



بررسی آماری پاندمی کووید 19 – گزارش دوم – 1 فروردین 1399

لیوژن فارمد

آدرس: تهران- خیابان ایتالیا، پلاک 41، آزمایشگاه جامع تحقیقات دانشگاه علوم

پزشکی تهران، طبقه چهارم، شرکت لیوژن فارمد

کدپستی: 1417755358

تلفن: 021-88996828 – 09901810584

پست الکترونیکی: Info@livogen.co

تارنما:

www.Livogen.co

www.MassCenter.ir

گردآوری، تهیه و تدوین؛

تیم کرونا شرکت لیوژن فارمد

سروش ستاره، رامین فاضل و سایر اعضا

فهرست

1- مقدمه	2
2- معرفی طرح	3
1-2- هدف	3
2-2- چشم انداز	3
3-2- ضرورت و نیاز	3
4-2- وجه تمایز	3
3- مراحل انجام کار	4
1-3- مراحل اصلی	4
2-3- فرایندهای فرعی	Error! Bookmark not defined.
3-3- KPI های عبور از هر مرحله از فرآیند به مرحله بعد	8
6- برنامه زمانی	9

1- مقدمه

لیوژن فارمد شرکتی دانش بنیان در زمینه ارائه خدمات پیشرفته بیوتکنولوژی است که از سال 1383 آغاز به کار نموده است. این شرکت با برخورداری از تیم تحقیقاتی متخصص و با انگیزه خود، در کنار امکانات و زیرساختی با کیفیت توانسته است خدمات مختلف آزمایشگاهی را در سطح بالایی از استانداردهای جهانی به شرکت های داروسازی شناخته شده ی تولید کننده زیست داروها ارائه نماید. به واسطه ی نوع خدمات ارائه شده، سطح کیفی آزمون ها و مطابقت ساختاری با استانداردها و الزامات دستورالعمل های سازمان های نظارتی داخل و بین المللی، لیوژن فارمد در حال حاضر در زمینه کاری خود شرکتی منحصر به فرد و پیشتاز در این عرصه شناخته می شود که توانسته است تاکنون علاوه بر کسب رضایت مشتریان خود، همواره در جهت توسعه و ارتقا کیفیت خدمات خود گام بردارد. اما با مطرح شدن نیاز شرکت های داروسازی بیوتکنولوژی به کیت های کنترل کیفی فرآورده های بیولوژیک و خدمات مشخصه یابی بانک های سلولی، این شرکت با تغییر حوزه فعالیت خود، در این زمینه ها به فعالیت پرداخت و با تثبیت عملکرد عالی خود، باعث شد سایر شرکت های داروسازی از جمله پرسیس ژن پار – سیناژن – آریوژن فارمد – نویان پژوهان زیست دارو – مدوک زیست دارو – و حتی سازمان های نظارتی از جمله سازمان غذا دارو از دریافت خدمات مشابه خارجی بی نیاز

گردند. در یک سال اخیر نیز شرکت لیوژن فارمد با توسعه خدمات خود در زمینه کنترل کیفیت داروهای نوترکیب، به راه اندازی خدمات معتبر سازی غیرفعالسازی/حذف ویروس پرداخته و در این زمینه نیز به کیفیتی مطلوب دست یافته است.

این روز ها، شیوع بیماری جدید و نوظهور کووید 19، روز های پرتنشی را برای کشور عزیزمان ایران رقم زده است. البته این شیوع همه جانبه، همه کشور ها را درگیر کرده است و مخصوص به ایران نیست. کووید 19 یک بیماری تنفسی است که عامل آن یک کرونا ویروس می باشد و می تواند پس از ابتلای بیماران، سبب بروز پنومونی ریه و مشکلات حاد تنفسی و در نهایت مرگ شود. این بیماری در اواسط ماه ژانویه سال 2020 از شهر ووهان چین شیوع یافت و طی مدت کوتاهی کشور های بسیاری را آلوده کرد. علی رغم آنکه نرخ مرگ و میر ناشی از این بیماری نسبت به بسیاری از بیماری های دیگر کمتر می باشد (حدود 2 الی 3 درصد کشندگی)، شیوع و انتقال آن سرعت بسیار بالایی دارد. نکته دیگر آنکه افراد ناقل این ویروس برای چند روز ابتدایی دوره بیماری خود، علائم قابل توجهی را از خود نشان نمی دهند و به همین علت، بی اطلاع از حضور ویروس، آن را منتقل می سازند. کسب اطلاعات حداکثری از ساز و کار بیماری زایی و همچنین شیوع این ویروس سریع الانتقال، می تواند کمک بسیاری به کادر درمان و پزشکی و نهاد های اجرایی کند. با در دست داشتن اطلاعاتی قابل اتکا، می توان قدم های مستحکمی را برای کنترل، مقابله و از بین بردن این ویروس برداشت. در ادامه سعی شده است با انجام پاره ای مطالعات آماری، یک پیشبینی مختصر از وضعیت شیوع این بیماری در روز های آتی حاصل نمود. امید است این اطلاعات مورد استفاده واقع شود و دید روشن تری را به خوانندگان بدهد.

