

## بررسی روند شیوع بیماری ویروس کرونا (کووید-۱۹) در یک جامعه مفروض با استفاده از مدل ریاضی به صورت یک معادله انتگرال-دیفرانسیل

سید حمید حسینی\*<sup>۱</sup>، محمدرضا فراهانی<sup>۱</sup>

۱- آدرس: تهران - نارمک - دانشگاه علم و صنعت ایران - دانشکده ریاضی - گروه ریاضی کاربری.

پست الکترونیک: [Mrfarahani88@gmail.com](mailto:Mrfarahani88@gmail.com) & [Hamidhosseini90@yahoo.com](mailto:Hamidhosseini90@yahoo.com)

### چکیده

گسترش و شیوع ویروس کووید-۱۹ در حال حاضر در صدر مهمترین مشکلات بشریت در سرتاسر جهان قرار دارد که به شدت هم رو به افزایش است و مستقیماً به روابط فیزیکی و اجتماعی افراد یک جامعه بستگی دارد. به طوری که هر اندازه افراد جامعه خارج از دستورالعمل‌ها و پروتکل‌های بهداشتی رفتار کنند متأسفانه شاهد افزایش چشمگیر تعداد مبتلایان جدید و در نهایت نرخ مرگ و میر بیشتر خواهیم شد. هدف این پژوهش بررسی شیوع ویروس کووید-۱۹ با استفاده از مدل ریاضی معادله انتگرال-دیفرانسیل در بین نفرات یک جامعه مفروض می‌باشد. ساختارهای ارتباطی که در شبکه‌ها و سیستم‌های گسسته در میان اعضای یک مجموعه مفروض وجود دارند، می‌تواند به یک مدل شبکه‌ای گسسته (حالت استاتیک) و در نهایت به یک مدل معادله انتگرال-دیفرانسیل (حالت دینامیک) در حالت پیوسته منتهی شود. در این پژوهش افراد مبتلا شده به ویروس کووید-۱۹ و میزان شدت بیماری و چگونگی بروز علائم شایع آن با در نظر گرفتن احتمال سرایت در بین افراد جامعه بررسی شده‌است. تحلیل‌هایی که بر روی مدل‌های شبکه‌ای گسسته و همچنین مدل معادله انتگرال-دیفرانسیل انجام می‌گردد به نحوی می‌تواند پاسخ‌سوالاتی مهم مانند چگونگی پایان شیوع ویروس کووید-۱۹ در یک جامعه مفروض، بررسی عوامل و شاخص‌های تشدید کننده و یا کنترل کننده روند انتشار ویروس کووید-۱۹ و همچنین یافتن افراد ناقل بدون علائم بیماری می‌باشد.

**کلیدواژه‌ها:** مدل ریاضی، کوید-۱۹، بیماری ویروس کرونا

### ۱) مقدمه

بر اساس ماهیت علم می‌توان گفت که اکثر حوادث و اتفاقات طبیعی را که در واقعیت آنها را لمس می‌کنیم به زبان ریاضیات می‌توان بیان کرد. این تبدیل زبان کمک می‌کند که از ابزارهای بيشماری که در علم ریاضی موجود است استفاده کنیم و در پی آن تحلیل‌ها و برنامه‌ریزی‌هایی را نتیجه‌گیری کنیم. از ابتدای دسامبر سال ۲۰۱۹ میلادی ویروس کرونا ابتدا در کشور چین و سپس با سرعت بسیار زیاد در سطح جهان شیوع پیدا کرد به طوری که در حال حاضر تقریباً تمامی کشورهای جهان با پدیده شیوع ویروس کرونا در حال مبارزه هستند. ویروس‌های کرونا خانواده بزرگی از ویروس‌ها هستند که می‌توانند حیوانات و انسان‌ها را بیمار کنند و یکی از مهمترین اعضای خانواده بیماری‌های

