د کابل پوهنتون دطبيعي علومو علمي ـــ څېړنيزه مجله
مجله علـــمی- تحقیقی علــوم طبیعی پوهنتون کابل
Journal of Natural Sciences – Kabul University
e-ISSN:3078-6665 P-ISSN:3078-5561

د نري رنځ د SEIR او SVEIL رياضيکي ماډلونو د جوړښتونو پرتله

محمدحنيف تکل[۱]، نورالله نوری[۲]، عبدالوکيل بيدار[۳]

[۱] د رياضي څانگه، ښووني او روزني پوهنځی، ميرويس خان نيکه لوړو زده کړو موسسه، زابل، افغانستان
[۳،۲] د رياضياتو څانگه، د رياضياتو پوهنځی، کابل پوهنتون، کابل، افغانستان
ايميل: mohammadhaniftakal@gmail.com

لنډيز

د ناروغيو رياضيکي ماډلونه، چې د رياضياتو له نظره د ناروغيو د خپرېدو او کنټرول ميکانيزمونه څېړي، د عامې روغتيا د پاليسي جوړونکو سره د ناروغيو د کنټرول د تگلارو په جوړولو کې مهم رول لوبوي. په دې مقاله کې د نري رنځ لپاره دوه رياضيکي ماډلونه، SEIR او SVEIL تحليل او يو له بل سره پرتله شوي دي. او د دغه ماډلونو بېلابېل اړخونه، لکه د دوی جوړښت، د ثبات تحليل، د اساسي تکثير شميرې، د متحولونو او پارامترونو توپير او د تطبيق ساحې مقايسه شوي دي. ښودل شوې چې *SVEIL* ماډل نسبت SEIR ته هر اړخيز او پراخ دی، په دې ماډل کې واکسين، بريالی تداوي او د ناروغی په وړاندې د معافيت له لاسه ورکولو اغېزې په پام کې نيول شوې دي او تر ډېره حده د ناروغی په هکله واقع بينانه تحليل وړاندې کوي. خو څرنگه چې جوړښت يې پراخ دی نو د ثبات تحليل او اساسي تکثير شميرې محاسبه کولو کې محاسباتي پيچلتياوې لري.

کليدي ټکي: رياضيکي ماډلونه؛ نری رنځ؛ پرتله؛ اساسي تکثير شمېره؛ د تعادلي نقطو ثبات

Comparison of the Structures of SEIR and SVEIL Mathematical Models of Tuberculosis

Mohammad Hanif Takal [1], Noorullah Noori [2], Abdul Wakil Baidar[3]

[1]Department of Mathematics, Mirwais Khan Nika Zabul Institute of Higher Education, Zabul, AF
[2,3]Department of Mathematics, Kabul University, Kabul, Af
Email: mohammadhaniftakal@gmail.com

Abstract

Mathematical models of diseases, which study the mechanisms of disease transmission and control from a mathematical perspective, play a significant role in assisting public health policymakers in designing strategies for disease control. In this paper, two mathematical models of tuberculosis, SEIR and SVEIL, are analyzed and compared. Various aspects of the models, such as their structure, stability analysis, basic reproduction number, differences in variables and parameters, and scope of application, are evaluated. We demonstrated that the SVEIL model is more comprehensive than the SEIR model; it incorporates vaccination and successful treatment, and the loss of immunity against the disease, offering a more realistic analysis of disease dynamics. However, due to its expanded structure, the SVEIL model involves greater computational complexity in conducting stability analysis and calculating the basic reproduction number.

Keywords: Basic Reproduction Number; Comparison; Mathematical Models; Stability Of Equilibrium Points; Tuberculosis

ارجاع: تکل، م. ح.، نوری ن. ا. و بيدار، ع. (۱۴۰۴). د نري رنځ د SEIR او SVEIL رياضيکي ماډلونو د جوړښتونو پرتله. *مجله علمی- تحقیقی علوم طبیعی پوهنتون کابل*، ۸(۲)، ۱۰۳–۱۱۹. https://doi.org/10.62810/jns.v8i2.444

سریزه

د ساري ناروغيو د خپرېدو د درک او کنټرول لپاره، رياضيکي ماډلونه خورا مهمه وسيله ګڼل کېږي. دا ماډلونه زموږ سره مرسته کوي چې د ناروغيو د انتقال مسيرونه وپېژنو، د عامې روغتيا مداخلې و ارزوو، او د راتلونکو ناروغيو د خپرېدو وړاندوينه وکړو.د ساري ناروغيو څخه يو هم نرى رنځ (TB) دی، نرى رنځ يو له هغو ساري ناروغيو څخه ده چې د مخنيوي او درملنې وړ ده ، خو بيا هم نرى رنځ يوه جدي روغتيايي ستونزه پاتې شوې ده .دا ناروغي هغه وخت خپرېږي کله چې ناروغان د ټوخي، پرنجې يا لاړو توکولو له لارې باکترياوې هوا ته خوشې کړي .نرى رنځ عموماً سږي اغېزمن کوي، چې دې ته تنفسي نرى رنځ ويل کېږي؛ خو دا ناروغي کولی شي د بدن نورې برخې هم اغېزمنې کړي، چې دې ته غير تنفسي نرى رنځ وايي (WHO, 2024). د نري رنځ لومړی پړاو، چې پټ (latent) پړاو بلل کېږي، د نښو نښانو نشتوالی لري، او په دې پړاو کې ناروغان ناروغي نورو ته نه انتقالوي (WHO, 2023) . طب او د ساينس بېلا بېلې څانګې د ناروغيو په مخنيوي او کنټرول کې مهم رول لري، سربېره پردې رياضيات هم يو له هغو علومو څخه دي چې د ناروغيو د خپرېدو د تحليل، د ناروغۍ د پېښو د وړاندوينې او د درملنې د ستراتيژيو د اغېز په ارزونه کې مهم رول لوبوي.

