

مدل سازی ریاضی همه گیری کووید-۱۹

رامین کاظمی

چکیده. در این مقاله، با معرفی مدل های به خوبی تثبیت شده ی همه گیری شناسی، مدل های اتا فکی و مدل آیزینگ، به نمونه ای از کاربردهای آنها در توصیف همه گیری ها و از جمله برخی جنبه های کووید-۱۹ اشاره و چندین دیدگاه در این رابطه ارائه می شود. همچنین، اهمیت فاصله گذاری اجتماعی در جلوگیری از شیوع کووید-۱۹ نشان داده خواهد شد. بین مدل های ریاضی استاندارد مورد استفاده در بیماری های همه گیر و مفاهیم تثبیت شده در فیزیک ماده ی چگال، مانند گاز فرمی و تصویر مایع فرمی، ارتباط برقرار می کنیم. با توجه به عدم امکان پیش بینی دقیق شیوع بیماری، اهمیت بررسی عوامل اضافی مانند تغییرات آب و هوایی و شهرنشینی در توصیف ریاضی همه گیری ها مورد تاکید قرار می گیرد.

۱. مقدمه

در یک رده بندی کلی، بیماری ها را می توان به دو رده بیماری های واگیردار و غیرواگیر تقسیم کرد. بیماری های واگیردار، بسته به پایین بودن یا بالا بودن احتمال واگیری ممکن است در سطحی محدود مانده و مهار شوند یا تبدیل به همه گیری شده و کل جامعه را درنوردند. از دسامبر سال ۲۰۱۹، کووید-۱۹ (بیماری کروناویروس) به یکی از مهم ترین و پربحث ترین موضوعات تبدیل شده است. پروتئین اسپایک^۱، به عنوان عامل شیوع سریع کووید-۱۹، دارای قرارگاهی است که توسط آنزیمی به نام فیورین^۲ فعال می شود. این پروتئین روی سطح ویروس معلق^۳ است و بنابراین متأسفانه منجر به ابتلای بسیار آسان سلول های انسانی می شود. از این رو، فوریتی برای توصیف ریاضی مناسب شیوع کووید-۱۹ با هدف مهار این بیماری وجود دارد. این امر به ویژه با هدف حمایت از سازمان های دولتی سلامت در سراسر جهان برای به حداکثر رساندن تأثیرگذاری سازوکار حمایت پزشکی در چنین بحران جهانی ضروری است.

در این مقاله، مدل های به خوبی تثبیت شده ی همه گیری شناسی، مدل های اتا فکی^۴ و به ویژه مدل SIR ^۵ و مدل آیزینگ^۶، مرور می شوند. همچنین، از یک مدل شبه آیزینگ با اسپین $S = 1/2$ و یک تابع شبه فرمی-دیراک (لوژستیک) برای توصیف شیوع کووید-۱۹ استفاده می شود. نشان داده می شود که:

- منحنی های همه گیری را می توان با یک تابع نوع گاوسی^۷ توصیف کرد،

عبارات و کلمات کلیدی: همه گیری، کووید-۱۹، مدل آیزینگ، مدل SIR ، تابع نوع گاوسی، تابع لوژستیک.
دبیرتخصصی رابط: مجید اسدی

نوع مقاله: مروری

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱۱/۱۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۳/۰۲

<http://dx.doi.org/10.22108/MSCI.2022.132935.1497>

¹spike protein ²furin ³dangling ⁴compartmental models ⁵SIR model ⁶Ising-model ⁷Gaussian-type function

- تطور زمانی تعداد تجمعی آلودگی‌ها و مرگ‌ومیرها از تابع لوژستیک پیروی می‌کند که شباهت‌هایی با تابع اختلال‌یافته‌ی فرمی-دیراک^۸ دارد،
 - و نقش کلیدی ایفا شده به‌کمک قرنطینه برای جلوگیری از شیوع کووید-۱۹ برحسب یک پارامتر تعاملی^۹، که بیانگر تماس بین افراد آلوده و غیرآلوده است، پیروی می‌کند [۲۵].
- همچنین، اهمیت فاصله‌گذاری اجتماعی در جلوگیری از شیوع کووید-۱۹ به یک شیوه‌ی آموزشی نشان داده خواهد شد.

۲. مدل‌های اتاقکی

مدل‌های اتاقکی روشی کلی برای مدل‌سازی هستند و اغلب برای مدل‌سازی ریاضی بیماری‌های عفونی به‌کار می‌روند. این مدل‌ها شامل تعداد معینی از اتاقک‌ها هستند که توسط برچسب‌هایی به‌هم متصل می‌شوند. ترتیب برچسب‌ها معمولاً الگوهای جاری بین اتاقک‌ها را نشان می‌دهد. به‌عنوان مثال، مدل $SEIS$ به‌معنای مستعد واگیری، در معرض، واگیردار و سپس مستعد واگیری است. این مدل‌ها اغلب با معادلات دیفرانسیل معمولی (که تعیینی هستند) تنظیم می‌شوند، اما می‌توانند با یک چارچوب ناتعیینی (تصادفی) نیز استفاده شوند که واقعی‌تر است ولی تحلیل آن بسیار پیچیده‌تر خواهد بود. همچنین، این مدل‌ها سعی می‌کنند مواردی مانند نحوه شیوع یک بیماری، تعداد کل مبتلایان، یا طول مدت یک بیماری همه‌گیر را پیش‌بینی کنند و پارامترهای همه‌گیری متنوعی مانند «نرخ ابتلای پایه» را برآورد کنند. چنین مدل‌هایی می‌توانند نشان دهند که چگونه مداخلات مختلف بهداشت عمومی ممکن است بر نتیجه همه‌گیری تأثیر بگذارد.

در میان مدل‌های اتاقکی و در حوزه همه‌گیری‌شناسی، مدل SIR (S : مستعد واگیری، I : واگیردار، R : محذوف) در مقام اول قرار دارد. چنین مدلی مخاطره‌ی انتقال تماسی، متوسط تعداد تماس‌ها بین افراد را به‌عنوان تابعی از زمان t ، و مدت زمانی که شخص آلوده باقی می‌ماند و بنابراین می‌تواند دیگران را آلوده کند، در نظر می‌گیرد. مدت‌زمان دوم، ما را قادر می‌سازد تا به متوسط تعداد افرادی که به‌طور مستقیم آلوده شده‌اند، R_0 ، پی ببریم. معمولاً مقدار R_0 تعیین می‌کند که آیا بیماری سرانجام ناپدید می‌شود ($R_0 < 1$)، آیا بیماری بوم‌گیر^{۱۰} می‌شود ($R_0 = 1$) یا اینکه آیا همه‌گیری به‌وجود خواهد آمد ($R_0 > 1$). علاوه‌براین، سه متغیر اطلاعات کلیدی مربوط به بیماری را ارائه می‌دهند، یعنی کسری از افراد S که مستعد آلوده‌شدن هستند، کسری از افراد I' که قبلاً آلوده شده‌اند و بنابراین می‌توانند دیگران را آلوده کنند و کسری از افراد R که در برابر این بیماری ایمن می‌شوند. منحنی همه‌گیری با به‌کارگیری سه معادله‌ی مرتبه‌ی اول جفت‌شده‌ی

$$(1.2) \quad \frac{dS}{dt} = -\beta' \kappa S I',$$

$$(2.2) \quad \frac{dI'}{dt} = \beta' \kappa S I' - \frac{I'}{D},$$

$$(3.2) \quad \frac{dR}{dt} = \frac{I'}{D},$$

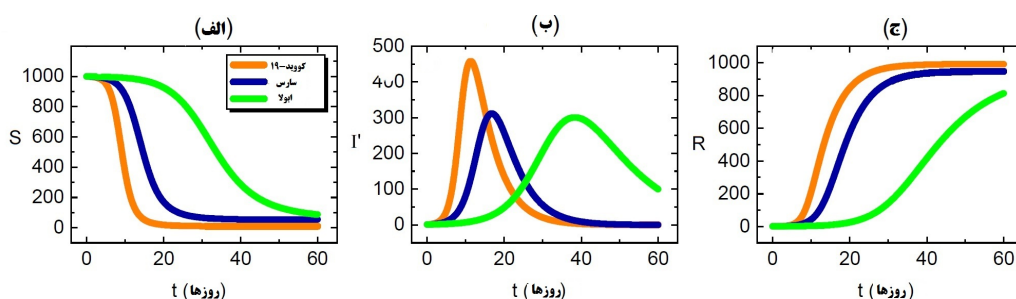
به‌دست می‌آید که در آن β' مخاطره‌ی انتقال تماس است، κ متوسط تعداد تماس‌ها بین افراد به‌عنوان تابعی از زمان است، و D به زمانی اشاره می‌کند که یک شخص آلوده‌شده، آلوده باقی می‌ماند و در نتیجه می‌تواند دیگران را آلوده کند. همچنین، با استفاده از پارامترهای قبلی، R_0 را می‌توان به‌صورت $R_0 = \beta' \kappa D$ نوشت.

اگرچه دستگاه معادلات تعیین‌شده در چارچوب مدل SIR رفتار همه‌گیری را به‌خوبی توصیف می‌کند، اما عامل‌های β' ، D ، و در نتیجه R_0 ، ثابت در نظر گرفته می‌شوند. با این حال، چنین عواملی را می‌توان در طول زمان تحت تأثیر پارامترهای دیگر، برای مثال، فاصله‌گذاری تغییر داد. بنابراین، یک وابستگی زمانی β' و D باید به‌حساب آورده شود. با توجه به غیرخطی بودن

⁸distorted Fermi-Dirac-like function ⁹interacting parameter ¹⁰endemic

دستگاه معادلات، جواب‌های ریاضی نابديهی‌اند، زیرا در بسیاری از حالت‌ها نیاز به آنالیز عددی وجود دارد. اکنون، به‌منظور کامل بودن، هر یک از معادلات مختلف را به‌طور جداگانه تحلیل می‌کنیم. علامت منفی در معادله‌ی (۱۰۲) نشان می‌دهد که $S(t)$ به‌طور یکنواخت با زمان کاهش می‌یابد. توجه داشته باشید که ضریب $\beta' \kappa SI$ در معادله‌ی (۲۰۲) نیز، اما با علامت مخالف، وجود دارد، یعنی با افزایش تعداد افراد آلوده، درواقع افراد کمتری مستعد هستند، زیرا کسری از افراد مستعد حالا آلوده شده‌اند. همچنین، معادله‌ی (۳۰۲) نسبت بین افراد آلوده و مدت یکنواختی با زمان آن را، که زمان نهفتگی^{۱۱} نیز نامیده می‌شود به‌حساب می‌آورد، که این نسبت با تعداد افرادی که از این بیماری بهبود می‌یابند، متناسب است. این عامل، یعنی $\frac{I'}{D}$ ، همان‌طور که انتظار می‌رود، در معادله‌ی (۲۰۲) منفی است زیرا افراد بهبودیافته دیگر بخشی از گروه آلوده نیستند.

