مجله کنترل- ویژه‌نامه کووید-۱۹
ISSN (print) 2008-8345
ISSN (online) 2538-3752
جلد ۱۴، شماره ۵، ویژه‌نامه کووید-۱۹، صفحه ۹۶-۸۹

مدل‌سازی و تحلیل گسترش کووید-۱۹ در ایران با استفاده از مدل کلاسیک SIR

زهرا زارع [۱]، نسترن واثق [۲]

[۱] دانشجوی کارشناسی ارشد مهندسی برق، گروه کنترل، دانشگاه تربیت دبیر شهید رجایی تهران، zarezahra.3981@gmail.com

[۲] استادیار، دانشکده مهندسی برق، گروه کنترل، دانشگاه تربیت دبیر شهید رجایی تهران، N.vasegh@sru.ac.ir

تاریخ دریافت مقاله ۱۳۹۹/۱۰/۱۰، تاریخ پذیرش مقاله ۱۳۹۹/۱۱/۲۵

چکیده: در این مقاله به مدل‌سازی، تحلیل و پیش‌بینی بیماری جدید همه‌گیر کووید-۱۹ با شناخت پارامترهای مؤثر در گسترش آن پرداخته‌شده است. به این منظور از مدل پایه مستعد-مبتلا-حذف‌شده (SIR) که با دو پارامتر نرخ ابتلا و نرخ حذف استفاده‌شده است. با توجه به بروز چندین نقطه بیشینه در داده‌های ایران و تک اوج بودن مدل SIR، نمی‌توان از یک مدل با پارامترهای یکسان به ازای تمام زمان‌ها استفاده کرد. به همین دلیل داده‌های ایران به پنج دوره زمانی تقسیم‌شده است و سپس پارامترهای هر دوره مجزا به‌دست‌آمده است. این بازه‌های زمانی علاوه بر تطابق با رفتار داده‌های مربوط به بیماری، با واقعیت‌های جامعه ازجمله زمان تغییر تصمیمات دولت و نیز تغییر الگوی افراد جامعه هم‌خوانی دارد. درنهایت، تحلیلی بر اساس پارامترهای به‌دست‌آمده و روند گسترش بیماری در ادامه سال جاری ارائه‌شده است. ازآنجاکه پیامدهای اقتصادی، اجتماعی و بهداشتی ناشی از این ویروس فاجعه‌بار است، استفاده از نتایج مدل‌سازی ریاضی به‌دست‌آمده جهت شناخت عوامل مؤثر بر گسترش بیماری می‌تواند گامی جهت اقدامات آتی برای کنترل این بیماری باشد.

کلمات کلیدی: کووید-۱۹، مدل کلاسیک SIR، نرخ شیوع بیماری‌های همه‌گیر.

Modeling and analysis of the spread of the COVID-19 pandemic using the classical SIR model

Zahra Zare, Nastaran Vasegh

Abstract: In this paper modeling, analysis and prediction of novel epidemic of COVID-19 are concerned to identify effective spread parameters of it in Iran. For this purpose, the basic susceptible-infected-removed (SIR) model is used which has two parameters: the infection rate and remove rate. Because of several maximum points in the Iranian data and the single peak of the SIR model, it is not possible to use a model with the same parameters for all times. For this reason, the Iranian data is divided into five time periods and then the parameters of each period are obtained. In addition to adapting to the behavior of disease-related data, these time periods are consistent with the realities of society, including the timing of government decisions and the changing patterns of individuals in society. Finally, an analysis based on the obtained parameters and the trend of disease spread in the continuation of this year is presented. Since the economic, social and health consequences of this virus are catastrophic, using the results of mathematical modeling to identify the factors affecting the spread of the disease can be a step towards future actions to control the disease.

Keywords: COVID-19, SIR classic model, epidemic reproduction number.

[Downloaded from joc-isice.ir on 2026-11-09]
[DOR: 20.1001.1.20088345.1399.14.5.6.2]
[DOI: 10.52547/joc.14.5.89]

۱- مقدمه

در دسامبر سال ۲۰۱۹ یک نوع ویروس جدید از خانواده کرونا[1] در شهر ووهان، استان هوبنی کشور چین شناسایی شد که باعث سندروم تنفسی حاد و بالقوه کشنده‌ای می‌شد. سازمان بهداشت جهانی این نوع جدید از ویروس را کووید-۱۹[2] نام نهاد. دریازده مارس سال ۲۰۲۰ این سازمان شیوع بیماری همه‌گیر کووید-۱۹ ناشی از ویروس کرونا را به‌طور رسمی اعلام کرد که از آن زمان تاکنون به‌طور گسترده تمام کشورهای جهان را فراگرفته است [۱-۳ و مراجع آن]. از زمان شیوع این بیماری زندگی تمام مردم جهان نه‌تنها ازنظر تهدیدی برای سلامت بلکه از جهات بسیاری مانند اقتصاد، روابط اجتماعی و ... تحت تأثیر قرارگرفته است. به دلیل عدم وجود دارو مؤثر و واکسن برای این بیماری قرنطینه، استفاده از ماسک، رعایت فاصله اجتماعی و دیگر پروتکل‌های بهداشتی اعلام‌شده توسط سازمان بهداشت جهانی تنها استراتژی‌های کاربردی برای کاهش سرعت انتقال و رشد این بیماری است. به همین علت دولت‌ها در بسیاری از کشور قرنطینه‌های سخت‌گیرانه و تعطیلی‌های موقت را اجرا کردند. بااین‌حال فاکتورهای مهمی ازجمله عدم شواهد کافی برای علائم بیماری، مکانیسم انتقال بیماری، تراکم جمعیت و عدم وجود امکانات و توانایی کافی سیستم درمان کشورها مقابله با این بیماری را به‌ویژه در کشورهای با تراکم جمعیت بالا با مشکل روبرو کرده است [۴].

