



Modeling of the Propagation of Coronavirus by Using Markov Chains Method

M. Rahimdel¹, M. M. Kamyabi^{2*}, H. Eghbali², M. J. Rahimdel³

1- M. Sc. Student of Chemical Engineering, Vali-e-Asr University of Rafsanjan

2- Assistant Professor of Chemical Engineering, Vali-e-Asr University of Rafsanjan

3- Assistant Professor of Mining Engineering, University of Birjand

Email: mm.kamyabi@vru.ac.ir

Abstract

In recent years, Covid-19 disease, as a contagious disease with high spreading power, has had very destructive effects on human societies. Therefore, it is necessary to investigate how it is spread and transmitted. The aim of the current research is to estimate the probability of transmission of the coronavirus and to predict its spread using the random method of Markov chains. For this purpose, the spread of the coronavirus in France, England, Germany, Iran and Nigeria has been modeled. According to the results, the highest probability of transmission of this virus is related to France, which has decreased rapidly over time. In addition, the cases predicted in 2021 for England, Germany and Iran are 1.2%, 1.8% and 0.7% different from the reported values, respectively. These results show the effectiveness of the proposed model in predicting the number of people infected with the coronavirus.

Received: 4 December 2022

Accepted: 27 February 2023

Page Number: 65-77

Keywords:

Epidemiology,
Covid-19,
Probability of
Transmission,
Markov Chain

Please Cite this Article Using:

Rahimdel, M., Kamyabi, M. M., Eghbali, H., & Rahimdel, M. J. (2024). Modeling of the Propagation of Coronavirus by Using Markov Chains Method. *Iranian Chemical Engineering Journal*, 22(131), 65-77, [In Persian].



مدل سازی انتشار ویروس کرونا با استفاده از روش زنجیره های مارکوف

محبوبه رحیم دل^۱، محمد مهدی کامیابی^{۲*}، حدیث اقبالی^۲، محمد جواد رحیم دل^۳

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد مهندسی شیمی، دانشکده فنی و مهندسی، دانشگاه ولی عصر (عج) رفسنجان

۲- استادیار مهندسی شیمی، دانشکده فنی و مهندسی، دانشگاه ولی عصر (عج) رفسنجان

۳- استادیار مهندسی معدن، پردیس مهندسی، دانشگاه بیرجند

پیام نگار: mm.kamyabi@vru.ac.ir

چکیده

در سال های اخیر بیماری کووید-۱۹ به عنوان یک بیماری مسری با قدرت انتشار بالا اثرات بسیار مخربی بر جوامع انسانی داشته است. از این رو، بررسی نحوه انتشار و انتقال آن ضرورت دارد. هدف از پژوهش حاضر، تخمین احتمال انتقال ویروس کرونا و پیش بینی سرایت آن با استفاده از روش تصادفی زنجیره های مارکوف است. برای این منظور به مدل سازی انتشار ویروس کرونا در کشورهای فرانسه، انگلستان، آلمان، ایران و نیجریه پرداخته شده است. باتوجه به نتایج، بیشترین احتمال انتقال این ویروس مربوط به کشور فرانسه است که با گذشت زمان به سرعت کاهش یافته است. علاوه بر این، موارد ابتلای پیش بینی شده در سال ۲۰۲۱ برای کشورهای انگلیس، آلمان و ایران به ترتیب به اندازه ۱/۲، ۱/۸ و ۰/۷ درصد با مقادیر گزارش شده، اختلاف دارد. این نتایج بیانگر کارایی مدل پیشنهادی در پیش بینی تعداد افراد مبتلا به ویروس کروناست.

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۹/۱۳

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۲/۰۸

شماره صفحات: ۶۵ تا ۷۷

کلیدواژه ها:

همه گیرشناسی،

کووید-۱۹،

احتمال انتقال،

زنجیره مارکوف

* رفسنجان، دانشگاه ولی عصر (عج)، دانشکده فنی و مهندسی

استناد به مقاله:

رحیم دل، محبوبه، کامیابی، محمد مهدی، اقبالی، حدیث، و رحیم دل، محمد جواد. (۱۴۰۲). مدل سازی انتشار ویروس کرونا با استفاده از روش زنجیره های مارکوف، نشریه مهندسی شیمی ایران، ۲۲(۱۳۱)، ۶۵-۷۷.

۱. مقدمه

ویروس کرونا برای اولین بار در نوامبر سال ۲۰۱۹ و در بازار غذاهای دریایی شهر ووهان در چین مشاهده شد. در حال حاضر تمام کشورهای جهان با این ویروس درگیر هستند. نامگذاری بیماری ناشی از این ویروس به‌عنوان کووید-۱۹ را سازمان بهداشت جهانی در فوریه سال ۲۰۲۰ انجام داد [۱]. در ژانویه ۲۰۲۰ نخستین مورد مبتلا به بیماری کووید-۱۹ در اروپا و فرانسه شناسایی و تأیید شد. به‌تدریج موارد متعددی از این بیماری در فرانسه ظاهر و تعداد مرگ‌ومیر ناشی از این بیماری به‌طور چشم‌گیری افزایش یافت. خانواده کرونا-ویروس‌ها در انسان، پستانداران و پرندگان از نظر ژنوتیپی^۲ و سرولوژی^۳ با چهار نوع آلفا، بتا، گاما و دلتا شناسایی می‌شوند [۲]. این بیماری یک نوع سندرم تنفسی حاد با عامل ویروسی از خانواده بتا^۴ و بسیار مسری است؛ به‌طوری‌که، کسانی که به این بیماری مبتلا می‌شوند با احتمال بسیار بالایی دچار عفونت‌های تنفسی یا عوارضی می‌شوند که حتی می‌تواند منجر به مرگ آن‌ها شود. این عفونت می‌تواند از راه تماس با قطرات بزاق فرد آلوده هنگام سرفه یا عطسه و حتی هنگام صحبت کردن به دیگران انتقال یابد [۱].

در سال‌های اخیر موارد اضطراری و غیر معمولی، بهداشت عمومی را به‌طور مکرر تهدید کرده‌است که از آن جمله می‌توان به سندرم تنفسی شدید (سارس)^۵ در سال ۲۰۰۳، ویروس H₁N₁ یا آنفلوآنزای نوع A در سال ۲۰۰۹، ویروس ابولا^۶ در سال ۲۰۱۴ و سندرم تنفسی خاورمیانه ویروس کرونا (مرس)^۷ در سال ۲۰۱۲ و همه‌گیری جدید ویروس کرونا یا بیماری کووید-۱۹ در سال ۲۰۱۹ اشاره کرد [۲]. براساس مطالعات سال ۱۹۶۵ بر روی ویروس کرونا، این ویروس توانایی آلوده کردن انسان و حیوان و هم‌چنین انتقال از حیوان به انسان و یا برعکس را دارد. با مطالعه‌ای که بر روی ویروس سارس انجام گرفته بود، مشخص شد که خفاش‌ها توانایی حمل انواع مختلف ویروس‌های کرونا را دارند که می‌تواند انسان‌ها را نیز آلوده کند [۳]. به‌طور معمول، هنگامی که این ویروس‌ها برای نخستین بار

جامعه انسانی را آلوده می‌کنند، هیچ درمان یا واکسنی برای مقابله با آن‌ها وجود ندارد؛ در نتیجه می‌تواند تلفات بسیار زیادی را ایجاد کند به‌ویژه در اولین گروهی که به این ویروس‌ها مبتلا می‌شوند [۴]. مطالعه این بیماری‌ها به‌منظور پیش‌بینی و مهار و درمان آن‌ها اهمیت بسیاری دارد [۵].

