

## برآورد عدد مولد پایه بیماری کووید ۱۹ با استفاده از فرایند شاخه ای با مهاجرت در داده های ایران

مریم رستگار<sup>۱\*</sup>، محمد تقی شاکری<sup>۲</sup>، وحید فکور<sup>۳</sup>

۱-دانشجوی دکتری آمار زیستی، گروه آمار زیستی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی مشهد، مشهد، ایران.

۲-استاد آمار زیستی، گروه آمار زیستی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی مشهد، مشهد، ایران.

۳-دانشیار، گروه آمار، دانشکده علوم ریاضی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران.

[rastegarm981@mums.ac.ir](mailto:rastegarm981@mums.ac.ir)

**مقدمه و اهداف:** ویروس جدید کرونا (کووید-۱۹) در ابتدا در پایان سال ۲۰۱۹ شناسایی شد و باعث بحران بهداشت جهانی شد. افزایش قابلیت انتقال ویروس که منجر به مرگ و میر زیاد شد، علاقه دانشمندان را در سراسر جهان برانگیخته است. بنابراین، روشها و مدل‌های مختلفی به طور گسترده مورد بحث قرار گرفته است. برای کنترل انتقال Covid-19 مدل سازی ریاضی یک ابزار مهم برای برآورد پارامترهای کلیدی انتقال ویروس است به طور دقیق تر، فرایند های شاخه ای یکی از روشهای مدل بندی بیماری های واگیر می باشند هدف این مقاله توصیف دو مدل از دینامیک عفونت کووید-۱۹ است. برای این منظور کلاس خاصی از فرآیندهای شاخه ای با دو نوع افراد در نظر گرفته شده است

**روش کار:** در این مقاله، یک روش فرایند شاخه ای دو حالتی را برای شیوع کووید-۱۹ در ایران استفاده شد. این مدل ها برای استفاده از آمارهای روزانه مشاهده شده فقط برای برآورد پارامتر اصلی عفونت و پیش بینی مقدار متوسط جمعیت غیر مشاهده شده از افراد آلوده در نظر گرفته شده اند. مؤلفه مهاجرت نیز در نظر گرفته شد. برآورد گرهای هریس و لاکتاناگایف برای برآورد عدد مولد پایه به داده های کووید-۱۹ برازش داده شد.

**یافته ها:** بر اساس برآوردگر هریس عدد مولد پایه نزدیک یک و بر اساس برآوردگر ل لوتکا-ناگایف کمتر از یک برای عدد مولد پایه بدست آمد.

**نتیجه گیری:** با توجه به اینکه اگر عدد مولد پایه کمتر از یک شد بیماری می تواند کنترل شود و تعداد مبتلایان به صفر میل کند. البته لازمه اینکه عدد مولد پایه زیر یک باقی بماند، رعایت پروتکل های بهداشتی و انجام واکسیناسیون و سیاست های پیشگیرانه دولت می باشد.

**واژه های کلیدی:** فرایند شاخه ای، بیماری کووید ۱۹، عدد مولد پایه، اپیدمیولوژی، برآورد.

# Estimation of basic reproduction number of Covid 19 disease using branching process with immigration in Iran data

Maryam Rastegar<sup>1</sup>, Mohammad Taghi Shakeri<sup>2</sup>, Vahid Fakoor Bafandeh<sup>3</sup>

1- PhD Student in Biostatistics, Department of Biostatistics, Faculty of Health, Mashhad University of Medical Sciences, Mashhad, Iran.

2- Professor of Biostatistics, Department of Biostatistics, Faculty of Health, Mashhad University of Medical Sciences, Mashhad, Iran.

3- Associate Professor, Department of Statistics, Faculty of Mathematical Sciences, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad-Iran.

1- Mohammad Taghi Shakeri, Address: Mashhad, Department of Biostatistics, Faculty of Health, Mashhad University of :**Corresponding authors** Medical Sciences, Mashhad, Iran. Email: ShakeriMT@mums.ac.ir

2- Vahid Fakoor Bafandeh, Address: Mashhad, Vakilabad Blvd., Ferdowsi University, Faculty of Mathematical Sciences, Department of Statistics. Email: fakoor@um.ac.ir

## Abstract

**Introduction and Objectives:** The new corona virus (Covid-19) was initially identified at the end of 2019 and caused a global health crisis. Increased virus transmission, which has led to high mortality, has aroused the interest of scientists around the world. Therefore, different methods and models have been widely discussed. To control the transmission of Covid-19, mathematical modeling is an important tool for estimating the main parameters of virus transmission. More precisely, branching processes are one of the methods of modeling infectious diseases. Is. For this purpose, a special class of branching processes with two types of people is considered.

