

A New Formalism for Bi- Logistic models of Two-Waves epidemics

Sabzpoushan, S. Hojat ^{1*} / Nozad Makvandi, Danial ²

¹⁻ Assistant professor, Department of biomedical engineering, Iran university of Science and Technology (IUST). Tehran. Iran.

²⁻ Ph.D. Candidate in Biomedical Engineering, Iran University of Science and Technology (IUST). Tehran. Iran.

ARTICLE INFO

DOI: 10.22041/ijbme.2026.2071716.1996

Received: 16-9-2025

Revised: 6-12-2025

Accepted: 2-2-2026

KEYWORDS

Epidemic modeling
Growth speed Profile
Multi-Waves epidemic.

ABSTRACT

Growth is a phenomenon observed in many different kinds of processes. The growth curve is an empirical model used to describe the evolution of a quantity over time. These curves are widely applied in fields such as biology, physics, engineering, economics, and social sciences. Accurate description and prediction of growth systems using well-known deterministic models, such as logistic, Richards and Gompertz are one of the current topics in this research field. In this study, we propose a new deterministic differential equation model for the growth speed profile in single-wave and two-waves epidemics. We show that our model offers high flexibility in growth inflection points, i.e., these points can be adjusted so that to simulate real epidemic data. The results demonstrate that, in the two-wave case, our model can describe the growth speed profile effectively using fewer parameters compared to common models such as the bi logistic and bi Richards models. we analyze the features and capabilities of our model, and validate it against COVID-19 pandemic real data in several countries as well as the 2003 SARS epidemic in Singapore.

*Corresponding Author

Address Department of Biomedical Engineering, Iran university of Science and Technology (IUST)

E-Mail sabzposh@iust.ac.ir





ارایه یک فرمالیزم جدید برای مدل های دولاجستیکی اپیدمی دو موجی

سبزویشان، سیدحجت^{۱*} / نوزادمکوندی، دانیال^۲

^۱- استادیار، دپارتمان مهندسی پزشکی، دانشکده برق، دانشگاه علم و صنعت ایران، تهران، ایران.

^۲- دانشجوی دکترا، دپارتمان مهندسی پزشکی، دانشکده برق، دانشگاه علم و صنعت ایران، تهران، ایران.

مشخصات مقاله

شناسه‌ی دیجیتال: 10.22041/ijbme.2026.2071716.1996

پذیرش: ۱۴۰۴/۱۱/۱۳

بازنگری: ۱۴۰۴/۹/۱۵

ثبت در سامانه: ۱۴۰۴/۶/۲۵

واژه‌های کلیدی	چکیده
مدل سازی همه گیری پروفایل سرعت رشد اپیدمی چند موجی	رشد پدیده‌ای است که در زمینه های گوناگون مانند زیست‌شناسی، مهندسی و اقتصاد دیده می شود. اپیدمی مثال خوبی از یک سیستم رشد بیولوژیکی است. یک سیستم رشد با پروفایل سرعت آن قابل بیان است. به هر بیشینه ی محلی در پروفایل سرعت رشد، یک موج می گویند. پیش بینی امواج اپیدمی می تواند به اتخاذ تدابیر لازم و آمادگی مسئولین بهداشتی کمک کند. برای مدل سازی اپیدمی های تک موجی، مدل های ماکروسکوپی مانند لاجستیک، کمپرتز، و ریچاردز ارایه گردیده است، این مدل ها توانایی شبیه سازی اپیدمی های دو موجی را نداشته و بعلاوه فاقد انعطاف پذیری لازم برای شبیه سازی محل موج می باشند. مدل های فعلی، اپیدمی دو موجی را مجموع دو موج مستقل فرض می کنند. مدل های دولاجستیکی و دوریچاردزی از این نوع هستند. فرض مذکور با بیولوژی اپیدمی سازگار نیست و عوامل محیطی و فرهنگی-اجتماعی را که گفته می شود عامل اصلی ایجاد امواج هستند، در مدل وارد نمی کند، بعلاوه تنظیم مدل مخصوصا محل امواج، نیز مشکلات ریاضی مخصوص به خود را دارد. در این پژوهش با ارایه ی یک فرمالیزم جدید، یک مدل بهبود یافته ی دولاجستیکی سازگار با اپیدمیولوژی یعنی با در نظر گرفتن عوامل محیطی و اجتماعی ارایه می دهیم. نشان خواهیم داد که مدل ما برای تنظیم محل امواج انعطاف‌پذیری دارد. عملکرد مدل را در مقایسه با مدل های دولاجستیکی و دوریچاردزی معمولی ارزیابی می کنیم و نشان می دهیم که مدل ما با تعداد پارامترهای کمتر می تواند آنها را پوشش دهد. برای اعتبارسنجی مدل، از داده‌های واقعی همه‌گیری کووید-۱۹ در ایران و چندین کشور و همچنین اپیدمی ویروس سارس در سال ۲۰۰۳ در کشور سنگاپور استفاده کرده‌ایم. نتایج اعتبار سنجی نشان می دهد که مدل ارایه شده بخوبی قادر به شبیه سازی اپیدمی های تک موجی و دوموجی می باشد.

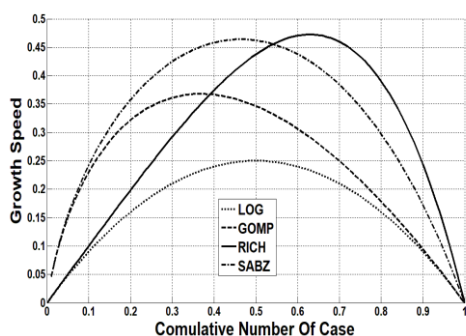
*نویسنده‌ی مسئول

نشانی: دپارتمان مهندسی پزشکی، دانشکده برق، دانشگاه علم و صنعت ایران، تهران، ایران.

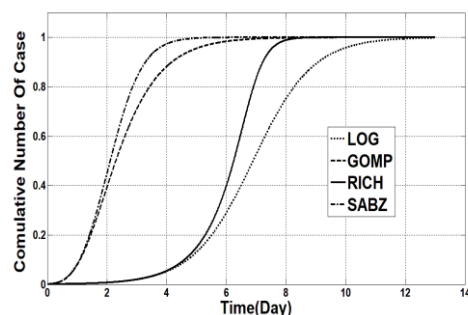
پست الکترونیک: sabzposh@iust.ac.ir



بر حوزه زیست‌شناسی [۵]، در بسیاری از حوزه‌ها مانند مهندسی [۶] و پزشکی [۷] نیز استفاده شده‌اند. به دلیل طرح S شکل منحنی رشد این دسته از مدل‌ها، آن‌ها را گاهی مدل‌های سیگموییدی (S شکل) نیز می‌نامند. مدل‌های سیگموییدی کاربرد گسترده‌ای در مطالعه دینامیک جمعیت دارند؛ از مدل‌سازی رشد جمعیت میکروسکوپی نظیر سلول‌های سرطانی گرفته [۷] تا تحلیل تغییرات جمعیتی در مقیاس‌های بزرگ مانند جمعیت یک قاره [۸].



(الف)



(ب)

شکل (۱-۱) نمونه‌هایی از الف-پروفایل سرعت رشد تک موجی مدل‌های پایه و ب-منحنی رشد زمانی آنها

بر خلاف پدیده‌های رشد تک موجی، پدیده‌های رشد دو موجی مطابق شکل (۲-۱) ساختاری دو موجی در پروفایل سرعت و بنابراین دو نقطه‌ی عطف در منحنی رشد زمانی خود دارند. همانطور که در شکل (۲-۱) دیده می‌شود پس از پایان موج اول موج دوم آغاز می‌گردد. روش متداول برای شبیه‌سازی چنین پدیده‌هایی، استفاده از مدل‌های پایه‌ی یقینی^۶ مانند لاجستیک، ریچاردز و غیره، برای هر موج و سپس تجمع آن‌ها می‌باشد. که به مدل‌سازی دولاجستیکی^۷ [۹]، یا دوریچاردزی^۸ [۱۰] و مانند آن شناخته می‌شود. در این مدل‌ها در واقع فرض می‌شود که جمعیت $P(t)$ مطابق رابطه (۳-۱) مجموع دو جمعیت مستقل $P_1(t)$ و $P_2(t)$ است.

۱- مقدمه

مدل‌سازی و ارزیابی مدل‌های ریاضی برای تحلیل یک پدیده در زمینه‌های گوناگون کاربرد فراوان دارد. یکی از مهمترین کاربردهای مدل‌سازی، انجام پیش‌بینی رفتار سیستم در آینده است. از رایج‌ترین قالب‌ها برای مدل‌سازی پدیده‌های رشد، استفاده از فرمالیسم معادلات دیفرانسیل می‌باشد. اگر P معرف یک جمعیت باشد، آنگاه $\dot{P} = \frac{dP}{dt}$ نرخ تغییر جمعیت نسبت به زمان را نشان می‌دهد که در واقع همان سرعت رشد جمعیت است. در برخی موارد، این سرعت رشد مستقیماً قابل مشاهده یا اندازه‌گیری است، و در چنین شرایطی، تمایل داریم سیستم را بر اساس سرعت آن مدل‌سازی کنیم. این رویکرد در حساب دیفرانسیل به‌خوبی جایگاه دارد. رابطه (۱-۱) نمونه‌ای از چنین مدلی را نشان می‌دهد که در آن $F(P)$ می‌تواند یک تابع غیر خطی از P تعریف شود [۱].

$$\dot{P} = F(P) \quad (1-1)$$

طرحی مانند رابطه (۱-۱) در بیولوژی کاملاً قابل دفاع و توجیه است؛ زیرا سرعت رشد جمعیت به‌طور طبیعی تحت تاثیر عواملی مانند رقابت بین افراد برای منابع (مانند غذا، اکسیژن، فضا و ...)، زاد و ولد، و مرگ‌ومیر قرار دارد که همگی به اندازه‌ی جمعیت (P) وابسته هستند. شکل خاصی از رابطه (۱-۱) به مدل لاجستیک معروف است. این مدل در حالت نرمال‌شده که جمعیت در بازه $(0 < P < 1)$ تعریف می‌شود، به‌صورت رابطه (۲-۱) بیان می‌گردد [۲].

$$\dot{P} = rP(1 - P) \quad (2-1)$$

رابطه‌ی (۲-۱) از دیدگاهی یک مدل ماکروسکوپی است زیرا سرعت رشد را بدون اشاره به جزئیات و اجزای سیستم به نیروهای محرکه‌ی^۱ رشد یعنی P و $(1 - P)$ ربط می‌دهد. رابطه (۲-۱) یک مدل تک موجی است که از دو نیروی محرکه‌ی P و $(1 - P)$ تشکیل شده است. نیروی محرکه‌ی P بعنوان فیدبک مثبت در رشد عمل می‌کند، در حالی که نیروی محرکه‌ی $(1 - P)$ نقش فیدبک منفی؛ اثر بازدارنده بر سرعت رشد دارد [۲]. علاوه بر مدل لاجستیک^۲ (LOG) [۲]، مدل‌های زیاد دیگری نیز از این خانواده برای شبیه‌سازی سیستم‌های بیولوژی، ارایه شده‌است که فرمالیزم آنها در قالب رابطه (۱-۱) است، از جمله: ریچاردز^۳ (RICH) [۳]، گمپرتز^۴ (GOMP) [۴] و مدل تک‌موجی سبزووشان^۵ (SABZ) [۱] که طرح کلی آنها در شکل (۱-۱) آمده‌است. این مدل‌ها علاوه

^۵ Sabzpoushan

^۶ Deterministic

^۷ Bi logistic

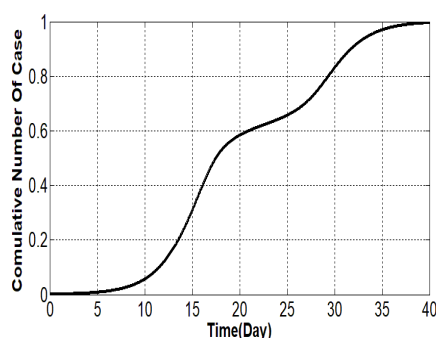
^۸ Bi Richards

^۱ Driving Force

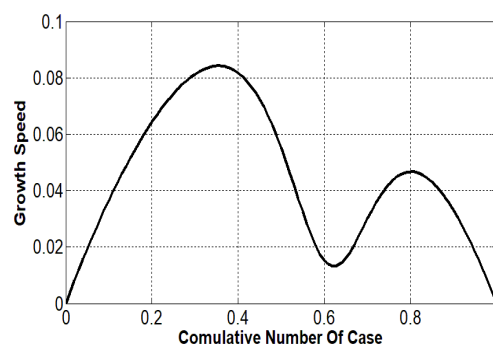
^۲ Logistic

^۳ Richards

^۴ Gompertz



(ب)



(الف)

شکل (۱-۲) - نمونه ای از (الف) پروفایل سرعت و (ب) رشد زمانی یک پدیده‌ی رشد دوموجی

$$P(t) = P_1(t) + P_2(t) \quad , \quad \dot{P}(t) = \dot{P}_1(t) + \dot{P}_2(t)$$

(۳-۱)

روشن است که در موضوع مدل سازی سعی در افزایش دقت مدل و در عین حال کاهش پارامترهای آن داریم. افزون بر این، ترجیح می دهیم که هر یک از پارامترهای مدل تفسیر بیولوژیکی مشخص و مرتبط با پدیده‌ی مورد مطالعه را داشته باشند، که در این صورت فرآیند تنظیم مدل و استنتاج علمی از آن معتبرتر و قابل اعتمادتر خواهد بود. در همین راستا، در این پژوهش تلاش شده است تا ساختار ریاضی و پارامترهای مدل پیشنهادی با ویژگی های دینامیکی و زیستی اپیدمی و بیماری های عفونی هماهنگ باشد.