2- بررسی آماری پاندمی کووید 19

بررسی آماری پاندمی کووید 19، در واقع یک نوع مدل سازی و آزمودن مدل می باشد. ویروس کووید 19، عاملی ناشناخته و جدید برای دانشمندان به شمار می رود. در دست داشتن اطلاعات و همچنین رجوع به روند شیوع کرونا ویروس های پیشین (نظیر SARS و MERS) می تواند روشن کننده نحوه مقابله با این ویروس باشد. مدلی که در طی این مطالعه ارائه خواهد شد قادر می باشد بر اساس چندین تکنیک، وضعیت شیوع را به صورت کوتاه مدت و همچنین دراز مدت پیشبینی نماید.

2-1- هدف

هدف این طرح، بررسی روند ابتلا و شیوع این بیماری در جهان و استفاده از این آمار ها و مدل های مختلف ریاضیاتی و آماری، برای حصول یک پیشبینی از وضعیت روز های آینده می باشد.

2-2- چشم انداز

چشم اندازی که طرح بررسی آماری پاندمی کووید 19 آن را دنبال می کند، ارائه پیشبینی هایی با حداکثر دقت برای روز های بیشتر می باشد که منوط به اطلاع یافتن از داده های دقیق و لحظه ای و همچنین با استفاده از مدل های ریاضیاتی روز دنیا، امکان پذیر می باشد.

2-3- ضرورت و نیاز

همانطور که پیشتر نیز اشاره شد، آگاهی از وضعیت پیش رو می تواند به بسیاری از نهاد های اجرایی و سازمان های برنامه ریزی کننده، دانش حداقلی برای تصمیم گیری بدهد. اگر برآورد صحیحی از آمار افرادی که قرار است در یک بازه زمانی مشخص مبتلا بشوند را در دست داشته باشیم، می توان منابع، نیرو ها، خدمات و برنامه ریزی ها را مطابق با نیاز روز های آینده سازمان دهی نمود و از به وقوع پیوستن بسیاری از بحران ها جلوگیری کرد.

2-4- وجه تمایز

این روز ها پیشبینی های متعددی از وضعیت روز های آینده صورت می گیرد. بررسی آماری پاندمی کووید 19 از چند جهت منحصر به فرد می باشد. در انجام پیشبینی و طراحی مدل در این مطالعه، از تکنیک های مبتنی بر یادگیری ماشین استفاده شده است. تکنیک های یادگیری ماشین که از جدیدترین ابزار ها به شمار می روند، از دقت بالایی برخوردار می باشند و قادرند با انجام محاسبات بهینه سازی شده، نتایجی قابل اتکا و ارزشمند را حاصل کنند.

3- مراحل انجام کار

در ادامه سعی شده بود داده های موجود از روند پیشرفت این بیماری تا به روز 11 مارس 2020، 51 روز پس از دیده شدن اولین مورد ابتلا توسط دو مدل مختلف خوانده شده و سپس مختصراً به پیشبینی وضعیت آتی پرداخته شود. سپس هر یک از دو مدل ارزیابی شده و مدل بهتر برای انجام کار انتخاب می شدند. سپس مدل انتخاب شده آزموده شد تا نشان داده شود که این مدل آیا قادر است برای توجیه روند رشد این پاندمی کار ساز واقع گردد یا خیر. در نهایت از مدل به منظور پیشبینی وضعیت روزهای آتی و ارائه نتایج استفاده شده و چند سناریو احتمالی برای ادامه وضعیت در نظر گرفته خواهد شد.

در این مقاله خواهید دید که مدل انتخاب شده تا چه مقدار در توجیه وضعیت هفته گذشته (23 اسفند الی 29 اسفند) موفق بوده است. در نهایت نیز با استفاده از همان مدل قبلی، وضعیت شیوع و گسترش دامنه بیماری در 5 روز آینده مورد بحث قرار خواهد گرفت. در این مقاله سعی خواهد شد بیماری کووید 19 از منظر تعداد کشته ها و رشد کشندگی ویروس نیز مورد بحث قرار گیرد.