**Methods:** In this paper, a two-state branch process method was used for the prevalence of Covid-19 in Iran. These models are intended to use daily observational statistics only to estimate the main parameter of infection and to predict the average unobserved population of infected individuals. The immigration component was also considered. The Harris and Lotka-Nagaev estimators were fitted to Covid-19 data to estimate the basic reproduction number.

**Results:** According to Harris estimator, the basic reproduction number was close to one and according to Lotka-Nagaev estimator, less than one was obtained for the basic reproduction number.

**Conclusion:** Considering that if the basic reproduction number is less than one, the disease can be controlled and the number of patients tends to zero. Of course, it is necessary for the basic reproduction number to remain below one, to comply with health protocols and to carry out vaccinations and government preventive policies.

**Keywords:** Branching process, Covid-19, Basic reproduction number, epidemiology, estimation.

## ۱- مقدمه

در دسامبر سال ۲۰۱۹، موارد بسیاری از بیماری شبیه پنومونی ویروسی سندرم حاد تنفسی (SARS) در ووهان چین مشاهده شد. بعداً، تأیید شد که ناشی از یک کروناویروس می باشد، در ۳۰ ژانویه سال ۲۰۲۰، سازمان جهانی بهداشت شیوع کووید-۱۹ را به عنوان یک وضعیت اضطراری جهانی اعلام کرد (۱). در ۱۱ فوریه سال ۲۰۲۰، سازمان جهانی بهداشت این بیماری های ۲۰۱۹ را با عنوان کووید ۱۹ نام برد و به عنوان ویروس جدید اعلام کرد. در ۱۱ مارس ۲۰۲۰ سازمان جهانی بهداشت، کووید-۱۹ همه گیر اعلام کرد. تا ۱۸ آوریل سال ۲۰۲۰، بیش از ۲۱۶۰۲۰۷ مورد در سطح جهان تأیید شد و کمیسیون بهداشت ملی چین (NHC) گزارش داد ۸۲۸۲۳۵ مورد در چین مبتلا شدند، که ۷۷۰۶۲ بهبودی و ۴۶۳۲ فوت شدند. در حال حاضر ۲۳۳،۶۲۷،۶۸۲ نفر در جهان مبتلا و ۴،۷۸۰،۷۲۷ فوت کرده اند. در ایران تا کنون ۵،۵۵۹،۶۹۱ مبتلا و ۱۱۹،۸۸۸ مورد فوت شده اند (۲).

در نگاهی به تاریخ پاندمی ها در دوران مختلف در می یابیم که بروز بیماری های واگیر از ابتدای حیات اجتماعی بشر، وجود داشته و همواره تهدیدکننده ی زندگی و تمدن انسانی بوده است. بیماری واگیر بخشی از تاریخ بشر است و تاکنون بارها انسان از این ناحیه ضربه خورده است، مانند بیماری کووید-۱۹ که باعث حدود ۱۸۰ میلیون مورد ابتلا و چهار میلیون مرگ در جهان شده است (۱). یکی از موارد مهم که در برآورد قدرت انتقال پذیری و سرایت یک بیماری واگیردار نقش اساسی دارد، عدد مولد پایه است. این مقدار که با  $R_0$  نشان داده می شود، برابر میانگین تعداد افرادی از یک جمعیت مستعد بیماری است که توسط یک شخص بیمار آلوده می شوند. در مراقبت های بهداشتی و کنترل اپیدمیولوژی، هدف این است که  $R_0$  کمتر از یک باشد. چون اگر  $R_0$  کمتر از یک باشد، بیماری نمی

تواند همه گیر شود ولی اگر  $R_0$  بیشتر از یک باشد، آنگاه با احتمال یک، بیماری همه گیر می شود و لازم است برای کاهش عدد مولد پایه به زیر یک، مداخله پزشکی مانند واکسیناسیون و رعایت پروتکل های بهداشتی صورت گیرد (۳).

