

# برآورد عدد پایه تکثیر با استفاده از فرایند شاخه‌ای وابسته به دوره

مجتبی مرادی

گروه مهندسی صنایع، دانشگاه گیلان

چکیده: عدد پایه تکثیر، متوسط تعداد افرادی است که توسط یک فرد مبتلا به یک بیماری واگیردار، به آن بیماری مبتلا می‌شوند. از لحاظ علم پزشکی، برآورد عدد پایه تکثیر از دیرباز دارای اهمیت ویژه‌ای بوده است. در این مقاله با استفاده از فرایند شاخه‌ای روشی جدید برای برآورد آن معرفی می‌شود و در انتها، این روش برای داده‌های ارائه شده توسط مرکز ملی اطلاعات بیوتکنولوژی آمریکا به کار گرفته می‌شود.

واژه‌های کلیدی: فرایند شاخه‌ای، عدد پایه تکثیر، اپیدمیولوژی.

## ۱ مقدمه

یکی از موارد مهم که در برآورد قدرت انتقال پذیری و سرایت یک بیماری واگیردار نقش اساسی دارد، عدد پایه تکثیر است. این مقدار که با  $R_0$  نشان داده می‌شود، برابر میانگین تعداد افرادی از یک جمعیت مستعد بیماری است که توسط یک شخص بیمار به بیماری آلوده می‌شوند. در مراقبت‌های بهداشتی و کنترل اپیدمیولوژی، هدف این است که  $R_0$  کمتر از یک باشد. چون اگر  $R_0 < 1$  باشد، بیماری نمی‌تواند همه‌گیر شود ولی اگر  $R_0 \geq 1$  باشد، آنگاه با احتمال یک، بیماری همه‌گیر می‌شود و لازم است برای کاهش عدد پایه تکثیر به زیر

<sup>°</sup> آدرس الکترونیک مسئول مقاله: مجتبی مرادی، mmoradi@guilan.ac.ir

کد موضوع بندی ریاضی (۲۰۱۰): 60J80, 62M05, 62P10.

یک، مداخله پزشکی مانند واکسیناسیون و مراقبت‌های بهداشتی صورت گیرد (برائو و درایسجه، ۲۰۰۸). فرایندهای شاخه‌ای یکی از متداول‌ترین ابزارها برای مدل کردن بیماری‌های واگیردار است. فرایند شاخه‌ای کلاسیک که فرایند شاخه‌ای گالتون-واتسون نیز نامیده می‌شود، شامل تعدادی ذره اولیه است. این ذرات می‌توانند انسان، حیوان، افراد بیمار، باکتری و نظیر آن‌ها باشند که در اصطلاح ذره نامیده می‌شوند. هر ذره یک واحد زمانی عمر می‌کند و مستقل از دیگر ذرات در انتهای عمر خود، بر اساس یک تابع توزیع احتمال معین اقدام به تولید مثل می‌کند که ذرات نسل بعدی تولید می‌شوند. هر ذره تولید شده دقیقاً خواص و شرایط والد خود را دارد و مستقل از دیگر ذرات در لحظه مرگ خود اقدام به تولید مثل می‌کند (گونزال و همکاران، ۲۰۱۰).

در مطالعات اپیدمیولوژی هر فرد مبتلا به بیماری یک ذره از فرایند شاخه‌ای فرض می‌شود. تعمیم‌های مختلفی از فرایندهای شاخه‌ای مانند فرایند شاخه‌ای چندنوعی، فرایند شاخه‌ای با مهاجرت، فرایند شاخه‌ای با دوره زمانی پیوسته تولید مثل، در مطالعات بیماری‌های واگیردار مورد استفاده قرار گرفته‌اند در برخی منابع فرض شده است که مدت زمان بیماری شخص مبتلا دارای توزیع نمایی یا دارای مدت زمان ثابت است (چول، ۲۰۰۹).

**فنگ و تیمی (۲۰۰۰)** توزیع دلخواه را برای مدت زمانی که فرد به بیماری مبتلا شده است را در نظر گرفته‌اند. **میلر و همکاران (۲۰۱۰)** مدلی را معرفی کرده‌اند که در آن دوره بیماری در بدن میزبان به چند دوره دلخواه تقسیم می‌شود و ویروس در هر کدام از این مراحل دارای قدرت انتقال متفاوت است. در این دو مقاله از فرایند شاخه‌ای استفاده نشده است. **فتحی و مرادی (۲۰۱۱)** ایده تقسیم دوره بیماری به چند مرحله را با استفاده از فرایند شاخه‌ای برای بیماری‌های واگیردار مدل‌بندی کردند.

