

## مدل سازی احتمال وقوع و بهبود بیماری کرونا در مردم ایران مبتنی بر مدل ریاضی اپیدمیولوژی

سروش وکیلی قاهانی<sup>۱</sup>، نادر جعفرنیا دابانلو<sup>۲</sup>، کیوان معقولی<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup>کارشناس ارشد، مهندسی پزشکی بیوالکتریک، دانشگاه آزاد اسلامی واحد تهران مرکزی، تهران، ایران

<sup>۲</sup>دانشیار، گروه مهندسی پزشکی بیوالکتریک، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم تحقیقات، تهران، ایران

<sup>۳</sup>دانشیار، گروه مهندسی پزشکی بیوالکتریک، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم تحقیقات، تهران، ایران

### چکیده

ویروس های کرونا گروه بزرگی از ویروس ها هستند که می توانند حیوانات و انسان ها را آلوده کنند و باعث بروز ناراحتی های تنفسی شوند؛ این ناراحتی ها ممکن است به اندازه سرماخوردگی خفیف یا به اندازه ذات الریه شدید باشند. اپیدمی کروناویروس جدید در مقایسه با کروناویروس های قبلی شایع در انسان گسترده تر بوده که این موضوع بیانگر قدرت سرایت فوق العاده بالای این ویروس است. هدف اصلی این پژوهش مدل سازی احتمالاتی (مدل ریاضی) اپیدمیولوژی بیماری کرونا در جهت پیش بینی میزان ابتلا به این بیماری در ایران است. نتایج مدل نشان می دهد که در چهل و هفتمین روز پس از شروع عفونت، یعنی در ۰۸/۰۴/۲۰۲۰ به اوج عفونت رسید. تعداد موارد حذف ((R)) که از جمعیت مستعد (S) کاهش می یابد، از چهل و یک روز پس از شیوع کمی افزایش می یابد و سپس افزایش صعودی می شود. تقریباً در همان تاریخ، موارد بهبودی اندکی افزایش یافته و سپس افزایش شدید می شود و در پنجاه و چهارمین روز پس از شیوع دو نمودار، موارد مستعد و بهبود یافته را قطع کرد. نتایج حاصل از شبیه سازی آمار کل مبتلایان به ویروس کووید - ۱۹ و تعداد کل جان باختگان در ایران، با استفاده از نظریه مدل S.I.R، قادر به بازنمایی مناسب داده های واقعی بیماری است و می تواند در بازه های زمانی کوتاه، روند شیوع و گسترش بیماری و زمان نزدیک شدن به حالت اشباع را پیش بینی کند. حساسیت به شرط اولیه در معادله با تغییر محدودیت های قرنطینه و نحوه رعایت پروتکل های بهداشتی، می تواند سبب تغییر سرعت شیوع بیماری شده و آمار کل مبتلایان به ویروس کرونا وارد فاز سوم و یا چهارم افزایشی شود. همچنین بر اساس محاسبه نرخ مرگومیر ناشی از بیماری پیش بینی می شود آمار کل جان باختگان در خردادماه به کمتر از ۵ درصد مجموع افراد بهبود یافته و جان باخته برسد.

**واژگان کلیدی:** مدل سازی، احتمال وقوع و بهبود بیماری کرونا، اپیدمیولوژی.

## مقدمه

ویروس‌های کرونا گروه بزرگی از ویروس‌ها هستند که می‌توانند حیوانات و انسان‌ها را آلوده کنند و باعث بروز ناراحتی‌های تنفسی شوند؛ این ناراحتی‌ها ممکن است به‌اندازه سرماخوردگی خفیف یا به‌اندازه ذات‌الریه شدید باشند. در موارد نادر، ویروس‌های کرونای حیوانی، انسان‌ها را آلوده می‌کنند و سپس بین آنها سرایت پیدا می‌کنند. این ویروس شبیه ویروس سار بوده که از حیوانات به انسان منتقل شد. یکی دیگر از موارد مهم و جدیدتر نژاد ویروس کرونا، MERS (نشانگان تنفسی خاورمیانه) نام دارد که در سال ۲۰۱۲ در خاورمیانه کشف شد و به گفته دانشمندان این ویروس ابتدا از شتر به انسان انتقال پیدا کرده است.

نسل تازه‌ای از کورونا ویروس‌ها در منطقه‌ای از چین شیوع پیدا کرده که تا کنون جان هزاران نفر را گرفته است. آخرین ورژن کورونا ویروس‌ها، دسامبر ۲۰۱۹ در شهر ووهان چین در نمونه‌های انسانی شیوع پیدا کرد. هدف ویروس کرونا دستگاه تنفسی انسان است، بطوریکه در سطح سلول‌های دستگاه تنفسی ما گیرنده‌هایی برای این ویروس وجود دارد که این ویروس از آن‌ها استفاده می‌کند و وارد سلول‌های این ناحیه می‌شود. ویروس کرونا به تدریج وارد دستگاه تنفسی فوقانی و بعد دستگاه تنفسی تحتانی یعنی سمت ریه می‌رود و درگیری را با ریه ایجاد می‌کند. زمانی که ذره ویروسی کرونا توسط گیرنده‌های سلولی به سلول تنفسی متصل می‌شود، در این لحظه عفونت در بدن آغاز می‌گردد. اپیدمی کرونای ویروس جدید در مقایسه با کرونای ویروس‌های قبلی شایع در انسان گسترده‌تر بوده که این موضوع بیانگر قدرت سرایت فوق‌العاده بالای این ویروس است.

بطور کلی وجود ویروس کرونا در صورتیکه فردی دچار بیماری مزمن یا دچار ریه‌های ملتهب و بیمارهای تنفسی مانند آسم باشد، یا فردی دارای سیستم ایمنی ضعیفی باشد، می‌تواند بسیار خطرناک باشد. مطابق با گزارشات سازمان بهداشت جهانی؛ افراد مسن و افراد دارای مشکلات پزشکی اساسی مانند بیماری‌های قلبی عروقی، دیابت، بیماری مزمن تنفسی و سرطان به احتمال زیاد به بیماری جدی مبتلا می‌شوند. نشانه‌های مهم ابتلا به این ویروس در انسان بصورت تب، سرفه، نفس نفس زدن، تنگی نفس، گلودرد و آبریزش بینی است. سایر علائم بیماری کرونا ویروس شامل لرز، بدن درد، درد گلو، سردرد، اسهال، تهوع و استفراغ می‌باشد. لازم به ذکر است که بسیاری از بیماران مبتلا به کووید-۱۹ به بیماری زمینه‌ای و یا بحرانی مبتلا هستند. مطابق با پژوهش‌های پیشین انجام شده، در مقایسه‌ی افراد با سن میانه و افراد مسن درگیر با بیماری کووید-۱۹، مشخص شده است که کودکان یا افراد جوان دارای نشانه‌های متوسط به سادگی بیشتری درمان شده‌اند، و این خصوصیات براحتی اثبات شده است [۱]. هدف اصلی این پژوهش مدل‌سازی احتمالاتی (مدل ریاضی) اپیدمیولوژی بیماری کرونا در جهت پیش‌بینی میزان ابتلا به این بیماری در ایران است.

## روش تحقیق

## داده

داده‌های مربوط به انتقال ویروس جدید کرونا در این پایان‌نامه ۲۸ از منبع [GitHub](https://github.com/covid19/analytics) در پایگاه داده [covid19.analytics](https://github.com/covid19/analytics) انتخاب شده است. این داده‌ها با داده‌های سازمان بهداشت جهانی WHO مطابقت داشتند. این داده‌ها مربوط به کشور ایران و برای ۲۰۲۰/۱/۲۲ تا ۲۰۲۰/۴/۲۸ گزارش شده است (جدول ۱) [۲].