3-1- مراحل اصلی

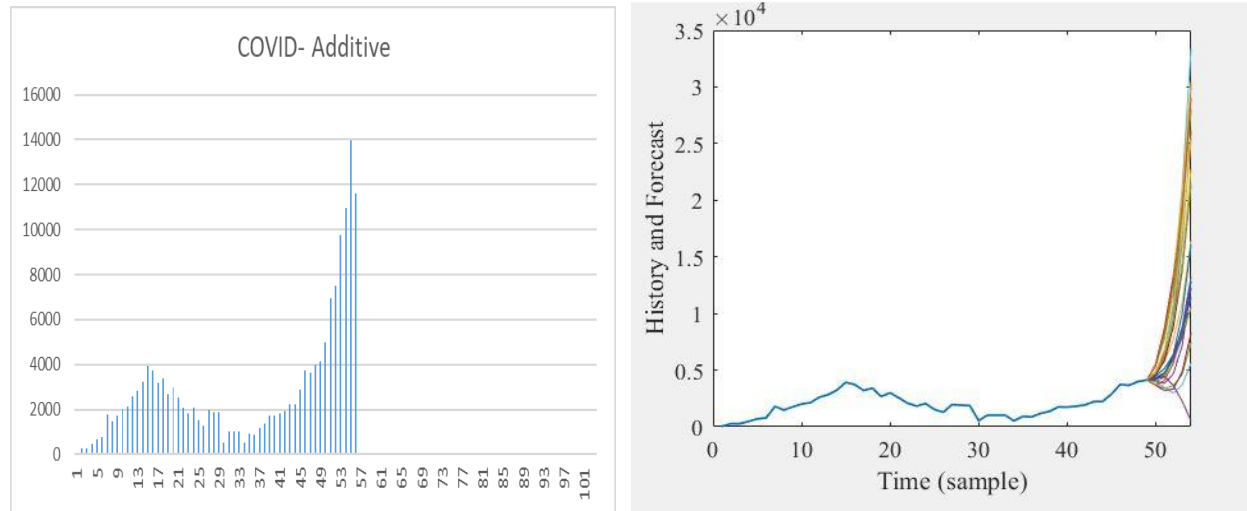
1-3-1- مدل رگرسیون سری زمانی

پیش از اینکه به ارائه گزارش و پیشبینی های جدید با استفاده از مدل بپردازیم، اجازه بدهید کمی بیشتر ماهیت تکنیک رگرسیون سری زمانی را بررسی کنیم. رگرسیون سری زمانی در واقع روشی برای آنالیز یک مجموعه داده حاصل شده طی زمان های مختلف می باشد و به کمک آن می توان تا چند داده بعد را نیز پیشبینی نمود. داده هایی مثل آمار مبتلایان جدید هر روز به یک بیماری از جمله داده های سری زمانی می باشد و لذا استفاده از رگرسیون زمانی برای پیشبینی داده های جدید، یک روش بسیار خوب برای تحلیل این داده ها و پیشبینی داده های زمان های بعدی بنظر می رسد.

رگرسیون سری زمانی تکنیکی است که در این مطالعه به عنوان روش تحلیل داده ها به ماشین یاد داده شده است. بر اساس نحوه ای که رگرسیون سری زمانی کار می کند، می توان متوجه چند نکته شد. این روش بر اساس تناوب رشد یا سقوط داده ها (seasonality) و ترندی (trend) که یک سری داده زمانی به خود دیده است، آن را تحلیل، پردازش و داده های بعدی این سری را پیشبینی می کند. لذا اگر تناوبی خیلی منظم و متعدد یا یک ترند شدید را مدل مشاهده کند، شکستن این هارمونی و برهم زدن نظم تناوب یا ترند، برای کامپیوتر بسیار بعید بنظر می رسد. لذا احتمال اینکه بتواند نقاط عطف را در انتهای پیشبینی خود جای دهد، کم است.

به همین علت، امکان اینکه چنین مدلی بتواند علی رغم deseason کردن و مشتق گرفتن به منظور خنثی سازی ترند (چند نمونه از مجموعه اقداماتی که پیش از تحلیل داده ها انجام شده است)، پایان یک پیک را نشان بدهد، کم است. پس این احتمال را به شکل شکستگی هایی بروز می دهد و هر شکستگی که یک بیشینه موضعی است می تواند پایان بالقوه ای برای پایان پیک باشد.

