

تحلیل گسترش کووید ۱۹ در ایران با استفاده از مدل مدل مستعد- مبتلا- بهبود یافته (SIR) و نرخ شیوع R0

محسن محمدی^۱

مقاله پژوهشی

چکیده

مقدمه: سازمان بهداشت جهانی، همه‌گیری کرونا ویروس جدید ۲۰۱۹ را به عنوان یک فوریت بهداشت عمومی با نگرانی بین‌المللی اعلام کرد. در این خصوص، رویکرد مدل‌سازی به طور گسترده‌ای برای مدل‌سازی شیوع بیماری‌ها در جمعیت مورد استفاده قرار می‌گیرد. هدف از انجام پژوهش حاضر، تحلیل گسترش کرونا ویروس COVID-19 (Coronavirus Disease) در ایران با استفاده از مدل مستعد- مبتلا- بهبود یافته SIR (Susceptible-Infected-Removed) و تعیین نرخ شیوع R0 افراد مبتلا در جامعه بود.

روش بررسی: در این مطالعه توصیفی، ابتدا روند گسترش بیماری کرونا مورد بررسی قرار گرفت و سپس از مدل SIR برای شناسایی شاخص‌های نرخ شیوع R0 جهت محاسبه ویژگی‌های همه‌گیری و برخی تخمین‌های ویروس کرونا در محیط برنامه نویسی R استفاده گردید. داده‌های مربوط به انتقال عفونت ویروس کرونا در ایران از تاریخ ۲۰۲۰/۰۲/۲۱ تا ۲۰۲۱/۱۰/۱۲ از منبع GitHub در بسته تحلیلی COVID-19 انتخاب شد.

یافته‌ها: بر اساس یافته‌های مدل SIR، تخمین افراد مبتلا شده در بازه ۶۰۰ روزه، ۵۶۱۹۰۳۲ مورد بود که نقطه بیشینه این دوره نیز در روز ۱۴۷م از ابتدای دوره می‌باشد. از طرف دیگر، با در نظر گرفتن مقادیر حاصل از نرخ شیوع R0 در بازه سه ماهه نهایی، گسترش بیماری تا حدود زیادی کنترل شده است، اما با این حال نرخ شیوع بیشتر از ۱ به دست آمد.

نتیجه‌گیری: با توجه به این که تغییرات محسوسی از شروع واکسیناسیون در ایران اتفاق افتاده است، می‌توان نتیجه گرفت که گسترش بیماری تا حدود زیادی کنترل شده است، اما تا زمانی که نرخ شیوع بیشتر از ۱ می‌باشد، باید کنترل بیشتری صورت گیرد.

واژه‌های کلیدی: کووید ۱۹، مدل مستعد- مبتلا- بهبود یافته؛ شیوع

پیام کلیدی: نتایج مطالعه حاضر نشان می‌دهد با توجه به این که تغییرات محسوسی از شروع واکسیناسیون در ایران اتفاق افتاده است، می‌توان نتیجه گرفت که گسترش بیماری تا حدود زیادی کنترل شده است، اما با این حال نرخ شیوع بیماری کرونا بیشتر از یک می‌باشد و برای کنترل بیشتر، باید این میزان کمتر از یک شود.

دریافت مقاله: ۱۴۰۰/۷/۲۸

پذیرش مقاله: ۱۴۰۰/۹/۱۴

تاریخ انتشار: ۱۴۰۰/۹/۱۵

ارجاع: محمدی محسن. تحلیل گسترش کووید ۱۹ در ایران با استفاده از مدل مدل مستعد- مبتلا- بهبود یافته (SIR) و نرخ شیوع R0. مدیریت اطلاعات سلامت ۱۴۰۰؛ ۱۸ (۵): ۱۹۷-۲۰۲

مقدمه

در سال ۲۰۱۹ نوع جدیدی از ویروس کرونا برای اولین بار در استان هوبی چین گزارش شد. طی چند ماه، این ویروس جدید قادر به ایجاد همه‌گیری جهانی بیماری کرونا ویروس COVID-19 (Coronavirus Disease) شد (۱). سازمان بهداشت جهانی، همه‌گیری COVID-19 را به عنوان یک فوریت بهداشت عمومی با نگرانی بین‌المللی اعلام کرد (۲، ۳). بیشتر افرادی که به ویروس COVID-19 مبتلا می‌شوند، بیماری تنفسی خفیف تا متوسط را تجربه می‌کنند و بدون نیاز به درمان خاصی بهبود می‌یابند. از جمله مؤثرترین روش‌ها برای کاهش انتشار ویروس بر اساس نتایج شبیه‌سازی‌ها و مدل‌های انتشار ویروس، می‌توان به مواردی همچون افزایش فاصله اجتماعی که به معنای دور ماندن از افراد به گونه‌ای است که ویروس نتواند به راحتی در بین افراد پراکنده شود، رعایت اصول بهداشتی مانند شستن مناسب دست‌ها، استفاده از ضد عفونی‌کننده دست و... که در نهایت، موجب کاهش شانس مؤثر ماندن ویروس می‌شود، قرنطینه که مجدد برای کاهش تماس غیر ضروری با سایر افراد بالقوه آلوده می‌باشد، اشاره نمود (۴). همه‌گیرشناسی (Epidemiology) شاخه‌ای از پزشکی است که به بروز، توزیع

