

ONE ITERATION METHOD IN NUMERICAL SOLUTION OF ENDEMIC MODELS WITH ARBITRARILY DISTRIBUTED PERIODS OF INFECTION FOR LONG TIMES

BAHMAN BABAYAR-RAZLIGHI 

ABSTRACT. In this paper, we consider endemic models with arbitrary distributed periods of infection. Some samples of such diseases are: HIV/AIDS, rubella, influenza, and so on. Since beginning of 20th century, there are many authors that investigate about mathematical modelling, existence of solutions and stability of models. Many of these models are in the form of differential equations, integral equations, algebraic equation or hybrid of these. In this work we convert the existence model to a system of integral equations with a nonlinear algebraic equation. We solve numerically this model by an iterative process. Organization of the given algorithm is such that the problem is solved by a numerical iteration on union of short time intervals, and the process forward interval by interval. Convergence of the method is given expansively. In the numerical results section, according to the structure of the problem and by using Laplace transform, we sketch a spectrum of sample problems that have analytical solutions. Finally, we illustrate accuracy and applicability of the method by two benchmark sample problems.

1. Introduction

In this work we consider the spread of an infectious disease in a population with the size $N(t)$ at time t . The population is divided in to suseptiable and infected individuals. $S(t)$ denotes the number

Keywords: Long times, Endemic Models, Iteration method, Periods of infection.

Article Type: Research Paper.

Communicated by Soghra Nobakhtian.

Received: 24-11-2023, Accepted: 20-07-2024, Published Online: 11-02-2025.

Cite this article: B. Babayar-Razlighi, One Iteration method in Numerical solution of Endemic Models with arbitrarily distributed periods of infection for long times, *Journal of Mathematics and Society*, **10** no. 1 (2025) 31–66.

<http://dx.doi.org/110.22108/msci.2024.139744.1628> .

of susceptible individuals at the time t and $I(t) = \sum_{j=1}^n I_j(t)$ denotes the infected individuals, which are further divided into n stages of infection. Hence the population size is

$$(1.1) \quad N(t) = S(t) + \sum_{j=1}^n I_j(t).$$

The mathematical model of problem is formulated as follows [9]

$$(1.2) \quad \begin{aligned} \dot{S}(t) &= \Lambda - \mu S(t) - B_0(t) + B_n(t), \quad S(0) = \check{S}, \\ B_0(t) &= f(S(t), I_1(t), \dots, I_n(t)), \\ I_j(t) &= \int_0^t B_{j-1}(t-a) F_j(a) P_j(a) e^{-\mu a} da + e^{-\mu t} \check{I}_j(t), \\ B_j(t) &= \int_0^t B_{j-1}(t-a) F_j(a) P'_j(a) e^{-\mu a} da + e^{-\mu t} \check{B}_j(t), \end{aligned}$$

where $j = 1, \dots, n$, F_j, P_j, f are known functions, $\lambda, \mu, \check{S}$ are known constants, and we will describe these quantities in the rest of the paper. The known forcing functions $\check{I}_j(t), \check{B}_j(t)$ are as follows

$$\begin{aligned} \check{I}_j(t) &= \int_t^\infty \frac{\check{u}_j(a-t)}{F_j(a-t)P_j(a-t)} F_j(a) P_j(a) da, \\ \check{B}_j(t) &= \int_0^t \frac{\check{u}_j(a-t)}{F_j(a-t)P_j(a-t)} F_j(a) P'_j(a) da. \end{aligned}$$

where $\check{u}_j$ denotes the stage age density of individuals that were in the j th stage at time $t = 0$, and are known. Other functions, $S(t), B_0(t), B_1(t), \dots, B_n(t), I_1(t), \dots, I_n(t)$ are unknown functions of the model. $\check{S}$ is the initial susceptible individuals, $\lambda > 0$ is the influx rate of new individuals into the epidemiologically relevant part of the population. If the whole population is epidemiologically relevant, $\lambda > 0$ is the population birth rate. $\mu > 0$ is the per capita mortality rate not due to disease-related causes. The function $P_j : [0, \infty) \rightarrow [0, 1]$ describes the duration of the j th stage and the function $F_j : [0, \infty) \rightarrow [0, 1]$ describes the disease-related mortality in the j th stage. P_j and F_j are nonincreasing, nonnegative functions on $[0, \infty)$, and have the following properties

$$\begin{aligned} F_j(0) &= 1 = P_j(0), \\ F_j(a)P_j(a) &> 0, \quad 0 \leq a \leq a_j, \\ F_j(a)P_j(a) &= 0, \quad a_j < a, \text{ when } a_j < \infty, \end{aligned}$$

where a_j denotes the maximum sojourn in the j th stage. The average duration of the j th stage is given by

$$D_j = \int_0^\infty P_j(a) da,$$

where we assume $D_j < \infty$ for all stages j except possibly for the last stage, $j = n$. Feng and Thieme (2000) [9] show that if f satisfies the following hypothesis H

$H : f(S, I_1, \dots, I_n)$ is defined for all $S \geq 0$ and all nonnegative I_j , and is continuous and nonnegative in these variable. Furthermore

$$f(S, 0) = 0, \quad f(0, I) = 0, \quad S \geq 0, I \in [0, +\infty)^n.$$

then the system (1.2) has a unique solution. Hence we Assume that this hypothesis is true. For more details of formulation of the model see [9, 25]. A very general mathematical framework for the analysis of infectious diseases are obtained by Kermack and Mc Kendrick [16, 17, 18]. Stech and Williams (1981) show a remarkable global stability result for the endemic equilibrium in a model with an arbitrarily distributed immunity period [23], their result was recently extended to diseases that cause fatalities [24]. Lin and van den Driessche (1992) prove threshold results for models with an arbitrarily distributed immunity period and a nonlinear incidence [19]. Castillo-Chavez et al. (1989) study the global stability of the disease-free and the local stability of the endemic equilibrium for an AIDS model with arbitrarily distributed infectivity period and a general contact function [8]. The local stability of such models is given by Brauer [4, 5, 6]. Hethcote and Tudor (1980) first consider an SIR model with an arbitrarily distributed infectious period for which they establish stability results for the disease-free and the endemic equilibrium [10]. Babayar-Razlighi have solved this system by the extrapolation method [3]. Asadi-Mehregan et al. (2023) studies the numerical solution of a mathematical model of the Covid-19 pandemic utilizing a meshless local discrete Galerkin method [1]. Asadi-Mehregan et al. (2022) studies on the approximate solution of dynamic systems derived from the HIV infection of CD_4^+ T cells using the LRBF-collocation scheme [2]. In modeling a disease like HIV/AIDS one may like to further divide the infectious stage according to disease progression [11, 21]. A convenient concept to model arbitrary distributions of stage durations is stage (or class) age [12, 13]. Stage age, here usually denoted by a , is the time that has elapsed since entering the stage.

2. Main Results

Integration of the only differential equation in (1.2) on $0 \leq a \leq t$ implies that

$$(2.1) \quad S(t) = \check{S} + \Lambda t + \int_0^t (-\mu S(a) - B_0(a) + B_n(a)) da.$$

Now we define the column vector $X(t)$ as follow

$$X(t) = \begin{bmatrix} x_1(t) \\ x_2(t) \\ \vdots \\ x_{n+1}(t) \\ x_{n+2}(t) \\ x_{n+3}(t) \\ \vdots \\ x_{2n+2}(t) \end{bmatrix} := \begin{bmatrix} B_0(t) \\ B_1(t) \\ \vdots \\ B_n(t) \\ S(t) \\ I_1(t) \\ \vdots \\ I_n(t) \end{bmatrix}.$$

The operator $T : \mathbb{R}^{2n+2} \rightarrow \mathbb{R}^{2n+2}$ is defined by

$$T(X(t)) := \begin{bmatrix} f(S(t), I_1(t), \dots, I_n(t)) \\ \int_0^t B_0(t-a)F_1(a)P_1'(a)e^{-\mu a}da \\ \vdots \\ \int_0^t B_{n-1}(t-a)F_n(a)P_n'(a)e^{-\mu a}da \\ \int_0^t (-\mu S(a) - B_0(a) + B_n(a))da \\ \int_0^t B_0(t-a)F_1(a)P_1(a)e^{-\mu a}da \\ \vdots \\ \int_0^t B_{n-1}(t-a)F_n(a)P_n(a)e^{-\mu a}da \end{bmatrix} =: \begin{bmatrix} T_1(S(t), I_1(t), \dots, I_n(t)) \\ T_2(B_0(t)) \\ \vdots \\ T_{n+1}(B_{n-1}(t)) \\ T_{n+2}(B_0(t), B_n(t), S(t)) \\ T_{n+3}(B_0(t)) \\ \vdots \\ T_{2n+2}(B_{n-1}(t)) \end{bmatrix}.$$

And finally the known right hand side vector is defined by

$$r(t) = \begin{bmatrix} r_1(t) \\ r_2(t) \\ \vdots \\ r_{n+1}(t) \\ r_{n+2}(t) \\ r_{n+3}(t) \\ \vdots \\ r_{2n+2}(t) \end{bmatrix} := \begin{bmatrix} 0 \\ e^{-\mu t} \check{B}_1(t) \\ \vdots \\ e^{-\mu t} \check{B}_n(t) \\ \check{S} + \Lambda t \\ e^{-\mu t} \check{I}_1(t) \\ \vdots \\ e^{-\mu t} \check{I}_n(t) \end{bmatrix}.$$

Thus the system (1.2) is equivalent with the following system

$$(2.2) \quad (I - T)(X(t)) = r(t).$$

where I is the identity operator. The main functions of the model are $S(t), I_1(t), \dots, I_n(t)$ and the functions $B_0(t), B_1(t), \dots, B_n(t)$ are the auxiliary functions for obtaining the main functions.

2.1. Algorithm of the method. First of all we define a procedure for approximation of $\int_a^b g(x)dx$ by the Gaussian integration technique. We do this aim in the following subsection

2.1.1. *Algorithm 1 (approximation of $\int_a^b g(x)dx$).* Step 1. Input $g(x), a, b$;

Step 2. Define a local environment with the local variables X, W, dat ;

Step 3. Set $X = \{x_1, \dots, x_{N_G}\}, W = \{w_1, \dots, w_{N_G}\}$, where N_G is the number of Gaussian nodal points, furthermore $x_1, \dots, x_{N_G}$ and $w_1, \dots, w_{N_G}$ are the Gaussian nodal points and Gaussian coefficients on $[a, b]$ respectively;

Step 4. Return $dat = \sum_{i=1}^{N_G} w_i g(x_i)$ as the out put of procedure;

We denote out-put of the algorithm 1 by $I_G(g(x), a, b)$. For more details about the Gaussian integration see [7, 14, 15, 22]. Now we can give the main algorithm

2.1.2. *Main Algorithm.* The following algorithm solves system (2.2) on $t \in [0, lN_I] = \sum_{i=1}^{N_I} J_i$, where l is the length of short partial intervals, $J_i[l(i-1), li], i = 1 \dots, N_I$ and N_I is the number of intervals.

step 1. Input the positive integers n, N_I, N_G, N_{It} , the reals $\mu, \lambda, \check{S}, l$, the right hand side vector $r(t)$ and the functions $f(S, I_1, \dots, I_n), F_j(a), P_j(a), j = 1 \dots n$. Set $a = 0, b = l$,

$$U^{(0)}(t) = \begin{bmatrix} \begin{cases} \check{S} & t \leq b, \\ 0 & \text{Otherwise.} \end{cases} \\ \begin{cases} r_{n+3}(0) & t \leq b, \\ 0 & \text{Otherwise.} \end{cases} \\ \vdots \\ \begin{cases} r_{2n+2}(0) & t \leq b, \\ 0 & \text{Otherwise.} \end{cases} \end{bmatrix}, \quad \tilde{B}_j(t) = \begin{cases} r_{j+1}(0) & t \leq b, \\ 0 & \text{Otherwise.} \end{cases}, j = 1, \dots, n.$$

step 2. In accordance with the Algorithm 2.1.1, define the procedure $I_G(g(x), a, b)$;

step 3. Set $i_1 = 1$;

step 3.1 If $i_1 > N_I$, then go to step 4.;

step 3.2 Set $i_2 = 1$;

step 3.3 If $i_2 > N_{It}$, then go to step 3.7;

Set

$$\tilde{B}_0(t) = f(U^{(0)}(t)), \quad a_i = a + \frac{b-a}{2}i, \quad i = 0, 1, 2$$

step 3.4 Set $j = 1$;

step 3.5 If $j > n$, then go to step 3.6;

Set

$$D_j = \left\{ \left(a_i, I_G(\tilde{B}_{j-1}(a_i - t)F_j(t)P_j'(t) \exp(-\mu t), 0, a_i) + r_{j+1}(a_i) \right) : i = 0, 1, 2 \right\},$$

$$\tilde{B}_j(t) = \begin{cases} \tilde{B}_j(t) & t \leq a, \\ P(D_j) & a < t \leq b, \\ 0 & \text{Otherwise,} \end{cases}$$

where $P(D_j)$ is the interpolation polynomial that passes through the points D_j .

Set $j = j + 1$ and return to step 3.5;

step 3.6 Set

$$D_{n+1} = \left\{ \left(a_i, I_G(-\mu \left(U^{(0)}(t) \right)_1 - \tilde{B}_0(t) + \tilde{B}_n(t), 0, a_i) + r_{n+2}(a_i) \right) : i = 0, 1, 2 \right\},$$

$$D_{j+n+1} = \left\{ \left(a_i, I_G(\tilde{B}_{j-1}(a_i - t)F_j(t)P_j(t) \exp(-\mu t), 0, a_i) + r_{j+n+2}(a_i) \right) : i = 0, 1, 2 \right\} \quad j = 1, \dots, n,$$

$$U^{(0)}(t) = \begin{bmatrix} \begin{cases} (U^{(0)}(t))_1 & t \leq a, \\ P(D_{n+1}) & a < t \leq b, \\ 0 & \text{Otherwise.} \end{cases} \\ \begin{cases} (U^{(0)}(t))_2 & t \leq a, \\ P(D_{n+2}) & a < t \leq b, \\ 0 & \text{Otherwise.} \end{cases} \\ \vdots \\ \begin{cases} (U^{(0)}(t))_{n+1} & t \leq a, \\ P(D_{2n+1}) & a < t \leq b, \\ 0 & \text{Otherwise.} \end{cases} \end{bmatrix},$$

where $(U^{(0)}(t))_i$ means the i th component of $U^{(0)}(t)$.