هدف این مقاله استفاده از مدل معرفی شده توسط **فتحی و مرادی (۲۰۱۱)** به نام فرایند شاخه‌ای وابسته به دوره برای برآورد عدد پایه تکثیر است. در این روش جدید برای برآورد  $R_0$ ، به داده‌هایی نیاز است که تعداد افراد مبتلا را به صورت دوره‌ای گزارش کرده باشد. این دوره‌ها معمولاً به صورت روزانه یا هفتگی است.

## ۲ فرایند شاخه‌ای وابسته به دوره

در تئوری فرایند شاخه‌ای، شرایط فرایند گالتون-واتسون تضعیف شده و فرایندهای جدیدی که کاربردهای علمی و عملی بیشتری دارند ارائه شده است. در این مقاله نوعی از فرایند شاخه‌ای در نظر گرفته می‌شود که به جای اینکه طول عمر هر ذره دقیقاً یک واحد زمانی باشد، طول آن یک عدد معلوم و گسسته  $t$  است. علاوه بر این،

فرض می‌شود هر ذره در پایان هر دوره قادر به تولید مثل باشد که طول هر دوره، برابر یک واحد زمانی است. تفاوت این نوع فرایند شاخه‌ای با فرایند شاخه‌ای گالتون-واتسون در طول عمر و تعداد دفعات تولید مثل یک ذره است به طوری که ذرات بعد از اولین تولید مثل زنده هستند و در دوره‌های بعد نیز قادر به تولید مثل هستند. فرض دیگری که در نظر گرفته خواهد شد این است که تابع توزیع تولید مثل وابسته به سن ذره یا به عبارتی وابسته به دوره‌ای است که تولید مثل در آن اتفاق می‌افتد. به این معنی که قدرت تولید مثل با تغییر سن ذره، تغییر می‌کند. زیرا در اکثر بیماری‌های واگیردار، میزان سرایت بیماری به زمان ورود ویروس به بدن میزبان بستگی دارد. به همین دلیل به آن فرایند شاخه‌ای وابسته به دوره گفته می‌شود. لازم به ذکر است که رفتار هر ذره مستقل از دیگر ذرات است (فتحی و مرادی، ۲۰۱۱).

فرض کنید هر ذره مطابق تابع جرم احتمال

$$P(X(t) = x) = f_{X(t)}(x) \quad x = 0, 1, \dots, t = 1, \dots \quad (1)$$

به تولیدمثل می‌پردازد؛ که در آن  $\sum_{x=0}^{\infty} f_{X(t)}(x) = 1$ ،  $t = 1, \dots$  تعداد اولاد و  $t$  سن ذره را نشان می‌دهد. هر ذره این خاصیت را دارد که در تمام یا تعدادی از دوره‌های زمانی بعد از تولدش به تولیدمثل بپردازد.

فرض کنید  $Z_n$  تعداد اعضای جدیدی باشند که در نسل  $m$  فرایند شاخه‌ای وابسته به دوره متولد می‌شوند.

بنابراین اگر هر ذره به صورت مادام‌العمر زنده باشد؛ تعداد ذرات زنده تا نسل  $m$  برابر

$$T_n = Z_0 + Z_1 + Z_2 + \dots + Z_n$$

است و اگر هر ذره حداکثر  $t$  دوره زنده باشد، آنگاه تعداد ذرات زنده تا نسل  $m$  برابر

$$T_n = Z_{n-(t-1)} + Z_{n-(t-2)} + \dots + Z_n$$

است. خاطر نشان می‌شود در فرایند گالتون-واتسون  $t = 1$  و  $T_n = Z_n$  است.

برای به دست آوردن یک الگوی ریاضی برای تولد ذرات، فرض می‌شود  $X_j(t)$ ،  $j = 1, 2, \dots$  دنباله‌ای

از متغیرهای تصادفی مستقل و هم‌توزیع هستند و هر ذره مادام‌العمر زنده باشد. در این صورت  $Z_n$  در رابطه

بازگشتی

$$Z_n = \sum_{t=1}^n \sum_{j=1}^{Z_{n-t}} X_j(t), \quad Z_0 = z_0 \quad (2)$$

صدق می‌کند.

