرایط متفاوت بکار گرفته شود و با پیش‌بینی رفتار بیماری برای کنترل آن در جامعه برنامه‌ریزی شود.

تعارض منافع: نویسندگان اعلام می‌کنند که هیچ تعارض منافی ندارند.

شود، در شش ماه نخست درصد افراد بیمار و ناقل به شدت کاهش یافته و سپس می‌توان با رعایت ۵۰ درصدی پروتکل‌ها به همراه واکسیناسیون پیوسته با نرخ ۰/۷ درصد در روز سرایت بیماری در جامعه را به خوبی کنترل کرد. بررسی مقایسه‌ای نتایج دو پارامتر مذکور تاثیر بیشتر رعایت پروتکل را در کنترل ابتلا به بیماری در مقایسه با واکسیناسیون نشان می‌دهد. به طور کلی در این مطالعه مدلی جامع برای شبیه‌سازی انتشار ویروس کووید-۱۹ ارائه شده که با توجه به پارامتری بودن و در صورت کالیبره کردن ضرایب آن می‌تواند برای شبیه‌سازی رفتار انواع سویه‌های کووید-۱۹ و حتی سایر بیماری‌های واگیردار بکار گرفته شود.

مراجع

- [1] T.G. Ksiazek et al., "A Novel Coronavirus Associated with Severe Acute Respiratory Syndrome," *N. Engl. J. Med.*, vol. 348, no. 20, pp. 1953–1966, 2003, doi: 10.1056/nejmoa030781.
- [2] C. Drosten et al., "Identification of a Novel Coronavirus in Patients with Severe Acute Respiratory Syndrome," *N. Engl. J. Med.*, vol. 348, no. 20, pp. 1967–1976, 2003, doi: 10.1056/nejmoa030747.
- [3] S.K.P. Lau, P.C.Y. Woo, K.S.M. Li, Y. Huang, H.-W. Tsoi, B.H.L. Wong, S.S.Y. Wong, S.-Y. Leung, K.-H. Chan, and K.-Y. Yuen, "Severe acute respiratory syndrome coronavirus-like virus in Chinese horseshoe bats," *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, vol. 102, no. 39, pp. 14040–14045, 2005, doi: 10.1073/pnas.0506735102.
- [4] W. Li et al., "Bats are natural reservoirs of SARS-like coronaviruses," *Science*, vol. 310, no. 5748, pp. 676–679, 2005, doi: 10.1126/science.1118391.
- [5] X.-Y. Ge et al., "Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor," *Nature*, vol. 503, no. 7477, pp. 535–538, 2013, doi: 10.1038/nature12711.
- [6] A.M. Zaki, S. van Boheemen, T.M. Bestebroer, A.D.M.E. Osterhaus, and R.A.M. Fouchier, "Isolation of a Novel Coronavirus from a Man with Pneumonia in Saudi Arabia," *N. Engl. J. Med.*, vol. 367, no. 19, pp. 1814–1820, 2012, doi: 10.1056/nejmoa1211721.
- [7] E.I. Azhar, S.A. El-Kafrawy, S.A. Farraj, A.M. Hassan, M.S. Al-Saeed, A.M. Hashem, and T.A. Madani, "Evidence for Camel-to-Human Transmission of MERS Coronavirus," *N. Engl. J. Med.*, vol. 370, no. 26, pp. 2499–2505, 2014, doi: 10.1056/nejmoa1401505.
- [8] J.F. Drexler, V.M. Corman, and C. Drosten, "Ecology, evolution and classification of bat coronaviruses in the aftermath of SARS," *Antiviral Res.*, vol. 101, no. 1, pp. 45–56, 2014, doi: 10.1016/j.antiviral.2013.10.013.
- [9] S. Anthony et al., "Global patterns in coronavirus diversity," *Virus Evol.*, vol. 3, no. 1, vey012, 2017, doi: 10.1093/ve/vey012.
- [10] K. Roosa, Y. Lee, R. Luo, A. Kirpich, R. Rothenberg, J.M. Hyman, P. Yan, and G. Chowell, "Real-time forecasts of the COVID-19 epidemic in China from February 5th to February 24th, 2020," *Infectious Disease Model.*, vol. 5, pp. 256–263, 2020, doi: 10.1016/j.idm.2020.02.002.
- [11] L. Yan et al., "Prediction of criticality in patients with severe Covid-19 infection using three clinical features: a machine learning-based prognostic model with clinical data in Wuhan," *medRxiv*, 2020, doi: 10.1101/2020.02.27.20028027.
- [12] S.B. Stoecklin et al., "First cases of coronavirus disease 2019 (COVID-19) in France: Surveillance, investigations and control measures, January 2020," *Euro surveillance*, vol. 25, no. 6, p. 2000094, 2020, doi: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.6.2000094.
- [13] Coronavirus, (Mar. 20, 2021), [Online]. Available: <https://www.who.int/health-topics/coronavirus>.
- [14] A. Mckeever, (Mar. 20, 2021), Here's what coronavirus does to the body, [Online]. Available: <https://www.nationalgeographic.com/science/2020/02/here-is-what-coronavirus-does-to-the-body/>.
- [15] Worldometer, (Mar. 20, 2021) Coronavirus Update (Live): Cases and Deaths from COVID-19 Virus