یکی از عوامل مهم در بررسی بیماری‌های همه‌گیر، عدد سرایت پایه یا نرخ شیوع R_0[3] است. این پارامتر شاخصی است برای اندازه‌گیری توان شیوع عامل بیماری‌زا (ویروس) و متوسط تعداد افرادی است که فرد آلوده می‌تواند عامل عفونی را به آن‌ها سرایت دهد. گروه‌های تحقیقاتی این عدد را برای ویروس کرونا بین ۱/۸ تا ۳/۸ تخمین زده‌اند. از R_0 برای ارزیابی توانایی یک بیماری عفونی برای حمله به یک جامعه استفاده می‌شود، زمانی که $R_0 > 1$ باشد نشان از گسترش بیماری دارد: بدین معنا که هر فرد آلوده می‌تواند بیشتر از یک نفر را آلوده کند و کنترل بیماری سخت می‌شود. از طرفی زمانی که $R_0 < 1$ باشد بیماری در حال از بین رفتن و تحت کنترل است. این پارامتر نقش کلیدی در تخمین و کنترل بیماری‌های همه‌گیر دارد [۵].

با توجه به وضعیت به وجود آمده ضرورت به‌کارگیری مدل‌های ریاضی که توانایی بالقوه جهت پیش‌بینی روند بیماری، تخمین نرخ انتقال بیماری، میزان مرگ‌ومیر و بهبودی بیماران را دارا می‌باشند به وجود آمده است. هدف از به‌کارگیری مدل‌های ریاضی بررسی سریع تأثیر بیماری کووید-۱۹ بر جمعیت، اقدامات موردنیاز دستگاه‌های بهداشت عمومی و اثربخشی اقدامات مختلف قرنطینه‌ای است. اخیراً مدل‌های مختلف اعم از ساده و پیچیده که شامل پارامترها و متغیرهای مختلفی می‌باشند برای دستیابی به این هدف مورداستفاده قرارگرفته‌اند. لازم به ذکر است برای استفاده از مدل‌های پیچیده به دلیل وجود کثرت پارامترها و متغیرها، نیاز به داده‌های دقیق برای ارزیابی است که متأسفانه داده‌های موجود برای بیماری کووید-۱۹ هنوز در دسترس نیست. بنابراین ناگزیر به استفاده از مدل‌های ساده هستیم.

مدل‌سازی دینامیکی ازجمله روش‌هایی هستند که برای مدل‌سازی ریاضی بیماری‌های واگیردار مورداستفاده قرار می‌گیرند. در این نوع از مدل‌ها، جمعیت، با فرض که کلیه افراد موجود در یک بخش از جمعیت دارای رفتار مشابهی هستند، به چند بخش تقسیم می‌شود. در این مدل‌ها معمولاً از معادلات دیفرانسیل قطعی استفاده می‌شود. اما می‌توان به این مدل‌ها در چارچوب‌های تصادفی نیز نگاه کرد که البته، واقعی‌تر هستند؛ اما پیچیدگی آن‌ها به‌مراتب بیش‌تر از مدل‌های قطعی خواهد بود.

در این مدل‌ها به بررسی این موضوع پرداخته می‌شود که بیماری‌های واگیردار چگونه گسترش پیدا می‌کنند. به‌عنوان مثالی از این مورد می‌توان به چگونگی شیوع (تعداد کل افراد مبتلا) یا طول مدت همه‌گیری اشاره کرد. مدل SIR یکی از ساده‌ترین انواع مدل‌های دینامیکی محسوب می‌شود و بسیاری از انواع دیگر مدل‌ها از این مدل پایه‌ای برگرفته‌شده‌اند. مدل SIR به شکل مناسبی برای بیماری‌های واگیرداری که از انسان به انسان منتقل و بهبودیافتگان آن در مقابل ابتلای مجدد مقاوم می‌شوند، قادر به انجام پیش‌بینی است. این مدل تقریباً از صدسال پیش برای مطالعه طاعون به‌کاررفته شده است [۶]. در اواسط قرن ۲۰ میلادی پیشرفت‌های عظیمی در بررسی اپیدمی پویا ایجاد شد [۷]. دردهای اخیر، عوامل مؤثری به مدل کلاسیک SIR اضافه‌شده است مانند مدلی که دوره نهفتگی بیماری را در نظر می‌گیرد [۸] یا مدل SEIRS که سن جمعیت و افراد در معرض را در نظر می‌گیرد [۹]. برخی از مدل‌های دینامیکی برای اپیدمی خاصی طراحی و شبیه‌سازی‌شده‌اند مانند HIV، SARS و سندروم تنفسی حاد [۱۰ و ۱۱].

طراحی مدل SIR برای یک بیماری اپیدمی نیاز به تعیین چندین پارامتر اصلی مانند نرخ ابتلا و نرخ حذف ازنظر تجربی یا آماری دارد. همان‌گونه که در فوق ذکر شد اگر دیگر خانواده‌های پیچیده این مدل به کار گرفته شود باید جزییات بیشتری در نظر گرفته شود به‌عنوان‌مثال جامعه تحت حفاظت و قرنطینه یکی از آن عوامل هست [۱۲]. برای استفاده از مدل‌های پیچیده‌تر که دارای دقت و جزییات بیشتری هستند نیاز به داده‌های گسترده و دقیق وجود دارد. داده‌های استفاده‌شده در این مقاله از سایت سازمان بهداشت جهانی استخراج‌شده‌اند و مربوط به بازه زمانی ۳۰ بهمن‌ماه ۱۳۹۸ تا ۱ دی‌ماه ۱۳۹۹ کشور ایران است. این داده‌ها در پنج ستون ارائه‌شده‌اند. تاریخ روز، تعداد افراد مبتلا در روز مذکور I، تعداد کل افراد مبتلا I_{tot}، تعداد افراد فوت‌شده در روز مذکور D، تعداد کل افراد فوت‌شده D_{tot} به ترتیب در ستون اول تا پنجم قرار دارند. این مجموعه داده جهت به‌روزرسانی پارامترهای مدل SIR برای درک تأثیرات و تخمین روند بیماری در جامعه ایران استفاده‌شده است. همچنین

[1] SARS-CoV-2
[2] COVID-19
[3] Reproduction number

[Downloaded from joc-isice.ir on 2026-11-09]
[DOR: 20.1001.1.20088345.1399.14.5.6.2]
[DOI: 10.52547/joc.14.5.89]

این مقاله این امکان را می‌دهد که با بررسی روند گسترش و تأثیر پارامترهای مختلف بر آن، پیش‌بینی از میزان ابتلا و مرگ میر تا پایان سال ۱۳۹۹ در دست باشد.بیماری بر اساس داده‌های ایران انجام‌شده است اختصاص می‌یابد. نتایج شبیه‌سازی بخش قبل و تجزیه تحلیل این نتایج در بخش چهار ارائه می‌گردد. در بخش پنج این پژوهش به بررسی پیامدهای روند کنونی بیماری و پیش‌بینی چگونگی گسترش آن در ماه‌های پایانی سال جاری می‌پردازد. در انتها به جمع‌بندی و تجزیه‌وتحلیل تأثیرات این بیماری بر جامعه ایران و تأثیرات اقدامات انجام‌شده تاکنون بر روند این بیماری و بایدها و نبایدهای موردنیاز جهت متوقف کردن گسترش این بیماری در ایران پرداخته‌شده است.