همان‌طور که قبلاً ذکر شد، مجموعه‌ی سه معادله ما را قادر می‌سازد تا منحنی همه‌گیری را برای یک بیماری عفونی به‌دست آوریم. به‌منظور بحث جامعی درباره‌ی مدل SIR و منحنی‌های همه‌گیری مربوط، چنین مدلی برای کووید-۱۹، سارس، و ابولا به‌کار گرفته می‌شود تا پیامدهای شیوع این بیماری برای عامل‌های متمایز R_0 مورد بحث قرار گیرد (شکل ۱).



شکل ۱. منحنی‌های همه‌گیری برای کووید-۱۹ (خط نارنجی‌رنگ)، سارس (خط آبی‌رنگ)، و ابولا (خط سبزرنگ).
 (الف) تعداد افراد مستعد S ، (ب) تعداد افراد مبتلا، و (ج) تعداد افراد مصون R در مقابل زمان t ، با استفاده از پارامترهای
 (تعداد افراد مستقیماً آلوده‌شده) D و (زمان نهفتگی) برای هر بیماری در اینجا [۲۵].

توجه داشته باشید که مقدار بالاتر R_0 برای کووید-۱۹، به احتمال زیاد به‌دلیل سرایت نسبتاً آسان آن به‌خاطر آنزیم مربوطه است. تعداد افراد مستعد S در قاب (الف) شکل ۱ برای کووید-۱۹ سریع‌تر از سارس و ابولا کاهش می‌یابد، که نتیجه‌ی مستقیم این واقعیت است که کووید-۱۹ در مقایسه با سایر بیماری‌ها عامل R_0 بالاتری را ارائه می‌دهد. درنتیجه، تعداد افراد آلوده در طول زمان نشان داده شده در قاب (ب) شکل ۱ با سرعت بیشتری افزایش می‌یابد و بنابراین تعداد افراد مصون R ناشی از کووید-۱۹ در قاب (ج) شکل ۱ به‌دلیل شیوع سریع بیماری به‌آرامی افزایش می‌یابد. به‌طور خلاصه، شکل ۱ منحنی‌های نوعی همه‌گیری‌ها را برای شیوع هر بیماری که در اینجا در نظر گرفته شده است، در چارچوب مدل SIR نشان می‌دهد. توجه داشته باشید که مدل SIR از طریق دانش از $R_0(\beta', \kappa, D)$ ، ما را قادر می‌سازد تا پیش‌بینی‌هایی در مورد شیوع بیماری به‌دست آوریم. با توجه به کارهای اخیر، عوامل محیطی مانند آب و هوا، همچنین می‌تواند هنگام بررسی شیوع بیماری مورد توجه قرار گیرد. چنین تحلیلی در پیش‌بینی منحنی‌های همه‌گیری‌شناسی در طول تغییرات فصلی در برخی کشورها جنبه‌ی کلیدی دارد. عوامل محیطی، یعنی تغییرات دما، اساساً می‌توانند در زمان شناوربودگی قطرات تنفسی در هوا تأثیرگذار باشند و، درنتیجه، منجر به افزایش احتمال آلودگی شوند. چنین تأثیر محیط بر شیوع بیماری را می‌توان با عامل β' در پرتو مدل SIR مرتبط کرد.

به لحاظ عملی، عوامل متعددی ما را قادر می‌سازند تا خطر سرایت را به حداقل برسانیم. به‌عنوان مثال، در چارچوب مدل SIR ، هنگام پیوستن به قرنطینه هم β' و هم κ کاهش می‌یابند، زیرا تعداد تماس‌های بین افراد، همانند احتمال آلوده‌شدن، کاهش

¹¹incubation

می‌یابد. از سوی دیگر، هنگام رفتن، به‌عنوان مثال، به سوپرمارکت با استفاده از ماسک صورت، β' ممکن است کاهش یابد، اما در مورد k ممکن است لزوماً چنین نشود، زیرا هنوز تماس بین افراد وجود خواهد داشت. چنین اقداماتی نه تنها در مهار شیوع بیماری مهم هستند، بلکه همچنین در جلوگیری از خیزش دوباره‌ی بیماری یا شیوع‌های در مقیاس کوچکتر جدید جنبه‌ی کلیدی دارند. در زمینه‌ای گسترده‌تر، می‌توان از سایر مدل‌های ریاضی برای بررسی شیوع بیماری‌ها استفاده کرد [۱۷]. با این حال، برای مثال، کاربرد ساده‌ی مدل SIR ساده‌لوحانه است و برای توصیف شیوع کووید-۱۹ کفایت نمی‌کند. با توجه به عوامل مختلف دخیل، تحلیل جامع‌تری، با در نظر گرفتن، برای مثال، جنبه‌های اجتماعی و شهرنشینی، لازم است. چنین جنبه‌هایی در ادامه مورد بحث قرار گرفته است. برای اطلاع از سایر مدل‌های اتاقکی پرکاربرد نظیر SIS ، $SIRD$ ، $SIRV$ ، $MSIR$ ، $SEIR$ ، $MSEIR$ ، $MSEIRS$ و دیگر مدل‌ها به [۱۱] مراجعه کنید.

۳. مدل آیزینگ

بدیهی است که مدل‌های ریاضی معرفی‌شده در بخش قبلی برای توصیف شیوع همه‌گیری‌ها براساس مفاهیم فیزیک آماری پایه‌ریزی نشده است. با این حال، می‌توان اقتباسی از مدل را برای توصیف کووید-۱۹ به‌کار گرفت. از این رو، مدل آیزینگ را مورد بررسی قرار می‌دهیم [۱۹]. اگرچه این مدل در ابتدا برای توصیف سیستم‌های مغناطیسی پیشنهاد شد، در دهه‌های گذشته این مدل به‌عنوان ابزاری مناسب برای توصیف چندین پدیده به‌کار گرفته شده است. این پدیده‌ها شامل فاز فوق سرد آب [۱۶]، مجاورت نقطه‌ی پایان بحرانی موت^{۱۲} [۲۴]، نقاط بحرانی کوانتومی ناشی از میدان مغناطیسی [۱۵]، اقتصادفیزیک [۳۱]، انتخابات دموکراتیک [۲۰] و همچنین شیوع بیماری‌ها [۵] است. قبل از بیان چگونگی انطباق مدل آیزینگ با شیوع همه‌گیری کووید-۱۹، ابتدا مدل کلاسیک آیزینگ یک‌بعدی [۲۶] را مرور می‌کنیم. به‌منظور بررسی اجمالی چنین مدلی، روی میدان مغناطیسی اعمال‌شده‌ی طولی متمرکز می‌شویم. اساساً، ماهیت مدل آیزینگ بر این فرض استوار است که گشتاورهای مغناطیسی فقط با نزدیکترین همسایگان خود جفت می‌شوند، که همیلتونی یک زنجیره‌ی خطی از N اسپین است که توسط

$$(۱.۳) \quad H = -J_{i,i+1} \sum_{i=1}^N S_i S_{i+1} - B \sum_{i=1}^N S_i,$$

داده می‌شود که در آن $J_{i,i+1}$ ثابت بین زوج گشتاورهای مغناطیسی همسایه در مکان‌های i و $i+1$ است، $S_i(S_{i+1})$ نشان‌دهنده‌ی اسپین در مکان $i(i+1)$ است، و B به میدان مغناطیسی اعمال‌شده‌ی طولی اشاره دارد [۲۶]. در این مرحله، شایان ذکر است که ثابت $J_{i,i+1}$ ، که ثابت جفت‌شده‌ی تبادل مغناطیسی^{۱۳} نیز نامیده می‌شود، برای شبیه‌سازی تماس بین افراد آلوده و غیرآلوده در رویکرد حاضر استفاده خواهد شد. در مرحله‌ی بعد، از مدل آیزینگ [۱۹]، تابع لوژستیک [۲] برای توصیف شیوع کووید-۱۹ استفاده خواهد شد.

رابطه‌ی نزدیک بین تعداد افرادی که قرنطینه‌ی پیشنهادی سازمان بهداشت جهانی را دنبال می‌کنند و شیوع کووید-۱۹ نشان داده می‌شود. نمونه‌های واقعی از اثربخشی فاصله‌گذاری اجتماعی را می‌توان به‌عنوان مثال در برزیل با مقایسه شیوع کووید-۱۹ بین بلوهوریزونته-ام‌جی و سائوپائولو-اس‌پی یافت. از زمان شیوع کووید-۱۹ در برزیل، تعداد موارد جدید و مرگ‌ومیر گزارش‌شده برای شهر سائوپائولو همچنان در حال افزایش بود و تعداد موارد بیشتر در این کشور را نشان می‌داد [۶]. از سویی دیگر، بلوهوریزونته هنوز هم تعداد بسیار کم موارد جدید و مرگ‌ومیر ناشی از کووید-۱۹ را گزارش می‌کرد که به‌وضوح نتیجه‌ی یک فاصله‌گذاری اجتماعی اولیه و بسیار سخت را نشان می‌داد. اگرچه کاملاً بدیهی است که هرچه مردم بیشتر قرنطینه را رعایت کنند، تعداد افراد مبتلا کمتر خواهد شد، اما هنوز توصیف کمی مناسب وجود ندارد. متأسفانه، برای بسیاری از رهبران دولتی در سراسر

¹²Mott critical end point ¹³magnetic exchange coupling constant

جهان، قابل قبول نیست که قرنطینه در مهار شیوع بیماری کووید-۱۹ بسیار مهم است. شایان ذکر است که یک تحلیل در مورد به اصطلاح ایمنی گله‌ای رُقومی^{۱۴} که در آن ردیابی افراد آلوده به کووید-۱۹ از طریق یک گوشی هوشمند صورت می‌گیرد، گزارش شده است [۳]. جالب توجه است که بخش مهمی از افرادی که از چنین ابزاری برای مهار شیوع کووید-۱۹ استفاده می‌کنند، حدود ۷۵ درصد از جمعیت را تشکیل می‌دهند. این بدین معنی است که اگر کل جمعیت، اعم از آلوده یا غیرآلوده، ردیابی شوند و فاصله‌گذاری اجتماعی را رعایت کنند، شیوع بیماری مهار می‌شود.