Set $i_2 = i_2 + 1$ and return to step 3.3;

step 3.7 Set $a = b$,

$b = b + l$,

Set $i_1 = i_1 + 1$ and return to step 3.1;

step4. Print the column vector $U^{(0)}(t)$ as the approximation of $U(t) = (S(t), I_1(t), \dots, I_n(t))^T$, and end the algorithm.

2.2. Convergence Analysis. In accordance with the hypothesis H ,

$D_f = \{(S, I_1, \dots, I_n) \mid S \geq 0, (I_1, \dots, I_n) \in [0, \infty)^n\}$ is the domain of f . We suppose that f has a Lipschitz condition with Lipschitz constant L on D_f , i.e., there exists $L > 0$ such that

$$\|f(U) - f(V)\| \leq L\|U - V\|, \quad U, V \in D_f.$$

Suppose $i \in \{1, \dots, N_I\}$ and arbitrary and let $t \in J_i$ and arbitrary. By defining

$$U^{(m)}(t) := \begin{bmatrix} S^{(m)}(t) \\ I_1^{(m)}(t) \\ \vdots \\ I_n^{(m)}(t) \end{bmatrix}, \quad m = 0, 1, 2, \dots,$$

$$E^{(m)}(t) := U^{(m)}(t) - U^{(m-1)}(t), \quad m \in \mathbb{N}$$

$$e_m = \|E^{(m)}\|_{J_i} := \sup\{E^{(m)}(t) : t \in J_i\},$$

the incidence function B_0 has the following property

$$\begin{aligned} |B_0^{(m+1)}(t) - B_0^{(m)}(t)| &= \left| f\left(U^{(m)}(t)\right) - f\left(U^{(m-1)}(t)\right) \right| \\ &\leq L \|U^{(m)} - U^{(m-1)}\|_{J_i} = L \|E^{(m)}\|_{J_i} = Le_m. \end{aligned}$$

Since $t \in J_i$ and arbitrary, supremum property implies that

$$\|B_0^{(m+1)} - B_0^{(m)}\|_{J_i} \leq Le_m.$$

For the function B_1 we obtain

$$\begin{aligned} |B_1^{(m+1)}(t) - B_1^{(m)}(t)| &= \left| \int_{(i-1)l}^t \left(B_0^{(m+1)}(a) - B_0^{(m)}(a) \right) F_1(t-a) P_1'(t-a) e^{-\mu(t-a)} da \right| \\ &\leq Le_m M_1(l), \end{aligned}$$

where

$$M_1(l) := \sup_{t \in J_i} \left| \int_{(i-1)l}^t F_1(t-a) P_1'(t-a) e^{-\mu(t-a)} da \right| \rightarrow 0 \text{ as } l \rightarrow 0.$$

Since $t \in J_i$ and arbitrary, supremum property yields

$$\|B_1^{(m+1)} - B_1^{(m)}\|_{J_i} \leq Le_m M_1(l).$$

By the bounded induction, [20] (Chapter 5, Section 10, Problem2) we see that

$$\|B_j^{(m+1)} - B_j^{(m)}\|_{J_i} \leq Le_m M_1(l) \dots M_j(l), \quad j = 1, \dots, n,$$

where

$$M_j(l) := \sup_{t \in J_i} \left| \int_{(i-1)l}^t F_j(t-a) P_j'(t-a) e^{-\mu(t-a)} da \right| \rightarrow 0 \text{ as } l \rightarrow 0.$$

And hence by defining

$$(2.3) \quad \alpha_j(l) = L \begin{cases} 1 & j = 0, \\ M_1(l) \dots M_j(l) & j = 1, \dots, n, \end{cases}$$

we obtain

$$(2.4) \quad \left\| B_j^{(m+1)} - B_j^{(m)} \right\|_{J_i} \leq \alpha_j(l) e_m, \quad j = 0, 1, \dots, n,$$

Equations (2.1) and (2.4) implies that

$$\begin{aligned} & \left| \left(E^{(m+1)}(t) \right)_1 \right| = \left| S^{(m+1)}(t) - S^{(m)}(t) \right| \\ & \left| \mu \int_{(i-1)l}^t \left(S^{(m-1)}(a) - S^{(m)}(a) \right) da + \int_{(i-1)l}^t \left(B_0^{(m)}(a) - B_0^{(m+1)}(a) \right) da \right. \\ & \quad \left. + \int_{(i-1)l}^t \left(B_n^{(m+1)}(a) - B_n^{(m)}(a) \right) da \right| \\ & \leq \mu l \left\| S^{(m)} - S^{(m-1)} \right\|_{J_i} + l \left\| B_0^{(m+1)} - B_0^{(m)} \right\|_{J_i} + l \left\| B_n^{(m+1)} - B_n^{(m)} \right\|_{J_i} \\ (2.5) \quad & \leq (\mu l + Ll + LlM_1(l) \dots M_n(l)) \left\| E^{(m)} \right\|_{J_i} =: \beta_0(l) e_m \rightarrow 0 \text{ as } l \rightarrow 0. \end{aligned}$$

Now suppose $j \in \{1, \dots, n\}$ and arbitrary. Equations (2.2) and (2.4) forces to

$$\begin{aligned} & \left| \left(E^{(m+1)}(t) \right)_{j+1} \right| = \left| I_j^{(m+1)}(t) - I_j^{(m)}(t) \right| \\ & \left| \int_{(i-1)l}^t \left(B_{j-1}^{(m+1)}(a) - B_{j-1}^{(m)}(a) \right) F_j(t-a) P_j(t-a) e^{-\mu(t-a)} da \right| \\ (2.6) \quad & \leq \alpha_{j-1}(l) e_m \left| \int_{(i-1)l}^t F_j(t-a) P_j(t-a) e^{-\mu(t-a)} da \right| \leq \beta_j(l) e_m, \end{aligned}$$

where

$$\beta_j(l) := \alpha_{j-1}(l) \sup_{t \in J_i} \left| \int_{(i-1)l}^t F_j(t-a) P_j(t-a) e^{-\mu(t-a)} da \right| \rightarrow 0 \text{ as } l \rightarrow 0.$$

By defining $\beta(l) := \max \{ \beta_j(l) : j = 1, \dots, n \}$ and applying equations (2.5)-(2.6), we obtain

$$(2.7) \quad e_{m+1} = \left\| E^{(m+1)} \right\|_{J_i} \leq \beta(l) e_m \rightarrow 0 \text{ as } l \rightarrow 0.$$

Since $\lim_{l \rightarrow 0} \beta(l) = 0$, then there exists $l > 0$ such that $0 < \beta(l) < 1$. This value of l and using an induction on m , implies that

$$(2.8) \quad e_m \leq (\beta(l))^m e_0 \rightarrow 0 \text{ as } l \rightarrow 0.$$

The equation (2.8) not only shows the convergence of the method, but furthermore it shows the rate of convergence.

3. Conclusions

3.1. A sample problem with one infection period. For constitution of an example we suppose

$$(3.1) \quad f(S, I_1, \dots, I_n) = S \sum_{j=1}^n I_j(t).$$

For $n = 1$ and with the notations of the Sec. 2.1 we have

$$X(t) = \begin{bmatrix} B_0(t) \\ B_1(t) \\ S(t) \\ I_1(t) \end{bmatrix}, \quad r(t) = \begin{bmatrix} r_1(t) \\ r_2(t) \\ r_3(t) \\ r_4(t) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ e^{-\mu t} \check{B}_1(t) \\ \check{S} + \Lambda t \\ e^{-\mu t} \check{I}_1(t) \end{bmatrix},$$

A simple choice for $S(t)$ can be written in the form $S(t) = \check{S}e^{-\gamma t}$, where $\gamma > 0$ is a constant. In this case the system (2.2) is as follow

$$(3.2) \quad \begin{cases} B_0(t) = \check{S}e^{-\gamma t} I_1(t), \\ B_1(t) = \int_0^t B_0(t-a) F_1(a) P_1'(a) e^{-\mu a} da + e^{-\mu t} \check{B}_1(t), \\ \check{S}e^{-\gamma t} = \check{S} + \Lambda t + \int_0^t \left(-\mu \check{S}e^{-\gamma a} - B_0(a) + B_1(a) \right) da, \\ I_1(t) = \int_0^t B_0(t-a) F_1(a) P_1(a) e^{-\mu a} da + e^{-\mu t} \check{I}_1(t), \end{cases}$$

By giving known values (usually exponential of negative variable) for functions P_1, F_1 and I_1 we obtain $B_0(t)$ from the first equation and then $\check{I}_1(t)$ obtains from the last equation. Now the third equation is an equation with unknown function B_1 . We take Laplace transform from this equation and obtain $\mathcal{L}\{B_1(t)\} = \hat{B}_1(\omega)$. Hence $B_1(t) = \mathcal{L}^{-1}\{\hat{B}_1(\omega)\}$ is obtainable. Finally the second equation gives a known value for $\check{B}_1(t)$.

Example 3.1. For the known values

$$\begin{aligned} \mu &= \frac{1}{2}, \check{S} = e^{\frac{1}{2}}, \Lambda = \frac{1}{2}, F_1(t) = e^{\frac{2(1-t)}{3}}, P_1(t) = e^{\frac{1-t}{4}} \\ \check{B}_1(t) &= e^{\frac{t}{2}} \left(-\frac{1}{2} + e^{-\frac{5}{6}(-1+t)} + \frac{3}{7} e^{\frac{7}{4} - \frac{17t}{12}} \left(-1 + e^{\frac{17t}{12}} \right) \right), \\ \check{I}_1(t) &= \frac{12}{7} e^{\frac{7}{4} - \frac{11t}{12}} - \frac{12}{7} e^{\frac{7}{4} - \frac{t}{3}} + e^{-\frac{2+t}{6}}, \end{aligned}$$

the system

$$(3.3) \quad \begin{cases} B_0(t) = S(t) I_1(t), \\ B_1(t) = \int_0^t B_0(t-a) F_1(a) P_1'(a) e^{-\mu a} da + e^{-\mu t} \check{B}_1(t), \\ S(t) = \check{S} + \Lambda t + \int_0^t \left(-\mu S(a) - B_0(a) + B_1(a) \right) da, \\ I_1(t) = \int_0^t B_0(t-a) F_1(a) P_1(a) e^{-\mu a} da + e^{-\mu t} \check{I}_1(t), \end{cases}$$

has the exact solution

$$X(t) = \begin{bmatrix} B_0(t) \\ B_1(t) \\ S(t) \\ I_1(t) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} e^{\frac{5(1-t)}{6}} \\ e^{\frac{5(1-t)}{6}} - \frac{1}{2} \\ e^{\frac{1-t}{2}} \\ e^{\frac{1-t}{3}} \end{bmatrix}.$$

We solve this system on $t \in [0, 10]$, by the described algorithm in Sec. 2.1 with $l = 0.1$, $N_I = 100$, $N_{It} = 7$, $N_G = 16$. Figure 1 shows a comparison between $S(t)$ and $\tilde{S}(t)$ as functions of t for Example 3.1. Similarly Figure 2 shows a comparison between $I_1(t)$ and $\tilde{I}_1(t)$ as functions of t for Example 3.1. $S(t), I_1(t)$ are the exact solutions and $\tilde{S}(t), \tilde{I}_1(t)$ are the approximated solutions by the proposed method. Table 1 shows absolute errors of $\tilde{S}$ and $\tilde{I}_1$ in the nodal points $t_i = 0.5i$, $i = 0, 1, \dots, 20$.

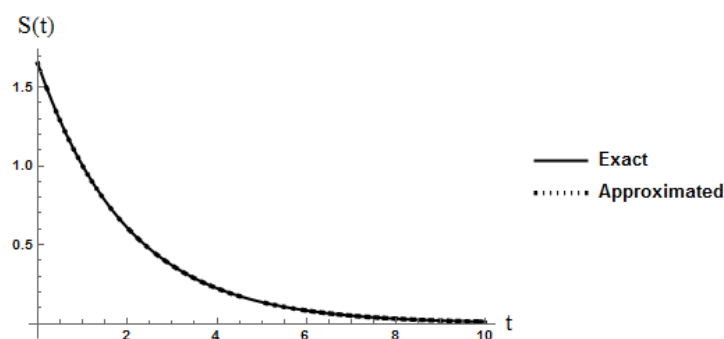


FIGURE 1. Variations of $S(t)$ and $\tilde{S}(t)$ as functions of t for Example 3.1

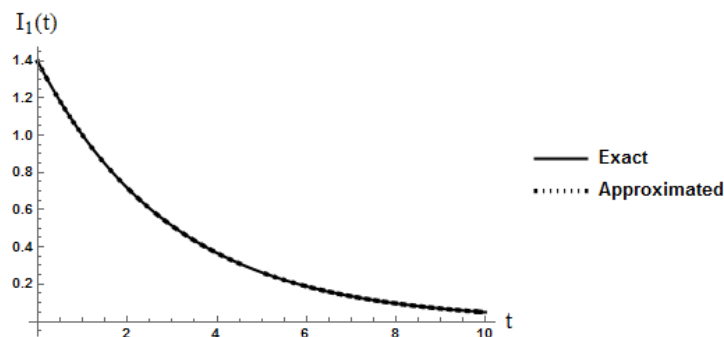


FIGURE 2. Variations of $I_1(t)$ and $\tilde{I}_1(t)$ as functions of t for Example 3.1

TABLE 1. Absolute errors of $\tilde{I}_1$ and $\tilde{S}$ at $t_i = 0.5i$, $i = 0, 1, \dots, 20$ for Example 3.1

i	Errors of $\tilde{I}_1$	Errors of $\tilde{S}$
0	0.0	0.0
1	4.29×10^{-7}	3.01×10^{-7}
2	7.03×10^{-7}	3.01×10^{-7}
3	2.87×10^{-7}	7.53×10^{-7}
4	3.41×10^{-7}	3.34×10^{-7}
5	2.43×10^{-7}	1.26×10^{-7}
6	6.04×10^{-7}	2.11×10^{-7}
7	6.07×10^{-7}	2.85×10^{-7}
8	9.06×10^{-7}	5.49×10^{-7}
9	1.45×10^{-7}	1.19×10^{-6}
10	1.60×10^{-7}	2.79×10^{-6}
11	7.89×10^{-7}	1.84×10^{-6}
12	2.12×10^{-7}	2.06×10^{-6}
13	5.82×10^{-7}	1.56×10^{-6}
14	3.57×10^{-7}	2.55×10^{-6}
15	5.50×10^{-7}	8.36×10^{-6}
16	4.77×10^{-7}	7.29×10^{-6}
17	5.27×10^{-7}	4.37×10^{-6}
18	2.00×10^{-7}	3.78×10^{-6}
19	2.83×10^{-7}	4.18×10^{-6}
20	8.90×10^{-7}	6.71×10^{-6}