## جدول (۱). تعداد مبتلا به بیماری کووید-۱۹ در ایران

Date	Accumulated number of cases in Iran	Date	Accumulated number of cases in Iran	Date	Accumulated number of cases in Iran
19-Feb	2	14-Mar	12729	7-Apr	62589
20-Feb	5	15-Mar	13938	8-Apr	64586
21-Feb	18	16-Mar	14991	9-Apr	66220
22-Feb	28	17-Mar	16169	10-Apr	68192
23-Feb	43	18-Mar	17361	11-Apr	70029
24-Feb	61	19-Mar	18407	12-Apr	71686
25-Feb	95	20-Mar	19644	13-Apr	73303
26-Feb	139	21-Mar	20610	14-Apr	74877
27-Feb	245	22-Mar	21638	15-Apr	76389
28-Feb	388	23-Mar	23049	16-Apr	77995
29-Feb	593	24-Mar	24811	17-Apr	79494
1-Mar	978	25-Mar	27017	18-Apr	80868
2-Mar	1501	26-Mar	29406	19-Apr	82211
3-Mar	2336	27-Mar	32332	20-Apr	83505
4-Mar	2922	28-Mar	35408	21-Apr	84802
5-Mar	3513	29-Mar	38309	22-Apr	85996
6-Mar	4747	30-Mar	41495	23-Apr	87026
7-Mar	5823	31-Mar	44606	24-Apr	88194
8-Mar	6566	1-Apr	47593	25-Apr	89328
9-Mar	7161	2-Apr	50468	26-Apr	90481
10-Mar	8042	3-Apr	53183	27-Apr	91472
11-Mar	9000	4-Apr	55743	28-Apr	92584
12-Mar	10075	5-Apr	58226		
13-Mar	11364	6-Apr	60500		

## آنالیز داده

مدل S.I.R که مدل سازی ریاضی اپیدمیولوژی نامیده می‌شود، پیش‌بینی ابتلا به بیماری های عفونی را ساده می‌کنند. جمعیت به اجزایی با برچسب به عنوان مثال S، I یا R، (حساس، عفونی یا بهبود یافته) اختصاص داده می‌شود. افراد ممکن است بین هریک از این اجزا قرار بگیرند. ترتیب برچسب‌ها معمولاً الگوهای جریان بین اجزا را نشان می‌دهد. به عنوان مثال SEIS به معنای مستعد پذیرش، در معرض، عفونی و سپس دوباره مستعد پذیرش است. منشأ چنین مدل‌هایی اوایل قرن بیستم است و آثار مهم آن راس در ۱۹۱۶، راس و هادسون در ۱۹۱۷ و کرماک و مک کندی در ۱۹۲۷ است. این مدل‌ها غالباً با معادلات دیفرانسیل معمولی (که قطعی هستند) اجرا می‌شوند، اما همچنین می‌توانند با یک چارچوب تصادفی مورد استفاده قرار گیرند، که تجزیه و تحلیل واقع بینانه‌تر اما پیچیده‌تر است. مدل‌ها سعی می‌کنند مواردی مانند چگونگی شیوع یک بیماری، یا تعداد کل آلوده یا مدت زمان یک بیماری همه‌گیر را پیش‌بینی کرده و پارامترهای مختلف اپیدمیولوژیک مانند تعداد تولیدمثل را تخمین بزنند. چنین مدل‌هایی می‌توانند نشان دهند که چگونه ممکن است مداخلات مختلف بهداشت عمومی بر نتیجه اپیدمی تأثیر بگذارد، به عنوان مثال، کارآمدترین تکنیک برای صدور تعداد محدودی واکسن در یک جمعیت معین چیست [۳].

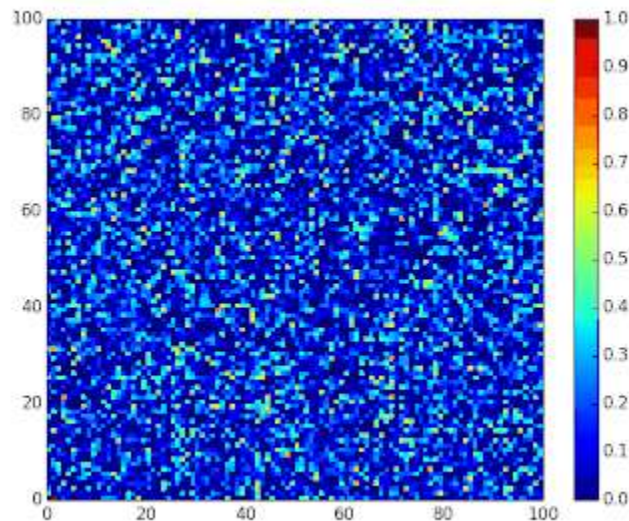
### مدل پیشنهادی S.I.R

مدل SIR یکی از ساده ترین مدل جزئی است و بسیاری از مدل ها مشتقات این شکل اساسی هستند. این مدل از سه اجزا تشکیل شده است.

S: تعداد افراد مستعد: هنگامی که یک فرد مستعد و یک فرد عفونی در تماس "عفونی" قرار می گیرند، فرد مستعد بیماری را دریافت کرده و به قسمت عفونی منتقل می شود.

I: تعداد افراد عفونی. این افراد افرادی هستند که آلوده شده اند و قادر به آلوده سازی افراد مستعد هستند.

R: اینها افرادی هستند که آلوده شده و یا از بیماری بهبود یافته و یا فوت کرده اند. فرض بر این است که تعداد مرگ ها نسبت به کل جمعیت قابل اغماض است. این اجزا ممکن است "بهبود یافته" یا "مقاوم" نیز باشد. این مدل برای بیماریهای عفونی که از انسانی به انسان دیگر منتقل می شوند و در آنجا بهبودی مقاومت پایدار مانند سرخک، اوریون و سرخچه را به همراه دارد، قابل پیش بینی است. شبیه سازی مدل فضایی SIR هر سلول می تواند هشت همسایه بلافاصل خود را آلوده کند (شکل ۱). این متغیرها شامل R و I و S تعداد افراد هر جز را در یک زمان خاص نشان می دهند. برای نشان دادن اینکه تعداد افراد مستعد، عفونی و از بین رفته ممکن است در طول زمان متفاوت باشد (حتی اگر اندازه کل جمعیت ثابت بماند)، اعداد دقیق را تابعی از زمان  $t$  قرار داده می شود:  $S(t)$ ،  $I(t)$  و  $R(t)$  برای یک بیماری خاص در یک جمعیت خاص، ممکن است این عملکردها به منظور پیش بینی شیوع احتمالی و تحت کنترل درآوردن آنها انجام شود. همانطور که توسط عملکرد متغیر  $t$  ضمنی است، مدل از این نظر پویا است که اعداد در هر جز ممکن است با گذشت زمان نوسان کنند. اهمیت این جنبه پویا در یک بیماری بومی با یک دوره عفونی کوتاه، مانند سرخک در انگلستان قبل از معرفی واکسن در سال ۱۹۶۸، آشکار است. چنین بیماری هایی به دلیل تغییر در تعداد، در چرخه شیوع اتفاق می افتند. در طی یک اپیدمی، تعداد افراد مستعد به سرعت آلوده می شود و تعداد بیشتری از آنها آلوده می شوند و بنابراین وارد بخش های عفونی و برداشته می شوند. این بیماری نمی تواند دوباره شیوع یابد تا زمانی که تعداد افراد مستعد جمع شود، به عنوان مثال. در نتیجه تولد فرزندان در یک جز مستعد [۴].