ویروسی و عفونی شناخته شده می باشند (خوانندگان محترم برای مطالعه بیشتر در زمینه بیماری های عفونی و مدل سازی آن به منبع ۱۵ مراجعه کنند). تعداد زیادی از ویروس های کرونا که تاکنون شناخته شده اند، موجب ابتلا به طیفی از عفونت های دستگاه تنفسی در انسان ها می شوند که از سرماخوردگی تا ابتلا به دیگر بیماری های عفونی شدیدتر مثل آنفلونزا H<sub>1</sub>N<sub>1</sub>، سندروم تنفسی خاورمیانه (مرس- MERS) و سندروم تنفسی حاد (سارس- SARS) متغیر است (۱۶). ویروس کرونایی که به تازگی کشف و ظاهر شده است عامل ابتلا به بیماری کووید-۱۹ می باشد. این ویروس نوظهور و بیماری ناشی از آن تا قبل از شروع طغیان های ماه های اخیر در دسامبر سال ۲۰۱۹ میلادی در شهر ووهان کشور چین ناشناخته بود. آن چه در مورد این ویروس بسیار حیرت آور و غافل گیر کننده است، سرعت شیوع آن در بین افراد به جامعه می باشد. به طوری که در طی مدت زمان بسیار اندکی از پیدایش آن تقریباً به تمام کشورهای جهان سرایت پیدا کرد. همه گیری و سرعت انتشار این نوع بیماری در میان دیگر بیماری های عفونی غیرقابل پیش بینی بوده و همچنین افرادی که مبتلا به بیماری می شوند متأسفانه امکان ابتلا مجدد آنها پس از بهبودی وجود دارد و گرفتن بیماری موجب مصونیت پیدا کردن افراد پس از بهبودی کامل نمی شود (۱۶ و ۱۸). از علائم شایع کووید-۱۹ می توان به تب بالا، خستگی و سرفه های خشک اشاره کرد. بعضی از بیماران ممکن است علائم دیگری مثل درد و کوفتگی، گرفتگی بینی، آبریزش بینی، گلودرد یا اسهال داشته باشند (۱۶). این علائم معمولاً خفیف هستند و شروع آنها تدریجی است. برخی از افراد مبتلا ممکن است هیچ یک از علائم بیماری را تجربه نکرده و احساس ناخوشی نکنند. بیشتر مبتلایان (حدود ۸۰ درصد) بدون نیاز به درمان خاصی بهبود پیدا می کنند و تقریباً از هر ۶ نفر مبتلا به کووید-۱۹، یک نفر به شدت بیمار شده و دچار تنگی نفس می شود (۱۶). در سالمندان و افرادی که بیماری های زمینه ای مثل فشار خون بالا، بیماری های قلبی یا دیابت دارند، احتمال وخامت بیماری بیشتر است. انتقال کووید-۱۹ از افراد بیمار (حامل ویروس) به افراد سالم امکان پذیر است، بنابراین سایر افراد ممکن است بیماری را از فردی که به کووید-۱۹ مبتلا است بگیرند. لازم به ذکر است در تحقیقات اخیر نشان داده شده است که افراد با وجود در ارتباط بودن با فرد ناقل، به ویروس مبتلا نشده اند (۱۶). چندین راه انتقال ویروس کووید-۱۹ در میان افراد یک جامعه مورد بررسی قرار گرفته است که در این میان اولین و اصلی ترین راه انتقال می تواند از طریق قطرک هایی که با سرفه یا بازدم از دهان و بینی فرد مبتلا به کووید-۱۹ به اطراف آن پخش می شود، باشد. بنابراین امکان ابتلا از طریق تنفس قطرک های ناشی از سرفه یا بازدم فرد مبتلا به کووید-۱۹ وجود دارد و همچنین این قطرک ها بر وسایل و سطوح اطراف فرد بیمار پخش می شود و سپس سایر افراد با دست زدن به این وسایل یا سطوح آلوده و لمس چشم ها، دهان و بینی، به کووید-۱۹ مبتلا می شوند. به همین دلیل، مهم است که از فرد مبتلا به کووید-۱۹ حداقل ۱ متر (یا ۳ فوت) فاصله گرفته شود (۱۶). لازم به ذکر است که تا امروز مطالعات نشان داده اند که روش اصلی انتقال ویروس عامل کووید-۱۹، از طریق تماس با قطرک های تنفسی است و نه از طریق هوا، بنابراین راه اصلی انتشار این بیماری، از طریق قطرک های تنفسی است که با سرفه های فرد مبتلا در محیط پخش می شود (۱۶). احتمال ابتلا به کووید-۱۹ از طریق تماس با فردی که هیچ علائمی ندارد، بسیار کم است، البته بسیاری از مبتلایان به کووید-۱۹، به ویژه در مراحل ابتدایی بیماری، علائم خفیف دارند، بنابراین ممکن است شما بیماری را از فردی بگیرید که به عنوان مثال فقط

سرفه‌های خفیفی دارد و یا اصلا احساس بیماری نمی‌کند و یا هیچ علائمی ندارد. همین افراد به اصطلاح نافل بی علامت روند شیوع و انتشار ویروس کووید-۱۹ را بسیار سریع و پیچیده کرده اند به طوری در حال حاضر اکثر متولیان مبارزه با گسترش این ویروس در سراسر دنیا در صدد شناسایی و قرنطینه کردن این افراد هستند تا از سرعت شیوع بیماری کاسته شود. احتمال ابتلا به ویروس کووید-۱۹ در هر جامعه مفروضی در میان افراد آن جامعه یکسان نبوده و به عواملی مانند رعایت اصول بهداشت فردی و جمعی و پروتکل های بهداشتی و همچنین فاصله اجتماعی افراد جامعه بستگی دارد. در این پژوهش سعی شده تا یک مدل معادله انتگرال-دیفرانسیل به کمک سیستم‌های شبکه‌ای گسسته برای بررسی شیوع ابتلا به ویروس کووید-۱۹ ارائه شود. دلیل انتخاب مدل معادله انتگرال-دیفرانسیل این است که در سالهای اخیر نشان داده شده است که در مدل سازی ریاضی شیوع بیماریهای عفونی و ویروسی که از نظر همه گیرشناسی و گسترش در میان افراد جامعه از روندی مشابه با سرعت انتشار متفاوت هستند، مدل های معادله دیفرانسیل و معادله انتگرال-دیفرانسیل پر کاربرد بوده اند (۹). البته که سرعت همه گیری ویروس کووید-۱۹ بسیار متفاوت تر نسبت به ویروس های مشابه می باشد که این روند به دلیل سرایت ویروس در بینی و ترکیب آن با سلول های گابلت و مژک ها باعث تولید ماده مخاطی جدیدی می شود که به راحتی قابل تکثیر در محیط خارجی می باشد، درضمن به تفاوت های دیگری مانند بی علامت بودن افراد ناقل و برگشت پذیری بیماری و عدم مصونیت از آن می توان اشاره کرد (۱۶). با توجه به اینکه ویروس کووید-۱۹ دارای برگشت پذیری است و فرد مبتلا به آن بعد از بهبودی نسبت به ابتلا مجدد ایمن نخواهد بود، این ویژگی برگشت پذیری برای بیماریهای مشابه با ویروس کووید-۱۹ فقط توسط مدل های معادله انتگرال-دیفرانسیل قابل مدل سازی می باشند (۲). در منع (۱۷) تحقیقات مشابهی در مورد شیوع سوء مصرف مواد مخدر در میان افراد یک جامعه مفروض با روش مشابه مدل سازی و ارائه شده است. در تحقیقات ذکر شده، یک مدل شبکه‌ای گسسته با یک تابع نرخ پایدار برای رفتار و شیوع این شرایط در یک جمعیت به همراه محاسبات ارائه شده است. همچنین به منظور آزمایش پایداری (به طور تحلیلی) مدل های جدید ساده‌ای با الهام از مدل شبکه‌ای گسسته ارائه و در نهایت یک مدل معادله انتگرال-دیفرانسیل معرفی می‌شود.