برای اعتبارسنجی^۹ مدل، از داده های واقعی مربوط به همه گیری جهانی کووید-۱۹^{۱۰} در چندین کشور، از جمله ایران [۱۵]، در بازه زمانی ۲۰۱۹ تا ۲۰۲۲، و همچنین داده های شیوع بیماری سارس در سنگاپور در سال ۲۰۰۳ [۱۶] استفاده گردیده است.

۲- روش

مدل های سیگموئیدی رایج مانند لاجستیک و گمپترت بصورت $\dot{P} = f_1(P) \cdot f_2(P)$ یعنی با دو نیروی محرکه بیان می شوند، پس عبارت $\dot{P}$ در این مدل ها یک چند جمله ای درجه دوم است، بنابراین فقط می توانند یک موج (نقطه ای ماکزیمم سرعت) داشته باشند. بعلاوه دو نیروی $f_1(P)$ ، $f_2(P)$ نیروی های محرکه ی بیولوژیکی را نمایندگی می کنند در حالی که در اپیدمیولوژی نقش عوامل محیطی و رفتارهای اجتماعی در ایجاد موج تایید گردیده است [۱۴]. در این پژوهش نخست یک نیروی محرکه ی سوم $f_3(P)$ ؛ به رابطه ی (۲-۱) اضافه می نماییم تا فرمالیزم آن مطابق رابطه ی (۱-۲) با اپیدمیولوژی سازگار شود:

$$\begin{aligned} \dot{P} &= f_1(P) \cdot f_2(P) \cdot f_3(P) \\ f_1(P) &= r \cdot P, f_2(P) = (1 - P) \end{aligned} \quad (۱-۲)$$

اگر رشد تجمعی موج اول و دوم را به ترتیب با $P_1(t)$ و $P_2(t)$ نمایش دهیم، رشد تجمعی کل سامانه با $P(t)$ و پروفایل سرعت آن با $\dot{P}(t)$ مشخص می شود. در این صورت، رابطه (۳-۱) برقرار خواهد بود. مدل های دولاجستیکی اگرچه می توانند پدیده های دو موجی را شبیه سازی کنند، اما به دلیل اینکه پدیده ی دو موجی را مجموع دو پدیده ی تک موجی مستقل فرض می کنند با بیولوژی اپیدمی سازگار نیستند. همانگونه که در رابطه (۳-۱) دیده می شود، اشکال اینگونه مدل ها آن است که امکان ارایه ی پروفایل سرعت به صورت حاصل ضرب چندین نیروی محرکه بگونه ی صریح وجود ندارد. از این رو، وجود مدلی که بتواند برای پدیده های دو موجی رابطه ای به شکل $\dot{P} = \prod_i f_i(p)$ ارایه دهد اهمیت زیادی دارد. در زمینه ی مدل سازی پدیده های دوموجی، و به ویژه رشدهای زیستی با چنین ساختاری، مطالعات زیادی توسط پژوهشگران انجام شده و همچنان در حال توسعه است [۱۱، ۱۲، ۱۳]. با این حال، مرور و تحلیل منابع تا زمان نگارش این پژوهش نشان می دهد که تنها یک مدل صریح و قابل توجیه با حاصل ضرب سه نیروی محرکه برای پروفایل سرعت رشد در پدیده های دوموجی، مطابق رابطه (۱-۱)، ارایه شده است [۱۴].

هدف اصلی این تحقیق، معرفی یک مدل سرعت رشد سیگموئیدی جدید با ساختار $\dot{P} = F(P)$ است که بگونه ای قابل تنظیم، در پدیده های تک موجی و دوموجی قابل استفاده بوده، و انعطاف پذیری لازم در کنترل نقاط اکسترمم منحنی رشد را داشته باشد. نشان داده می شود که این مدل با تعداد پارامترهای کمتری نسبت به مدل های دولاجستیکی موجود، می تواند پدیده های رشد دوموجی را شبیه سازی نماید.

¹⁰ Covid-19

⁹ Validation

الف) حالتی که $f_3(P)$ فقط شامل یک مولفه است یعنی: $f_3 = f_{31}(P)$
 ب) حالتی که $f_3(P)$ شامل دو مولفه باشد، یعنی:
 $f_3 = f_{31}(P) + f_{32}(P)$

۱-۲- تنظیم مدل در حالت تک موجی.

تابع $f_3 = f_{31}(P)$ بین دو مجانب صفر و یک می‌تواند تنظیم شود. ساختار این تابع به گونه‌ای طراحی شده‌است که با تنظیم مقادیر پارامترهای a_1, b_1 می‌توان پروفایل $f_3(P)$ را به دلخواه تنظیم نمود.

- اگر a_1 مثبت باشد، تابع f_3 اکیداً نزولی خواهد بود (شکل (۱-۲)). و این بدان معنی است که عوامل محیطی بعنوان فیدبک منفی بر رشد اپیدمی تاثیر می‌گذارد و به بیان دیگر هر چه تعداد مبتلایان بیشتر می‌شود، مردم بیشتر رعایت می‌کنند.

- اگر a_1 منفی باشد، تابع رفتار اکیداً صعودی از خود نشان می‌دهد (شکل (۲-۲)). و این بدان معنی است که عوامل محیطی بعنوان فیدبک مثبت بر رشد اپیدمی تاثیر می‌گذارد و به بیان دیگر اگرچه تعداد مبتلایان بیشتر می‌شود، اما مردم به روابط خود ادامه می‌دهند و حاضر به پذیرش محدودیت‌ها نیستند.

اکنون معادله‌ی مدل را مطابق رابطه (۲-۴) در نظر می‌گیریم:
 $\dot{P} = rP(1 - P)[f_{31}(P)] = rP(1 - P)e^{g_1(P)}$ (۴-۲)
 روشن است که اعمال ضریب $e^{g_1(P)}$ موجب تغییر پروفایل سرعت رشد؛ $\dot{P}$ و جابجایی نقطه عطف از مقدار $P_{inf} = 0.5$ خواهد گردید

• نقطه عطف^{۱۳}

نقطه عطف در پروفایل سرعت رشد نقش بسیار مهمی ایفا می‌کند؛ زیرا در این نقطه، سرعت رشد به بیشینه مقدار خود می‌رسد. به عبارت دیگر، مشتق اول سرعت رشد ($\dot{P}$) در نقطه عطف بیشینه مقدار را دارد. برای بدست آوردن نقطه عطف (بیشینه‌ی سرعت) به صورت زیر عمل می‌کنیم:

$$\begin{aligned} \frac{d\dot{P}}{dt} = 0 \rightarrow \frac{d\dot{P}}{dP} \cdot \frac{dP}{dt} = 0, \frac{dP}{dt} \neq 0 \rightarrow \frac{d\dot{P}}{dP} = 0 \quad (۵-۲) \\ \rightarrow a_1 \exp(a_1(P_{inf} - b_1)) = \frac{1 - 2P_{inf}}{P_{inf}(1 - P_{inf})} \\ = L \rightarrow b_1 = P_{inf} - \frac{\ln(\frac{L}{a_1})}{a_1} \\ \text{if } P_{inf} = b_1 \rightarrow a_1 = \frac{1 - 2b_1}{b_1(1 - b_1)} \end{aligned}$$

در اینجا نقش $f_3(P)$ بعنوان اهرمی برای تولید و تنظیم تعداد موج (اکسترمم‌ها و نقاط عطف) می‌باشد. برای حفظ طرح سیگموییدی رشد در رابطه (۱-۲) مانند رابطه (۲-۱)، لازم است که $f_3(P)$ همواره مقداری مثبت داشته باشد. افزون بر آن، تابع $f_3(P)$ باید نوساناتی (فراز و فرودهایی) داشته باشد تا بتواند طرح یک کوهانه‌ی^{۱۱} شکل (۱-۱) را به طرحی چند کوهانه^{۱۲} (در این تحقیق یک یا دو کوهانه) قابل تنظیم تبدیل کند. همچنین، مقدار $f_3(P)$ باید در بازه‌ی جمعیتی $0 < P < 1$ محدود باقی بماند. از طرف دیگر از آنجایی که می‌خواهیم مدل ارایه شده بگونه‌ی ضمنی مدلی دولاجستیکی باشد، تابع $f_3(P)$ را به صورت رابطه (۲-۲) پیشنهاد می‌نماییم:

$$f_3 f_3(P) = f_{31}(P) + f_{32}(P), \quad (2-2)$$

$$f_{31}(P) = e^{g_1(P)}, \quad f_{32}(P) = e^{g_2(P)}$$

$$g_1(P) = -e^{m_1(P)}, \quad g_2(P) = -e^{m_2(P)},$$

$$m_1(P) = a_1(P - b_1), \quad m_2(P) = a_2(P - b_2)$$

با توجه به لزوم رعایت شروط ذکر شده برای $f_3(P)$ و در نظر داشتن سهولت‌های ریاضی، $g_n(P)$ یک تابع غیرخطی نمایی و $m_n(P)$ بصورت یک تابع خطی در نظر گرفته شده‌است. مدل ارایه شده در رابطه (۱-۲) را می‌توان به عنوان یک نسخه‌ی ضمنی بهبود یافته دو لاجستیکی در نظر گرفت که در آن یک نیروی محرکه‌ی غیرخطی (به شکل مجموع دو نیرو) به صورت ضریب در مدل تک لاجستیکی ضرب شده و در واقع یک مدل دولاجستیکی بوجود آورده‌است. در واقع با توجه به روابط (۲-۱) و (۲-۲) می‌توان نوشت:

$$\dot{P} = f_1(P) \cdot f_2(P) \cdot f_{31}(P) + f_1(P) \cdot f_2(P) \cdot f_{32}(P) \quad (۳-۲)$$

نکته جالب توجه در مورد مدل (۳-۲) این است که اگر به آن از دیدگاه رابطه (۱-۲) نگاه کنیم مدلی با سه نیروی محرکه است و بنابراین فرمالیزم آن با بیولوژی اپیدمی سازگار است، و اگر از دیدگاه ظاهری به رابطه (۳-۲) نگاه کنیم مدلی دولاجستیکی است. بنابراین توانایی شبیه‌سازی اپیدمی دو موجی را خواهد داشت. بعلاوه هر تک لاجستیک در مدل نیروی محرکه‌ی سوم (محیطی - اجتماعی) را نیز در خود دارد.