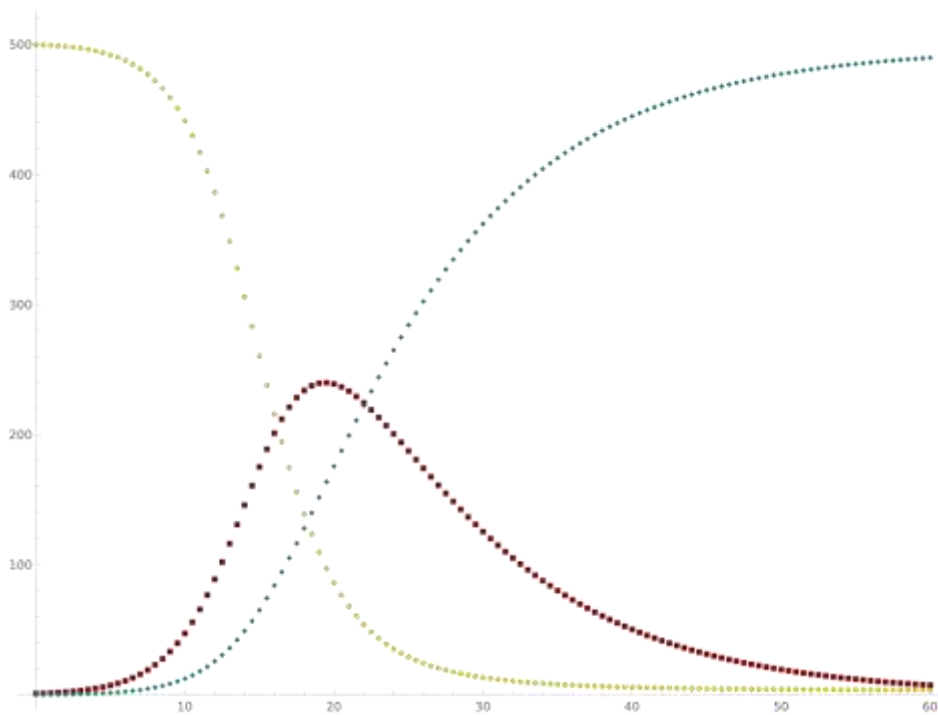


شکل (۱). شبیه سازی مدل فضایی SIR هر سلول می تواند هشت همسایه بلافاصل خود را آلوده کند  
نرخ انتقال

برای مشخصات کامل مدل، باید پیکان‌ها با نرخ انتقال بین اجزا برچسب گذاری شوند. بین  $S$  و  $I$ ، نرخ انتقال  $d(S/N)/dt = \beta SI/N^2$  - فرض می‌شود که در آن  $N$  کل جمعیت است،  $\beta$  متوسط تعداد تماس‌ها در هر شخص در هر زمان است، ضرب یعنی احتمال انتقال بیماری در تماس بین یک فرد مستعد و یک فرد عفونی، و  $SI/N^2$  کسری از آن تماس‌ها بین یک فرد عفونی و حساس است که منجر به آلوده شدن فرد مستعد می‌شود. (این از نظر ریاضی شبیه قانون عمل جرم در شیمی است که در آن برخورد تصادفی بین مولکول‌ها منجر به واکنش شیمیایی می‌شود و سرعت کسری متناسب با غلظت دو واکنش دهنده است).

بین  $I$  و  $R$ ، نرخ انتقال متناسب با تعداد افراد عفونی که  $\gamma I$  است در نظر گرفته می‌شود. این معادل این فرض است که احتمال بهبودی یک فرد عفونی در هر بازه زمانی  $dt$  به سادگی  $\gamma dt$  باشد. اگر فردی برای یک دوره زمانی متوسط  $D$  عفونی باشد،  $\gamma = 1/D$  است. این نیز معادل این فرض است که مدت زمانی که فرد در حالت عفونی سپری می‌کند یک متغیر تصادفی با توزیع نمایی است. مدل "SIR کلاسیک" ممکن است با استفاده از توزیع‌های پیچیده‌تر و واقع‌بینانه‌تر برای نرخ انتقال  $I-R$  اصلاح شود.

برای موارد خاص که در آن هیچ‌گونه جداسازی از محفظه عفونی وجود ندارد ( $\gamma = 0$ )، مدل  $SIR$  به یک مدل بسیار ساده  $SI$ ، که دارای یک راه حل لجستیکی است، کاهش می‌یابد که در نهایت هر فرد در نهایت آلوده می‌شود. در شکل ۲ = مستعد، آبی = عفونی، سرخ = بهبود یافته می‌باشد. هر یک از اعضای جمعیت به طور معمول از افراد مستعد به عفونی منتقل می‌شود.



شکل (۲). نرخ انتقال بیماری برای افراد عفونی و مستعد و بهبود یافته

حالت‌ها در یک مدل اپیدمی  $SIR$  و میزان انتقال افراد بین آنها در شکل ۳ آمده است.



### شکل (۳۳). حالت ها در یک مدل اپیدمی SIR و میزان انتقال افراد بین آنها

پویایی یک اپیدمی، به عنوان مثال، آنفلانزا، اغلب بسیار سریعتر از پویایی تولد و مرگ است، بنابراین، تولد و مرگ اغلب در مدل های محفظه ای ساده حذف می شوند. سیستم SIR بدون اصطلاح پویایی حیاتی (تولد و مرگ، که گاهی اوقات جمعیت شناسی نامیده می شود) که در بالا توصیف شد، می تواند با مجموعه معادلات دیفرانسیل معمولی زیر بیان شود:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta IS}{N}, \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta IS}{N} - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I,\end{aligned}\tag{۳-۱}$$

که در آن  $S$  میزان جمعیت حساس است،  $I$  موجودی آلوده است،  $R$  موجودی حذف شده (یا با مرگ یا بهبودی) و  $N$  جمع این سه است. این مدل برای اولین بار توسط ویلیام اوگیلوی کرماک و اندرسون گری مک کندریک به عنوان مورد ویژه ای از آنچه اکنون نظریه کرمک-مک کندریک می نامیم، ارائه شد و کارهایی را که مک کندریک با رونالد راس انجام داده بود دنبال کرد. این سیستم غیرخطی است، با این وجود می توان راه حل تحلیلی آن را به صورت ضمنی بدست آورد [۵]. ابتدا توجه داشته باشید که از:

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0,$$

که از معادله زیر پیروی می کند:

$$S(t) + I(t) + R(t) = \text{constant} = N,\tag{۳-۳}$$

بیان از نظر ریاضی بعبه بوس جمعیت  $N$  توجه داشته باشید که رابطه فوق به این معنی است که فقط باید معادله دو یا سه متغیر را در نظر گرفت. ثانياً، ما توجه داریم که پویایی کلاس عفونی به نسبت زیر بستگی دارد:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma},\tag{۳-۴}$$

به اصطلاح تعداد تولید مثل اساسی (که به آن نسبت تولید مثل پایه نیز گفته می شود). این نسبت به عنوان تعداد مورد انتظار عفونتهای جدید (این عفونتهای جدید که بعضاً عفونتهای ثانویه نامیده می شوند) از یک عفونت در جمعیتی که همه افراد در آن حساس هستند بدست می آید. با تقسیم معادله دیفرانسیل اول به سوم، تفکیک متغیرها و یکپارچه سازی بدست می آید:

$$S(t) = S(0)e^{-R_0(R(t)-R(0))/N},\tag{۳-۵}$$

که در آن  $S(0)$  و  $R(0)$  تعداد اولیه افراد حساس و حذف شده به ترتیب است. نوشتن  $S(0) = \frac{S(0)}{N}$  برای نسبت اولیه افراد مستعد و  $S(\infty) = \frac{S(\infty)}{N}$  برای نسبت افراد مستعد و حذف شده به ترتیب می باشد.

$$s_{\infty} = 1 - r_{\infty} = s_0 e^{-R_0(r_{\infty} - r_0)} \quad (3-6)$$

این معادله متعالی از نظر تابع Lambert W یعنی یک راه حل دارد:

$$s_{\infty} = 1 - r_{\infty} = -R_0^{-1} W(-s_0 R_0 e^{-R_0(1-r_0)}). \quad (3-7)$$

این نشان می‌دهد که در پایان اپیدمی متناسب با فرضیات ساده مدل SIR، مگر اینکه  $S_0=0$ ، همه افراد جامعه حذف نشده‌اند، بنابراین برخی باید حساس باقی بمانند نیروی محرکه منتهی به پایان همه‌گیری، کاهش تعداد افراد عفونی است. به دلیل کمبود کامل افراد مستعد، این اپیدمی به طور معمول پایان نمی‌یابد.