قضیه ۱. (فتحی و مرادی، ۲۰۱۱) اگر متغیر تصادفی  $Z_n$  نشان دهنده تعداد ذرات تولید شده در دوره  $m$  ام از

یک فرایند وابسته به دوره باشد و  $m_t = E(X(t))$ ، آنگاه

$$E(Z_n) = \sum_{t=1}^n m_t E(Z_{n-t}). \quad (۳)$$

### ۳ کاربرد فرایند وابسته به دوره در اپیدمیولوژی

اپیدمیولوژی در لغت به معنای علم امراض مسری است که به مطالعه بیمارهای واگیردار، نقش این بیماری‌ها در سلامت عمومی جامعه و به‌کارگیری نتایج حاصل از این مطالعه برای کنترل و جلوگیری از همه‌گیر شدن بیماری می‌پردازد. در مطالعات اپیدمیولوژی، معمولاً افراد جامعه به سه گروه مستعد بیماری<sup>۱</sup>، آلوده به بیماری<sup>۲</sup> و ایمن شده در مقابل بیماری<sup>۳</sup> تقسیم می‌شوند. دو مدل استاندارد مستعد-آلوده-ایمن شده<sup>۴</sup> (SIR) و مستعد-آلوده-ایمن شده-مستعد<sup>۵</sup> (SIRS) را در این مطالعات در نظر می‌گیرند. در مدل SIR، بیماری واگیردار توسط یک فرد آلوده، به اشخاص مستعد بیماری منتقل می‌شود. یک فرد تازه مبتلا شده در دوران بیماری خود قادر است افراد جدیدی را به این بیماری واگیردار مبتلا کند و در پایان بیماری خود، برای همیشه در مقابل آن ایمن می‌شود. بیماری آبله‌مرغان یا سرخک از این نوع هستند. اما در مدل SIRS، فرد آلوده پس از بیماری، یک ایمنی موقت در مقابل بیماری کسب می‌کند و بعد از مدتی دوباره مستعد کسب بیماری می‌شود. بیماری آنفولانزا از نوع SIRS است (ما و چیا، ۲۰۰۹).

فرض کنید  $X$  تعداد افراد جدیدی باشد که توسط یک فرد آلوده، مبتلا می‌شوند. بنابراین  $X$  یک متغیر تصادفی گسسته است که تابع جرم احتمال آن با  $h(x)$  نشان داده می‌شود. محققینی که در زمینه ریاضیات زیستی کار می‌کنند، برای تابع  $h(x)$  فرض‌های به خصوصی در نظر می‌گیرند که همگی مبتنی بر نرخ انتقال بیماری است. به عنوان مثال بیماری آنفولانزا را در نظر بگیرید؛ چون فعالیت ویروس این بیماری در فصل

<sup>۱</sup> Susceptible

<sup>۲</sup> Infectious

<sup>۳</sup> Removed

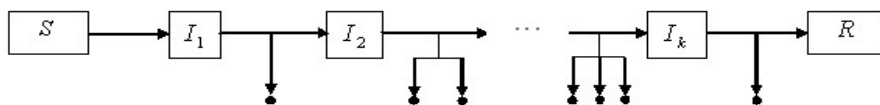
<sup>۴</sup> Susceptible Infectious Removed

<sup>۵</sup> Susceptible Infectious Removed Susceptible

زمستان بیشتر است، لذا منطقی است که فرض شود  $h(x)$  وابسته به زمان (تقویم) است. از طرف دیگر ممکن است نرخ انتقال به سن شخص آلوده کننده یا سن شخص آلوده شونده بستگی داشته باشد، اما این زمان با زمان حالت قبل تفاوت دارد. زمان حالت قبل، زمان تقویمی است در حالی که این زمان، زمان شناسنامه‌ای است. مثلاً بیماری آبله مرغان بیشتر در افراد کم سن و سال شیوع دارد. از طرف دیگر، شدت انتقال برخی بیماری‌ها به زمان شروع خود بیماری بستگی دارد. مثلاً یک بیماری ممکن است یک سال بعد از شیوع، کنترل شود و نرخ انتقال آن کاهش یابد یا بعد از گذشت یک سال بیماری همه‌گیر شود و در نتیجه نرخ انتقال آن افزایش یابد. لذا در این حالت نرخ انتقال به عمر خود بیماری بستگی دارد. در این مقاله حالت چهارمی برای زمان در نظر گرفته و فرض می‌شود شدت انتقال به مدت زمانی بستگی داشته باشد که ویروس در بدن بیمار ساکن شده است. به عنوان مثال نرخ انتقال یک روز بعد از ابتلا با دو روز بعد از ابتلا به بیماری با هم فرق کند.