با تنظیم رفتار تابع $f_3(P)$ ، هنگامی که به عنوان یک نیروی محرکه در مدل استفاده شود، می‌توان پروفایل سرعت را از حالت تک موجی (تک کوهانه) به دوموجی (دو کوهانه) تنظیم نمود. برای تحلیل این موضوع، در ادامه، رفتار سیستم را در دو حالت بررسی می‌کنیم:

¹³ Inflection point

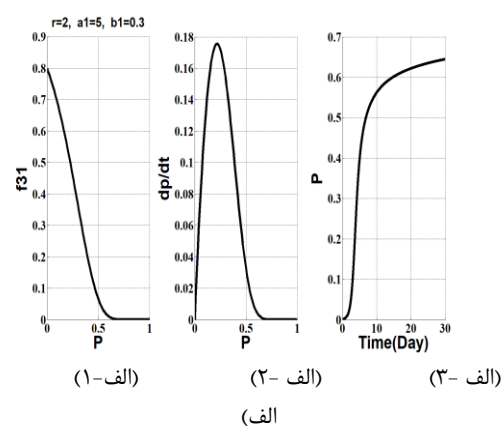
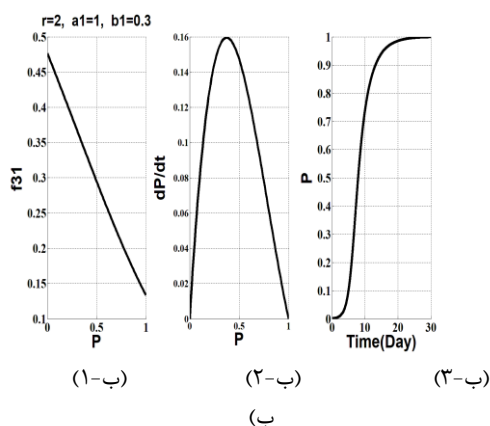
¹¹ Unimodal

¹² Multimodal

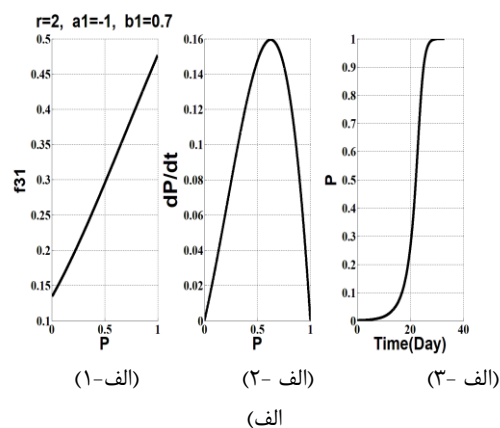
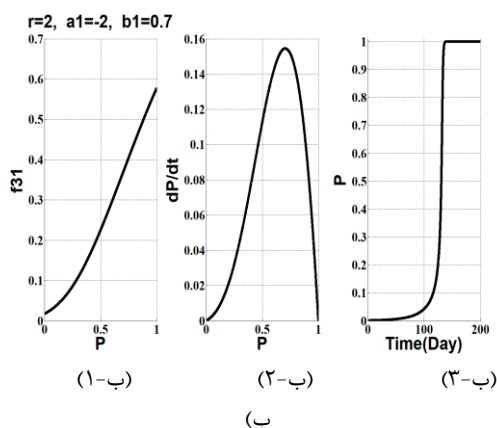


- اگر a_1 منفی باشد، نقطه عطف در ناحیه راست نیمه، یعنی ($P_{inf} > 0.5$) قرار می گیرد. (شکل (۲-۲)) پس نشان دادیم که با تغییر علامت و مقدار a_1 ، می توان پروفایل تابع رشد و سرعت همگرایی به مجانب ها را تنظیم نمود. در یک حالت خاص، اگر نقطه عطف دقیقاً در مقدار $P_{inf} = b_1$ واقع شود، آنگاه پارامتر a_1 را می توان بر حسب b_1 بدست آورد.

- با توجه به رابطه (۲-۵) و با در نظر گرفتن شکل های (۲-۱) و (۲-۲)، تاثیر پارامترهای مدل بر موقعیت نقطه عطف؛ P_{inf} به صورت زیر قابل تحلیل است:
- اگر علامت پارامتر a_1 مثبت باشد، مکان نقطه عطف به ناحیه ی چپ نیمه، یعنی ($P_{inf} < 0.5$) منتقل می شود (شکل (۲-۱))



شکل (۲-۱) - دو تحقق از مدل رشد پیشنهادی در حالت تک موجی، (الف-۱) و (ب-۱) - نیروی محرکه f_{31} به ازای مقادیر متفاوتی از a_1 و b_1 ، (الف-۲) و (ب-۲) - پروفایل سرعت رشد ($\dot{P}$)، با تنظیم نیروی f_{31} می توان محل موج را تنظیم نمود. (الف-۳) و (ب-۳) - منحنی رشد تجمعی مربوطه. با توجه به اینکه $a_1 > 0$ است نقطه عطف در ناحیه $P_{inf} < 0.5$ قرار می گیرد.



شکل (۲-۲) - دو تحقق از مدل رشد پیشنهادی در حالت تک موجی، (الف-۱) و (ب-۱) - نیروی محرکه f_{31} به ازای مقادیر متفاوتی از a_1 و b_1 ، (الف-۲) و (ب-۲) - پروفایل سرعت رشد ($\dot{P}$)، با تنظیم نیروی f_{31} می توان محل موج را تنظیم نمود. (الف-۳) و (ب-۳) - منحنی رشد تجمعی مدل مربوطه. با توجه به اینکه $a_1 < 0$ است نقطه عطف در ناحیه $P_{inf} > 0.5$ قرار می گیرد.

در بخشی از دامنه ی تغییرات که f_{31} به مقدار یک نزدیک می شود، پروفایل سرعت به شکل تابع لاجستیکی کلاسیک نزدیک می شود و در سمتی که f_{31} به صفر میل می کند، سرعت رشد کاهش می یابد. پروفایل سرعت رشد، با توجه به علامت و مقادیر پارامترها، می تواند پیش یا پس از نقطه ی عطف سرعت رشد کاهش می یابد.

روشن است که با افزایش اندازه ی $|a_1|$ ، نیروی محرکه f_{31} از دو سمت نقطه $P = b_1$ بسته به علامت a_1 ، ب به سمت صفر یا یک میل می کند.

- اگر $a_1 > 0$ باشد، f_3 در سمت چپ نقطه b_1 به سوی صفر میل کرده و در سمت راست به سمت یک همگرا می شود.

- اگر $a_1 < 0$ باشد، عکس رفتار بالا دیده می شود.

در شکل (۳-۲) می‌توان مشاهده نمود که با افزایش اندازه پارامتر a_1 تغییرات پارامتر b_1 برای یک نقطه عطف ثابت ناچیز می‌باشد و می‌توان گفت که مقدار b_1 تقریباً برابر با مقدار نقطه عطف می‌شود و با افزایش a_1 مقدار اندازه سرعت افزایش می‌یابد.

۲-۲- تنظیم مدل در حالت دو موجی

در مدل پیشنهادی اگر نیروی محرکه f_3 را به صورت مجموع دو نیروی f_{31} و f_{32} در نظر بگیریم یعنی:

$$f_3(P) = f_{31}(P) + f_{32}(P) \quad (۶-۲)$$

در این صورت با توجه به رابطه ی (۱-۲) خواهیم داشت:

$$\dot{P} = f_1 f_2 f_{31} + f_1 f_2 f_{32} \quad (۷-۲)$$

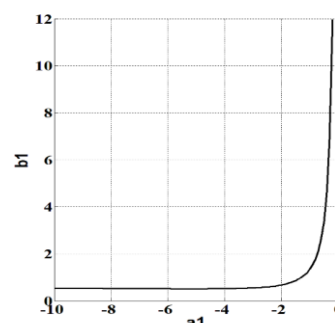
یعنی مدل حاصل یک مدل دو لاجستیکی ضمنی خواهد بود و می‌توان انتظار داشت که با تنظیم آن بتوان اپیدمی‌های دو موجی را شبیه‌سازی نمود. در این حالت با توجه به معادلات (۲-۲) و فرضیات اولیه خواهیم داشت:

$$\dot{P} = r \cdot P \cdot (1 - P) \cdot [\exp(-\exp(a_1(P - b_1))) + \exp(-\exp(a_2(P - b_2)))] \quad (۸-۲)$$

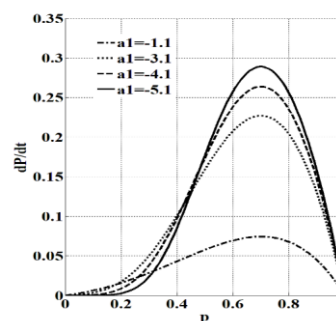
اگر در توابع f_{31} و f_{32} ، پارامترهای $a_1 > 0$ ، $a_2 < 0$ و $b_2 > b_1 > 0$ باشند، نیروی f_3 می‌تواند به صورت یک نیروی محرکه‌ی محدود بین صفر و یک ظاهر شود که دارای یک مینیمم نسبی خواهد بود. حاصل ضرب این نیرو با نیروی لاجستیکی همانطور که در شکل (۴-۲) نشان داده شده می‌تواند منجر به شکل‌گیری یک پروفایل سرعت رشد دوکوهانه (دو ماکزیمم و یک مینیمم) شود. و بنابر این خواهد توانست که اپیدمی‌های دو موجی را شبیه‌سازی کند.

شکل (۴-۲) تحققی از پروفایل سرعت مدل پیشنهادی در حالت دوموجی را برای نمونه‌هایی از نیروی محرکه f_3 نمایش می‌دهد.

پروفایل سرعت رشد، با توجه به علامت و مقادیر پارامترها، می‌تواند پیش یا پس از نقطه‌ی عطف تقعر رو به بالا داشته باشد در حالی که در مدل‌های کلاسیک رشد مانند لاجستیک و ریچاردز منحنی سرعت رشد در حالت تک موج دارای تقعر رو به پایین است. در مدل پیشنهادی با امکان ایجاد تقعر رو به بالا در پروفایل سرعت (پیش یا پس از نقطه‌ی عطف)، انعطاف‌پذیری بیشتری در نمایش رفتارهای غیرکلاسیک رشد فراهم می‌شود. با توجه به رابطه‌ی (۵-۲) و شکل (۳-۲)، برای یک نقطه‌ی عطف و نرخ رشد مشخص مثلاً $r = 2$ ، $P_{inf} = 0.7$ می‌توان پروفایل‌های گوناگونی از سرعت رشد را با تنظیم پارامترهای مدل ساخت، و این به معنی انعطاف‌پذیری بیشتر مدل پیشنهادی ما است.

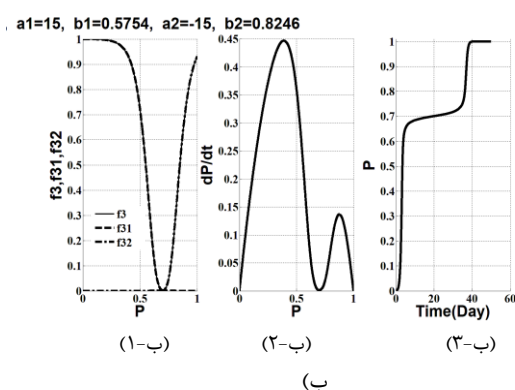


الف

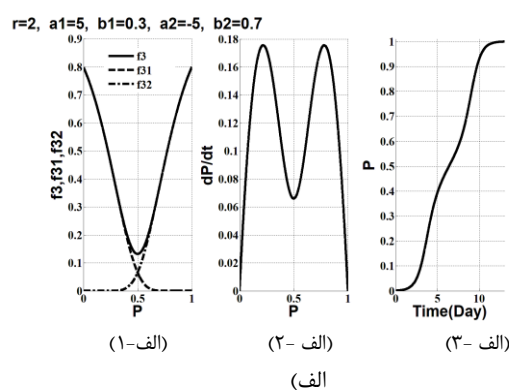


ب

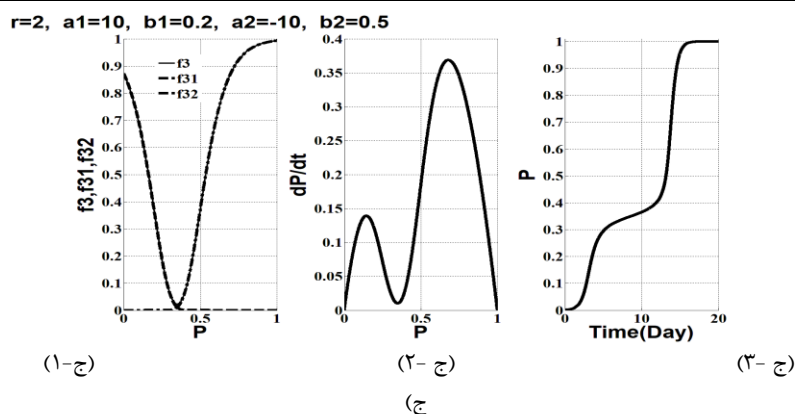
شکل (۳-۲) الف) تغییرات پارامتر b_1 به ازای تغییر پارامتر a_1 در حالت تک موجی به ازای مقادیر ثابت نرخ رشد و نقطه عطف $P_{inf} = 0.7$ ، $r = 2$ ب) پروفایل سرعت مدل پیشنهادی در حالت تک موجی برای چند مقدار a_1 با نقطه عطف ثابت $P_{inf} = 0.7$



ب



الف



شکل (۲-۴) - تحقق هایی از مدل پیشنهادی در حالت دو موجی ، (الف-۱) ، (ب-۱) و (ج-۱) - نیروی محرکه f_3 به ازای مقادیر گوناگونی از پارامترهای a_1, b_1, a_2, b_2 ، (الف-۲) ، (ب-۲) و (ج-۲) - پروفایل سرعت رشد؛ $\dot{P}$ برای هر تحقق . (الف-۳) ، (ب-۳) و (ج-۳) - منحنی رشد زمانی (تجمعی) برای هر تحقق . طرح نیروی f_3 می تواند محل امواج اپیدمی را تعیین کند: در الف) مینیمم نسبی سرعت رشد در $P = 0.5$. در ب) مینیمم نسبی سرعت رشد در $P > 0.5$. در ج) مینیمم نسبی سرعت رشد در $P < 0.5$ اتفاق می افتد.