نقش تعداد اولیه تولید مثل و حساسیت اولیه بسیار مهم است. در واقع، با بازنویسی معادله برای افراد عفونی به شرح زیر:

$$\frac{dI}{dt} = \left( R_0 \frac{S}{N} - 1 \right) \gamma I, \quad (3-8)$$

این نتیجه می‌دهد که اگر:

$$R_0 \cdot S(0) > N, \quad (3-9)$$

سپس

$$\frac{dI}{dt}(0) > 0, \quad (3-10)$$

به عنوان مثال، یک شیوع اپیدمی مناسب با افزایش تعداد عفونی (که می‌تواند به بخش قابل توجهی از جمعیت برسد) وجود خواهد داشت. برعکس، اگر

$$R_0 \cdot S(0) < N, \quad (3-11)$$

سپس

$$\frac{dI}{dt}(0) < 0, \quad (3-12)$$

به عنوان مثال، بیماری به طور مستقل از اندازه اولیه جمعیت مستعد هرگز نمی‌تواند باعث شیوع اپیدمی مناسب شود. در نتیجه، واضح است که هم تعداد اولیه تولید مثل و هم حساسیت اولیه بسیار مهم هستند.

### نیروی عفونت

توجه داشته باشید که در مدل بالا عملکرد:

$$F = \beta I,$$

نرخ انتقال از محفظه افراد مستعد به محفظه افراد عفونی را مدل می کند ، به طوری که به آن نیروی عفونت گفته می شود. با این حال ، در نظر گرفتن دسته های زیادی از بیماری های واگیر، در نظر گرفتن نیرویی از عفونت که به تعداد مطلق افراد عفونی بستگی ندارد، بلکه به کسر آنها بستگی دارد (با توجه به کل جمعیت ثابت  $N$ ، واقع بینانه تر است):

$$F = \beta \frac{I}{N}. \quad (3-14)$$

Capasso و پس از آن ، نویسندگان دیگر نیروهای غیرخطی عفونت را برای مدل سازی واقعی تر روند مسری پیشنهاد داده اند [۶].

### راه حل های تحلیلی دقیق برای مدل SIR

در سال ۲۰۱۴ ، هارکو و همکاران یک راه حل دقیقاً به اصطلاح تحلیلی (شامل یک انتگرال که فقط به صورت عددی قابل محاسبه است) را برای مدل SIR استخراج کردند در حالت بدون تنظیم پویایی حیاتی ، این مربوط به پارامتری سازی زمان زیر است

$$\begin{aligned} S(u) &= S(0)u \\ I(u) &= N - R(u) - S(u) \\ R(u) &= R(0) - \rho \ln(u) \end{aligned} \quad (3-15)$$

برای

$$t = \frac{N}{\beta} \int_u^1 \frac{du^*}{u^* I(u^*)}, \quad \rho = \frac{\gamma N}{\beta}, \quad (3-16)$$

با شرایط اولیه

$$(S(1), I(1), R(1)) = (S(0), N - R(0) - S(0), R(0)), \quad u_T < u < 1, \quad (3-17)$$

یک راه حل تحلیلی به اصطلاح معادل (شامل یک انتگرال است که فقط به صورت عددی قابل محاسبه است) که توسط میلر پیدا شده است [۷].

$$\begin{aligned} S(t) &= S(0)e^{-\xi(t)} \\ I(t) &= N - S(t) - R(t) \\ R(t) &= R(0) + \rho \xi(t) \\ \xi(t) &= \frac{\beta}{N} \int_0^t I(t^*) dt^* \end{aligned} \quad (3-18)$$



در اینجا می توان  $\xi$  را به عنوان تعداد انتقال مورد انتظار برای فرد تا زمان دریافت شده  $t$  تفسیر کرد. این دو راه حل با معادله زیر مرتبط هستند.

$$e^{-\xi(t)} = u.$$

در واقع همان نتیجه را ه (۱۹-۳) اثر اصلی کرماک و مک کندریک یافت. این راه حل ها را می توان با توجه به اینکه همه اصطلاحات سمت راست معادلات دیفرانسیل اصلی با  $I$  متناسب هستند، به راحتی درک کرد. بنابراین معادلات را می توان با تقسیم  $I$  تقسیم کرد و زمان را تغییر داد تا عملگر دیفرانسیل در سمت چپ ساده شود و معادلات دیفرانسیل اکنون همه خطی هستند و به طور خطی با هم ارتباط دارند. یک تقریب تحلیلی بسیار دقیق از مدل SIR توسط Kröger و Schlickeiser ارائه شده است، بنابراین نیازی به انجام یک ادغام عددی برای حل مدل SIR، به دست آوردن پارامترهای آن از داده های موجود یا پیش بینی پویایی آینده نیست. شیوع یک اپیدمی با مدل SIR - سایپرز، باشگاه دانش تقریب شامل تابع Lambert W است که بخشی از کلیه نرم افزارهای اصلی تجسم داده مانند Microsoft Excel، MATLAB و Mathematica است. روابط یک مدل ریاضی پویا SIR با جمعیت ثابت مانند زیر است. جمعیتی را در نظر بگیرید که با نرخ مرگ و میر  $\mu$  و میزان زاد و ولد مشخص می شود و در آنجا یک بیماری واگیردار در حال گسترش است. مدل با انتقال عمل جرم:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \Lambda - \mu S - \frac{\beta IS}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta IS}{N} - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R \end{aligned} \quad (3-20)$$

که تعادل آزاد بدون بیماری برای آن است:

$$(S(t), I(t), R(t)) = \left( \frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0 \right). \quad (3-21)$$

در این حالت، می توانیم یک عدد تولید مثل اساسی بدست آوریم:

$$R_0 = \frac{\beta}{\mu + \gamma}, \quad (3-22)$$

که دارای خواص آستانه است. در واقع، به طور مستقل از مقادیر اولیه بیولوژیکی، می توان نشان داد که:

$$\begin{aligned} R_0 \leq 1 &\Rightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} (S(t), I(t), R(t)) = \text{DFE} = \left( \frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0 \right) \\ R_0 > 1, I(0) > 0 &\Rightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} (S(t), I(t), R(t)) = \text{EE} = \left( \frac{\gamma + \mu}{\beta}, \frac{\mu}{\beta} (R_0 - 1), \frac{\gamma}{\beta} (R_0 - 1) \right). \end{aligned} \quad (3-23)$$

نقطه  $EE$  تعادل اندمیک نامیده می‌شود (بیماری کاملاً ریشه کن نشده و در جمعیت باقی مانده است). با استدلال های ابتکاری، می‌توان نشان داد که  $R(0)$  به عنوان میانگین تعداد عفونت های ناشی از یک موضوع عفونی در یک جمعیت کاملاً مستعد خوانده می‌شود، رابطه فوق از نظر بیولوژیکی به این معنی است که اگر این عدد کمتر یا مساوی با یک بیماری است که منقرض می‌شود، در حالی که اگر این تعداد بیشتر از یک باشد، این بیماری به طور دائمی در جمعیت بومی خواهد ماند.

در سال ۱۹۲۷،  $W. O. Kermack$  و  $A. G. McKendrick$  مدلی را ایجاد کردند که در آن آنها جمعیتی ثابت را فقط با سه بخش در نظر گرفتند: حساس  $S(t)$ ؛ آلوده  $I(t)$ ؛ و بازیابی  $R(t)$  محفظه های مورد استفاده برای این مدل شامل سه کلاس است.  $S(t)$  برای نشان دادن افرادی که هنوز در زمان  $t$  به این بیماری آلوده نشده اند، یا افراد مستعد ابتلا به بیماری جمعیت استفاده می‌شود.  $I(t)$  افراد جامعه را نشان می‌دهد که به این بیماری آلوده شده اند و قادر به گسترش بیماری به افراد مستعد هستند.