”دوره کمون بیماری آنفولانزا در انسان، از زمان آلودگی به ویروس تا شروع بیماری حدود یک تا چهار روز است که به مقدار ویروس وارد شده به بدن و حالت ایمنی میزبان بستگی دارد. انتشار و سرایت ویروس، از روز قبل از بروز علائم بیماری شروع شده و در مدت ۲۴ ساعت به حداکثر می‌رسد و به مدت یک تا دو روز در حد ماکزیمم مانده و سپس به سرعت کاهش می‌یابد” (کارول، ۲۰۱۵).

یک تعمیم مهم از مدل SIR این است که دوره آلودگی به بیماری ( $I$ ) به مراحل  $I_1 \rightarrow I_2 \rightarrow \dots \rightarrow I_k$  تقسیم شود به طوری که فردی که تازه بیمار شده است وارد مرحله  $I_1$  می‌شود، سپس از مراحل بعدی به ترتیب عبور کرده و وارد مرحله  $I_k$  می‌شود و سرانجام از مرحله آلودگی خارج شده و به مرحله ایمنی وارد می‌شود. این نوع از تقسیم‌بندی در مقاله‌های **فنگ و تیمی (۲۰۰۰)** و **میلر و همکاران (۲۰۱۰)** مورد بررسی قرار گرفته است؛ اما از فرایند شاخه‌ای استفاده نشده است. در این مقاله، ایده فوق به کمک فرایند وابسته به دوره پیاده‌سازی می‌شود. برای رسیدن به این هدف فرض می‌شود که  $k$ ، یعنی تعداد تقسیمات دوره آلودگی ثابت و معلوم باشد. مدت زمان توقف در هر کدام از  $k$  مرحله  $I_i$  ( $1 \leq i \leq k$ ) برابر یک واحد زمانی باشد. این واحد زمانی ممکن است ساعت، روز، هفته یا هر مدت زمان از قبل تعریف شده‌ای باشد. فرد آلوده در هنگام گذر از مرحله  $t$ ام و ورود به مرحله  $(t+1)$ ام بر اساس تابع جرم احتمال مربوط به متغیر تصادفی  $X(t)$ ، تعداد جدیدی از افراد را به بیماری مبتلا می‌کند. این تابع جرم احتمال در (۱) تعریف شده است. بنابراین مدلی از فرایند شاخه‌ای برای مطالعه بیمارهای واگیردار ارائه شده است که نرخ انتقال بیماری، متناسب با عمر آلودگی در بدن بیمار، تغییر می‌کند که مدل  $SI^kR$  نامیده می‌شود. شکل ۱ را ببینید. بنابراین می‌توان این گونه فرض کرد که



شکل ۱: مراحل آلودگی ۱ تا  $k$  و ورود به مرحله ایمنی موقت یا دائم

افراد مبتلا به بیماری، همان ذرات موجود در فرایند شاخه‌ای وابسته به دوره هستند که وقتی فرض می‌شود دوره بیماری  $k$  واحد زمانی است، معادل با این است که هر ذره دقیقاً  $k$  واحد زمانی عمر می‌کند. فرض تولید مثل در پایان هر دوره نیز معادل با مبتلا شدن افراد جدید است. بنابراین تعداد مورد انتظار برای افرادی که  $n$  دوره بعد از شیوع بیماری، توسط اشخاص اولیه، بیمار می‌شوند از رابطه بازگشتی