بیماری کووید-۱۹ با توجه به سرعت انتشار بسیار بالا و ویژگی مهارناپذیری، جهان را با بحرانی بسیار جدی روبه‌رو کرد. این بحران هرچند در ظاهر ماهیتی پزشکی و مرتبط با نظام سلامت دارد؛ اما یک پدیده چندوجهی و بسیار گسترده است که اثرات آن را در حوزه‌های مختلف از جمله اجتماعی، اقتصادی، فرهنگی و سیاسی می‌توان مشاهده کرد [۶]. از این رو، بررسی شدت و نحوه سرایت، احتمال انتقال از افراد آلوده و نیز پیش‌بینی مدت زمان انتقال و بهبود افراد ضرورت دارد. پیش‌بینی روند انتشار ویروس کمک چشم‌گیری به طراحی و ارائه برنامه‌های مناسب برای کنترل همه‌گیری، تصمیم‌گیری و راهکارهای عملی برای مقابله با این نوع از بیماری‌ها دارد. انتشار ویروس می‌تواند به‌روش‌های تصادفی، غیرتصادفی و الگوریتم‌های فراابتکاری پیش‌بینی شود. تاکنون روش‌های مختلفی برای پیش‌بینی رفتار و نحوه انتقال بیماری‌ها ارائه شده‌است. علاوه بر این، مدل‌سازی‌های گوناگونی برای درک بهتر شیوع بیماری‌های عفونی که به صورت همه‌گیر در می‌آیند، وجود دارد. در سال‌های گذشته، تلاش‌های بسیاری به‌منظور مدل‌سازی و تحلیل رفتار بیماری‌های مسری و تصمیم‌گیری در زمان وقوع و گسترش همه‌گیری‌ها انجام گرفته است. از جمله اولین مطالعات می‌توان به مدل‌سازی‌های راس^۸ [۷] برای مالاریا در سال ۱۹۱۰ و مدل‌های همه‌گیری عمومی کرماک و مکندریک^۹ [۸] در سال ۱۹۲۷ اشاره کرد. ابزارهای ریاضی استفاده‌شده در این مطالعات برای بررسی بیماری‌های عفونی، توجه بسیاری از دانشمندان را-به‌منظور استفاده از مدل‌سازی‌های ریاضی در تحلیل بیماری‌های مسری- به خود جلب کرد. اغلب مدل‌های ارائه‌شده قادر به تخمین احتمال انتقال ویروس برای جوامع آماری بزرگ نبوده‌اند. علاوه بر این، مدل‌های همه‌گیرشناسی ارائه‌شده، امکان پیش‌بینی و تخمین زمان انتقال ویروس را در بازه‌های زمانی مجزا نداشته‌اند. در سال‌های اخیر و با توجه به ماهیت تصادفی چنین بیماری‌هایی، استفاده از روش‌های

1. COVID-19
2. Genotype
3. Serology
4. Coronavirus- β
5. Severe Acute Respiratory Syndrome
6. Ebola
7. Mers

8. Ross
9. Kermak and Mckendrick

تصادفی، نظیر زنجیره‌های مارکوف، در بررسی همه‌گیری ویروس‌ها مرکز توجه قرار گرفت. از جمله این تحقیقات می‌توان به پژوهش یاسوبی^۱ و همکاران [۹] در سال ۲۰۱۲ اشاره کرد. در این پژوهش چگونگی شیوع همه‌گیری در جمعیت‌های نسبتاً بزرگ با فضای حالت محدود و با در نظر گرفتن دقت و زمان محاسباتی بررسی شد. کریستوفر^۲ و همکاران [۱۰] در سال ۲۰۲۰ به ارائه یک مدل‌سازی ریاضی به منظور تحلیل شیوع همه‌گیری کووید-۱۹ پرداختند. در حقیقت در این تحقیق، همه‌گیری کووید-۱۹ با ارائه مجموعه‌ای از مدل‌های آماری و ریاضی بررسی شد. از زمان شروع همه‌گیری کووید-۱۹، کاربرد روش تصادفی زنجیره مارکوف برای بررسی شیوع همه‌گیری‌ها توسعه زیادی پیدا کرد. از جمله این مطالعات می‌توان به پژوهش رومئو^۳ [۱۱] در ۲۰۲۰ اشاره کرد. در این تحقیق، وضعیت فرد مبتلا به کووید-۱۹ از بخش مراقبت‌های ویژه^۴ تا زمان مرگ با استفاده از زنجیره مارکوف مدل‌سازی شد. در این مدل‌سازی تصادفی، با در نظر گرفتن یک فضای حالت سه عضوی در شروع بیماری و سپس اضافه کردن حالت‌های بیشتر برای احتمال مرگ فرد بیمار، زمان مورد انتظار برای مرگ بیمار بررسی شد. مارتینز^۵ [۱۱] در سال ۲۰۲۱ بر اساس یک مدل زنجیره پنهان مارکوف زمان گسسته، تقریب مناسبی را برای تکامل همه‌گیری کرونا در کشور مکزیک ارائه کرد. در این تحقیق تلاش شد تا با پیش‌بینی تعداد موارد فوت و بهبود یافته، امکان ارائه دستورالعمل‌های مناسب برای مدیریت دوران پس از قرنطینه ایجاد شود. اچماد^۶ و همکارانش [۱۲] در سال ۲۰۲۱ در پژوهشی با عنوان پیش‌بینی بلندمدت شیوع کووید-۱۹ به تجزیه و تحلیل موارد روازنه مبتلا به ویروس کرونا در سراسر جهان با استفاده از روش زنجیره‌های مارکوف پرداختند. در تحقیق یادشده، به پیش‌بینی احتمال آلودگی افراد به ویروس کرونا در یک بازه زمانی مشخص و نیز در درازمدت پرداخته شد. آکای و بارباستائینس^۷ [۱۳] در سال ۲۰۲۰ از روش مارکوف و یک مدل مستعد-ابتلا-فوت^۸ تقویت شده با در نظر گرفتن حالت قرنطینه برای افراد مبتلا به منظور تحلیل همه‌گیری کرونا پرداختند. در این

پژوهش، با در نظر گرفتن این حقیقت که مناطق مختلف، شیوع همه‌گیری را به گونه‌های متفاوتی تجربه می‌کنند، به بررسی تأثیر تراکم جمعیت افراد مستعد، تعداد آزمون‌های تشخیصی روزانه و نیز فاصله‌گذاری‌های اجتماعی بر گسترش همه‌گیری کووید-۱۹ پرداخته شد. در تحقیقی دیگر، شعبانی و شهنازی [۱۴]، با بهره‌گیری از روش زنجیره‌های مارکوف، تأثیر کشورهای همسایه را بر کنترل همه‌گیری کووید-۱۹ در ۴۰ کشور آسیایی بررسی کردند. با توجه به نتایج این تحقیق و با در نظر گرفتن سیاست‌های موجود، امکان حذف کامل این همه‌گیری وجود ندارد و باید به دنبال راه‌حلی منطقی و جهانی بود.