و کنترل احتمالی بیماری‌ها در جمعیت می‌پردازد. به تازگی بسیاری از تحقیقات صورت گرفته با استفاده از مجموعه داده‌های واقعی بروز بیماری کرونا از کشورهای آسیب دیده، رویکرد مدل‌سازی را اتخاذ کرده‌اند (۵، ۶) و ویژگی‌های مختلف را به عنوان تابعی از شاخص‌های مختلف شیوع و تأثیر استراتژی‌های مداخله در موارد مختلف بررسی کرده‌اند (۲). مدل‌های همه‌گیرشناسی مانند روش برازش منحنی (Curve Fitting) و مستعد- مبتلا- بهبود یافته SIR (Susceptible-Infected-Removed) به منظور بررسی روند گسترش بیماری‌های همه‌گیر استفاده می‌شوند. در روش برازش منحنی، روند آینده بیماری برای پیش‌بینی چند روز آینده می‌تواند مفید باشد، اما در بلند مدت با خطای زیادی همراه است (۳).

مقاله حاصل تحقیق مستقل بدون حمایت مالی و سازمانی است.

۱- استادیار، فن‌آوری اطلاعات، گروه کامپیوتر، مجتمع آموزش عالی فنی- مهندسی اسفراین، اسفراین، ایران

نویسنده طرف مکاتبه: محسن محمدی؛ استادیار، فن‌آوری اطلاعات، گروه کامپیوتر، مجتمع آموزش عالی فنی- مهندسی اسفراین، اسفراین، ایران

Email: mohsen@esfarayen.ac.ir

شروع همه‌گیری آغاز می‌شود را شناسایی کند و نقاط داده‌ای زیر را برای ایجاد حدس مناسب برای دو شاخص توصیف‌کننده مدل SIR (نرخ ابتلا β و نرخ حذف γ) در نظر بگیرد.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta IS}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta IS}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases} \quad \text{رابطه ۱}$$

همچنین، مدل SIR مقدار تعداد تکثیر پایه یا نرخ شیوع R_0 را برآورد می‌کند که در آن $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$ تعریف می‌شود و می‌تواند به عنوان معیاری برای میانگین تعداد عفونت‌های جدید مورد انتظار از یک عفونت واحد در جمعیت در نظر گرفته شود که در آن همه افراد مستعد ابتلا به عفونت می‌باشند.

به منظور بررسی فضای شاخص‌های مدل SIR، می‌توان مجموعه‌ای از مدل‌ها را با تغییر شرایط تولید کرد؛ به این معنی که دامنه‌ای از تاریخ‌ها برای بهینه‌سازی شاخص‌های معادله SIR در نظر گرفته می‌شود که به طور مؤثر، می‌توان دامنه‌ای را برای شاخص‌های β ، γ و R_0 در مدل SIR توسط تابع رفت و برگشت (Sweep) ایجاد کرد. این تابع رفت و برگشت، محدوده‌ای از مقادیر را برای تاریخ اولیه در نظر می‌گیرد و فواصل مختلف تاریخ را ایجاد می‌کند تا چندین مدل SIR تولید نماید و شاخص‌های مربوط را برای هر مدل برگرداند. اگر R_0 کوچک‌تر از یک باشد، جمعیت آلوده I به صورت یکنواخت به سمت صفر کاهش و اگر بیشتر از یک باشد، افزایش می‌یابد. بنابراین، نرخ شیوع مؤثر R_0 به عنوان آستانه‌ای عمل می‌نماید که تعیین می‌کند آیا یک بیماری عفونی به سرعت از بین می‌رود یا منجر به همه‌گیری می‌شود (۲).

مقادیر شاخص‌های β ، γ و R_0 در بازه ۹۰ روزه انتهایی با استفاده از کد نوشته شده (شکل ۱) در محیط برنامه‌نویسی R که برای محاسبات آماری بین محققان بسیار ترویج دارد، محاسبه گردید.

یافته‌ها

روند کلی تغییرات روزانه موارد تأیید شده در ایران که به عنوان داده‌های سری زمانی گزارش شده در شکل ۲ نشان داده شده است.