$$Z_n = \sum_{t=1}^k \sum_{j=1}^{Z_{n-t}} X_j(t), \quad Z_0 = z_0, \quad (4)$$

به دست می‌آید. لذا شرایط و نتایج حاصل از فرایند شاخه‌ای وابسته به دوره برای مدل  $SI^kR$  نیز برقرار است. یعنی اگر  $Z_n$  تعداد کل افرادی باشد که در  $n$  مرحله بعد از شروع بیماری مبتلا می‌شوند، آنگاه طبق قضیه ۱ مقدار مورد انتظار برای  $Z_n$  با استفاده از رابطه (۳) قابل محاسبه است که در اینجا  $m_t$  تعداد مورد انتظار برای افراد جدیدی است که توسط یک فرد آلوده در هنگام تغییر مرحله آلودگی‌اش از  $t$  به  $(t+1)$  بیمار می‌شوند. دقت شود که یک فرد بیمار در طول مدت زمان بیماری خود به طور متوسط  $R_0 = \sum_{t=1}^k m_t$  نفر دیگر را آلوده می‌کند. همان طور که قبلاً گفته شد، عدد  $R_0$  در ریاضیات زیستی عدد پایه تکثیر نامیده می‌شود. اگر  $R_0 \leq 1$  باشد خطر انفجار جمعیت بیمار وجود ندارد ولی اگر  $R_0 > 1$  خطر انفجار بیماری وجود دارد. بنابراین در این حالت هر چه زودتر باید اقدامات لازم برای جلوگیری از همه‌گیر شدن بیماری، مانند واکسینه کردن افراد سالم، قرنطینه کردن بیماران، ارائه راهکارهای بهداشتی و ... صورت گیرد.

به عنوان یک حالت خاص، فرض کنید  $I_1$  دوره کمون بیماری باشد. در دوره کمون، فرد حامل ویروس بیماری است، اما علائم بیماری و توانایی انتقال بیماری را نیز ندارد، یعنی  $m_1 = 0$  است. در نتیجه دوره کمون هر چقدر طولانی یا کوتاه باشد روی  $R_0$  تاثیر ندارد. بنابراین روی جمعیت نهایی بیماران نیز تأثیرگذار نیست.

#### ۴ برآورد $R_0$ با روش کمترین توان‌های دوم خطای شرطی

هدف این بخش، استنباط بر روی میانگین فرایند وابسته به دوره به منظور برآورد عدد پایه تکثیر است. **چوول** (۲۰۰۹) و **جاکوب** (۲۰۱۰) منابع مناسبی برای آشنایی با روش‌های برآورد عدد پایه تکثیر هستند.

با فرض این که ویروس  $k$  دوره ( $k > 0$ ) در بدن بیمار باقی می‌ماند، با استفاده از رابطه (۲) می‌توان

نشان داد که

$$E(Z_i | Z_{i-1}, \dots, Z_{i-k}) = \sum_{j=1}^k m_j z_{i-j}, \quad i = k, \dots, n.$$

برآوردگرهای کمترین توان‌های دوم شرطی  $m_1, \dots, m_k$  با مینیم کردن عبارت

$$SSE = \sum_{i=k}^n (z_i - \sum_{j=1}^k m_j z_{i-j})^2 \quad (5)$$

به دست می‌آیند. با گرفتن مشتق نسبت به  $m_t$  از رابطه (۵) و مساوی صفر قرار دادن آن، رابطه

$$\sum_{j=1}^k m_j \sum_{i=k}^n z_{i-j} z_{i-t} = \sum_{i=k}^n z_i z_{i-t} \quad t = 1, \dots, k$$

به دست می‌آید. شکل ماتریسی آن‌ها به صورت

$$B\mathbf{m} = \mathbf{b} \quad (6)$$

است، که در آن  $\mathbf{m} = (m_1, \dots, m_k)'$ ،  $\mathbf{b} = (\sum_{i=k}^n z_i z_{i-1}, \dots, \sum_{i=k}^n z_i z_{i-k})'$  و ماتریس

متقارن  $B$  به صورت

$$B = \begin{bmatrix} \sum_{i=k}^n z_{i-1}^2 & \sum_{i=k}^n z_{i-1} z_{i-2} & \dots & \sum_{i=k}^n z_{i-1} z_{i-k} \\ \sum_{i=k}^n z_{i-1} z_{i-2} & \sum_{i=k}^n z_{i-2}^2 & \dots & \sum_{i=k}^n z_{i-2} z_{i-k} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sum_{i=k}^n z_{i-1} z_{i-k} & \sum_{i=k}^n z_{i-2} z_{i-k} & \dots & \sum_{i=k}^n z_{i-k}^2 \end{bmatrix}$$