هدف از پژوهش حاضر، بررسی احتمال انتقال ویروس کرونا و پیش‌بینی آن با استفاده از روش زنجیره‌های مارکوف است. از این رو، در گام اول داده‌های مربوط به موارد ابتلا و مرگ‌ومیر در کشور فرانسه به عنوان یکی از اولین کشورهای مواجه با همه‌گیری بیماری کووید ۱۹ که داده‌های منظم و قابل اتکای روزانه را ارائه می‌کرد، در سال‌های ۲۰۲۰ و ۲۰۲۱ بررسی و تحلیل شد. برای این منظور، ابتدا با در نظر گرفتن حالت‌های ممکن برای افراد، مدل زنجیره مارکوف برای تحلیل انتقال بیماری در حالت‌های مختلف تشکیل و بررسی شد. در نهایت، با حل معادلات ریاضی حاکم بر مدل، احتمال انتقال و پایایی بیماری در گام‌های زمانی مجزا تعیین و تحلیل شد. علاوه بر این، به بررسی رفتار این بیماری در کشورهای ایران، انگلستان، آلمان و نیز نیجریه پرداخته و نتایج، بررسی و تحلیل شد. با توجه به نتایج این تحقیق، بررسی رفتار بیماری کووید ۱۹، پیش‌بینی و تشخیص دوره‌های زمانی حاد با تعداد ابتلا و فوت بیشتر امکان‌پذیر خواهد بود. در این صورت، اطلاعات مفیدی در اختیار سیاست‌گذاران حوزه سلامت قرار می‌گیرد و امکان اخذ تصمیمات لازم برای کاهش و یا به حد اقل رساندن گسترش این بیماری وجود دارد.

۲. روش پژوهش

بررسی رفتار یک ویروس و نحوه انتقال آن به عنوان یک پدیده تصادفی به آسانی قابل پیش‌بینی نیست؛ اما بررسی پی‌درپی آن اطلاعات مفیدی را به دست می‌دهد که از راه قوانین احتمال قابل تعریف هستند. با توجه به قوانین احتمال، برخی از پدیده‌های

1. Yaesoubi
2. Christopher
3. Romeu
4. Intensive Care Unit, ICU
5. Martines
6. Achmad
7. Akay and Barbastathis
8. Susceptible-Infected-Removed, SIR

زنجیره مارکوف را نخستین بار آندری آندریویچ مارکوف^۵ ابداع کرد. این روش درحقیقت یک مدل بر مبنای ریاضیات است که انتقال بین حالت های مختلف سامانه را توصیف می کند که تعداد حالات متنه ای هستند [۱۹]. اگر فرایند تصادفی X_1, X_2, \dots بر روی مجموعه مقادیر شمارشی رخ بدهد، در این صورت، $X_n = i$ بیانگر وجود سامانه در زمان n و وضعیت i است و هنگامی که سامانه در وضعیت i باشد، با احتمال p_{ij} مشخص و ثابتی به وضعیت j خواهد رفت. فرض کنید به ازای تمامی i و j ها داشته باشیم [۲۰]:

$$\begin{aligned} P(X_{n+1} = j | X_n = i, X_{n-1} = i_{n-1}, \dots, X_0 = i_0) = \\ P(X_{n+1} = j | X_n = i) = p_{ij} \end{aligned} \quad (1)$$

که در این رابطه، p_{ij} احتمال باقی ماندن در حالت i و p_{ij} احتمال انتقال از حالت i به j و $j \neq i$ است. معادله بالا به این معناست که احتمال شرطی هر وضعیت آینده X_{n+1} در این زنجیره، تنها به وضعیت فعلی X_n بستگی دارد و مستقل از وضعیت های قبل است. چنین فرایند تصادفی را زنجیره مارکوف می گویند؛ به بیان دیگر، زنجیره مارکوف یک فرایند گسسته در زمان و تصادفی است که در آن آینده سامانه فقط به حال آن بستگی دارد. مقادیر p_{ij} که احتمال انتقال سامانه را از حالت s_i به s_j نشان می دهند، احتمال انتقال^۶ نامیده می شوند و در قالب ماتریسی به نام ماتریس انتقال^۷ نمایش داده می شوند. در این صورت، ماتریس انتقال P که هر کدام از درایه های آن احتمال انتقال p_{ij} را نشان می دهند، به صورت زیر تعریف می شود [۱۸].

$$P = \begin{bmatrix} p_{11} & p_{12} & \dots & p_{1m} \\ p_{21} & p_{22} & \dots & p_{2m} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ p_{m1} & p_{m2} & \dots & p_{mm} \end{bmatrix}, \quad i, j = 1, 2, \dots, m \quad (2)$$

با شیوع و پیشرف بیماری در یک جامعه، افراد باتوجه به وضعیتشان در انتقال بیماری به افراد دیگر، به گروه های مختلفی قابل تقسیم هستند [۲۱]. مدل زنجیره مارکوف تشکیل شده به منظور بررسی نحوه انتقال ویروس کرونا با در نظر گرفتن سه حالت مستعد، ناقل و فوت، تشکیل و در شکل (۱) نشان داده شده است.

تصادفی شانس بیشتری برای وقوع دارد و از بین حالت های مختلف آن ها، تنها یک حالت می تواند رخ دهد. برای محاسبه نحوه انتقال بین حالت های مختلف و تخمین احتمال وقوع پیشامدها لازم است مدل مناسبی استفاده شود. مدل های ریاضی برای مطالعه رفتار عفونت در یک جمعیت و بررسی مواردی از جمله شرایط برای حذف بیماری و یا باقی ماندن بیماری در جمعیت مورد مطالعه به کار می رود [۱۵]. زنجیره های مارکوف یک روش ریاضی قدرتمند برای مدل سازی فرایندهای تصادفی هستند. اغلب مدل های تصادفی ارائه شده قادر به تخمین شاخص هایی نظیر احتمال انتقال ویروس، احتمال بهبود فرد مبتلا و نیز مدت زمان ابتلا یا بهبود فرد بیمار نیستند. علاوه بر این، بیشتر مدل های یاد شده امکان پیش بینی و تخمین مدت زمان انتقال را در بازه های زمانی مجزا ندارند [۱۶]. باتوجه به ماهیت احتمالاتی انتقال بیماری و انتشار ویروس، مدل های همه گیرشناسی ارائه شده به منظور بررسی رفتار انتقال ویروس عمدتاً با رویکرد تصادفی بوده است. از این رو، در این مقاله برای جبران کاستی های روش های موجود، از روش تصادفی زنجیره های مارکوف استفاده شده است. در این صورت، امکان تخمین احتمال انتقال ویروس و پیامدهای بیماری در مراحل زمانی گسسته وجود دارد. استفاده از مدل های گسسته در سال های اخیر به دلایلی از جمله در دسترس بودن داده های گسسته در بازه های زمانی، پیاده سازی عددی ساده، کاربرد فراوانی پیدا کرده است [۱۷]. استفاده از زنجیره های مارکوف، برای مدل سازی سامانه هایی کاربرد دارد که در آن ها رفتار تصادفی متغیرها با زمان یا فضای حالت، به صورت پیوسته یا ناپیوسته مشاهده می شود. این تغییرات را فرایندهای تصادفی می نامند و فرایند تصادفی که ویژگی مارکوف را داشته باشد، فرایند مارکوف^۱ نامیده می شود. ویژگی های یک زنجیره مارکوف را می توان در موارد زیر خلاصه کرد [۱۸]:

۱- سکون رفتار سامانه^۲

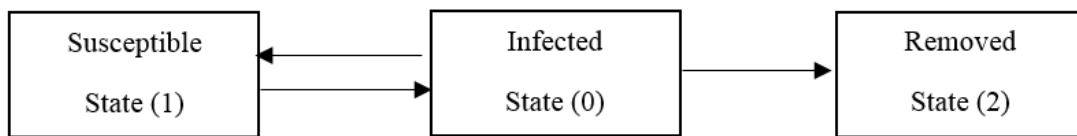
۲- فقدان حافظه فرایندهای سامانه^۳

۳- هویت پذیری سامانه و حالت های سامانه^۴

در ادامه این بخش، به نحوه مدل سازی به روش تصادفی زنجیره های مارکوف پرداخته شده است:

1. Markov Process
2. Being Stationary
3. Lack of Memory
4. Identifiable States

5. Andrei Andreevich Markov
6. Transition Probability
7. Transition Matrix



شکل ۱. زنجیره مارکوف با سه فضای حالت (مستعد، ناقل، فوت شده).

