

# ارائه مدلی برای شبیه‌سازی انتشار ویروس کوید-۱۹ بر اساس زنجیره مارکوف گسسته زمان

امیرحسین یداللهی<sup>۱</sup>، حسین صباغیان بیدگلی<sup>۲\*</sup>

<sup>۱</sup> دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، گروه مهندسی کامپیوتر، دانشگاه کاشان، کاشان-ایران

[amirhosein972012@yahoo.com](mailto:amirhosein972012@yahoo.com)

<sup>۲</sup> استادیار، دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، گروه مهندسی کامپیوتر، دانشگاه کاشان، کاشان-ایران

[hsabaghianb@kashanu.ac.ir](mailto:hsabaghianb@kashanu.ac.ir)

چکیده: 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 واکسیناسیون، 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 واکسیناسیون بطور کامل در نظر گرفته نشده است. لذا در این مقاله با در نظر گرفتن این موارد مدلی جدید و جامع مبتنی بر نظریه مارکوف برای پیش‌بینی رفتار بیماری کوید 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 کوید ۱۹ نشان‌دهنده صحت عملکرد مدل ارائه شده است.

واژه‌های کلیدی: مدل‌سازی، زنجیره مارکوف، پیش‌بینی رفتار بیماری‌های همه‌گیر، انتشار ویروس کوید ۱۹، شبکه‌های ارتباطی انسانی، اثربخشی رعایت پروتکل بهداشتی ارتباطی.

\* حسین صباغیان بیدگلی، [hsabaghianb@kashanu.ac.ir](mailto:hsabaghianb@kashanu.ac.ir)

# A simulation model for the propagation of Covid-19 virus based on the discrete-time Markov chain

Amir Hossein Yadollahi <sup>1\*</sup>, Hossein Sabbaghian Bidgoli <sup>2</sup>

<sup>1</sup> Master Student, Faculty of Electrical and Computer Engineering, Department of Computer Engineering, Kashan University, Kashan-Iran, amirhosein972012@yahoo.com

<sup>2</sup> Assistant Professor, Faculty of Electrical and Computer Engineering, Department of Computer Engineering, Kashan University, Kashan-Iran, hsabaghianb@kashanu.ac.ir

**Abstract:** The prevalence of infectious diseases in the community depends on various factors, including the severity of the disease, compliance with health and communication protocols, vaccination rate, impact factor and duration of its effectiveness on immunization and effectiveness of treatment protocols and average duration of treatment. Having a model based on which the behavior of the disease can be predicted according to various parameters, can help community leaders to deal with these types of diseases. In the studies conducted so far in this field, the impact of some factors such as compliance with health guidelines, the latent period of the disease and immunity after the disease at the same time as the main factors such as the prevalence rate and vaccination rate have not been fully considered. In this paper, a new and comprehensive model based on Markov theory is presented for predicting the behavior of the Covid-19 disease. This model can imitate the behavior of the disease in different conditions by receiving the given parameters. Numerous simulations with different values of input parameters and their similarity to the actual behavior of Covid-19 disease show the accuracy of the model.

**Keywords:** *Modeling, Markov chain, Predicting epidemic behavior, Covid-19 virus spread, Human communication networks, Effectiveness of health communication protocol.*

\* Hossein Sabbaghian Bidgoli, hsabaghianb@kashanu.ac.ir

## ۱- مقدمه

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 مؤثر باشد. همچنین بررسی تأثیر واکسیناسیون با ضرایب عملکرد متفاوت نیز می‌تواند در مدیریت این اپیدمی تأثیرگذار 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 مسائل دنیای واقعی را به خوبی شبیه‌سازی کنند [۱۷].

به‌طورکلی امروزه، روش‌های زیادی برای حل مسئله پیچیده با رویکرد پیش‌بینی وجود دارد. برخی از راهبردها در این زمینه عبارت‌اند از: میانگین متحرک خود رگرسیون فصلی<sup>۶</sup>، مدل میانگین متحرک خود رگرسیون<sup>۷</sup> و شبکه‌های عصبی مصنوعی<sup>۸</sup> و غیره. در کنار روش‌های مذکور از زنجیره مارکوف نیز می‌توان به‌عنوان ابزاری اساسی برای حل مسئله پیچیده نام برد [۱۸]. مدل زنجیره‌ای مارکوف یک مدل تصادفی است که برای حل مسائل پیچیده استفاده می‌شود [۱۹].

ویروس‌های کرونا خانواده بزرگی از ویروس‌ها هستند که باعث بیماری‌هایی مانند سندرم تنفسی حاد شدید می‌شوند. در سال ۲۰۰۲، ویروس کرونا-سارس<sup>۱</sup> در استان گوانگدونگ<sup>۲</sup> 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 مبدأ و منبع احتمالی شیوع شناسایی شدند [۳-۵]. سپس در سال ۲۰۱۲، بیماری همه‌گیری ویروس مرس-کروناویروس<sup>۳</sup> مجدداً ظهور کرد که در خاورمیانه با ۱،۷۸۲ مورد تأیید شده انسانی و ۶۴۰ مورد مرگ (تا سپتامبر ۲۰۱۶) ادامه پیدا کرد [۶]. این بار ابتدا شترها به‌عنوان 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. مجدداً در دسامبر ۲۰۱۹ همه‌گیری ویروس کرونا<sup>۴</sup> که به کووید-۱۹ معروف شد، این بار در ووهان<sup>۵</sup> چین ظهور کرد و به یک مشکل جدی بهداشت عمومی در سراسر جهان تبدیل شد [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 قبلاً در انسان شناسایی نشده بود [۱۳-۱۵].

از آنجا که این بیماری به شدت دنیا را تحت تأثیر قرار داده و باعث مرگ و میرهای متعددی در جهان شده است، انجام مطالعه و تحقیقات در مورد نحوه انتشار این ویروس و تأثیر پارامترهای

<sup>۱</sup> SARS-Coronavirus (SARS-CoV)

<sup>۲</sup> Guangdong

<sup>۳</sup> MERS-Coronavirus (MERS-CoV)

<sup>۴</sup> COVID-19

<sup>۵</sup> Wuhan

<sup>۶</sup> SARIMA

<sup>۷</sup> ARIMA

<sup>۸</sup> ANN

واندن<sup>۷</sup> و همکاران مدلی برای انتقال یک بیماری بر اساس یک سیستم معادلات دیفرانسیل معمولی ارائه دادند. نتایج نشان داد که نهایتاً 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].

تامبوسیوت<sup>۸</sup> و همکاران برای بررسی تأثیر انتشار برخی اطلاعات نادرست در جامعه مدل معادلات دیفرانسیل تأخیری<sup>۹</sup> 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 تأثیر می‌پذیرد اما زمانی که شایعه با نرخ‌های سریع‌تر فراموش می‌شوند، تأثیری زیادی ندارد [۲۶].