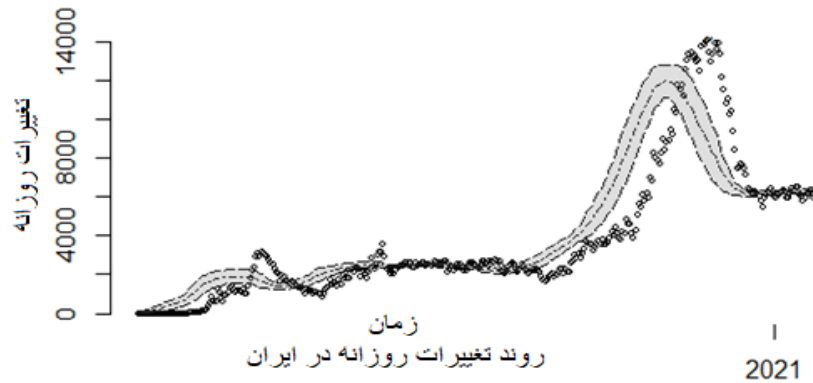
```
data <- covid19.data("TS-confirmed")
Iran.data <- data[ (data$Country.Region == "Iran") , ]
list1 <- 510:600
deltaT <- 20
R0s <- unlist(sweep(SIR.models(data=FR.data,geo.loc="Iran", t0_range=list1, deltaT=deltaT))["R0",])
Iran.infs<- preProcessingData(Iran.data,"Iran")
lst.list1 <- lapply(list1, function(x) x:(x+deltaT))
avg.Iran.infs <- lapply(lst.list1, function(x) mean(Iran.infs[x]))
plot(R0s, type='b')
plot(avg.Iran.infs, R0s, type='b')
```

شکل ۱: کد در محیط برنامه‌نویسی R به منظور انجام محاسبات

مدل SIR به طور گسترده‌ای برای مدل‌سازی شیوع بیماری‌ها در جمعیت مورد استفاده قرار می‌گیرد. زارع و وائق در پژوهش خود از مدل SIR جهت تحلیل گسترش COVID-19 در ایران استفاده کردند (۷). Calafiore و همکاران نیز تحلیل گسترش COVID-19 در ایتالیا را با استفاده از مدل SIR اصلاح شده مورد بررسی قرار دادند (۸). در مطالعه دیگری، Chen و همکاران از مدل SIR وابسته به زمان برای پیش‌بینی گسترش COVID-19 در چین استفاده کردند (۹). مروری بر بررسی انجام شده نشان می‌دهد که در مدل‌سازی‌های انتشار ویروس، شاخص‌ها به شدت به داده‌های واقعی که می‌توانند به عوامل دیگر نیز حساس باشند، بستگی دارند که از آن جمله می‌توان به جمع‌آوری داده‌ها یا پروتکل‌های گزارش‌دهی در میان سایر موارد (۱۰) اشاره نمود. از این‌رو، به دست آوردن داده‌های دقیق، قابل اعتماد و به‌روز، نه تنها هنگام تلاش برای درک شرایط انتشار ویروس، بلکه برای پیش‌بینی پیامدهای احتمالی همه‌گیری و همچنین، طراحی مناسب، دارای اهمیت فراوانی است (۱). علاوه بر مدل SIR، یکی از عوامل مهم در بررسی روند گسترش بیماری‌های همه‌گیر، مقدار نرخ شیوع R_0 به عنوان شاخص بسیار مهمی برای اندازه‌گیری شیوع بیماری در جامعه است (۲). بنابراین، هدف از انجام پژوهش حاضر، تحلیل گسترش COVID-19 در ایران با استفاده از مدل SIR و تعیین نرخ شیوع R_0 افراد مبتلا در جامعه بود.