Figure 1. Markov chain with three state spaces (susceptible, Infected, Removed).

دوره، احتمال انتقال از هر حالت به سایر حالت‌ها (p_{ij}) به صورت رابطه زیر است:

$$p_{ij} = \frac{x_{ij}}{\sum_j x_{ij}} = \frac{x_{ij}}{N_i} \quad (5)$$

در این رابطه، x_{ij} تعداد افراد در انتقال از حالت i به حالت j و N_i تعداد کل افراد در حالت i است.

علاوه بر این، میزان خطای استاندارد در محاسبه هر یک از احتمالات فوق (p_{ij}) با استفاده از رابطه زیر قابل محاسبه است [۱۶]:

$$\widehat{SE}(p_{ij}) = \sqrt{\frac{p_{ij}(1-p_{ij})}{N_i}} \quad (6)$$

در این رابطه، $\widehat{SE}(p_{ij})$: میزان خطای استاندارد در محاسبه احتمال p_{ij} است.

به منظور محاسبه ماتریس انتقال پس از n بار تغییر وضعیت فرایند (P^n) از رابطه زیر استفاده می‌شود [۱۶].

$$P^n = U \Lambda^n U \quad (7)$$

در این رابطه، U بردار ویژه متناظر با ماتریس انتقال P و ماتریس قطری مقادیر ویژه است. برای محاسبه ماتریس P^n ، ماتریس‌های بردار ویژه (U) و مقادیر ویژه (Λ) در نرم‌افزار MATLAB حساب شده است.

احتمال ابتلای یک فرد مستعد برای اولین بار بین گام‌های زمانی $m-1$ و m برای حالت‌های $i, j = 0, 1$ با استفاده از ماتریس احتمال انتقال به صورت رابطه (۸) حساب می‌شود [۲۲]:

$$\begin{aligned} \mathbb{P}_{10}^{(m)} &= P(X_{n+m} = 0, X_{n+m-1} = 1, \dots, X_{n+1} = 1 | X_n = 1) \\ &= P_{11}^{m-1} P_{10} \end{aligned} \quad (8)$$

باتوجه به این مدل، برای افراد مستعد تنها یک حالت انتقال (از حالت یک به حالت صفر) وجود دارد. پس از ابتلای یک فرد (حالت ۰ مدل)، دو حالت انتقال برای این فرد وجود دارد که شامل بهبود فرد (انتقال از حالت ۰ به حالت ۱) و یا فوت فرد (انتقال از حالت ۰ به حالت ۲) است.

در این صورت، ماتریس انتقال زنجیره مارکوف به صورت زیر خواهد بود:

$$P_{(ij)} = \begin{bmatrix} p_{00} & p_{01} & p_{02} \\ p_{10} & p_{11} & p_{12} \\ p_{20} & p_{21} & p_{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 - (p_{01} + p_{02}) & p_{01} & p_{02} \\ p_{10} & 1 - (p_{10}) & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (3)$$

که در این ماتریس p_{ij} احتمال انتقال از حالت i به حالت j است. مشخصه‌های انتقال از یک حالت به سایر حالت‌ها به صورت زیر تعریف می‌شوند:

p_{00} احتمال ناقل (بیمار) بودن افراد، p_{01} احتمال آن که افراد آلوده بهبود یافته و از نو در خطر ابتلا (مستعد شدن) قرار گیرند، p_{02} احتمال مرگ افراد مبتلا، p_{10} احتمال آن که افراد مستعد به ویروس آلوده شوند و p_{12} احتمال مرگ افراد مستعد.

لازم به ذکر است که احتمال بازگشت به حالت ابتلا یا مستعد برای افراد فوت شده (یعنی p_{20} و p_{21}) برابر با صفر است.

باتوجه به روش مارکوف، مجموع احتمالات هر سطر باید برابر با یک باشد. به عبارت دیگر:

$$\sum_j p_{ij} = 1 \quad (4)$$

طبق همین قاعده درایه‌های p_{00} و p_{11} در ماتریس رابطه (۳) مشخص شده‌اند. باتوجه به فرض ثابت بودن احتمالات انتقال در یک

و ۲۰۲۱ حساب شده و بدین ترتیب ماتریس انتقال مطابق ماتریس های ارائه شده به ترتیب در روابط (۹) تا (۱۶) و با عنوان P_i تا P_8 مشخص شده است.

$$P_1 = \begin{bmatrix} 0.539 & 0.394 & 0.067 \\ 0.001 & 0.999 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (9)$$

$$P_2 = \begin{bmatrix} 0.045 & 0.809 & 0.146 \\ 0.003 & 0.997 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (10)$$

$$P_3 = \begin{bmatrix} 0.014 & 0.934 & 0.052 \\ 0.009 & 0.991 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (11)$$

$$P_4 = \begin{bmatrix} 0.01 & 0.966 & 0.024 \\ 0.040 & 0.96 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (12)$$

$$P_5 = \begin{bmatrix} 0.007 & 0.973 & 0.020 \\ 0.069 & 0.931 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (13)$$

$$P_6 = \begin{bmatrix} 0.005 & 0.979 & 0.016 \\ 0.086 & 0.914 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (14)$$

$$P_7 = \begin{bmatrix} 0.964 & 0.02 & 0.016 \\ 0.105 & 0.895 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (15)$$

$$P_8 = \begin{bmatrix} 0.004 & 0.982 & 0.014 \\ 0.123 & 0.877 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (16)$$

۳. مدل سازی تصادفی انتقال ویروس کرونا (مطالعه موردی؛ کشور فرانسه)

فرانسه بزرگترین کشور اروپای غربی از نظر وسعت و سومین کشور بزرگ در قاره اروپا است. جمعیت فرانسه در حدود ۶۷/۲ میلیون نفر است که دومین کشور پرجمعیت پس از آلمان در اتحادیه اروپاست. بیماری کووید-۱۹ در ۷ ژانویه ۲۰۲۰ در فرانسه شناسایی و در پی آن از ۲۰ ژانویه، تعداد اعلان های مبتلایان به طور چشم گیری افزایش یافت [۲۳]. در این بخش مدل سازی انتقال ویروس کرونا با استفاده از روش زنجیره های مارکوف پرداخته شده است. برای این منظور، اطلاعات آماری مربوط به موارد ابتلا و فوتی در کشور فرانسه براساس اعلام سازمان بهداشت جهانی [۲۴] در بازه های زمانی سه ماهه از ماه ژانویه سال ۲۰۲۰ تا ماه دسامبر سال ۲۰۲۱ جمع آوری و استفاده شده است. باتوجه به مطالب ارائه شده در بخش دوم، احتمال انتقال مربوط به هر یک از حالت های ناقل (حالت ۰)، مستعد (حالت ۱) و فوت شده (حالت ۲) مدل مارکوف در هشت بازه زمانی با استفاده از رابطه (۶) برآورد شده است. به عنوان نمونه، مشخصه p_{10} به معنای احتمال ابتلای افراد مستعد در بازه زمانی ژانویه تا مارس سال ۲۰۲۰ است که با استفاده از رابطه (۵) از تقسیم تعداد افراد مبتلا به تعداد کل افراد مستعد در این بازه زمانی حساب شده است. علاوه بر این، خطای تخمین احتمال و فواصل اطمینان با استفاده از روش حد اکثر راستی نمایی^۱ و با استفاده از رابطه (۶) حساب شده است. نتایج در جدول (۱) آورده شده است.