برخی محققان به منظور 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<sup>۱۰</sup>، وانگ<sup>۱۱</sup> و کاک<sup>۱۲</sup> 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 تأثیر همسایگی را بر 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

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 اپیدمیک 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<sup>۱</sup> و محمدیانی<sup>۲</sup> به منظور مطالعه چگونگی انتشار اطلاعات در میان کاربران شبکه مدل SIR<sup>۳</sup> 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. نتایج و تجزیه و تحلیل آن‌ها نشان داد که نوع ابزار انتشار اطلاعات و قدرت آن از جهات مختلف بر نحوه انتقال اطلاعات بین افراد تأثیر می‌گذارد [۲۱-۲۲].

در مطالعه دیگری کراک<sup>۴</sup> و باک<sup>۵</sup> مدل اپیدمی غیرخطی SIS<sup>۶</sup> را بر اساس معادلات انتشار غیرخطی شبیه‌سازی کردند. نتایج این مطالعه نشان داد که زنجیره مارکوف زمان پیوسته همواره به یک توزیع محدود همگرا می‌شود. میانگین این توزیع با توجه به شرایط مختلف مسئله درصدی از جمعیت اولیه خواهد بود [۲۳-۲۴].

<sup>7</sup> Van Den

<sup>8</sup> Tambuscio

<sup>9</sup> Delayed differential equations

<sup>10</sup> Yang

<sup>11</sup> Wang

<sup>12</sup> Kaeck

<sup>1</sup> Guo

<sup>2</sup> Mohammadiani

<sup>3</sup> Susceptible-Infective-Removed compartment

<sup>4</sup> Krak

<sup>5</sup> Bock

<sup>6</sup> susceptible infected susceptible

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

وانگ و گیلز<sup>۱</sup> مدل حذف سرایت در یک شبکه بنام SPIR<sup>۲</sup> را ارائه دادند که این مدل براساس 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 شبکه-ای ایجاد می‌کند و تأثیرپذیری و یا عدم تأثیرپذیری آن در افراد مختلف متفاوت است. نمونه این موارد را می‌توان در انتشار یک ویروس در جامعه مشاهده کرد که نهایتاً 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 تأثیر رعایت دستورالعمل‌های بهداشتی، اثر فعالیت‌های درمانی و عوامل پیشگیرانه مانند واکسن و سابقه ابتلا را بطور همزمان در نظر نمی‌گیرند. در حقیقت در مدل‌های ارائه شده تاکنون برخی حالت‌ها و در نتیجه برخی گذر حالت‌های لازم و تاثیر گذار 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 معادلات دینامیکی غیرخطی مدل مارکوف استفاده می‌شود. مدل پیشنهادی پارامتری است و تأثیر پارامترهای مختلف آن بوسیله 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 و نهایتاً در بخش ۴ جمع‌بندی نتیجه‌گیری نهایی انجام می‌شود.

## ۲- مدل پیشنهادی

در این تحقیق به منظور شبیه‌سازی روند انتشار ویروس کووید-۱۹ و بررسی تأثیر 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<sup>۳</sup>) [۳۲-۳۳] از 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)<sup>۴</sup> 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 غیر حامل تقسیم می‌شوند بنابراین جمعاً ۶ حالت را ایجاد می‌کنند. دو حالت دیگر مربوط به حالت بیمار و حالت مرگ

<sup>۳</sup> susceptible-infected-vaccinated-susceptible

<sup>۴</sup> Susceptible, Infected, Vaccinated, Safe, Carrier Vaccinated, Carrier Susceptible, Carrier Safe, Dead

<sup>۱</sup> Gillath

<sup>۲</sup> susceptible-pre-symptomatic, symptomatic infectious-removed from the infectious pool

## ۲-۱- زنجیره مارکوف

مدل مارکوف گسسته زمان، برای مدل سازی سیستم هایی که دارای تعداد حالات کاری قابل شمارش هستند مناسب است. در این مدل با هر گام زمانی حالت جاری سیستم به حالت جدید تغییر وضعیت می دهد. در زنجیره مارکوف حالت جدید بر اساس حالت جاری و احتمالات گذر به حالات بعدی مشخص می شود.

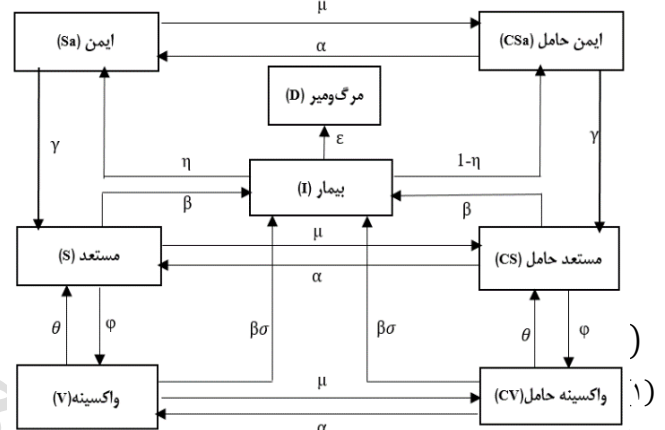
زنجیره مارکوف بر اساس تعریف بدون حافظه است. عبارت دیگر در این مدل حالت جدید به حالات ماقبل حالت جاری بستگی ندارد و فقط وابسته به حالت جاری است. رابطه (۱) بیان ریاضی بدون حافظه بودن زنجیره  $X^{(0)}, X^{(1)}, X^{(2)}, \dots, X^{(n)}$  است که در آن  $X^{(n)}$  حالت تصادفی سیستم در مرحله جاری و  $X^{(n+1)}$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

یک زنجیره مارکوف می تواند با مجموعه ای مقادیر احتمال گذر بین حالات مختلف که معمولاً بصورت ماتریسی نشان داده می شود 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 می کند.

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

روش دیگر نمایش مدل مارکوف نمایش گرافی آن است که بصورت یک ماشین حالت با تعدادی حالت و تعدادی کمان

است. شکل ۱ حالات های مختلف و گذر بین آنها را همراه با نرخ گذرها را بصورت پارامتری نشان می دهد. پارامترهای مدل پیشنهادی نیز در جدول ۱ شرح داده شده است. تعداد حالات ها و نحوه تبدیل آنها به یکدیگر با توجه به گزارش های منتشر شده توسط سازمان های مختلف (وزارت بهداشت، سازمان جهانی بهداشت و سایت واکسن های مدرنا و فایزر) تعیین شده است [۳۴-۳۷].