3.2. A sample problem with two infection period. In this section we sketch a sample problem with $n = 2$. Suppose f is given by (3.1). In accordance with the notations of the Sec. 2.1 we have

$$X(t) = \begin{bmatrix} B_0(t) \\ B_1(t) \\ B_2(t) \\ S(t) \\ I_1(t) \\ I_2(t) \end{bmatrix}, \quad r(t) = \begin{bmatrix} r_1(t) \\ r_2(t) \\ r_3(t) \\ r_4(t) \\ r_5(t) \\ r_6(t) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ e^{-\mu t} \check{B}_1(t) \\ e^{-\mu t} \check{B}_2(t) \\ \check{S} + \Lambda t \\ e^{-\mu t} \check{I}_1(t) \\ e^{-\mu t} \check{I}_2(t) \end{bmatrix},$$

In accordance with the Sec. 3.1 we set $S(t) = \check{S}e^{-\gamma t}$, for some $\gamma > 0$. Hence in this case the system (2.2) is as follow

$$(3.4) \quad \begin{cases} B_0(t) = \check{S}e^{-\gamma t} (I_1(t) + I_2(t)), \\ B_1(t) = \int_0^t B_0(t-a)F_1(a)P_1'(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{B}_1(t), \\ B_2(t) = \int_0^t B_1(t-a)F_2(a)P_2'(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{B}_1(t), \\ \check{S}e^{-\gamma t} = \check{S} + \Lambda t + \int_0^t \left(-\mu\check{S}e^{-\gamma a} - B_0(a) + B_2(a) \right) da, \\ I_1(t) = \int_0^t B_0(t-a)F_1(a)P_1(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{I}_1(t) \\ I_2(t) = \int_0^t B_1(t-a)F_2(a)P_2(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{I}_2(t), \end{cases}$$

By giving the known values (usually exponential functions of negative variable) for functions $P_i, F_i, I_i, i = 1, 2$, we obtain $B_0(t)$ from the first equation and then $\check{I}_1(t)$ obtains from the

fifth equation. Now the fourth equation is an equation with unknown function B_2 . We take Laplace transform from this equation and obtain $\mathcal{L}\{B_2(t)\} = \widehat{B}_2(\omega)$. Then $B_2(t)$ is obtained from $B_2(t) = \mathcal{L}^{-1}\widehat{B}_2(\omega)$. By introducing the known value (usually exponential function of negative variable) for function $B_1(t)$, unknown function $\check{B}_1(t)$ is obtained from the second equation of (3.4). By substitution of all known functions in the third and sixth equation of (3.4), we obtain the rest unknown functions $\check{B}_2(t)$ and $\check{I}_2(t)$ respectively.

Example 3.2. For the known data

$$\begin{aligned} \mu &= \frac{1}{2}, \check{S} = e^{\frac{1}{2}}, \Lambda = \frac{1}{2}, F_1(t) = e^{-\frac{t}{2}}, P_1(t) = e^{-t}, F_2(t) = e^{-\frac{t}{2}}, P_2(t) = e^{-t}, \\ \check{B}_1(t) &= e^{\frac{t}{2}} \left(e^{\frac{1}{2}-\frac{t}{2}} - \frac{2}{15}e^{\frac{7}{6}-2t} \left(9 - 9e^{\frac{5t}{6}} - 10e^{\frac{1}{12}} \left(-1 + e^{\frac{3t}{4}} \right) \right) \right), \\ \check{B}_2(t) &= e^{\frac{t}{2}} \left(-\frac{1}{2} + e^{-\frac{5}{4}(-1+t)} + e^{-\frac{7}{6}(-1+t)} + \frac{2}{3}e^{\frac{1}{2}-2t} \left(-1 + e^{\frac{3t}{2}} \right) \right), \\ \check{I}_1(t) &= e^{\frac{t}{2}} \left(e^{-\frac{2}{3}(-1+t)} - \frac{2}{15}e^{\frac{7}{6}-2t} \left(10e^{\frac{1}{12}} \left(-1 + e^{\frac{3t}{4}} \right) + 9 \left(-1 + e^{\frac{5t}{6}} \right) \right) \right), \\ \check{I}_2(t) &= e^{\frac{t}{2}} \left(e^{\frac{3}{4}-\frac{3t}{4}} - \frac{2}{3}e^{\frac{1}{2}-2t} \left(-1 + e^{\frac{3t}{2}} \right) \right), \end{aligned}$$

the system

$$(3.5) \quad \begin{cases} B_0(t) = S(t) (I_1(t) + I_2(t)), \\ B_1(t) = \int_0^t B_0(t-a)F_1(a)P_1'(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{B}_1(t), \\ B_2(t) = \int_0^t B_1(t-a)F_2(a)P_2'(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{B}_2(t), \\ S(t) = \check{S} + \Lambda t + \int_0^t \left(-\mu S(a) - B_0(a) + B_2(a) \right) da, \\ I_1(t) = \int_0^t B_0(t-a)F_1(a)P_1(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{I}_1(t), \\ I_2(t) = \int_0^t B_1(t-a)F_2(a)P_2(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{I}_2(t), \end{cases}$$

has the exact solution

$$X(t) = \begin{bmatrix} B_0(t) \\ B_1(t) \\ B_2(t) \\ S(t) \\ I_1(t) \\ I_2(t) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} e^{-\frac{5}{4}(-1+t)} + e^{-\frac{7}{6}(-1+t)} \\ e^{\frac{1}{2}-\frac{t}{2}} \\ e^{-\frac{5}{4}(-1+t)} + e^{-\frac{7}{6}(-1+t)} - \frac{1}{2} \\ e^{\frac{1}{2}-\frac{t}{2}} \\ e^{\frac{2(1-t)}{3}} \\ e^{\frac{3(1-t)}{4}}, \end{bmatrix},$$

We solve this system on $t \in [0, 10]$, by the described algorithm in Sec. 2.1 with $l = 0.1$, $N_I = 100$, $N_{It} = 7$, $N_G = 16$. Figure 1 shows a comparison between $S(t)$ and $\tilde{S}(t)$ as functions of t for Example 3.2. Similarly Figures 2 and 3 show a comparison between $I_i(t)$ and $\tilde{I}_i(t)$, $i = 1, 2$ as functions of t for Example 3.2. $\tilde{S}(t)$, $\tilde{I}_i(t)$, $i = 1, 2$ are the exact solutions and $\tilde{S}(t)$, $\tilde{I}_i(t)$, $i = 1, 2$ are the approximated solutions by the proposed method. Table 2 shows absolute errors of $\tilde{S}$ and $\tilde{I}_i$, $i = 1, 2$ in the nodal points $t_i = 0.5i$, $i = 0, 1, \dots, 20$.

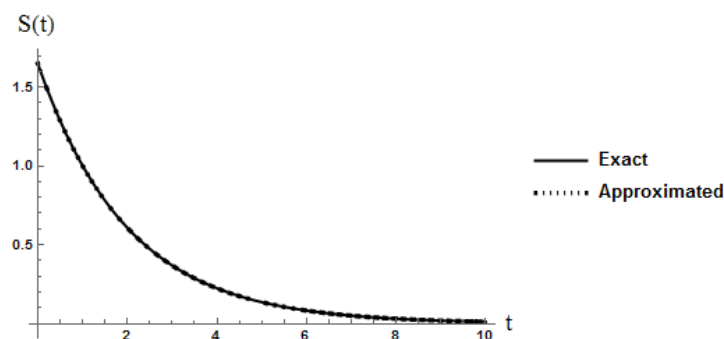


FIGURE 3. Variations of $S(t)$ and $\tilde{S}(t)$ as functions of t for Example 3.2

TABLE 2. Absolute errors of $\tilde{I}_1$ and $\tilde{S}$ at $t_i = 0.5i$, $i = 0, 1, \dots, 20$ for Example 3.2



i	Errors of $\tilde{I}_1$	Errors of $\tilde{I}_2$	Errors of $\tilde{S}$
0	0.0	0.0	0.0
1	3.96×10^{-7}	2.92×10^{-7}	1.15×10^{-6}
2	9.04×10^{-7}	2.85×10^{-7}	4.09×10^{-6}
3	2.33×10^{-6}	1.75×10^{-7}	3.82×10^{-7}
4	2.06×10^{-6}	2.49×10^{-7}	8.99×10^{-7}
5	9.28×10^{-7}	1.37×10^{-7}	2.10×10^{-5}
6	1.40×10^{-7}	9.09×10^{-7}	5.74×10^{-6}
7	8.03×10^{-7}	1.41×10^{-7}	4.28×10^{-6}
8	1.26×10^{-6}	1.46×10^{-7}	4.66×10^{-6}
9	1.23×10^{-7}	7.56×10^{-8}	1.87×10^{-5}
10	4.49×10^{-7}	1.37×10^{-7}	1.98×10^{-5}
11	6.39×10^{-7}	2.54×10^{-7}	1.28×10^{-6}
12	1.84×10^{-7}	1.36×10^{-7}	3.31×10^{-5}
13	4.94×10^{-7}	4.73×10^{-8}	1.53×10^{-5}
14	1.95×10^{-7}	9.44×10^{-8}	4.38×10^{-6}
15	1.37×10^{-7}	3.70×10^{-8}	4.83×10^{-5}
16	2.43×10^{-7}	9.05×10^{-9}	3.82×10^{-5}
17	1.49×10^{-7}	9.77×10^{-9}	1.37×10^{-5}
18	1.27×10^{-9}	1.26×10^{-8}	1.33×10^{-5}
19	3.47×10^{-8}	2.38×10^{-8}	2.84×10^{-5}
20	1.24×10^{-7}	1.50×10^{-8}	4.10×10^{-5}

Bahman Babayar-Razlighi

Department of Mathematics, Qom University of technology, P.O.Box 1519-37195, Qom, Iran

Email: babayar@qut.ac.ir

یک روش تکراری در حل عددی مدل بیماری‌های بومی با توزیع‌های دلخواه دوره‌های عفونت برای زمان‌های طولانی

بهمن بابایار رازلیقی^{id}

چکیده. در این مقاله مدل‌های بومی برای دوره‌های عفونی را در نظر می‌گیریم که به‌طور دلخواه توزیع شده‌اند. نمونه‌هایی از چنین بیماری‌ها عبارتند از: ایدز/HIV، سرخچه، آنفلوآنزا و غیره. محققین زیادی از اوایل قرن بیستم به بعد راجع به مدل‌سازی ریاضی، وجود جواب، رفتار مجانبی، نقاط تعادلی، شکاف‌گاه‌ها و پایداری مدل‌ها تألیفات متعدّد انجام داده‌اند. بیشتر این مدل‌ها به صورت معادلات دیفرانسیل، معادلات انتگرال، معادلات جبری غیرخطی و یا تلفیقی از این‌ها هستند. در این کار ابتدا مدل موجود را به‌صورت تلفیقی از یک دستگاه انتگرالی، به‌همراه یک معادله‌ی جبری غیرخطی در می‌آوریم. این مدل را با استفاده از یک فرآیند تکرار، حل عددی می‌کنیم. سازماندهی الگوریتم ارائه شده چنان است که مسأله را در اجتماع بازه‌های کوتاه زمانی به‌صورت تکراری، حل عددی کرده و فرآیند، بازه‌به‌بازه جلو می‌رود. همگرایی روش، به‌طور مفصل ارائه می‌گردد. در قسمت نتایج عددی ابتدا با توجه به ساختار مسأله و با استفاده از تبدیل لاپلاس، طیفی از مسائل را طراحی می‌کنیم که دارای جواب تحلیلی باشند. در نهایت دقت و کارایی روش پیشنهاد شده را با استفاده از دو نمونه مسأله آزمون، نشان می‌دهیم.

۱. مقدمه

بدن موجودات زنده و در رأس آنها بدن انسان یک سامانه ی پویای پیچیده‌ای است که خدا در نظام آفرینش قرار داده، و با استفاده از این سامانه های طبیعی، گاهی بشر توانسته است سامانه های مصنوعی مشابهی را کشف و مهندسی نماید. بنابراین همانند بسیاری از مسائل مهندسی، مسائل و بیماری‌های پزشکی نیز مدل‌سازی ریاضی می‌شوند و در بسیاری از موارد، این مسائل جزء مسائل میان رشته‌ای مهندسی، پزشکی و ریاضی محسوب می‌گردند.

بیماری عفونی بیماری است که در اثر میکروب‌های مختلف تولید و به وسیله‌ی آن میکروب‌ها انتقال پیدا می‌کند. دوره‌های یک بیماری عفونی در یک فرد معمولاً به چندین مرحله تقسیم بندی می‌شوند: دوره‌ی پنهان، دوره‌ی عفونت بدون علائم و نشانه، و دوره‌ی عفونت با نشانه‌ها و علائم. دوره‌ی پنهان به‌علاوه دوره‌ی عفونت بدون علائم اغلب دوره‌ی نهفتگی را تشکیل

عبارات و کلمات کلیدی: زمان‌های طولانی، مدل‌های بومی، روش تکراری، دوره‌های عفونتش.

نوع مقاله: پژوهشی

دبیرتخصصی رابط: صغری نوبختیان

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۹/۰۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۴/۰۳ تاریخ انتشار آنلاین: ۱۴۰۳/۱۱/۰۳

ارجاع به مقاله: ب. بابایار رازلیقی، یک روش تکراری در حل عددی مدل بیماری‌های بومی با توزیع‌های دلخواه دوره‌های عفونت برای زمان‌های طولانی، نشریه ریاضی و جامعه، ۱۰ شماره ۱ (۱۴۰۴)، ۶۶-۳۱.

<https://dx.doi.org/110.22108/msci.2024.139744.1628>

می‌دهند. در بیماری‌های دوران کودکی، به‌عنوان مثال، یک دوره‌ی مصونیت نیز هست در حالی‌که در ایدز/HIV محقق می‌تواند دوره‌ی عفونی بدون علائم را بر مبنای بروز نشانه‌های خاص به چندین قسمت تقسیم کند.

سؤالی در اینجا مطرح است و آن این‌که چرا توزیع‌های با طول دلخواه از دوره‌های عفونت وجود دارد. کرماک^۱ و مک‌کندریک^۲ در سال‌های ۱۹۲۷، ۱۹۳۲ و ۱۹۳۳ یک چهارچوب ریاضی خیلی عمومی و کلی برای آنالیز بیماری‌های عفونی تدارک دیده‌اند [۱۵، ۱۶، ۱۷]. این مدل تمام مراحل مربوط به عفونت‌های $I_1(t)I_2(t) \dots I_n(t)$ را در یک مرحله به‌صورت $I(t) = (I_1(t), \dots, I_n(t))$ خلاصه می‌کند و به شرط اولیه‌ی $I(0)$ وابسته می‌باشد.