باتوجه به زنجیره مارکوف و احتمالات حساب شده، احتمال انتقال از هر مرحله به مرحله دیگر برای بازه های زمانی ژانویه تا مارس، آوریل تا ژوئن، جولای تا سپتامبر و اکتبر تا دسامبر سال های ۲۰۲۰

جدول ۱. تخمین احتمال انتقال در بازه زمانی ژانویه تا مارس سال ۲۰۲۰.

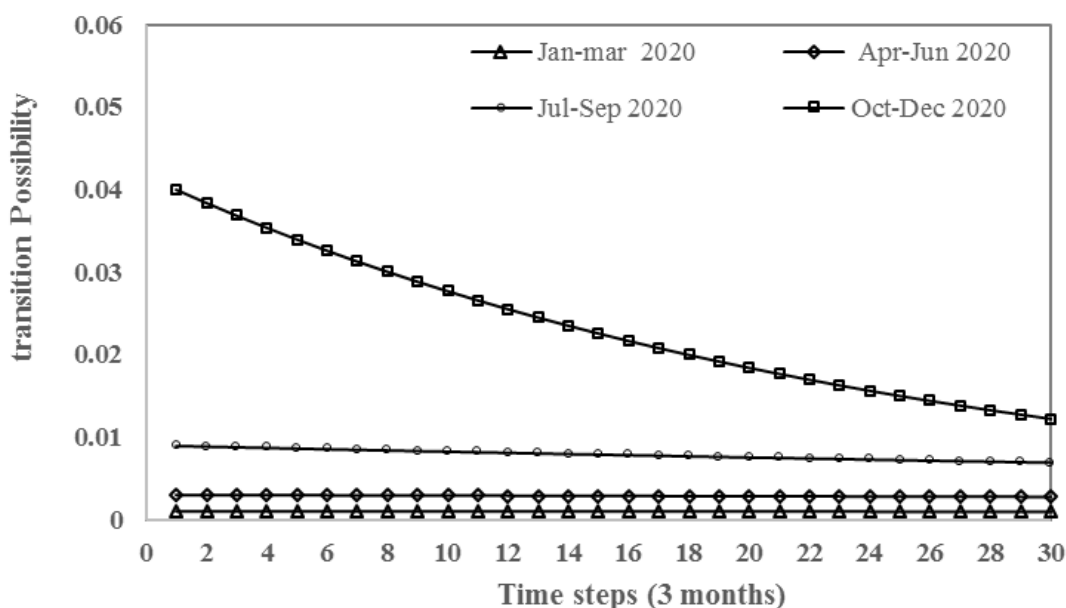
Table 1. Estimation of transfer probability in timespan of January to March 2020.

Parameter	Probability	Estimation error, SE	Confidence interval
p_{00}	0.539	0.0022	0.5368-0.5412
p_{01}	0.394	0.0021	0.3919-0.3961
p_{02}	0.067	0.0011	0.0659-0.0681
p_{10}	0.001	0.0001	0.0009-0.0011
p_{11}	0.999	0.0001	0.9989-0.9991

1. Maximum Likelihood Estimation, MLE

تقریباً ثابتی داشته است. باتوجه‌به نتایج، در شرایط پایین‌بودن احتمال ابتلای فرد (ماه‌های ژانویه تا سپتامبر) روند انتقال بیماری با گذشت زمان تقریباً ثابت بوده‌است. با این وجود، در صورت ابتلای فرد در سه ماهه چهارم سال با احتمال ابتلای ۴ درصد، احتمال انتقال بیماری افزایش قابل توجهی یافته‌است. باتوجه‌به نتایج، احتمال انتقال بیماری با افزایش احتمال ابتلای فرد افزایش می‌یابد. در صورت بالابودن احتمال ابتلای فرد به بیماری، اگرچه احتمال انتقال بیماری بیشتر بوده؛ اما روند انتقال بیماری با آهنگ سریع‌تری کاهش یافته‌است (منحنی اکتبر تا دسامبر ۲۰۲۰) به طوری که پس از گذشت ۵ گام زمانی، احتمال انتقال بیماری در حدود ۱۸ درصد کاهش یافته‌است. لازم به توضیح است که افزایش تعداد واکسیناسیون، رعایت بهداشت فردی (زدن ماسک) و کاهش تجمعات (به دلیل سردی هوا) را می‌توان از دلایل اصلی این کاهش بیان کرد. اگرچه اثر واکسیناسیون یا سایر عوامل پیشگیری مثل فاصله‌گذاری اجتماعی به صورت مستقیم در مدل دیده نشده؛ اما از آنجایی‌که نقطه شروع محاسبات در هر گام زمانی استفاده از داده‌های واقعی بوده‌است، اثرات این عوامل خودبه‌خود و به صورت غیرمستقیم در نتایج دیده می‌شود.

احتمال اولین انتقال با در نظر گرفتن گام‌های زمانی مختلف برای سال‌های ۲۰۲۰ و ۲۰۲۱ در کشور فرانسه با استفاده از رابطه (۸) حساب و به ترتیب در شکل‌های (۲) و (۳) نشان داده شده‌است. لازم به ذکر است که در این شکل، با محاسبه احتمال اولین انتقال در هر یک از بازه‌های سه‌ماهه، احتمال انتقال در بازه‌های زمانی آینده به صورت سه‌ماهه‌های پیش رو، پیش‌بینی شده‌است. به عنوان نمونه، در نمودار مربوط به اکتبر تا دسامبر ۲۰۲۰، احتمال مستعدبودن فرد ۹۶ درصد و احتمال ابتلای فرد ۴ درصد بوده‌است. در این صورت، احتمال انتقال در سایر گام‌های زمانی (سه‌ماهه‌های آینده) حساب شده‌است. به عنوان نمونه، احتمال انتقال در سه ماه آینده ۳/۸۴ درصد و در شش ماه آینده (سه‌ماهه دوم) ۳/۶۸ درصد تخمین زده شده‌است. در این صورت و با داشتن احتمال ابتلای فرد به بیماری، امکان پیش‌بینی انتقال این بیماری در آینده وجود دارد. باتوجه‌به شکل (۲)، احتمال اولین انتقال در سه ماهه‌های اول و دوم سال ۲۰۲۰ (با احتمال ابتلای ۰/۱ و ۰/۳ درصد) به ترتیب کم‌ترین مقدار را داشته و در گام‌های زمانی مختلف تقریباً ثابت بوده‌است. در صورت ابتلای فرد در سه‌ماهه سوم سال (احتمال ابتلای ۰/۹ درصد)، احتمال انتقال بیماری افزایش یافته و با گذشت زمان آهنگ