ابتدا به پیشبینی ارائه شده توسط مدلی که در مطالعه قبلی به دست آمد، برای روزهای 23 تا 28 اسفند توجه کنید. آمار پیشبینی شده و الگوی شیوعی که مدل انتظار می رفت را با داده های حقیقی حاصل شده مقایسه کنید.



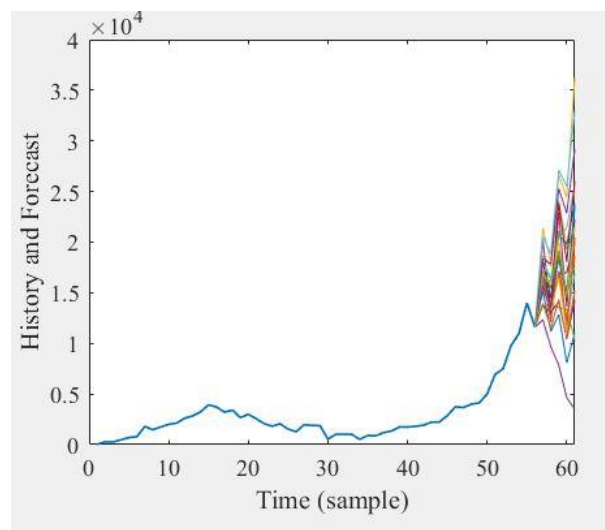
تصویر 4 (چپ)، نمودار آمار مبتلایان تا 57 روز پس از شیوع، منبع؛ WHO Situation reports

تصویر 5 (راست)، پیش بینی برای شیوع روزهای 49 تا 56

محور افقی؛ روزهای پس از شیوع بیماری (روز 49 به معنای 21 اسفند و 57 به معنای 29 اسفند می باشد)

محور عمودی، تعداد افراد و نرمال شده تعداد افرادی که در هر روز مبتلا می شوند.

همانطور که قابل مشاهده می باشد، مدل، به خوبی موفق به پیشبینی آمار مبتلایان شده است. لذا با استفاده از همین مدل و تحت پلتفرم TSF در برنامه MATLAB، به پیشبینی وضعیت 5 روز آینده خواهیم پرداخت. علت پیشبینی برای نمونه های کوتاه مدت و خودداری از پیشبینی های بلند مدت، همانطور که در مطالعه پیش ذکر شد، عدم کفایت داده ها رگرسیون زمانی تک متغیره می باشد.



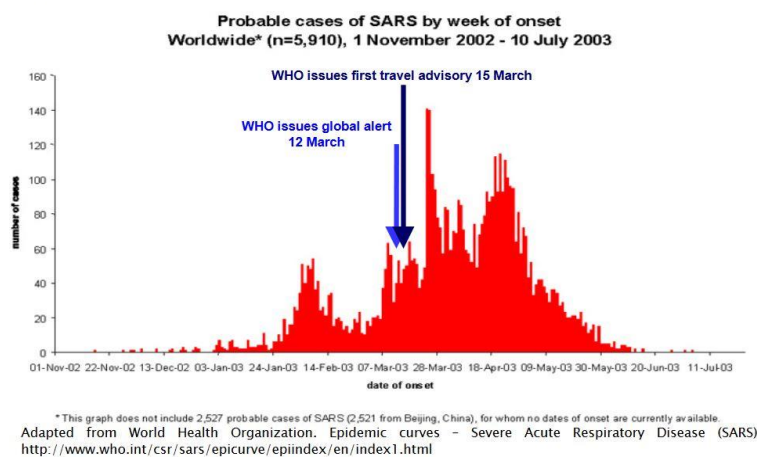
تصویر 6. پیشبینی وضعیت شیوع برای روزهای 57 تا 62 شیوع با استفاده از مدلی که پیشتر حاصل شده است.

همانطور که بدون نیاز به تحلیل و به صورت واضح مشاهده می شود، اطلاعاتی پایه ای از این نمودار قابل برداشت است. رشد این بیماری با شیب کمتری نسبت به روزهای قبل ادامه خواهد یافت. در این دوره از شیوع، طی 7 روز، تا 6 فروردین تقریباً 120 هزار

بیمار دیگر در جهان به این بیماری مبتلا خواهند شد که این عدد در کشورمان ایران در حدود 12 الی 14 هزار بیمار جدید بر اساس آمار وزارت بهداشت می باشد. بعلاوه دو ناحیه شکستگی در روزهای 2 و 4 فروردین ماه 1399 مشاهده می شود. هر یک از این روزها ممکن است با احتمال تقریباً 16 درصد نقاطی برای پایان پیک این بیماری باشند. همچنین بیماری با احتمال 4 درصد ممکن است همین روزها رو به افول برود. دقت شود که اعداد صرفاً نشان دهنده یک سناریو می باشند که توسط کامپیوتر بنظر رسیده است.