استک^۳ و ویلیامز^۴ [۲۱] یک نتیجه‌ی عمومی از پایداری برای تعادل بومی در یک مدل دارای دوره‌ی مصونیت با توزیع دلخواه را ارائه دادند که نتیجه‌ی آنها بعداً برای بیماری‌هایی که منجر به فوت می‌شوند، توسیع داده شده است [۲۲]. لین^۵ و وان دن درشه^۶ نتایج آستانه‌ای برای مدل‌هایی که با توزیع دلخواه دوره‌ی مصونیت بوده و یک وقوع غیرخطی دارند را ثابت کردند [۱۸]. کاستیلو چاوز^۷ و دیگر همکاران، پایداری کلی آزاد-بیماری و پایداری موضعی تعادل بومی برای یک مدل ایدز با توزیع دلخواه دوره‌ی مصونیت و یک تابع تماس عمومی را مورد مطالعه قرار دادند [۷]. براور^۸ در سال‌های ۱۹۹۰، ۱۹۹۱ و ۱۹۹۶، پایداری موضعی تعادل بومی در مدل‌های با توزیع دلخواه دوره‌های عفونی را با به‌کارگیری اندازه‌ی جمعیت متغیر، مرگ و میر ناشی از بیماری و سرایت عمودی مورد تحلیل و بررسی قرار داد [۳، ۴، ۵].

هشکوت^۹ و تودر^{۱۰} ابتدا یک مدل به‌صورت دستگاه معادلات انتگرالی ولترای غیرخطی با یک توزیع دلخواه دوره‌ی عفونی را در نظر گرفتند [۹]. آنها نتایج پایداری برای تعادل همه‌گیری و آزاد-بیماری را برای این مدل به اثبات رساندند. بابایار-رازلیقی^{۱۱} (۲۰۱۹) این مدل را به روش برون‌یابی به سوی حد، حل عددی کرده است [۲۴]. اسدی مهرگان^{۱۲} و دیگر همکاران یک روش بدون شبکه برای سرعت بخشیدن به حل عددی یک مدل ریاضی بیماری کرونا و ویروس جدید ارائه کرده‌اند [۱]. اسدی مهرگان و دیگر همکاران به حل عددی سامانه‌های پویای به‌دست آمده از عفونت ایدز برخی T سلول‌ها، با استفاده از طرح LRBF-collocation پرداخته‌اند [۲]. در این مقاله ساختارهای کلی که بحث وجود و پایداری آنها توسط محققین فوق‌الذکر آمده، توسط یک فرآیند تکراری حل عددی می‌گردد.

خلاصه‌ی آنچه در این مقاله انجام یافته به‌شرح زیر می‌باشد. در بخش ۲، مدل ریاضی بیماری‌های عفونی مورد مطالعه، به‌طور کامل تشریح می‌گردد و این مدل به‌صورت یک دستگاه از معادلات انتگرالی به‌همراه یک معادله‌ی غیرخطی پیوند دهنده، فرموله می‌شود. در بخش ۳، الگوریتم حل عددی دستگاه بخش ۲ به‌طور کامل ارائه می‌گردد. هر چند ما این الگوریتم را به زبان Mathematica برنامه‌نویسی کرده‌ایم ولی با توجه به سراسر بودن الگوریتم به سادگی با هر زبان برنامه‌نویسی دیگر نیز قابل برنامه‌نویسی است. بخش ۴، همگرایی روش تکراری، در یک بازه‌ی زمانی نسبتاً طولانی (مدت‌دار) را از دیدگاه ریاضی به اثبات می‌رساند. در بخش ۵، ابتدا طیفی از مسائل را طراح می‌کنیم که دارای جواب تحلیلی باشند و سپس در قسمت مثال‌های عددی دقت و کارایی روش را توسط دو مثال به‌طور شفاف نشان می‌دهیم. برای درک بهتر ساختار مدل، فهرست علائم را در جدول ۱ می‌آوریم.

¹W. O. Kermack ²A. G. McKendrick ³W. Stech ⁴M. Williams ⁵X. Lin ⁶P. Van Den Driessche ⁷C. Castilo-Chavez
⁸F. Brauer ⁹H. W. Hethcote ¹⁰D. W. Tudor ¹¹B. Babayar-Razlighi ¹²F. Asadi-Mehregan

جدول ۱. فهرست علائم

Table 1: List of symbols

علامت	شرح علامت
t	زمان (بر حسب روز)
a	سن مرحله (کلاس)، بر حسب روز
j	عدد مرحله، $1 \leq j \leq n$
$S(t)$	تعداد افراد حساس در زمان t
$u_j(t, \cdot)$	چگالی افراد آلوده در مرحله‌ی j ام و زمان t
$\check{u}_j(\cdot)$	چگالی افراد آلوده در مرحله‌ی j ام و زمان ۰
$I_j(t)$	تعداد افراد آلوده در مرحله‌ی j ام و زمان t
$B_\circ(t)$	شیوع (نرخ عفونت) در زمان t
$B_j(t)$	شارش از مرحله‌ی j ام عفونت به مرحله‌ی $(j+1)$ ام در زمان t ، $j = 1, \dots, n-1$
$B_n(t)$	نرخ برگشت از مرحله n ام (آخرین) عفونت به کلاس حساس
n	تعداد مراحل عفونت، یک عدد طبیعی
Λ	نرخ (یا نسبت، عددی بین صفر تا یک) ورود حساس‌های جدید
μ	نرخ مرگ و میر سرانه‌ی پایه (عددی بین صفر تا یک)
$1 - F_j(a)$	احتمال مرگ ناشی به دلیل عوامل مرتبط با بیماری در مرحله‌ی j ام قبل از سن مرحله‌ی a
$P_j(a)$	احتمال اینکه مرحله‌ی j بیشتر از a واحد زمان طول بکشد
a_j	حداکثر زمان اقامت در مرحله‌ی j ام، بر حسب روز

۲. مدل‌های بیماری

شیوع یک بیماری عفونی را در جامعه‌ای، در نظر می‌گیریم. همه‌گیری در این جامعه متناظر با بخشی از جامعه است که اندازه‌ی آن در زمان t ، $N(t)$ است. برای بیماری‌هایی مانند آنفلوآنزا و سرخچه بخش مرتبط با همه‌گیری، تمام جامعه را در بر می‌گیرد در حالی که این بخش برای بیماری‌هایی که از طریق جنسی منتقل می‌شوند شامل بخش فعال جنسی است. ما جامعه را به بخش‌های حساس و مبتلا تقسیم بندی می‌کنیم: تعداد افراد حساس در زمان t را با $S(t)$ نمایش می‌دهیم. افراد مبتلا، خودشان به n مرحله از عفونت تقسیم می‌شوند

$$N(t) = S(t) + \sum_{j=1}^n I_j(t)$$

که در آن $I_j(t)$ نشان‌دهنده‌ی تعداد افراد مرحله‌ی j ام می‌باشد. یک تقسیم‌بندی ممکن $n = 4$ است که در آن $I_1(t) = E(t)$ تعداد افراد در معرض عفونت است (آن‌هایی که در دوره‌ی کمون هستند یعنی آلوده شده‌اند ولی عفونت بروز نکرده است). $I_2(t)$ افراد عفونی هستند که عفونت و آلودگی در آن‌ها ظهور و بروز یافته است، $I_3(t) = Q(t)$ افراد در قرنطینه هستند، یعنی عفونی هستند ولی جدا شده‌اند، $I_4(t) = R(t)$ افراد بهبود یافته هستند یعنی مدت زیادی است که عامل عفونت را ندارند. در مدل‌سازی بیماری مانند ایدز/HIV، محقق ممکن است بر اساس پیشرفت بیماری تعداد مراحل عفونی را بیشتر انتخاب کند

([۱۹، ۱۰]) را ملاحظه کنید). تغییر در جمعیت حسّاس از قانون زیر تبعیت می‌کند

$$\dot{S}(t) = \Lambda - \mu S(t) - B_0(t) + B_n(t), \quad B_0(t) = f(S(t), I(t)), \quad I(t) = (I_1(t), \dots, I_n(t)),$$

که $\Lambda > 0$ (ثابت) نرخ ورود افراد جدید به بخش مرتبط با همه‌گیری جمعیت است، و همگی این افراد حسّاس فرض می‌شوند. اگر تمام جمعیت مرتبط با همه‌گیری باشند آنگاه Λ نرخ تولّد در جمعیت است. $\mu > 0$ نرخ سرانه مرگ و میر به دلیل عوامل مرتبط با بیماری است. $B_0(t)$ وقوع است یعنی نرخ ابتلا در زمان t ، که تابعی از تعداد حسّاس‌ها و تعداد افرادی است که در گروه‌های مختلف ابتلا قرار دارند. $B_n(t)$ نرخ افرادی هستند که از بیماری بهبود یافته‌اند ولی مصونیت خود را از دست داده و به کلاس حسّاس‌ها برگشته‌اند.

یک مفهوم متداول در مدل‌سازی طول مدت مرحله برای توزیع‌های دلخواه، سن مرحله است ([۱۱، ۱۲]) را ملاحظه کنید). سن مرحله که در اینجا با a نمایش داده می‌شود مدت زمانی است که از شروع مرحله گذشته است. افراد موجود در مرحله‌ی j ام ابتلا را به صورت زیر نمایش می‌دهیم

$$I_j(t) = \int_0^{a_j} u_j(t, a) da,$$

که در آن $u_j(t, \cdot)$ نشانگر چگالی سن مرحله در زمان t است و $a_j > 0$ ماکزیمم مدت اقامت در مرحله‌ی j ام می‌باشد؛ a_j ممکن است متناهی یا نامتناهی باشد. توابع $[0, 1] \rightarrow [0, \infty)$: P_j, F_j را معرفی می‌کنیم که طول مدت و مرگ و میر مرتبط با بیماری را در مرحله‌ی j ام توصیف می‌کنند. به عبارت دقیق‌تر $P_j(a)$ عبارت است از احتمال آنکه مرحله‌ی j ام بیشتر از a واحد زمان طول بکشد. به علاوه $1 - F_j(a)$ عبارت است از احتمال مرگ در مرحله‌ی j ام در نتیجه‌ی عوامل مرتبط با بیماری قبل از آنکه سن مرحله به a برسد. F_j و P_j توابع نامنفی و ناصعودی روی $[0, \infty)$ با خاصیت $F_j(0) = 1 = P_j(0)$ هستند. با عنایت به اینکه a_j حداکثر زمان اقامت در مرحله‌ی j ام است، داریم

$$F_j(a)P_j(a) > 0, \quad 0 \leq a \leq a_j,$$

و برای حالت‌هایی که $a_j < \infty$ ،

$$F_j(a)P_j(a) = 0, \quad a_j < a.$$

میانگین طول مدت، در مرحله‌ی j ام، عبارت است از

$$D_j = \int_0^\infty P_j(a) da,$$

در حالی‌که میانگین زمان اقامت در مرحله‌ی j ام عبارت است از

$$T_j = \int_0^\infty e^{-\mu a} F_j(a) P_j(a) da.$$

به علاوه فرض می‌کنیم برای همه‌ی j ها $T_j < \infty$ ، $j = n$ مگر شاید برای $j = n$ ، $D_j < \infty$. توجه داریم که F_j و P_j لزوماً پیوسته یا مطلقاً پیوسته نیستند. همین موضوع به ما این امکان را فراهم می‌آورد که بتوانیم مرحله‌ای با طول ثابت، داشته باشیم. به هر حال فرض می‌کنیم که F_j و P_j ناپیوستگی مشترکی نداشته باشند. برای توصیف پویایی مرحله، فرض می‌کنیم $B_{j-1}(t)$ نرخ افراد

وارد شونده به مرحله j ام باشد. به ازای $j = 2, \dots, n$ ، این نرخ افرادی است که مرحله $(j - 1)$ ام را ترک می‌کنند. پس

$$u_j(t, a) = \begin{cases} B_{j-1}(t-a)F_j(a)P_j(a)e^{-\mu a} & \circ \leq a < t, \\ \check{u}_j(a-t)\frac{F_j(a)P_j(a)}{F_j(a-t)P_j(a-t)}e^{-\mu a} & \circ < t \leq a \leq a_j, \\ \check{u}_j(a) & t = \circ \leq a \leq a_j. \end{cases}$$

افراد در زمان t با سن مرحله‌ی $a < t$ در زمان $t - a > 0$ وارد مرحله می‌شوند و هنوز زنده‌اند و در مرحله با احتمال الحاقی $F_j(a)P_j(a)e^{-\mu a}$ زنده‌اند. $\tilde{u}_j$ نشان‌دهنده‌ی تراکم سن جمعیت افرادی است که در مرحله‌ی j ام در زمان $t = 0$ می‌باشند. افراد در زمان $t > 0$ با سن کلاس $a > t$ ، آنهایی هستند که قبلاً در زمان صفر در مرحله‌ی j ام بودند (دارای سن کلاس $t - a$) و همچنان با احتمال الحاقی شرطی $\frac{F_j(a)P_j(a)}{F_j(a-t)P_j(a-t)}$ در مرحله هستند. برای تکمیل و بسته شدن کامل مدل، بایستی همچنان $B_j(t)$ را توصیف کنیم. این کمیّت عبارت است از نرخ افرادی که مرحله‌ی j ام را ترک کرده و به مرحله‌ی $(j + 1)$ ام وارد می‌شوند مشروط بر اینکه $j < n$ یا به کلاس حسّاس‌ها برمی‌گردند در صورتی‌که $j = n$ و $B_j(t) = \int_0^a \frac{u_j(t,a)}{P_j(a)} P'_j(a) da$ و $j = n$ برای مدلسازی این پدیده، خواننده را به [۲۳] ارجاع می‌دهیم.