یکی از روشهایی که عدد مولد پایه با آن برای بیماری های واگیر محاسبه می شود فرایند شاخه ای است. امروزه فرایند شاخه ای نقش مهمی را در علوم مختلف دارد. این نظریه تاکنون در حوزه های مختلف زیست شناسی مانند زیست شناسی مولکولی، زیست شناسی سلولی، اپیدمیولوژی و پزشکی مورد استفاده قرار گرفته است. فرایند شاخه ای یکی از فرایندهای تصادفی مهم است که از آن برای مدل کردن جمعیتی به کار می رود که در آن هر فرد از نسل  $n$  به تعدادی تصادفی  $k_n$  فرزند در نسل  $n+1$  تولید کند، که  $k_n$  از یک توزیع مشخص انتخاب می شود. به دلیل وابسته بودن تعداد اعضا در هر نسل تنها به نسل قبل، این فرایند یک زنجیر مارکوف می سازد. این فرایندها به طور عمده برای مدل کردن تولید مثل در جمعیت های گوناگون به کار می روند.

تمرکز اصلی در نظریه ی فرایندهای شاخه ای احتمال انقراض است، که به حالتی اشاره دارد که پس از تعداد متناهی نسل، دیگر هیچ فردی باقی نماند. می توان نشان داد که با فرض شروع با یک نفر در نسل صفر، متوسط اندازه ی نسل  $n$  ام برابر است با  $m^n$ . اگر متوسط تعداد فرزندان هر نفر  $m$  باشد. اگر  $m < 1$  باشد، آنگاه تعداد متوسط افراد به سمت صفر میل می کند که در این صورت طبق نابرابری مارکوف با احتمال ۱ منقرض می شود. از طرف دیگر، اگر  $m > 1$  باشد، آنگاه احتمال انقراض کمتر از ۱ است. برای  $m = 1$ ، در نهایت انقراض با احتمال ۱ رخ می دهد، مگر اینکه هر فرد دقیقاً یک فرزند داشته باشد (۳).

مسئله ی استنباط برای  $m$ ؛ به طور گسترده توسط آترایا و نی (۱۹۷۲)، هید (۱۹۷۶)، بهات و ادکی (۱۹۸۱)، ناگایف (۱۹۸۱)، ویکینی و وی (۱۹۹۰ و ۱۹۹۱) مورد مطالعه قرار گرفت. در حالت  $m > 1$  یک برآوردگر طبیعی برآورد ناگایف<sup>۴۸</sup> یا برآوردگر نسبت می باشد که ناریب و بطور مجانبی نرمال است (۴). برآوردگر نسبت فقط از داده های نسل  $n$  و  $n+1$  استفاده می کند. وقتی داده ها از همه نسل ها یعنی ۱ تا  $n$ ، در دسترس هستند، هریس (۱۹۴۸) و همچنین جاگرز (۱۹۷۵) برآوردگر حداکثر درستنمایی ناپارامتری را برای  $m$  توسعه دادند که سازگار و بطور مجانبی نرمال است (۵).

در مراحل اولیه اپیدمی، هنگامی که بیشتر افراد مستعد ابتلا به عفونت هستند، ریاضیدانان می توانند شیوع بیماری را از فرد به شخص دیگر الگوبرداری کنند که اساساً یک "فرآیند شاخه ای" تصادفی است.

اگر یک فرد آلوده به طور متوسط دو نفر دیگر را آلوده کند، تعداد افراد آلوده هر نسل دو برابر می شود. این ترکیب به عنوان رشد نمایی شناخته می شود.

البته یک فرد آلوده قطعاً قصد آلوده کردن دیگران را ندارد. عوامل زیادی در احتمال ابتلا به عفونت مؤثر است. در یک بیماری همه گیر، نرخ رشد بستگی به میانگین تعداد افرادی دارد که یک نفر می تواند مبتلا کند و مدت زمان لازم برای آنکه افراد آلوده شوند.

هدف از این مقاله، الگوسازی و برآورد رشد عفونت کووید ۱۹ در جمعیت است. برای این منظور یک کلاس خاص از فرایندهای شاخه ای با دو نوع از افراد آلوده بصورت ثبت روزانه ساخته و در نظر گرفته می شود. در واقع هدف شناسایی افراد "آلوده شده تشخیص داده نشده" و "آلوده شده" است. همچنین تعمیم این وضعیت با فرض در نظر گرفتن مؤلفه مهاجرت نیز بررسی شد. در این روش با استفاده از داده های مشاهده شده برای افراد آلوده به صورت ثبت روزانه کووید-۱۹ عدد مولد پایه برای ابتلا به عفونت برآورد شد.

مدل نظری مبتنی بر فرآیند شاخه ای دو حالت در ادامه به تفصیل شرح داده شده است. صرف نظر از سادگی، مدل مزیت بزرگی دارد که فقط از داده های رسمی مشاهده شده آزمایشگاهی استفاده می شود.