۴. شیوع کووید-۱۹، ابتلا و مرگ و میر

۱۰۴. پیدایش پارامتر تعاملی. در قلمرو فیزیک ماده‌ی چگال، می‌توان ادعا کرد که برهمکنش (تماس) $\delta\varepsilon$ بین افراد آلوده و غیرآلوده را می‌توان با برهمکنش تبادل مغناطیسی بین گشتاورهای مغناطیسی نزدیکترین همسایه در مدل آیزینگ مرتبط ساخت [۳۳]. از این رو، مشابه مدل آیزینگ برای مغناطیسی با N اسپین $1/2$ ، $S = 1/2$ ، فرض می‌کنیم که تعداد افراد آلوده $p_i = +1/2$ برابر با N^+ است، درحالی‌که تعداد افراد غیرآلوده $p_i = -1/2$ با N^- برچسب‌گذاری می‌شود، که در آن $(N^+ + N^-) = N$ تعداد کل افراد است. به عبارت دیگر، افراد آلوده و غیرآلوده را می‌توان با در نظر گرفتن یک متغیر شبه‌آیزینگ $S = 1/2$ به صورت $p_i = -1/2, +1/2$ شناسایی کرد، به طوری‌که

$$N^+ = \sum_{i=1}^N 2 \left(p_i + \frac{1}{2} \right) p_i,$$

$$N^- = \sum_{i=1}^N 2 \left(p_i - \frac{1}{2} \right) p_i.$$

دومی ما را قادر می‌سازد به ترتیب افراد آلوده و غیرآلوده را از منظر ریاضی انتخاب کنیم. با این حال، فرض می‌کنیم که دو نفر که به کووید-۱۹ مبتلا شده‌اند هیچ تأثیری بر یکدیگر ندارند به طوری‌که در این حالت تعاملی $\delta\varepsilon = 0$ و در غیر این صورت $\delta\varepsilon \neq 0$. به این ترتیب، فرد غیرمبتلا در فرد غیرمبتلا دیگر اثری ندارد. اساساً، در این رویکرد، $\delta\varepsilon$ تا حدودی نقش کلیدی قرنطینه در شیوع کووید-۱۹ را تبیین می‌کند. باید توجه داشت که $\delta\varepsilon$ نقشی مشابه با κ در چارچوب مدل SIR ، که قبلاً بحث شد، ایفا می‌کند. برای معرفی یک مدل ریاضی مشابه با آنچه در [۲۴] گزارش شده است، یک تابع ریاضی برای توصیف کل جمعیت C_T را، با در نظر گرفتن تماس بین افراد غیرآلوده و آلوده، می‌توان به صورت $\delta\varepsilon$

$$(۱۰۴) \quad C_T = C_h - \delta\varepsilon \sum_{i \neq j=1}^N \left[\left(\frac{1}{2} + p_i \right) \left(\frac{1}{2} - p_j \right) + \left(\frac{1}{2} - p_i \right) \left(\frac{1}{2} + p_j \right) \right] p_i p_j,$$

نشان داد که در آن C_h تعداد کل افراد سالم قبل از شیوع انتشار ویروس است و p_j به همسایه‌ی p_i اشاره دارد. توجه داشته باشید که جمله‌ی دوم در سمت راست معادله‌ی (۱۰۴) همیشه برای $p_i = +1/2$ و $p_j = 1/2$ منفی خواهد بود و بالعکس. اگرچه کاربردهای مختلف مدل آیزینگ در زمینه‌های تحقیقاتی متمایز مشخص است، همان‌طور که در بخش مقدمه مورد بحث قرار گرفت، اما معادله‌ی (۱۰۴) روش جدیدی را برای انتخاب ریاضی افراد آلوده ($p_i = +1/2$) و غیرآلوده ($p_j = 1/2$) با در نظر گرفتن پارامتر تعاملی $\delta\varepsilon$ ارائه می‌کند. علاوه بر این، معادله‌ی (۱۰۴) نشان می‌دهد که وقتی $\delta\varepsilon \neq 0$ ، یعنی افراد آلوده با افراد سالم تعامل داشته باشند، C_h کاهش می‌یابد. بدیهی است که تعداد کل جمعیت ثابت می‌ماند. شایان ذکر است که حتی در

¹⁴digital herd immunity

شرایط فرضی که تمام جمعیت قرنطینه را رعایت می‌کنند، باز هم محدودیتی وجود دارد که از تعاملات خانگی ناشی می‌شود که معمولاً طولانی‌تر و مکرر است و در نتیجه تحت شرایط خاصی می‌تواند منجر به موارد جدید ابتلا شود.

برای تعیین یک عبارت ریاضی مناسب برای $\delta\varepsilon$ ، باید تعداد افراد جدا شده n در قرنطینه را در نظر گرفت. تماس بین افراد آلوده و غیرآلوده را می‌توان با در نظر گرفتن $\delta\varepsilon \propto n^{-\frac{1}{2}}$ با $1 < n < N$ توصیف کرد. در واقع، قوانین قوی متنوعی برای $\delta\varepsilon$ برحسب n به کار گرفته می‌شود، اما به نظر می‌رسد که $\delta\varepsilon \propto n^{-\frac{1}{2}}$ الگوی مناسبی را برای مجموعه داده‌ها فراهم می‌کند. این یک فرض معقول است، زیرا با کاهش تعداد افراد در قرنطینه، تماس بین آنها افزایش می‌یابد، که در سناریوی حاضر، به صورت ریاضی با افزایش $\delta\varepsilon$ نشان داده می‌شود. توجه داشته باشید که معادله (۱۰۴) هیچ‌گونه تظور زمانی را شامل نمی‌شود.

۲.۴. تابع نوع گاوسی. در تحلیل منحنی‌های همه‌گیری برای ویروس کووید-۱۹، چون موارد جدید ابتلا در روز پیامد افزایش سریع اولیه‌ی تعداد افراد آلوده است، فرض می‌شود که رشدی نمایی دارند. پس از چنین رشد نمایی اولیه، تعداد افراد آلوده به یک مقدار آستانه می‌رسد و با ادامه‌ی تظور زمانی به‌طور یکنواخت شروع به کاهش می‌کند. اساساً، از نظر کیفی، شکل معمولی منحنی‌های همه‌گیری، کم‌وبیش، شبیه به یک تابع ساده از نوع گاوسی است. در این مرحله، شایان ذکر است که اگرچه مجموعه داده‌های همه‌گیری مورد بحث در اینجا از رفتار یک تابع گاوسی پیروی می‌کند، اما تحلیل هیچ ارتباطی با یک توزیع احتمال ندارد. به‌منظور کامل بودن، عبارت ریاضی تابع گاوسی به‌شکل

$$y(t) = y_0 + \frac{A}{w\sqrt{\frac{\pi}{\gamma}}} e^{-\frac{\gamma(t-t_c)^2}{w^2}},$$

ارائه می‌شود که در آن مقدار اولیه، و A یک ثابت نرمال‌ساز مرتبط با مساحت زیر منحنی است، t زمان، t_c مقدار بیشینه‌ی t و $w = \frac{1}{\sigma}$ است که در آن σ انحراف معیار است.

با توجه به تحلیل مشابهی که در [۳۲] گزارش شده است از یک تابع ساده‌ی گاوسی برای توصیف شیوع کووید-۱۹ استفاده می‌کنیم. در این تحلیل، تعامل بین افراد آلوده و غیرآلوده با مجموعیابی روی $\delta\varepsilon^{-1} \propto n^{1/2}$ در t_c و w در تابع گاوسی لحاظ می‌شود. تأکید می‌کنیم که در این تحلیل، از طریق $\delta\varepsilon^{-1}$ ، همان‌طور که قبلاً توضیح داده شد، وقتی تعداد افراد در قرنطینه افزایش می‌یابد، تماس بین افراد آلوده و غیرآلوده کاهش و به‌عنوان یک نتیجه، $\delta\varepsilon^{-1}$ افزایش خواهد یافت. بنابراین،

$$y(t) = y_0 + \frac{A}{(w + \delta\varepsilon^{-1})\sqrt{\frac{\pi}{\gamma}}} e^{-\frac{\gamma(t-(t_c+\delta\varepsilon^{-1}))^2}{(w+\delta\varepsilon^{-1})^2}}.$$

این امر باعث گسترش تابع توزیع گاوسی می‌شود به‌طوری‌که w افزایش یافته و مقدار بیشینه‌ی آن کاهش می‌یابد. توجه داشته باشید که با انجام این کار، سطح زیر منحنی ثابت می‌ماند. تأکید می‌کنیم که مدل‌سازی منحنی‌های همه‌گیری با این فرض انجام می‌شود که چندین پارامتر اضافی بر رفتار جهانی تظور زمانی عوامل کلیدی گنجانده شده در مدل SIR ، یعنی تعداد افراد مبتلا، تأثیرگذار است. با این حال، این نکته مهم است که یک شیوع واقعی بیماری به مجموعه‌ای از پارامترها بستگی دارد که معمولاً برای توصیف پویایی منحنی‌های همه‌گیری در نظر گرفته نمی‌شوند. این عوامل اضافی را نمی‌توان با استفاده از توابع تحلیلی صرفاً مقدماتی مدل‌سازی کرد. بنابراین، در چنین مواردی، فرایندهای گاوسی ممکن است در مدل پیاده‌سازی شوند که دقت بهترین راه حل‌ها را افزایش دهند تا تظور زمانی پارامترهای همه‌گیری قابل توصیف شوند. اساساً، فرایندهای گاوسی را می‌توان به‌روش زیر توصیف کرد:

فرض کنید یک پدیده‌ی معین (در مورد حاضر، تعداد افراد آلوده $I(t)$)، بهبودیافته $R(t)$ و مستعد $S(t)$ در سایه‌ی یک بیماری همه‌گیر داریم که به‌عنوان تابعی از زمان t مدل‌بندی شده است. مجموعه‌ای از پارامترهای به‌خوبی تعیین شده وجود دارد که دلیل دیکته‌کردن رفتار غالب در مورد تظور زمانی این پارامترهای خاص است. به معادله‌های (۱۰۲)، (۲۰۲) و (۳۰۲) رجوع کنید.

بااین‌حال، عوامل دیگر ممکن است نقش جزئی، اما غیرقابل اغماض، در مدل‌سازی منحنی همه‌گیری داشته باشند. یک مثال ساده از عاملی که می‌تواند منحنی همه‌گیری را تغییر دهد آب‌وهوا است. واضح است که پیش‌بینی آب‌وهوا یکی از دشوارترین کارها در تحلیل پیش‌بینی مدرن به دلیل جنبه‌ی تصادفی ذاتی این پدیده است. اگر ویروس مربوط به یک همه‌گیری، "ضعف" را به‌عنوان مثال، هوای گرم نشان دهد، تغییر ناگهانی دما ممکن است باعث نوسانات جزئی در تعداد افراد مبتلا در مدت کوتاهی شود. چنین دوره‌ی زمانی قابل مقایسه با بازه‌ی زمانی‌ای است که در آن دما نسبتاً بالا باقی می‌ماند. با فرض اینکه این نوسانات دما برای چند روز در یک بازه‌ی زمانی مشخص اتفاق بیفتد، یک متغیر تصادفی "نوفه"^{۱۵} به مدل اضافه می‌شود. به‌عنوان مثال، می‌توان به تعداد افراد مستعد در طول زمان یعنی $S(t)$ اشاره کرد. بنابراین، فرایندهای گاوسی الگوریتمی برای معرفی این نوع نوسانات تصادفی در مدل همه‌گیری هستند.