۳. فرمول بندی مجدد به صورت معادلات انتگرالی

جایگذاری عبارات مربوط به u_j در عبارات مربوط به I_j و B_j به دستگاه معادلات زیر، متشکل از یک معادله دیفرانسیل و چندین معادله انتگرالی و لترا منتج می‌گردد:

$$\begin{aligned}
\dot{S}(t) &= \Lambda - \mu S(t) - B_{\circ}(t) + B_n(t), \quad S(\circ) = \check{S}, \\
B_{\circ}(t) &= f(S(t), I_{\mathfrak{I}}(t), \dots, I_n(t)), \\
I_j(t) &= \int_{\circ}^t B_{j-\mathfrak{I}}(t-a) F_j(a) P_j(a) e^{-\mu a} da + e^{-\mu t} \check{I}_j(t), \\
B_j(t) &= \int_{\circ}^t B_{j-\mathfrak{I}}(t-a) F_j(a) P'_j(a) e^{-\mu a} da + e^{-\mu t} \check{B}_j(t), \quad j = \mathfrak{I}, \dots, n
\end{aligned}
\tag{1.3}$$

که در آن توابع نفوذ $\check{I}_j$ و $\check{B}_j$ با روابط زیر داده می‌شوند.

$$\begin{aligned}\check{I}_j(t) &= \int_t^\infty \frac{\check{u}_j(a-t)}{F_j(a-t)P_j(a-t)} F_j(a)P_j(a)da, \\ \check{B}_j(t) &= \int_0^t \frac{\check{u}_j(a-t)}{F_j(a-t)P_j(a-t)} F_j(a)P_j'(a)da.\end{aligned}$$

فنگ ۱۳ و تیمه ۱۴ در سال ۲۰۰۰ نشان دادند که اگر f در شرایط H زیرین صدق کند آنگاه دستگاه معادلات (۱.۳) دارای جواب یکتاست [۸].

شرط $H: f(S, I_1, \dots, I_n)$ به ازای تمام مقادیر نامنفی $S, I_1, \dots, I_n$ تعریف شده، پیوسته بوده و مقدار آن نیز نامنفی باشد.

$$f(S, \circ) = \circ, \quad f(\circ, I) = \circ, \quad S \geq \circ, I \in [\circ, +\infty)^n.$$

¹³Z. Feng ¹⁴H. R. Thieme

بنابراین ما نیز فرض می‌کنیم این شرایط برقرار باشند. برای رسیدن به یک دستگاه منسجم که بتوان روش تکراری روی آن پیاده نمود، تنها معادله‌ی دیفرانسیل موجود در روابط (۱.۳) را با انتگرالگیری در $0 \leq a \leq t$ به صورت زیر می‌نویسیم:

$$(۲.۳) \quad S(t) = \check{S} + \Lambda t + \int_0^t (-\mu S(a) - B_0(a) + B_n(a)) da.$$

بردار ستونی $X(t)$ را به صورت زیر تعریف می‌کنیم:

$$X(t) = \begin{bmatrix} x_1(t) \\ x_2(t) \\ \vdots \\ x_{n+1}(t) \\ x_{n+2}(t) \\ x_{n+3}(t) \\ \vdots \\ x_{2n+2}(t) \end{bmatrix} := \begin{bmatrix} B_0(t) \\ B_1(t) \\ \vdots \\ B_n(t) \\ S(t) \\ I_1(t) \\ \vdots \\ I_n(t) \end{bmatrix}.$$

در این مقاله منظور از “سمت راست=سمت چپ” یعنی اینکه کمیت “سمت چپ” را با استفاده از کمیت آشنای “سمت راست” تعریف می‌کنیم. به طور مشابه “سمت راست=سمت چپ” یعنی اینکه کمیت “سمت راست” را با استفاده از کمیت آشنای “سمت چپ” تعریف می‌کنیم. عملگر $T: \mathbb{R}^{2n+2} \rightarrow \mathbb{R}^{2n+2}$ را به صورت زیر تعریف می‌کنیم:

$$T(X(t)) := \begin{bmatrix} f(S(t), I_1(t), \dots, I_n(t)) \\ \int_0^t B_0(t-a)F_1(a)P'_1(a)e^{-\mu a} da \\ \vdots \\ \int_0^t B_{n-1}(t-a)F_n(a)P'_n(a)e^{-\mu a} da \\ \int_0^t (-\mu S(a) - B_0(a) + B_n(a)) da \\ \int_0^t B_0(t-a)F_1(a)P_1(a)e^{-\mu a} da \\ \vdots \\ \int_0^t B_{n-1}(t-a)F_n(a)P_n(a)e^{-\mu a} da \end{bmatrix} =: \begin{bmatrix} T_1(S(t), I_1(t), \dots, I_n(t)) \\ T_2(B_0(t)) \\ \vdots \\ T_{n+1}(B_{n-1}(t)) \\ T_{n+2}(B_0(t), B_n(t), S(t)) \\ T_{n+3}(B_0(t)) \\ \vdots \\ T_{2n+2}(B_{n-1}(t)) \end{bmatrix}.$$

حال با تعریف بردار معلوم سمت راست

$$r(t) = \begin{bmatrix} r_1(t) \\ r_2(t) \\ \vdots \\ r_{n+1}(t) \\ r_{n+2}(t) \\ r_{n+3}(t) \\ \vdots \\ r_{2n+2}(t) \end{bmatrix} := \begin{bmatrix} \circ \\ e^{-\mu t} \check{B}_1(t) \\ \vdots \\ e^{-\mu t} \check{B}_n(t) \\ \check{S} + \Lambda t \\ e^{-\mu t} \check{I}_1(t) \\ \vdots \\ e^{-\mu t} \check{I}_n(t) \end{bmatrix}.$$

معادلات (۱.۳) به شکل دستگاه معادلات زیر تحویل می‌یابد.

$$(I - T)(X(t)) = r(t). \quad (3.3)$$

در دستگاه معادلات (۳.۳)، I عملگر همانی و $X(t)$ تابع برداری مجهول مسأله است. توابع اصلی مدل $S(t), I_1(t), \dots, I_n(t)$ هستند و توابع $B_0(t), B_1(t), \dots, B_n(t)$ توابع کمکی برای به دست آوردن این توابع اصلی هستند. به ازای هر مقدار اولیه‌ی معلوم $\check{S} = S(0)$ ، دستگاه (۲.۳) دارای جواب یکتا است [۸].

۴. الگوریتم روش تکراری برای حل دستگاه (۳.۳)

قبل از ارائه‌ی الگوریتم اصلی، رویه‌ای برای تقریب $\int_a^b g(x)dx$ ارائه می‌دهیم که بیشترین درجه دقت ممکن را داشته باشد. نظر به اینکه در کار ما تابع g معلوم است، پس به تقریب

$$\int_a^b g(x)dx \simeq \sum_{i=1}^{N_G} c_i g(x_i), \quad (1.4)$$

می‌پردازیم. که در آن N_G تعداد نقاط گرهی انتگرال‌گیری عددی گاوسی است. انتگرال‌گیری گاوسی روندی برای انتخاب مقادیر $x_1, x_2, \dots, x_{N_G}$ در بازه‌ی $[a, b]$ و انتخاب مقادیر ثابت $c_1, c_2, \dots, c_{N_G}$ ارائه می‌دهد که خطای حاصل از انجام عمل تقریب (۱.۴) به ازای هر تابع دلخواه g را به کمترین مقدار برساند. در واقع این قاعده طوری طراحی شده است که برای هر چندجمله‌ای از درجه‌ی $2N_G - 1$ دقیق است. برای توضیحات بیشتر راجع به محاسبه انتگرال‌گیری گاوسی، خواننده علاقه‌مند را به [۶، بخش ۷.۴]، [۱۳، بخش ۶.۶]، [۱۴، بخش ۳.۹] و [۲۰، بخش ۶.۳] ارجاع می‌دهیم.

در این مقاله مقدار $\sum_{i=1}^{N_G} c_i g(x_i)$ را به ازای g و N_G مفروض با $I_G(g(x), a, b)$ نشان می‌دهیم. این رویه در زبان‌های برنامه نویسی سطح بالا مانند Mathematica و Matlab با کدهای دستوری مناسبی ارائه شده‌اند. به عنوان مثال در

Mathematica کد دستوری متناظر عبارت است از Gaussian Quadrature Weights

الگوریتم ۱ دستگاه معادلات (۳.۳) را در بازه‌ی زمانی $J_i = [0, lN_I]$ حل عددی می‌کند، که در آن l طول بازه‌های کوتاه زمانی $J_i := [(i-1)l, il]$ و N_I تعداد این بازه‌ها است.

الگوریتم ۱ حل عددی دستگاه معادلات (۳.۳) در بازه‌ی زمانی $J_i = [0, lN_I]$ $i=1, \dots, N_I$.

ورودی: اطلاعات و داده‌های معلوم مرحله اول.

خروجی: حل عددی دستگاه معادلات (۳.۳).

۱: اطلاعات و داده‌های معلوم زیر را از طریق ورودی بگیرید

- داده‌های عددی $\mu, \lambda, \check{S}, l$
- اعداد طبیعی n, N_I, N_G, N_{It} ، که در آن N_G ، تعداد نقاط گرهی انتگرال‌گیری گاوسی و N_{It} تعداد تکرارهای روش است.

• توابع حقیقی مقدار $F_j(a), P_j(a), j = 1 \dots n$ و $f(S, I_1, \dots, I_n)$

• تابع برداری سمت راست $r(t)$

قرار می‌دهیم: $b = l, a = 0$ (می‌توان l را که طول بازه‌های کوتاه زمانی است و محاسبات بازه به بازه با این طول پیش می‌رود، هر مقدار مناسبی انتخاب کرد. در نمونه مسائل این مقاله $l = 0.1$ اختیار می‌کنیم). قرار می‌دهیم

$$U^{(0)}(t) = \begin{bmatrix} \begin{cases} \check{S} & t \leq b, \\ 0 & \text{Otherwise.} \end{cases} \\ \begin{cases} r_{n+1}(0) & t \leq b, \\ 0 & \text{Otherwise.} \end{cases} \\ \vdots \\ \begin{cases} r_{n+1}(0) & t \leq b, \\ 0 & \text{Otherwise.} \end{cases} \end{bmatrix}, \quad \tilde{B}_j(t) = \begin{cases} r_{j+1}(0) & t \leq b, \\ 0 & \text{Otherwise.} \end{cases}, j = 1, \dots, n.$$

۲: قرار می‌دهیم $i_1 = 1$ (حلقه‌ی مربوط به بازه‌ها).

۱-۲: اگر $i_1 > N_I$ به مرحله‌ی ۳ می‌رویم

۲-۲: قرار می‌دهیم $i_2 = 1$ (حلقه‌ی مربوط به تکرارها).

۳-۲: اگر $i_2 > N_{It}$ به گام ۷-۲ می‌رویم قرار می‌دهیم

$$\tilde{B}_0(t) = f(U^{(0)})(t), \quad a_i = a + \frac{b-a}{2}i, \quad i = 0, 1, 2$$

۴-۲: قرار می‌دهیم $j = 1$

۵-۲: اگر $j > n$ به گام ۶-۲ می‌رویم قرار می‌دهیم

$$D_j = \left\{ \left(a_i, I_G(\tilde{B}_{j-1}(a_i - t)F_j(t)P_j'(t) \exp(-\mu t), 0, a_i) + r_{j+1}(a_i) \right) : i = 0, 1, 2 \right\},$$

$$\tilde{B}_j(t) = \begin{cases} \tilde{B}_j(t) & t \leq a, \\ P(D_j) & a < t \leq b, \\ 0 & \text{Otherwise,} \end{cases}$$

که در آن $P(D_j)$ چند جمله‌ای درونیاب گذرنده از نقاط D_j است.

یک واحد به j اضافه کرده و به گام ۲-۵ برمی‌گردیم.

۲-۶: قرار می‌دهیم

$$D_{n+1} = \left\{ \left(a_i, I_G(-\mu(U^{(\circ)}(t)))_1 - \tilde{B}_\circ(t) + \tilde{B}_n(t), \circ, a_i \right) + r_{n+2}(a_i) : i = \circ, 1, 2 \right\},$$

$$D_{j+n+1} = \left\{ \left(a_i, I_G(\tilde{B}_{j-1}(a_i - t)F_j(t)P_j(t)\exp(-\mu t), \circ, a_i) + r_{j+n+2}(a_i) \right) : i = \circ, 1, 2 \right\} \quad j = 1, \dots, n,$$

$$U^{(\circ)}(t) = \begin{bmatrix} \begin{cases} (U^{(\circ)}(t))_1 & t \leq a, \\ P(D_{n+1}) & a < t \leq b, \\ \circ & \text{Otherwise.} \end{cases} \\ \begin{cases} (U^{(\circ)}(t))_2 & t \leq a, \\ P(D_{n+2}) & a < t \leq b, \\ \circ & \text{Otherwise.} \end{cases} \\ \vdots \\ \begin{cases} (U^{(\circ)}(t))_{n+1} & t \leq a, \\ P(D_{2n+1}) & a < t \leq b, \\ \circ & \text{Otherwise.} \end{cases} \end{bmatrix},$$

در روابط فوق منظور از $(U^{(\circ)}(t))_i$ یعنی i امین عنصر بردار $U^{(\circ)}(t)$. یک واحد به i_2 اضافه کرده و به گام ۲-۳ برمی‌گردیم.