نسبی در واقع نشان دهندهی نقطه‌ی چرخش (TP)^{۱۴} پدیده‌ی رشد است. با توجه به اینکه در رشد سیگموییدی و در نقاط عطف $\dot{P} \neq 0$ می‌باشد، می‌توان رابطه‌ی (۲-۹) را بین پارامترهای مدل و نقطه‌ی عطف P_{inf} بدست آورد.

● نقطه عطف

در حالت دو موجی، پروفایل سرعت، سه نقطه‌ی اکسترمم نسبی دارد؛ دو نقطه ماکزیمم و یک نقطه مینیمم. در این نقاط، سرعت رشد به بیشترین یا کمترین مقدار خود می‌رسد. نقطه‌ی مینیمم

$$\frac{d\dot{P}}{dt} = 0 \rightarrow \frac{d\dot{P}}{dP} = 0 \rightarrow a_1 \exp(a_1(P_{inf} - b_1)) + a_2 \exp(a_2(P_{inf} - b_2)) = \frac{1 - 2P_{inf}}{P_{inf}(1 - P_{inf})} \quad (۲-۹)$$

$$\text{if } P_{inf} = \frac{a_1 b_1 - a_2 b_2}{a_1 - a_2} \rightarrow a_1 + a_2 = \frac{1 - 2P_{inf}}{P_{inf}(1 - P_{inf}) \exp\left(\frac{a_1 a_2 (b_2 - b_1)}{a_1 - a_2}\right)}$$

در این حالت، ماکزیمم موج اول و دوم به ترتیب پیش و پس از این نقطه رخ می‌دهند. اگر رابطه‌ی (۲-۵) را در حالت دوموجی بررسی کنیم و از سوی دیگر روابط (۱-۳) را نیز مدنظر قرار دهیم، می‌توان نشان داد که پروفایل سرعت مدل دولاجستیکی پیشنهادی ما در حالت دو موجی، به‌صورت جمع دو پروفایل سرعت مربوط به موج اول $\dot{P}_1$ و موج دوم $\dot{P}_2$ در رابطه‌ی (۲-۱۰) بیان می‌شود.

همانطور که گفته شد یکی از انگیزه‌ها و در واقع مزایای مدل پیشنهادی ما این است که تعداد و محل موج‌های (در واقع نقاط عطف) پدیده‌ی رشد را می‌توان با تنظیم پارامترها تنظیم نمود. محل وقوع مینیمم نسبی را می‌توان در نزدیکی نقطه‌ی برخورد دو تابع خطی $m_1(P)$ و $m_2(P)$ تخمین زد. به‌طور خاص، مقدار تقریبی P در نقطه‌ی مینیمم نسبی (TP) برابر یا $P_{inf(TP)} \approx \frac{a_1 b_1 - a_2 b_2}{a_2 - a_1}$ است.

$$P(t) = P_1(t) + P_2(t), \quad \dot{P}_1 = F_1(P), \quad \dot{P}_2 = F_2(P) \rightarrow \dot{P} = F(P) = F_1(P) + F_2(P) \quad (۲-۱۰)$$

$$\dot{P}_1 = rP(1 - P) \left[\exp(-\exp(a_1(P - b_1))) \right] = F_1(P)$$

$$\dot{P}_2 = rP(1 - P) \left[\exp(-\exp(a_2(P - b_2))) \right] = F_2(P)$$

● قابلیت تفکیک امواج

بر اساس روابط ارایه شده در (۲-۱۰) ، یکی از قابلیت‌های محوری مدل پیشنهادی ما در حالت دو موجی، امکان بیان پروفایل سرعت بر مبنای یک معادله دیفرانسیل تک متغیره حالت (بر پایه جمعیت) است، قابلیت‌ی که در مدل‌های رشد دولاجستیکی موجود میسر نیست. علاوه بر این، مدل ما امکان استخراج و تحلیل مجزای اطلاعات مربوط به هر یک از امواج

در مواردی که اندازه سرعت در نقطه‌ی چرخشی سیستم (نقطه‌ی مینیمم نسبی در پروفایل سرعت) مقداری نزدیک به صفر داشته باشد، می‌توان گفت که نقاط ماکزیمم نسبی در پدیده‌ی رشد با ماهیت دوموجی، منطبق بر نقاط بیشینه‌ی سرعت رشد در پروفایل‌های سرعت موج اول و دوم می‌باشند.

در رابطه با شکل (۲-۵-ج) پارامترهای مدل جدید و نتایج آماری حاصل از مقایسه روش تجمیع رشد زمانی موج اول و دوم با رشد زمانی پیوسته دو موج در جدول (۲-۱): آمده است.

جدول (۲-۱)-پارامترهای مدل جدید و نتایج آماری مقایسه روش تجمیعی و روش پیوسته رشد زمانی مدل در حالت دو موجی		
تفسیر	مقدار محاسبه شده	پارامترها و معیارهای برازش
تیزی و شیب موج اول	۲۸۰۹۴	a_1
تیزی و شیب موج دوم	-۳۴۸۶۸	a_2
نقطه اوج موج اول	۳۰۴۳e-۱۰	b_1
نقطه اوج موج دوم	۰۸۲۷۱	b_2
نرخ رشد	۵۲۶۷۱	r
مجموع مربعات خطا	۰.۲	SSE
ریشه میانگین مربع خطا	۰.۰۰۷۳	RMSE
ضریب تعیین	۰.۹۹۹۰۸	R-Square

ترکیب RMSE بسیار کوچک و R-Square نزدیک به یک حاکی از آن است که دو روش همانطور که از نظر کیفی در شکل مشاهده می‌شود از نظر کمی هم نتیجه خیلی نزدیکی به یکدیگر دارند. به عبارتی دیگر از منظر علمی، این دقت بالا تأیید می‌کند که دینامیک مشاهده شده واقعا دارای تفکیک‌پذیری به دو فاز مجزا (موج اول و موج دوم) است که هر یک توسط پارامترهای متمایز خود کنترل می‌شوند.

۳-نتایج

در بخش‌های پیشین، به بررسی قابلیت‌ها و ویژگی‌های پارامترهای مدلی که در این تحقیق ارائه شد پرداختیم در این بخش به اعتبارسنجی مدل و ارزیابی عملکرد آن می‌پردازیم.

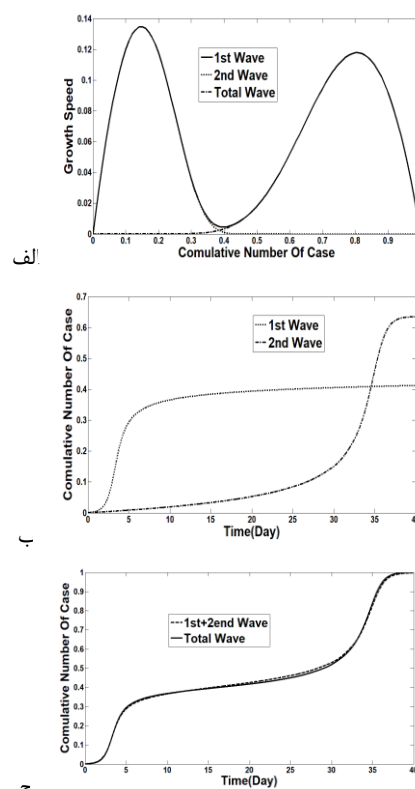
۳-۱- اعتبار سنجی مدل در حالت تک موجی و مقایسه آن با مدل ریچاردز.

مدل ریچاردز، یک مدل رشد سیگموییدی تک موجی با نقطه‌ی عطف انعطاف‌پذیر و محدود است. معادله‌ی دیفرانسیل مربوط به پروفایل سرعت این مدل، به‌همراه بیان موقعیت نقطه‌ی عطف آن، در حالت نرمال‌سازی‌شده در رابطه‌ی (۳-۱) ارائه شده است [۳].

$$\dot{P} = rP(1 - P^n) \quad , \quad P_{inf} = \left(\frac{1}{n+1}\right)^{\frac{1}{n}} \quad (3-1)$$

که $(r \text{ و } n) > 0$ پارامترهای مدل می‌باشند و در تعیین مکان نقطه‌ی عطف و نرخ رشد نقش دارند. روشن است که در حالت خاص $n = 1$ ، مدل ریچاردز همان مدل لاجستیک خواهد بود. اگر $n < 1$ باشد، نقطه‌ی عطف مدل در سمت چپ $P = 0.5$

(موج اول و دوم) را فراهم می‌آورد؛ بدین ترتیب، در صورت دسترسی به داده‌های پروفایل سرعت یک پدیده دو موجی، می‌توان منحنی‌های رشد هر موج را به صورت مستقل بازسازی نمود. این در حالی است که مدل‌های دولاجستیکی رایج فاقد این تفکیک بوده و مدل‌سازی آن‌ها بر پایه زمان صورت می‌گیرد. در نهایت، بررسی‌ها نشان می‌دهند که عملکرد بازسازی مدل ما در شرایطی که اندازه سرعت در نقطه چرخشی کمتر باشد، به نحو بهتری انجام می‌پذیرد. شکل (۲-۵)، نمونه‌ای از یک پروفایل سرعت دوموجی برای مدل پیشنهادی به همراه تفکیک امواج اول و دوم را نشان می‌دهد. در این شکل همچنین منحنی رشد زمانی هر موج به‌طور مستقل محاسبه شده و سپس با یکدیگر جمع شده و منحنی حاصل با منحنی رشد زمانی متناظر با پروفایل سرعت دوموجی مقایسه شده است. همان‌طور که دیده می‌شود، منحنی رشد حاصل از تجمیع امواج اول و دوم، از نظر کیفی با منحنی رشد مدل دوموجی، تطابق و بازسازی مناسب دارد.



شکل (۲-۵-الف)- نمونه‌ای از پروفایل سرعت دو موجی مدل ما به همراه تفکیک امواج اول و دوم آن، (ب) منحنی رشد زمانی موج اول و دوم بطور تفکیک شده، (ج) منحنی رشد زمانی مدل ما در حالت دو موجی در مقایسه با تجمیع منحنی‌های رشد زمانی موج اول و دوم. مدل ما اشکالات مدل‌های دولاجستیکی کلاسیک را ندارد. توضیح بیشتر در متن.



شبیه سازی مدل ریچاردز، نقاط عطف پایین تر را نیز شبیه سازی نماید. لازم به ذکر است که ارزیابی و مقایسه ی بالا را با چندین مدل تک موجی متداول مانند گومپرتز و سبزویشان [۱] نیز انجام داده ایم که برای طولانی نشدن مقاله از ذکر نتایج آن خود داری می نماییم.