اصطلاح جنبه‌ی گاوسی^{۱۶} به‌روشی که در آن نوفه اضافه می‌شود، نسبت داده می‌شود. بدیهی است که دنباله‌ای از نقاط به‌طور تصادفی تولیدشده را می‌توان با یک تابع توزیع گاوسی برای مقادیر زیادی از نقاط تقریب زد، نتیجه‌ای که به‌عنوان قضیه‌ی حد مرکزی^{۱۷} شناخته می‌شود. بنابراین، ادغام نوسانات تصادفی تولیدشده در بخش قطعی $S(t)$ دلالت بر مدل‌سازی کامل‌تری دارد. درواقع، این نه تنها برای ماهیت قطعی $S(t)$ که قبلاً توسط مدل SIR توضیح داده شده است، بلکه در مورد نوفه‌ی ایجادشده توسط تغییرات آب‌وهوا و تأثیر آن بر بقای ویروسی که باعث ایجاد بیماری شده است، صادق است. هدف این است که در نهایت تعیین شود کدام مقدار از انحراف معیار σ برای تابع‌های گاوسی مناسب‌تر است. به‌عنوان مثال، می‌توان به موردی اشاره کرد که قرار است مقداری که انحراف بین داده‌های واقعی منحنی همه‌گیری و منحنی مدل توصیف‌شده توسط $S(t) = S(t)_d + S(t)_g$ را کمینه می‌سازد، تعیین کرد که در آن $S(t)_d$ جزء تعیینی $S(t)$ و $S(t)_g$ جزء تصادفی $S(t)$ است. البته، چنین مدلی نیاز به پیاده‌سازی پیچیده‌تری دارد. در [۱۲] نمونه‌ای از یک کُد عمومی در دسترس برای مدل‌سازی فرایند گاوسی یک‌بعدی گزارش شده است. بااین‌حال، توجه داشته باشید که چنین رویه‌هایی ماهیت تصادفی دارند و تنها به‌منظور افزایش دقت برازش‌ها با در نظر گرفتن یک روند نزولی عمل می‌کنند. بنابراین، در اینجا وجود چنین روش‌هایی را ذکر می‌کنیم، اما آنها را در کار حاضر اجرا نمی‌کنیم، زیرا در بحث‌های مربوط به شیوع کووید-۱۹ منجر به بینش اضافی از بیماری نمی‌شوند.

۳.۴. کاربرد تابع شبه‌فرمی-دیراک در همه‌گیری. با توجه به حجم نسبتاً زیاد داده‌های موجود برای چین و دستیابی به کنترل مناسب شیوع کووید-۱۹، در ادامه با استفاده از مدل استاندارد رشد جمعیت، عملکرد تابع لوژستیک را به صورتی آموزشی گزارش می‌کنیم [۲۳]. حداکثر تعداد افراد آلوده‌ی ممکن را با برچسب P نشان می‌دهیم. اگر $I(t)$ تعداد افراد آلوده در یک زمان معین t باشد، $[P - I(t)]$ تعداد افرادی است که می‌توانند، آلوده شوند. توجه داشته باشید که $\left[\frac{P-I(t)}{P}\right]$ مربوط به درصد جمعیتی است که آلوده می‌شوند. همچنین، فرض کنید تعداد افرادی که می‌توانند توسط $I(t)$ در بازه‌ی زمانی Δt آلوده شوند برابر با $n^* \Delta t \left[\frac{P-I(t)}{P}\right]$ باشد که در آن n^* تعداد دفعاتی را که یک فرد آلوده با یک فرد غیرآلوده برخورد می‌کند، کمی‌سازی می‌کند. تعداد افراد آلوده در زمان $t + \Delta t$ منهای تعداد افراد آلوده در t متناسب با تعداد افرادی از جمعیت است که می‌توانند توسط افراد آلوده‌ی موجود در زمان معین t آلوده شوند. ازاین‌رو،

$$(۲.۴) \quad \frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t} = K \left\{ \left[\frac{P - I(t)}{P} \right] n^* I(t) \right\},$$

که در آن K یک ثابت تناسب است. با حدگیری از طرفین معادله‌ی (۲.۴)، وقتی $\Delta t \rightarrow 0$ ، معادله‌ی دیفرانسیلی

$$(۳.۴) \quad \frac{dI}{dt} = C \left(\frac{P - I}{P} \right) I,$$

¹⁵noise ¹⁶Gaussian aspect ¹⁷Central Limit Theorem

را به دست می‌آوریم که در آن $C = Kn^*$ فراوانی ابتلا را کمی‌سازی می‌کند. با انتگرال‌گیری از طرفین معادله‌ی (۳.۴)،

$$I(t) = \frac{P}{me^{-Ct} + 1},$$

که در آن m ثابت است. معادله‌ی (۴.۴) یادآور تابع توزیع معروف فرمی-دیراک است [۲۱]. جالب است که معادله‌ی (۴.۴) معمولاً در سینتیک شیمیایی [۴]، آزمایش‌های تجزیه‌پذیری بی‌هوازی [۸] و حتی در منحنی‌های جوانه‌زنی [۳۰] استفاده می‌شود. این یک توصیف قوی برای تطور تعداد افراد آلوده‌ی $I(t)$ در طول زمان است که مقدار بیشینه‌ی آن با P نشان داده شد. همچنین، معادله‌ی (۳.۴) را می‌توان به عنوان معادله‌ی دیفرانسیلی لوژستیک گزارش شده در [۳۴] تلقی کرد که دارای راه حل کلی از نوع [۲۲] است:

$$(۵.۴) \quad g(x) = \frac{L}{e^{-k(x-x_0)} + 1},$$

که در آن k نرخ رشد تابع، L مقدار بیشینه‌ی $g(x)$ و x_0 مقدار نقطه‌ی میانی تابع است. بنابراین، معادله‌ی (۴.۴) را می‌توان، به روشی مشابه با معادله‌ی (۵.۴)، به صورت

$$(۶.۴) \quad I(t) = \frac{P}{e^{-C(t-t_0)} + 1},$$

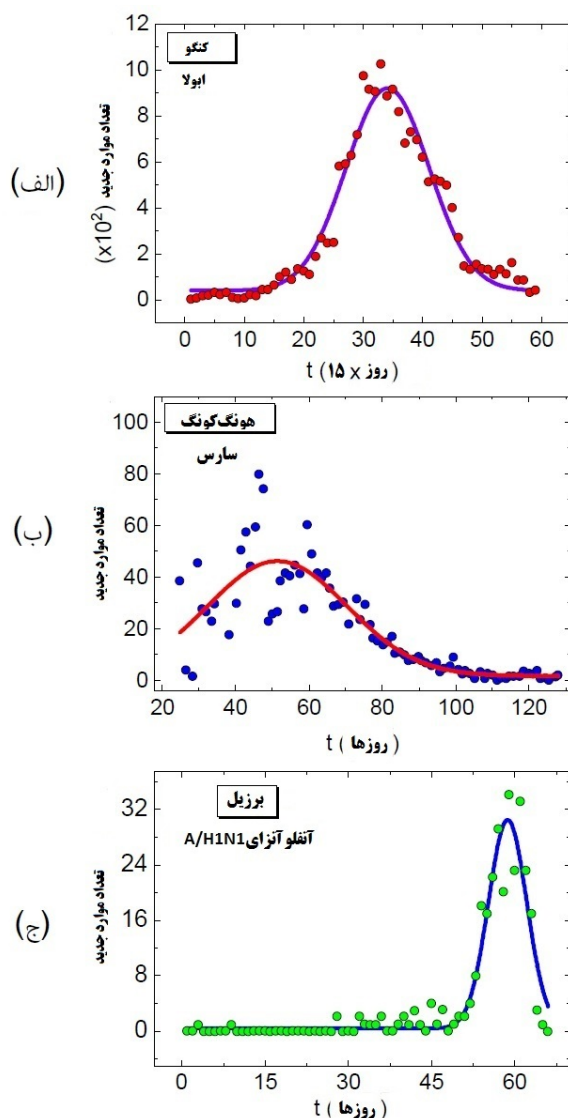
بازنویسی کرد. باید توجه داشت که اگر $m = e^{Ct_0}$ ، معادله‌ی (۶.۴) معادل با معادله‌ی (۴.۴) است. تابع لوژستیک را می‌توان به صورت تابع توزیع

$$(۷.۴) \quad \frac{I(t)}{P} = \frac{1}{2} + \frac{1}{2} \tanh \left[\frac{C(t - t_0)}{2} \right],$$

نوشت. اگرچه معادله‌ی (۴.۴) تابع لوژستیک است، اما می‌توان آن را در قلمرو فیزیک ماده‌ی چگال به عنوان تابعی از نوع فرمی-دیراک در نظر گرفت. این موضوع به دلیل شباهت‌های ریاضی آنها است. مجموعه داده‌های مربوط به کووید-۱۹ که در اینجا مورد بحث قرار گرفته است در [۷] موجود است. شایان ذکر است که تحلیل در کره‌ی جنوبی و چین متمرکز شده است که تصویر پیشرفته‌تری را از شیوع کووید-۱۹ ارائه دادند.

۴.۴. تحلیل داده‌ها و مسئله‌ی ابتلا. تحلیل را با مجموعه داده‌های ابولا، سارس و آنفلوآنزای A/H۱N۱ آغاز می‌کنیم. منحنی‌های همه‌گیری آنها را، که در شکل ۲ نشان داده شده است، می‌توان با استفاده از یک تابع گاوسی توصیف کرد. جدول ۱ پارامترهای به دست آمده را از برازش برای همه‌گیری‌های مختلف و انحراف معیار مربوطه‌ی آنها نشان می‌دهد. شایان ذکر است که نمی‌توان تنها با استفاده از برازش گاوسی به مجموعه داده‌ها، منحنی همه‌گیری را پیش‌بینی کرد. با مجموعه داده‌های موجود برای کووید-۱۹ در کره‌ی جنوبی شروع می‌کنیم (به قاب (الف) شکل ۳ مراجعه کنید). تعداد افرادی که به قرنطینه ملحق می‌شوند مستقیماً با تعامل (تماس) تعریف‌شده‌ی قبلی $\delta\epsilon$ بین افراد آلوده و غیرآلوده مرتبط هستند.