شکل ۱- فرآیند انتشار مدل SVISa\_Ca

جدول ۱- تعریف پارامترهای اصلی در مدل SVISa\_Ca

$N(t)$	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 و 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
$\beta$	احتمال تبدیل یک فرد مستعد به بیمار در هر گام زمانی
$\gamma$	احتمال تبدیل فرد ایمن به فرد مستعد در هر گام زمانی
$\phi$	احتمال واکسیناسیون افراد مستعد در هر گام زمانی
$\theta$	احتمال تبدیل فرد واکسینه به فرد مستعد در هر گام زمانی
$\sigma$	احتمال شکست واکسن فرد واکسینه در هر گام زمانی
$P_{ij} \geq 0, \sum_{j=0}^{\infty} P_{ij} = 1, i = 0, 1, \dots$	(۳) احتمال از بین رفتن ویروس از فرد $i$ در هر گام زمانی
$\mu$	احتمال تبدیل فرد غیر حامل به حامل ویروس
$\eta$	احتمال تبدیل فرد بیمار به ایمن (غیر حامل) پس از بهبودی
$\epsilon$	احتمال فوت فرد بیمار در هر گام زمانی
$P$	ضریب رعایت پروتکل در جامعه

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 معادله (۴)، می‌توان روابط مربوط به رفتار گذرای مدل پیشنهادی را بدست آورد. معادله (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.

نکته ای 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. بعنوان مثال گذر یک فرد از حالت مستعد ( $S$ ) به حالت بیمار ( $I$ ) برای هر گره تنها در صورت مجاورت با یک فرد بیمار یا حامل و با احتمال گذر مربوطه ( $\beta$ ) 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 ( $\eta$ ) 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.

نشان داده می‌شود و احتمال هر گذر روی کمان مربوطه نوشته می‌شود. در بخش بعدی مدل پیشنهادی برای انتشار ویروس کووید ۱۹ شرح داده می‌شود.

## 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 غیر حامل 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 شده است.

معادله (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 نمایانگر 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  $i$  را در زمان  $t+1$  و  $X_i^t$  حالت جاری گره  $i$  را در زمان  $t$  نشان می‌دهد.  $N$  نشان دهنده تعداد افراد جامعه است و فضای حالت مدل پیشنهادی بصورت  $Z_i \in \{S, V, I, Sa, CS, CV, CSa, D\}$  تعریف شده است.

نمایش دیگر زنجیره مارکوف زمان گسسته، نمایش ماتریسی است که در آن زنجیره مارکوف به وسیله ماتریس احتمال گذر  $P^1$  نمایش داده می‌شود. این ماتریس در مدل پیشنهادی در معادله (۵) آورده شده است. هر درایه  $P_{ij}$  ماتریس، احتمال گذر

<sup>1</sup> transition probability matrix

$$\left\{ \begin{array}{lll}
 P[X_i^{t+1} = I | X_i^t = S] = \beta, & P[X_i^{t+1} = CS | X_i^t = S] = \mu, & P[X_i^{t+1} = V | X_i^t = S] = \varphi, \\
 P[X_i^{t+1} = Sa | X_i^t = I] = \eta, & P[X_i^{t+1} = CSa | X_i^t = I] = 1 - \eta, & P[X_i^{t+1} = D | X_i^t = I] = \varepsilon, \\
 P[X_i^{t+1} = I | X_i^t = V] = \beta\sigma, & P[X_i^{t+1} = S | X_i^t = V] = \theta, & P[X_i^{t+1} = CV | X_i^t = V] = \mu, \\
 P[X_i^{t+1} = CSa | X_i^t = Sa] = \mu, & P[X_i^{t+1} = S | X_i^t = Sa] = \gamma, & \\
 P[X_i^{t+1} = Sa | X_i^t = CSa] = \alpha, & P[X_i^{t+1} = CS | X_i^t = CSa] = \gamma, & \\
 P[X_i^{t+1} = I | X_i^t = CS] = \beta, & P[X_i^{t+1} = S | X_i^t = CS] = \alpha, & P[X_i^{t+1} = CV | X_i^t = CS] = \varphi, \\
 P[X_i^{t+1} = CS | X_i^t = CV] = \theta, & P[X_i^{t+1} = I | X_i^t = CV] = \beta\sigma, & P[X_i^{t+1} = V | X_i^t = CV] = \alpha,
 \end{array} \right. , \forall i \in \{1, 2, \dots, N\} \quad (۴)$$

$$P = \begin{bmatrix}
 -\beta S - \varphi S - \mu S & \beta S & \varphi S & 0 & \mu S & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & 1 - \eta I - (1 - \eta)I - \varepsilon I & 0 & \eta I & 0 & 0 & (1 - \eta)I & \varepsilon I & 0 \\
 \theta V & \beta\sigma V & 1 - \theta V - \beta\sigma V - \mu V & 0 & 0 & \mu V & 0 & 0 & 0 \\
 \gamma Sa & 0 & 0 & 1 - \gamma Sa - \mu Sa & 0 & 0 & 0 & \mu Sa & 0 \\
 \alpha CS & \beta CS & 0 & 0 & 1 - \beta CS - \varphi CS - \alpha CS & \varphi CS & 0 & 0 & 0 \\
 0 & \beta\sigma CV & \alpha CV & 0 & \theta CV & 1 - \theta CV - \beta\sigma CV - \alpha CV & 0 & 0 & 0 \\
 0 & 0 & 0 & \alpha CSa & \gamma CSa & 0 & 1 - \gamma CSa - \alpha CSa & 0 & 0 \\
 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1
 \end{bmatrix} \quad (۵)$$

$$\left\{ \begin{array}{l}
 \Delta S = S(t+1) - S(t) = -\beta S(t) + \gamma Sa(t) - \varphi S(t) + \theta V(t) - \mu S(t) + \alpha CS(t) \\
 \Delta I = I(t+1) - I(t) = \beta S(t) + \beta CS(t) - \eta I(t) - (1 - \eta)I(t) + \beta\sigma V(t) + \beta\sigma CV(t) - \varepsilon I(t) \\
 \Delta V = V(t+1) - V(t) = \varphi S(t) - \theta V(t) - \beta\sigma V(t) - \mu V(t) + \alpha CV(t) \\
 \Delta Sa = Sa(t+1) - Sa(t) = \eta I(t) - \gamma Sa(t) - \mu Sa(t) + \alpha CSa(t) \\
 \Delta CS = CS(t+1) - CS(t) = -\beta CS(t) + \gamma CSa(t) - \varphi CS(t) + \theta CV(t) + \mu S(t) - \alpha CS(t) \\
 \Delta CV = CV(t+1) - CV(t) = \varphi CS(t) - \theta CV(t) - \beta\sigma CV(t) + \mu V(t) - \alpha CV(t) \\
 \Delta CSa = CSa(t+1) - CSa(t) = (1 - \eta)I(t) - \gamma CSa(t) + \mu Sa(t) - \alpha CSa(t) \\
 \Delta D = D(t+1) - D(t) = \varepsilon I(t)
 \end{array} \right. \quad (۶)$$

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 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 به‌طور دقیق‌تر به آن پرداخته می‌شود.