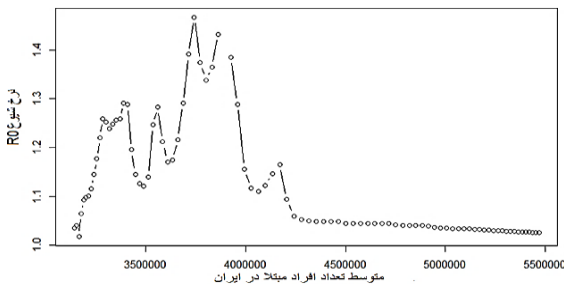
روش بررسی

در این مطالعه توصیفی، داده‌های مربوط به انتقال عفونت ویروس کرونا در ایران از تاریخ ۲۰۲۰/۰۲/۲۱ تا ۲۰۲۱/۱۰/۱۲ از منبع GitHub در بسته تحلیلی COVID-19 انتخاب شد که توسط مؤسسه علوم و مهندسی دانشگاه جانز هاپکینز (Johns Hopkins University) JHU جمع‌آوری گردید (۱۱). در تحقیق حاضر، ابتدا روند گسترش COVID-19 بررسی و سپس از مدل SIR برای شناسایی شاخص‌های نرخ شیوع به منظور محاسبه ویژگی‌های همه‌گیری و برخی تخمین‌های ویروس کرونا استفاده شد. مدل SIR با استفاده از سیستم معادلات دیفرانسیل معمولی به صورت رابطه ۱ اجرا می‌شود که در آن، S تعداد افراد مستعد ابتلا، I تعداد افراد مبتلا و R تعداد بهبود یافتگان در یک لحظه معین در زمان را نشان می‌دهد. ضرایب β و γ به ترتیب شاخص‌های کنترل‌کننده سرعت انتقال از S به I و از I به R می‌باشند. N تعداد کل افراد است؛ یعنی $N = S(t) + I(t) + R(t)$ که باید ثابت بماند (۱۲). این تابع سعی خواهد کرد نقاط داده‌ای که در آن



شکل ۲: روند تغییرات روزانه افراد مبتلا شده در ایران

بر اساس نتایج به دست آمده از مدل SIR، تخمین افراد مبتلا شده در این بازه، ۵۶۱۹۰۳۲ مورد می‌باشد که نقطه بیشینه این دوره نیز در روز ۱۴۷ام از ابتدای دوره است و پس از آن تعداد افراد آلوده شده کمتر شده‌اند. شکل ۴، مقادیر مختلف شاخص R_0 در بازه ۹۰ روزه انتهایی را نشان می‌دهد. بر این اساس، جهش زیادی در روزهای ابتدایی این دوره در تعداد افراد مبتلا وجود داشت و این جهش بیماری کرونا با افزایش به نسبت زیادی تقریباً تا اواسط این دوره مشاهده می‌شود و سپس روند نزولی قابل ملاحظه‌ای ایجاد شد. از طرف دیگر، کاهش بسیار چشمگیری در نرخ شیوع R_0 از اواسط این دوره تا انتهای آن می‌توان دید که نشان دهنده روند نزولی افراد مبتلا در جامعه می‌باشد. با توجه به این که تغییرات محسوسی در انتهای این بازه مشاهده می‌شود، می‌توان نتیجه گرفت که گسترش بیماری تا حدود زیادی کنترل شده است، اما با این حال نرخ شیوع بیشتر از یک می‌باشد و برای کنترل بیشتر نرخ شیوع باید کمتر از یک شود.

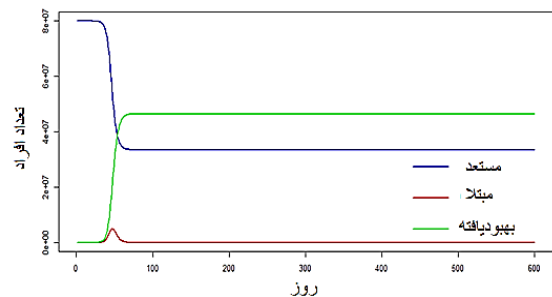


شکل ۴: شاخص R_0 در بازه ۹۰ روزه انتهایی

با توجه به این که جهش زیادی در روزهای انتهایی این دوره در تعداد افراد مبتلا در روند تغییرات روزانه موارد تأیید شده اتفاق افتاده است، مقادیر شاخص‌های β ، γ و R_0 در بازه ۹۰ روزه انتهایی در جدول ۱ قابل مشاهده می‌باشد. در واقع، این جدول دنباله‌ای از مقادیر برای R_0 و شاخص‌های β و γ متناظر که توصیف کننده مدل SIR است را نشان می‌دهد. نرخ شیوع مؤثر R_0 به عنوان آستانه‌ای عمل می‌نماید که تعیین می‌کند آیا یک بیماری عفونی به سرعت از بین می‌رود یا منجر به همه‌گیری می‌شود؟ با توجه به این که نرخ شیوع R_0 از مقادیر شاخص‌های β و γ به دست می‌آید، تمامی مقادیر به دست آمده R_0 بیشتر از یک می‌باشد و همانطور که پیش‌تر ذکر شد، برای کنترل بیشتر، نرخ شیوع باید کمتر از یک شود.

در ابتدای دوره با توجه به گسترش کم بیماری کرونا و قرنطینه که توسط دولت اعمال گردید، رفتار این بیماری مانند سایر بیماری‌های همه‌گیر در گذشته بود، اما با گذر زمان و تأثیر عوامل متعدد، جهش زیادی در تعداد افراد مبتلا به وجود آمد. این جهش زیاد در روزهای انتهایی این دوره در تعداد افراد مبتلا وجود داشت و سپس روند نزولی قابل ملاحظه‌ای مشاهده می‌شود. بنابراین، می‌توان نتیجه گرفت که گسترش بیماری تا حدود زیادی کنترل شده است.