همان‌طور که بحث شد، در یک موقعیت فرضی که هیچ‌کس قرنطینه را رعایت نمی‌کند $n \rightarrow 0$ و بنابراین $\delta\epsilon$ به مقدار بیشینه‌ی خود می‌رسد، به این معنی که همه آزادانه با یکدیگر تعامل دارند. این بدترین حالت خواهد بود. به طور گسترده‌ای بحث شده است که با افزایش تعداد افراد مبتلا در قرنطینه، مقدار بیشینه‌ی منحنی همه‌گیری مرتبط با تعداد موارد جدید نه تنها کاهش می‌یابد، بلکه جابه‌جا می‌شود که نشان می‌دهد شیوع کووید-۱۹ بیشتر خواهد بود. مورد دوم از نظر کنترل شیوع با وضعیت مطلوب مطابقت دارد، زیرا سازمان‌های دولتی بهداشت زمان بیشتری برای مدیریت وضعیت خواهند داشت. این یکی از دلایلی است که نشان می‌دهد که ثبت صحیح داده‌های همه‌گیری بسیار مهم است. توجه داشته باشید که در تحلیل حاضر، مدل شبه‌آیزینگ نقش کلیدی فاصله‌گذاری اجتماعی را در برمی‌گیرد [۳۸]. چنین وضعیتی را با استفاده از مجموعه داده‌های موجود برای کره‌ی جنوبی با فرض یک $\delta\epsilon$ متناهی فرضی که در تابع گاوسی به کار گرفته شده در تحلیل وجود دارد، نشان می‌دهیم (قاب (الف))

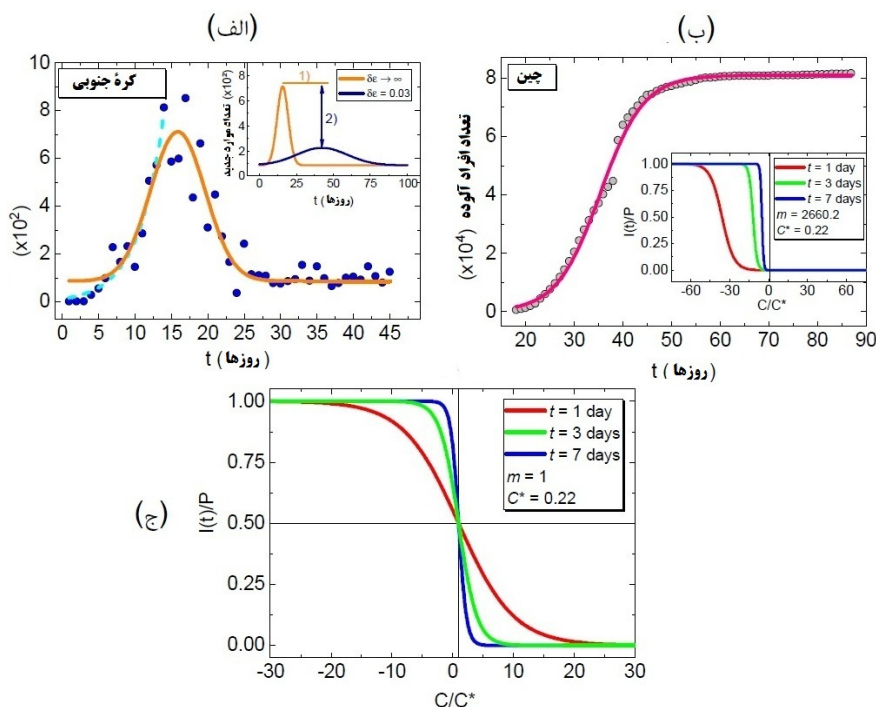


شکل ۲. تعداد موارد جدید ابتلا در مقابل زمان برای: (الف) ایولا [۲۹]، (ب) سارس [۹] و (ج) آنفلوآنزای A/H1N1 [۱۳]. خطوط ثابت در همگی قاب‌ها نشان‌دهنده برازش گاوسی به مجموعه داده‌ها برای هر مورد است.

شکل ۳). به‌طور مشخص‌تر، زمانی که $\delta\varepsilon$ کاهش می‌یابد، حداکثر تعداد افراد مبتلا کاهش می‌یابد و موقعیت آن در زمان جابه‌جا می‌شود و در نتیجه شیوع بیماری بیشتر کنترل می‌شود. چنین کاهش در $\delta\varepsilon$ نشان‌دهنده پیوستن افراد بیشتری به قرنطینه و در نتیجه اجتناب از تماس با یکدیگر است. جالب توجه است، تعداد افراد آلوده I' در طول زمان در چارچوب مدل SIR ، که در قسمت (ب) شکل ۱ نشان داده شده است، برای بیماری‌های مختلف شبیه رفتار تعداد موارد جدید در طول زمان است که در قاب داخلی شکل ۳ برای کووید-۱۹ نشان داده شده است. چنین شباهتی در نقش ایفا شده توسط $\delta\varepsilon$ و R_0 به این دلیل است که R_0 به بستگی دارد، که به نوبه خود نشان‌دهنده یک تعامل متوسط بین افراد به‌روشی مشابه با $\delta\varepsilon$ است. در واقع، عامل R_0 را می‌توان برحسب κ ، یعنی $R_0 = \beta' \kappa D$ ، نوشت [۱۴]. چون R_0 با میانگین تعداد تماس بین افراد به‌عنوان تابعی از زمان κ مرتبط است، لذا با کاهش R_0 همان‌طور که در قاب (ب) شکل ۱ نشان داده شده است، نمودار افراد آلوده در طول

جدول ۱. پارامترهای برازش گاوسی برای چندین بیماری همهگیر [نگاه کنید به شکل ۲ و قاب (الف) شکل ۱]. وجود سایر پارامترهای خارجی موثر بر تطور زمانی تعداد موارد جدید باعث نوساناتی در داده‌ها می‌شود. به دلیل اینکه چنین عواملی را می‌توان به‌طور کلی با یک فرایند گاوسی توصیف کرد، خطاهای مربوط به برازش با توجه به داده‌های واقعی در انحراف معیارهای ارتباطات ارائه شده در شکل‌های ۲ و ۳ گنجانده شده است. جزئیات در متن اصلی.

بیماری	y_0	A	w	t_c	σ
ابولا	۴۱	۱۵۴۱۸	۱۳/۹۸	۳۴/۰۸	۶/۹۹
سارس	۲	۲۱۲۲	۳۸/۰۸	۵۱/۳۹	۱۹/۰۴
آنفلونزای A/H1N1	۰/۴۲	۲۶۰	۶/۸۹	۵۸/۶۹	۳/۴۴
کووید-۱۹ (کره‌ی جنوبی)	۸۵/۹۴	۵۸۹۰/۴۱	۷/۵۱	۱۵/۸۸	۳/۷۵
کووید-۱۹ (اتریش)	۱۲/۸۲	۴۳۱۷/۳۳	۸/۳۴	۲۴/۲۴	۴/۱۷



شکل ۳. قاب اصلی: تعداد موارد جدید در مقابل زمان (برحسب روز) برای کووید-۱۹ در کره‌ی جنوبی، برازش شده با توابع گاوسی (خط ثابت نارنجی‌رنگ) و نمایی (خط نقطه‌چین فیروزه‌ای). قاب درونی: برازش گاوسی متناظر برای $\delta\epsilon \rightarrow \infty$ (خط یک‌دست نارنجی‌رنگ) و $\delta\epsilon = 0.3\%$ (خط توپر آبی‌سرمه‌ای). (۱) تعیین حداکثر تعداد موارد جدید برای $\delta\epsilon \rightarrow \infty$ و (۲) کاهش تعداد موارد جدید زمانی که تعداد افراد در قرنطینه افزایش می‌یابد [۳۸]. (ب) قاب اصلی: تعداد افراد آلوده‌ی تجمعی در برابر زمان (برحسب روز) کووید-۱۹ برای چین و برازش متناظر (خط یک‌دست صورتی) با استفاده از معادله‌ی (۴.۴). قاب درونی: رسم $I(t)/P$ در مقابل C/C^* با $m = 2660.2$ و $C^* = 0.22$ (به‌دست آمده از برازش مجموعه داده‌ی نشان داده شده در قاب اصلی) برای ۱ روز (خط یک‌دست قرمز)، ۳ روز (خط توپر سبزرنگ) و ۷ روز (خط توپر آبی‌رنگ). (ج) $I(t)/P$ در مقابل C/C^* با $m = 1$ و $C^* = 0.22$ برای ۱ روز (خط توپر قرمز)، ۳ روز (خط توپر سبزرنگ)، و ۷ روز (خط توپر آبی‌رنگ). به‌منظور مقایسه، از C^* به‌دست آمده در برازش داده‌های چین در (ب) استفاده شده است (مجموعه داده‌ها در [۷] در دسترس هستند).

زمان به همان شکلی که در قاب (ب) شکل ۳ است، گسترده می‌شود هنگامی که $\delta\varepsilon$ کاهش می‌یابد. اساساً، هر دو رفتار اهمیت رعایت فاصله‌ی اجتماعی و در نتیجه به حداقل رساندن میانگین تعداد تماس بین افراد را تأیید می‌کنند.

اکنون، مجموعه داده‌های موجود از شیوع کووید-۱۹ در چین را از نظر تابع توزیع شبه‌فرمی-دیراک بررسی می‌کنیم. همان‌طور که در قاب (ب) شکل ۳ نشان داده شده است، تعداد افراد آلوده‌ی تجمعی تقریباً پس از 50° روز بعد از شیوع کووید-۱۹ اشباع می‌شود. به عبارت دیگر، برای مقادیر بزرگ t ، $I(t)/P \rightarrow 1$. معادله‌ی (۴.۴) به خوبی با چنین مجموعه داده‌ای مطابقت دارد (شکل ۳). توجه داشته باشید که تعداد افراد آلوده در طول زمان برای چین با شیوع کوچکی در $t \approx 40^\circ$ روز تأیید شده است (قاب (ب) شکل ۳). چنین شیوع کوچکی می‌تواند ناشی از چندین عامل نظیر انعطاف‌پذیری فاصله‌گذاری اجتماعی یا حتی عدم توجه مردم به مراقبت‌های اولیه‌ی بهداشتی باشد. در ادامه، شباهت بین معادله‌ی (۴.۴) و تابع توزیع فرمی-دیراک را با جزئیات بیشتری مورد بحث قرار می‌دهیم. بنابر معادله‌ی (۴.۴) داریم:

$$(۸.۴) \quad \frac{I(t)}{P} = \frac{1}{me^{(C-C^*)t} + 1},$$

که در آن C^* ثابتی است که برای ایفای نقش انرژی فرمی برای گاز الکترون معرفی شده است [۲۱]. باید توجه داشت که $I(t)/P \leq 1$ و برای $m = 1$ ، دقیقاً همان شکل تابع توزیع فرمی-دیراک $f(E, T)$ را داریم، که در آن E و T به ترتیب به انرژی و دما اشاره دارند. در مورد حاضر، C نقشی مشابه با انرژی گاز فرمی ایفا می‌کند، درحالی‌که t مشابه عامل بولتزمن^{۱۸} $\beta = 1/k_B T$ است که در آن k_B ثابت بولتزمن است. درواقع، تطور زمانی شیوع کووید-۱۹ اهمیت یکسانی با T در تابع توزیع فرمی-دیراک برای گاز فرمی دارد. رفتار $I(t)/P$ به عنوان تابعی از C/C^* در قاب داخلی قاب (ب) شکل ۳ برای چندین مقدار t نشان داده شده است. با توجه به اینکه با استفاده از معادله‌ی (۴.۴) برای شیوع کووید-۱۹ در چین [قاب (ب) شکل ۳] مقدار $m = 2660.2$ به دست می‌آید، لذا با یک نسخه‌ی اختلال یافته از تابع فرمی-دیراک برای الکترون‌ها در تصویر مایع فرمی^{۱۹} مواجه هستیم [۲۸]. دومی با جزئیات بیشتر در ادامه مورد بحث قرار خواهد گرفت. همچنین، تأکید می‌کنیم که نسبت $I(t)/P$ به ما احتمال ابتلای یک فرد در زمان معین t را می‌دهد، به روشی مشابه که $f(E, T)$ احتمال یک حالت با انرژی اشغال‌شده‌ی E را در دمای معین T دیکته می‌کند. پیش‌بینی می‌کنیم که شیوع کووید-۱۹ برای سایر کشورها، که در کار حاضر با توجه به کمبود داده‌های موجود مورد بحث قرار نگرفته، باید همان رفتاری را که در اینجا برای کره‌ی جنوبی و چین مورد بحث قرار گرفت، دنبال کند.

