

## بررسی زمان انقراض فرایند همه گیر لوژستیک تصادفی

زهره فلاح محسن خانی<sup>۱</sup>

### چکیده

در این مقاله برای فرایند همه گیر لوژستیک تصادفی روی جامعه ای همگن و بسته فرمول مجانبی ارائه می شود، همچنین تنها پارامتر موجود در فرمول مجانبی ارائه شده با استفاده از روش ماکسیمم درستمایی برآورد می شود.

### ۱ مقدمه

استفاده از فرایند زاد و مرگ برای بررسی بیماریهای اپیدمی (همه گیر) اولین بار به وسیله ویس و دیشون<sup>۲</sup> انجام شد [۵]. ولی گسترش واقعی آن توسط نوردن<sup>۳</sup> انجام گرفت که آن را به عنوان یک مدل لوژستیک تصادفی شرح داد [۴]. در سال (۱۹۹۳) سیمون و ژاکنس<sup>۴</sup> مطالعاتی را که از ابتدا پیرامون این مدل انجام شده بود، گردآوری و به صورت خلاصه ای مفید منتشر کردند [۳]. در سال ۱۹۹۸ اندرسون و جهیج<sup>۵</sup> [۲] میانگین زمان انقراض یک بیماری همه گیر را در حالت مجانبی برای مدل لوژستیک تصادفی، وقتی نرخ تکثیر بیماری بزرگتر از یک است، ارائه کردند. در این مقاله فرمول مجانبی اندرسون و جهیج را معرفی نموده و تنها پارامتر

موجود در این فرمول به وسیله روش ماکسیمم درستمایی برآورد می شود.

### ۲ فرایند همه گیر لوژستیک تصادفی

یک جمعیت بسته، شامل  $n$  فرد مستعد دریافت بیماری را که در کنار یکدیگر زندگی می کنند در نظر بگیرید. فرض کنید در زمان  $t=0$ ،  $a_n$  فرد بیمار باشند. فرض کنید دوره درمان بیماری هر فرد از توزیع نمایی با پارامتر ۱، تبعیت می کند و در طول این زمان، فرد، بیماری را به افراد مستعد بیماری، با فرایند پواسون، با نسبت  $\lambda/n$  ( $\lambda > 0$ ) سرایت می دهد. هر فرد بیمار پس از دوره بیماری، دوباره مستعد دریافت بیماری است. و نسبت به آن مصونیت پیدا نمی کند (به چنین مدلی، مدل SIS<sup>۶</sup> گفته

<sup>۱</sup> عضو پژوهشکده آمار ایران

<sup>۲</sup> Weiss and Dishon

<sup>۳</sup> Norden

<sup>۴</sup> Jaquez and Simon

<sup>۵</sup> Anderson and Djehiche

<sup>۶</sup> Susceptible Infective Susceptible

می شود).

شکل  $\{X(t); Y(t), 0 \leq t \leq \infty\}$  در نظر گرفت که در آن  $X(t)$  تعداد بیماری در لحظه  $t$  و  $Y(t)$  تعداد افراد مستعد بیماری در لحظه  $t$  هستند.

### ۱-۳ تابع ماکسیمم درستنمایی برای فرایند شمارشی

یک بردار  $N(t) = (N_1(t), \dots, N_k(t))$  از فرایند شمارشی را در نظر بگیرید، به طوری که مؤلفه  $N_i(t)$  تعداد دفعاتی را که یک واقعه معین تا زمان  $t$  رخ می دهد، می شمارد. فرض کنید احتمال این که چنین واقعه ای در بازه  $[t, t+h]$  رخ دهد، به صورت زیر تعریف شود (به [۱] نگاه کنید):

$$P[N_i(t+h) - N_i(t) = 1 \mid \mathcal{H}_t] = h\lambda_i(t) + o(h)$$

$$; i = 1, \dots, k$$

$$P[N(t+h) - N(t) = 0 \mid \mathcal{H}_t] = 1 - h \sum_i \lambda_i(t) + o(h)$$

که  $\lambda_i(t)$ ، تابع انتقال، به گونه ای است که  $\lambda_i(t) \in \mathcal{H}_t$  و  $t \geq 0$  یک فیلتر از  $\sigma$ -میدانها می باشد. روابط بالا نشان می دهد که  $\lambda$  را آنقدر کوچک در نظر گرفته ایم که فقط یکی از  $k$  واقعه بتواند رخ دهد، حال به یافتن برآورد ماکسیمم درستنمایی برای این فرایند می پردازیم. فاصله  $(0, u)$  را به صورت  $\Delta t$  های بسیار کوچک در نظر می گیریم به طوریکه  $\Delta t = [t, t+h]$  و  $\Delta N_i(t) = N_i(t+h) - N_i(t)$  و باشد که در فاصله زمانی بسیار کوچک  $h$  رخ می دهند. پس احتمال مشاهدات به صورت زیر است:

$$\prod_{\Delta t \in (0, u)} \left\{ \prod_i (h\lambda_i(t))^{\Delta N_i(t)} \times (1 - h \sum_i \lambda_i(t))^{1 - \sum_i \Delta N_i(t)} + o(h) \right\}$$

در رابطه بالا هر چه  $h$  به صفر نزدیکتر شود، تعداد عاملها زیادتر می شود ولی جز تعدادی که در آنها جهش رخ می دهد

فرض می کنیم دوره بیماری و تعداد افرادی که مبتلا می شوند از هم مستقل اند، اگر  $X_n(t)$  تعداد افراد سرایت دهنده بیماری در زمان  $t$  روی فضای  $S_n = 0, \dots, n$  با زمان انقراض  $\tau_n = \inf\{t \geq 0; X_n(t) = 0\}$  و احتمالات تولد و مرگ به صورت زیر باشد:

$$P(X_n(t+h) = i+1 \mid X_n(t) = i) =$$

$$\frac{\lambda}{n} i(n-i)dt + o(dt),$$

$$P(X_n(t+h) = i-1 \mid X_n(t) = i) = idt + o(dt),$$

آنگاه فرایند  $\{X_n(t); t \geq 0\}$  را فرایند همه گیر لوژستیک تصادفی می گویند.

اندروسون و جیچ فرمول مجانبی برای میانگین زمان انقراض فرایند همه گیر لوژستیک تصادفی ارائه کردند که به صورت زیر است:

با فرض آنکه  $\lambda > 1$ ، وقتی  $n \rightarrow \infty$  و  $\frac{a_n}{n} \rightarrow \bar{a} > 0$ ،

در این صورت  $E(\tau_n) \sim \sqrt{\frac{2\pi}{n}} \frac{\lambda}{(1-\lambda)^2} e^{n\bar{v}}$  که در آن

$$\bar{v} = \log \lambda - 1 + \frac{1}{\lambda} > 0 \text{ است [۲].}$$

### ۳ برآورد پارامتر $\lambda$

در این بخش نشان می دهیم که بر پایه داده های مشاهده شده می توان پارامتر انتقال ( $\lambda$ ) را در فرایند مذکور، با استفاده از روش ماکسیمم درستنمایی برآورد کرد. در این جا فرض می کنیم که فرایند مذکور در یک فاصله زمانی مشخص، به طور کامل مشاهده شده، یعنی زمان بیماری هر فرد و زمانی که طول می کشد تا بیماری را به فرد مستعد دیگری انتقال دهد مشاهده نموده ایم. برای افرادی که به بیماری مبتلا نشده اند زمان بیماری را  $(\infty)$  و طول بیماری را  $(0)$  تعریف می کنیم. در هر لحظه با استفاده از داده ها، تعداد افراد مستعد بیماری و تعداد افراد بیمار را می توان به صورت برداری، به

با استفاده از آزمون مشتق دوم، برآورد ماکسیمم درستنمایی  $\lambda$  به صورت زیر خواهد بود:

$$\hat{\lambda} = \frac{N_1(u)}{\int_0^u \bar{X}(t)Y(t)dt}$$

#### ۴ کاربرد

این بخش را به بیان کاربرد میانگین زمان انقراض فرایند مورد اشاره، همچنین مشکلاتی که در عمل با آن مواجه هستیم اختصاص می دهیم.

اولین کاربرد این مقاله به دست آوردن میانگین زمان انقراض یک بیماری همه گیر در جامعه ای همگن است. البته همان طور که در بخش دوم بیان شد بیماری باید قابل علاج بوده، بیمار بعد از اتمام دوره بیماری، دوباره مستعد بیماری شود. نحوه سرایت بیماری باید فرد به فرد باشد، یعنی فرد مستعد، بیماری را فقط از فرد بیمار دریافت کند. به عبارتی برای بیماریهایی که غیر از فرد بیمار، عوامل دیگر مانند آب آلوده، غذای فاسد و... در شیوع بیماری مؤثرند، نمی توان از مدل مورد بحث استفاده کرد.