$R(t)$  محفظه ای است که برای افراد جامعه مورد استفاده قرار می‌گیرد و یا به دلیل ایمن سازی یا به دلیل مرگ از بیماری خارج شده اند. کسانی که در این گروه هستند قادر به آلوده شدن مجدد یا انتقال عفونت به دیگران نیستند. جریان این مدل را می‌توان به صورت زیر در نظر گرفت:

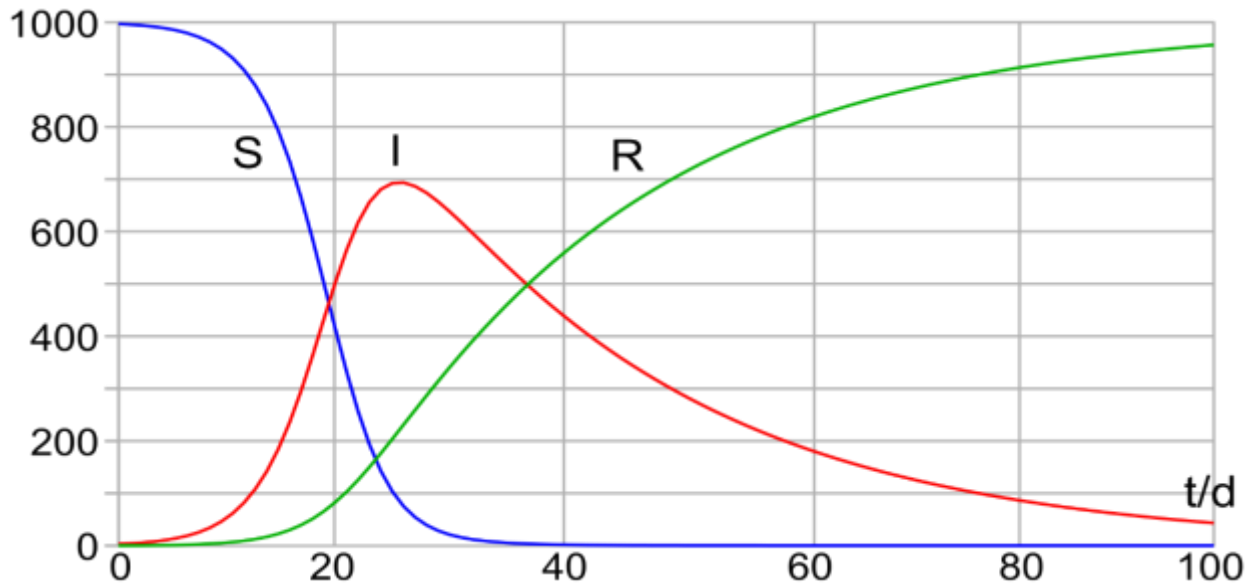
$$S \rightarrow I \rightarrow R$$

با استفاده از یک جمع  $N = S(t) + I(t) + R(t)$  در سه عملکرد حل می‌کند که مقدار  $N$  اگر شبیه سازی برای حل مدل SIR استفاده شود،  $N$  باید در شبیه سازی ثابت بماند. همچنین می‌توان از تقریب تحلیلی بدون انجام شبیه سازی استفاده کرد. مدل با مقادیر  $S(t=0)$  و  $I(t=0)$  و  $R(t=0)$  شروع می‌شود. این تعداد افراد در گروه های مستعد، آلوده و حذف شده در زمان برابر با صفر است. اگر فرض بر این است که مدل SIR همیشه نگه داشته می‌شود، این شرایط اولیه مستقل نیستند. شبیه سازی ابتدا آلوده را از افراد مستعد به روز می‌کند و سپس گروه حذف شده را از گروه آلوده برای نقطه زمان بعدی به روز می‌کند. این افراد جریان بین سه دسته را توصیف می‌کند. در طی یک اپیدمی، گروه حساس با این مدل جابجا نمی‌شود.  $\beta$  در طول اپیدمی تغییر می‌کند و همچنین  $\gamma$  تغییر می‌کند. این متغیرها طول اپیدمی را تعیین می‌کنند و باید با هر چرخه به روز شوند.

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta SI}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \end{aligned} \quad (3-25)$$

مدل SIR یک مدل ریاضی برای نشان دادن اپیدمی بیماری ها است که با حل معادلات دیفرانسیل بدست می‌آید. افراد مستعد ( $S$ ) فردی هستند که هنوز آلوده نشده اند و هر زمان ممکن است به ویروس آلوده شوند. افراد مبتلا به عفونت ( $I$ ) افرادی هستند که بیمار هستند و می‌توانند ویروس را گسترش دهند. افراد حذف شده ( $R$ ) شامل افرادی هستند که عفونت را منزوی کرده، بهبود یافته و مرده اند و افرادی را منتشر نمی‌کنند. تعداد قربانیانی که با  $V$  نشان داده شده است برابر است با تعداد افراد آلوده و از بین رفته، به عبارت دیگر،  $V = I + R$ ، شدت حذف ( $\gamma$ )، به عنوان یکی از پارامترهای مهم مدل SIR، نسبت بیماران تحت درمان و مرده را نشان می‌دهد. شدت عفونت  $\beta$  و شدت حذف  $\gamma$  با توجه به فرمول های بالا محاسبه می‌شود.

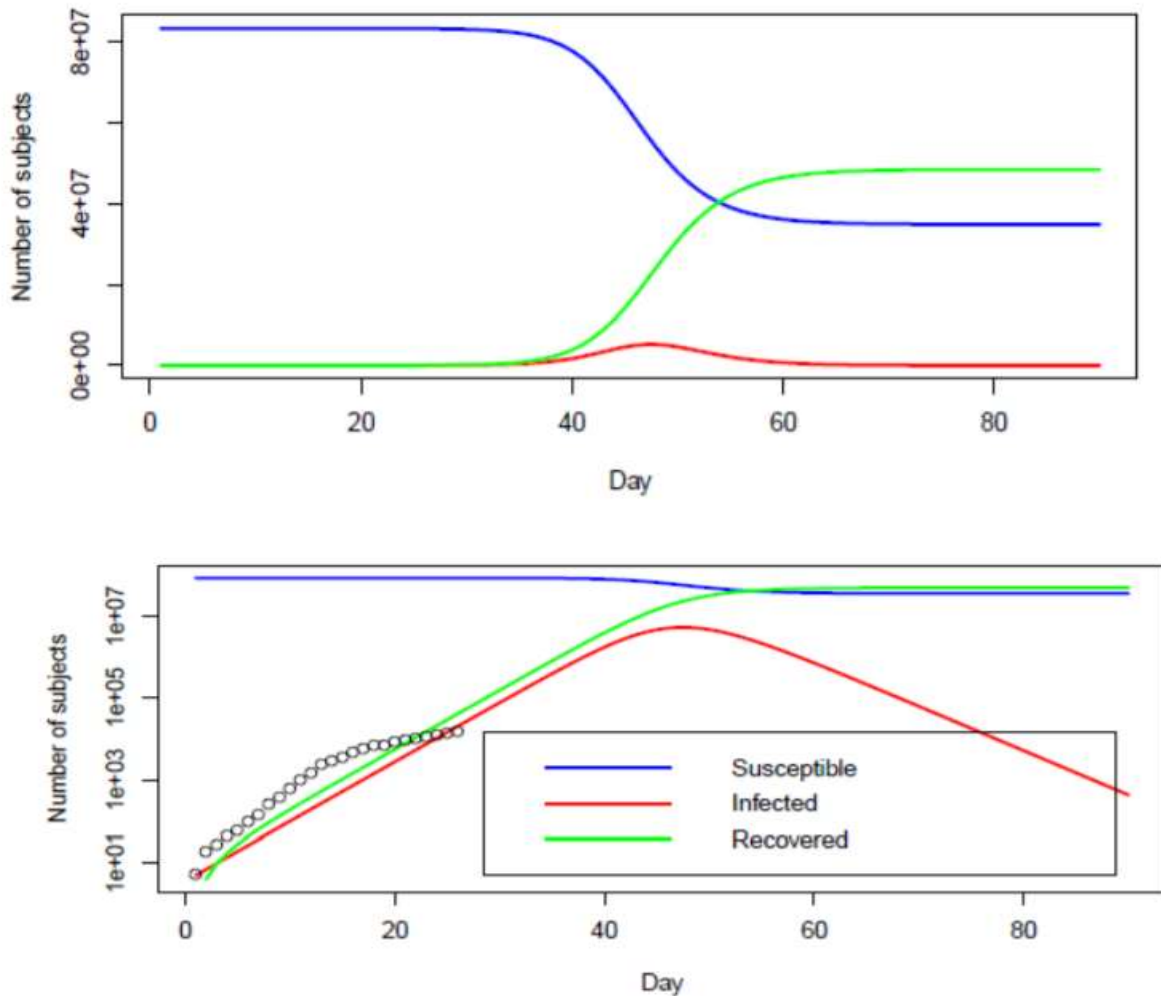
کل جمعیت منطقه ای که اپیدمی رخ داده است با  $N$  مشخص می‌شود، بنابراین  $N = S + I + R$  در این کار کل جمعیت ایران (تقریباً ۸۱,۸۰۰,۰۰۰) را  $N$ ،  $I_0 = 1$ ،  $S_0 = N - 1$  در نظر گرفته شد،  $R_0 = 0$  به دلیل پیچیدگی زیاد فرآیند محاسبه معادلات دیفرانسیل، از نرم افزار R.ver.3.6.2 برای پردازش داده ها، تخمین مقدار پارامتر و پیش‌بینی مدل استفاده شد. دیاگرام مدل S.I.R برای مقادیر اولیه و نرخ ابتلا و بهبود یافته در شکل ۴ نشان داده شده است.