نقطه‌ی پیشینه در منحنی همه‌گیری، که توسط تابع گاوسی توصیف می‌شود، و همچنین $I(t)$ ، بازتاب مستقیمی از سیاست‌های اتخاذشده توسط سازمان‌های دولتی سلامت توسط یک کشور خاص خواهد بود. همان‌طور که توسط مرکز کنترل و پیشگیری بیماری‌ها^{۲۰} [۱۰] گزارش شده است، برخی عوامل خطر وجود دارند که احتمال مرگ افراد آلوده به دلیل ابتلا به کووید-۱۹ را افزایش می‌دهد. این عوامل عمدتاً شامل سن بالای ۶۵ سال و داشتن یک بیماری زمینه‌ای جدی است. در اینجا، به این مجموعه از عوامل به عنوان یک R' -عامل (مخاطره‌ی) عام اشاره می‌کنیم. فرض می‌کنیم که تعداد افراد آلوده که از R' -عامل برخوردار هستند برابر با $C_{R'}$ و تعداد افراد آلوده بدون R' -عامل برابر با C_W باشد. بدیهی است که تعداد کل افراد آلوده برابر با $C_I = (C_W + C_{R'})$ است. همچنین، انتظار می‌رود افرادی که R' -عامل را دارند، احتمال مرگ بیشتری داشته باشند و در نتیجه تعداد کل افراد آلوده کاهش یابد. تعداد مرگ‌ومیرهای جدید روزانه مانند تعداد موارد ابتلای جدید روزانه از یک برازش گاوسی پیروی می‌کند. حال، بر تعداد مرگ‌ومیر تجمعی در طول زمان تمرکز می‌کنیم. چون تعداد مرگ‌ومیر تجمعی در طول زمان از رفتاری مشابه با تعداد افراد آلوده‌ی تجمعی در طول زمان پیروی می‌کند، تحلیل مشابهی را که در مورد تعداد افراد آلوده در

¹⁸Boltzmann factor ¹⁹picture of Landau Fermi-liquid ²⁰Centers for Disease Control and Prevention (CDCP)

جدول ۲. پارامترهای برازش گاوسی به تعداد مرگ و میر جدید روزانه برای ابولا و کووید-۱۹ [نگاه کنید به قاب اصلی شکل ۴ و قاب (الف) شکل ۵].

بیماری	y_0	A	w	t_c	σ
ابولا	-۰/۴۱	۳۸۹/۶۶	۵/۷۲	۱۰/۹۷	۲/۸۶
کووید-۱۹	۸/۲۸	۲۷۲۵/۲۸	۱۸/۳۵	۲۴/۹۵	۹/۱۷

طول زمان صورت گرفت، انجام می‌دهیم. تعداد افرادی که می‌توانند در یک بازه‌ی زمانی Δt بمیرند با $d^* \Delta t$ داده می‌شود، که در آن F حداکثر تعداد مرگ و میر، $D(t)$ تعداد افرادی است که در یک زمان معین t می‌میرند و d^* پارامتری است که با میزان مرگ و میر مرتبط است. بنابراین، تعداد مرگ و میر در یک بازه‌ی زمانی $(t + \Delta t)$ منهای تعداد مرگ و میر در یک زمان t با تعداد افراد آلوده که عامل R' را دارند، متناسب است. این فرض‌ها ما را قادر می‌سازد که بنویسیم:

$$\frac{[D(t + \Delta t) - D(t)]}{\Delta t} = K' \left\{ \left[\frac{F - D(t)}{F} \right] d^* D(t) \right\},$$

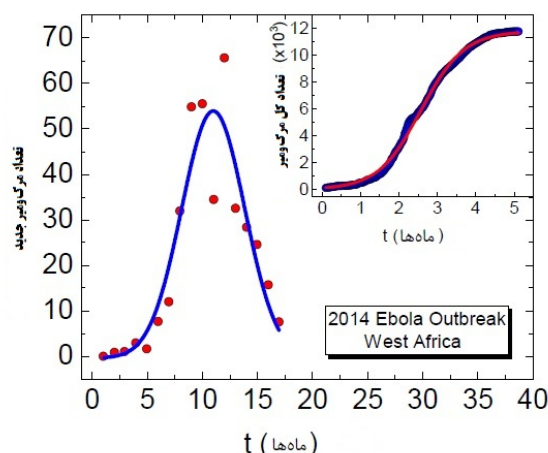
که در آن K' ثابت تناسب است. بنابراین، با پیروی از همان روش ریاضی ابتدایی که از قبل معرفی شد، می‌توان نوشت:

$$(9.4) \quad D(t) = \frac{F}{m' e^{-C't} + 1},$$

که در آن m' ثابت انتگرال‌گیری است و $C' = K' d^*$ نرخ مرگ و میر است. معادله‌ی (۹.۴) توصیف معقولی از تعداد مرگ و میر تجمعی در طول زمان ارائه می‌کند و همان‌طور که قبلاً گفته شد، شبیه یک تابع توزیع شبه‌فرمی-دیراک اختلال‌یافته (تابع لوژستیک) است. برای حالت ایدئال $m' = 1$ جالب توجه است که تعداد مرگ و میر تجمعی در طول زمان، که توسط معادله‌ی (۹.۴) توضیح داده شد، همچنین، از یک تابع لوژستیکی مشابه با تعداد ابتلاهای تجمعی در طول زمان پیروی می‌کند (معادله‌ی (۴.۴)). در ادامه، در مورد برازش تعداد مرگ و میر تجمعی در چین با استفاده از معادله‌ی (۹.۴) بحث خواهیم کرد.

۵. تحلیل داده‌ها و بحثی در مورد مرگ و میر و ظرفیت ابتلا

قبل از شروع بحث در مورد مجموعه داده‌ها برای چین، با هدف تأکید بر کاربردی بودن رویکرد حاضر، رفتار تعداد مرگ و میر جدید و تعداد کل مرگ و میر در طول زمان برای شیوع ابولا در غرب آفریقا در سال ۲۰۱۴ را در نظر می‌گیریم [۲۷]. همان‌طور که در قاب اصلی شکل ۴ مشاهده می‌شود، تطور زمانی تعداد مرگ و میر جدید از یک تابع گاوسی پیروی می‌کند، درحالی‌که تعداد کل (تجمعی) مرگ و میر (قاب داخلی شکل ۴) به‌خوبی توسط معادله‌ی (۹.۴) داده شده است. تعداد مرگ و میر کووید-۱۹ برای مورد خاص چین [قاب (الف) شکل ۳]، رفتاری مشابه با شیوع ابولا در سال ۲۰۱۴ در غرب آفریقا (قاب اصلی شکل ۴) دارد. همان‌طور که در قاب (الف) شکل ۳ نشان داده شده است، تعداد مرگ و میر جدید در طول زمان نیز از تابع گاوسی پیروی می‌کند. تعداد کل مرگ و میر در طول زمان [قاب (ب) شکل ۳] از رفتاری پیروی می‌کند که شبیه عملکرد یک تابع نوع فرمی-دیراک اختلال‌یافته است (قاب (ب) شکل ۳). جالب توجه است که مقدار پارامتر $m' = 51$ بسیار کمتر از مقدار تجمعی ابتلاها در طول زمان است، که نشان می‌دهد تعداد کل مرگ و میر روزانه از یک تابع توزیع شبه‌فرمی-دیراک با اختلال کمتر پیروی می‌کند. همچنین، از منظر فیزیک ماده‌ی چگال، با توجه به شباهت بین معادله‌ی (۸.۴) و تابع توزیع فرمی-دیراک، می‌توان یک قیاس مستقیم نیز برای چگالی حالت‌ها تصور کرد؛ یعنی، $\frac{dN'}{dE}$ ، که در آن N' تعداد ذرات (الکترون) و E انرژی در گاز فرمی است. در اینجا، مقدار معادل پیشنهادی $\frac{dI(t)}{dC}$ است. به‌منظور کامل بودن، عبارت مورد استفاده در محاسبه‌ی گرمای ویژه‌ی C_{FG} برای



شکل ۴. قاب اصلی: تعداد مرگ‌ومیر جدید ماهیانه با شیوع ابولا در سال ۲۰۱۴ در غرب آفریقا که با تابع گاوسی (خط توپر آبی) برازش شده است. پارامترهای برازش‌شده در جدول ۲ نشان داده شده است. قاب درونی: تعداد کل مرگ‌ومیر برازش‌شده ماهیانه در طول شیوع ابولا (خط توپر قرمز) با معادله‌ی (۹.۴) است که در آن $F = 1181712$ ، $C^* = 180$ و $m' = 10061$ (مجموعه داده‌ها در [۲۷] موجود است).