### ۲-۲-۲- تجزیه و تحلیل حالت گره

**شرح وضعیت گره:** در مدل پیشنهادی انتشار ویروس کوید-۱۹، هر فرد می‌تواند در یکی از هشت حالت مدل مارکوف شکل ۱ باشد. بنابراین افراد جامعه به هشت دسته تقسیم می‌شوند. سه

### ۲-۲-۱- تجزیه و تحلیل ساختار شبکه

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. بطور مشابه روابط انسان‌ها شبکه‌های اجتماعی نیز بستر انتشار اخبار منفی است. با توجه به اینکه مدل پیشنهادی این مقاله مربوط به بیماری‌های واگیردار و بطور خاص مربوط به کووید-۱۹ است در شبکه مربوط در 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



**شرح انتقال حالت گره:** در مدل ارائه شده ۱۸ گذر حالت وجود

دارد که در ادامه تک تک آن‌ها معرفی می‌شود.

(۱) گذر  $I \rightarrow S$ : وقتی فرد مستعد با فرد بیمار یا حامل ویروس ارتباط برقرار می‌کند به احتمال  $\beta$  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  $\varphi$  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 حامل ارتباط برقرار می‌کند به احتمال  $\mu$  ویروس را دریافت کرده و به حالت مستعد حامل تغییر وضعیت می‌دهد.

(۴) گذر  $I \rightarrow Sa$ : فرد بیمار پس از طی مدت درمان، به احتمال  $\eta$  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 می‌دهد و به فرد مستعد تبدیل می‌شود، بنابراین در مدل پیشنهادی در هر واحد زمانی، فرد واکسینه شده به احتمال  $\theta$  به فرد مستعد تبدیل می‌شود.

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

(۸) گذر  $CV \rightarrow I$ : فرد واکسینه حامل بدلیل اینکه خود حامل ویروس است بدون نیاز به مجاورت با فرد مبتلا یا حامل دیگر

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) است. 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 ( $\gamma$ ) 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 غیر بیمار، 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 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  $\beta$  مدل می‌شود.  $\beta$  احتمال تبدیل یک فرد مستعد حامل به بیمار است و زمان پنهان بیماری با آن رابطه معکوس دارد. با افزایش  $\beta$  میانگین زمان نهفتگی کاهش و با کاهش  $\beta$  میانگین زمان نهفتگی افزایش می‌یابد.

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 می‌شود. بر همین اساس در مدل پیشنهادی در هر واحد زمانی، فرد ایمن به احتمال  $\gamma$  به فرد مستعد تبدیل می‌شود.

۱۷) گذر  $Sa \rightarrow CSa$ : وقتی فرد ایمن با فرد بیمار یا حامل ارتباط برقرار می‌کند به احتمال  $\mu$  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  $\gamma$  به فرد مستعد تبدیل می‌شود.

### ۳- شبیه‌سازی و تجزیه و تحلیل نتایج

به منظور شبیه‌سازی و تجزیه و تحلیل نحوه انتشار ویروس کوید-۱۹ با استفاده از مدل پیشنهادی ابتدا شبیه‌سازی بر اساس مقادیر اولیه برای تک تک پارامترهای مدل انجام شده و سپس برای بررسی تأثیر 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 اعداد و ارقام مقادیر تقریبی هستند که با مراجعه به سایت‌های معتبری مانند، وزارت بهداشت ایران، سایت رسمی کرونا، سازمان جهانی بهداشت، سایت واکسن مدرنا و فایزر [۳۷-۳۴] و با ارزیابی و تحلیل اعداد و ارقام متفاوت منتشر شده در آنها محاسبه و مورد استفاده قرار گرفته است.

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 بطور تصادفی مشخص شده و در یک سلول جای می‌گیرد.

می‌تواند به احتمال  $\sigma\beta$  مبتلا شده و حالت فرد از واکسینه حامل به بیمار تغییر می‌کند.

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

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

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

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

۱۳) گذر  $CV \rightarrow CS$ : یک فرد واکسینه حامل به مرور زمان ایمنی خود را از دست می‌دهد و به فرد مستعد حامل تبدیل می‌شود، بنابراین در مدل پیشنهادی در هر گام زمانی، فرد واکسینه حامل به احتمال  $\theta$  به فرد مستعد حامل تبدیل می‌شود.

۱۴) گذر  $CS \rightarrow CV$ : در هر واحد زمانی فرد مستعد به احتمال  $\phi$  اقدام به واکسیناسیون کرده و از حالت مستعد حامل به واکسینه 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  $\beta$  مبتلا شده و حالت فرد از مستعد حامل به

تعداد افراد یک سلول می‌تواند صفر، یک یا بیشتر از یک نفر باشد. هر فرد در هر گام با روش قدم زدن تصادفی<sup>۱</sup> یکی از هشت مکان مجاور را به‌عنوان مقصد انتخاب کرده و به آن نقل مکان می‌کند.

روند انتشار ویروس بدین صورت است هر فرد در صورت بیمار یا حامل بودن، ویروس را به افراد ملاقات شونده منتقل می‌کند. اگر فرد ملاقات شونده قبلاً واکسینه شده یا به خاطر سابقه ابتلا به بیماری در حالت ایمنی باشد ویروس را دریافت نمی‌کند ولی در غیر این صورت در هر گام زمانی که ملاقات طول بکشد به احتمال  $\beta$  ویروس را دریافت می‌کند اگر فرد ملاقات شونده ویروس را دریافت کند، به فرد بیمار تبدیل شده و در مرحله بعد مانند یک انتقال دهنده، عمل می‌کند. این یک نمونه تغییر حالت فرد مستعد به بیمار است که با توجه به ضرائب مربوطه در معادلات لحاظ شده است. برای سایر تبدیل حالت‌ها نیز با توجه به ضرائب مربوطه و توضیحات ارائه 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 می‌گیرد.

### جدول ۲- مقدار اولیه پارامترها و جمعیت در شبیه‌سازی مدل

#### پیشنهادی برای انتشار ویروس کوید-۱۹

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	$\beta$	احتمال تبدیل یک فرد مستعد به فرد بیمار
۰/۷۵	$\gamma$	احتمال تبدیل فرد ایمن به مستعد
۰/۰۰۷	$\phi$	احتمال واکسیناسیون افراد مستعد
۰/۰۰۱	$\theta$	احتمال تبدیل فرد واکسینه به فرد مستعد
۰/۰۰۸	$\sigma$	احتمال شکست واکسن برای افراد واکسینه
۰/۱	$\alpha$	احتمال از بین رفتن ویروس از فرد حامل
۰/۰۸	$\mu$	احتمال تبدیل فرد غیرحامل به حامل ویروس

<sup>۱</sup> Random Walk

۰/۸	$\eta$	احتمال حامل نبودن فرد بیمار پس از بهبودی
۰/۰۰۰۵	$\varepsilon$	احتمال فوت فرد بیمار در واحد زمان
۰/۵	$P$	ضریب رعایت پروتکل در جامعه