۲- مدل SIR

بیماری‌های همه‌گیر دارای پیچیدگی‌های زیادی هستند و عوامل متعددی بر گسترش و سرعت شیوع آن تأثیر می‌گذارند. مدل SIR فقط برخی از این عوامل را در نظر می‌گیرد که بسیار ساده است و نمی‌تواند موج جدید افراد در معرض ابتلا را در نظر بگیرد. در مدل کلاسیک SIR ترکیبی از افراد در معرض ابتلا S و افراد مبتلا I وجود دارد و کل جمعیت N در طول زمان ثابت است. جمعیت افراد در معرض ابتلا S به‌صورت یکنواخت به سمت صفر کاهش می‌یابد. کل جمعیت نیز برابر با مجموع افراد در معرض ابتلا S_{tot} ، افراد مبتلا I_{tot} و افراد حذف‌شده R_{tot} در نظر گرفته‌شده است .

مدل به کار گرفته‌شده در این مقاله همان مدل ساده کلاسیک SIR با سه معادله دیفرانسیل است که می‌تواند به‌راحتی پیاده‌سازی شود و درک خوبی از نحوه انتشار بیماری کووید-۱۹ در ایران بدهد. این مدل یک سیستم دینامیکی است که توسط سه معادله که تغییر زمانی سه جمعیت زیر را توصیف می‌کند، ارائه می‌شود:

۱. افراد در معرض ابتلا $S(t)$: این جامعه از افراد مبتلا نیستد ،اما ممکن است آلوده شوند. این افراد ممکن است مبتلا شده یا همچنان در معرض بمانند.

۲. افراد مبتلا $I(t)$: این گروه از افراد قبلاً به ویروس آلوده‌شده‌اند و می‌توانند آن را به افراد مستعد و در معرض گروه فوق انتقال دهند. یک فرد مبتلا ممکن است دوباره آلوده شود یا بهبود یابد $R_V(t)$ یا فوت شود.

۳. افراد حذف‌شده $R(t)$: این گروه افرادی هستند که یا بهبودیافته‌اند یا فوت کرده‌اند $D(t)$.

علاوه براین، فرض بر این است که مقیاس زمانی مدل SIR به اندازه‌ای است که می‌توان از تولد و مرگ (غیر از مرگ ناشی از ویروس کرونا) صرف‌نظر کرد و همچنین مرگ‌ومیر ناشی از این ویروس نسبت به جمعیت کشور کم است.

بر اساس مفاهیم و مفروضات ذکرشده در فوق معادلات مدل SIR به‌صورت زیر است:

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -aS(t)I(t)\\ \frac{dI(t)}{dt} &= aS(t)I(t) - bI(t)\\ \frac{dR(t)}{dt} &= bI(t)\end{aligned} \qquad (۱)$$

که در آن a و b پارامترهایی حقیقی و مثبت‌اند که به ترتیب رشد نمایی اولیه و کاهش نهایی جمعیت مبتلا $I(t)$ را نشان می‌دهند. سیر تحول جمعیت افراد مبتلا توسط معادله دوم از (۱) مشخص می‌شود که a نرخ ثابت مبتلا شدن افراد و b نرخ ثابت حذف افراد به‌واسطه بهبود یا مرگ است. همان‌گونه که ذکر شد کل جمعیت N برابر مجموع این سه گروه در مدل است که در رابطه (۲) نشان داده‌شده است:

$$N = S(t) + I(t) + R(t) \qquad (۲)$$

یک جمعیت کاملاً مستعد و در معرض بیماری، تعداد افراد آلوده جدید ایجادشده توسط هر بیمار برابر با است با نرخ تماس مؤثر آن فرد در متوسط دوره آلودگی، به معنای دیگر برابر با نسبت پارامتر a به b است . نرخ شیوع و انتقال بیماری به‌صورت (۳) است [۱۳]:

$$R_0 = a/b \qquad (۳)$$

۳- روش به‌کارگیری مدل برای داده‌های ایران

برای استفاده از مدل SIR با معادلات (۱) نیاز به مقادیر اولیه هر سه متغیر $S(t)$ ،I(t) ،R(t) است. اما داده‌های در دسترس تنها شامل نمونه‌های مبتلا شده جدید و تعداد مرگ جدید و مجموع این مقادیر است. مقدار اولیه $S(t)$ معمولاً به‌صورت تجربی به مدل داده می‌شود اما با توجه به عدم شناخت مناسب از بیماری و علائم آن در ابتدای ورود به کشور و همچنین جمعیت ۸۰ میلیونی و ارتباطات و تحرکات اجتماعی زیاد، تخمین مقدار اولیه افراد در معرض ابتلا برای ایران دشوار است. از طرفی برای شبیه‌سازی بهتر و ساده‌تر مدل با توجه به محدودیت داده‌ها، معادلات (۱) گسسته سازی شده‌اند و به دلایل ذکرشده به‌جای معادله (۱) و با در نظر گرفتن (۲) با فرض $N = 1$ معادله (۳) جایگزین معادله (۲) شده است.

[Downloaded from joc-isice.ir on 2026-11-09]
[DOR: 20.1001.1.20088345.1399.14.5.6.2]
[DOI: 10.52547/joc.14.5.89]

$$
\begin{aligned}
S(t) &= 1 - I(t) - R(t) \\
\Delta I &= aS(t)I(t) - bI(t) \\
I(t+1) &= I(t) + \Delta I * \Delta \\
\Delta R &= -bI(t) \\
R(t+1) &= R(t) + \Delta R * \Delta t
\end{aligned}
\qquad (۴)
$$

که Δt نمو و فاصله زمانی است که برابر با یک در نظر گرفته‌شده که نشان از یک روز است.