شکل (۴). دیاگرام مدل S.I.R برای مقادیر اولیه و نرخ ابتلا و بهبود یافته

### نتایج

ویروس کرونا ویروس جدید با مدل SIR سازگار است. دقت مدل جدید تقریباً خوب است. مدل نشان می‌دهد که در چهل و هفتمین روز پس از شروع عفونت، یعنی در ۰۸/۰۴/۲۰۲۰ به اوج عفونت رسید. تعداد موارد حذف ((R)) که از جمعیت مستعد (S) کاهش می‌یابد، از چهارم روز پس از شیوع کمی افزایش می‌یابد و سپس افزایش صعودی می‌شود. تقریباً در همان تاریخ، موارد بهبودی اندکی افزایش یافته و سپس افزایش شدید می‌شود و در پنجاه و چهارمین روز پس از شیوع دو نمودار، موارد مستعد و بهبود یافته را قطع کرد (شکل ۵).

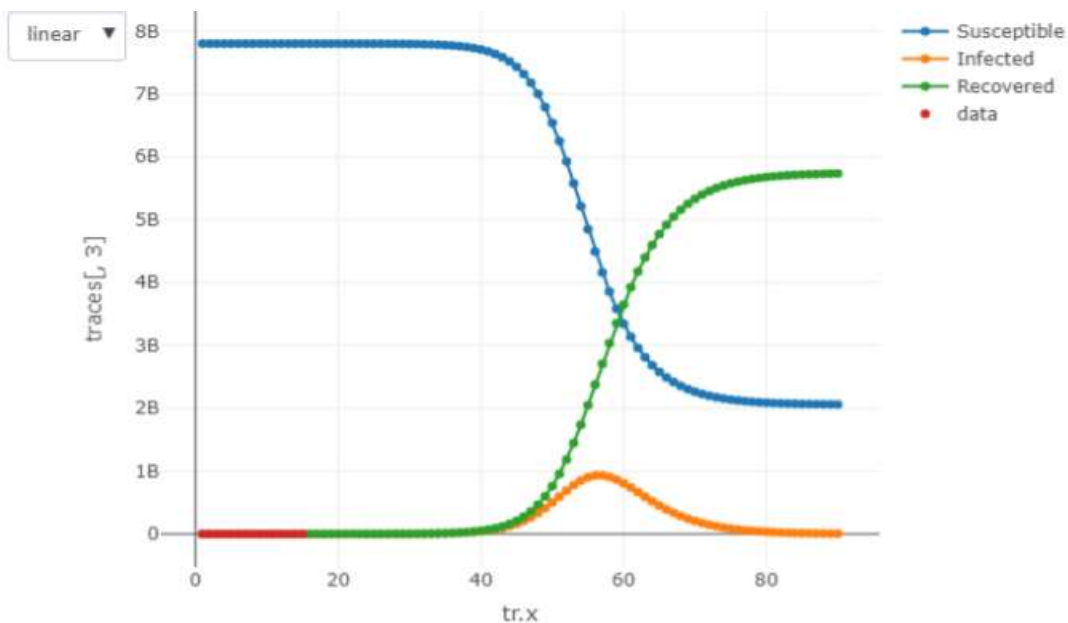


شکل (۵). مدل ریاضی S.I.R برای بیماری کووید-۱۹ در ایران

شکل ۵، ۱۳۲ روز را به ما نشان می‌دهد. طبق این برآورد، می‌توان انتظار داشت که انتقال این اپیدمی در ایران پس از ۳ ژوئیه ۲۰۲۰ متوقف شود، به شرط آنکه اقدامات قرنطینه موجود و میزان انزوای بیمار به طور معمول ادامه یابد. متأسفانه، اکنون تعداد زیادی از افراد آلوده و بدون علامت وجود دارند که در صورت عدم حفظ شکاف‌های موجود، می‌توانند این تخمین را بدتر کنند.

با توجه به خروجی نرم افزار، میزان عفونت  $\beta = 1$  و میزان حذف  $\gamma = 0.677$  و شاخص  $R_0 = 1.497$  بدست آمد. از آنجا که مقدار  $R_0$  بیش از یک است، هنوز یک بیماری اپیدمی است، از طرف دیگر، میزان عفونت ثابت و میزان حذف کمتر از یک است. کاهش میزان  $\beta$  و افزایش میزان  $\gamma$  رشد اپیدمی بیماری را کاهش می‌دهد. بنابراین، اقدامات موثر برای کاهش میزان عفونت و بهبود میزان حذف، مانند تشخیص زودهنگام و درمان زودرس موارد آلوده، ارتباط محدود، کنترل بیشتر عفونت در بیمارستان و سایر حرکات برای بهبود تشخیص و درمان بیماران می‌تواند چرخه ویروس را کند، کنترل و کاهش دهد.

در مقایسه با مدل جهانی S.I.R شکل ۶ زودتر از مدل جهانی به اوج عفونت رسید، اما در موارد بهبود یافته و حساس، عملکرد بهتری نسبت به مدل جهانی داشت. نمودار موارد بهبود یافته و حساس در ایران زودتر از مدل جهانی، خود را قطع کرد.