پیشبینی طولانی مدت با استفاده از همین داده ها، شیوع inf یا بی نهایت را حاصل می کند که به لحاظ شبکه یادگیری ماشین، منطقی می باشد اما با عقل جور در نمی آید. لذا به منظور پیشبینی داده ها در دراز مدت، از مدت بیماری سارس استفاده می کنیم. یک بار دیگر به روند شیوع بیماری سارس (که مشابهات زیادی با کووید 19 دارد) توجه کنید.

Figure 2.

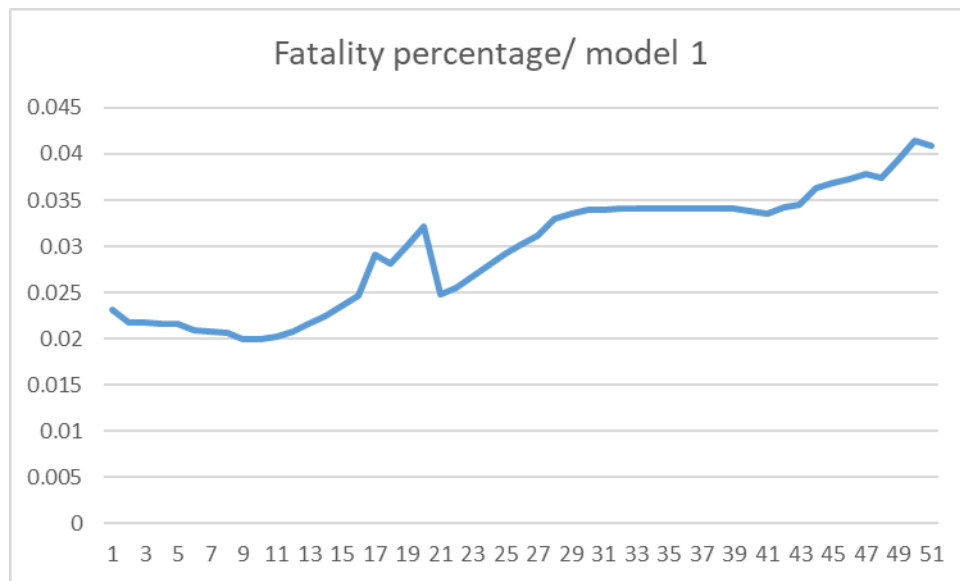


تصویر 7. شیوع بیماری سندرم حاد تنفسی (SARS) منبع: WHO SARS Situation Reports

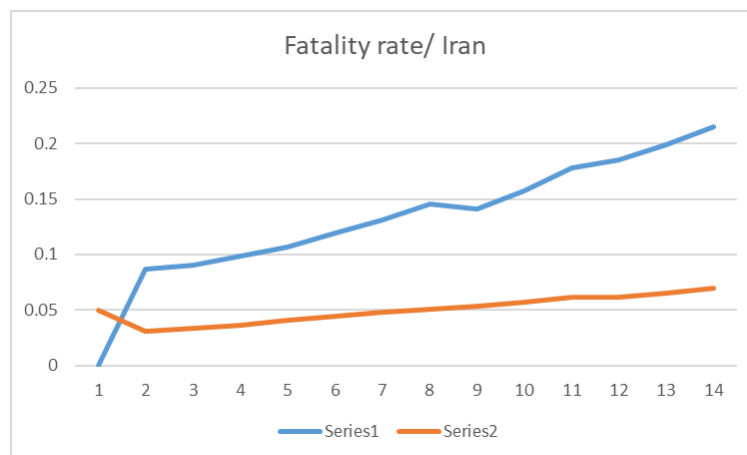
رشد بیماری سارس، پس از تجربه کردن پیک، به یکباره یک سقوط شدید را به خود می بیند. به این ترتیب که آمار مبتلایان در یک روز، نصف تعداد قبل خواهد شد. پیشبینی چنین سقوطی توسط تکنیک رگرسیون سری زمانی تک متغیره و مدلی که پیشتر استفاده کردیم، بسیار بعید می باشد. چرا که کامپیوتر، شاهد یک ترند بسیار شدید است و از بین بردن آن ترند، غیر ممکن بنظر می رسد و فقط در 4 درصد try ها، ممکن است شبکه یادگیری ماشین به یک نقطه عطف اشاره کند. لذا کامپیوتر روند نزولی و اتمام پیک را نمایان نخواهد شد و تنها احتمال چنین پدیده ای را با شکستگی ها نشان می دهد.