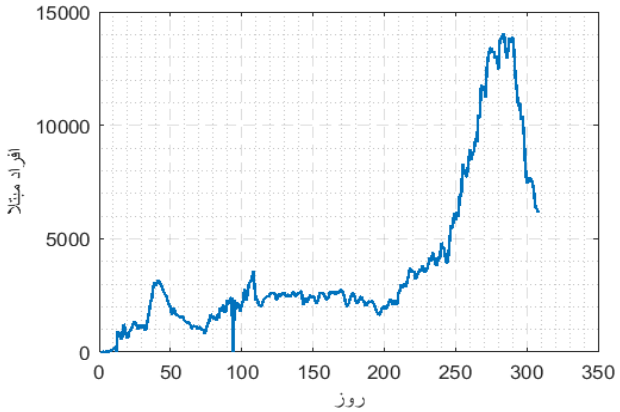
دو پارامتر نرخ ابتلا a و نرخ حذف b باید برای انجام شبیه‌سازی مشخص باشند. در انتقال و گسترش واقعی یک اپیدمی، نرخ ابتلا a یک پارامتر متغیر با زمان است که می‌توان تخمین آماری از آن بر اساس داده‌های اپیدمیولوژیک به دست آورد. برای نرخ حذف نیز به روشی مشابه عمل می‌شود. اما به دلیل در دسترس نبودن داده‌های دقیق ایران در این مقاله پارامترهای a و b به کمک نرم‌افزار متلب[1] و با سعی و خطا به‌دست‌آمده‌اند.

٤- نتایج شبیه‌سازی

در این مقاله فرض شده است که این نوع ویروس از قانون‌های پایه‌ای انتقال بیماری‌های اپیدمی پیروی می‌کند. متغیر $I(t)$ مانند یک تابع گاوسی عمل می‌کند از صفر افزایش می‌یابد به یک نقطه حداکثری می‌رسد و سپس کاهش می‌یابد و به یک نقطه پایدار می‌رسد. متغیر $S(t)$ به‌صورت یکنواخت کاهش می‌یابد تا به پایداری برسد و متغیر $R(t)$ نیز به‌صورت یکنواخت افزایش می‌یابد تا به پایداری برسد. این فرض با واقعیت کلی بیماری‌های اپیدمی نیز سازگار است.

داده‌های افراد مبتلا شده از تاریخ ۳۰ بهمن‌ماه ۱۳۹۸ تا ۳۰ آذرماه ۱۳۹۹ (۳۰۸ روز) در شکل ۱ نشان داده‌شده است. نمی‌توان برای کل این بازه از مقادیر یکسان پارامتر استفاده کرد به همین دلیل ۳۰۸ روز با توجه به نمودار و نقاط حداکثری محلی به پنج دوره تقسیم‌شده است. ۷۳ روز اول (۳۰ بهمن ۱۳۹۸ تا ۱۱ اردیبهشت ۱۳۹۹) را دوره اول در نظر گرفته‌شده و با سعی خطا نرخ ابتلا و نرخ حذف آن به‌دست‌آمده است. به همین ترتیب پارامترهای دوره دوم (۱۱ اردیبهشت ۱۳۹۹ تا ۲۱ خرداد ۱۳۹۹)، دوره سوم (۲۱ خرداد ۱۳۹۹ تا ۱۰ شهریور ۱۳۹۹)، دوره چهارم (۱۰ شهریور ۱۳۹۹ تا ۸ آذر ۱۳۹۹) و دوره پنجم (۸ آذر تا ۱ دی ۱۳۹۹) به‌دست‌آمده است. مقادیر پارامترهای a و b مربوط به دوره‌های فوق در جدول ۱ آورده شده است.

برای مقایسه تخمین مدل از این بیماری با داده‌های واقعی ایران در طول بازه ذکرشده و با توجه به (۲)، داده‌های استفاده‌شده در دامنه بین صفر و یک نرمال‌سازی شده‌اند.



شکل ۱. نمودار افراد مبتلا به کووید-۱۹ در بازه زمانی ۳۰ بهمن ۱۳۹۸ تا ۱ دی ۱۳۹۹ ایران.

جدول ۱. پارامترها نرخ ابتلا و نرخ حذف به ازای بازه‌های مختلف.

دوره زمانی	a (نرخ ابتلا)	b (نرخ حذف)
۹۸/۱۱/۳۰-۹۹/۰۲/۱۱	۰/۲۰۸	۰/۰۸۵
۹۹/۰۲/۱۱-۹۹/۰۳/۲۱	۰/۱۷	۰/۰۸۲
۹۹/۰۳/۲۱-۹۹/۰۶/۱۰	۰/۰۶۳	۰/۰۳۶
۹۹/۰۶/۱۰-۹۹/۰۹/۰۸	۰/۰۷	۰/۰۰۰۱
۹۹/۰۹/۰۸-۹۹/۱۰/۰۱	۰/۰۷	۰/۰۳۳

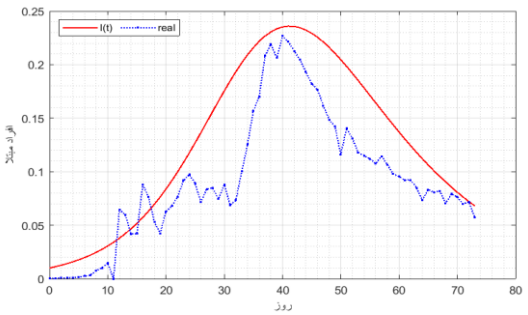
در شکل‌های ۲ تا ۶ نمودارهای مربوط به مقایسه تعداد افراد مبتلا با $I(t)$ و مرگ میر با $R(t)$پیش‌بینی مدل به ترتیب برای پنج بازه ذکر شده آورده شده است.