در مدل SIR در انتقال و گسترش اپیدمی، می‌توان نرخ ابتلای β و نرخ حذف γ را بر اساس داده‌های اپیدمیولوژیک به دست آورد. شکل ۳، مدل SIR در بازه ۶۰۰ روزه موارد تأیید شده در ایران با در نظر گرفتن جمعیت ۸۰ میلیونی از ابتدای دوره را نشان می‌دهد.



شکل ۳: مدل Susceptible-Infected-Removed (SIR) روند

بیماری کرونا در بازه ۶۰۰ روزه

تخمین افراد مبتلا شده و بهبود یافته که به ترتیب به رنگ های قرمز و سبز در شکل مشخص شده است، به ازای شاخص‌های رابطه ۲ ارائه شده و جزئیات بیشتر آن در ادامه آمده است.

Beta=1, gamma = ۰/۶۶۷۶, $R_0 = ۱/۴۹۷۸$
 - Region: IRAN
 Time interval to consider: $t_0=30 - t_1= ; t_{final}=600$
 Number of days considered for initial guess: 26
 Fatality rate: 0.02
 Population of the region: $8e+07$
 Max nbr of infected: 5619032.44
 Max nbr of casualties, assuming 2% fatality rate: 99961.22
 Max reached at day: 47 ==> 2020-04-08

جدول ۱: مقادیر توصیف‌کننده مدل Susceptible-Infected-Removed (SIR) با شاخص‌های β ، γ و R_0 در بازه ۹۰ روزه