### روش تحقیق:

اشاره می شود که مدل در نظر گرفته شده چند منظوره است اما کاربرد در هر کشور خاص است زیرا اساساً به داده های رسمی آن کشور بستگی دارد. داده های مورد استفاده برای برآورد پارامترهای مدل از گزارش های رسمی سازمان بهداشت جهانی (WHO) استفاده شده است (۶).

توجه شود که داده های مشاهده شده تعداد مبتلایان جدید (روزانه) است که با  $Z_2(n)$  مشخص می شوند. اطلاعات مربوط به تعداد مبتلایان ثبت نشده با  $Z_1(n)$  مشخص می شود (غیرقابل مشاهده) است. تعداد اولیه  $m_0 = EZ_1(n)$  نیز نامعلوم است. در اینجا  $n$ ، تعداد روز مربوطه از ابتدای آلودگی است. اگر فرض کنیم  $Z_1(0) > 0$  و  $Z_2(0) = 0$  برای  $n = 1, 2, \dots$  آنگاه

<sup>48</sup>- Nagaev

$$Z_1(n) = \sum_{j=1}^{Z_1(n-1)} \xi_1^{(1)}(n;j) \quad , \quad n = 1, 2, \dots \quad (1)$$

که  $\xi_1^{(1)}(n;j)$  را می توان به عنوان تعداد فرزندان والد  $n$  ام در نسل  $n$  ام تفسیر کرد. به عبارتی تعداد مبتلایان جدید توسط فرد مبتلای مشاهده شده  $n$  ام در روز  $n$  ام می باشد.

$$Z_2(n) = \sum_{j=1}^{Z_1(n-1)} \xi_2^{(1)}(n;j) \quad , \quad n = 1, 2, \dots \quad (2)$$

که  $\xi_2^{(1)}(n;j)$  را می توان به عنوان تعداد مبتلایان جدید توسط فرد مبتلای مشاهده نشده  $n$  ام در روز  $n$  ام می باشد.

برآورد را می توان در مراحل زیر خلاصه کرد.

۱. بر اساس هر نمونه  $Z_2(1), \dots, Z_2(n)$  ها، میانگین تعداد افراد آلوده جدید توسط یک فرد آلوده توسط برآوردگرهای نوع هریس<sup>49</sup>، لوتکا-ناگایف<sup>50</sup> و کرامپ-هوو<sup>51</sup>، برآورد شده است که در بالا در نظر گرفته شد. معادلات سه برآوردگر را بصورت زیر می توان نوشت:

وقتی که  $m > 1$  و  $n$  به اندازه کافی بزرگ باشد، برآوردگر لاتکا ناگایف بصورت

$$\hat{m}_n = \frac{Z_2(n+1)}{Z_2(n)} \quad (3)$$

و برآوردگر هریس بصورت

$$\bar{m}_n = \frac{\sum_{i=2}^{n+1} Z_2(i)}{\sum_{j=1}^n Z_2(j)} \quad (4)$$

و برآوردگر کرامپ-هوو بصورت

$$\bar{\bar{m}}_n = \frac{\sum_{i=n+1}^{n+t} Z_2(i)}{\sum_{j=n}^{n+t-1} Z_2(j)} \quad (5)$$

خواهد بود (۷). با برآورد  $m > 1$  می توان افراد آلوده شده که ثبت نشده اند (مشاهده نشده) را نیز برآورد کرد. که  $A_1(n) = EZ_1(n)$  و می توان با برآوردگرهای لاتکانگایف و کرامپ هوو محاسبه کرد.

با برآورد  $m$  می توان مقدار متوسط افراد آلوده (مشاهده نشده) در جمعیت را نیز پیش بینی نمود. در موردی که فرض کنیم  $Z_1(0) = 1$  باشد،  $M_1(n) = EZ_1(n)$  را می توان به ترتیب با  $\hat{m}_n^n$  یا  $\bar{m}_n^n$  یا  $\bar{\bar{m}}_n^n$  تقریب زد؛ در واقع این بدان معناست که می توان از سه نوع برآورد کننده برای تقریب متوسط افراد آلوده مشاهده نشده استفاده کرد.

$$\hat{M}(n) = \hat{m}_n^n, \quad \bar{M}(n) = \bar{m}_n^n, \quad \bar{\bar{M}}(n) = \bar{\bar{m}}_n^n \quad (*)$$

$$\hat{M}(n+k) = \hat{m}_n^{n+k}, \quad \bar{M}(n+k) = \bar{m}_n^{n+k}, \quad \bar{\bar{M}}(n+k) = \bar{\bar{m}}_n^{n+k}$$

حال اگر به جای (۱) فرایند شاخه ای با مهاجرت در نظر گرفته شود، فرایند بصورت زیر در نظر نوشته می شود.