در نمودارهای مربوط به $R(t)$ اختلاف بسیار با تعداد مرگ‌ومیر وجود دارد که این اختلاف به این دلیل است که $R(t)$ برابر با مجموع مرگ‌ومیر و افراد بهبودیافته است درصورتی‌که داده‌های موجود فقط برای تعداد مرگ‌ومیر در دسترس است. هرچقدر این اختلاف بیشتر باشد به این معناست که نسبت افراد بهبودیافته بیشتر از افراد فوت‌شده است.

با توجه به شکل ۲ مشاهده می‌شود که مدل توانسته تخمین خوبی از افراد مبتلا و بهبودیافتگان داشته باشد. اختلاف اندک افراد مبتلا در شروع بازه اول با شرایط اولیه مدل را می‌توان به دلیل عدم آشنایی با بیماری در ابتدای ورود به کشور و در دست نبودن آمار دقیقی در آن حذف‌شده با افراد فوت‌شده در ابتدای بازه کاملاً منطقی و به این دلیل است که برای بهبودی کامل حداقل ۱۴ روز زمان نیاز است، پس در ۱۴ روز اول تعداد جامعه حذف‌شده برابر با افراد فوت‌شده است.

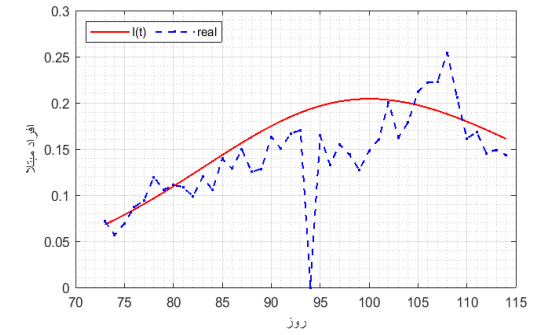
[1] Matlab

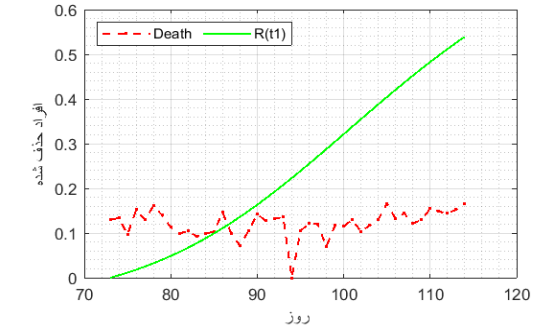
[Downloaded from joc-isice.ir on 2026-11-09]
[DOR: 20.1001.1.20088345.1399.14.5.6.2]
[DOI: 10.52547/joc.14.5.89]





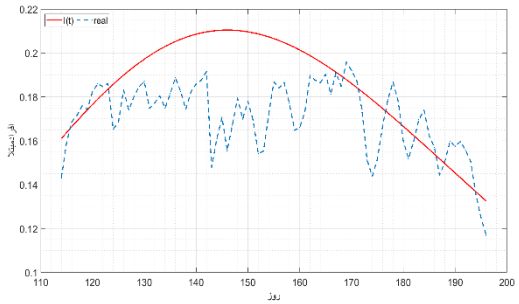
شکل ۲.. (الف) نمودار مقایسه افراد مبتلا شده در بازه اول و تخمین مدل از افراد مبتلا به ازای ($a = 0/208$ و $b = 0/085$). (ب) نقاط قرمزرنگ تعداد افراد فوت‌شده در اثر کرونا و خط سبزرنگ تخمین مدل از افراد حذف‌شده در بازه اول.

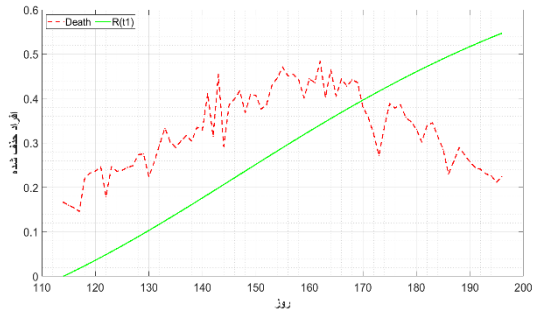




شکل ۳. (الف) نمودار مقایسه افراد مبتلا شده در بازه دوم و تخمین مدل از افراد مبتلا ($a = 0/17$ و $b = 0/082$). (ب) نقاط قرمزرنگ تعداد افراد فوت‌شده در اثر کرونا و خط سبزرنگ تخمین مدل از افراد حذف‌شده در بازه دوم.

نقطه بیشینه این دوره هم‌زمان با پایان یافتن تعطیلات نوروزی در ایران و مصادف با ۱۰ فروردین ۹۹ است. پس‌ازآن به دلیل اقدامات قرنطینه و هشدارهای دولت در رعایت پروتکل‌های بهداشتی و از طرف آگاهی مردم نسبت به جدی گرفتن بیماری شاهد کاهش افراد آلوده تا پایان این دوره و اواسط اردیبهشت‌ماه هستیم. در دوره‌های دوم و سوم نیز که به ترتیب در شکل ۳ و ۴ آورده شده‌اند مشاهده می‌شود که مدل با تمام سادگی توانسته تخمین خوبی از افراد آلوده داشته باشد. اما نمودار مربوط به افراد حذف‌شده در این دو دوره پایین‌تر از مرگ‌ومیر قرارگرفته و این اتفاق به دلیل شرایط اولیه صفر که برای افراد حذف‌شده برای تمام دوره‌ها در نظر گرفته‌شده است. می‌باشد. ازآنجاکه هدف بررسی هر دوره به‌طور مجزا بود شرایط اولیه افراد حذف‌شده در هر دوره برابر صفر قرار داده‌شده است تا میزان حذف افراد از جامعه مدل در هر دوره مشخص شود.