همانطور که گفته شد اصلی ترین راه انتقال ویروس کووید-۱۹ تماس و عدم رعایت فاصله اجتماعی معین شده فرد سالم با فرد مبتلا می باشد. در حقیقت، با بررسی مطالعات قبلی درمی یابیم که انتقال بیماری و ویروس از افراد ناقل یک جمعیت بر نفرات دیگر به معنی همان شیوع می باشد (۱). برای مطالعه بیشتر درباره تاریخچه مدل های موجود در مباحث شیوع خوانندگان را به منابع این پژوهش ارجاع می دهیم. اساسا، در این پژوهش به ارزیابی شاخص ابتلا به ویروس کووید-۱۹ توسط افراد و یا گروه هایی از جامعه پرداخته خواهد شد. به این منظور دینامیک های موجود در یک جامعه توسط عواملی مانند رعایت اصول بهداشتی، عدم رعایت پروتکل های بهداشتی و فواصل اجتماعی آنها مورد ارزیابی قرار خواهد گرفت. به نقل از منبع (۴)، ساز و کار این مدل ها دارای گنجایشی برای شبیه سازی اثر افراد ناقل ویروس به روی افراد سالم جمعیت می باشد.

## ۲) مدل معادله دیفرانسیل پایه‌ای

نقطه شروع بررسی‌ها، معادله دیفرانسیل زیر می‌باشد که مدل معادله دیفرانسیل پایه‌ای نامیده می‌شود:

$$(۱) \frac{dv_i}{dt} = v_i(1 - v_i)(n_i - r_i)$$

این معادله دارای تابع نرخ پایداری است و الهام گرفته از مدل‌های خطی، مربعی و مکعبی در سیستم‌های شبکه‌ای گسسته می‌باشد (۴). به منظور آشنایی با مدل سازی سیستم‌های شبکه‌ای گسسته خوانندگان محترم رو به منابع این پژوهش ارجاع می‌دهیم (۱۱-۱۴). در معادله (۱)، تابع  $v_i = v_i(t)$  علائم و مشکلات جسمانی ناشی از ابتلا به ویروس کووید-۱۹ را برای فرد  $i$  در لحظه  $t$  مدل سازی می‌کند. (ابتلای به ویروس کووید-۱۹ متأسفانه باعث بروز مشکلات جسمانی مرتبطی مانند: مشکلات تنفسی، تب بالا، خستگی، بستری در مراکز درمانی، هزینه‌های مالی و... می‌شود). فرض می‌کنیم مشکلات مرتبط با ابتلا به ویروس کووید-۱۹ برای یک شخص می‌تواند به جای کیفی بودن کمی در نظر گرفته شود. لازم به ذکر است این تابع از نوع توابع احتمالی می‌باشد و مقادیری بین اعداد صفر و یک را اختیار می‌کند. پس اگر فرد  $i$  دارای علائم کاملاً طبیعی و نرمال باشد آنگاه  $v_i \cong 0$  و اگر فرد  $i$  دارای علائم بسیار شدید بیماری باشد آنگاه  $v_i \cong 1$  می‌شود. تابع  $n_i = n_i(t)$  برای اندازه‌گیری احتمال سرایت ویروس کووید-۱۹ از فرد  $i$  در لحظه  $t$  به دیگر فرد سالم در محیط جامعه با در نظر گرفتن وزن‌های  $w_{ij}$  می‌باشد. لازم به ذکر است هر اندازه افراد در جامعه از پروتکل‌های بهداشتی تبعیت کنند (مانند استفاده از ماسک، انواع محافظ‌های صورت و چشم‌ها، شستن مکرر دست‌ها، رعایت فاصله اجتماعی و...) احتمال انتقال ویروس و مبتلا شدن فرد سالم بسیار پایین می‌باشد. بنابراین اندازه‌گیری احتمال انتقال ویروس کووید-۱۹ از فرد مبتلا  $i$  در جامعه به فرد سالم  $j$  بسیار حائز اهمیت است (۱۸).