R_0	γ	β	R_0	γ	β	R_0	γ	β	R_0	γ	β
۱/۰۴	۰/۲۴	۰/۲۵	۶۱	۱/۲۹	۰/۰۲۴	۰/۰۳۱	۳۱	۱	۰/۱۱	۰/۱۱	۱
۱/۰۴	۰/۲۴	۰/۲۵	۶۲	۱/۳۹	۰/۰۱۸	۰/۰۲۵	۳۲	۱	۰/۰۹	۰/۰۹	۲
۱/۰۴	۰/۲۴	۰/۲۵	۶۳	۱/۴۷	۰/۰۱۵	۰/۰۲۳	۳۳	۱	۰/۵۰	۰/۵	۳
۱/۰۴	۰/۲۲	۰/۲۳	۶۴	۱/۳۷	۰/۰۲۰	۰/۰۲۸	۳۴	۱/۱	۰/۰۶	۰/۰۶	۴
۱/۰۴	۰/۲۲	۰/۲۳	۶۵	۱/۳۴	۰/۰۲۳	۰/۰۳	۳۵	۱/۱	۰/۰۴	۰/۰۴	۵
۱/۰۴	۰/۲۳	۰/۲۴	۶۶	۱/۳۶	۰/۰۲۱	۰/۰۲۹	۳۶	۱/۱	۰/۰۴	۰/۰۴	۶
۱/۰۳	۰/۲۵	۰/۲۶	۶۷	۱/۴۳	۰/۰۱۸	۰/۰۲۶	۳۷	۱/۱	۰/۰۴	۰/۰۴	۷
۱/۰۴	۰/۲۷	۰/۲۸	۶۸	۱/۳۸	۰/۰۲۱	۰/۰۲۹	۳۸	۱/۱	۰/۰۳	۰/۰۴	۸
۱/۰۴	۰/۲۷	۰/۲۸	۶۹	۱/۲۹	۰/۰۲۹	۰/۰۳۷	۳۹	۱/۱	۰/۰۳	۰/۰۳	۹
۱/۰۳	۰/۲۷	۰/۲۸	۷۰	۱/۱۶	۰/۰۵۶	۰/۰۶۵	۴۰	۰	۰/۰۲	۰/۰۳	۱۰
۱/۰۳	۰/۲۶	۰/۲۷	۷۱	۱/۱۲	۰/۰۷۶	۰/۰۸۵	۴۱	۱/۲	۰/۰۲	۰/۰۲	۱۱
۱/۰۳	۰/۲۵	۰/۲۶	۷۲	۱/۱۱	۰/۰۸۲	۰/۰۹۱	۴۲	۱/۳	۰/۰۲	۰/۰۲	۱۲
۱/۰۳	۰/۲۴	۰/۲۵	۷۳	۱/۱۲	۰/۰۷۳	۰/۰۸۲	۴۳	۱/۳	۰/۰۲	۰/۰۲	۱۳
۱/۰۳	۰/۲۴	۰/۲۴	۷۴	۱/۱۵	۰/۰۶۰	۰/۰۶۹	۴۴	۱/۲	۰/۰۲	۰/۰۲	۱۴
۱/۰۳	۰/۲۵	۰/۲۵	۷۵	۱/۱۷	۰/۰۵۳	۰/۰۶۲	۴۵	۱/۲	۰/۰۲	۰/۰۲	۱۵
۱/۰۳	۰/۲۵	۰/۲۵	۷۶	۱/۰۹	۰/۰۹۹	۰/۱۰۸	۴۶	۱/۳	۰/۰۲	۰/۰۲	۱۶
۱/۰۳	۰/۲۴	۰/۲۵	۷۷	۱/۰۶	۰/۱۷۲	۰/۱۸۲	۴۷	۱/۳	۰/۰۲	۰/۰۳	۱۷
۱/۰۳	۰/۲۴	۰/۲۵	۷۸	۱/۰۵	۰/۲۰۱	۰/۲۱۲	۴۸	۱/۳	۰/۰۲	۰/۰۲	۱۸
۱/۰۳	۰/۲۳	۰/۲۴	۷۹	۱/۰۵	۰/۲۱۲	۰/۲۲۳	۴۹	۱/۳	۰/۰۲	۰/۰۲	۱۹
۱/۰۳	۰/۲۲	۰/۲۳	۸۰	۱/۰۵	۰/۲۱۵	۰/۲۳۶	۵۰	۱/۲	۰/۰۳	۰/۰۴	۲۰
۱/۰۳	۰/۲۲	۰/۲۳	۸۱	۱/۰۵	۰/۲۱۲	۰/۲۳۳	۵۱	۱/۱	۰/۰۴	۰/۰۵	۲۱
۱/۰۳	۰/۲۳	۰/۲۳	۸۲	۱/۰۵	۰/۲۰۸	۰/۲۱۸	۵۲	۱/۱	۰/۰۵	۰/۰۵	۲۲
۱/۰۳	۰/۲۳	۰/۲۳	۸۳	۱/۰۵	۰/۲۱۴	۰/۲۲۴	۵۳	۱/۱	۰/۰۵	۰/۰۶	۲۳
۱/۰۳	۰/۲۲	۰/۲۳	۸۴	۱/۰۵	۰/۲۳۸	۰/۲۴۹	۵۴	۱/۱	۰/۰۴	۰/۰۵	۲۴
۱/۰۳	۰/۲۱	۰/۲۲	۸۵	۱/۰۵	۰/۳۳۷	۰/۳۴۸	۵۵	۱/۲	۰/۰۳	۰/۰۳	۲۵
۱/۰۳	۰/۲	۰/۲۱	۸۶	۱/۰۴	۰/۳۳۴	۰/۳۴۴	۵۶	۱/۳	۰/۰۲	۰/۰۳	۲۶
۱/۰۳	۰/۱۹	۰/۲۰	۸۷	۱/۰۴	۰/۳۳۲	۰/۳۴۳	۵۷	۱/۲	۰/۰۳	۰/۰۴	۲۷
۱/۰۳	۰/۱۹	۰/۲۰	۸۸	۱/۰۴	۰/۳۳۴	۰/۳۳۴	۵۸	۱/۲	۰/۰۴	۰/۰۵	۲۸
۱/۰۳	۰/۱۹	۰/۲۰	۸۹	۱/۰۴	۰/۳۳۱	۰/۳۳۱	۵۹	۱/۲	۰/۰۴	۰/۰۵	۲۹
۱/۰۳	۰/۱۹	۰/۲۰	۹۰	۱/۰۴	۰/۳۱۹	۰/۳۲۹	۶۰	۱/۲	۰/۰۳	۰/۰۴	۳۰

دست آمده، جهش زیادی در روزهای ابتدایی تقریباً تا اواسط دوره در تعداد افراد مبتلا به بیماری کرونا وجود دارد. دلیل جهش زیاد تا اواسط دوره را می‌توان تأثیر عوامل متعددی همچون شرایط اقتصادی ایران که منجر به ترک قرنطینه مردم شده است، ذکر کرد. سپس روند نزولی قابل ملاحظه‌ای مشاهده می‌شود. از طرف دیگر، کاهش بسیار چشمگیری در نرخ شیوع R_0 از اواسط این دوره تا انتهای آن می‌توان دید که نشان دهنده روند نزولی افراد مبتلا در جامعه است. دلیل این کاهش در روند تغییرات روزانه را می‌توان شروع واکسیناسیون در ایران عنوان کرد. بنابراین، با توجه به این که تغییرات محسوسی از شروع واکسیناسیون در ایران اتفاق افتاده، می‌توان نتیجه گرفت که گسترش بیماری تا حدود زیادی کنترل شده است، اما همان‌طور که ذکر شد، نرخ شیوع بیشتر از یک می‌باشد و برای کنترل بیشتر، نرخ شیوع باید کمتر از یک شود.