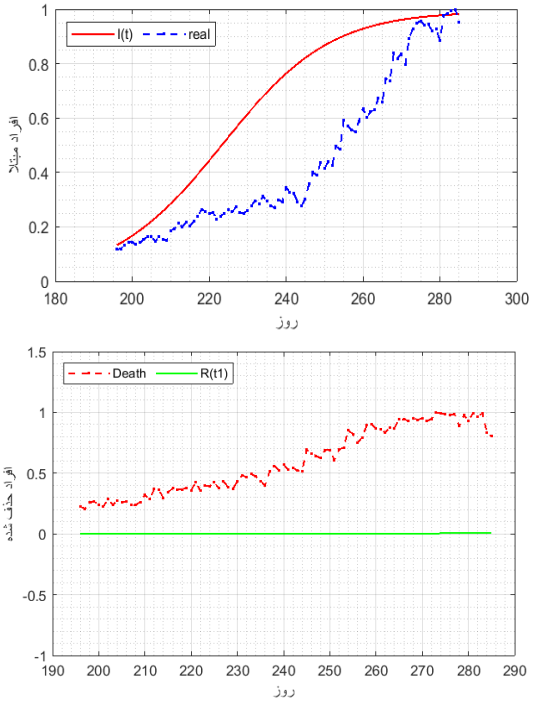




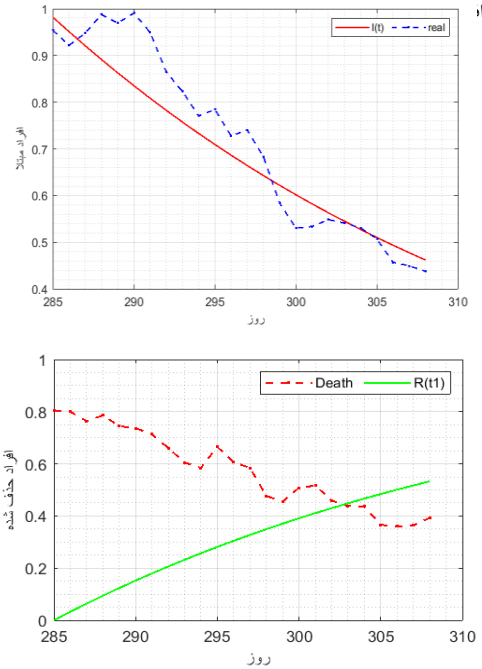
شکل ۴. آ (الف) نمودار مقایسه افراد مبتلا شده در بازه سوم و تخمین مدل از افراد مبتلا ($a = 0/063$ و $b = 0/036$). (ب) نقاط قرمزرنگ تعداد افراد فوت‌شده در اثر کرونا و خط سبزرنگ تخمین مدل از افراد حذف‌شده در بازه سوم.

در شکل ۵ شاهد جهش بسیار زیادی در تعداد افراد مبتلا در ایران هستیم. این جهش از قبل توسط کارشناسان و محققان به دلیل شروع فصل پاییز و سرد شدن هوا و در پی آن تقارن بیماری مسری دیگری مانند آنفولانزا و همچنین شروع سال تحصیلی پیش‌بینی شده بود. اما این جهش بسیار بیشتر از تصور و پیش‌بینی همه بود.

[Downloaded from joc-isice.ir on 2026-11-09]
[DOR: 20.1001.1.20088345.1399.14.5.6.2]
[DOI: 10.52547/joc.14.5.89]



شکل ۵. (الف) نمودار مقایسه افراد مبتلا شده در بازه چهارم و تخمین مدل از افراد مبتلا ($b = 0/0001$ و $a = 0/07$). (ب) نقاط قرمزرنگ تعداد افراد فوت‌شده در اثر کرونا و خط سبزرنگ تخمین مدل از



شکل ۶. (الف) نمودار مقایسه افراد مبتلا شده در بازه پنجم و تخمین مدل از افراد مبتلا ($b = 0/33$ و $a = 0/73$). (ب) نقاط قرمزرنگ تعداد افراد فوت‌شده در اثر کرونا و خط سبزرنگ تخمین مدل از افراد حذف‌شده در بازه پنجم.

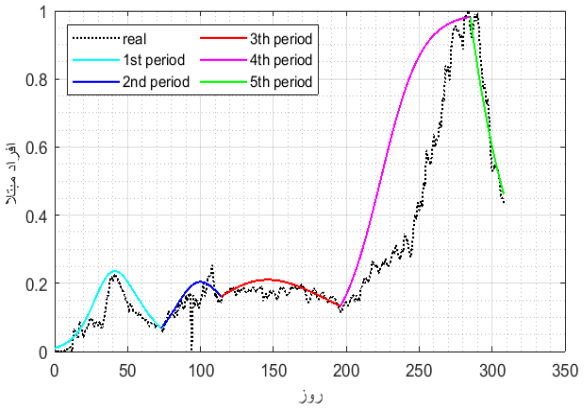
اگر پارامتر نرخ شیوع را مانند دوره‌های قبل نسبت a به b در نظر بگیریم این پارامتر برای این دوره برابر ۷۰۰ می‌شود. این تعارض به دلیل در نظر گرفتن عوامل مختلفی که در فوق ذکر شد و ساده‌سازی زیاد مدل است.

در دوره پنجم باوجود روند نزولی شدید در بین افراد آلوده همچنان نرخ شیوع این بیماری بیشتر از ۱ و برابر با ۲/۲۷ است. نرخ شیوع مربوط به تمام دوره‌ها در جدول ۲ آورده شده است.

جدول ۲. نرخ شیوع دوره‌های یک تا پنج.

دوره زمانی	R_0 (نرخ شیوع)
۹۸/۱۱/۳۰-۹۹/۰۲/۱۱	۲/۴۴۷
۹۹/۰۲/۱۱-۹۹/۰۳/۲۱	۲/۰۷۳
۹۹/۰۳/۲۱-۹۹/۰۶/۱۰	۰/۱۷۵
۹۹/۰۶/۱۰-۹۹/۰۹/۰۸	۷۰۰
۹۹/۰۹/۰۸-۹۹/۱۰/۰۱	۲/۲۱۲

در دوره‌های اول به دلیل گسترش کمتر و قرنطینه‌های سخت‌گیرانه‌تر توسط دولت رفتار این بیماری مانند سایر بیماری‌های همه‌گیر در گذشته بوده است. اما با گذشت زمان و تأثیر عوامل زیادی به‌ویژه شرایط اقتصادی ایران مردم ناچار به ترک قرنطینه شدند. پس ناگهان با شروع فصل سرد جهش عظیمی در مبتلایان به وجود آمد. پس‌ازاین اتفاق ازسرگیری قرنطینه سرسختانه و تصویب قوانین منع رفت‌وآمد و همچنین جریمه افراد خاطی توسط دولت، شاهد روند نزولی در افراد آلوده هستیم.