$$n_i(t) = \sum_j w_{ij} v_j(t),$$

به طوری که  $w_{ij} > 0$ ، اندازه ارتباطی بین فرد  $i$  و  $j$  می‌باشد (منظور از ارتباط همان نحوه تماس افراد جامعه با یکدیگر می‌باشد که این تماس می‌تواند بسیار ایمن شده و با رعایت تمامی پروتکل‌های بهداشتی برقرار شود و یا برعکس). همچنین فرض می‌شود که  $w_{ij}$ ‌ها نرمال شده هستند ( $\sum_j w_{ij} = 1$  برای هر  $i$ )، علاوه بر این به جز یک حالت خاص می‌توانیم وزن‌های  $w_{ij}$  را مقارن در نظر بگیریم ( $w_{ij} = w_{ji}$  برای هر  $j$  و  $i$ ). شاخص  $r_i$  نیز احتمال ابتلا به ویروس کووید-۱۹ برای فرد  $i$  است ( $0 \leq r_i \leq 1$ ). لازم به ذکر است معادله (۱) دارای یک جواب زمان کوتاه یکتا می‌باشد که از طریق روش تکراری پیکارد اثبات می‌شود (خوانندگان محترم برای مشاهده اثبات وجود جواب می‌توانند به قضیه مربوطه در منبع ۶ مراجعه کنند). هر اندازه  $r_i$  نزدیک به عدد یک باشد نشانگر این موضوع است که فرد  $i$  به دستورالعمل‌ها و پروتکل‌های بهداشتی تاحد زیادی عمل نمی‌کند و در معرض ابتلا به بیماری می‌باشد و مواردی مانند ماسک زدن، دست ندادن، رعایت فاصله اجتماعی، شستن مکرر دست‌ها و... را به دقت رعایت نمی‌نماید و هر اندازه  $r_i$  نزدیک به عدد صفر باشد نشانگر این موضوع است که احتمال مبتلا شدن فرد مورد نظر بسیار پایین می‌باشد. در مورد افراد ناقل بی‌علامت که دارای اندازه تابع  $n_i = n_i(t)$  نزدیک به یک و تابع  $v_i(t)$  نزدیک به صفر می‌توان ادعا کرد اگر حداقل ۱۰ درصد تعداد افراد ناقل بی‌علامت جامعه مفروض شناسایی

و سریع جداسازی و قرنطینه شوند آنگاه با گذشت زمان کل جامعه به سمت سلامت حرکت می‌کند (۶). همچنین شرط اولیه (۲)  $v_i(0) = g_i$  برای تعیین مسئله و جواب آن لازم است. در منابع (۶ و ۵) مدل شبکه‌ای گسسته برای فرد  $i$  از مرحله زمانی  $m$  تا  $m+1$  در یک شبکه بزرگ به صورت زیر در نظر گرفته شده است.

$$(۳) v_i^{m+1} - v_i^m = \lambda v_i^m (1 - v_i^m) (n_i^m - r_i) n_i^m = \sum_j w_{ij} v_j^m.$$

در اینجا  $v_i^m$  میزان مشکلات و علائم ابتلا به ویروس کووید-۱۹ فرد  $i$  در زمان  $t_m$  است که مقادیری بین اعداد صفر و یک را اختیار می‌کند و  $\lambda > 0$  یک نسبت ثابت می‌باشد. اگر فرض کنیم طول گام‌ها کوچک باشند و همچنین زمان را از نو و دوباره مقیاس‌بندی کنیم آنگاه معادله دیفرانسیل (۱) به عنوان یک تقریب از معادله شبکه‌ای کامل و بزرگ بالا نتیجه می‌شود.

شیوع بیماری به روی شبکه‌ها، همواره یکی از موضوعات مهم مورد بحث و تحقیق علمی در گذشته و حال بوده است. بخصوص وقتی که اتصال‌ها و راه‌های ارتباطی بین نفرات جامعه (گره‌ها) در شبکه یا به صورت تصادفی و یا به صورت از پیش تعیین شده تعریف شده باشد. این منابع روابط زیر را پیشنهاد می‌کنند:

$$(۴) \lim_{m \rightarrow \infty} v_i^m = \begin{cases} 1, & \bar{v}_0 > \bar{r} \\ 0, & \bar{v}_0 < \bar{r} \end{cases}$$

در اینجا  $\bar{v}_0$  شاخص میانگین و اولیه بروز علائم ابتلا به ویروس کووید-۱۹ می‌باشد و شاخص  $\bar{r}$  میانگین احتمال ابتلا به ویروس کووید-۱۹ برای افراد جامعه مفروض است. زمانی که  $\bar{v}_0 > \bar{r}$  باشد، روند و سرعت شیوع ویروس افزایش می‌یابد و آمار تعداد افراد جدید مبتلا به ویروس صعودی می‌شود، و زمانی که  $\bar{v}_0 < \bar{r}$  باشد، روند شیوع ویروس کووید-۱۹ در میان افراد جامعه مورد بررسی به تدریج نزولی خواهد شد. جامعه به طور تحمیلی رو به سلامت هدایت می‌شود. در حقیقت هرگاه میزان رفت‌آمدها و ارتباطات اجتماعی افراد جامعه بیشتر شود به همان میزان آمار تعداد افراد جدید مبتلا شده و در پی آن متاسفانه آمار تعداد فوت ناشی از این ویروس هم افزایش می‌یابد.

در بخش بعدی مجموعه‌ای از مدل‌های بسیار ساده برگرفته از مدل شبکه‌ای گسسته را ارائه خواهیم داد. این مجموعه شامل مدل‌های بسیار ساده و مهمی از جمله مدل تک متغیره، مدل معادله دیفرانسیل دو جمعیتی و مدل انتگرال-دیفرانسیل می‌باشد. در مدل معادله انتگرال-دیفرانسیل میزان سرایت ویروس کووید-۱۹ از افراد مبتلا و ناقل به دیگر افراد سالم جامعه به وسیله یک میانگین ساده محاسبه می‌شود.

در آخر مدل معادله انتگرال دیفرانسیلی ارائه شده را توسعه خواهیم داد. هدف اصلی از این توسعه قرار دادن مدل‌های گسسته در یک چارچوب و قالب پیوسته می‌باشد.