شکل (۶). مدل جهانی S.I.R برای ویروس کرونا

### بحث و نتیجه گیری

ویروس‌های کرونا گروه بزرگی از ویروس‌ها هستند که می‌توانند حیوانات و انسان‌ها را آلوده کنند و باعث بروز ناراحتی‌های تنفسی شوند؛ این ناراحتی‌ها ممکن است به اندازه سرماخوردگی خفیف یا به اندازه ذات‌الریه شدید باشند. در موارد نادر، ویروس‌های کرونای حیوانی، انسان‌ها را آلوده می‌کنند و سپس بین آنها سرایت پیدا می‌کنند. این ویروس شبیه ویروس سار بوده که از حیوانات به انسان منتقل شد. یکی دیگر از موارد مهم و جدیدتر نژاد ویروس کرونا، MERS (نشانگان تنفسی خاورمیانه) نام دارد که در سال ۲۰۱۲ در خاورمیانه کشف شد و به گفته دانشمندان این ویروس ابتدا از شتر به انسان انتقال پیدا کرده است. میلیون‌ها نفر از مردم در سراسر جهان تاکنون به ویروس کرونا مبتلا شده‌اند و عده‌ای از آنها علائمی خفیف بروز داده و به سرعت بهبود یافتند و در برخی دیگر نیز علائمی بروز نکرده است. با اینکه حدود ۸۰ درصد مبتلایان در وضعیت شدید و حاد بیماری قرار نمی‌گیرند، اما در برخی موارد عوارضی که ویروس کرونا در بدن ایجاد می‌کند می‌تواند تا مدت‌ها در بدن فرد باقی بماند و بر کیفیت زندگی آنها تاثیر بگذارد. بیش از شش ماه از شیوع کرونا در جهان گذشته و در این مدت بسیاری از بهبودیافتگان ویروس کووید-۱۹ از عوارض این بیماری گفته‌اند. محققان می‌گویند که بیش از ۵۰ درصد بهبود یافتگان هنوز از تنگی نفس و خستگی مفرط شکایت می‌کنند. یک مطالعه نشان داده که بیشتر مبتلایان طی ۱۴ روز کاملاً بهبود می‌یابند، اما برای افرادی که به نظر می‌رسد بیماری آنها شدت بیشتری دارد، ممکن است روند درمان از ۲۵ تا ۴۰ روز طول بکشد. بیماران که تحت مراقبت‌های ویژه قرار داشته‌اند، ممکن است بازگشت‌شان به زندگی عادی ۱۲ تا ۱۸ ماه طول بکشد. براساس مطالعات مختلف، تخمین زده شده که بین ۳۰ تا ۹۸ درصد مبتلایان حس بویایی خود را از دست می‌دهند. یک مطالعه نشان داد که چهار هفته پس از شروع علائم، ۴۹ درصد از بیماران بازگشت حس بویایی و وضوح کامل را گزارش دادند، ۴۱ درصد از کاهش شدت آن خبر داده بودند و ۱۰ درصد نیز گزارش دادند که حس بویایی آنها بدون تغییر یا بدتر شده است. برخی از مواردی که به افراد صدمه می‌زند، خود ویروس نیست، بلکه پاسخ ایمنی بدن به آن است. پاسخ ایمنی می‌تواند در بعضی از نقاط بدن منجر به ایجاد التهاب شود و در برخی دیگر نیز لخته‌های خون ایجاد کند. لخته شدن خون می‌تواند باعث ایجاد انواع مشکلات در همه نقاط بدن، از جمله نارسایی کلیه و حتی قطع عضو شود. هم چنین این بیماری اثر بسیار بدی بر روی سیستم ریوی، قلبی و مغزی دارد. بنابراین یافتن روشی آسان جهت پیش‌بینی آمار

مرگ و میر و بهبودی این بیماری در کشور مبتنی بر مدل های ریاضی می تواند با دقت بالایی در تعیین نقشه های درمانی و فراهم نمودن امکانات بیشتر در درمان این بیماری به کشور کمک کند. در ۳۱ دسامبر سال ۲۰۱۹، اداره سلامت چین به سازمان بهداشت جهانی گزارش داد که چندین مورد علائم بیماری خاصی در ووهان کشور چین در استان در مرکز چین مشاهده شده است. بیماری کووید-۱۹ به سرعت در کشور چین و پس از آن به تدریج به اکثر کشورهای دنیا سرایت کرده است، بطوریکه مطابق با آخرین آمارهای WHO، تعداد مبتلایان به بیماری کووید-۱۹ در حال حاضر به بیش از ۵ میلیون نفر در کل جهان رسیده است و آمار مرگ و میر این بیماری نیز روز به روز در حال افزایش است (بیش از ۳۸۰ هزار نفر؛ تا ۲۱ می ۲۰۲۰). بطور کلی روش های متعددی جهت تشخیص بیماری کووید-۱۹ وجود دارد. برخی از این روش ها شامل بروز و مشاهده ی علائم بالینی مرتبط با بیماری (مانند تب، سرفه خشک، تنگی نفس، گلودرد و خستگی عضلانی) بوده و برخی دیگر از روش های تشخیصی با دقت بالاتر نظیر انجام تصویربرداری سی تی اسکن از ریه ها جهت تشخیص قطعی بیماری کووید-۱۹ استفاده می کنند. در ماه March سال ۲۰۲۰، مقاله ای مروری در خصوص بیماری کروناویروس ۲۰۱۹ (کووید-۱۹) توسط Harapan Harapan و همکاران منتشر گردید. محققان در آن مقاله به بررسی و تحلیل مطالعات مختلف انجام شده در حوزه ی این بیماری پرداختند. آنها از اطلاعات موجود جهت خلاصه سازی دانش در خصوص اپیدمی موجود استفاده نمودند. در آن مطالعه مواردی نظیر پاسخ های پاتوژنی و ایمنی، اپیدمیولوژی، تشخیص، درمان و مدیریت بیماری، همچنین کنترل و استراتژی های پیشگیرانه را مورد بررسی و مرور قرار دادند. در آن مقاله، محققان مواردی همچون انواع روش های تشخیصی، فاکتورهای ریسک، انواع آسیب های ایمنی ایجاد شده توسط این بیماری و انواع یافته های کلینیکی را مورد بحث و بررسی قرار داده اند.

در مقاله بازرگان و همکارانش [۳۳] که استفاده از تحلیل های جغرافیایی اپیدمیولوژی کووید-۱۹، جهت شناسایی عوامل جغرافیایی مؤثر بر شیوع این بیماری می تواند بر سیاست گذاری های بهداشتی جامعه، مبنی بر کنترل روند شیوع این ویروس بررسی شد. از اینرو، پژوهش حاضر به تحلیل جغرافیایی اپیدمیولوژی ویروس کرونا در کشور پرداخته است. این تحقیق از نظر روش شناسی، توصیفی-تحلیلی بوده و برای تجزیه و تحلیل داده ها از نرم افزارهای ArcGIS و GeoDa استفاده شد. جامعه آماری تحقیق، شامل تعداد مبتلایان به ویروس کرونا (۲۱۶۸۳ نفر) در استانهای کشور و در محدوده زمانی ۳ اسفند ۱۳۹۸ الی ۳ فروردین ۱۳۹۹ است. داده های مبتلایان به کرونا به تفکیک هر استان وارد نرم افزار ArcGIS شد. جهت نمایش پراکندگی فضایی مبتلایان به کرونا در کشور بر اساس بازه زمانی مذکور از تراکم نقطه ای استفاده شد. سپس با استفاده از ضریب موران پراکنش فضایی آن بررسی شد. همچنین با استفاده از خودهمبستگی فضایی میزان فاصله گسترش شیوع ویروس کرونا در بین استانهای کشور تحلیل شد. در نهایت با استفاده از شاخص محلی پیوند فضایی موران تک متغیره، خوشه بندی فضایی استانهای کشور بر اساس ویروس کرونا صورت گرفت. نتایج حاصل از تحقیق نشان داد که مهمترین عامل انتشار فضایی ویروس کرونا در کشور، فاصله و مجاورت مکانی استانهای درگیر با این بیماری است بطوریکه در فاصله ۲۸۳/۲ کیلومتری بین استانهای کشور ضریب موران ۱/۰۹۶۶۸۱ میباشد و نشان دهنده خودهمبستگی مکانی مثبت است. در فاصله ۱۶۸/۶ کیلومتری بین استانها ضریب موران برابر ۰،۰۴۰۲۶ است که نشان دهنده خودهمبستگی مکانی منفی بوده بدین معنی که از این فاصله به بعد از تعداد مبتلایان به کرونا کاسته می شود.

در مقاله ای [۸] بیان شد که اپیدمی کووید-۱۹ توسط SARS-CoV-2 در سراسر جهان در حال گسترش است و تا ۱ مارس ۲۰۲۰، ۶۷ کشور از جمله ایران تحت تأثیر قرار گرفته اند. مطالعات زیادی در داخل و خارج از کشور برای پیش بینی شیوع بیماری در حال انجام است تا بتوانند به موقع تصمیمات پزشکی و بهداشتی لازم را بگیرند. روش ها: ما از مدل SIR برای شناسایی پارامترها برای محاسبه ویژگی های اپیدمی و برخی تخمین ویروس کرونا استفاده شد. اطلاعات مربوط به انتقال ویروس کرونا از منبع GitHub در بسته نرم افزاری covid19.analytics استخراج شد. بر اساس برآورد این مدل میزان عفونت  $\beta = 1$  و میزان حذف  $\gamma = 0.677$  و شاخص  $R_0 = 1.497$  بدست آمد. پیش بینی ها یک راهنمای مفید برای تصمیم گیری در مورد انتقال

COVID-19 است. با توجه به پیش‌بینی‌ها و برآوردهای انجام شده، باید توجه بیشتری به اقدامات کنترل شود. نتایج این پایان‌نامه مطابقت با مقاله دلدار و همکاران دارد.