<sup>49</sup> - Harris

<sup>50</sup> - Lotka-Nagacv

<sup>51</sup> - Crump-Hove

$$Y_1(n) = \sum_{j=1}^{Y_1(n-1)} \xi_{1(n;j)}^{(1)} + I_n \quad , \quad n = 1, 2, \dots \quad (6)$$

$$Y_2(n) = \sum_{j=1}^{Y_1(n-1)} \xi_{2(n;j)}^{(1)} \quad , \quad n = 1, 2, \dots \quad (7)$$

$Y_1(n)$  تعداد کل افراد نوع مبتلای نوع ۱ (مشاهده نشده) در روز  $n$  ام که توسط افراد روز  $(n-1)$  ام آلوده شده اند به علاوه مهاجران جدید آلوده  $I_n$  است.  $Y_2(n)$  تعداد کل افراد آلوده رسمی ثبت شده در روز  $n$  ام است. میانگین مولفه مهاجرت را نیز بصورت  $a = EI_n$  تعریف کرد. برآوردگرهای میانگین فرایند شاخه ای با مهاجرت به شرح ذیل خواهند بود.

اگر حالتی در نظر گرفته می شود که  $m > 1$  و برای  $n$  به اندازه کافی بزرگ برآوردگر لاتکا ناگایف بصورت

$$\hat{m}_n = \frac{Y_2(n+1)}{Y_2(n)} \quad (8)$$

، برآوردگر هریس بصورت

$$\hat{\bar{m}}_n = \frac{\sum_{i=2}^{n+1} Y_2(i)}{\sum_{j=1}^n Y_2(j)} \quad (9)$$

و برآوردگر کرامپ-هوو بصورت

$$\bar{m}_n = \frac{\sum_{i=n+1}^{n+t} Y_2(i)}{\sum_{j=n}^{n+t-1} Y_2(j)} \quad (10)$$

می باشند (۱۲). با برآورد  $m > 1$  می توان افراد آلوده شده که ثبت نشده اند (مشاهده نشده) را نیز برآورد کرد. که  $A_1(n) = EY_1(n)$  و می توان با برآوردگرهای لاتکانگایف و کرامپ هوو محاسبه کرد.

با توجه به اینکه مدل بصورت فرایند شاخه ای با مهاجرت در نظر گرفته شد پس باید میانگین مولفه مهاجرت  $a$  نیز برآورد شود. اول از همه یک مورد خاص وجود دارد که اگر  $a = m$  باشد آنگاه از برآوردگر هریس استفاده می شود.

$$\hat{A}_1(n) = \frac{\hat{m}_n(\hat{m}_n^n - 1)}{\hat{m}_n - 1}, m > 1; \hat{A}_1(n) = \hat{m}_n n, m = 1 \quad (11)$$

به طور کلی باید از برخی اطلاعات اضافی استفاده شود. به عنوان مثال ، اگر تعداد مهاجرین آلوده تا روز  $K$  ،  $I_K$  باشد، می توان میانگین مهاجرت افراد آلوده را برآورد کرد

$$a_n^* = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n I_k$$

$$\hat{A}_1(n) = \frac{a_n^*(\hat{m}_n^n - 1)}{\hat{m}_n - 1}, m > 1; \hat{A}_1(n) = a_n^* n, m = 1 \quad (12)$$

برای برآوردگرهای دیگر نیز می توان به طور مشابه عمل کرد

مقادیر متوسط تعداد مورد انتظار افراد آلوده ثبت نشده  $M_1$  برای سه نوع برآوردگر محاسبه می شود. مقادیر میانگین تعداد مورد انتظار افراد آلوده ثبت نشده با برآوردگر هریس به صورت

$$M_1(s+k) = m_0 m^{s+k} = M_1(s) m^k$$

حال بجای  $m_0$  مقدار  $M_1(s)$  که متوسط افراد آلوده شده در روز  $s$  ام می باشد استفاده شده است. به منظور مطالعه، مقدار  $S$  را ۲۰ روز قبل از پایان داده های مشاهده شده تعیین می کنیم ، یعنی  $s = n - 20$ .