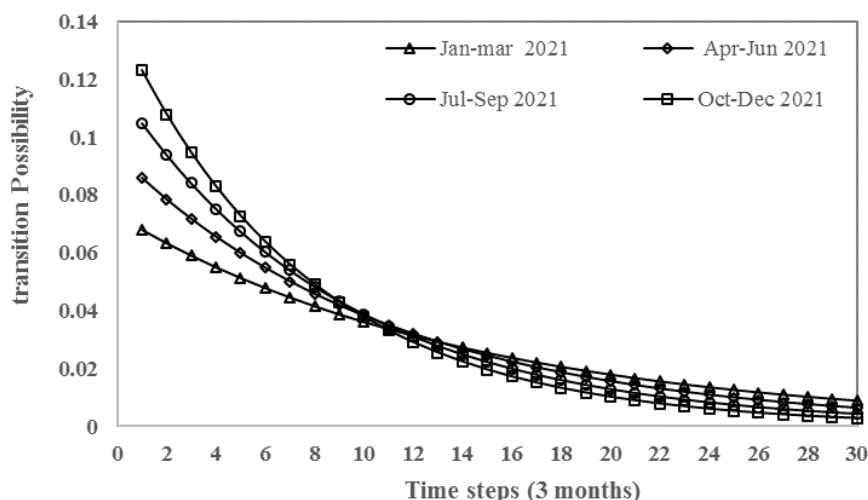
شکل ۲. احتمال انتقال ویروس کرونا در سال ۲۰۲۰ در گام‌های زمانی مختلف.

Figure 2. The probability of transmission of the corona virus in 2020 in different time steps.

ورود به پاییز) بیشتر از نیمه اول سال بوده و با گذشت زمان دارای آهنگی کاهشی و تقریباً مشابه بوده‌است. با گذشت ۱۰ گام زمانی (دو سال و شش ماه)، احتمال اولین انتقال به ۳/۷۷ درصد کاهش یافته‌است. علاوه بر این، احتمال اولین انتقال پس از ۳۰ گام زمانی (هفت سال و شش ماه) تقریباً به صفر می‌رسد.

در این بخش، به منظور مقایسه رفتار انتقال این ویروس در سایر کشورها، به بررسی و مدل‌سازی انتقال بیماری کووید-۱۹ در کشورهای ایران، نیجریه، آلمان و انگلستان پرداخته شده‌است. داده‌های مورد استفاده شامل تعداد افراد مستعد، تعداد افراد مبتلا، بهبودیافته و نیز تعداد افراد فوت‌شده، تحلیل شده است. در گام اول، هریک از مشخصه‌های استفاده‌شده در مدل‌سازی به روش زنجیره مارکوف، حساب و در جدول (۲) آورده شده‌است.

شکل (۳) نشان‌دهنده افزایش احتمال انتقال ویروس کرونا در سال ۲۰۲۱ نسبت به سال ۲۰۲۰ است. احتمال ابتلا به بیماری در سال ۲۰۲۱ نسبت به سال ۲۰۲۰ به‌طور متوسط در حدود شش برابر شده‌است. علاوه بر این، احتمال انتقال بیماری نیز با آهنگ قابل توجهی کاهش یافته است. برداشته شدن برخی از محدودیت‌ها و برگزاری اجتماعات پس از گذشت بیش از یک سال از زمان آغاز همه‌گیری کرونا و نیز ساده‌انگاری این بیماری از سوی مردم و همچنین جهش و ایجاد سویه‌های جدید از ویروس کرونا که دارای قدرت انتقال بالاتری نسبت به سویه‌های قبل بوده، را می‌توان از جمله دلایل افزایش قابل توجه احتمال ابتلا این بیماری در این سال بیان کرد. همان‌طور که ذکر شد اثر این عوامل به‌صورت غیرمستقیم در نتایج دیده می‌شود. باتوجه به شکل (۳) احتمال انتقال بیماری در صورت ابتلای فرد در سه‌ماهه سوم و چهارم سال (اواخر تابستان و



شکل ۳. احتمال انتقال ویروس کرونا در سال ۲۰۲۱ در گام‌های زمانی مختلف.

Figure 3. The probability of transmission of the corona virus in 2021 in different time steps.

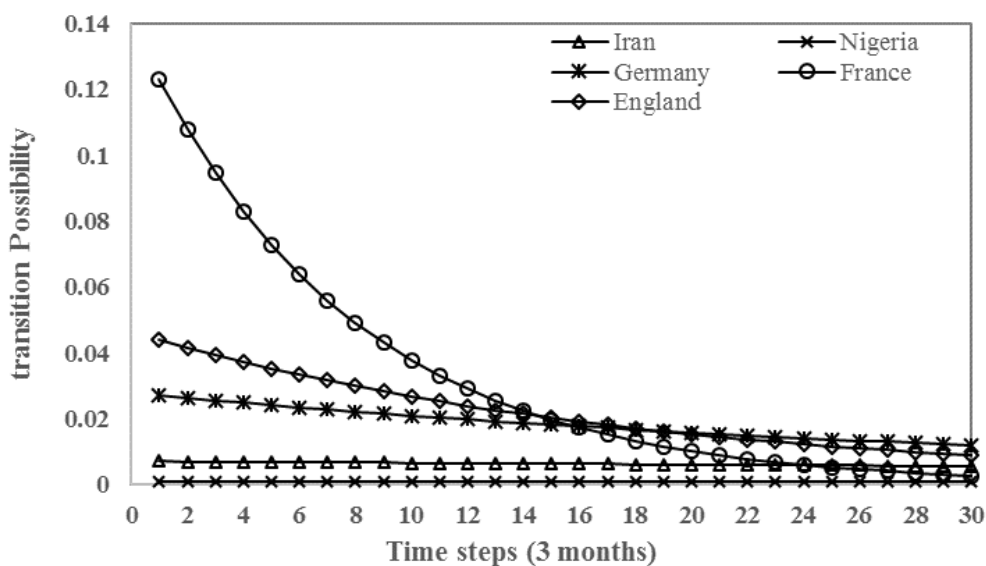
جدول ۲. تخمین احتمال انتقال در بازه زمانی اکتبر تا دسامبر سال ۲۰۲۱.

Table 2. Estimation of transfer probability in timespan of October to December 2021.

Parameter	Country				
	England	France	Germany	Nigeria	Iran
P_{01}	0.791	0.982	0.994	0.978	0.982
P_{02}	0.003	0.014	0.005	0.022	0.018
P_{10}	0.044	0.123	0.027	0.001	0.007