### جدول ۳- مدت زمان‌های در نظر گرفته در مدل

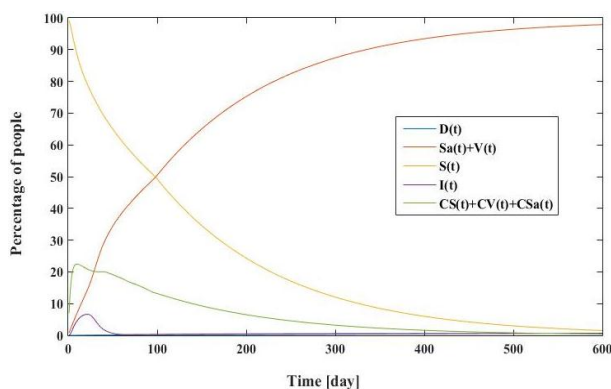
مدت دوره به صورت تصادفی	نماد	موقعیت اولیه فرد	موقعیت ثانویه فرد
۳ الی ۷ هفته	$I \rightarrow Sa$	ایمن	بیمار
۳ الی ۷ هفته	$I \rightarrow CSa$	ایمن حامل	بیمار
۳ الی ۴ ماه	$Sa \rightarrow S$	مستعد	ایمن
۳ الی ۴ ماه	$CSa \rightarrow CS$	مستعد حامل	ایمن حامل
۱ الی ۴ روز	$CSa \rightarrow Sa$	ایمن	ایمن حامل
۱ 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 با در نظر گرفتن آمار جهانی انتشار ویروس کووید-۱۹ بطور تقریبی برای هر یک از پارامترها یک مقدار میانگین در نظر گرفته شود. این مقادیر در جدول ۲ و جدول ۳ نشان داده شده است. شبیه‌سازی برای جمعیت صد هزار نفر و با گام زمانی ۱ شبانه‌روز انجام شده است. احتمال واکسن زدن هر نفر در یک شبانه‌روز ۰/۰۰۷ 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.

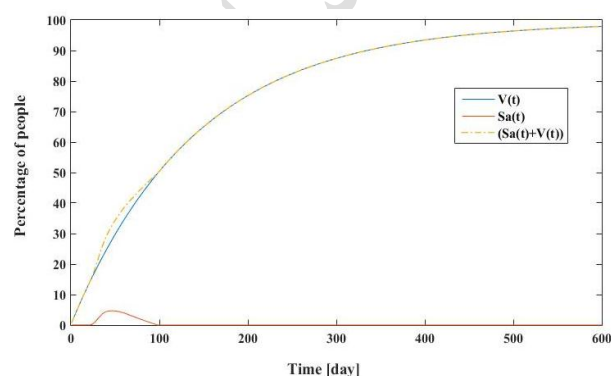
تنظیم دو پارامتر  $\beta$  و  $\mu$  به مقدار دلخواه، سرعت انتقال ویروس را تعیین می‌کند به این ترتیب که مقدار بیشتر، باعث سرعت انتقال بیشتر می‌شود. در شبیه‌سازی‌های انجام شده این مقادیر متناسب با سویه اصلی کووید-۱۹ انتخاب شده است. برای شبیه‌سازی رفتار هر یک از سویه‌های دیگر نیز می‌توان بطور جداگانه ضرایب متناسب با آن سویه را تنظیم نمود. لذا مدل قادر به شبیه‌سازی همه سویه‌ها بوده و شبیه‌سازی آن منوط به تنظیم

یک فرد ایمن تبدیل می‌شوند. لذا همانطور که در شکل ۳ قابل مشاهده است، درصد افراد ایمن (ناشی از ایجاد آنتی‌بادی در نتیجه بهبود بیماری) با یک تأخیر 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 را در جامعه نشان می‌دهد که با شرایط شبیه‌سازی انجام شده این شبیه‌سازی نشان می‌دهد با نرخ واکسیناسیون داده شده حدود یک سال طول می‌کشد تا بتوان حدود ۹۰ درصد افراد جامعه را در برابر این بیماری ایمن کرد.



شکل ۲- درصد افراد بیمار، مستعد، ایمن (در اثر بیماری و واکسیناسیون)،

حامل ویروس و مرگ و میر ناشی از انتشار ویروس کووید-۱۹



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

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 نمودارهای 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 حدوداً 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 است. نمودار افراد مستعد هم با توجه به اینکه جامعه به صورت روزانه در حال واکسیناسیون مداوم هستند، در حال کاهش است 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.

همانطور که گفته شد، با توجه به نتایج این شبیه‌سازی اوج سرایت بیماری در حدود یک ماه اولیه رخ داده و حدود ۸ درصد از افراد جامعه را درگیر بیماری کرده است. با توجه به شبیه‌سازی صورت گرفته در این مطالعه 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

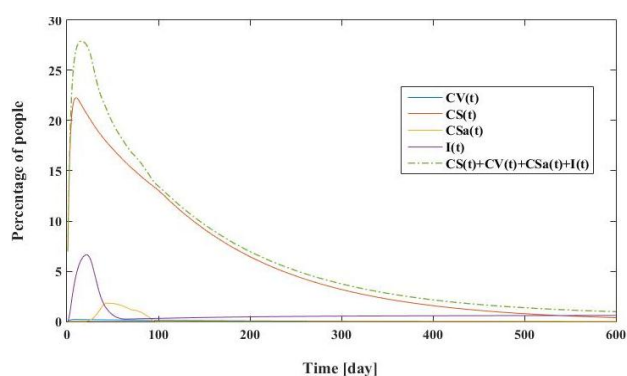
ضریب واکسیناسیون و فاکتور رعایت پروتکل‌های بهداشتی است. ضریب واکسیناسیون به نحوی عملکرد دولت و فاکتور رعایت پروتکل بهداشتی عملکرد ملت را در مواجهه با بیماری نشان می‌دهد. لذا در ادامه تأثیر این دو پارامتر بطور مجزا در روند انتشار بیماری در مدل پیشنهادی مورد بررسی قرار می‌گیرد. در بخش ۳-۲-۱ تأثیر سرعت و روند واکسیناسیون در جامعه و در بخش ۳-۲-۲ تأثیر رعایت یا عدم رعایت پروتکل بهداشتی مورد بررسی قرار گرفته است.