است. با داشتن مقادیر  $z_0, \dots, z_n$ ، برآوردهای  $m_1, \dots, m_k$  از رابطه

$$\hat{\mathbf{m}} = B^{-1} \mathbf{b} \quad (7)$$

به دست می‌آیند. به منظور برآورد عدد پایه تکثیر، کافی است حاصل  $R_0 = \sum_{t=1}^k m_t$  محاسبه شود.

## ۵ مطالعه موردی، بیماری آنفلوانزا در آمریکا

در این بخش برای داده‌های ارائه شده توسط مرکز ملی اطلاعات بیوتکنولوژی آمریکا با استفاده از دستگاه معادلات خطی ارائه شده در بخش ۴، عدد پایه تکثیر برآورد می‌شود. داده‌های مورد استفاده که در جدول ۱ ارائه شده است، مربوط به بیماری آنفلوانزا در ایالات متحده آمریکا است و به صورت روزانه از ۲۳ سپتامبر ۱۹۱۸ تا ۲۴ نوامبر سال ۱۹۱۸ گزارش شده است. فرض می‌شود طول دوره بیماری یک هفته باشد، یعنی  $k = 7$ . با حل دستگاه معادلات خطی (۷)، عدد پایه تکثیر  $R_0 = 0.943$  برآورد می‌شود که نشان می‌دهد خطر همه‌گیری و طغیان بیماری وجود ندارد.

جدول ۱: گزارش روزانه تعداد مبتلایان به آنفلوانزا در سان‌فرانسیسکو، ایالات متحده آمریکا، سال ۱۹۱۸

تاریخ	دوره	تعداد مبتلایان	تاریخ	دوره	تعداد مبتلایان	تاریخ	دوره	تعداد مبتلایان
۲۳-Sep	۰	۴	۱۴-Oct	۲۱	۴۳۸	۴-Nov	۴۲	۳۷۹
۲۴-Sep	۱	۵	۱۵-Oct	۲۲	۵۱۰	۵-Nov	۴۳	۴۵۷
۲۵-Sep	۲	۵	۱۶-Oct	۲۳	۶۹۸	۶-Nov	۴۴	۳۰۵
۲۶-Sep	۳	۷	۱۷-Oct	۲۴	۶۸۹	۷-Nov	۴۵	۳۳۷
۲۷-Sep	۴	۹	۱۸-Oct	۲۵	۸۵۶	۸-Nov	۴۶	۲۲۱
۲۸-Sep	۵	۱۰	۱۹-Oct	۲۶	۱۱۰۴	۹-Nov	۴۷	۲۳۴
۲۹-Sep	۶	۴	۲۰-Oct	۲۷	۱۱۸۹	۱۰-Nov	۴۸	۱۱۵
۳۰-Sep	۷	۱۳	۲۱-Oct	۲۸	۱۱۹۰	۱۱-Nov	۴۹	۱۳۲
۱-Oct	۸	۹	۲۲-Oct	۲۹	۱۱۴۳	۱۲-Nov	۵۰	۱۸۵
۲-Oct	۹	۲۰	۲۳-Oct	۳۰	۲۰۵۸	۱۳-Nov	۵۱	۲۴۰
۳-Oct	۱۰	۱۸	۲۴-Oct	۳۱	۱۹۴۳	۱۴-Nov	۵۲	۱۳۰
۴-Oct	۱۱	۳۰	۲۵-Oct	۳۲	۲۳۱۹	۱۵-Nov	۵۳	۱۰۴
۵-Oct	۱۲	۲۹	۲۶-Oct	۳۳	۱۹۱۶	۱۶-Nov	۵۴	۱۰۰
۶-Oct	۱۳	۳۶	۲۷-Oct	۳۴	۱۴۴۳	۱۷-Nov	۵۵	۳۶
۷-Oct	۱۴	۵۷	۲۸-Oct	۳۵	۱۴۲۴	۱۸-Nov	۵۶	۳۸
۸-Oct	۱۵	۴۸	۲۹-Oct	۳۶	۱۴۵۰	۱۹-Nov	۵۷	۲۶
۹-Oct	۱۶	۵۸	۳۰-Oct	۳۷	۱۴۸۱	۲۰-Nov	۵۸	۳۴
۱۰-Oct	۱۷	۱۲۴	۳۱-Oct	۳۸	۶۷۲	۲۱-Nov	۵۹	۳۶
۱۱-Oct	۱۸	۱۵۰	۱-Nov	۳۹	۵۵۷	۲۲-Nov	۶۰	۵۰
۱۲-Oct	۱۹	۲۰۱	۲-Nov	۴۰	۴۶۷	۲۳-Nov	۶۱	۴۳
۱۳-Oct	۲۰	۳۲۰	۳-Nov	۴۱	۳۸۵	۲۴-Nov	۶۲	۱۹