کشدگی (fatality) بیماری

در روزهای ابتدایی این بیماری، ذکر شد که کشدگی این بیماری در حدود 2 درصد می باشد. اما روز به روز آمارهای متفاوتی از تعداد کشته شده ها منتشر شد که نشان از ازدیاد کشته ها داشت. نمودار زیر نسبت افراد متوفی بر اثر کووید 19 را به کل مبتلایان در آن روز و بر اساس آمار اعلامی به WHO نشان می دهد.



تصویر 8. درصد کشندگی کووید 19. محور افقی روز های شیوع، روز یک نشان دهنده اولین آمار کشته ها و مصادف با 1 فوریه 2020 همانطور که مشخص است، درصد کشندگی کووید 19 (بنا بر تعریف نسبت افراد متوفی بر اثر بیماری بر کل بیماران) در حال افزایش است. اما بهتر است نگاه دقیقتری به آمار بیماری داشته باشیم. بنا بر تعریف دقیقتری که ژورنال اپیدمی آمریکا ارائه می دهد، کشندگی بیماری را نسبت افراد کشته شده بر مجموع افرادی که بهبود یافته اند و کشته شده اند تعریف می کنیم. نمودار زیر بیانگر کشندگی کووید 19 بر اساس این تعریف و در کشورمان ایران می باشد.



تصویر 9. درصد کشندگی کووید 19 در ایران؛ محور افقی 14 روز اخیر، روزهای 16 اسفند الی 29 اسفند 1398

نمودار نارنجی، محاسبه کشندگی بر اساس روش اول.

نمودار آبی، محاسبه کشندگی بر اساس روش دوم (American Journal of Epidemy)

منبع؛ آمار وزارت بهداشت جمهوری اسلامی ایران

درصد کشندگی در ایران، همانطور که قابل ملاحظه است، رشد عجیبی را تجربه می کند. در حالیکه بسیاری از صحبت ها حکایت از بیشتر بودن تعداد کشته ها دارد (اشاره به صحبت ریاست محترم علوم پزشکی استان های کاشان و گیلان). به هر حال مسئله ای که با آن رو به رو هستیم، رشد نرخ کشندگی این بیماری است. وقتی کشندگی یک بیماری بیشتر می شود فرائض مختلفی به

ذهن می رسد که از جمله مهمترین آن ها می توان به عوامل بیولوژیکی مثل جهش ویروس یا عوامل انسانی مثل رفتارهای غیر مسئولانه اشاره نمود. البته که رفتار غیرمسئولانه و رعایت نکردن نکات ایمنی و عوامل بسیار مهمی همچون قرنطینه که به رغم درخواست های متعدد، تذکر های مکرر و گوشزد کردن شرایط حساس و بحرانی فعلی، نادیده گرفته شد و به علت های نامعلوم هرگز اجرایی نشد، تاثیر بسیار مهمی در وخیم تر شدن شرایط دارند، اما هدف این مطالعه، در اینجا و در مقطع فعلی، مختصر اشاره ای به عوامل بیولوژیک می باشد.

موجودات زنده و ویروس ها، طی هر بار تقسیم شدن و ازدیاد، تنوع و تغییراتی را در ماده وراثتی خود تجربه می کنند. این تغییرات می تواند سبب کاهش fitness، سازگاری و مانایی ویروس یا موجود زنده شود که در این صورت به علت عدم توان کافی برای رقابت و ازدیاد نسل، از گردونه رقابت انتخاب طبیعی حذف می شود، یا اینکه این تغییرات شامل بروز صفات جدیدی هستند که سازگاری و مانایی بیشتری به آن موجود مذکور می بخشد. در نهایت می توان نتیجه گرفت به مرور زمان، جامعه آن و موجود که در اینجا منظور کرونا ویروس نوظهور می باشد، قدرتمند تر و قدرتمند تر می شود و تکامل پیدا می کند. برخی از این تغییرات نیز ممکن است صفات خاصی از ویروس را تغییر بدهند که در مقیاس بزرگتر، نرخ ابتلا، زیایی، مقاومت و کشندگی بیشتری را به وجود بیاورند.