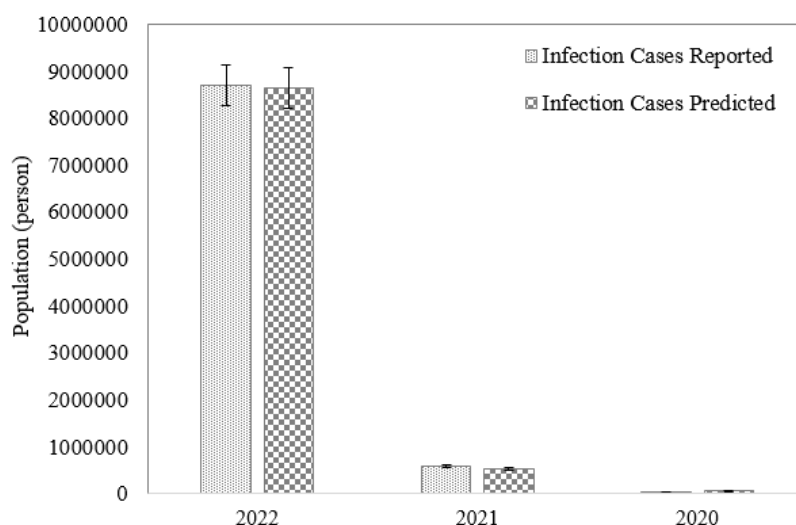
مطابق با مراحل بیان شده در بخش‌های گذشته، ماتریس احتمال انتقال P^n به ازای $n=1$ (اولین انتقال) برای هریک از پنج کشور ایران، نیجریه، آلمان، فرانسه، و انگلستان حساب شد. باتوجه به این نتایج، احتمال اولین انتقال در گام‌های زمانی مختلف حساب و در شکل (۴) نشان داده شده است. باتوجه به شکل (۴)، بیشترین احتمال انتقال مربوط به کشور فرانسه است که با گذشت گام‌های زمانی به سرعت کاهش یافته است. پس از گذشت تنها ۵ گام زمانی، احتمال انتقال ویروس در این کشور، ۴۷/۹۷ درصد کاهش یافته است. پس از فرانسه، کشورهای انگلستان، آلمان و ایران به ترتیب دارای بیشترین احتمال انتقال بیماری بوده‌اند. لازم به ذکر است که پس از گذشت ۱۵ گام زمانی از اولین انتقال، احتمال انتقال در کشورهای انگلستان و آلمان به میزان تقریباً برابری کم شده است. باتوجه به نتایج، کمترین احتمال انتقال مربوط به کشور نیجریه و به میزان تقریباً ثابت ۰/۱ درصد است. یکی از دلایل عمده این امر را می‌توان در تعداد آزمون‌های تشخیصی اخذ شده و شفافیت در شناسایی و اطلاع‌رسانی موارد مبتلا در این کشور فقیر آفریقایی دانست. یکی از کاربردهای مهم در تخمین احتمال انتقال یک بیماری،

پیش‌بینی تعداد افراد مبتلا شده در گام‌های زمانی آینده است. از این رو، در ادامه این بخش و به‌عنوان نمونه، تعداد افراد مبتلا در کشور فرانسه پیش‌بینی شده است. شکل (۵) این اطلاعات را نشان می‌دهد. احتمال واقعی ابتلای افراد در ابتدای سال ۲۰۲۲ به اندازه ۰/۱۱ بوده است که با مقدار ۰/۱۳۲ پیش‌بینی شده مدل مارکوف قدری اختلاف دارد. با در نظر گرفتن تعداد افراد مستعد در ابتدای سال ۲۰۲۲ به اندازه ۶۵۵۹۳۹۷۰ نفر، تعداد افراد مبتلا در این سال برابر با ۸۶۵۸۴۰۴ (=۶۵۵۹۳۹۷۰×۰/۱۳۲) نفر برآورد شده که با تعداد واقعی افراد مبتلا شده در این سال (۸۷۰۴۵۶۰ نفر) در حدود ۴۶۱۵۶ نفر اختلاف دارد. به‌همین ترتیب، تعداد افراد فوت شده و بهبودیافته نیز قابل پیش‌بینی خواهد بود. تعداد موارد ابتلا به ویروس در مارس ۲۰۲۰، ۵۲۱۸۱ نفر است که پیش‌بینی انجام شده تعداد ۶۷۵۶۴ نفر را نشان می‌دهد که به معنای اختلاف ۲۲/۷۶ درصدی بین مقادیر واقعی و پیش‌بینی شده است. در ژانویه سال ۲۰۲۱ موارد مبتلا شده به ویروس ۵۷۸۳۳۴ نفر گزارش شده است که با مقادیر پیش‌بینی شده (تعداد ۵۴۰۵۱۴ نفر) در حدود ۶/۵ درصد اختلاف دارد.



شکل ۴. احتمال اولین انتقال ویروس کرونا در پنج کشور آلمان، نیجریه، ایران، انگلستان و فرانسه.

Figure 4. The probability of the first transmission of the corona virus in Iran, Nigeria, Germany, France, England.

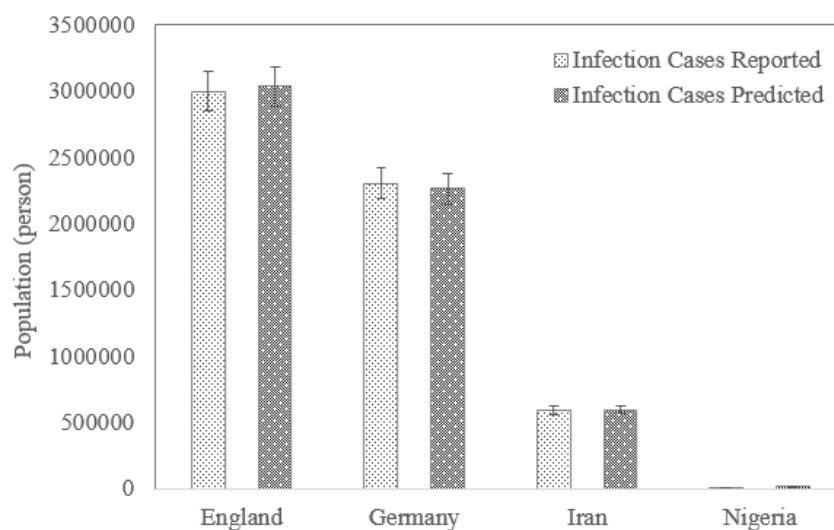


شکل ۵. پیش بینی تعداد ابتلا به ویروس کرونا در فرانسه.

Figure 5. Prediction of the number of coronavirus infections in France.

بیشتر از مقادیر واقعی پیش بینی شده است. از نگاه کارشناسان، یکی از مهم ترین دلایل این رخداد، آب و هوای گرم و خشک نیجریه و فاصله زیاد میان روستاهای این کشور با یکدیگر، ضعف ارتباط میان آن ها و نیز جوانی جمعیت این کشور است. هم چنین شفافیت آمارهای ارائه شده در این کشور فقیر آفریقایی مورد تردید است [۲۵]. این عوامل باعث شده تا کشور نیجریه به مورد جذابی برای پژوهش های بیشتر ویروس شناسان تبدیل شود.

شکل (۶) تعداد موارد ابتلا به ویروس را در سال ۲۰۲۱ برای کشورهای انگلستان، آلمان، ایران و نیجریه نشان می دهد که در کنار مقادیر واقعی آمده است. با توجه به این نتایج، مقادیر پیش بینی شده در کشورهای انگلیس، آلمان و ایران به ترتیب به اندازه $1/2$ ، $1/8$ و $0/7$ درصد با مقادیر گزارش شده اختلاف دارد که بیانگر کارایی مدل پیشنهادی در پیش بینی موارد ابتلا به بیماری است. لازم به ذکر است که تعداد افراد پیش بینی شده در کشور نیجریه ۵۰ درصد



شکل ۶. پیش بینی تعداد ابتلا به ویروس کرونا در سال ۲۰۲۱ در کشورهای انگلیس، آلمان، ایران و نیجریه و مقایسه با داده های واقعی.

Figure 6. Prediction of the number of corona virus infections in Iran, Nigeria, Germany, France, England and comparison with real data.