۲-۷: قرار می‌دهیم

$$a = b,$$

$$b = b + l,$$

یک واحد به i_1 اضافه کرده و به گام ۲-۱ برمی‌گردیم.

$$U(t) = \begin{bmatrix} S(t) \\ I_1(t) \\ \vdots \\ I_n(t) \end{bmatrix} \quad \text{۳: } U^{(\circ)}(t) \text{ را به عنوان تقریبی برای } t \in [\circ, lN_I] \text{ چاپ می‌کنیم و به الگوریتم خاتمه می‌دهیم.}$$

۵. همگرایی روش تکراری برای حل دستگاه (۳.۳)

با نمادهای بخش ۳، بازه‌ی زمانی را به صورت $\bigcup_{i=1}^{N_I} J_i = [\circ, lN_I]$ در نظر می‌گیریم. فرض می‌کنیم تابع f بر دامنه‌اش در شرط لیپ شیتس صدق کند. یعنی $L > \circ$ هست به طوری که

$$\|f(U) - f(V)\| \leq L\|U - V\|, \quad U, V \in D_f.$$

حال $i \in \{1, \dots, N_I\}$ و دلخواه (بعد از این ثابت) می‌گیریم. $t \in J_i$ و دلخواه می‌گیریم. تعریف می‌کنیم

$$U^{(m)}(t) := \begin{bmatrix} S^{(m)}(t) \\ I_1^{(m)}(t) \\ \vdots \\ I_n^{(m)}(t) \end{bmatrix}, \quad m = 0, 1, 2, \dots,$$

$$E^{(m)}(t) := U^{(m)}(t) - U^{(m-1)}(t), \quad m \in \mathbb{N}$$

$$e_m = \|E^{(m)}\|_{J_i} := \sup\{E^{(m)}(t) : t \in J_i\}.$$

برای تابع وقوع B_0 در J_i داریم

$$\begin{aligned} |B_0^{(m+1)}(t) - B_0^{(m)}(t)| &= \left| f(U^{(m)}(t)) - f(U^{(m-1)}(t)) \right| \\ &\leq L \|U^{(m)} - U^{(m-1)}\|_{J_i} = L \|E^{(m)}\|_{J_i} = Le_m. \end{aligned}$$

چون $t \in J_i$ و دلخواه است پس بنا به خاصیت سوپریم

$$\|B_0^{(m+1)} - B_0^{(m)}\|_{J_i} \leq Le_m.$$

برای تابع B_1 در J_i داریم

$$\begin{aligned} |B_1^{(m+1)}(t) - B_1^{(m)}(t)| &= \left| \int_{(i-1)l}^t (B_0^{(m+1)}(a) - B_0^{(m)}(a)) F_1(t-a) P_1'(t-a) e^{-\mu(t-a)} da \right| \\ &\leq Le_m M_1(l), \end{aligned}$$

که در آن

$$M_1(l) := \sup_{t \in J_i} \left| \int_{(i-1)l}^t F_1(t-a) P_1'(t-a) e^{-\mu(t-a)} da \right| \rightarrow 0 \text{ وقتی } l \rightarrow 0.$$

به‌علاوه از این موضوع استفاده کرده‌ایم که $B_1^{(m+1)}(a) = B_1^{(m)}(a)$, $a \in [0, (i-1)l]$ چون $t \in J_i$ و دلخواه است پس بنا به خاصیت سوپریم

$$\|B_1^{(m+1)} - B_1^{(m)}\|_{J_i} \leq Le_m M_1(l).$$

به استقرای محدود از [۲۵، مسأله ۲، بخش ۱۰، فصل ۵] ملاحظه می‌کنیم که

$$\|B_j^{(m+1)} - B_j^{(m)}\|_{J_i} \leq Le_m M_1(l) \cdots M_j(l), \quad j = 1, \dots, n,$$

که در آن به ازای $j = 1, \dots, n$ داریم

$$M_j(l) := \sup_{t \in J_i} \left| \int_{(i-1)l}^t F_j(t-a) P_j'(t-a) e^{-\mu(t-a)} da \right| \rightarrow 0 \text{ وقتی } l \rightarrow 0.$$

و بنابراین با تعریف

$$(۱.۵) \quad \alpha_j(l) = L \begin{cases} 1 & j = 0, \\ M_1(l) \cdots M_j(l) & j = 1, \dots, n, \end{cases}$$

خواهیم داشت

$$(۲.۵) \quad \|B_j^{(m+1)} - B_j^{(m)}\|_{J_i} \leq \alpha_j(l)e_m, \quad j = 0, 1, \dots, n,$$

با استفاده از معادلات (۳.۳) و (۲.۵) ملاحظه می‌کنیم که

$$\begin{aligned} & \left| \left(E^{(m+1)}(t) \right)_1 \right| = \left| S^{(m+1)}(t) - S^{(m)}(t) \right| \\ & \left| \mu \int_{(i-1)l}^t \left(S^{(m-1)}(a) - S^{(m)}(a) \right) da + \int_{(i-1)l}^t \left(B_0^{(m)}(a) - B_0^{(m+1)}(a) \right) da \right. \\ & \quad \left. + \int_{(i-1)l}^t \left(B_n^{(m+1)}(a) - B_n^{(m)}(a) \right) da \right| \\ & \leq \mu l \|S^{(m)} - S^{(m-1)}\|_{J_i} + l \|B_0^{(m+1)} - B_0^{(m)}\|_{J_i} + l \|B_n^{(m+1)} - B_n^{(m)}\|_{J_i} \\ (۳.۵) \quad & \leq (\mu l + Ll + LlM_1(l) \cdots M_n(l)) \|E^{(m)}\|_{J_i} =: \beta_0(l)e_m \rightarrow 0, \end{aligned}$$

هرگاه $l \rightarrow 0$. حال $j \in \{1, \dots, n\}$ و دلخواه می‌گیریم. بنا به (۱.۳) و (۲.۵) داریم

$$\begin{aligned} & \left| \left(E^{(m+1)}(t) \right)_{j+1} \right| = \left| I_j^{(m+1)}(t) - I_j^{(m)}(t) \right| \\ & \left| \int_{(i-1)l}^t \left(B_{j-1}^{(m+1)}(a) - B_{j-1}^{(m)}(a) \right) F_j(t-a) P_j(t-a) e^{-\mu(t-a)} da \right| \\ (۴.۵) \quad & \leq \alpha_{j-1}(l)e_m \left| \int_{(i-1)l}^t F_j(t-a) P_j(t-a) e^{-\mu(t-a)} da \right| \leq \beta_j(l)e_m, \end{aligned}$$

که در آن

$$l \rightarrow 0 \quad \beta_j(l) := \alpha_{j-1}(l) \sup_{t \in J_i} \left| \int_{(i-1)l}^t F_j(t-a) P_j(t-a) e^{-\mu(t-a)} da \right| \rightarrow 0.$$

با تعریف

$$(۵.۵) \quad \beta(l) := \max \{ \beta_j(l) : j = 1, \dots, n \},$$

بنا به روابط (۳.۵) و (۴.۵)

$$(۶.۵) \quad l \rightarrow 0 \quad e_{m+1} = \|E^{(m+1)}\|_{J_i} \leq \beta(l)e_m \rightarrow 0.$$

با توجه به

$$(۷.۵) \quad \lim_{l \rightarrow 0} \beta(l) = 0,$$

$0 < \beta(l) < 1$ به ازای این مقدار l و به استقرای روی m ملاحظه می‌کنیم که

$$(۸.۵) \quad l \rightarrow 0 \quad e_{m+1} = \|E^{(m+1)}\|_{J_i} \leq \beta(l)e_m \rightarrow 0.$$

رابطه‌ی (۸.۵) نه تنها همگرایی روش را نشان می‌دهد، بلکه سرعت همگرایی روش را هم به خوبی مشخص می‌نماید. هر چه مقدار l نزدیک صفر باشد، سرعت همگرایی بیشتر است. ولی کاهش بیشتر از حد l نیز مطلوب نمی‌باشد، چون محاسبات را طولانی کرده و خطای گرد کردن را افزایش می‌دهد. به عنوان مثال در نمونه مسائل بخش نتایج عددی $l = 0.1 > 0$ خیلی بزرگتر از آن است که چنین خطایی رخ دهد. در واقع وقتی که $l = 10^{-n}$ می‌توان یک مقدار بهینه برای n پیدا کرد. بنابراین انتخاب یک مقدار مناسب برای l ، خود قسمتی از هنر برنامه نویسی ریاضی کاربردی است. برای آشنایی بیشتر با مفهوم سرعت همگرایی خواننده‌ی علاقه‌مند را به [۶، فصل اول] و برای آشنایی با حساب ممیز شناور و بحث خطاهای گرد کردن به [۲۰، فصل اول] ارجاع می‌دهیم.

۶. نتایج عددی

۱.۶. یک نمونه مسأله آزمون با یک دوره‌ی عفونت. برای ایجاد یک نمونه مسأله فرض می‌کنیم

$$(۱.۶) \quad f(S, I_1, \dots, I_n) = S \sum_{j=1}^n I_j(t).$$

به ازای $n = 1$ و با نمادهای بخش ۲، بردارهای $X(t)$ و $r(t)$ عبارتند از

$$X(t) = \begin{bmatrix} B_0(t) \\ B_1(t) \\ S(t) \\ I_1(t) \end{bmatrix}, \quad r(t) = \begin{bmatrix} r_1(t) \\ r_2(t) \\ r_3(t) \\ r_4(t) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ e^{-\mu t} \check{B}_1(t) \\ \check{S} + \Lambda t \\ e^{-\mu t} \check{I}_1(t) \end{bmatrix},$$

با توجه به اینکه تابع نمایی از یک عبارت درجه اول با ضریب متغیر منفی هم خواص توابع مدل را احراز می‌کند و هم محاسبات تبدیل لاپلاس سراسر است دارد تا جایی که به بن بست نرسیم از این تابع در ساختن نمونه مسائل کمک می‌گیریم. پس فرض می‌کنیم $S(t) = \check{S}e^{-\gamma t}$ که در آن $\gamma > 0$ مقدار ثابتی است. پس در این حالت دستگاه معادلات (۳.۳) به صورت زیر می‌باشد

$$(۲.۶) \quad \begin{cases} B_0(t) = \check{S}e^{-\gamma t} I_1(t), \\ B_1(t) = \int_0^t B_0(t-a) F_1(a) P_1'(a) e^{-\mu a} da + e^{-\mu t} \check{B}_1(t), \\ \check{S}e^{-\gamma t} = \check{S} + \Lambda t + \int_0^t \left(-\mu \check{S}e^{-\gamma a} - B_0(a) + B_1(a) \right) da, \\ I_1(t) = \int_0^t B_0(t-a) F_1(a) P_1(a) e^{-\mu a} da + e^{-\mu t} \check{I}_1(t), \end{cases}$$

با ارائه‌ی مقادیر معلوم (معمولاً نمایی مانند فوق) برای توابع P_1 ، F_1 و I_1 ، از اولین و آخرین معادله‌ی دستگاه (۲.۶)، B_0 و $\check{I}_1$ به طور مستقیم به دست می‌آیند. معادله‌ی سوم از دستگاه (۲.۶) یک معادله‌ی انتگرالی با مجهول B_1 است. برای حل این معادله یک بار تبدیل لاپلاس گرفته و $\hat{B}_1(\omega) = \mathcal{L}\{B_1(t)\}$ را به دست می‌آوریم ($\mathcal{L}$ عملگر تبدیل لاپلاس است). سپس با تبدیل معکوس از $\hat{B}_1(\omega)$ ، تابع $B_1(t)$ به دست می‌آید. با جایگذاری تمام توابع معلوم در دومین معادله تنها تابع مجهول باقی‌مانده $\check{B}_1(t)$ است که مستقیم به دست می‌آید.

مثال ۱.۶. به ازای داده‌های معلوم

$$\begin{aligned}\mu &= \frac{1}{\gamma}, \check{S} = e^{\frac{1}{\gamma}}, \Lambda = \frac{1}{\gamma}, F_1(t) = e^{\frac{\gamma(1-t)}{\gamma}}, P_1(t) = e^{\frac{1-t}{\gamma}} \\ \check{B}_1(t) &= e^{\frac{t}{\gamma}} \left(-\frac{1}{\gamma} + e^{-\frac{\delta}{\gamma}(-1+t)} + \frac{\gamma}{\gamma} e^{\frac{\gamma}{\gamma} - \frac{1\gamma t}{\gamma}} \left(-1 + e^{\frac{1\gamma t}{\gamma}} \right) \right), \\ \check{I}_1(t) &= \frac{1\gamma}{\gamma} e^{\frac{\gamma}{\gamma} - \frac{1\gamma t}{\gamma}} - \frac{1\gamma}{\gamma} e^{\frac{\gamma}{\gamma} - \frac{t}{\gamma}} + e^{-\frac{\gamma+t}{\gamma}},\end{aligned}$$

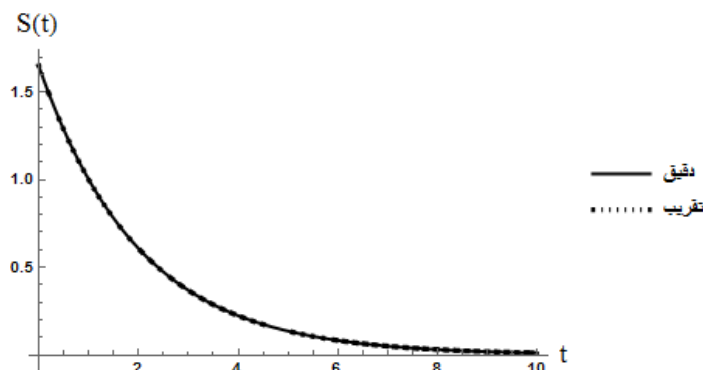
دستگاه معادلات

$$(3.6) \quad \begin{cases} B_0(t) = S(t)I_1(t), \\ B_1(t) = \int_0^t B_0(t-a)F_1(a)P_1'(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{B}_1(t), \\ S(t) = \check{S} + \Lambda t + \int_0^t (-\mu S(a) - B_0(a) + B_1(a))da, \\ I_1(t) = \int_0^t B_0(t-a)F_1(a)P_1(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{I}_1(t), \end{cases}$$

دارای جواب دقیق

$$X(t) = \begin{bmatrix} B_0(t) \\ B_1(t) \\ S(t) \\ I_1(t) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} e^{\frac{\delta(1-t)}{\gamma}} \\ e^{\frac{\delta(1-t)}{\gamma}} - \frac{1}{\gamma} \\ e^{\frac{1-t}{\gamma}} \\ e^{\frac{1-t}{\gamma}} \end{bmatrix},$$

است. این دستگاه را بر بازه‌ی زمانی $[0, 10]$ با $N_I = 100, N_{It} = 7, N_G = 16$ به روش الگوریتم بخش ۳ حل عددی کرده‌ایم. شکل ۱ مقایسه بین $S(t)$ و $\tilde{S}(t)$ را نشان می‌دهد. $S(t)$ جواب دقیق و $\tilde{S}(t)$ جواب تقریبی است. به‌طور مشابه شکل ۲ مقایسه بین $I_1(t)$ و $\tilde{I}_1(t)$ را نشان می‌دهد. $I_1(t)$ جواب دقیق و $\tilde{I}_1(t)$ جواب تقریبی است. شکل ۳ نمودار خطای مطلق $\tilde{S}(t)$ و شکل ۴ نمودار خطای مطلق $\tilde{I}_1(t)$ را نشان می‌دهد. همچنان‌که این نمودارها نشان می‌دهند حداکثر خطای مطلق برای $\tilde{S}(t)$ و $\tilde{I}_1(t)$ به‌ترتیب 2×10^{-5} و 2×10^{-6} می‌باشد. جدول ۲ خطای مطلق $\tilde{S}(t)$ و $\tilde{I}_1(t)$ را در نقاط گرهی $t_i = 0.5i, i = 0, 1, \dots, 20$ نشان می‌دهد.