بعد از مشورت با اپیدمیولوژیست ها به این نتیجه رسیدیم که بعضی از بیماریهای تقاربی، با مفروضات این مدل سازگار است. به عنوان مثال سوزاک، از جمله بیماریهایی است که تقریباً تمامی مفروضات این مدل را داراست ولی عملاً دست یافتن به داده های قابل اعتماد برای این گونه بیماریها، میسر نیست.

کاربرد دیگر این مقاله در مبحث جامعه شناسی است. میانگین زمان انقراض یک خبر را در یک جامعه همگن با کمک فرمولهای ارائه شده می توان به دست آورد. اینجا منظور از فرد مستعد فردی است که از خبر آگاه نیست، سرایت دهنده معادل است با فرد آگاه از خبر و منظور از اپیدمی، شیوع خبر در جامعه است. در این مورد نیز فراهم کردن مفروضات لازم (مفروضات بخش ۲) به راحتی میسر نیست.

مابقی در محاسبات در نظر گرفته نمی شوند، یعنی تعداد عاملهایی که  $\sum_i \Delta N_i(t)$  در آن یک است متناهی است.

حال رابطه بالا را بر  $h$  به توان تعداد جهشهای مشاهده شده تقسیم می کنیم و  $h$  را به سمت صفر میل داده و از رابطه به دست آمده لگاریتم می گیریم:

$$\begin{aligned} l_u(N_i; 0 \leq t \leq u) &= \log \left( \prod_{\Delta t} \left( \prod_i (\lambda_i(t))^{\Delta N_i(t)} (1 - h \sum_i \lambda_i(t))^{1 - \sum_i \Delta N_i(t)} \right) \right) \\ &= \sum_i \int \log \lambda_i(t) dN_i(t) - \lambda_i(t) dt \end{aligned}$$

#### ۲-۳ برآورد ماکسیمم درستنمایی برای مدل SIS

فرض کنید که مشاهدات مدل همه گیر SIS تا زمان  $u$  در دسترس است. یعنی زمان بیماری و زمانی را که طول می کشد تا بیماری انتقال یابد، تا زمان  $u$  مشاهده کرده ایم. تا بیماری  $N_1(t) = n - X(t)$  یک فرایند شمارشی است که تعداد بیماریهایی را که در فاصله  $(0, t]$  اتفاق افتاده، می شمارد،  $(X(0) = n)$ . با توجه به نتایج بخش قبل و تعریف فرایند همه گیر لوزستیک تصادفی، داریم:

$$\begin{aligned} l_u(\lambda, F; 0 \leq t \leq u) &= \int_0^u \log \left( \frac{\lambda}{n} X(t) Y(t) \right) dN_1(t) - \frac{\lambda}{n} X(t) Y(t) dt \\ \frac{\partial l_u(\lambda, F)}{\partial \lambda} &= \frac{\partial}{\partial \lambda} \int_0^u \log \left( \frac{\lambda}{n} X(t) Y(t) \right) dN_1(t) - \frac{\lambda}{n} X(t) Y(t) dt \\ &= \frac{N_1(u)}{\lambda} - \int_0^u \frac{X(t)}{n} Y(t) dt \end{aligned}$$

## مراجع

- [1] Andersson, H. A., Britton, T., (1999), *Stochastic Epidemic Models Explored with Modern Probability Techniques and Statistical Tools*, (preliminary draft).
  - [2] Andersson, H. A., Djehiche, B. O., (1998), *A Threshold Limit Theorem for the Stochastic Logistic Epidemic*, Appl. Prob., 35, 662-670.
  - [3] Jabez, J. A., Simon, C. P., (1993), *The Stochastic SI Model with Recruitment and Deaths Comparisons with the Closed SIS Model*, Math. Biosci., 117, 77-125.
  - [4] Norden, R. H., (1982), *On the Distribution of the Time to Extinction in the Stochastic Logistic Population Model*, Appl. Prob., 14, 687-708.
  - [5] Weiss, G. W., Dishon, J., (1971), *On the Asymptotic Behavior of the Stochastic and Deterministic Models of an Epidemic*, Math. Biosci., 11, 261-265.
-