اگر نگاهی به مجموعه کرونا ویروس هایی که مدت اخیر در سر تا سر جهان به عنوان عامل بیماری کووید 19 شناخته شده و ژنوم آن ها توالی یابی شده است، می توانیم در یابیم که این ویروس، تا کنون موفق به ثبت 262 جهش در ماده ژنتیکی خود شده است.⁽⁶⁾ برخی از این جهش ها تاثیر چندانی ندارند و تفاوت قابل توجهی را ایجاد نکرده اند، اگر چه برخی دیگر تفاوت های فاحشی را رقم زده اند.

	query acc.ver	subject acc.ver	% identity	alignment length	mismatches	gap opens	q. start	q. end	s. start	29882.2	evaluate	bit score
0	MN997409.1	MT020881.1	99.990	29882	3	0	1	29882	1	29882	0.0	55166
1	MN997409.1	MT020880.1	99.990	29882	3	0	1	29882	1	29882	0.0	55166
2	MN997409.1	MN985325.1	99.990	29882	3	0	1	29882	1	29882	0.0	55166
3	MN997409.1	MN975262.1	99.990	29882	3	0	1	29882	1	29882	0.0	55166
4	MN997409.1	LC522974.1	99.993	29878	2	0	4	29881	1	29878	0.0	55164
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
257	MN997409.1	AY283796.1	79.325	1925	357	35	19	1923	3	1906	0.0	1312
258	MN997409.1	AY282752.2	82.304	17716	2948	169	3956	21577	3868	21490	0.0	15175
259	MN997409.1	AY282752.2	80.063	5417	988	68	22539	27910	22414	27783	0.0	3936
260	MN997409.1	AY282752.2	90.189	1641	142	12	28257	29882	28088	29724	0.0	2121
261	MN997409.1	AY282752.2	79.305	1928	358	35	16	1923	1	1907	0.0	1312

262 rows × 12 columns

تصویر 10. ویروس های شناخته شده تحت عنوان کووید 19، 262 ویروس مختلف

بررسی های انجام شده نشان می دهد عمده این جهش ها در 5 ناحیه بخصوص ژنی رخ داده است.⁽⁶⁾ این نواحی ممکن است سبب افزایش قدرت ویروس شده باشند. این تعداد جهش، از شیوع و رشدی این چینی اصلا بعید نمی باشد. جهش های رخ داده شده و بروز یافته، ممکن است دیر یا زود سبب بروز ویژگی های کلینیکی و روند های بیمارزایی مختلفی شوند که به این ترتیب کار برای ساخت دارو و واکسن و تشخیص به کمک کیت های تشخیصی دشوار تر خواهد شد.

3-3- KPI های عبور از هر مرحله از فرآیند به مرحله بعد

هر یک از مراحل در صورت عملکرد اشتباه، مجدد به مرحله قبلی خود بازگردانی می شوند. به این ترتیب که هر بار شکست خوردن مدل و طراحی مجدد مدل، به کمک یک شبکه عصبی Batch Fit و با لحاظ نمودن اشتباهات گذشته انجام می شود. به این ترتیب در صورت هر بار شکست خوردن مدل در هر یک از مراحل (توجیه روزهای نخستین سارس، توجیه روزهای پایانی سارس، توجیه داده های ابتدایی کووید 19 و...) مدلی صحیح تر طراحی شده است.

6- نتیجه گیری، سناریو های محتمل و برنامه زمانی

پیشبینی قبلتر ارائه شده، موفق به اثبات دقت و صحت این مدل شد. اما اقدام خاصی در این بار رخ نداد و اجرایی نشد. پیش از این که بخواهیم سناریو های محتمل را بر شمارم، بهتر است به مفهومی به نام هم سرنوشتی اشاره کنم. همه ما در جریان این بیماری هم سرنوشت هستیم. چرا که در حال حاضر یک دشمن مشترک داریم و یک هدف مشترک تحت عنوان نابود و ریشه کن ساختن کرونا رو دنبال می کنیم. همه ما درگیر یک سناریو خواهیم شد اما متن آن سناریو انتخابی است که در دست همه ماست. بی توجهی به مسئله این بیماری و عدم اجرایی ساختن تصمیم های اساسی در زمان خود می تواند خسارات جبران ناپذیری به بار آورد و وضعیت را فاجعه آمیز کند. در حالیکه کرونا ویروس را می توان به راحتی و با اجرای چند مورد ساده که پیشتر در کشور چین به صورت موفقیت آمیز انجام شد و نتیجه آن پایانی بر جریان کووید 19 بود، شکست داد و این مهمان ناخوانده را از کشور عزیزمان ایران، بیرون راند.