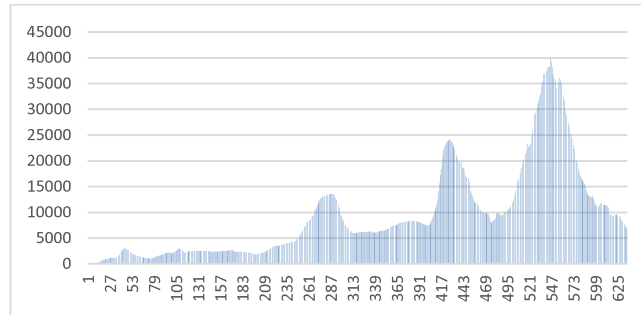
۲. نسبت  $\alpha(n)$  افراد آلوده ثبت شده در میان جمعیت کل افراد آلوده در روز  $n$  ام تخمین زده می شود.

$$3. \alpha(n) = \frac{Z_2(n)}{\{Z_2(n) + M_1(n)\}}$$

۴. تعداد مورد انتظار افراد در مدل دارای مهاجرت  $A_1(n) = EY_1(n)$ ، بر اساس برآوردگر هریس، در بالا (۱۲) محاسبه شد.

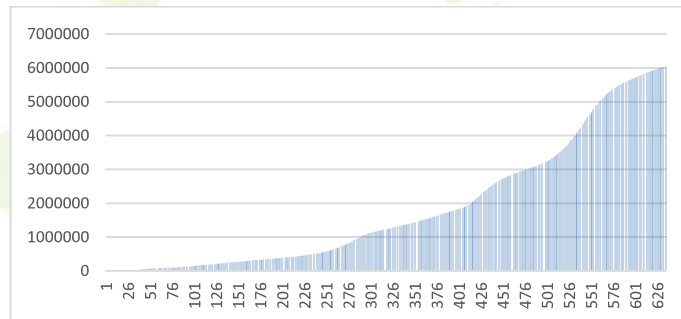
۵. برای نتایج بدست آمده فواصل اطمینان ۹۵٪ ارائه شده است.

در مرحله اول، رویکرد توصیف شده در بالا را با داده های گزارش شده کووید-۱۹ موارد ابتلای روزانه در ایران توسط سازمان جهانی بهداشت، نشان داده شد.



نمودار (۱): تعداد موارد تایید شده آزمایشگاهی روزانه کشور ایران تا ۱۶-۱۱-۲۰۲۱

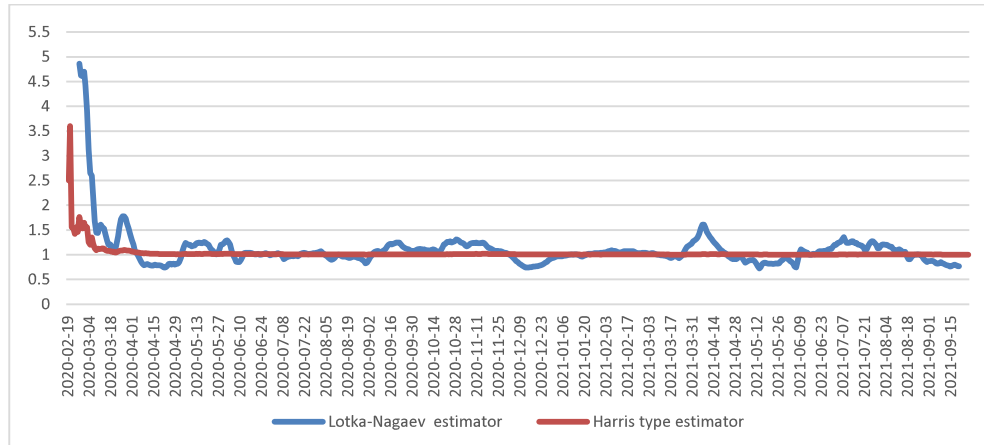
در شکل ۱ می توان تعداد موارد تایید شده آزمایشگاهی روزانه کشور ایران مشاهده کرد. در این شکل داده های  $Y_2(n)$  مشاهده می شود. مقادیر تجمعی مربوط کووید-۱۹ (تعداد کل موارد ثبت شده  $\sum_{i=1}^n Y_2(i)$ ) در شکل ۲ ارائه شده است که رشد نمایی قوی را نشان می دهد.