- Pandemic, [Online]. Available: <https://www.worldometers.info/coronavirus>.
- [16] R. Akhoondi and R. Hosseini, "A Novel Fuzzy-Genetic Differential Evolutionary Algorithm for Optimization of A Fuzzy Expert Systems Applied to Heart Disease Prediction," *Soft Comput. J.*, vol. 6, no. 2, pp. 32-47, 2018, doi: 10.1001.1.23223707.1396.6.2.3.7 [In Persian].
- [17] H. Abbasi, M. Shamsi, and A. Rasuli Kenari, "Approaches of user activity detection and a new fuzzy logic-based method to determine the risk amount of user unusual activity in the smart home," *Soft Comput. J.*, vol. 9, no. 2, pp. 2-13, 2021, doi: 10.22052/scj.2021.242812.0 [In Persian].
- [18] S. Elgharbi, M. Esghir, O. Ibrihich, A. Abarda, S. El Hajji, and S. Elbernoussi, "Grey-Markov Model for the Prediction of the Electricity Production and Consumption," in: Y. Farhaoui, (eds) *Big Data and Networks Technologies (BDNT), Lecture Notes in Networks and Systems*, vol 81, Springer, Cham, 2020, doi:10.1007/978-3-030-23672-4_16.
- [19] J. Yurkiewicz, "Operations research: Applications and algorithms", *Networks*, vol. 19, no. 5, pp. 616-618, 1989, doi: 10.1002/net.3230190512.
- [20] A. Akrami and M. Parsamanesh, "Investigation of a mathematical fuzzy epidemic model for the spread of coronavirus in a population," *Soft Comput. J.*, vol. 11, no. 1, pp. 2-9, 2022, doi: 10.22052/scj.2022.246053.1045 [In Persian].
- [21] X. Guo and J. Luo, "Stationary distribution and extinction of SIR model with nonlinear incident rate under Markovian switching," *Phys. A Stat. Mech. its Appl.*, vol. 505, pp. 471-481, 2018, doi: 10.1016/j.physa.2018.02.024.
- [22] R. Pir Mohammadiani, S. Mohammadi, and Z. Malik, "Understanding the relationship strengths in users' activities, review helpfulness and influence," *Comput. Hum. Behav.*, vol. 75, pp. 117-129, 2017, doi: 10.1016/j.chb.2017.03.065.
- [23] T.E. Krak, J. De Bock, and A. Siebes, "Imprecise continuous-time Markov chains," *Int. J. Approx. Reason.*, vol. 88, pp. 452-528, 2017, doi: 10.1016/j.ijar.2017.06.012.
- [24] J. De Bock, "The Limit Behaviour of Imprecise Continuous-Time Markov Chains," *J. Nonlinear Sci.*, vol. 27, no. 1, pp. 159-196, 2017, doi: 10.1007/s00332-016-9328-3.
- [25] P. van den Driessche and J. Watmough, "Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission," *Math. Biosciences*, vol. 180, no. 1-2, pp. 29-48, 2002, doi: 10.1016/S0025-5564(02)00108-6.
- [26] M. Tambuscio, D.F.M. Oliveira, G.L. Ciampaglia, and G. Ruffo, "Network segregation in a model of misinformation and fact-checking," *J. Comput. Soc. Sci.*, vol. 1, no. 2, pp. 261-275, Sep. 2018, doi: 10.1007/s42001-018-0018-9.
- [27] A. Kaeck, P. Rodrigues, and N.J. Seeger, "Equity index variance: Evidence from flexible parametric jump-diffusion models," *J. Bank. Finance*, vol. 83, pp. 85-103, 2017, doi: 10.1016/j.jbankfin.2017.06.010.
- [28] Y. Yang and G. Xie, "Efficient identification of node importance in social networks," *Inf. Process. Manag.*, vol. 52, no. 5, pp. 911-922, 2016, doi: 10.1016/j.ipm.2016.04.001.
- [29] Z. Wang, C. Du, J. Fan, and Y. Xing, "Ranking influential nodes in social networks based on node position and neighborhood," *Neurocomputing*, vol. 260, pp. 466-477, 2017, doi: 10.1016/j.neucom.2017.04.064.
- [30] F. Wang, W. Jiang, X. Li, and G. Wang, "Maximizing positive influence spread in online social networks via fluid dynamics," *Futur. Gener. Comput. Syst.*, vol. 86, pp. 1491-1502, 2018, doi: 10.1016/j.future.2017.05.050.
- [31] O. Gillath, G.C. Karantzas, and J. Lee, "Attachment and social networks," *Curr. Opin. Psychol.*, vol. 25, pp. 21-25, 2019, doi: 10.1016/j.copsyc.2018.02.010.
- [32] D. Xue and S. Hirche, "Distributed topology manipulation to control epidemic spreading over networks," *IEEE Trans. Signal Process.*, vol. 67, no. 5, pp. 1163-1174, 2019, doi: 10.1109/TSP.2018.2887211.
- [33] X. Rui, F. Meng, Z. Wang, G. Yuan, and C. Du, "SPIR: The potential spreaders involved SIR model for information diffusion in social networks," *Phys. A Stat. Mech. its Appl.*, vol. 506, pp. 254-269, 2018, doi: 10.1016/j.physa.2018.04.062.
- [34] A. Hoxha, (Dec. 1, 2021), Global excess deaths associated with COVID-19, January 2020 - December 2021, [Online]. Available: <https://www.who.int/data/stories/global-excess-deaths-associated-with-covid-19-january-2020-december-2021>.
- [35] S.Hoge and S.Bansel, (Nov. 28, 2021), Coronavirus disease, [Online]. Available: <https://www.canada.ca/en/public-health/services/diseases/coronavirus-disease-covid-19.html>.
- [36] A.Bourla and S.Susman, (May. 6, 2021), Pfizer Safety Reporting, [Online]. Available: <https://www.pfizersafetyreporting.com>.