این توسعه را با استفاده از کانولوشن دو تابع  $v$  و  $w$  انجام خواهیم داد. بررسی و آزمایش این مدل پیوسته واقعی‌تر و کاربردی‌تر از مدل گسسته قبلی می‌باشد. با کمک این مدل پیوسته امکان تحلیل عددی بیشتری به ریاضیدانان داده می‌شود تا با نتایج آن نسبت به شرایط واقعی تصمیم‌گیری کنند. لازم به ذکر است که فرض ما در این مقاله بر این

است که جواب یکتایی برای معادله انتگرال-دیفرانسیل ارائه شده وجود دارد اما در اینجا اثباتی از وجود آن ارائه نکردیم.

خوانندگان محترم می‌توانند برای مطالعه اثبات وجود جواب به منبع (۶) مراجعه کنند.

### ۳ مدل‌های الهام گرفته از شبکه‌های گسسته

در این بخش همانطور که گفته شد سه مدل گسسته بسیار ساده ارائه خواهیم کرد.

#### ۳-۱) مدل پایدار مضاعف تک متغیره<sup>۱</sup>

فرض کنیم تمام افراد جمعیت مورد بررسی از لحاظ احتمال و میزان سرایت ویروس، میزان رعایت افراد به دستورالعمل‌ها و پروتکل‌های بهداشتی و مقدار تابع ابتلا به ویروس کووید-۱۹ یکسان باشند (جمعیت همگن باشد) و همچنین این افراد با وزن ارتباطی مساوی با یکدیگر در ارتباط باشند. در این حالت معادله دیفرانسیل (۱) به مسئله مقدار اولیه زیر نسبت به زمان تبدیل خواهد شد:

$$\dot{v} = v(1-v)(v-r), \quad v(0) = v_0$$

لازم به ذکر است که صفر، یک و  $r$  نقاط ثابتی هستند و تابع نرخ  $v(1-v)(v-r)$  بیانگر این موضوع است که

هر گاه  $v_0 < r$  باشد به دلیل کم بودن تابع  $v$  از میزان احتمال ابتلا افراد به ویروس، تابع  $v$  به سمت صفر میل خواهد کرد (حالت سلامت جامعه و توقف روند شیوع) و هر گاه  $v_0 > r$  باشد تابع  $v$  به سمت یک میل خواهد کرد (افزایش تعداد بیماران با شرایط حاد جسمانی و صعودی شدن روند شیوع ویروس کووید-۱۹). این نتایج دقیقاً با رابطه (۴) سازگار هستند.

#### ۳-۲) مدل دو جمعیتی (Two patch model)

مدل ساده دیگری که در نظر می‌گیریم شامل دو جامعه متفاوت از هم می‌باشند. برای شروع، جامعه مفروض مورد مطالعه را به دو گروه متفاوت تقسیم می‌کنیم.

گروه اول شامل جمعیت بزرگی از افراد مبتلا شده به ویروس کووید-۱۹ دارای علائم خفیف و یا بدون علامت، گروه دوم نیز شامل جمعیت کوچکی از افراد مبتلا شده به ویروس کووید-۱۹ دارای علائم شدید بیماری می‌باشند. در این حالت، مدل به صورت یک دستگاه معادلات دیفرانسیل معمولی به فرم زیر خواهد بود:

$$(۵) \quad \dot{v}_1 = v_1(1-v_1)(kv_1 + (1-k)v_2 - r_1), \quad 0 \leq k \leq 1,$$

$$(۶) \quad \dot{v}_2 = v_2(1-v_2)(kv_1 + (1-k)v_2 - r_2)$$

که:

$$(۷) \quad v_1(0) = v_1^0, \quad v_2(0) = v_2^0.$$

در این مدل در حقیقت با دو جمعیت همگن سروکار خواهیم داشت. فرض کنیم مجموعه کوچکی از افراد جامعه که به ویروس کووید-۱۹ مبتلا شده‌اند و دارای علائم شدید هستند، دارای تابع  $v_2$  باشند و با این فرض تابع  $v_1$  میزان شدت علائم مابقی نفرات جمعیت را نشان می‌دهد. لازم به ذکر است که شرایط اولیه زیر در روند کار بسیار تعیین کننده هستند. در واقعیت هم میانگین وضعیت اولیه یک جمعیت در ابتدای کار حائز اهمیت است (Single variable bistable model):

$$v_1(0) = v_1^0, \quad v_2(0) = v_2^0$$

به طوری که اگر اکثریت جمعیت با توجه به شرایط اولیه به ویروس کووید-۱۹ مبتلا شده باشند و علائم شدید بیماری را تجربه کنند ( $v_1^0 \rightarrow 1$ ) آنگاه در صورت عدم جلوگیری شیوع بیماری روند ابتلای به ویروس برای دیگر افراد جامعه صعودی می‌شود. در غیر این صورت یعنی اگر شرایط اولیه اکثریت جمعیت از ابتدا مقدار کمی باشد ( $v_1^0 \rightarrow 0$ ) آنگاه با گذشت زمان و قرنطینه کردن افراد ناقل و مبتلا و همچنین عزم و اراده افراد جامعه به رعایت تمامی دستورالعمل‌ها و پروتکل‌های بهداشتی جمعیت مفروض رو به سلامت شدن کامل پیدا می‌کنند و از میزان شیوع بیماری و شدت انتشار آن کاسته می‌شود.