شکل ۱. مقایسه بین $S(t)$ و $\tilde{S}(t)$ برای مثال ۱.۶

Figure 1: Variations of $S(t)$ and $\tilde{S}(t)$ as functions of t for Example 6.1

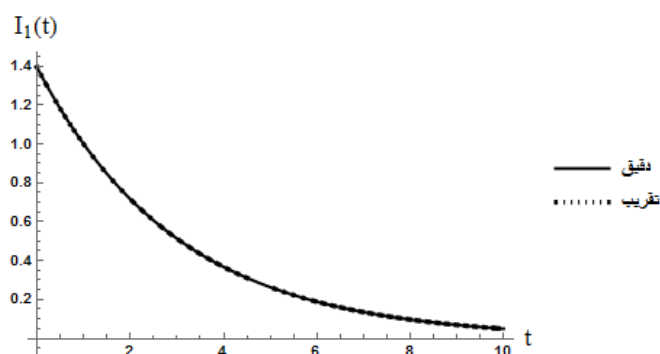
جدول ۲. خطای مطلق $\tilde{S}$ و $\tilde{I}_1$ در نقاط $t_i = 5i$ ، $i = 1, \dots, 20$ برای مثال ۱.۶

Table 2: Absolute errors of $\tilde{S}$ and $\tilde{I}_1$ at $t_i = 5i$, $i = 1, \dots, 20$ for Example 6.1

i	خطای مطلق $\tilde{I}_1$ در t_i	خطای مطلق $\tilde{S}$ در t_i
۰	۰.۰	۰.۰
۱	4.29×10^{-7}	3.01×10^{-7}
۲	7.03×10^{-7}	3.01×10^{-7}
۳	2.87×10^{-7}	7.53×10^{-7}
۴	3.41×10^{-7}	3.34×10^{-7}
۵	2.43×10^{-7}	1.26×10^{-7}
۶	6.04×10^{-7}	2.11×10^{-7}
۷	6.07×10^{-7}	2.85×10^{-7}
۸	9.06×10^{-7}	5.49×10^{-7}
۹	1.45×10^{-7}	1.19×10^{-6}
۱۰	1.60×10^{-7}	2.79×10^{-6}
۱۱	7.89×10^{-7}	1.84×10^{-6}
۱۲	2.12×10^{-7}	2.06×10^{-6}
۱۳	5.82×10^{-7}	1.56×10^{-6}
۱۴	3.57×10^{-7}	2.55×10^{-6}
۱۵	5.50×10^{-7}	8.36×10^{-6}
۱۶	4.77×10^{-7}	7.29×10^{-6}
۱۷	5.27×10^{-7}	4.37×10^{-6}
۱۸	2.00×10^{-7}	3.78×10^{-6}
۱۹	2.83×10^{-7}	4.18×10^{-6}
۲۰	8.90×10^{-7}	6.71×10^{-6}

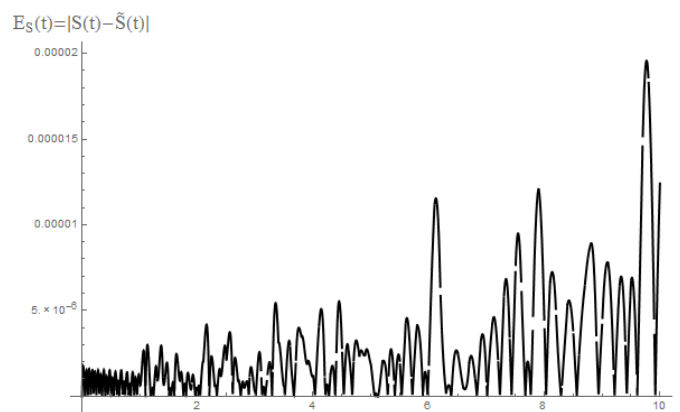
۲.۶. یک نمونه مسأله آزمون با دو دوره‌ی عفونت. در این بخش در عدد یافتن نمونه مسأله‌ای به ازای $n = 2$ هستیم. تابع f را همان (۱.۶) می‌گیریم. با نمادهای بخش ۲، بردارهای $X(t)$ و $r(t)$ عبارتند از

$$X(t) = \begin{bmatrix} B_0(t) \\ B_1(t) \\ B_2(t) \\ S(t) \\ I_1(t) \\ I_2(t) \end{bmatrix}, \quad r(t) = \begin{bmatrix} r_1(t) \\ r_2(t) \\ r_3(t) \\ r_4(t) \\ r_5(t) \\ r_6(t) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ e^{-\mu t} \check{B}_1(t) \\ e^{-\mu t} \check{B}_2(t) \\ \check{S} + \Lambda t \\ e^{-\mu t} \check{I}_1(t) \\ e^{-\mu t} \check{I}_2(t) \end{bmatrix},$$



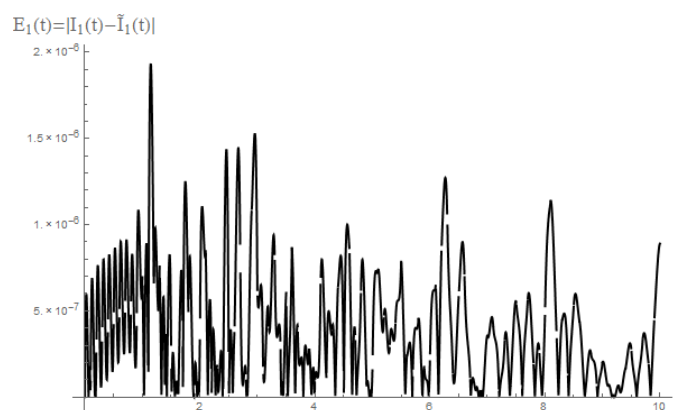
شکل ۲. مقایسه بین $I_1(t)$ و $\tilde{I}_1(t)$ برای مثال ۱.۶

Figure 2: Variations of $I_1(t)$ and $\tilde{I}_1(t)$ as functions of t for Example 6.1



شکل ۳. نمودار خطای مطلق $\tilde{S}(t)$ برای مثال ۱.۶

Figure 3: Absolute error chart of $\tilde{S}(t)$ for Example 6.1



شکل ۴. نمودار خطای مطلق $\tilde{I}_1(t)$ برای مثال ۱.۶

Figure 4: Absolute error chart of $\tilde{I}_1(t)$ for Example 6.1

با توجه به توضیحات قبل، فرض می‌کنیم $S(t) = \check{S}e^{-\gamma t}$ که در آن $\gamma > 0$ مقدار ثابتی است. پس در این حالت دستگاه معادلات (۳.۳) به صورت زیر می‌باشد:

$$(۴.۶) \quad \begin{cases} B_0(t) = \check{S}e^{-\gamma t} (I_1(t) + I_2(t)), \\ B_1(t) = \int_0^t B_0(t-a)F_1(a)P_1'(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{B}_1(t), \\ B_2(t) = \int_0^t B_1(t-a)F_2(a)P_2'(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{B}_2(t), \\ \check{S}e^{-\gamma t} = \check{S} + \Lambda t + \int_0^t (-\mu\check{S}e^{-\gamma a} - B_0(a) + B_2(a))da, \\ I_1(t) = \int_0^t B_0(t-a)F_1(a)P_1(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{I}_1(t), \\ I_2(t) = \int_0^t B_1(t-a)F_2(a)P_2(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{I}_2(t), \end{cases}$$

با ارائه‌ی مقادیر معلوم (معمولاً نمایی مانند فوق) برای توابع $F_i, P_i, I_i, i = 1, 2$ ، از اولین و پنجمین معادله‌ی دستگاه (۴.۶)، B_0 و $\check{I}_1$ به طور مستقیم به دست می‌آیند. معادله‌ی چهارم از دستگاه (۴.۶) یک معادله‌ی انتگرالی با مجهول B_2 است. برای حل این معادله یک بار تبدیل لاپلاس گرفته و $\hat{B}_2(\omega) = \mathcal{L}\{B_2(t)\}$ را به دست می‌آوریم. سپس با تبدیل معکوس از $\hat{B}_2(\omega)$ ، تابع $B_2(t)$ به دست می‌آید. با ارائه‌ی مقدار معلوم (باز معمولاً نمایی مانند فوق) برای تابع $B_1(t)$ ، از دومین معادله‌ی دستگاه (۴.۶)، $\check{B}_2(t)$ به دست می‌آید. با جایگذاری تمام توابع معلوم در سومین و ششمین معادله، به ترتیب توابع مجهول باقی‌مانده $\check{I}_2(t)$ و $\check{B}_2(t)$ مستقیم به دست می‌آیند.

مثال ۲.۶. به ازای داده‌های معلوم

$$\begin{aligned} \mu &= \frac{1}{\gamma}, \check{S} = e^{\frac{1}{\gamma}}, \Lambda = \frac{1}{\gamma}, F_1(t) = e^{-\frac{t}{\gamma}}, P_1(t) = e^{-t}, F_2(t) = e^{-\frac{t}{\gamma}}, P_2(t) = e^{-t}, \\ \check{B}_1(t) &= e^{\frac{t}{\gamma}} \left(e^{\frac{1}{\gamma} - \frac{t}{\gamma}} - \frac{2}{15} e^{\frac{1}{\gamma} - 2t} \left(9 - 9e^{\frac{9t}{\gamma}} - 10e^{\frac{1}{\gamma}} \left(-1 + e^{\frac{9t}{\gamma}} \right) \right) \right), \\ \check{B}_2(t) &= e^{\frac{t}{\gamma}} \left(-\frac{1}{\gamma} + e^{-\frac{9}{\gamma}(-1+t)} + e^{-\frac{9}{\gamma}(-1+t)} + \frac{2}{3} e^{\frac{1}{\gamma} - 2t} \left(-1 + e^{\frac{9t}{\gamma}} \right) \right), \\ \check{I}_1(t) &= e^{\frac{t}{\gamma}} \left(e^{-\frac{9}{\gamma}(-1+t)} - \frac{2}{15} e^{\frac{1}{\gamma} - 2t} \left(10e^{\frac{1}{\gamma}} \left(-1 + e^{\frac{9t}{\gamma}} \right) + 9 \left(-1 + e^{\frac{9t}{\gamma}} \right) \right) \right), \\ \check{I}_2(t) &= e^{\frac{t}{\gamma}} \left(e^{\frac{1}{\gamma} - \frac{9t}{\gamma}} - \frac{2}{3} e^{\frac{1}{\gamma} - 2t} \left(-1 + e^{\frac{9t}{\gamma}} \right) \right), \end{aligned}$$

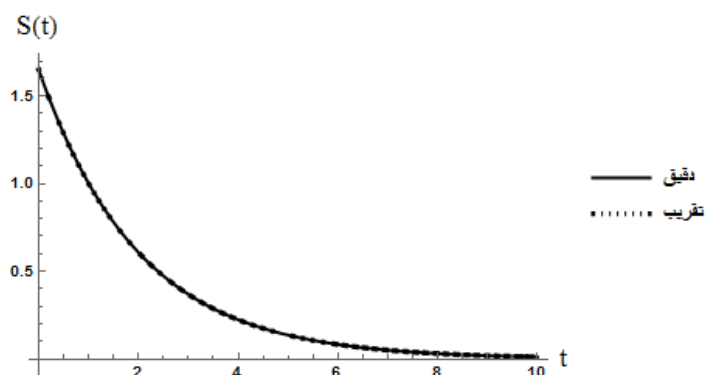
دستگاه معادلات

$$(۵.۶) \quad \begin{cases} B_0(t) = S(t) (I_1(t) + I_2(t)), \\ B_1(t) = \int_0^t B_0(t-a)F_1(a)P_1'(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{B}_1(t), \\ B_2(t) = \int_0^t B_1(t-a)F_2(a)P_2'(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{B}_2(t), \\ S(t) = \check{S} + \Lambda t + \int_0^t (-\mu S(a) - B_0(a) + B_2(a))da, \\ I_1(t) = \int_0^t B_0(t-a)F_1(a)P_1(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{I}_1(t), \\ I_2(t) = \int_0^t B_1(t-a)F_2(a)P_2(a)e^{-\mu a}da + e^{-\mu t}\check{I}_2(t), \end{cases}$$

دارای جواب دقیق

$$X(t) = \begin{bmatrix} B_0(t) \\ B_1(t) \\ B_2(t) \\ S(t) \\ I_1(t) \\ I_2(t) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} e^{-\frac{5}{4}(-1+t)} + e^{-\frac{5}{4}(-1+t)} \\ e^{\frac{1}{4}-\frac{t}{4}} \\ e^{-\frac{5}{4}(-1+t)} + e^{-\frac{5}{4}(-1+t)} - \frac{1}{4} \\ e^{\frac{1}{4}-\frac{t}{4}} \\ e^{\frac{2(1-t)}{4}} \\ e^{\frac{2(1-t)}{4}} \end{bmatrix},$$

است. این دستگاه را بر بازه‌ی زمانی $[0, 10]$ با $l = 0.1, N_I = 100, N_{It} = 7, N_G = 16$ به روش الگوریتم بخش ۳ حل عددی کرده‌ایم. شکل ۵ مقایسه بین $S(t)$ و $\tilde{S}(t)$ را نشان می‌دهد. $S(t)$ جواب دقیق و $\tilde{S}(t)$ جواب تقریبی است. به طور مشابه شکل ۶ مقایسه بین $I_1(t)$ و $\tilde{I}_1(t)$ را نشان می‌دهد. شکل ۷ مقایسه بین $I_2(t)$ و $\tilde{I}_2(t)$ را نشان می‌دهد. $I_i(t), i=1,2$ جواب‌های دقیق و $\tilde{I}_i(t), i=1,2$ جواب‌های تقریبی است. شکل ۸ نمودار خطای مطلق $\tilde{S}(t)$ ، شکل ۹ نمودار خطای مطلق $\tilde{I}_1(t)$ و شکل ۱۰ نمودار خطای مطلق $\tilde{I}_2(t)$ را نشان می‌دهد. همچنان‌که این نمودارها نشان می‌دهند حداکثر خطای مطلق برای $\tilde{S}(t), \tilde{I}_1(t), \tilde{I}_2(t)$ به ترتیب $10^{-4}, 5 \times 10^{-6}$ و 7×10^{-6} می‌باشد. جدول ۳ خطای مطلق $\tilde{S}(t)$ و $\tilde{I}_i(t), i=1,2$ را در نقاط گرهی $t_i = 0.5i, i = 0, 1, \dots, 20$ نشان می‌دهد.