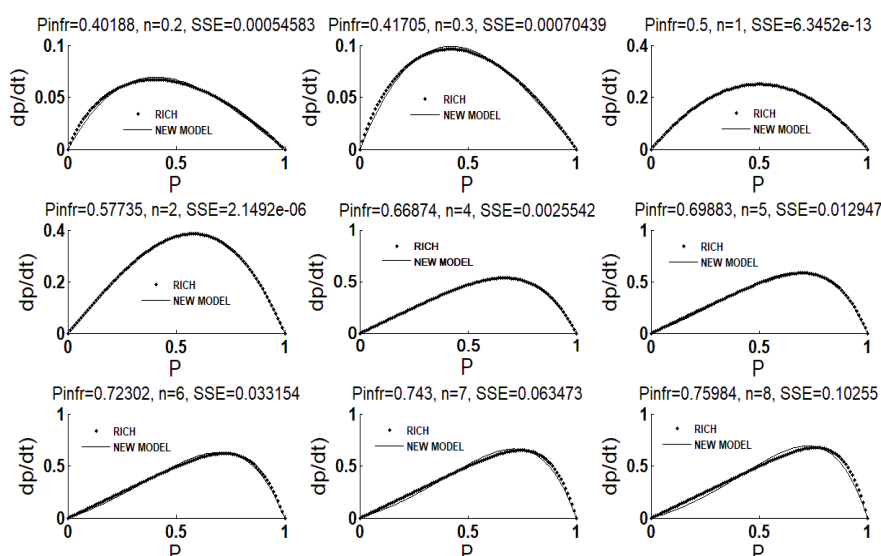
جدول (۱-۳)- پارامترها و نتایج آماری برازش مدل جدید در حالت تک موجی بر داده های مدل ریچاردز						
منحنی	a_1	b_1	r	SSE	R^2	AIC
۱	۰.۱۵۴	۰.۸۹۲	۰.۰۵۶	۴.۲۱۲	۰.۹۸۳	۵.۲۹۸
۲	۰.۲۲۱	۱.۰۱۵	۰.۰۶۸	۶.۸۷۳	۰.۹۷۱	۷.۸۴۵
۳	۰.۳۰۹	۱.۱۴۴	۰.۰۷۹	۳.۱۰۰	۰.۹۹۱	۳.۸۲۱
۴	۰.۱۸۸	۰.۹۵۰	۰.۰۶۱	۵.۵۸۸	۰.۹۷۸	۶.۷۴۳
۵	۰.۴۱۰	۱.۲۵۰	۰.۰۹۲	۲.۷۹۰	۰.۹۹۳	۳.۵۱۴
۶	۰.۲۵۵	۱.۰۸۰	۰.۰۷۲	۷.۱۴۶	۰.۹۶۹	۸.۱۲۰
۷	۰.۳۵۲	۱.۱۹۸	۰.۰۸۵	۴.۰۱۱	۰.۹۸۵	۵.۰۹۷
۸	۰.۱۱۰	۰.۷۸۵	۰.۰۴۹	۹.۲۳۵	۰.۹۵۸	۱۰.۲۵۸
۹	۰.۴۵۰	۱.۳۱۰	۰.۱۰۱	۲.۱۶۰	۰.۹۹۵	۲.۹۴۷

قرار می گیرد، و در صورتی که $n > 1$ باشد، این نقطه در سمت راست $P = 0.5$ ظاهر می شود.

در جدول (۱-۳) پارامترها و نتایج آماری برازش مدل جدید در حالت تک موجی بر داده های مدل ریچاردز و در شکل (۳-۱) منحنی های حاصل از برازش پروفایل سرعت مدل جدید در حالت تک موجی بر داده های پروفایل سرعت مدل ریچاردز به ازای مقادیر گوناگونی از n و نرخ رشد $r = 1$ آمده است. (شماره منحنی های برازش شده، از بالا به پایین (از چپ به راست) به ترتیب از ۱ تا ۹ در نظر گرفته شده است) با توجه به پارامترها، نتایج آماری و شکل منحنی ها:

- مدل ما در حالت تک موجی همخوانی بسیار بالا با مدل ریچاردز دارد.
- مقادیر بالای R^2 و پایین بودن میانگین AIC نشان می دهد مدل، هم از نظر دقت و هم از نظر سادگی قابل اعتماد است.

در حالی که حد پایین نقطه ی عطف در مدل ریچاردز برابر با $(\frac{1}{e})$ است، مدل ما چنین محدودیتی را ندارد و می تواند علاوه بر



شکل (۱-۳)- برازش مدل پیشنهادی ما در حالت تک موجی بر روی داده های مدل ریچاردز. مقدار پارامتر n در هر شکل نوشته شده است. مدل ما به خوبی دینامیک ریچاردز را شبیه سازی می کند.

دو موجی را مجموع دو موج مستقل که بایکدیگر جمع شده اند می پندارند که در واقع چنین نیست، بعلاوه در این مدل ها نمی توان بدرستی پایان موج اول و شروع موج دوم را تعیین کرد و در عمل موج اول و دوم همپوشانی هایی با هم دارند. مدلی که ما در این تحقیق پیشنهاد نموده ایم از دیدگاهی با توجه به معادلات (۲-۲) در دسته ی مدل هایی با مجموع دو موج قرار می گیرد، اما همانطوری که در بخش های قبلی دیدیم انعطاف

۲-۳- اعتبار سنجی مدل در حالت دو موجی و مقایسه ی آن با مدل های دولاجستیکی و دو ریچاردزی

بررسی های ما نشان می دهد که تاکنون روش متداول برای شبیه سازی اپیدمی های دو موجی استفاده از مدل هایی مانند دو لاجیستیکی [۹] یا دو ریچاردزی است [۱۰]. در حالی که این مدل ها سازگاری و توجیه پذیری بیولوژیکی ندارند. ناسازگاری این مدل ها با بیولوژی اپیدمی از این نظر است که یک اپیدمی

در نسخه‌ی نرمال‌سازی شده‌ی مدل دو ریچاردزی، شرط $K_1 + K_2 = 1$ برقرار است. مدل دو لاجستیکی همانطور که در رابطه (۳-۴) مشاهده می‌شود حالت خاصی از مدل دوریچاردزی و به ازای $h_1, h_2 = 1$ می‌باشد.

$$P(t) = \frac{K_1}{(1 + \exp(\frac{t_{infr1} - t}{k_{r1}}))} + \frac{K_2}{(1 + \exp(\frac{t_{infr2} - t}{k_{r2}}))} \quad (۴-۳)$$

شکل‌های (۲-۳) و (۳-۳)، منحنی‌های برازش مدل ما بر نمونه داده‌های تولید شده با مدل‌های دو ریچاردزی و دولاجستیکی را نشان می‌دهند و در جدول‌های (۲-۳) و (۳-۳) نتایج آماری حاصل از برازش آن‌ها آمده است.

پذیری بیشتری در تنظیم محل امواج دارد. در این بخش مدل خودمان را با مدل‌هایی هم خانواده بنام مدل دو لاجستیکی [۹] و دوریچاردزی [۱۰] مقایسه می‌نماییم.

روابط (۲-۳) و (۳-۳) به ترتیب فرم‌های عمومی مدل ریچاردز و مدل دو ریچاردزی را نشان می‌دهند.

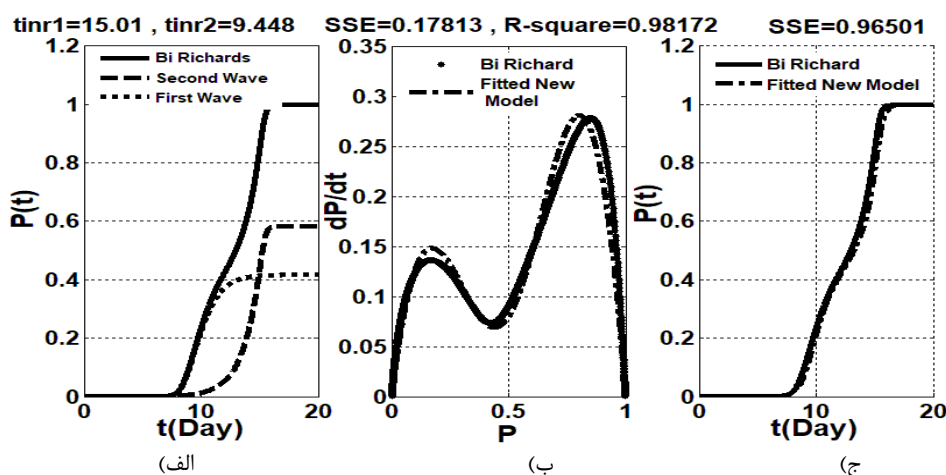
$$P(t) = \frac{K_1}{(1 + h_1 \cdot \exp(h_1 (\frac{t_{infr1} - t}{k_{r1}}))^{\frac{1}{h_1}})} \quad (۲-۳)$$

$$P(t) = \frac{K_1}{(1 + h_1 \cdot \exp(h_1 (\frac{t_{infr1} - t}{k_{r1}}))^{\frac{1}{h_1}})} + \frac{K_2}{(1 + h_2 \cdot \exp(h_2 (\frac{t_{infr2} - t}{k_{r2}}))^{\frac{1}{h_2}})} \quad (۳-۳)$$

K: ظرفیت حمل، t_{infr} : زمان رسیدن موج به نقطه عطف، k_r : نرخ رشد.

پارامترهای مدل نمونه دو ریچاردزی			
$kr_1 = 1.404$	$t_{infr1} = 15.01$	$K_1 = .5822$	$h_1 = 7.508$
$kr_2 = .00041$	$t_{infr2} = 9.448$	$K_2 = .4171$	$h_2 = .0003481$

پارامترهای مدل دو موجی ما				
$r = 5.2671$	$a_1 = 2.8094$	$a_2 = -3.4868$	$b_1 = 3.3043e - 10$	$b_2 = 0.8271$



شکل (۲-۳)-الف) داده‌های رشد زمانی دو موج مجزا و مجموع آن‌ها (مدل دو ریچاردزی)، ب) داده‌های پروفایل سرعت مدل دوریچاردزی شکل الف و برازش شده‌ی مدل ما بر آن. ج) مقایسه‌ی رشد زمانی مدل ما با مدل دوریچاردزی. در حالی که مدل ما تعداد پارامترهای کمتری نسبت به مدل دو ریچاردزی دارد به خوبی دینامیک دو موجی سیستم دو ریچاردزی را شبیه‌سازی می‌کند.

مدل توجیه می‌شود. خطای پیش‌بینی (RMSE) در حد 0.0146، حاکی از دقت بالا در تخمین مقادیر است. از منظر انتخاب مدل، مقدار بسیار منفی AIC (-25263.114) نشان‌دهنده برازش بسیار قوی مدل بر داده‌های مشاهده‌شده است.

همانند مدل دوریچاردزی، نتایج آماری حاصل از برازش مدل ما بر روی نمونه داده‌های رشد زمانی مدل دولاجستیکی (مشاهده

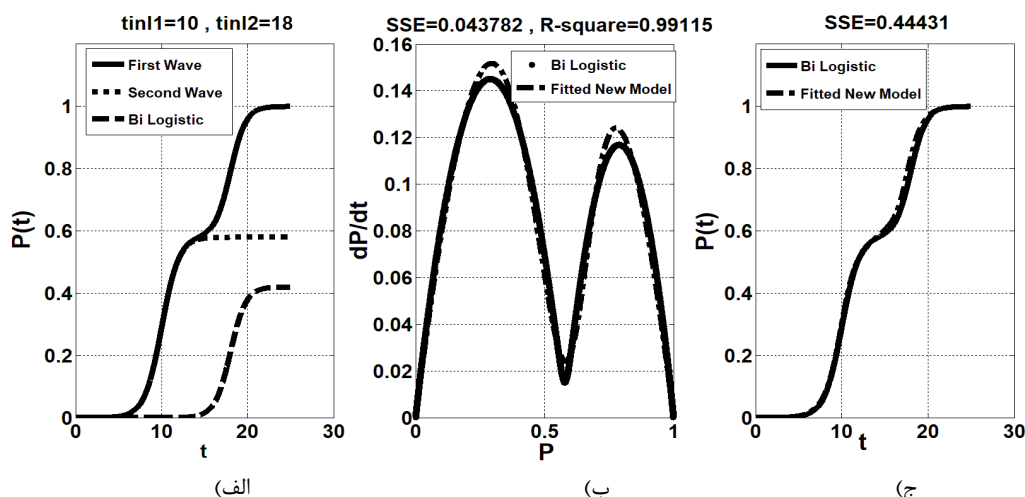
با توجه به شکل (۲-۳) و جدول (۲-۳) نتایج آماری حاصل از برازش مدل جدید بر روی داده‌های رشد زمانی مدل دو ریچاردزی به وضوح نشان می‌دهند که مدل ما، با استفاده از پنج پارامتر، توانسته است ساختار داده‌های مدل دوریچاردزی با ۸ پارامتر را به شکلی بسیار مؤثر مدل‌سازی کند. R^2 نزدیک به ۱ نشان‌دهنده قدرت شبیه‌سازی خوب مدل است، به طوری که تقریباً تمام واریانس مشاهده شده در متغیر وابسته توسط

جدول (۳-۲) - نتایج برازش مدل جدید بر نمونه داده های رشد زمانی مدل دوریچاردزی		
تفسیر	مقدار محاسبه شده	معیار برازش
مجموع مربعات خطا (داده ورودی)	۰.۲	SSE
ریشه میانگین مربع خطا	۰.۰۱۴۶	RMSE
ضریب تعیین	۰.۹۹۸۷	R-Square
انتخاب مدل (بهینه)	-۲۵۲۶۳.۱۱۴	AIC

شده در شکل (۳-۳) و جدول (۳-۳) به وضوح نشان می دهد که مدل پیشنهادی ما، با بهره گیری از پنج پارامتر، عملکردی استثنایی در تبیین و پیش بینی داده ها از خود به نمایش گذاشته است؛ ضریب تعیین نزدیک به یک، حاکی از توانایی تبیین بسیار بالای مدل است. علاوه بر این، خطای پیش بینی (محاسبه شده از طریق $RMSE \approx 0.0133$) بسیار پایین بوده، و مقدار منفی چشمگیر معیار اطلاعات آکائیکه ($-21612.21 \approx AIC$) نیز بر برازش بهینه مدل تأکید می کند.