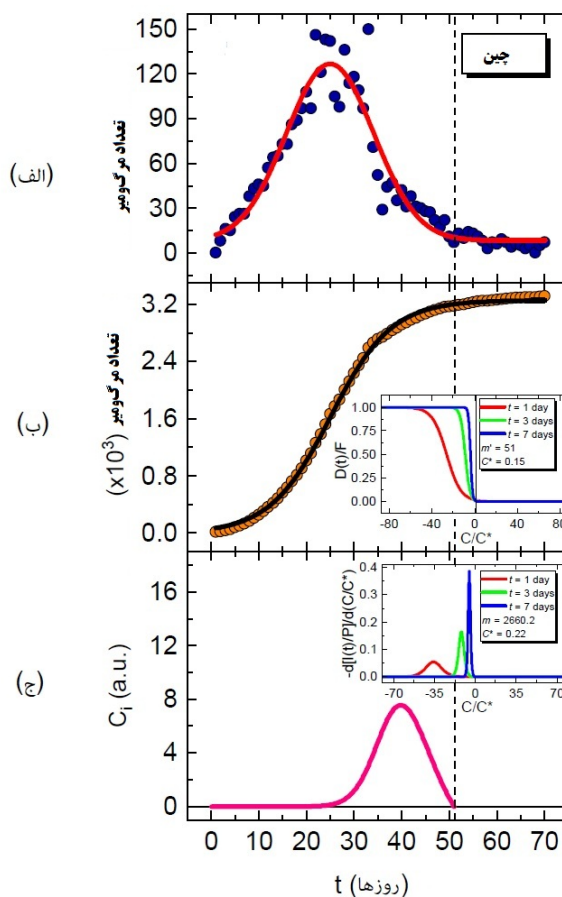
گاز فرمی را در نظر می‌گیریم [۲۱]:

$$(۱.۵) \quad C_{FG} = \int_0^\infty dE \frac{dN'}{dE} (E - E_F) \frac{df(E, T)}{dT},$$

که در آن E_F انرژی فرمی است. در این مرحله، شایان ذکر است که چگالی حالت‌ها برای گاز فرمی مستقل از دما است. ظرفیت ابتلای پیشنهادی C_i به صورت

$$(۲.۵) \quad \begin{aligned} C_i &= - \int_0^{C^*} dC \frac{dI(t)}{dC} (C - C^*) \frac{d[I(t)/P]}{d(\sqrt{t})} \\ &= - \int_0^{C^*} dC [I(t)/P] (C - C^*) \frac{d^2[I(t)]}{dC d(\sqrt{t})} \end{aligned}$$

است. توجه داشته باشید که برای $t \rightarrow 0$ ، براساس بحث‌های قبلی، C باید مقدار بیشینه‌ی خود را داشته باشد. همچنین، به وجود عبارت اضافی در معادله‌ی (۲.۵) توجه کنید. چنین عبارتی به این دلیل پدیدار می‌شود که در مورد کنونی چگالی حالت‌ها وابسته به زمان است. معادله‌ی (۲.۵) ظرفیت آلودگی توسط کووید-۱۹ را در طول زمان نشان می‌دهد. در قاب اصلی شکل ۵ (ج)، C_i در مقابل زمان برای چین نشان داده شده است که از پارامترهای برازش‌شده برای ابتلاهای جدید استفاده می‌کند (قاب الف) شکل ۵). رفتار شبه‌تابع گاوسی به‌وضوح مشاهده می‌شود. در مورد چین، ظرفیت آلودگی در $t \sim 50$ روز به صفر می‌رسد (خط عمودی نقطه‌چین در شکل ۵)، که هم با پایان یافتن مرگ‌ومیرهای جدید در روز و هم با اشیاع تعداد تجمعی منطبق است. افرادی که از دنیا رفته‌اند در قاب‌های (الف) و (ب) شکل ۵ نشان داده شده است. علاوه‌براین، کاهش C_i ، قبل از پایان یافتن آن، همچنین با اشیاع تعداد تجمعی افراد آلوده همراه است، که در $t \sim 50$ روز نیز اتفاق می‌افتد. قاب داخلی شکل ۵ (ج)، نمودار $-d[I(t)/P]/d(C/C^*)$ را در مقابل C/C^* نشان می‌دهد. جالب توجه است که برای $t \rightarrow \infty$ ، تعداد افرادی که می‌توانند آلوده‌شوند، کاهش می‌یابد و در نتیجه تماس (تعامل) بین افراد آلوده و غیرآلوده نیز کاهش می‌یابد. چنین کاهش منجر به رفتاری نزدیک‌تر به یک تابع توزیع فرمی-دیراک معمولی است که در آن هیچ اختلالی وجود ندارد.



شکل ۵. تعداد مرگومیر جدید روزانه‌ی کووید-۱۹ در چین برازش شده با یک تابع گاوسی (خط توپر قرمز). (ب) قاب اصلی: تعداد تجمعی مرگومیر روزانه در چین برازش شده با معادله‌ی (۴.۴) (خط توپر سیاه). قاب درونی: نمودار $D(t)/F$ به عنوان تابعی از C/C^* با نشان دادن رفتار شبه فرمی-دیراک اختلال یافته برای $m' = 51$ و $C^* = 0.15$. (ج) قاب اصلی: ظرفیت آلودگی C_i (در واحدهای دلخواه) به عنوان تابعی از زمان t در روز (خط توپر صورتی) محاسبه شده با پارامترهای برازش شده برای چین، یعنی $C^* = 0.22$ ، $m = 2660.2$ ، و $P = 80994.72$ ، با استفاده از معادله‌ی (۲.۵). قاب درونی: نمودار $-d[I(t)/P]/d(C/C^*)$ در مقابل C/C^* با استفاده از پارامترهای برازش شده برای چین برای ۱ روز (خط توپر قرمز)، ۳ روز (خط توپر سبز)، و ۷ روز (خط توپر آبی). نقطه چین عمودی نشان دهنده‌ی $t \sim 50$ روز است (مجموعه داده در [۷] موجود است).

۶. تابع لوژستیک در مقابل مدل SIR

در این بخش، به مقایسه‌ی بین معادله‌ی لوژستیک و مدل SIR می‌پردازیم. توجه داشته باشید که معادله‌ی (۴.۴) تعداد کل افراد آلوده را به عنوان تابعی از زمان $I(t)$ نشان می‌دهد. در چارچوب مدل SIR ، با دانستن R' و D ، با محاسبه‌ی $\int I'(t)dt$ به تعداد آلودگی‌های جدید روزانه $I'(t)$ و تعداد کل تجمعی ابتلاها دسترسی داریم. از این رو، هنگام استفاده از معادله‌ی لوژستیک، می‌توان تعداد کل تجمعی افراد آلوده را به روشی مشابه به دست آورد. این نشان می‌دهد که اگرچه برای توصیف بیماری‌های همه‌گیر مناسب است، اما مدل SIR درمان بسیار پیچیده‌تری را نسبت به کاربرد معادل لوژستیک ارائه می‌کند و تعیین منحنی همه‌گیری را با استفاده از دومی آسان‌تر می‌کند. واضح است که برای استفاده از معادله‌ی (۴.۴) باید میزان آلودگی و ثابت $m(\propto t_0)$ را

بدانیم، درحالی‌که مدل SIR عوامل صرفاً همه‌گیری‌شناسی مانند β' و κ را در نظر می‌گیرد. بنابراین، اگرچه ساده است، اما معادله‌ی لوژستیک به‌عواملی بستگی دارد که تنها پس از پایان بیماری همه‌گیر در یک مکان یا منطقه‌ی معین، مشخص می‌شوند. علاوه‌بر استفاده از تابع لوژستیک برای توصیف منحنی‌های رشد سیگموئیدی^{۲۱}، تابع گومپرتز نیز می‌تواند مورد استفاده قرار گیرد [۳۵]. اساساً، تفاوت اصلی بین تابع لوژستیک و گومپرتز در این واقعیت نهفته است که تابع گومپرتز شیب تندتری دارد و نسبت به تابع لوژستیک به‌مجانِبِ هموارتر نزدیک می‌شود. بنابراین، در چارچوب شیوع کووید-۱۹، استفاده از عملکرد لوژستیک یا گومپرتز به‌شیب کل تعداد تجمعی موارد در طول زمان بستگی دارد که می‌تواند برای هر کشور متفاوت باشد. اخیراً یک مدل پیشگو با استفاده از تابع گومپرتز، رگرسیون متحرک و به اصطلاح مدل مارکوف پنهان گزارش شده است [۳۶]. در [۳۶]، نویسندگان به‌منظور پیش‌بینی تعداد موارد جدید در روز بعد، داده‌های همه‌گیری را برای همه‌ی کشورها ارائه می‌کنند.

علاوه‌بر نیاز به رویکرد ریاضی مناسب‌تر برای توصیف مناسب منحنی‌های همه‌گیری یک بیماری خاص، عوامل ذاتی دیگری در جامعه وجود دارند که می‌توان آنها را، به‌منظور به حداقل رساندن تأثیر اجتماعی سایر همه‌گیری‌ها، در آینده توسعه داد. این عوامل شامل ثبت و افشای مجموعه داده‌های قابل اعتماد در چارچوب همه‌گیری‌ها توسط آژانس‌های بهداشتی به‌منظور جلوگیری یا جلوگیری از شیوع بیماری است. توسعه و طراحی برنامه‌های تلفن همراه [۳] می‌تواند به‌عنوان ابزار مهمی برای استفاده در فاصله‌گذاری اجتماعی کارآمدتر عمل کند. چنین برنامه‌های تلفن همراه درواقع می‌توانند در مدیریت شیوع بیماری بسیار مفید باشند.

بااین‌حال، استفاده از آنها با جنبه‌های اخلاقی مربوط به کنترل اطلاعات و مکان‌های هر فرد توسط دولت تداخل دارد، که در بسیاری از موارد می‌تواند مانع استفاده از چنین برنامه‌هایی شود. همان‌طور که در [۱۸] گزارش شده است، ثبت داده‌های همه‌گیری باید همراه با سایر منابع داده‌ی مرتبط، مانند الگوهای جمعیت‌شناسی، ژنتیکی و سفر به مکان‌ها و مقیاس‌های زمانی مختلف، با هدف پیش‌گیری و مهار بیماری‌های همه‌گیر انجام و تحلیل شود. علاوه‌براین، لازم است که سازمان‌های بهداشتی و درمانی برنامه‌ریزی مناسبی برای ساخت تخت‌های بیمارستانی در مواقع همه‌گیری داشته باشند. بدیهی است که سرعت ساخت چنین تخت‌های بیمارستانی در کشورهای مختلف یکسان نخواهد بود و در نتیجه بر درمان تأثیر می‌گذارد. از طریق افراد آلوده، حتی با وجود اینکه چندین سال پیش جامعه‌ی علمی ویروس کرونا را می‌شناخت، نتوانست از شیوع این بیماری جلوگیری کند. ازاین‌رو، مشخص می‌شود که کشف یک ویروس جدید، در صورت امکان، باید با کشف پادزهرها و یا واکسن‌ها همراه باشد. این امر به اصرار بر تحقیقات علمی سطح بالا با تمرکز بر پیش‌گیری یا مدیریت همه‌گیری‌های ویروسی آینده اشاره دارد. همچنین، گنجاندن مباحثی در مورد خطرات و پیامدهای احتمالی همه‌گیری‌ها در برنامه‌ی درسی مدارس ابتدایی و دبیرستان نقش مهمی در آگاهی جوانان خواهد داشت و می‌تواند تأثیر همه‌گیری‌های آینده را کاهش دهد.