مطالعه حاضر محدودیت‌های را به همراه داشت. اول این که در داده‌ها به دلیل محدودیت، از منبع GitHub در بسته تحلیلی COVID-19 انتخاب شد و از

بحث

نتایج پژوهش حاضر نشان داد که روش‌های مدل‌سازی به طور گسترده‌ای برای مدل‌سازی شیوع بیماری‌های همه‌گیر در جامعه مورد استفاده قرار می‌گیرد. در میان رویکردهای مدل‌سازی، مدل SIR به طور گسترده‌ای به منظور مدل‌سازی شیوع بیماری‌ها در جمعیت مورد استفاده قرار گرفته است. در مدل SIR، نرخ شیوع R_0 به عنوان آستانه‌ای عمل می‌نماید که تعیین می‌کند آیا یک بیماری عفونی به سرعت از بین می‌رود یا منجر به همه‌گیری می‌شود.

در مطالعه زارع و واثق، داده‌های افراد مبتلا از ۳۰ بهمن سال ۱۳۹۸ تا ۳۰ آذر سال ۱۳۹۹ به پنج دوره زمانی تقسیم شد که مقادیر شاخص‌های به دست آمده در مدل SIR با اختلاف اندکی با یافته‌های بررسی حاضر مطابقت داشت (۷). تحقیق دلدار و همکاران به منظور پیش‌بینی گسترش بیماری کرونا در ایران با استفاده از مدل SIR انجام و پیک بیماری کرونا در ابتدای دوره در ۴۷امین روز گزارش گردید (۱۳) که با نتایج پژوهش حاضر همسو بود. با توجه به نتایج به

کتر از یک شود.

پیشنهادها

با توجه به این که مدل SIR مورد استفاده در پژوهش حاضر یک مورد ساده است، ممکن است پیش‌بینی‌های به دست آمده به اندازه کافی دقیق نباشد. بنابراین، جهت تخمین‌های دقیق‌تر گسترش بیماری‌های همه‌گیر مانند کرونا، پیشنهاد می‌شود از مدل‌های توسعه یافته SIR با در نظر گرفتن شاخص‌های بیشتر با داده‌های سری زمانی استفاده شود.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از کلیه افرادی که در انجام این مطالعه همکاری نمودند، تشکر و قدردانی به عمل می‌آید.

تضاد منافع

در انجام پژوهش حاضر، نویسندگان هیچ‌گونه تضاد منافی نداشته‌اند.

طرف دیگر، در زمان تحلیل داده‌ها با موج دیگری از شیوع بیماری کرونا در ایران مواجه بودیم که هنوز داده‌های آن تأیید نهایی نشده است. به دلیل این که عوامل بسیاری در گسترش بیماری‌های همه‌گیر مانند کرونا دخیل است، دارای پیچیدگی‌های زیادی می‌باشد که دومین محدودیت بود. بنابراین، جهت تحلیل گسترش دقیق‌تر آن، نیاز به شناسایی شاخص‌های بیشتر با استفاده از مدل‌های توسعه یافته SIR و در نظر گرفتن جزئیات بیشتر است.

نتیجه‌گیری

به تازگی تحقیقات بسیاری بر اساس رویکرد مدل‌سازی برای کنترل بیماری‌های همه‌گیر صورت گرفته است. در مطالعه حاضر از مدل SIR به منظور شناسایی شاخص‌های نرخ شیوع R_0 جهت محاسبه ویژگی‌های همه‌گیری و بروس کرونا در ایران استفاده شد و نتایج نشان داد با این که گسترش بیماری کرونا تا حدود زیادی کنترل شده است، اما با این حال نرخ شیوع بیشتر از یک می‌باشد و تلاش‌های زیادی برای کنترل بیشتر از جمله رعایت پروتکل‌های بهداشتی مانند استفاده عمومی از ماسک و رعایت فاصله اجتماعی، شناسایی بیماران و قرنطینه و درمان آن‌ها، واکسیناسیون افراد و نظایر آن باید صورت گیرد تا نرخ شیوع