نمودار (۲): تعداد کل موارد ثبت شده کشور ایران تا تاریخ ۱۶-۱۱-۲۰۲۱

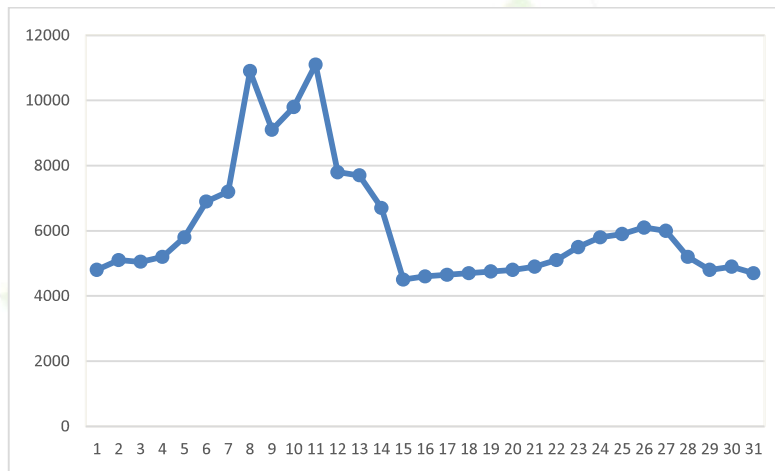
مقایسه بین برآوردگرهای نوع هریس و نوع لوتکا-ناگایف از میزان رشد (عدد مولد پایه) را می توان در شکل ۳ مشاهده کرد.

پس از مقادیر برآورد اولیه بزرگ، زیر ۱.۱ ثابت می شود، که توسط نظریه فرآیندهای شاخه ای به عنوان یک فرایند کمی فوق بحرانی تعیین می شود. که با رشد نمایی نشان داده شده در بالا مطابقت دارد. نتایج بعدی نشان می دهد که برآوردگر نوع هریس رفتار پایدار تری نسبت به برآوردگر نوع لوتکا-ناگایف دارد.



نمودار(۳): مقایسه بین برآوردهای نوع هریس و نوع لوتکا-ناگایف از میزان رشد (عدد مولد پایه)

مرحله بعدی محاسبه میانگین مقادیر مورد انتظار افراد آلوده ثبت نشده با برآوردهای هریس است که با  $s=30$  شروع می شود (شکل ۴).



نمودار(۴): تعداد مورد انتظار از افراد آلوده ثبت نشده با مهاجرت (بر حسب هفته)

جدول(۱): برآورد میانگین فرایند شاخه ای و سایر پارامترهای مدل

$K$	$m_{(n-k)}$	$CI\ 95\%$	$Alpha(a)$	$AI_{(n-k)}$	$MI_{(n-k)}$
4	1.0104	0.9212 - 1.0996	0.5949	62844	63252
3	1.0052	0.9179 - 1.0925	0.5963	63904	64319
2	1.0002	0.9146 - 1.0857	0.5917	63340	63751
1	1.0011	0.9166 - 1.0856	0.5490	55628	55989
0	1.0000	0.9162 - 1.0838	0.4739	48626	48941

در جدول (۱) رویکرد توصیف شده در بالا را با داده های گزارش شده روزانه کووید-۱۹ در ایران نشان داده شد. برآوردهای هریس  $m$  برای ۵ هفته آخر محاسبه شده است که مقادیری نزدیک یک اما بیشتر از یک بدست آمد و همچنین برای نتایج بدست آمده فواصل اطمینان ۹۵٪ ارائه شد. نسبت  $\alpha$ ، افراد آلوده ثبت

شده در میان جمعیت کل افراد آلوده برای ۵ هفته آخر که نشان دهنده روند افزایشی ثبت و شناسایی افراد مبتلا می باشد. تعداد مورد انتظار افراد در مدل دارای مهاجرت  $A_1(n)$ ، بر اساس برآوردگر هریس محاسبه شد، مقادیر متوسط تعداد مورد انتظار افراد آلوده ثبت نشده  $M_1$  نیز بدست آمد.