1-6- سناریو های محتمل؛ چه خواهد شد؟

- **سناریو شماره 1؛** آغاز روند نزولی بیماری از 3 فروردین و پایان یافتن بیماری تا پایان فروردین ماه 1399. ابتلای جمعی 20 هزار بیمار و مرگ 2100 نفر. احتمال وقوع این سناریو 4 درصد محاسبه شده است که با توجه به وضعیت کنونی، بسیار بعید است. (سناریوی کمتر محتمل)
- **سناریو شماره 2؛** ادامه یافتن روند صعودی پیک تا روز 4 فروردین و ابتلای مجموعاً 12 الی 14 هزار بیمار دیگر و مرگ تقریباً 4000 نفر در ایران در کنار ابتلای جمعی 350 هزار بیمار در جهان و مرگ 40 هزار نفر در سر تا سر دنیا. اطلاعات تا 4 فروردین ماه مورد تایید این گزارش می باشد که پیشتر به اثبات آن پرداخته شده است. در صورت مشاهده نشدن پیک دیگر روند بیماری پایان خواهد یافت. (احتمال وقوع این سناریو 16 درصد محاسبه شده است). در صورت حضور پیک های دیگر سناریوی محتمل تر (و بیشتر مورد تایید نگارنده این گزارش) رخ خواهد داد.
- **سناریو شماره 3؛** ادامه یافتن روند صعودی و رشد پیک تا روزهایی بعد از 4 فروردین (اطلاعاتی از قله نیست اما برخی پیشبینی ها به تعبیری قله پیک را 20 فروردین می دانند). دیده شدن روند افولی و پایان بیماری تا خرداد ماه 99. ابتلای جمعی یکصد و ده هزار بیمار تا خرداد ماه (پایان بیماری) و مرگ تقریباً 10 هزار نفر در ایران. ابتلای یک میلیون نفر در جهان. احتمال وقوع این سناریو، در صورت عدم وجود سناریوی دیگر به جز این 4 سناریو، 76 درصد می باشد (سناریوی بیشتر محتمل)
- **سناریوی شماره 4؛** ادامه یافتن روند صعودی و مشاهده پیک های دیگر، مادامی که شرایط مصنوعی عمومی تامین شود. در مدت زمان 18 ماهه این سناریو، 55 الی 70 درصد (44 میلیون نفر) جمعیت ایران به این بیماری مبتلا خواهند

شد و در مجموع 3.5 میلیون نفر در کشورمان جان خود را از دست خواهند داد. اطلاعات سناریوی 4 بر اساس مدل SIR می باشد ⁽⁷⁾ و در این مطالعه به هیچ عنوان اعتبار سنجی نشده است. از صحت این اعداد اطلاعی در دست نیست.

2-6- چه باید کرد؟

قرنطینه افراد و دوری آحادی که در خطر ابتلا هستند، اصلی ترین پیشنهاد می باشد. این کار می تواند ابتلای افراد را تا حد بسیار زیادی کم نمود. (5) حتی علی رغم میل مردم!

تمام پیشبینی ها بر اساس این فرض در نظر گرفته شده اند که تغییری در شرایط کنونی رخ ندهد. منوط به رخ دادن هر تغییری یا هر اثر گلوگاهی دیگری (مثل مداخلات دولتی یا...) این شرایط برهم خواهد خورد و ممکن است پیک مذکور مشاهده نشود یا به شکلی مورد کنترل قرار گیرد.

درواقع اگر تغییری در وضعیت کنونی اتفاق نیافتد، محتمل ترین سناریو، سناریوی شماره 3 خواهد بود.

7- منابع

1. When will the coronavirus outbreak peak? Nature 2020
2. <https://www.mathworks.com/discovery/time-series-regression.html>
3. CHAPTER 4: Temporal Analysis I: Quantifying and Comparing Epidemics Laurence ,V. MaddenGareth Hughes, and Frank van den Bosch 2 Aug 2017
4. Comparison of Epidemics J Kranz Annual Review of Phytopathology 1974
5. Feasibility of controlling COVID-19 outbreaks by isolation of cases and contacts- Lancet, 5 March 2020
6. Machine Learning for Biology: How Will COVID-19 Mutate Next? Genome sequence analysis with K-Means & PCA, Andre Ye
7. شیوع بیماری کرونا در ایران، دانشکده مدیریت و اقتصاد دانشگاه صنعتی شریف، علینقی مشایخی و مرضیه آقایی، 23 اسفند 98