## ۶ بحث و نتیجه‌گیری

در این مقاله فرایند شاخه‌ای وابسته به دوره معرفی شد که قدرت تولید ذرات موجود در آن متناسب با عمر ذره تغییر می‌کند. سپس توضیح داده شد که رفتار ذرات این فرایند مطابق با انتقال یک بیماری واگیردار است. در این مقاله یک روش کاملاً جدید برای برآورد  $R_0$  با استفاده از تئوری فرایند شاخه‌ای وابسته به دوره ارائه شد که منجر به حل یک دستگاه معادلات خطی می‌شود. برای استفاده از این روش لازم است که تعداد افراد بیمار، در دوره‌های منظم ثبت و گزارش شده باشد. مثال عددی ارائه شده نشان می‌دهد که می‌توان از این مدل در برآورد عدد پایه تکثیر در بیماری‌های واگیردار که نقش مهمی در دانش پزشکی دارد، استفاده کرد.

## تقدیر و تشکر

نویسنده مقاله از نظرات و پیشنهادات داوران محترم و هیئت تحریریه مجله علوم آماری که باعث ارتقای مقاله شد، کمال تشکر و قدردانی را دارد.

## مراجع

- Braue, F. and Driessche, P. (2008), *Mathematical Epidemiology*, Springer, Berlin.
- Carroll, K. C., Butel, J. and Morse, S. (2015), *Jawetz, Melnick & Adelberg's Medical Microbiology*, 27th Edt., McGraw-Hill, New York.
- Chowell, G. (2009), *Mathematical and Statistical Estimation Approaches in Epidemiology*, Springer, New York.
- Fathi, V. B. and Moradi, M. (2011), Period Dependent Branching Process and its Applications in Epidemiology, *Infection, Genetics and Evolution*, **11**, 1225-1228.
- Feng, Z. and Thieme, H. R. (2000), Endemic Models with Arbitrarily Distributed Pe-

riods of Infection I: Fundamental Properties of the Model, *SIAM Journal on Applied Mathematics*, **61**, 803-83.

Gonzalez, M., del Puerto, I., Martinez, R., Molina, M., Mota, M., Ramos, A. (Eds.), (2010), *Workshop on Branching Processes and Their Applications, Lecture Notes in Statistics Proceedings*, 197, Springer, Berlin.

Jacob, C. (2010), Branching Processes: Their Role in Epidemiology, *International Journal of Environmental Research and Public Health*, **7**, 1186-1204.

Ma, F. S. and Xia, Y. (2009), *Mathematical Understanding of Infectious Disease Dynamics*, World Scientific, New Jersey.

Miller, J. C., Davoudi, B., Meza, R., Slim, A. C. and Pourbohloul, B. (2010), Epidemics with general generation interval distribution, *Journal of Theoretical Biology*, **262**, 107-115.

# **Estimation of the Basic Reproduction Number by Period Dependent Branching Process**

**Mojtaba Moradi**

Department of Industrial Engineering, University of Guilan, Rudsar, Iran.

**Abstract:** The basic reproduction number is the average number of secondary infection cases generated by a single primary case in a susceptible population. Estimation of the basic reproduction number is important in medical studies. In this paper, we describe a new method for estimating the basic reproduction number by branching processes. Finally, we apply this estimator on real data reported by the National Center for Biotechnology Information in the USA.

**Keywords:** Branching Process, Basic Reproduction Number, Epidemiology.

**Mathematics Subject Classification (2010):** 60J80, 62M05, 62P10.