### ۳-۲-۱- تأثیر روند واکسیناسیون بر انتشار ویروس

در مدل‌سازی اولیه، ضریب واکسیناسیون  $0/7$  درصد در روز در نظر گرفته شده بود که باعث مهار بیماری در یک بازه چند ماهه و ایجاد سطح ایمنی  $80$  درصد در یک بازه  $8$  ماهه شد. در این بخش برای بررسی تأثیر واکسیناسیون (با حفظ شرط رعایت پروتکل بهداشتی  $50$  درصد) مقدار ضریب واکسیناسیون از  $0/1$  درصد تا  $0/9$  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 شکل ۵ مشاهده می‌شود مدل پیشنهادی قادر است موج‌های متوالی همه‌گیری را به نمایش بگذارد هر چند موج‌های نشان داده شده در این نمودار نشان‌دهنده تکرار همه‌گیری با مقادیر پارامترهای سویه اولیه است ولی در صورت لزوم می‌توان با در اختیار داشتن مقادیر پارامترها به ازای هر سویه در هنگام شبیه‌سازی پس از پایان هر موج پارامترها را برای موج بعدی متناسب با سویه بعدی تنظیم نمود. بعنوان مثال برای مدل‌سازی برخی سویه‌ها که ایمنی ناشی از ابتلای پایینی دارند کافی است مقدار  $\gamma$  (احتمال رفتن از حالت ایمن به حالت مستعد) را نزدیک به  $1$  انتخاب کنیم. در این صورت یک بیمار در صورت بهبود به سرعت (در شبیه‌سازی حداکثر با یک توقف

نظر گرفته شده‌اند. به عبارت دیگر افراد ناقل شامل مجموع افراد بیمار و افراد غیر بیماری است که به نحوی حامل ویروس هستند. شکل ۴ ابتدا نمودار درصد افراد حامل و بیمار بصورت جدا و سپس نمودار مجموع درصد آن‌ها را به عنوان درصد ناقلین موجود در جامعه نشان داده است. همان‌طور که در شکل ۴ قابل مشاهده است، بر اساس مقادیر تعیین شده برای پارامترهای مدل در جدول ۲ بیشترین سهم افراد ناقل متعلق به افراد مستعد حامل است. این نتایج نشان می‌دهد اگر ضریب انتقال ویروس به افراد مستعد بدون و 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 وجود اینکه خود بیمار نیستند به دلیل رفت و آمد در جامعه نقش مهمی در انتقال ویروس به سایرین را ایفا کنند. با توجه به روند موجود در جامعه (ضریب واکسیناسیون  $0/7$  درصد و رعایت پروتکل  $50$  درصد) تعداد افراد ناقل موجود در جامعه تا ماه ابتدایی به یک پیک  $27$  درصدی می‌رسد و نهایتاً 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.

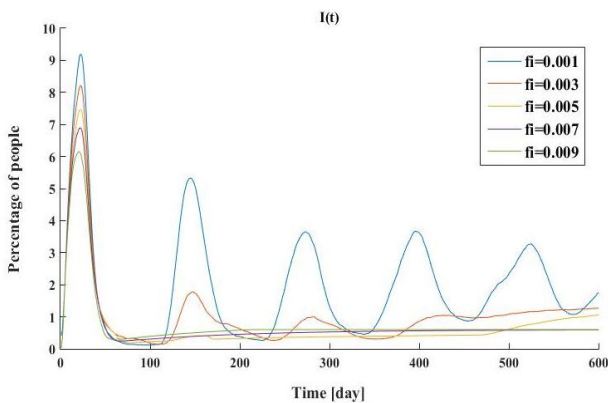


شکل ۴- درصد افراد بیمار و حامل ویروس و در نتیجه تعداد افراد ناقل در جامعه به دلیل انتشار ویروس کووید-۱۹

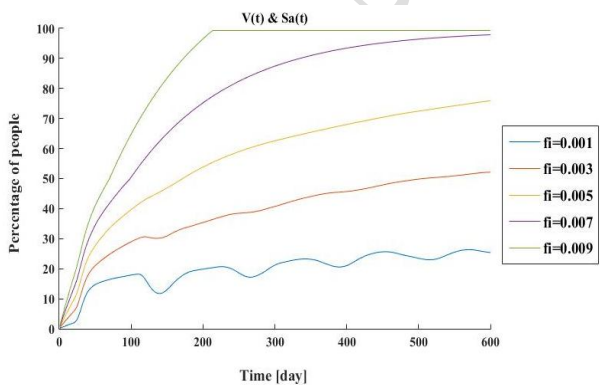
### ۳-۲- تأثیر پارامترها بر روند انتشار

دو پارامتر مهم موجود در این شبیه‌سازی که به نحوی به عملکرد یک جامعه در مواجهه با یک بیماری همه‌گیر بستگی دارد

صورتی که 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 تأخیر زمانی (حدوداً یک ماهه) 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 تأثیر 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

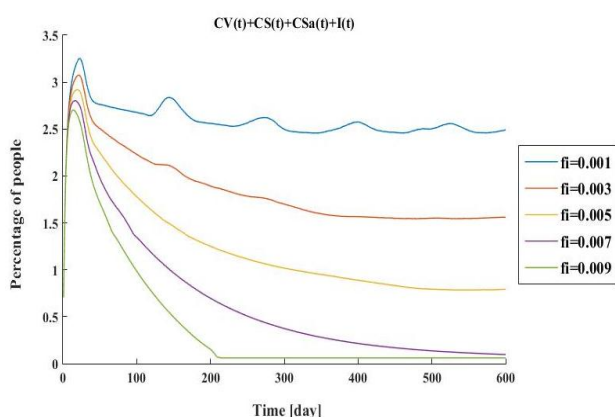
شکل ۷ تغییرات درصد افراد ناقل (مجموع افراد بیمار و حامل ویروس) با تغییر ضریب واکسیناسیون را نشان می‌دهد. این نتایج

یک‌روزه) از حالت ایمن عبور کرده به حالت مستعد خواهد رفت.

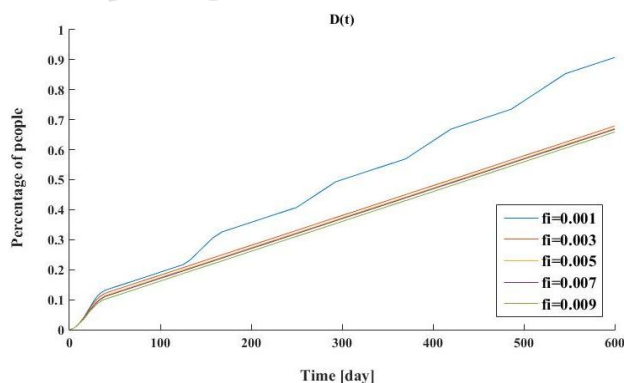
نتایج همچنین نشان می‌دهد که با افزایش ضریب واکسیناسیون، پیک اولیه بیماری و درصد افراد بیمار در جامعه در طول فرایند شبیه‌سازی کاهش می‌یابد. نکته قابل توجه در این بخش این است که با کاهش ضریب واکسیناسیون، علاوه بر افزایش درصد افراد بیمار در پیک اول، شاهد وجود پیک‌های بیماری در چندین دوره مختلف در طول مدت شبیه‌سازی خواهیم بود. نتایج نشان می‌دهد که 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. بنظر می‌رسد یکی از دلایل وجود پیک دوره‌ای در انتشار این ویروس، خاصیت دوره-ای سرایت بیماری، خاصیت دوره‌ای بهبود بیماری در جامعه است. نتایج نشان می‌دهد برای کنترل این فرآیند دوره‌ای در جامعه باید نرخ واکسیناسیون جامعه افزایش یابد. نتایج شبیه‌سازی نشان می‌دهد که ضریب واکسیناسیون بیش از  $0.5$  درصد در روز می‌تواند فرآیند دوره‌ای اوج‌گیری ویروس کووید-۱۹ را در یک جامعه (با فرض رعایت  $50\%$  درصدی پروتکل بهداشتی) کنترل کند. یک سؤالی 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 پروتکل در شبیه‌سازی بصورت ثابت برابر  $50\%$  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 هم هست نشان می‌دهد با افزایش ضریب واکسیناسیون در جامعه سطح ایمنی قابل قبول در بازه کوتاه‌تری در جامعه رخ خواهد داد. به عنوان مثال در