#### بحث:

در این پژوهش یک مدل فرایند شاخه ای دو حالتی به داده های کوید ۱۹ برازش داده شد و بر اساس آن میانگین تعداد افرادی که یک فرد مبتلا آلوده می کند به دو روش برآورد شد. برآورد هریس نسبت به برآوردگر لاتکا نایف پایدارتر بود و مقدار برآورد گر هریس نزدیک مقدار یک با یک فاصله اطمینان ۹۵ درصد نیز برای آن محاسبه شد که شامل مقدار بحرانی یک بود و برآوردگر ناگایف مقدار میانگین روز های اخیر را کمتر از یک نشان می دهد که نشان از احتمال کاهش و حتی صفر شدن موارد ابتلا می باشد. از جمله دلایلی که باعث کاهش عدد مولد پایه در این بیماری واگیر گردیده است افزایش پوشش واکسیناسیون می باشد که طبق گزارش سازمان جهانی بهداشت در ایران میزان پوشش واکسیناسیون تا ۲۶ سپتامبر ۲۰۲۱، ۵۱ درصد می باشد. برای پایان یافتن این بیماری همه گیر، باید بخش بزرگی از جهان در برابر این ویروس مصون باشند. ایمن ترین راه برای رسیدن به این هدف استفاده از واکسن است. واکسن ها فناوری ای هستند که بشریت در گذشته برای کاهش تعداد مرگ و میر بیماری های عفونی از آن استفاده می کرده است (۸). در مقاله ای که توسط Mitrofanı و Koutras نوشته شده بود، برای مدلسازی تمام مراحل انتقال از فرایندهای شاخه به منظور تجزیه و تحلیل گسترش شیوع ویروس کرونا در منطقه یونان استفاده شد و یک مدل هموار نمایی به داده ها برازش دادند (۹). Slavtchova-Bojkova با مطالعه ای تحت عنوان مدل فرایند شاخه ای برای همه گیری کروناویروس بیان داشت مدلهای عمومی فرایند شاخه ای برای توصیف شیوع عفونت در جمعیت معین مناسب تر و انعطاف پذیرتر از مدلهای زمان مجزا بود. به طور خاص، فرایند شاخه ای Crump-Mode-Jagers به عنوان گزینه مناسب برای مدل سازی بیماریهای عفونی با دوره کمون مانند سرخک، اوریون، آنفولانزای مرغی و غیره در نظر گرفته می شود. می توان اشاره کرد که روش توسعه یافته برای بیماریهای SIR (حساس-آلوده-حذف) و SEIR (حساس- در معرض عفونت-حذف) از نظر مدل های اپیدمیولوژیک قابل اجرا است (۱۰).

#### نتیجه گیری :

برآورد مقدار میانگین تولید مثل  $m$  به ما این امکان را می دهد تا فرایند آلودگی را به عنوان فوق بحرانی ( $m > 1$ )، بحرانی ( $m = 1$ ) و غیر بحرانی ( $m < 1$ ) طبقه بندی کنیم. در مورد فوق بحرانی میانگین رشد جمعیت مبتلا نمایی است، در حالت بحرانی میانگین رشد جمعیت مبتلا ثابت است و در مورد غیر بحرانی نیز کاهش متوسط جمعیت بصورت نمایی است. بر اساس برآوردگر هریس عدد مولد پایه نزدیک یک اما بر اساس برآوردگر لوتکا-ناگایف کمتر از یک شد که البته لازمه اینکه عدد مولد پایه زیر یک باقی بماند، رعایت پروتکل های بهداشتی و انجام واکسیناسیون و سیاست های پیشگیرانه دولت می باشد.

#### مراجع:

- [1] <https://covid19.who.int/>
- [2] <https://covid19.who.int/region/wpro/country/cn>
- [3] Brauer F, Driessche PD, Wu J. Lecture notes in mathematical epidemiology. Berlin, Germany. Springer. 2008;75(1):3-22.
- [4] Athreya KB, Ney PE, Ney PE. Branching processes. Courier Corporation; 2004 Mar 19.
- [5] Bhat BR, Adke SR. Maximum likelihood estimation for branching processes with immigration. Advances in Applied Probability. 1981 Sep;13(3):498-509.
- [6] World Health Organization. <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situationreports/>
- [7] Yanev NM. Statistical inference for branching processes, Ch. 7 (143-168) in: Records and Branching processes, Ed. M. Ahsanullah, GP Yanev.
- [8] <https://www.worldometers.info/coronavirus/>
- [9] Mitrofanı IA, Koutras VP. A Branching Process Model for the Novel Coronavirus (Covid-19) Spread in Greece. International Journal of Modeling and Optimization. 2021 Aug;11(3).
- [10] Slavtchova-Bojkova M. Branching processes modelling for coronavirus (COVID-19) pandemic. In13th International Conference on Information Systems and Grid Technologies, ISGT 2020 (Vol. 2020, p. 2656).