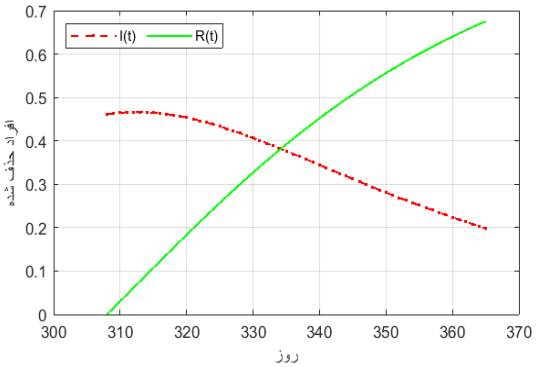
شکل ۷. نمودار تخمین مدل از افراد مبتلا در طول پنج دوره و تعداد افراد مبتلا آمار ایران.

۵- روند بیماری در آینده

با توجه به روند نزولی افراد آلوده در بازه کنونی و شروع واکسیناسیون در جهان پیش‌بینی می‌شود این روند جهش چشمگیری تا پایان سال نداشته باشد. اگر فرض کنیم پارامترهای a و b تا پایان سال جاری تغییر محسوسی نداشته باشند روند نزولی افراد مبتلا ادامه می‌یابد، اما به صفر نمی‌رسد. این روند در شکل ۸ نشان داده‌شده است. اما اگر

[Downloaded from joc-isice.ir on 2026-11-09]
[DOR: 20.1001.1.20088345.1399.14.5.6.2]
[DOI: 10.52547/joc.14.5.89]

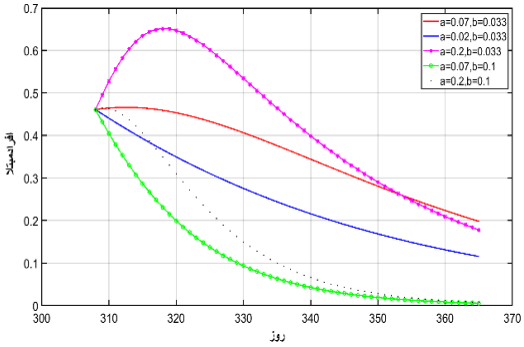
فرض کنیم به دلیل کمتر شدن قرنطینه و شروع خریدهای نوروزی و رونقی که هرساله در پایان سال وجود دارد نرخ ابتلا a بیشتر شود احتمال به وجود آمدن موج جدید، افزایش می‌یابد. همچنین با اعلام سازمان بهداشت ایران واکسیناسیون از بهمن‌ماه در ایران آغاز خواهد شد که این موضوع با افزایش نرخ حذف b همراه خواهد شد. ازآنجاکه نرخ شیوع بیماری هنوز در ایران بیشتر از یک است پس فرض به وجود آمدن حداقل یک نقطه بیشینه در نمودار افراد آلوده دارای احتمال بیشتری است. بنابراین با توجه به اینکه تغییر محسوسی حداقل تا شروع واکسیناسیون در حوزه درمان و سلامت ایران اتفاق نخواهد افتاد و به دلیل مشکلات اقتصادی ادامه دادن طولانی‌مدت محدودیت‌ها و قرنطینه امکان‌پذیر نیست می‌توان گفت که b تغییری نخواهد کرد و برای کنترل از گسترش بیماری باید a کاهش یابد تا نرخ شیوع R_0کمتر از یک شود. b در دوره پنجم برابر با ۰/۰۳۳ است با توجه به (۳) باید a حداکثر برابرb باشد تا مقدار R_0 در ایران به زیر یک برسد. در شکل ۹ مقایسه بین مقادیر متفاوتی از نرخ ابتلا a انجام‌شده است.



شکل ۸. تخمین مدل از افراد مبتلا و حذف‌شده با فرض ثابت ماندن پارامترهای دوره پنجم تا پایان سال ۹۹.

با توجه به شکل ۹ می‌توان متوجه تأثیر زیاد نرخ حذف در کاهش تعداد افراد آلوده تا پایان سال شد. به معنایی دیگر توانایی نظام درمانی و سلامت در بهبود افراد و در پی آن کاهش افراد آلوده‌ای که می‌توانند جامعه مستعد $S(t)$ را بیمار کنند بسیار مؤثر است. همان‌گونه که در این نمودار مشخص است حتی اگر نرخ سرایت و ابتلای بیماری a برابر با مقدار خود در ابتدای ورود به کشور و دوره اول گردد می‌توان با تقویت نظام درمان و سلامت تعداد مبتلایان را تا پایان سال جاری به مقدار بسیار اندکی رساند.

از عواملی که می‌تواند نرخ حذف افراد بیمار b را افزایش دهد شروع واکسیناسیون بخشی از کشور است. بهترین جامعه برای شروع واکسیناسیون افراد مستعد $S(t)$ می‌باشند. اما اگر تصمیماتی در این خصوص گرفته نشود و سیستم درمان کشور به همین منوال ادامه دهد و با احتمال افزایش نرخ ابتلا a شاهد موج جدیدی تا پایان سال خواهیم بود.



شکل ۹. مقایسه تعداد افراد مبتلا به ازای پارامتر ابتلا و حذف افراد تا پایان سال ۹۹.