**۳-۳) مدل میانگین سرایت و انتقال ویروس کووید-۱۹ از افراد ناقل و مبتلا به افراد سالم جامعه**  
در این جا فرض می‌کنیم تعداد  $J$  نفر وجود دارند که با وزن‌های  $w_i = \frac{1}{J}$  ( $i = 1, \dots, J$ ) به یکدیگر متصل هستند و همچنین شاخص  $r$  یکسان و ثابت فرض می‌شود. در این صورت مدل معادله دیفرانسیل زیر را خواهیم داشت:

$$(۸) \quad \frac{dv_i}{dt} = v_i(1 - v_i)(n_i - r), \quad n_i = \frac{1}{J} \sum_{j=1}^J v_j, \quad i = 1, \dots, J.$$

با فرض  $v_i = v(x_i, t)$  و با تعریف  $x_i = \frac{i}{J}$  در حالت حدی، معادله انتگرال-دیفرانسیل زیر را روی بازه  $[0, 1]$  در نظر می‌گیریم:

$$(۹) \quad \frac{\partial v}{\partial t} = v(1 - v)(n - r)$$

که در آن

$$(۱۰) \quad n(t) = \int_0^1 v(x, t) dx$$

معادله بالا را می‌توان به عنوان یک تقریب از معادله (۸) در نظر گرفت. بلافاصله می‌توانیم روابط زیر را که از مزایای این تقریب ساده در فضای پیوسته می‌باشد نتیجه بگیریم:

$$(۱۱) \quad \lim_{t \rightarrow \infty} v(x, t) = \begin{cases} 1 & , \int_0^1 v_0 dx > r, \\ 0 & , \int_0^1 v_0 dx < r, \end{cases}$$

باز هم با کمی دقت مشاهده می‌کنیم که روابط بالا مشابه روابط (۴) می‌باشند.

اکنون با توجه به نحوه تعریف تابع  $n(t)$  (به عنوان یک تابع معلوم) و با در نظر گرفتن تابع  $v$  در مکان مشخص  $\bar{x}$  می‌توانیم معادله انتگرال دیفرانسیلی بالا را به صورت تفکیک شده به دست آوریم:

$$(۱۲) \int_{v_0(\bar{x})}^{v(\bar{x},t)} \frac{du}{u(1-u)} = N(t)$$

که در آن

$$(۱۳) N(t) = \int_0^t (n(s) - r) ds$$

و بلافاصله با حل آن بدست می‌آوریم:

$$(۱۴) v(\bar{x}, t) = \left( 1 + \frac{1 - v_0(\bar{x})}{v_0(\bar{x})} e^{-N(t)} \right)^{-1}$$

اگر در رابطه (۱۰) برای هر  $\bar{x} \in [0, 1]$  فرض کنیم  $0 < v_0(\bar{x}) < 1$  باشد آنگاه خواهیم داشت  $0 \leq v \leq 1$ .

لازم به ذکر است که با انتگرالگیری از معادله (۹) نسبت به  $x$  یک معادله دیفرانسیل معمولی برای تابع  $n$  به دست می‌آوریم:

$$(۱۵) \frac{d}{dt} \left[ \int_0^1 v dx \right] = \left[ \int_0^1 v(1-v) dx \right] (n-r)$$

و یا فرض

$$(۱۶) \beta(t) = \int_0^1 v(1-v) dx.$$

خواهیم داشت:

$$(۱۷) \frac{d}{dt} (n-r) = \beta(n-r)$$

به طوری که  $\beta(t) \geq 0$  می‌باشد.

فرض کنیم  $\beta$  نامنفی و مفروض باشد، آنگاه می‌توانیم معادله دیفرانسیل خطی (۱۷) را برای  $n-r$  بر حسب  $\beta$  حل کنیم و خواهیم داشت:

$$(۱۸) n(t) - r = (n(0) - r) e^{\int_0^t \beta(s) ds}$$

اکنون دو نتیجه می‌توانیم بگیریم:

**الف:** اگر فرض کنیم  $n(0) > r$  و لذا  $n(0) - r \geq 0$

آنگاه وقتی که  $t \rightarrow +\infty$  داریم:

$$e^{-N(t)} = e^{-\int_0^t (n(s)-r) ds} \leq e^{-(n(0)-r)t} \rightarrow 0$$

بنابراین از (۱۰) نتیجه می‌گیریم که هرگاه  $t \rightarrow +\infty$  آنگاه  $v(\bar{x}, t) \rightarrow 1$

**ب:** اگر  $n(0) < r$ ، مانند روند بالا نتیجه خواهیم گرفت که هرگاه  $t \rightarrow +\infty$  آنگاه  $v(\bar{x}, t) \rightarrow 0$  در نتیجه رابطه (۱۱) ثابت می‌شود.



حال مدلی را پیشنهاد می‌کنیم که شامل یک جایگزینی با تابع هویساید وابسته به علامت تابع  $n_i - r_i$  می‌باشد. این مدل دینامیک و رفتار زمانی بلند مدت مشابه با دستگاه پایدار مضاعف (۳) را دارد. در این حالت:

$$(۱۹) \frac{dv_i}{dt} = -H(r_i - n_i)v_i - H(n_i - r_i)(v_i - 1)$$

که:

$$(۲۰) n_i(t) = \sum_j w_{ij}v_j(t)$$

و  $H = H(s)$  تابع هویساید است.

$$H(s) = \begin{cases} 1 & \text{و } s > 0 \\ 0 & \text{و } s \leq 0 \end{cases}$$

لازم به ذکر است اگر  $n_i < r_i$  باشد آنگاه  $\frac{dv_i}{dt} = -v_i$  بنابراین  $v_i \rightarrow 0$  (سیر نزولی تعداد مبتلایان و در نهایت جامعه عاری از ویروس کووید-۱۹ و وضعیت سفید) و اگر  $n_i > r_i$  باشد، آنگاه  $\frac{dv_i}{dt} = -(v_i - 1)$  و  $v_i \rightarrow 1$  (سیر صعودی تعداد مبتلایان و در نهایت جامعه پرخطر و وضعیت هشدار و قرمز). در هر صورت  $v_i$  نمی‌تواند بزرگتر از یک و یا کوچکتر از صفر باشد که مشابه موارد گفته شده در مدل پایدار مضاعف می‌باشد.