در مدل‌سازی اولیه، فاکتور رعایت پروتکل اجتماعی ۵۰ درصد در نظر گرفته شده بود که با کمک نرخ واکسیناسیون ۰/۷ درصد در روز 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 تأثیر رعایت پروتکل 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. همانطور که در شکل ۹ مشاهده می‌شود با افزایش فاکتور رعایت پروتکل، پیک اولیه بیماری و درصد افراد بیمار در جامعه در طول فرایند شبیه‌سازی با سرعت قابل ملاحظه‌ای کاهش می‌یابد.



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



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

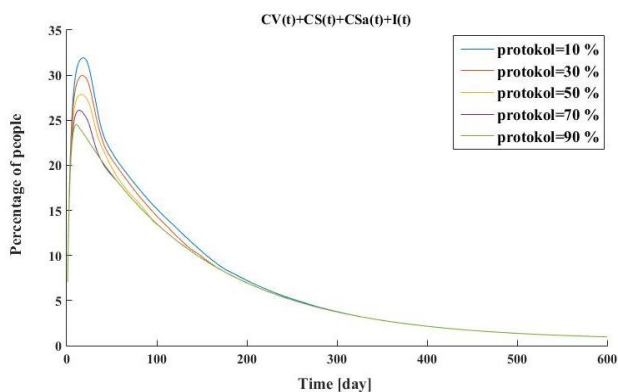
نشان می‌دهد که واکسیناسیون تا چه اندازه می‌تواند در کاهش تعداد افراد ناقل در جامعه مؤثر باشد. مثلاً اگر واکسیناسیون با میانگین نرخ پایینی مانند ۰/۱ درصد در روز انجام شود، با توجه به اینکه واکسن‌های موجود دارای نرخ شکست هم می‌باشند، نمی‌توان بیماری را کنترل کرد و چنانچه در شکل ۷ قابل مشاهده است، درصد افراد ناقل موجود در جامعه پس از گذشت ۶۰۰ روز از فرآیند شبیه‌سازی در حدود ۲۷ درصد باقی می‌ماند. به عبارتی 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 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. لذا به طور کلی می‌توان گفت ضریب واکسیناسیون روزانه می‌تواند به صورت قابل ملاحظه‌ای در کاهش میزان مرگ و میر مؤثر 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- تأثیر رعایت پروتکل در حین اجرای واکسیناسیون

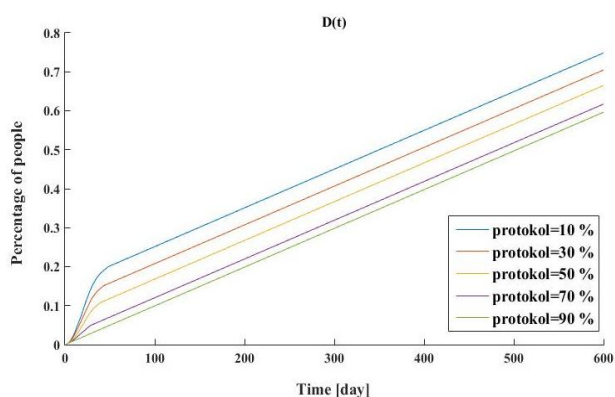
به طور کلی واکسیناسیون و تأثیر آن در جامعه منوط به وجود واکسن در جامعه، توانایی خرید دولت و همچنین میزان شکست واکسن خریداری شده دارد. لذا تا زمان فراهم شدن شرایط مطلوب برای ایجاد واکسیناسیون در جامعه و حتی در حین واکسیناسیون، رعایت پروتکل بهداشتی و اجتماعی می‌تواند نقش به‌سزایی در کنترل سرایت بیماری در جامعه ایفا کند. البته در این مورد نیز دولت‌ها نقش مهمی در فرهنگ‌سازی و آگاه‌سازی جامعه و ایجاد شرایط مطلوب برای تحقق این مهم دارند.

© پیش نویس مجله علمی محاسبات نرم، برای داوری در مجله



شکل ۱۰- درصد تغییرات افراد ناقل (مجموع افراد بیمار و حامل ویروس) به دلیل انتشار کووید\_۱۹ با تغییرات فاکتور رعایت پروتکل در جامعه

شکل ۱۱ اثر تغییر فاکتور رعایت پروتکل بر مجموع درصد مرگ و میر را نشان می‌دهد همانطور که مشاهده می‌شود، 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.

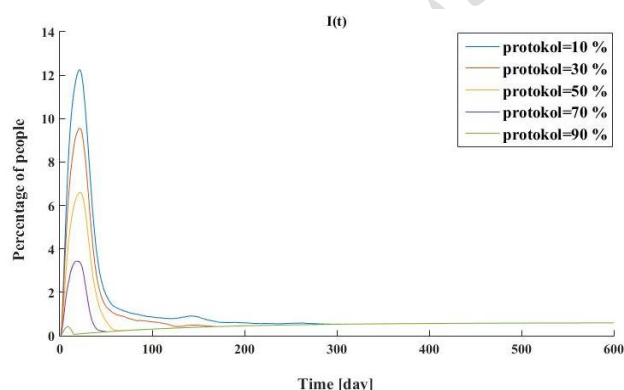


شکل ۱۱- درصد تغییرات تجمعی مرگ و میر در جامعه به دلیل انتشار ویروس کووید\_۱۹ با تغییرات فاکتور رعایت پروتکل در جامعه

#### 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 تأثیر تک تک پارامترهای مختلف را بر عملکرد مدل در تقلید رفتار انتشار

مقایسه شکل ۹ با شکل ۵ نشان می‌دهد که تأثیر رعایت پروتکل 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. لذا رعایت پروتکل 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 تأثیرگذار باشد.