۴. نتیجه‌گیری

در سال‌های اخیر ویروس مرگبار کرونا به‌طور گسترده‌ای منتشر شده‌است. بیماری کووید-۱۹ به‌عنوان یک بیماری ویروسی با قدرت انتشار و سرایت بالا، آثار بسیار مخربی بر جوامع انسانی داشته‌است. در این مقاله به شناسایی نحوه انتشار و چگونگی انتقال ویروس با استفاده از مدل زنجیره مارکوف و مقایسه آن با داده‌های واقعی پرداخته شد. برای این منظور از داده‌های ارائه‌شده مرکز بهداشت جهانی برای کشورهای ایران، انگلستان، فرانسه، آلمان و نیجریه استفاده شد. نتایج این تحقیق را می‌توان در موارد زیر خلاصه کرد:

- باتوجه‌به داده‌های کشور فرانسه، احتمال اولین انتقال بیماری در صورت ابتلای فرد در نیمه اول سال ۲۰۲۰ کم‌ترین مقدار را داشته و درگام‌های زمانی مختلف تقریباً ثابت بوده‌است. با ورود به نیمه دوم این سال، احتمال انتقال افزایش داشته و با گذشت زمان به مقدار تقریباً ثابتی رسیده‌است. علاوه‌بر این، احتمال اولین انتقال بیماری در سال ۲۰۲۱ بیشتر از سال ۲۰۲۰ بوده‌است. این روند افزایشی را باوجود واکسیناسیون عمومی، شیوه‌های مؤثر درمان و افزایش سطح آگاهی عمومی، باید ناشی از افزایش تعداد آزمون‌های تشخیصی روزانه و نیز جهش و ایجاد سویه‌های جدید این ویروس با قدرت سرایت بالا دانست. علاوه‌بر این، در صورت بالابودن احتمال ابتلا به بیماری، احتمال انتقال بیماری افزایش می‌یابد، اما با گذشت زمان به‌طور قابل توجهی کم می‌شود.
- مقایسه نتایج مربوطه کشور فرانسه با کشورهای انگلستان، آلمان، ایران و نیجریه بیانگر آن است که بیشترین احتمال انتقال این ویروس مربوطه کشور فرانسه است که با گذشت گام‌های زمانی به‌سرعت کاهش یافته‌است؛ به‌طوری‌که پس از گذشت تنها ۵ ماه، از احتمال انتقال در حدود ۴۸ درصد کاسته شده‌است. پس از فرانسه، کشورهای انگلستان، آلمان و ایران به ترتیب دارای بیشترین احتمال در اولین ابتلا بوده‌اند.
- تعداد افراد مبتلا در سه‌ماهه نخست سال ۲۰۲۲ در کشور فرانسه با تعداد واقعی افراد مبتلاشده در این سال تنها ۰/۵۳ درصد اختلاف دارد. علاوه‌بر این، موارد ابتلای پیش‌بینی‌شده در سال ۲۰۲۱ برای کشورهای انگلیس، آلمان و ایران به ترتیب به‌اندازه ۱/۲، ۱/۸ و ۰/۷ درصد با مقادیر گزارش‌شده اختلاف

دارد؛ این نتایج بیانگر کارایی مدل پیشنهادی در پیش‌بینی تعداد افراد مبتلا به ویروس کروناست.

مراجع

- [1] Martinez-Rodriguez, C. (2021). A Markov Chain Model for COVID19 in Mexico City. *arXiv preprint arXiv: 2110.13816*, 1-21.
- [2] Boskabadi, M., & Doostparast, M. (2020). Modeling and data mining of global data on patients with COVID-19. *Iranian Journal of Emergency Medicine*, 7(1), 1-40.
- [3] Gralinski, L. E., & Menachery, V. D. (2020). Return of the Coronavirus: 2019-nCoV Viruses. *Viruses*, 12(2), 135, (2020).
- [4] Wilson, M. E., & Chen, L. H. (2020). Travellers give wings to novel coronavirus (2019-nCoV). *Journal of travel medicine*, 27(2), 15.
- [5] Parsamanesh, M., & Erfanian, M. (2020). Global dynamics of a mathematical model for propagation of infection diseases with saturated incidence rate. *Journal of Advanced Mathematical Modeling (JAMM)*, 11(1), 69-81.
- [6] Niksirat, M., & Nasser, S. H. (2021). Forecasting of the number of cases and deaths due to corona disease using neuro-fuzzy networks. *Journal of decisions and operations research*, 5(4), 414-425.
- [7] Ross, R. (1910). The prevention of malaria. *Dutton*, 669.
- [8] Kermack, W. O., & Mckendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London - Series A: Containing Papers of a Mathematical and Physical Character*, 115(772), 700-721.
- [9] Yaesoubi, R., & Ted, C. (2011). Generalized Markov models of infectious disease spread: A novel framework for developing dynamic health policies. *European journal of operational research*, 215(3), 679-687.
- [10] Overton, C. E., Stage, H. B., Ahmad, S., Curran-Sebastian, J., Dark, P., Das, R., Fearon, E., Felton, T., Fyles, M., Gent, N., & Hall, I. (2020). Using statistics and mathematical modelling to understand infectious disease outbreaks: COVID-19 as an example. *Infectious Disease Modelling*, 5, 409-441.
- [11] Romeu, J. L. (2020). A markov chain model for covid-19 survival analysis. PhD, *Syracuse University*. <https://www.researchgate.net/profile/Jorge-Romeu>.
- [12] Achmad, A., Mahrudinda, M., & Ruchjana, B. (2021). Stationary Distribution Markov Chain for COVID-19 Pandemic. *International Journal of Global Operations Research*, 1(2), 71-74.

- [13] Akay, H., & Barbastathis, G. (2020). Markovian random walk modeling and visualization of the epidemic spread of Covid-19. *medRxiv*, 2020-04.
- [14] Dehghan Shabani, Z., & Shahnazi, R. (2020). Spatial distribution dynamics and prediction of COVID-19 in Asian countries: Spatial Markov chain approach. *Regional Science Policy and Practice*, 12(6), 1005-1025.
- [15] Parsamanesh, M., Erfanian, M., & Mehrshad, S. (2020). Stability and bifurcations in a discrete-time epidemic model with vaccination and vital dynamics. *BMC bioinformatics*, 21, 1-15.
- [16] Twumasi, C., Asiedu, L., & Ezekiel, N. (2019). Statistical modeling of HIV, tuberculosis, and hepatitis b transmission in Ghana. *Canadian journal of infectious disease and medical microbiology*, 1-8.
- [17] Parsamanesh, M., & Erfanian, M. (2021). Stability and bifurcations in a discrete-time SIVS model with saturated incidence rate. *Chaos, Solitons & Fractals*, 150, 111178.
- [18] Billinton, R., & Allan, R. N. (1992). Reliability evaluation of engineering systems. *Plenum press*, New York, 280.
- [19] Ajdar, F. (2018). Estimation of transition probabilities in Markov chains. *Journal of Research in Science, Engineering and Technology*, 6(4), 12-18.
- [20] Tavanpour, N., Ghaemi, A. A., Honar, T., & Shirvani, A. (2018). Investigation the Occurrence Probability and Persistence of Rainy Days by Using Markov Chain Model (Case Study: Lamerd City). *Iran-Water Resources Research*, 14(2), 1-11.
- [21] Parsamanesh, M., Erfanian, M., & Akrami, A. (2021). Modeling of the propagation of infectious diseases: mathematics and population. *EBNESINA*, 22(4), 60-74.
- [22] Miller, S., & Childers, D. (2012). Probability and random processes: With applications to signal processing and communications. *Academic Press*, 593.
- [23] FPHS. (2021). www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19, *French Public Health Service*, available in September 2021.
- [24] Worldometers. (2021). <https://www.worldometers.info/coronavirus/country>, available in September 2021.
- [25] IRNA. (2022). Niger is the Land that Covid-19 Forgot, *The Islamic Republic News Agency*, Code: 84409080. <https://www.irna.ir/news/84409080>.