۷. نتیجه‌گیری

جنبه‌های کلیدی مربوط به مدل SIR برای همه‌گیری‌های مختلف بررسی و بحث مختصری روی توصیف ریاضی آن صورت گرفت. اقتباسی از یک مدل شبه‌آیزینگ $S = 1/2$ ارائه و تابع لوژستیک که معمولاً برای توصیف منحنی‌های همه‌گیری در میان سایر پدیده‌ها استفاده می‌شود، مورد بررسی قرار گرفت. نشان داده شد که تطور زمانی تعداد ابتلاها و مرگ‌ومیرها، که توسط تابع لوژستیک توصیف می‌شود، شباهت‌هایی با تابع توزیع شبه‌فرمی-دیراک که در نظریه‌ی مشهور مایع فرمی مطرح می‌شود، دارد. تحلیل بیان شده نشان داد که یک تابع نوع گاوسی برای توصیف منحنی‌های همه‌گیری کافی است و قرنطینه نقش مهمی در کاهش شیوع کووید-۱۹ ایفا می‌کند. راه‌حل‌های تحلیلی برای مدل‌های ریاضی، که در اینجا ارائه شده‌اند، می‌توانند به‌عنوان مبنایی برای موارد پیچیده‌تر شامل محاسبات عددی باشند. چندین مسیر متمایز ارائه شد که می‌توان از آنها برای توصیف

²¹sigmoidal

منحنی‌های همه‌گیری برای هر بیماری استفاده کرد. چنین مباحث ابتدایی ارائه شده در اینجا می‌تواند در کاربرد سایر پدیده‌های جمعی مفید باشد. همان‌طور که در [۳۷] بحث شده است، پیش‌بینی منحنی‌های همه‌گیری ساده نیست زیرا متغیرهای مرتبط با همه‌گیری ممکن است در طول زمان تغییر کنند. در واقع، همان‌طور که در [۱] گزارش شده است، شیوع همه‌گیری‌ها باید در شکل بسیار وسیع‌تری بررسی شود. دانش از حوزه‌های مختلف تحقیقاتی دیگر، علاوه بر همه‌گیری‌شناسی، می‌تواند نقش مهمی در پیش‌گیری از بیماری‌های همه‌گیر، مانند تدارکات و مدیریت بحران ایفا کند. بی‌توجهی به مسائلی در قرن بیست و یکم، به عنوان مثال، فقر، تغییرات آب و هوا، و شهرنشینی به‌طور مشهودی به احتمال بیشتر همه‌گیری‌ها کمک می‌کند. همچنین، فهم پیامدهای منفی همه‌گیری‌های گذشته، مانند شیوع ابولا در کنگو، با هدف جلوگیری از شیوع سایر همه‌گیری‌های احتمالی آینده بسیار مهم است. علاوه بر این، چندین کشور در جهان برای اولین بار موضوع همه‌گیری را تجربه کردند و مدیریت صحیح این وضعیت برای چنین کشورهایی دشوار بود. بنابراین، رویکردی جامع‌تر و مدرن‌تر در مورد مهار همه‌گیری‌ها باید اتخاذ شود. همچنین، گنجاندن برنامه‌های استراتژیک در سیاست‌های آتی سلامت عمومی الزامی است.

۸. تشکر و قدردانی

نویسنده مقاله از پیشنهادها و نظرهای ارزشمند داوران محترم که باعث اصلاحات سازنده در محتوا و افزایش کیفیت مقاله شده است، کمال تشکر و قدردانی را دارد.

مراجع

- [1] J. Bedford, J. Farrar, C. Ihekweazu and et al, A new twenty-first century science for effective epidemic response, *Nature*, **575** (2019) 130–136.
- [2] F. Brauer and C. Castillo-Chavez, *Mathematical models in population biology and epidemiology*, Springer, New York, 2012.
- [3] V. B. Bulchandani, S. Shivam, S. Moudgalya and et al, Digital herd immunity and covid-19, arxiv preprint. arxiv:2004.07237. 2020.
- [4] A. K. Burnham, Use and misuse of logistic equations for modeling chemical kinetics, *J. Therm. Anal. Calor*, **127** (1017) 1107–1116.
- [5] N. Chitnis, J. M. Hyman and J. M. Cushing, Determining important parameters in the spread of malaria through the sensitivity analysis of a mathematical mode, *Bull. Math. Bio*, **70** (2008) 1272–1296.
- [6] Coronavirus. hospitals in brazil's sao paulo near collapse, <https://www.bbc.com/news/world-latinamerica-52701524>.
- [7] COVID-19, coronavirus pandemic, <https://www.worldometers.info/coronavirus/>.
- [8] A. Donoso-Bravo, S.I. Perez-Elvira and F. Fdz-Polanco, Application of simplified models for anaerobic biodegradability tests. evaluation of pre-treatment processes. *Chem. Eng. J*, **160**(2) (2010) 607-614.
- [9] Forecasting cases and duration of severe acute respiratory syndrome (sars), <https://condellpark.com/kd/sars.htm>.
- [10] <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/specific-groups/people-at-higher-risk.html>. 2020.
- [11] [https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_-\\$models_-\\$in_-\\$epidemiology](https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_-$models_-$in_-$epidemiology).

- [12] D. Foreman-Mackey, E. Agol, R. Ambikasaran and R. Angus, Fast and scalable gaussian process modeling with applications to astronomical time series, *The Astronomical Journal*, **154** (2017) 154–220.
- [13] V. P. Gawryszewski, AILCP. Neumann, R. C. C. Sesso and et al, Trend and profile of non communicable diseases in the state of sao paulo, *Bol. epidemiol. paul*, **6** (2009) 4–16.
- [14] J. Giesecke, *Modern Infectious Disease Epidemiology*, CRC Press, Boca Raton, 2017.
- [15] G. Gomes, H. E. Stanley and M. de Souza, Enhanced gruneisen parameter in supercooled water, *Sci Rep* **9**, 2019, <https://doi.org/10.1038/s41598-019-48353-4>.
- [16] G. O. Gomes, L. Squillante, A. C. Seridonio and et al, Magnetic gruneisen parameter for model systems, *Phys. Rev. B.*, **100** (2019) pp. 10.
- [17] N.C. Grassly and C. Fraser, Mathematical models of infectious disease transmission, *Nat. Rev. Micr*, **6** (2008) 477–487.
- [18] H. Heesterbeek, R. M. Anderson, V. Andreasen and et al, Modeling infectious disease dynamics in the complex landscape of global health, *Science*, **347** (2015) pp. 13.
- [19] E. Ising, Beitrag zur theorie des ferromagnetismus, *Zeitschrift for Physik*, **31** (1925) 253–258.
- [20] S. Jordan, From ferromagnets to electoral instability, *Nat. Phys*, **16** (2020) 125–126.
- [21] C. Kittel, *Introduction to solid state physics*, **8**, John Wiley and Sons, Hodoken, 2005.
- [22] N. Kyurkchiev and S. Markov, On the hausdorff distance between the heaviside step function and verhulst logistic function, *J. Mat Chem*, **54** (2016) 109–119.
- [23] Lecture. Notes of prof. aguinaldo p. ricieri, curso prandiano, anglo tamandare - sao paulo, 1996.
- [24] I. F. Mello, L. Squillante, G. O. Gomes and et al, Griffiths-like phase close to the Mott transition, arxiv preprint. arxiv:2003.11866, 2020.
- [25] I. F. Mello, L. Squillante, G. O. Gomes, A. C. Seridonio and M. Souza, Epidemics, the Ising-model and percolation theory: a comprehensive review focussed on covid-19, *Physica A.*, (2021) 1–33.
- [26] W. Nolting and A. Ramakanth, *Quantum theory of magnetism*, Springer, Berlin, 2009.
- [27] Organization, World Health, Ebola situation reports, [https://apps.who.int/ebola/ebola-situationreports\(2016\)](https://apps.who.int/ebola/ebola-situationreports(2016)).
- [28] D. Pines. *Theory of quantum liquids: normal Fermi liquids*, **1**, CRC Press, Boca Raton, 2018.
- [29] A. Sarukhan, Ebola: two years and 11,300 deaths later, <https://www.isglobal.org/en/ebola.2016>.
- [30] D. J. Schimpf, S. D. Flint and I. G. Palmblad, Representation of germination curves with the logistic functio, *Ann. Bo.*, **41** (1977) 1357–1360.
- [31] C. Schinckus, Ising model, econophysics and analogies, *Physica A*, **508** (2018) 95–103.
- [32] A. F. Siegenfeld and Y. Bar-Yam, Negative representation and instability in democratic elections, *Nat. Phys*, **16** (2020) 186–190.
- [33] H. E. Stanley, *Introduction to phases transitions and critical phenomena*, Oxford Science Publications, New York, 1971.
- [34] J. Stewart, *Calculus-early transcendentals*, Cengage Learning, Belmont, 2011.
- [35] E. Tabeau, A. van den Berg Jeths and C. Heathcote, *Forecasting mortality in developed countries: insights from a statistical, demographic and epidemiological perspective*, Springer Science and Business Media, 2001.

- [36] Y. T. Utsunomiya, A. T. H. Utsunomiya, R. B. P. Torrecilha and et al, Growth rate and acceleration analysis of the covid-19 pandemic reveals the effect of public health measures in real time, *Front. Med*, **7** (2020).
- [37] A. Vespignani, H. Tian, C. Dye and et al, Modelling covid-19, *Nat. Rev. Phys.*, (2020), <https://doi.org/10.1038/s42254-020-0178-4>.
- [38] A. Zafar, They have changed the course of this outbreak: Revelations from handling of coronavirus in china, (2020), <https://www.cbc.ca/news/health/covid-19-china-epicurve-1.5479983>.

رامین کاظمی

گروه آمار، دانشکده علوم پایه، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی (ره)، قزوین، ایران
r.kazemi@sci.ikiu.ac.ir

رامین کاظمی متولد شهریورماه ۱۳۵۷ در شهر دلفان از توابع استان لرستان است. وی در سال ۱۳۷۶ وارد مقطع کارشناسی رشته آمار دانشگاه رازی و در سال ۱۳۸۱ وارد مقطع کارشناسی ارشد رشته آمار ریاضی در دانشگاه شهید بهشتی شد. در سال ۱۳۸۶ دوره دکتری در گرایش احتمال را در دانشگاه شهید بهشتی و تحت راهنمایی دکتر محمدقاسم وحیدی اصل آغاز و در سال ۱۳۹۰ از رساله خود دفاع کرد. در حال حاضر، او استاد گروه آمار دانشگاه بین‌المللی امام خمینی (ره) است.



Mathematical modeling of pandemic Covid-19

Ramin Kazemi

Abstract: In this paper, by introducing well-established epidemiological models, compartmental models and Ising models, examples of their applications in describing epidemics, including some aspects of Covid-19, and several perspectives are presented. The importance of social distancing in preventing the spread of Covid-19 will also be demonstrated. We make a connection between the standard mathematical models employed in epidemics and well-established concepts in condensed matter Physics, such as the Fermi gas and the Fermi-liquid picture. Given the impossibility of making a precise forecast of the disease spread, the importance of taking into account additional factors, such as climate changes and urbanization, in the mathematical description of epidemics are considered.

Keywords: Epidemic, Covid-19, Ising model, *SIR* model, Gaussian type function, Logistic function.

Ramin Kazemi

Department of Statistics, Imam Khomeini International University, Qazvin, Iran.

Email: r.kazemi@sci.ikiu.ac.ir

Communicated by Majid Asadi.

Article Type: Review Paper.

Received: 01/02/2022, Accepted: 23/05/2022.