شکل ۵. -مقایسه بین $S(t)$ و $\tilde{S}(t)$ برای مثال ۲.۶

Figure 5: Variations of $S(t)$ and $\tilde{S}(t)$ as functions of t for Example 6.2

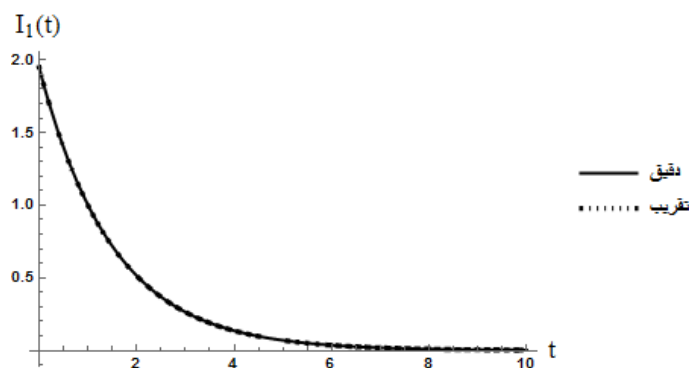
جدول ۳. خطای مطلق $\tilde{S}$ و $\tilde{I}_1, \tilde{I}_2$ در نقاط t_i برای مثال ۲.۶

Table 3: Absolute errors of $\tilde{S}$ and $\tilde{I}_1, \tilde{I}_2$ at for Example 6.2

i	خطای مطلق $\tilde{I}_1$ در t_i	خطای مطلق $\tilde{I}_2$ در t_i	خطای مطلق $\tilde{S}$ در t_i
۰	۰.۰	۰.۰	۰.۰
۱	3.96×10^{-7}	2.92×10^{-7}	1.15×10^{-6}
۲	9.04×10^{-7}	2.85×10^{-7}	4.09×10^{-6}
۳	2.33×10^{-6}	1.75×10^{-7}	3.82×10^{-7}
۴	2.06×10^{-6}	2.49×10^{-7}	8.99×10^{-7}
۵	9.28×10^{-7}	1.37×10^{-7}	2.10×10^{-5}
۶	1.40×10^{-7}	9.09×10^{-7}	5.74×10^{-6}
۷	8.03×10^{-7}	1.41×10^{-7}	4.28×10^{-6}
۸	1.26×10^{-6}	1.46×10^{-7}	4.66×10^{-6}
۹	1.23×10^{-7}	7.56×10^{-8}	1.87×10^{-5}
۱۰	4.49×10^{-7}	1.37×10^{-7}	1.98×10^{-5}
۱۱	6.39×10^{-7}	2.54×10^{-7}	1.28×10^{-6}
۱۲	1.84×10^{-7}	1.36×10^{-7}	3.31×10^{-5}
۱۳	4.94×10^{-7}	4.73×10^{-8}	1.53×10^{-5}
۱۴	1.95×10^{-7}	9.44×10^{-8}	4.38×10^{-6}
۱۵	1.37×10^{-7}	3.70×10^{-8}	4.83×10^{-5}
۱۶	2.43×10^{-7}	9.05×10^{-9}	3.82×10^{-5}
۱۷	1.49×10^{-7}	9.77×10^{-9}	1.37×10^{-5}
۱۸	1.27×10^{-9}	1.26×10^{-8}	1.33×10^{-5}
۱۹	3.47×10^{-8}	2.38×10^{-8}	2.84×10^{-5}
۲۰	1.24×10^{-7}	1.50×10^{-8}	4.10×10^{-5}

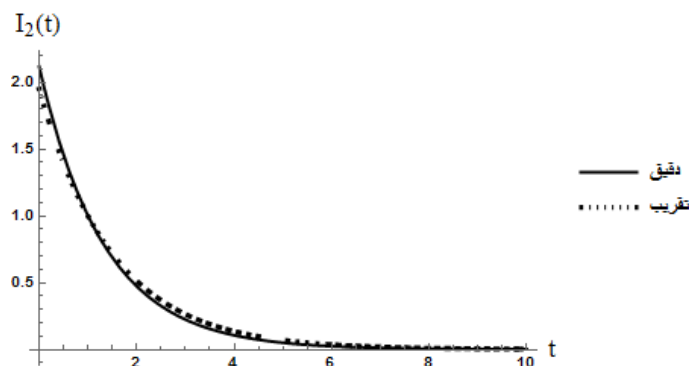
۷. نتیجه گیری

در این مقاله، یک روش کارساز برای حل عددی مدل‌هایی از بیماری‌های عفونی ارائه شده است. مزیت الگوریتم ارائه شده در محاسبه‌ی نقاط درون‌یاب برای برآورد توابع مجهول است. این محاسبات توسط رویه $I_G(g(x), a, b)$ انجام گرفته و محاسبه‌ی توابع مجهول به اندازه‌ی طول بازه‌ی کوتاه زمانی $l > 0$ پیش می‌رود. حال آنکه اگر می‌خواستیم روش برون‌یابی را پیش گیریم، در بازه‌ی $[0, 1]$ مشکلی نداشتیم ولی با توجه به ساختار مدل، تمام بردارهای به‌دست آمده در این بازه، برای بازه‌ی $[1, 2]$ لازم است. بنابراین حجم انبوهی از اطلاعات بایستی ذخیره گردد، تا بتوان در $[0, 2]$ جواب گرفت. برای بازه‌های بزرگتر با توجه به انباشتگی سرسام‌آور اطلاعات مورد نیاز، عملاً استفاده از روش برون‌یابی تقریباً غیر ممکن است. هر چند روش برون‌یابی برای یک مدل دیگر کاملاً توانا عمل می‌کند [۲۴]. و این یعنی انتخاب روش پیشنهاد شده برای مدل ذکر شده کاملاً به‌جا و کارساز بوده است.



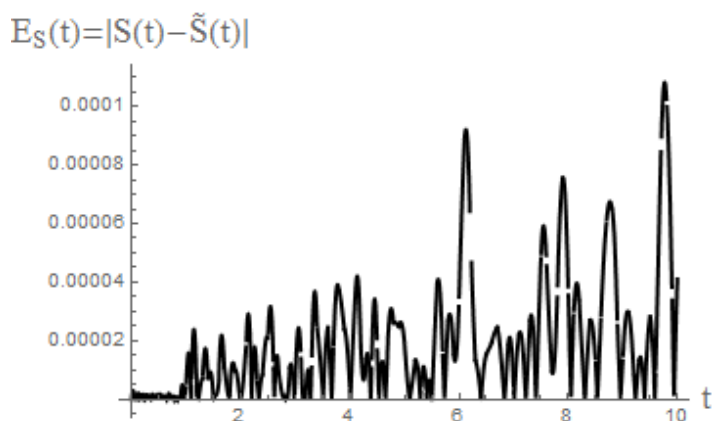
شکل ۶. مقایسه بین $I_1(t)$ و $\tilde{I}_1(t)$ برای مثال ۲.۶

Figure 6: Variations of $I_1(t)$ and $\tilde{I}_1(t)$ as functions of t for Example 6.2



شکل ۷. مقایسه بین $I_2(t)$ و $\tilde{I}_2(t)$ برای مثال ۲.۶

Figure 7: Variations of $I_2(t)$ and $\tilde{I}_2(t)$ as functions of t for Example 6.2



شکل ۸. نمودار خطای مطلق $\tilde{S}(t)$ برای مثال ۲.۶

Figure 8: Absolute error chart of $\tilde{S}(t)$ for Example 6.2

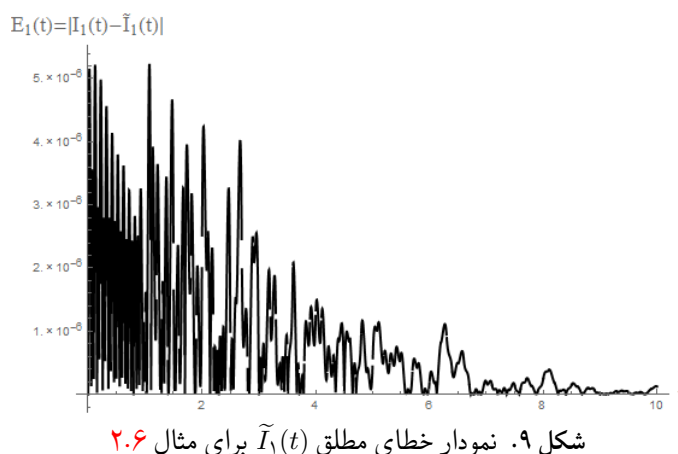


Figure 9: Absolute error chart of $\tilde{I}_1(t)$ for Example 6.2

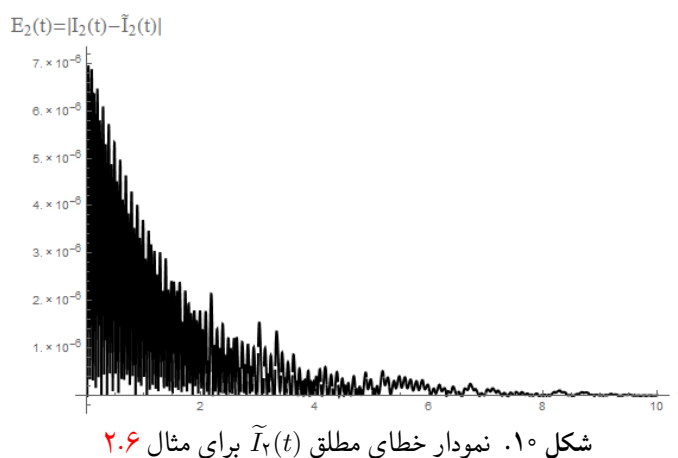


Figure 10: Absolute error chart of $\tilde{I}_2(t)$ for Example 6.2

مراجع

- [1] F. Asadi-Mehregan, P. Assari and M. Dehghan, The numerical solution of a mathematical model of the Covid-19 pandemic utilizing a meshless local discrete Galerkin method, *Engineering with Computers*, **39** (2023) 3327–3351.
- [2] F. Asadi-Mehregan, P. Assari and M. Dehghan, On the approximate solution of dynamic systems derived from the HIV infection of CD_4^+ T cells using the LRBF-collocation scheme, *Engineering Analysis with Boundary Elements*, **153** (2022) 39–50.
- [3] F. Brauer, Models for the spread of universally fatal diseases, *J. Math. Biol.*, **28** (1990) 451–462.
- [4] F. Brauer, Models for the spread of universally fatal diseases. II, *Differential equations models in biology, epidemiology and ecology* (Claremont, CA, 1990), Lecture Notes in Biomath., **92**, Springer, Berlin, (1991) 57–69.

- [5] F. Brauer, A characteristic equation arising in models for diseases with vertical transmission and without immunity, *Differential equations and applications to biology and to industry* (Claremont, CA, 1994), *World Sci. Publ.*, River Edge, NJ, (1996) 41–48.
- [6] R. L. Burden and J. D. Faires, *Numerical analysis*, 7rd ed., Brooks-Cole, Pacific Grove, CA, 2001.
- [7] C. Castilo-Chavez, K. L. Cooke, W. Huang and S. A. Levin, On the role of long incubation periods in the dynamics of acquired immunodeficiency syndrome (AIDS). Part 1: Single population models, *J. Math. Biol.*, **27** (1989) 373–398.
- [8] Z. Feng, H. R. Thieme, Endemic models with arbitrarily distributed periods of infection I. General theory, *SIAM J. Appl. Math.*, **61** (2000) 803–833.
- [9] H. W. Hethcote and D. W. Tudor, Integral equation models for endemic infectious diseases, *J. Math. Biology*, **9** (1980) 37–47.
- [10] H. W. Hethcote and J. W. Van Ark, Modeling HIV transmission and AIDS in the united states, *Lecture Notes in Biomathematics* **95**, Springer, New York, 1992.
- [11] F. Hoppensteadt, An age dependent epidemic problem, *J. Franklin Inst.*, **297** (1974) 325–333.
- [12] F. Hoppensteadt, Mathematical theories of populations: demographics, genetics, and epidemics, *CBME-NSF Regional Conf. Ser. In Appl. Math.*, **15**, SIAM, Philadelphia, 1975.
- [13] J. D. Hoffman, *Numerical methods for engineers and scientists*, second edition, Marcel Dekker, Inc. All Rights Reserved, 2001.
- [14] R. Kress, *Numerical analysis*, Springer-Verlag, New York, Inc. 1998.
- [15] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, A Contributions to the mathematical theory of epidemics, *Proc. Roy. Soc. A*, **115** (1927) 700–721.
- [16] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, Contributions to the mathematical theory of epidemics. II. The problem of endemicity, *Proc. Roy. Soc. A*, **138** (1932) 55–83.
- [17] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, Contributions to the mathematical theory of epidemics. III. Further studies of the problem of endemicity, *Proc. Roy. Soc. A*, **141** (1933) 94–122.
- [18] X. Lin and P. Van Den Driessche, A threshold result for epidemic model, *J. Math. Biol.*, **30** (1992) 647–654.
- [19] C. P. Simon and J. A. Jacquez, Reproduction numbers and the stability of equilibria of SI models for heterogeneous populations, *SIAM J. Appl. Math.*, **52** (1992) 541–576.
- [20] J. Stoer and R. Bulirsch, *Introduction to numerical analysis*, second edition, Translated by R. Bartels. W. Gautschi, and C. Witzgall, Springer-Verlag, New York, Inc. 1993.
- [21] W. Stech and M. Williams, Stability in a class of cyclic epidemic models with delay, *J. Math. Biol.*, **11** (1981) 95–103.
- [22] H. R. Thieme and P. Van Den Driessche, Global stability in cyclic epidemic models with disease fatalities Differential equations with applications to biology (Halifax, NS, 1997), Fields Inst. Commun., *Amer. Math. Soc.*, Providence, RI, **21** (1999) 459–472.

- [23] H. R. Thieme, The transition through stages with arbitrary length distributions, and applications in epidemics, Mathematical approaches for emerging and reemerging infectious diseases: models, methods, and theory (Minneapolis, MN, 1999), *IMA Vol. Math. Appl.*, **126**, Springer, New York, (2002) 45–84.
- [۲۴] ب. بابایار رازلیقی، روش برون‌یابی برای حل عددی یک مدل بیماری‌های عفونی بومی، پژوهش‌های ریاضی، **۵** (۱) (۱۳۹۸) ۳۸–۲۹.
- [۲۵] غ. مصاحب، آنالیز ریاضی، جلد اول تئوری اعداد حقیقی، مؤسسه انتشارات امیرکبیر، ۱۳۴۸.

بهمن بابایار رازلیقی

گروه ریاضی، دانشگاه صنعتی قم، قم، ایران

babayar@qut.ac.ir

بهمن بابایار رازلیقی متولد شهریور ماه ۱۳۵۵ در شهر سراب آذربایجان شرقی است. وی در سال ۱۳۷۴ وارد مقطع کارشناسی رشته ریاضی کاربردی دانشگاه تبریز شد و در سال ۱۳۷۸ وارد مقطع کارشناسی ارشد رشته ریاضی کاربردی دانشگاه علم و صنعت ایران شد. در سال ۱۳۸۰ با درجه عالی از دانشگاه علم و صنعت ایران فارغ التحصیل شده و به‌صورت هیات علمی به تدریس و تحقیق در علوم ریاضی پرداخت. در سال ۱۳۸۴ از دانشگاه تبریز در رشته ریاضی کاربردی شاخه معادلات دیفرانسیل با مشتقات جزئی برای دوره دکتری قبول شد و در سال ۱۳۸۹ با درجه عالی فارغ التحصیل گردید.