شکل ۹- تغییرات درصد افراد بیمار در جامعه به دلیل انتشار ویروس کووید\_۱۹ با تغییرات فاکتور رعایت پروتکل در جامعه

شکل ۱۰ تأثیر تغییر فاکتور رعایت پروتکل 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 تأثیرگذار باشد و درصد افراد ناقل را از ۳۳ درصد تا ۲۵ درصد کاهش دهد. همچنین نمودارهای شکل ۹ و ۱۰ نشان می‌دهد که رعایت پروتکل 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 یکپارچه و سخت‌گیرانه پروتکل به همراه واکسیناسیون پیوسته با نرخ ۰/۷ درصد در روز می‌توان سرایت بیماری در جامعه را به خوبی کنترل کرد.



Syndrome,” *N. Engl. J. Med.*, vol. 348, no. 20, pp. 1953–1966, May 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, May 2003, doi: 10.1056/nejmoa030747.
- [3] S. K. P. Lau et al., “Severe acute respiratory syndrome coronavirus-like virus in Chinese horseshoe bats,” *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, 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* (80-. ), vol. 310, no. 5748, pp. 676–679, 2005, doi: 10.1126/science.1118391.
- [5] 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, Nov. 2012, doi: 10.1056/nejmoa1211721.
- [7] E. I. Azhar et al., “Evidence for Camel-to-Human Transmission of MERS Coronavirus,” *N. Engl. J. Med.*, vol. 370, no. 26, pp. 2499–2505, Jun. 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, C. Johnson, D. Greig, ... S. K.-V., and undefined 2017, “Global patterns in coronavirus diversity. - Abstract - Europe PMC,” *Academic.Oup.Com*, Accessed: Mar. 20, 2021. [Online]. Available: <https://europepmc.org/article/med/28630747>.
- [10] K. Roosa et al., “Real-time forecasts of the 2019-nCoV epidemic in China from February 5th to February 24th, 2020,” *arXiv*, 2020, Accessed: Mar. 20, 2021. [Online]. Available: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2468042720300051>.
- [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 Abstract : Background : Methods : Results : Conclusion : Funding : None . Conflict o,” *medRxiv Prepr.*, 2020, Accessed: Mar. 20, 2021. [Online].

ویروس کووید-۱۹ نشان می‌دهد که با نتایج و رفتار این ویروس در دنیای واقعی مطابقت دارد.

به‌عنوان مثال نتایج بدست آمده از تأثیر دو پارامتر مهم شامل ضریب واکسیناسیون و فاکتور رعایت پروتکل در جامعه که بترتیب 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 حدوداً هر سه الی چهار ماه یک‌بار یک دوره اوج بیماری در جامعه رخ می‌دهد. از طرفی بررسی ضریب رعایت پروتکل‌های بهداشتی نشان می‌دهد که اگر رعایت یکپارچه و سخت‌گیرانه پروتکل به درستی در جامعه اجرا شود، در شش ماه نخست درصد افراد بیمار و ناقل به شدت کاهش یافته و پس از آن می‌توان با رعایت ۵۰ درصدی پروتکل 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 تأثیر بیشتر رعایت پروتکل را در کنترل ابتلا به بیماری در مقایسه با واکسیناسیون نشان می‌دهد.

به‌طور کلی در این مطالعه مدلی جامع برای شبیه‌سازی انتشار ویروس کووید-۱۹ ارائه گردید 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. 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.

## مراجع

- [1] T. G. Ksiazek et al., “A Novel Coronavirus Associated with Severe Acute Respiratory

- users' activities, review helpfulness and influence," *Comput. Human Behav.*, vol. 75, pp. 117–129, 2017, doi: 10.1016/j.chb.2017.03.065.
- [23] T. Krak, J. De Bock, and A. Siebes, "Imprecise continuous-time Markov chains," 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," 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," 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, Available: <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.02.27.20028027v2.full>.
- [12] S. B. Stoecklin et al., "First cases of coronavirus disease 2019 (COVID-19) in France: Surveillance, investigations and control measures, January 2020," *Eurosurveillance*, vol. 25, no. 6. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC), Feb. 13, 2020, doi: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.6.2000094.
- [13] "Coronavirus." [https://www.who.int/health-topics/coronavirus#tab=tab\\_1](https://www.who.int/health-topics/coronavirus#tab=tab_1) (accessed Mar. 20, 2021).
- [14] Amy Mckeever, "Here's what coronavirus does to the body," 2020. Accessed: Mar. 20, 2021. [Online]. Available: <https://www.nationalgeographic.com/science/2020/02/here-is-what-coronavirus-does-to-the-body/>.
- [15] Worldometer, "Coronavirus Update (Live): Cases and Deaths from COVID-19 Virus Pandemic," Worldometers, 2021. <https://www.worldometers.info/coronavirus> (accessed Mar. 20, 2021).
- [16] آخوندی، رعنا & حسینی، راحیل. (۱۴۰۰). ارایه مدل هوشمند هایپریدی فازی-تکامل ژنتیکی تفاضلی در یک سیستم خبره فازی برای پیش بینی خطر ابتلا به بیماری قلبی. محاسبات نرم. 6(2), 32-47.
- [17] عباسی، حانیه، شمس، محبوبه & رسولی کناری، عبدالرضا. (۱۳۹۹). راهکارهای تشخیص عملکرد کاربران و ارائه روشی برای تعیین میزان خطر رفتار غیر معمول کاربران در خانه‌ی هوشمند مبتنی بر منطق فازی. محاسبات نرم. 9(2), 2-13. doi: 10.22052/scj.2021.242812.0
- [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 *Lecture Notes in Networks and Systems*, vol. 81, Springer, 2020, pp. 206–219.
- [19] E. R. Ziegel and W. Winston, "Operations Research: Applications and Algorithms," 1988. doi: 10.2307/1270107.
- [20] اکرمی، عباس & پارسامنش، محمود. (۱۴۰۱). بررسی یک مدل اپیدمیک فازی ریاضی برای انتشار ویروس کرونا در یک جمعیت. محاسبات نرم. 11(1), 2-9. doi: 10.22052/scj.2022.246053.1045
- [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

2018, doi: 10.1016/j.physa.2018.04.062.

- [34] A.Hoxha. "Global excess deaths associated with COVID-19, January 2020 - December 2021." who.int. <https://www.who.int/data/stories/global-excess-deaths-associated-with-covid-19-january-2020-december-2021> (access Dec. 1,2021).
- [35] H.Darvishi and S.Khoshnoud. "Observation of articles related to Covid-19 Aug 2021." gov.ir. <https://research.behdasht.gov.ir/journalwatch> (access Aug. 1,2021).
- [36] S.Hoge and S.Bansel. "Coronavirus disease." modernatx.com. <https://www.canada.ca/en/public-health/services/diseases/coronavirus-disease-covid-19.html> (access Nov. 28,2021).
- [37] A.Bourla and S.Susman. "Pfizer Safety Reporting." pfizer.com. <https://www.pfizersafetyreporting.com> (access May. 6,2021).

نمایندگاه در مجله محاسبات نرم