چون  $H(r_i - n_i) + H(n_i - r_i) = 1$  می‌در یابیم که در نهایت

$$(۲۱) \frac{dv_i}{dt} = -v_i + H(n_i - r_i).$$

#### ۴) مدل معادله انتگرال-دیفرانسیل

در این بخش یک مدل معادله انتگرال-دیفرانسیل را با استفاده از مطالب بخش گذشته معرفی می‌کنیم. در واقع هدف از ارائه این مدل تعمیم مدل شبکه‌ای گسسته به صورت یک مدل پیوسته است. برای شروع با الهام از مدل شبکه‌ای گسسته بخش قبل مدل انتگرال-دیفرانسیل زیر را پیشنهاد می‌کنیم.

$$(۲۲) \frac{\partial v}{\partial t} = v(1 - v)(n - r).$$

در این مدل  $v = v(x, t)$  احتمال ابتلا به ویروس کووید-۱۹ را در موقعیت  $x$  و زمان  $t$  نشان می‌دهد. مشابه آنچه که قبلاً بیان شده، اگر  $v \cong 0$  باشد فرد مورد نظر سالم می‌باشد و همچنین افراد مبتلا با توجه به میزان شدت بیماری و چگونگی بروز علائم شایع ویروس کووید-۱۹، تابع ابتلا آن‌ها مقداری را بین صفر و ۱ اختیار می‌کند. واضح است که نفرات مبتلا شده دارای وضعیت جسمانی وخیم (بیماران بستری شده در بخش مراقبت‌های ویژه مراکز درمانی)، تابع ابتلا نزدیک به ۱ دارند ( $v \cong 1$ ).

تابع  $n = n(x, t)$  هم اندازه گیری احتمال سرایت افراد مرتبط در جامعه (محیط حمل و نقل عمومی، محل کار کارمندان، مراکز درمانی و...) را در موقعیت  $x$  و زمان  $t$  نشان می‌دهد که برابر با کانولوشن دو تابع  $v$  و  $w$  می‌باشد.

$$(۲۳) n(x, t) = (w * v)(x, t) = \int_{-\infty}^{\infty} w(x - y)v(y, t)dy.$$

به طوری که  $w > 0$  تابع وزن یا ردپا ( $\int_R w ds = 1$ ) است. این تابع  $w = w(s)$  یک پویایی را به مدل تحمیل می‌کند که در حالت گسسته وجود نداشت.

همچنین فرض می‌کنیم که میزان رعایت دستورالعمل و پروتکل های بهداشتی افراد نیز ثابت باشد ( $0 \leq r \leq 1$ ). برای کامل کردن مدل، نیاز به شرط اولیه  $v(., 0) = v_0$  داریم.

اکنون جامعه ای از نفرات را در نظر می‌گیریم که به طور منظم بروی خط اعداد حقیقی مرتب شده اند، به طوری که فرد در موقعیت مکانی  $x_i = i\Delta x$  ( $0 < \Delta x \ll 1$ ) قرار دارد. همانطور که اشاره شد فرض بر این است که ارتباطها بین نفرات جامعه با تابع ردپا  $w$  مدل بندی شود. با قرار دادن  $w_{ij} = \Delta x w(x_i - x_j)$  آنگاه می‌توان تابع  $n_i(t)$  را در معادله (۱) بوسیله یک انتگرال تقریب کرد.

$$\begin{aligned} (24) \quad n_i &= \sum_j w_{ij} v_j = \sum_j \Delta x w(x_i - x_j) v(x_j, .) \\ &\cong \int w(x_i - y) v(y, .) dy = n(x_i, .). \end{aligned}$$

شایان ذکر است که این مدل همانند مدل‌های (۱) و (۳) دارای این ویژگی می‌باشد که هرگاه نفرات جهت گیری خود را در هر دو مسیر سلامت جامعه و مبتلا شدن افراد زیاد داشته باشند آنگاه کمتر در معرض ابتلا و ویروس کووید-۱۹ از افراد دیگر جامعه (تحت تاثیر پارامتر  $v(1-v)$ ) می‌باشند. حال در آخر نوبت به آن رسیده در مورد تاثیرات انتقال و ویروس تعداد اولیه مبتلایان و میانگین میزان مبتلا شدن دیگر نفرات جامعه مفروض که سالم هستند بر روی درصد نهایی مبتلایان جامعه تصمیم گیری انجام شود. در منابع (۶-۸) لم و قضیه مهمی به همراه اثبات آن ها بیان شده است که تحلیل مناسبی از آن می‌توان استنباط کرد به نحوی که هرگاه متوسط اولیه میزان انتقال و ویروس از افراد مبتلا یک جامعه مفروض از احتمال ابتلا شدن دیگر نفرات سالم همان جامعه بیشتر باشد در این صورت تابع  $v = v(x, t)$  با گذشت زمان به عدد یک میل خواهد کرد و این به این معناست که کل نفرات جمعیت مفروض به مرور زمان مبتلا به و ویروس کووید-۱۹ خواهند شد. واضح است که برعکس این حالت هم قابل بیان کردن می‌باشد. برای شروع لم مهم زیر برای تابع  $v = v(x, t)$  کرانی را فراهم می‌سازد:

لم ۴-۱) فرض می‌کنیم هرگاه تابع  $r(x, t)$  برای هر فرد جامعه ثابت باشد و همچنین:  $n(x, t) = n(t)$  (مستقل از موقعیت مکانی است)، آنگاه تابع  $v = v(x, t)$  در یک موقعیت مشخص بین صفر و یک خواهد بود. اثبات: خوانندگان محترم رو به منبع (۶) ارجاع می‌دهیم.