پارامترهای مدل نمونه دو لاجستیکی		
$k_{j1} = 1$	$t_{infl1} = 10$	$K_1 = .58$
$k_{j2} = 9$	$t_{infl2} = 18$	$K_2 = .42$

پارامترهای مدل دو موجی ما				
$r = 5.2671$	$a_1 = 8.6287$	$a_2 = -13.2173$	$b_1 = 0.4676$	$b_2 = 0.6703$



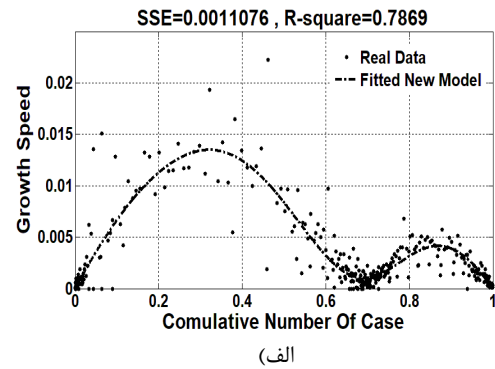
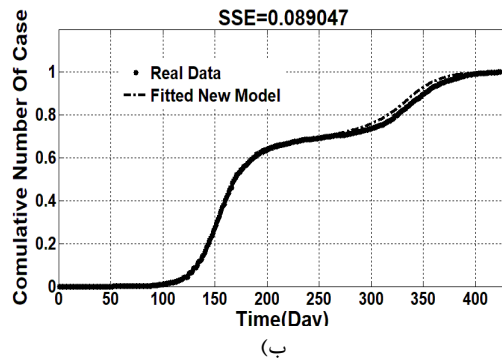
شکل (۳-۳) - الف) داده های رشد زمانی دو موج مجزا و مجموع آنها (مدل دو لاجستیکی)، ب) داده های پروفایل سرعت مدل دولاجستیکی شکل الف و برازش شده ی مدل ما بر آن. ج) مقایسه ی رشد زمانی مدل ما با مدل دولاجستیکی. در حالی که مدل ما تعداد پارامترهای کمتری نسبت به مدل دو لاجستیکی دارد به خوبی دینامیک دو موجی سیستم دو لاجستیکی را شبیه سازی می کند.

۳-۲- اعتبار سنجی مدل با داده های واقعی اپیدمی کووید ۱۹ و بیماری سارس

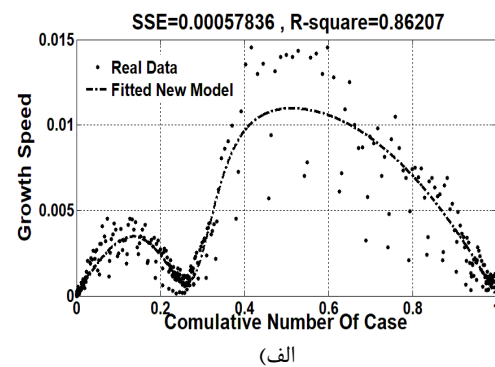
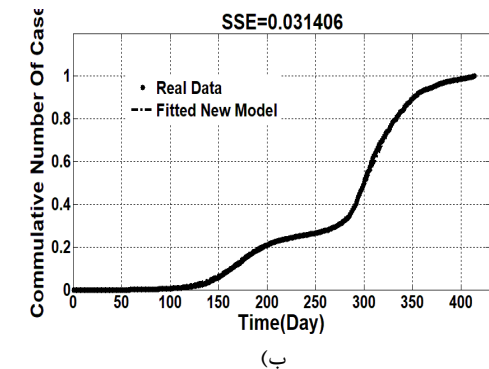
در این بخش مدل خود را با استفاده از داده های واقعی کووید-۱۹ در ایران و چند کشور دیگر و همچنین داده های شیوع بیماری سارس در کشور سنگاپور ارزیابی و اعتبار سنجی می کنیم [۱۶، ۱۷].

همانگونه که در ادامه مشاهده می کنید نتایج حاصل از برازش در شکل های (۳-۴) تا (۳-۱۰) و پارامترها و معیارهای آماری برازش در جدول (۳-۴) ارایه شده است.

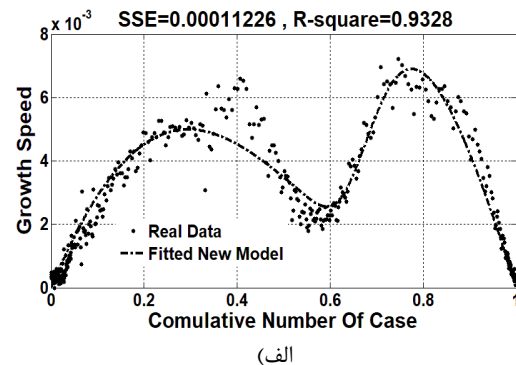
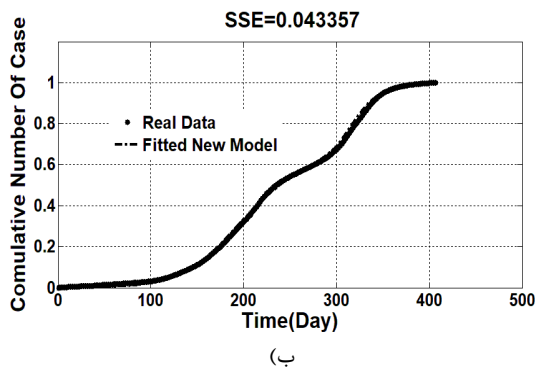
جدول (۳-۳) - نتایج برازش مدل جدید بر روی نمونه داده های رشد زمانی مدل دولاجستیکی		
تفسیر	مقدار محاسبه شده	معیار برازش
مجموع مربعات خطا	۰.۴۴	SSE
ریشه میانگین مربع خطا	۰.۰۱۳۳	RMSE
ضریب تعیین	۰.۹۹۸۸	R-Square
انتخاب مدل (بهینه)	-۲۱۶۱۲.۲۱	AIC



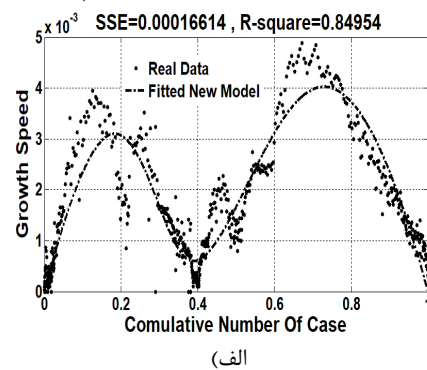
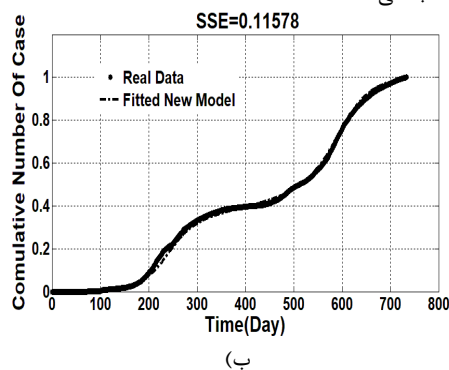
شکل (۳-۴)- برازش مدل ما بر روی داده های رشد دو موجی افراد مبتلا به بیماری کووید ۱۹ در کشور افغانستان (شروع: ۰۱/۰۳/۲۰۲۰؛ پایان: ۳/۱/۲۰۲۱) (۱۵-الف) پروفایل سرعت (ب) رشد تجمعی



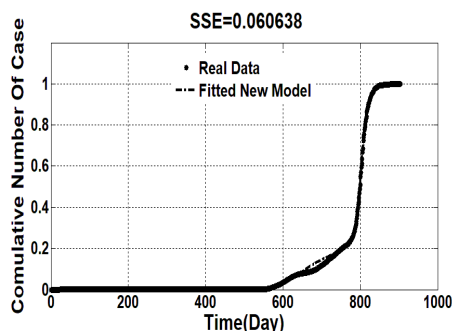
شکل (۳-۵)- برازش مدل ما بر روی داده های رشد دو موجی افراد مبتلا به بیماری کووید ۱۹ در کشور ارمنستان (شروع: ۰۱/۰۳/۲۰۲۰؛ پایان: ۲/۲۰/۲۰۲۱) (۱۵-الف) پروفایل سرعت (ب) رشد تجمعی



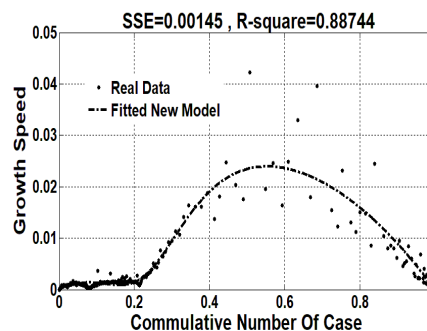
شکل (۳-۶)- برازش مدل ما بر روی داده های رشد دو موجی افراد مبتلا به بیماری کووید ۱۹ در کشور کانادا (شروع: ۰۶/۱۰/۲۰۲۰؛ پایان: ۰۷/۲۱/۲۰۲۱) (۱۵-الف) پروفایل سرعت (ب) رشد تجمعی



شکل (۳-۷)- برازش مدل ما بر روی داده های رشد دو موجی افراد مبتلا به بیماری کووید ۱۹ در کشور ازبکستان (شروع: ۰۱/۰۳/۲۰۲۰؛ پایان: ۱۲/۰۵/۲۰۲۱) (۱۵-الف) پروفایل سرعت (ب) رشد تجمعی

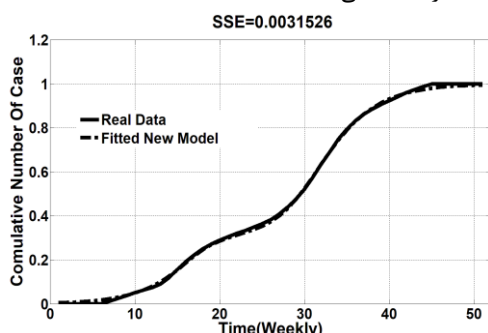


(ب)

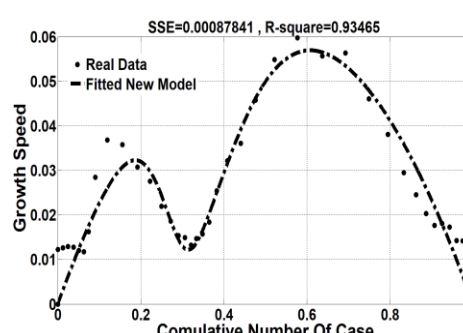


(الف)

شکل (۸-۳)- برازش مدل ما بر روی داده های رشد دو موجی افراد مبتلا به بیماری کووید ۱۹ در کشور ویتنام (شروع: ۰۱/۰۳/۲۰۲۰؛ پایان: ۰۶/۱۳/۲۰۲۱) (الف) پروفایل سرعت (ب) رشد تجمعی

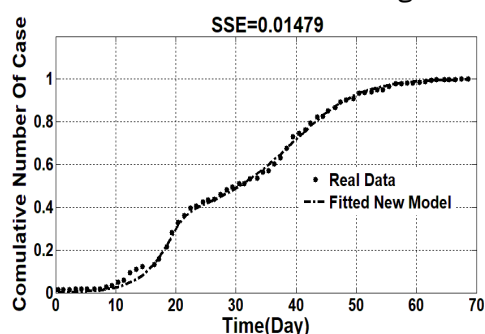


(ب)

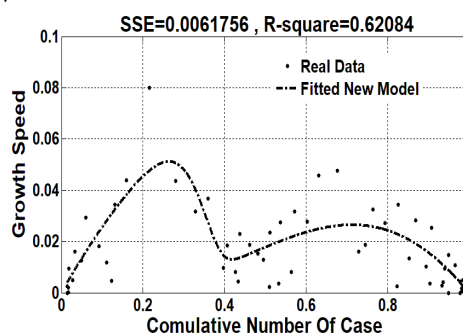


(الف)

شکل (۹-۳)- برازش مدل ما بر روی داده های رشد دو موجی افراد مبتلا به بیماری کووید ۱۹ در کشور ایران (شروع: ۲/۲۱/۲۰۲۱؛ پایان: ۱۱/۱۴/۲۰۲۱) (الف) پروفایل سرعت (ب) رشد تجمعی



(ب)



(الف)

شکل (۱۰-۳)- برازش مدل ما بر روی داده های رشد دو موجی افراد مبتلا به بیماری سارس در سنگاپور (شروع: ۰۲/۲۵/۲۰۰۳؛ پایان: ۰۵/۱/۲۰۰۳) (الف) پروفایل سرعت (ب) رشد تجمعی