٦- نتیجه‌گیری

نظریه‌های مدل‌سازی ریاضی ابزار مؤثری برای مطالعه الگوی شیوع بیماری‌های همه‌گیر در طول زمان هستند. این مدل‌ها، پیش‌بینی‌های مفیدی درزمینه تأثیر دخالت عوامل مختلف در کاهش تعداد افراد آلوده به عفونت‌ها و عوامل بیماری‌زا می‌دهد [۱۴-۱۶]. در این مقاله توانایی‌های مدل کلاسیک SIR به‌منظور تخمین پارامترهای مؤثر در گسترش بیماری کووید-۱۹ در ایران بررسی شد. با توجه به نتایج بخش چهار، دیده می‌شود که این مدل علی‌رغم سادگی، توانایی خوبی در تخمین پارامترها و تطبیق دادن داده‌ها به‌ویژه جامعه افراد مبتلا $I(t)$ دارد. برای دیگر گروه‌های مستعد و حذف‌شده نمی‌توان اظهارنظر قطعی کرد، زیرا داده‌هایی به‌منظور ارزیابی عملکرد این مدل برای این دو گروه در دسترس نیست. اما می‌توان دید که مدل پیشنهادی روند تغییرات این دوگره را در جامعه به‌خوبی تخمین زده است. با توجه به شکل ۱ و وجود تغییرات و نقاط بیشینه محلی زیادی که در داده‌های افراد بیمار در ایران وجود دارد، زمان ورود بیماری به کشور تا یک دی‌ماه ۱۳۹۹ به پنج دوره تقسیم‌شده است که به ازای هر دوره پارامترهای مؤثر به‌دست‌آمده است. این پارامترها نشان از تأثیر اقداماتی مانند قرنطینه، رعایت پروتکل‌های بهداشتی در جامعه و همچنین توان سیستم درمان و سلامت کشور است. با توجه به نتایج زمانی در دوره‌هایی که دولت قرنطینه‌های سخت‌گیرانه و محدودیت‌های تردد اعمال کرده است (دوره ۵) شاهد روند نزولی شدیدی در جامعه افراد مبتلا هستیم. از آن‌سو با متقارن شدن فصل پاییز و شروع بیماری‌های عفونی دیگر و رعایت نشدن پروتکل‌ها و فواصل اجتماعی در سطح جامعه به دلایل اقتصادی، شاهد رشد شدید بیماران در دوره چهارم هستیم.

از دیگر نتایج مهم این تحقیق می‌توان به تأثیر بسیار زیاد نرخ حذف اشاره کرد که نسبت مستقیمی با توانایی‌های سیستم درمان و سلامت کشور در روند بهبود افراد مبتلا دارد. درصورتی‌که دیده می‌شود از ابتدای ورود این بیماری به کشور نه‌تنها قدرت کادر درمان و نظام درمانی کشور بهبود داده نشده، بلکه به دلیل فوت عده‌ی زیادی از پزشکان و

[Downloaded from joc-isice.ir on 2026-11-09]
[DOR: 20.1001.1.20088345.1399.14.5.6.2]
[DOI: 10.52547/joc.14.5.89]

کادر درمان، خستگی و دیگر عوامل این نرخ b به‌مرورزمان کمتر شده است. اما امید است در اواخر سال ۱۳۹۹ با آغاز واکسیناسیون بخشی از این جامعه، پارامتر b افزایش داشته باشد تا مانند نتایج حاصل‌شده در شکل ۹ شاهد کنترل گسترش بیماری در جامعه و رسیدن مقدار نرخ شیوع R_0 به عددی کمتر از یک باشیم.

مراجع

[1] C.Sohrabi, Z.Alsafiz, N,O'Neill, M.Khan, A.Kerwan, A.Al-Jabir, C.Iosifidis, R.Agha, "World health organization declares global emergency: a review of the 2019 novel coronavirus (COVID-19) " Int J Surg 2020; 76:71–6. doi: 10.1016/j.ijsu.2020. 02.034

[2] F. He, Y.Deng, W.Li. "Coronavirus disease 2019 (COVID-19): what we know, "J Med Virol 2020. doi: 10.1002/jmv.25766.

[3] L.Wang, Y. Wang, D.Ye, Qq.Liu, "A review of the 2019 novel coronavirus (COVID-19) based on current evidence, " Int J Antimicrob Agents 2020:105948.doi:10.1016/j.ijantimicag.2020.105948.

[4] P.Pulla, "Covid-19: India imposes lockdown for 21 days and cases rise 2020. " doi: 10.1136/bmj.m1251,2020.

[5] H.Hethcote. "The mathematics of infectious diseases, " SIAM Rev. 42(4):599–653, 2020.

[6] W. O. Kermack and G. Anderson McKendrick, "Contributions to the mathematical theory of epidemics I. 1927," Bull. Math. Biol. vol. 53, pp. 33_55, Jan. 1991.

[7] N. T. J. Baily, "The Mathematical Theory of Infectious Diseases", 2nd, New York, NY, USA: Hafner, 1975.

[8] R. R. Tang, "The singularly perturbed boundary value problem of non-linear integro-differential system," Ann. Differ. Equ, vol. 4, pp. 407_412, Dec. 2004.

[9] M. Iannelli, M. Martcheva, and X. Z. Li, "Strain replacement in an epidemic model with superinfection and perfect vaccination," Math. Biosci. vol. 195, no. 1, pp. 23_46, 2005.

[10] J. Liu, Y. Tang, and Z. R. Yang, "The spread of disease with birth and death on networks," J. Stat. Mech. Theory Exp. vol. 2004, no. 8, 2004, Art.no. P08008.

[11] C.Dye, "Epidemiology: Modeling the SARS Epidemic, " Science, vol. 300, no. 5627, pp. 1884_1885, 2003.

[12] X. N. Han, S. J. De Vlas, L. Q. Fang, D. Feng, W. C. Cao, and J. D. F. Habbema, "Mathematical modelling of SARS and other infectious diseases in China: A review," vol. 14, no. s1, pp. 92_100, 2009, doi: 10.1111/j.1365-3156.2009.

[13] O.Bjørnstad, BF. Finkenstädt, BT. Grenfell, "Dynamics of measles epidemics: estimating scaling of transmission rates using a time series SIR model. " Ecol Monogr 72:169–184, 2002.

[14] G.Giordano, F.Blanchini, R.Bruno, P.Colaneri, A.Di Filippo, A.Di Matteo, M.Colaneri, "Modelling the COVID-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in Italy. " Nature Medicine 2020:1–6.

[15] C.Hou, J.Chen, Y. Zhou, L. Hua, J.Yuan, S.He, J. Zhang, " The effectiveness of quarantine of Wuhan city against the corona virus disease 2019 (COVID-19): A well-mixed SEIR model analysis. " Journal of medical virology.2019.

[16] C.Anastassopoulou, L.Russo, A.Tsakris, C.Siettos, "Data-based analysis, modelling and forecasting of the COVID-19 outbreak. " PloS one, 15(3). E0230405, 2020.

[Downloaded from joc-isice.ir on 2026-11-09]
[DOR: 20.1001.1.20088345.1399.14.5.6.2]
[DOI: 10.52547/joc.14.5.89]