قضیه ۴-۱) فرض کنید تابع  $r(x, t)$  برای هر فرد جامعه ثابت باشد و موقعیت  $x$  اعدادی بین صفر و  $L$  اختیار کند، همچنین

$$n(t) = \frac{1}{L} \int_0^L v dx$$

در این صورت هرگاه متوسط اولیه میزان انتقال و ویروس از افراد مبتلا یک جامعه

مفروض از احتمال ابتلا شدن دیگر نفرات سالم همان جامعه بیشتر باشد در این صورت تابع  $v = v(x, t)$  با گذشت زمان به عدد یک میل خواهد کرد و برعکس. اثبات: خوانندگان محترم رو به منبع (۶) ارجاع می‌دهیم. براساس مدل ارائه شده تحلیل، برنامه ریزی، کنترل و ساماندهی پدیده شیوع ویروس کووید-۱۹ قابل مدل‌سازی ریاضی می‌باشد. براساس رفتار جامعه مفروض از مدل ریاضی طراحی شده پس از اعتبار سنجی جهت پیش بینی و تغییرات رفتار جامعه براساس تغییرات پارامترها استفاده می‌شود، همچنین با یک الگوی درمانی جامع و صحیح می‌توانیم به کنترل رشد و شیوع بیماری دست پیدا کنیم. همچنین با استفاده از مدل ارائه شده می‌توان سرعت شیوع در میان افراد یک جامعه را تخمین زد. این موضوع با ابزارهای ریاضی پیشرفته مانند تقریب بوسیله معادلات دیفرانسیل با مشتقات جزئی قابل تحلیل عددی بیشتری است. همچنین لازم به ذکر است که مدل انتگرال-دیفرانسیل ارائه شده در این مقاله می‌تواند شروع خوبی برای علاقه‌مندان به مباحث ریاضی برای تحلیل‌های بیشتر باشد. تحلیل عددی مدل (۲۴) با روش‌های جدید و دقیق‌تر به‌عنوان کارهای تحقیقاتی جدید پیشنهاد می‌شود تا بتوان تحلیل‌های دقیق‌تری ارائه کرد.

منابع

1. Funk. S, Salathe. M, Jansen. V. A. A, (2010). Modeling the influence of human behavior on the spread of infectious diseases: A review. *J. R. Soc. Interface* 7, 1247-1256.
2. Van den Driessche. P, Zou. X, (2007). Modeling relapse in infectious diseases, *Mathematical Biosciences* 207, 89-103.
3. Wang. J, Pang. J, Liu. X, (2014). Modeling diseases with relapse nonlinear incidence of infection: a multi-group epidemic model, *J. Biological dynamics* 8(1), 99-116.
4. Braun. R.J, Wilson. R.A, Pelesko. J.A, Buchanan. J. R, Gleeson. J. P, (2006). Applications of small word network theory in alcohol epidemiology, *J. Alcohol Stud.* 67, 591-599.
5. Wilson. R. A, Buchanan. J. R, Gleeson. J. P, Braun. R. J, (2004). A network model of alcoholism and alcohol policy, *Proc. Math. Problems in Industry Workshop*, November 5.
6. French. D. A, Teymuroglu. Z, Lewis. T. J, Braun. R. J, (2010). An integro-differential equation model for the spread of alcohol abuse, *Journal of Integral Equations and Applications*, 22(3), 443-464.
7. Kolata. G, (2007). Study says obesity can be contagious, *The New York Times*, July 25.
8. Kotlowitz. A, (2008). Blocking the transmission of violence, *The New York Times Magazine*, May 4.
9. Medlock. J, Kot. M, (2003). Spreading disease: integro-differential equations old and new, *Math Biosci.* 184(2), 201-22.
10. Braun. M, (1992). *Differential equation and their applications*, Fourth Edition, 67-80. Murray. J. D.
11. Watts. D. J, Strogatz. S. H, (1998). Collective dynamics of small world networks, *Nature* 393, 440-442.
12. Newman. M. E. J, (2003). The structure and function of complex networks. *SIAM Review* 45: 167-256.
13. Watts. D. J, (1999). *Small worlds: the dynamics of networks between order and randomness*. Princeton U. Press, Princeton.



14. Newman. M. E. J, (2002). Spread of epidemic disease on networks. Phys. Rev. E 66, 016128.
15. Hethcote. H. W, (2002). The mathematics of infectious diseases. SIAM Review 42(4), 599-653.
16. Information about COVID-19, World Health Organization (WHO), [www.who.int](http://www.who.int).
17. Hosseini. S. H, (2016). Introducing an Integro-Differential Equation Model for Spread of Addictive Drugs abuse. Quarterly Journal of Drug Abuse 10(40).
18. Bhatia, (2020). Estimation of Individual Probabilities of COVID-19 Infection, Hospitalization and Death From A County-level Contact of Unknown infection Status.