زونگ و همکاران در چین از مدل ریاضی ساده SIR برای پیش‌بینی استفاده کردند. پیش‌بینی‌های مدل نشان می‌دهد که تعداد موارد تجمعی nCoV-2019 ممکن است به ۷۶,۰۰۰ تا ۲۳۰,۰۰۰ برسد، با اوج عفونت‌های بهبود نیافته (۲۲,۰۰۰-۷۴,۰۰۰) در اواخر فوریه تا اوایل مارس. پس از آن، موارد ابتلا به سرعت به صورت یکنواخت کاهش می‌یابد تا اوایل ماه مه تا اواخر ژوئن، زمانی که شیوع CoV 2019 از بین خواهد رفت [۹]. نتایج یک مطالعه Tao Tang در چین نشان داد که در سی و هشتمین روز فوریه، اوج آلودگی به ویروس کرونا رخ می‌دهد و تعداد موارد عفونی در اوج این عفونت تقریباً ۲۲۰۰۰ خواهد بود. وی نشان داد که کاهش و از بین بردن میزان عفونت می‌تواند در پیشرفت این اپیدمی موثر باشد [۹]. مطالعه ژو تانگ در چین نشان داد وقتی ووهان هیچ اقدامی پیشگیرانه انجام نداد، با فرض اینکه میانگین تماس‌های روزانه هر فرد آلوده ۵ کیلوگرم باشد، در صورت اعمال تعداد افراد آلوده به ۲۳۸۴۸۰۳ می‌رسد. قوانین محدود کننده، با فرض  $k = 2$ ، تعداد مبتلایان را کاهش می‌دهد. با فرض  $k = 1$ ، تعداد افراد آلوده به ۱۴۳۳۰ نفر کاهش می‌یابد و زمان رسیدن به اوج ۲ روز کاهش می‌یابد [۸].

به طور کلی استفاده از مدل SIR در پیش‌بینی و تخمین ویروس جدید کرونا می‌تواند یک راهنما و مشاوره برای پیشگیری و کنترل بیماری اپیدمی و اقدامات موثری برای کنترل به موقع اپیدمی انجام می‌دهد.

طبق نتایج، روند انتقال عفونت در ایران پس از ۳ ژوئیه ۲۰۲۰ متوقف می‌شود، به شرطی که اقدامات کنترل و میزان انزوای بیمار طبق معمول و با شدت بیشتری ادامه می‌یابد. خوشبختانه، مدل طراحی در موارد بهبود یافته و مستعد، عملکرد بهتری داشته و به واقعیت نزدیک بود. با توجه به مقدار  $R_0$  بیش از یک، با جداسازی بیشتر و کاهش انتقال ویروس، باید سعی در کاهش بیشتر مقدار  $R_0$  کمتر از یک داشته تا بیماری به طور کامل از بین برود. متأسفانه، با شروع کار و تعداد زیادی از بیماران بدون علامت، اگر روش‌های کنترلی انجام نشود، این تخمین می‌تواند بدتر شود. نتایج مطالعه نستروک در کره جنوبی نشان می‌دهد که انتقال موضعی بیماری همه گیر پس از ۲۰ مارس ۲۰۲۰ متوقف می‌شود، به شرطی که اقدامات کنترل و انزوای بیمار ادامه می‌یابد. زونگ و همکاران در چین از مدل ریاضی ساده SIR برای پیش‌بینی استفاده کردند. پیش‌بینی‌های مدل نشان می‌دهد که تعداد موارد تجمعی nCoV-2019 ممکن است با اوج عفونت‌های بهبود نیافته (۲۲,۰۰۰-۷۴,۰۰۰) در اواخر فوریه تا اوایل مارس به ۷۶,۰۰۰ تا ۲۳۰,۰۰۰ برسد، پس از آن، موارد آلوده به سرعت به صورت یکنواخت کاهش می‌یابد تا اوایل ماه مه تا اواخر ژوئن، زمانی که شیوع nCoV-2019 از بین می‌رود. نتایج یک مطالعه Tao Tang در چین نشان داد که در سی و هشتمین روز فوریه، اوج آلودگی به ویروس کرونا رخ می‌دهد و تعداد موارد عفونی در اوج این عفونت تقریباً ۲۲۰۰۰ خواهد بود. وی نشان داد که کاهش و از بین بردن میزان عفونت می‌تواند در پیشرفت این اپیدمی موثر باشد. نتایج حاصل از شبیه‌سازی آمار کل مبتلایان به ویروس کووید - ۱۹ و تعداد کل جان‌باختگان در ایران، با استفاده از نظریه مدل S.I.R، قادر به بازنمایی مناسب داده‌های واقعی بیماری است و می‌تواند در بازه‌های زمانی کوتاه، روند شیوع و گسترش بیماری و زمان نزدیک شدن به حالت اشباع را پیش‌بینی کند. حساسیت به شرط اولیه در معادله با تغییر محدودیت‌های قرنطینه و نحوه رعایت پروتکل‌های بهداشتی، می‌تواند سبب تغییر سرعت شیوع بیماری شده و آمار کل مبتلایان به ویروس کرونا وارد فاز سوم و یا چهارم افزایشی شود. همچنین بر اساس محاسبه نرخ مرگ‌ومیر ناشی از بیماری پیش‌بینی می‌شود آمار کل جان‌باختگان در خردادماه به کمتر از ۵ درصد مجموع افراد بهبود یافته و جان‌باخته برسد.

منابع

- [۱]. Kahn, Jeffrey S., and Kenneth McIntosh. "History and recent advances in coronavirus discovery." *The Pediatric infectious disease journal* 24.11 (2005): S223-S227.
- [۲]. م. بازرگان، م. امیرفخریان، "تحلیل جغرافیایی اپیدمیولوژی کووید-۱۹ در ایران با رویکرد تحلیل اکتشافی داده‌های مکانی (ESDA)"، دوره ۲۲، شماره ۶ - (شهریور ۱۳۹۹).
- [3]. Chen, Emily, Kristina Lerman, and Emilio Ferrara. "Tracking social media discourse about the covid-19 pandemic: Development of a public coronavirus twitter data set." *JMIR Public Health and Surveillance* 6.2 (2020): e19273.
- [4]. Gomez-Exposito, Antonio, Jose A. Rosendo-Macias, and Miguel A. Gonzalez-Cagigal. "Monitoring and tracking the evolution of a viral epidemic through nonlinear kalman filtering: Application to the covid-19 case." *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics* (2021).
- [5]. Hisaka, Akihiro, et al. "Global comparison of changes in the number of test-positive cases and deaths by coronavirus infection (COVID-19) in the world." *Journal of clinical medicine* 9.6 (2020): 1904.
- [6]. Nesteruk, Igor. "Estimations of the coronavirus epidemic dynamics in South Korea with the use of SIR model." Preprint.] ResearchGate (2020).
- [7]. Batista, Milan. "Estimation of the final size of the coronavirus epidemic by the SIR model." Online paper, ResearchGate (2020): 1-12.
- [8]. Kolokolnikov, Theodore, and David Iron. "Law of mass action and saturation in SIR model with application to Coronavirus modelling." *Infectious Disease Modelling* 6 (2021): 91-97.
- [9]. Suba, M., et al. "Current Mathematical Models and Numerical Simulation of SIR Model for Coronavirus Disease-2019 (COVID-19)." *European Journal of Molecular & Clinical Medicine* 7.05 (2020): 41-54.