جدول (۴-۳)- پارامترها و نتایج آماری برازش مدل جدید ما بر داده های رشد زمانی (تجمعی) بیماری کووید ۱۹ در برخی کشورها									
کشور	a_1	a_2	b_1	b_2	r	SSE	RMSE	R^2	AIC
افغانستان	۰.۰۷۶۹۶	۰.۸۳۶۴	۰.۵۲۵۳	۸.۶۸۷	۷.۴۳۵	۰.۰۸۹	۰.۰۱۴۵	۰.۹۹۸۵	-۳۵۷۸.۸۴
ارمنستان	۰.۳۱۰۲	۰.۱۹۵۱	۲۶.۶	۱۵.۴۴	۰.۰۴۴۱۱	۰.۰۳۱۴	۰.۰۰۸۷	۰.۹۹۹۴	-۳۹۲۴.۲۴
کانادا	۰.۶۸۹۵	۰.۴۲۱۷	۱۴.۴	۲.۷۶۶	۰.۰۴۸۴۶	۰.۰۴۳۳	۰.۰۱۰۳	۰.۹۹۹۲	-۳۷۱۳.۶۴
ازبکستان	۰.۵۷۲۱	۰.۲۷۱۱	-۵.۸۰۷	۱۰.۸۶	۰.۰۳۰۴۵	۰.۱۱۵۷۸	۰.۰۱۲۶	۰.۹۹۸۴	-۶۴۱۶.۷۸
ویتنام	۰.۲۸۲۴	۰.۵۵-۵.۱۲	-۱۲.۲۵	۶.۷۱۸	۰.۱۰۰۳	۰.۰۶۰۶۳۹	۰.۰۰۸۲	۰.۹۹۹۲	-۸۶۷۶.۵۹
ایران	۰.۳۷۲۶	۰.۲۶۳۶	-۱۰.۴۱	۲۰.۶۶	۰.۲۶۰۴	۰.۰۰۳۱۵۲۶	۰.۰۰۷۹	۰.۹۹۹۶	-۴۸۴۳.۳۴
سنگاپور	۰.۶۱۸۲	۰.۳۵۰۶	-۲.۷۰۷	۲۲.۴۳	۰.۲۸۰۲	۰.۰۱۴۷۹	۰.۰۱۴۷	۰.۹۹۸۴	-۵۶۳۶.۳۸

ارایه دادیم در خانواده‌ی مدل‌های دولاجستیکی (یا دو ریچادزی) می‌گنجد با این تفاوت که قابل تنظیم بوده و با اپیدمیولوژی سازگاری دارد. یعنی در عین حال بگونه‌ی ضمنی دارای سه نیروی محرکه بوده و می‌تواند با فرمالیزم $\dot{P} = F(P)$ بیان شود که از این نظر با بیولوژی اپیدمی سازگارتر است.

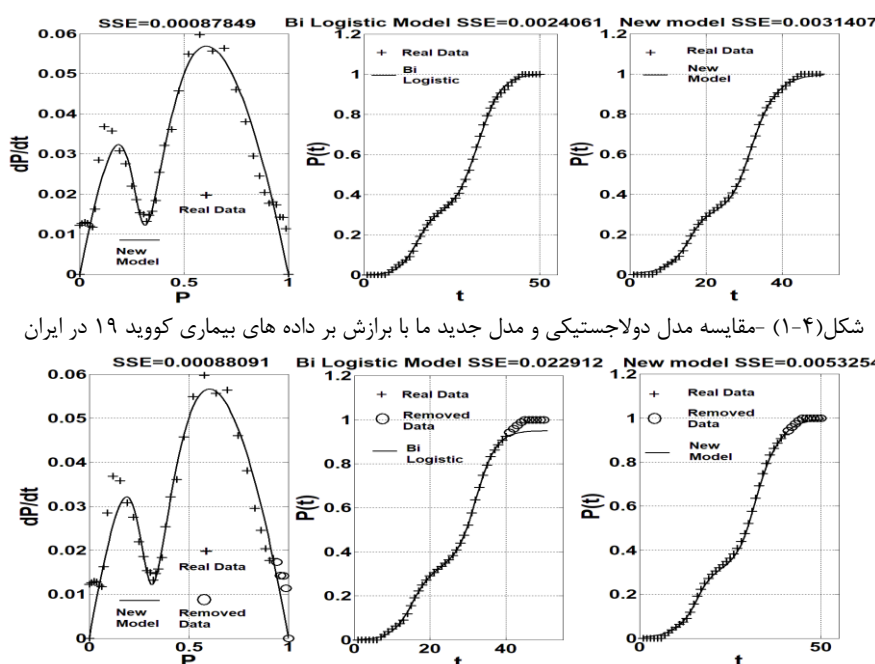
با توجه به نتایج اعتبار سنجی مدل ما، می‌توان از آن برای پیش‌بینی روند رشد و انجام اقدامات اجتماعی و بیمارستانی برای مقابله با موج دوم استفاده نمود. در ادامه در شکل (۴-۱) مدل دولاجستیکی و مدل ما بر داده‌های نرمالایز شده بیماری کووید ۱۹ در ایران برازش شده است. همانطور که دیده می‌شود مدل ما با تعداد پارامتر کمتری نسبت به مدل دولاجستیکی (۵ در برابر ۶) توانسته است با خطای SSE کمتری داده‌های ایران را دنبال کند. در شکل‌های (۴-۲) و (۴-۳) برای ارزیابی مدل خودمان در پیش‌بینی آینده‌ی اپیدمی، از داده‌های پایانی نمونه رشد در ایران، در دو مرحله، یکبار ۱۰ مشاهده و بار دیگر ۲۰ مشاهده را حذف کرده و نتایج حاصل از برازش مدل خود و مدل دولاجستیکی و نحوه پیش‌بینی آن‌ها از روند رشد را بررسی کرده ایم. همانطور که مشاهده می‌شود در هر دو حالت مدل ما توانسته است با خطای SSE کمتری نسبت به مدل دولاجستیکی هم از نظر کیفی و هم از نظر کمی روند آینده رشد را خوب دنبال کند. در حالی که در هر دو حالت مدل دولاجستیکی انتهای رشد را زودتر از موعد و در مقدار کمتری تشخیص داده است.

با توجه به نتایج به دست آمده در شکل‌ها و جدول بالا، عملکرد مدل بر روی تمام کشورها خوب است، معیار R^2 در همه موارد بالای ۰.۹۹۸ می‌باشد که نشان دهنده توانایی مدل در توضیح واریانس داده‌های تجمعی است. با این حال، ارزیابی دقیق‌تر بر اساس معیارهای تفکیک شده، نتایج زیر را به همراه دارد:

- دقت پیش‌بینی (بر اساس RMSE): ایران با کمترین RMSE (۰.۰۰۷۹) و کمترین مجموع مربعات خطا (SSE)، دقیق‌ترین برازش لحظه‌ای را ارائه داده است. این نشان می‌دهد که خطای میانگین پیش‌بینی مدل در مقایسه با داده‌های مشاهده شده برای ایران حداقل بوده است.
- بهینگی آماری مدل (بر اساس AIC): معیار AIC که پیچیدگی و تناسب مدل را با هم می‌سنجد، نشان می‌دهد که داده‌های ویتنام با مقدار -۸۶۷۶.۵۹ (بهترین مقدار منفی) سازگاری آماری بالاتری با ساختار مدل استفاده شده دارند. با توجه به نتایج بدست آمده، توانایی مدل در باز تولید سناریو-های پیچیده موجی، تاییدی بر اعتبار ساختار ریاضی مدل است که با استفاده از ابزارهای محاسباتی در MATLAB پیاده سازی شده است. این نتایج، مدل را برای استفاده در سناریوهای پیش‌بینی و ارزیابی تأثیر مداخلات آتی مناسب می‌سازد.

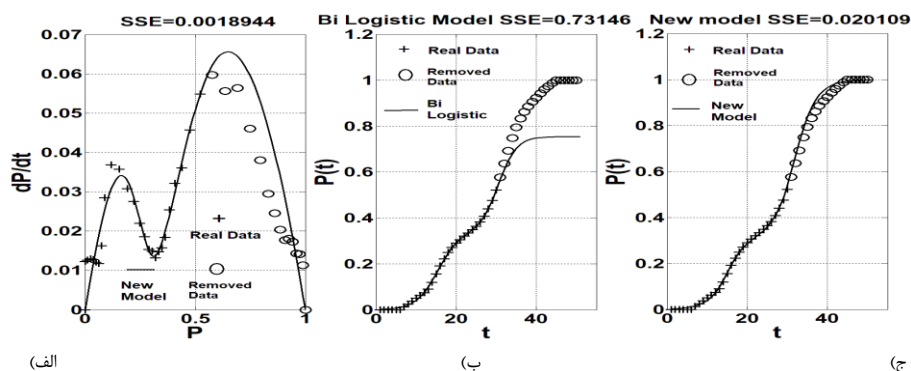
۴- بحث

در این تحقیق یک مدل رشد زیستی برای اپیدمی که می‌تواند بصورت تک موجی یا دو موجی تنظیم شود پیشنهاد شد. مدل ارائه شده با توجه به ساختاری که در بخش‌های قبلی برای آن



شکل (۴-۱) -مقایسه مدل دولاجستیکی و مدل جدید ما با برازش بر داده‌های بیماری کووید ۱۹ در ایران

شکل (۴-۲) -مقایسه پیش‌بینی روند رشد بیماری کووید ۱۹ در ایران توسط مدل دولاجستیکی و مدل جدید ما (۱۰ مشاهده آخر از انتهای رشد حذف شده است)



شکل (۳-۴) - مقایسه ی پیش بینی روند رشد بیماری کووید ۱۹ در ایران توسط مدل دولاجستیکی و مدل جدید ما (۲۰ مشاهده آخر از انتهای رشد حذف شده است)

یافته (منحنی سیگموییدی و صعودی) می باشد و N مجموع هر سه جمعیت (جمعیت کل) می باشد یعنی:

$$S(t) + I(t) + R(t) = N \quad (۵-۴)$$

پارامتر β نرخ انتقال بیماری را مشخص می کند و نشان می دهد که در هر واحد زمان، چه تعداد تماس مؤثر بین افراد آلوده و حساس رخ می دهد که منجر به انتقال بیماری می شود و پارامتر γ نرخ بهبودی (یا حذف از چرخه انتقال، مثل ایزولاسیون یا فوت) را نشان می دهد. این پارامتر بیان می کند که چه کسری از افراد آلوده، در هر واحد زمان از وضعیت «آلوده» خارج می شوند.

در اینجا مدل را به صورت نرمالایز در نظر گرفته و مقدار $N = 1$ قرار می دهیم. اگر در یک اپیدمی با توجه به داده های موجود رابطه $\frac{dR}{dt} = F(R)$ برقرار باشد و γ را یک عدد ثابت و مشخصی در نظر بگیریم (این عدد با توجه به اینکه وابسته به ویژگی های بیماری، اثربخشی درمان، و پاسخ سیستم ایمنی بدن است برخلاف β ، بیشتر یک داده بیمارستانی است از این رو تخمین آن ساده تر و قابل دسترسی می باشد و نسبت به زمان به سرعت تغییر نمی کند) آنگاه خواهیم داشت:

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I(t) = F(R) \rightarrow I(t) = \frac{1}{\gamma} F(R) \quad (۶-۴)$$

$$S(t) + I(t) + R(t) = 1 \rightarrow S(t) = 1 - R(t) - \frac{1}{\gamma} F(R) \quad (۷-۴)$$

$$R_e = -\frac{dS(t)}{dR(t)} = \left(1 + \frac{1}{\gamma} \frac{dF(R)}{dR}\right) = \left(1 + \frac{1}{\gamma} F'\right) \quad (۸-۴)$$

با توجه به روابط مطرح شده، در صورتی که بتوان تابع $F(R)$ را به گونه ای تعریف کرد که داده های مربوط به سرعت رشد افراد بهبود یافته $\left(\frac{dR}{dt}\right)$ را با دقت مناسبی برازش کند، امکان تخمین