References

1. Ponce M, Sandhel A. Covid19.analytics: An R Package to obtain, analyze and visualize data from the coronavirus disease pandemic. arXiv 2009: 01091.
2. Kraemer MUG, Yang CH, Gutierrez B, Wu CH, Klein B, Pigott DM, et al. The effect of human mobility and control measures on the COVID-19 epidemic in China. Science 2020; 368(6490): 493-7.
3. Cooper I, Mondal A, Antonopoulos CG. A SIR model assumption for the spread of COVID-19 in different communities. Chaos Soliton Fract 2020; 139: 110057.
4. Wang L, Zhou Y, He J, Zhu B, Wang F, Tang L, et al. An epidemiological forecast model and software assessing interventions on the COVID-19 epidemic in China. Journal of Data Science 2021; 18(3): 409-32.
5. Yang Z, Zeng Z, Wang K, Wong SS, Liang W, Zanin M, et al. Modified SEIR and AI prediction of the epidemics trend of COVID-19 in China under public health interventions. J Thorac Dis 2020; 12(3): 165-74.
6. Rojas S. Comment on "Estimation of COVID-19 dynamics "on a back-of-envelope": Does the simplest SIR model provide quantitative parameters and predictio ns? " Chaos Solit Fractals: X 2020; 5: 100047.
7. Zare Z, Vasegh N. Modeling and analysis of the spread of the COVID-19 pandemic using the classical SIR model. Journal of Control 2021; 14(5): 89-96. [In Persian].
8. Calafiore GC, Novara C, Possieri C. A modified SIR model for the COVID-19 contagion in Italy. Proceedings of the 59th IEEE Conference on Decision and Control (CDC); 2020 Dec 14-18; Jeju Island, South Korea.
9. Chen C, Lu E, Chang S, Liu H. A time-dependent sir model for covid-19 with undetectable infected persons. IEEE Trans Netw Sci Eng 2020; 7(4): 3279-94.
10. Faranda D, Castillo IP, Hulme O, Jezequel A, Lamb JSW, Sato Y, et al. Asymptotic estimates of SARS-CoV-2 infection counts and their sensitivity to stochastic perturbation. Chaos 2020; 30(5): 051107.
11. Johns Hopkins University Center for Systems Science and Engineering (JHU CSSE). Johns Hopkins University COVID-19 Data Repository [Online]. [cited 2021 Oct 1]; Available from: URL: <https://coronavirus.jhu.edu>
12. Harko T, Lobo FSN, Mak MK. Exact analytical solutions of the Susceptible-Infected-Recovered (SIR) epidemic model and of the SIR model with equal death and birth rates. Appl Math Comput 2014; 236: 184-94.
13. Deldar M, Tahmasebi Ghorabi S, Sayehmiri K. SIR model for estimations of the coronavirus epidemic dynamics in Iran. J Biostat Epidemiol 2020; 6(2): 101-6.

Analysis of Coronavirus Disease 2019 Spread in Iran Using Susceptible-Infected-Removed Model and Reproductive Rate R_0

Mohsen Mohammadi¹ 

Original Article

Abstract

Introduction: The World Health Organization (WHO) announced the new corona virus epidemic called coronavirus disease 2019 (COVID-19) as a public health emergency with international information. In this special modeling, they specifically use the device to model diseases. The purpose of this study was to analyze the spread of COVID-19 in Iran using the Susceptible-Infected-Removed (SIR) tool and to determine the R_0 identification rate of infected individuals in the community.

Methods: In this study, first the disease progression trend was investigated and then the SIR model was used to identify the R_0 indicators of epidemic characteristics and some viral diseases in the programming environment. Data related to transmission of virus infection in Iran from 02/21/2020 to 10/12/2021 were selected from the GitHub source in the COVID-19 analysis.

Results: Based on the results obtained from the SIR model, in the period of 600 days, the estimated number of infected people was 5619032, with the maximum point of this period taking place on the 47th day from the beginning of the period. On the other hand, considering the obtained values, the prevalence rate of R_0 in the final three months, the spread of the disease was largely controlled, however, the prevalence rate was more than one.

Conclusion: Considering that significant changes have occurred since the beginning of vaccination in Iran, it can be concluded that the spread of the disease has been largely controlled, but as long as the prevalence rate is more than one, more control should be exercised.

Keywords: COVID-19; Susceptible Infected Recovered Models; Prevalence

Received: 20 Oct., 2021

Accepted: 05 Dec., 2021

Published: 06 Dec., 2021

Citation: Mohammadi M. Analysis of Coronavirus Disease 2019 Spread in Iran Using Susceptible-Infected-Removed Model and Reproductive Rate R_0 . Health Inf Manage 2021; 18(5): 197-202.

Article resulted from an independent research without financial support.

1- Assistant Professor, Information Technology, Department of Computer, Esfarayen Engineering Higher Education Complex, Esfarayen, Iran
Address for correspondence: Mohsen Mohammadi; Assistant Professor, Information Technology, Department of Computer, Esfarayen Engineering Higher Education Complex, Esfarayen, Iran; Email: mohsen@esfarayen.ac.ir