هنگام وقوع اپیدمی یکی از چالش های پیش روی مسئولین بهداشتی این است که آیا اپیدمی به هر حال فروکش می کند یا خیر؟ در چنین مواردی برآورد عدد تکثیر مؤثر^{۱۵} $R_e(t)$ ؛ می تواند کمک کننده باشد. در یک اپیدمی $R_e(t)$ نشان دهنده ی میانگین تعداد افرادی است که در زمان t توسط یک فرد آلوده، آلوده می شوند. عدد تکثیر مؤثر را می توان با حاصل ضرب عدد تکثیر پایه (R_0) و کسری از جمعیت مستعد ابتلا^{۱۶} (S) برای هر موج تخمین زد. بنابراین:

$$R_e(t) = R_0 \cdot S(t) = -\frac{dS(t)}{dR(t)} \quad (۱-۴)$$

اگر عدد تکثیر مؤثر بزرگتر از ۱ باشد، شیوع بیماری افزایشی خواهد بود و اگر مساوی ۱ باشد اپیدمی در وضعیت پایدار و متعادل باقی می ماند و در صورتی که کوچکتر از یک باشد، تعداد مبتلایان با زمان کاهش یافته اپیدمی رو به خاموشی می رود. محاسبه و پیش بینی مقدار این عدد به مقامات و مسئولین بهداشتی جامعه کمک می کند تا تصمیمات بهتری در مورد کنترل شیوع بیماری ها اتخاذ کنند. در اینجا بحث می کنیم که آیا مدل ما به عنوان یک تابع کمکی در مدل پایه یقینی همه گیری بخشی SIR [۱۸] می تواند استفاده شود؟

مدل SIR^{۱۷} از سه معادله دیفرانسیل معمولی زیر تشکیل شده است:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N} SI \quad (۲-۴)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N} SI - \gamma I \quad (۳-۴)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (۴-۴)$$

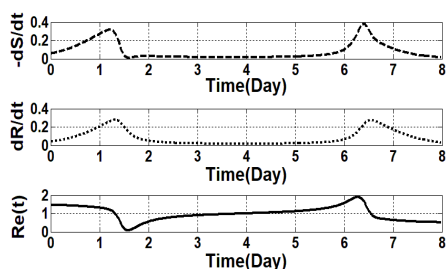
در این معادلات $S(t)$ ؛ جمعیت مستعد (منحنی سیگموییدی و نزولی)، $I(t)$ ؛ افراد آلوده (منحنی قله ای) و $R(t)$ افراد بهبود

¹⁷ Susceptible-Infected-Recovered

¹⁵
¹⁶

می‌توان مقدار عدد تکثیر مؤثر R_e را در طول زمان محاسبه کرد. این قابلیت، یکی از کاربردهای مهم مدل پیشنهادی در تحلیل و کنترل شیوع اپیدمی‌ها به‌ویژه در شرایط دوموجی محسوب می‌شود.

در شکل (۴-۴) نمونه‌ای از یک مدل SIR برای یک پدیده دو موجی را نشان می‌دهد که در آن $\frac{dR}{dt} = F(R)$ معادل با پروفایل سرعت مدل ما و γ یک عدد ثابت در نظر گرفته شده‌است. همانطور که دیده می‌شود، در صورتیکه آماری از داده‌های مربوط به رشد افراد بهبود یافته و γ را داشته باشیم می‌توانیم منحنی‌های $S(t)$, $I(t)$, و $R(t)$ را تخمین بزنیم که دست‌آورد مهمی در پیش‌بینی منحنی رشد اپیدمی در پدیده‌ای دو موجی می‌باشد.

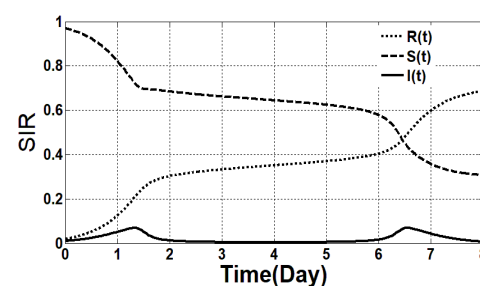


(ب)

مقدار عدد تکثیر مؤثر R_e فراهم خواهد شد. در پدیده‌های تک‌موجی، تابع $R(t)$ معمولاً شکلی سیگموییدی دارد و می‌توان با استفاده از مدل‌های پایه معرفی‌شده (لاجستیک، ریچاردز،...)، و بر اساس بهترین برازش انجام شده، مقدار R_e را استخراج کرد.

اما از آن‌جا که مدل‌های پایه و کلاسیکی که برای پدیده‌های تک‌موجی استفاده می‌شوند، قابلیت نمایش رابطه $\frac{dR}{dt} = F(R)$ را در پدیده‌های دوموجی ندارند، استفاده از آن‌ها در این شرایط با محدودیت مواجه است. با این حال، با توجه به اعتبارسنجی انجام‌شده برای مدل پیشنهادی و نتایج به‌دست‌آمده، می‌توان از این مدل برای پدیده‌های دوموجی بهره برد.

در این روش، با برازش مدل ما بر روی داده‌های واقعی پروفایل سرعت رشد و تعیین پارامترهای آن، با استفاده از رابطه (۴-۸)



(الف)

شکل (۴-۴) یک مدل نمونه SIR برای یک پدیده دو موجی (با فرض مشخص بودن مقدار γ و سرعت رشد افراد بهبود یافته، قابلیت نمایش به صورت $\frac{dR}{dt} = F(R)$ را داشته و مدل ما در حالت دو موجی می‌تواند پویایی آن را دنبال کند) (الف) تخمین منحنی رشد جمعی افراد مستعد $S(t)$ ، تخمین منحنی رشد روزانه افراد مبتلا $I(t)$ ، تخمین منحنی رشد جمعی افراد بهبود یافته $R(t)$ با توجه به داده‌های اولیه. (ب) تخمین منحنی سرعت رشد منفی افراد مستعد $-\frac{dS}{dt}$ ، تخمین منحنی سرعت رشد افراد بهبود یافته $\left(\frac{dR}{dt}\right)$ (استفاده از مدل ما در حالت دوموجی)، منحنی رشد عدد تکثیر مؤثر $R_e(t) = -\frac{dS(t)}{dR(t)}$

سازی اپیدمی های دو موجی ارایه کردیم. نشان دادیم که مدل ارایه شده در عین سازگاری می تواند مدل های ارایه شده ی قبلی را نیز پوشش دهد. همچنین نشان دادیم که مدل پیشنهادی نسبت به مدل دولاجستیکی معمولی، با تعداد داده های کمتری می تواند زمان موج دوم را پیشبینی نماید یعنی دینامیک اپیدمی دو موجی را بهتر دنبال می کند.

۴- منابع

- [1] Sabzpoushan, S.H., 2020. A flexible nonlinear model for simulating growth systems. *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation*, 82, p.105009.
- [2] Kucharavy, D. and De Guio, R., 2015. Application of logistic growth curve. *Procedia engineering*, 131, pp.280-290.
- [3] Birch, C.P., 1999. A new generalized logistic sigmoid growth equation compared with the Richards growth equation. *Annals of botany*, 83(6), pp.713-723.
- [4] Conde-Gutiérrez, R.A., Colorado, D. and Hernández-Bautista, S.L., 2021. Comparison of an artificial neural network and Gompertz model for predicting the dynamics of deaths from COVID-19 in México. *Nonlinear Dynamics*, 104(4), pp.4655-4669.
- [5] Karkach, A.S., 2006. Trajectories and models of individual growth. *Demographic research*, 15, pp.347-400.
- [6] Fadzail, N.F., Zali, S.M. and Che Mid, E., 2025. Double Sigmoid Activation Function for Fault Detection in Wind Turbine Generator using Artificial Neural Network. *Iranian Journal of Electrical & Electronic Engineering*, 21(2).
- [7] Koori, N., Miyati, T., Ohno, N., Kawashima, H. and Nishikawa, H., 2022. Sigmoid model analysis of breast dynamic contrast-enhanced MRI: Distinguishing between benign and malignant breast masses and breast cancer subtype prediction. *Journal of Applied Clinical Medical Physics*, 23(6), p.e13651.
- [8] Raeside, R., 1988. The use of sigmoids in modelling and forecasting human populations. *Journal of the Royal Statistical Society Series A: Statistics in Society*, 151(3), pp.499-513.
- [9] Meyer, P., 1994. Bi-logistic growth. *Technological forecasting and social change*, 47(1), pp.89-102.
- [10] Hsieh, Y.H., 2009. Richards model: a simple procedure for real-time prediction of outbreak severity. In *Modeling and dynamics of infectious diseases* (pp. 216-236). squamous cell carcinoma. *Clinical Cancer Research*, 7(5), pp.1419-1428.
- [11] Lavrova, A.I., Postnikov, E.B., Manicheva, O.A. and Vishnevsky, B.I., 2017. Bi-logistic model for disease dynamics caused by Mycobacterium tuberculosis in Russia. *Royal Society open science*, 4(9), p.171033.
- [12] Oporum, C.C., Nwanyanwu, C.E., Nwogu, N.A., Nwaneri, C.B. and Ebulue, M.M., 2023. Harnessing the bio-stimulatory properties of heavy metals in improving biogas yield from agro-wastes: Two-phase logistic modeling of diauxic response. *Afr J Biotech*, 22(5), pp.85-95.
- [13] Büyüktaktakın, İ.E., Kılış, E.Y., Cobuloglu, H.I., Houseman, G.R. and Lampe, J.T., 2015. An age-structured bio-economic model of invasive species management: insights and strategies for optimal control. *Biological invasions*, 17(9), pp.2545-2563.
- [14] Sabzpoushan, S.H. and Nozadmakvandi, D., 2024. A New Bimodal Growth Speed Model With Application in Multiwave Epidemic Simulations. *BioMed Research International*, 2024(1), p.8351034.
- [15] WHO, C.O., 2020. World health organization. *Air Quality Guidelines for Europe*, (91).inducing apoptosis. *Cancer research*, 53(18), pp.4129-4133.
- [16] Ma, Z., Zhou, Y. and Wu, J., 2009. *Modeling and dynamics of infectious diseases* (Vol. 11). World Scientific.
- [17] Dill, K.A. and Agozzino, L., 2021. Driving forces in the origins of life. *Open biology*, 11(2), p.200324.
- [18] De la Sen, M. and Ibeas, A., 2020. On an Sir Epidemic Model for the COVID-19 Pandemic and the Logistic Equation. *Discrete Dynamics in Nature and Society*, 2020(1), p.1382870.

در شکل (۴-۴) عدد تکثیر مؤثر نشان می دهد که هر فرد آلوده، به طور متوسط چند نفر دیگر را می تواند آلوده کند. در آغاز، مقدار $R_e(t)$ بیش از ۱ است که نشان دهنده آغاز و گسترش اپیدمی است. با گذشت زمان و کاهش افراد مستعد، مقدار آن کاهش می یابد. در حدود روزهای ۵ تا ۶، افزایش دوباره در $R_e(t)$ دیده می شود که با شروع موج دوم بیماری هم زمان است. در نهایت، عدد تکثیر مؤثر به زیر ۱ می رسد که بیانگر مهار و کنترل اپیدمی است.

افزودن یک نیروی محرکه به مدل لاجستیکی، اگرچه امکان شبیه سازی دو موجی را به مدل اضافه نموده و با بیولوژی اپیدمی سازگارتر است، اما از طرفی حل تحلیلی آن را با پیچیدگی هایی مواجه می سازد. یکی از پیشنهادات برای تحقیقات آینده می تواند کار بر روی حل تحلیلی مدل پیشنهادی و یا پیدا کردن راه های میانبر برای حل آن است. در مدل پیشنهادی حاضر دو نیروی محرکه ی اولیه را لاجستیک فرض نمودیم یعنی؛ $f_1 f_2 = P(1 - P)$ ، در تحقیقات آینده می توان طرح های دیگری از این خانواده مانند گمپرتز یا ریچاردز را بررسی نمود. گسترش مدل از حالت دو موجی به چند-موجی^{۱۸} بعنوان زمینه ی تحقیقاتی مستقلی برای آینده پیشنهاد می گردد.

۵- جمع بندی و نتیجه گیری

مدل سازی امواج اپیدمی می تواند به مسئولین بهداشتی بسیار کمک کننده بوده و جان انسان ها را نجات دهد. اگر چه برای مدل سازی اپیدمی های تک موجی مدل های کلاسیک از خانواده ی مدل های لاجستیکی (سیگموئیدی) وجود دارد، اما مدل سازی اپیدمی های دو موجی و چند موجی همچنان موضوعی چالش برانگیز در اپیدمیولوژی است. اپیدمیولوژی امروزه وقوع موج را مرتبط با رفتارهای فرهنگی – اجتماعی و محیطی می داند، که با تغییر یا کنترل این رفتارها زمان وقوع و تعداد امواج تغییر می کند. بر این اساس، مدل های سازگار با اپیدمیولوژی باید نیرو یا نیروهای محرکه ای به نمایندگی از رفتارهای فرهنگی – اجتماعی و محیطی در خود داشته باشند. در این تحقیق یک مدل جدید سازگار با اپیدمیولوژی برای شبیه