رياضيکې ماډلونه د ناروغيو د خپرېدو د ډيناميک د مطالعې لپاره يوه مهمه وسيله ده .دا وسيله د عامې روغتيا پاليسي جوړونکو ته اړين معلومات برابروي، ترڅو د ساري ناروغيو د کنټرول لپاره مؤثر پروګرامونه پلي کړي .په تېرو کلونو کې، بېلابېل ماډلونه د ګڼ شمېر څېړونکو له خوا رامنځته شوي او د بېلابېلو ناروغيو لپاره تطبيق شوي دي (Brady & Enderling , 2019; Kucharski et al., 2020; Mandal et al., 2011; NOORANI, 2012; Twumasi et al., 2019)). ډېرو ليکوالانو د نړۍ په مختلفو سيمو کې د نري رنځ (TB) د خپرېدو بېلابېل ماډلونه مطالعه کړي دي (Khan et al., 2019; Ucakan et al., 2021a; Widyaningsih et al., 2019). څېړونکو د نري رنځ د خپرېدو او کنټرول باندې اغېز لرونکي بېلابېل عوامل څېړلي دي، لکه د واکسين ونډه (Ginting et al., 2024; Zhao et al., 2025)، د بشپړ او نيمګړي درملنې اغېز (Yang et al., 2010)، د بيا انتان امکان (Chinnathambi et al., 2021)، او په ځينو مواردو کې، مهاجرت څېړلی دی (Antunes & Waldman, 2001; Jia et al., 2008).

په ۱۹۶۲ کال کې، والر او همکارانو (WAALER et al., 1962) يې د نري رنځ لپاره لومړی رياضيکې ماډل معرفي کړ دوي نفوس په دري برخو تقسيم کړ. ژاو او همکارانو (Zhao et al., 2017) د ۲۰۰۵ او ۲۰۱٦ کلونو ترمنځ د چين په اصلي برخو کې د نري رنځ د خپرېدو ډيناميک کې د عمر رول وڅېړو،

دوي نفوس د عمر په نظر کې نیولو سره په دري ګروپونو تقسیم کړ: ماشومان، منځني عمر لرونکي او د لوړ عمر کسان. د آسیا-پسیفیک سیمو کې چې د نري رنځ کچه لوړه ده، تراور او همکارانو (Trauer et al., 2014) یو ریاضیکي ماډل وړاندیز کړ ترڅو د نري رنځ د خپرېدو مطالعه وکړي. اوجاکان او همکارانو (Ucakan et al., 2021b) په ترکیه کې د نري رنځ د خپرېدو لپاره ساده SIR[1] ، SEIR[2] او BSEIR[3] ماډلونه مطالعه کړل او د دوي پایلې یې پرتله کړي، دوي وښودل چې BSEIR ماډل د نورو دوو ماډلونو په پرتله دقیق دی .احسان او همکارانو (Ullah et al., 2023) د درملنې او پوهې اغېز د نري رنځ انتان باندې د یو نوې ماډل په کارولو سره مطالعه کړ، چې دا ماډل د خپرېدو، درملنې، او پوهاوي ترمنځ پېچلې اړیکه ښيي.

له ګڼ شمېر ماډلونو څخه، د SEIR ماډل یې تر ټولو مشهور او ساده ماډلونو څخه دی، چې د ډېرو ساري ناروغیو، لکه نري رنځ، انفلونزا، کوویډ-۱۹، او نورو لپاره کارول شوی دی. دا ماډل ټول وګړي په څلورو ډلو[4] وېشي، او د ناروغۍ د خپرېدو د دینامیک ساده انځور وړاندې کوي. یو هم د SVEIL ماډل دی چې د مختلفو ساري ناروغیو په ځانګړي ډول نري رنځ لپاره کارېږي، په دې مقاله کې به موږ د همدې دواړه ماډلونو SEIR او SVEIL چې په (Kereyu & Demie, 2021) او (Mengistu & Witbooi, 2019) منابعو کې په ترتیب سره وړاندې شوي مقایسوي تحلیل ترسره کړو. موخه داده چې د دواړو ماډلونو جوړښت، پارامترونه، او د کارونې ساحې تشریح او پرتله کړو، تر څو پوه شو چې کوم ماډل په کومو شرایطو کې مؤثره نتیجه ورکوي ، د هر ماډل ځانګړنې او د استعمال ساحې به تفکیک کړو. نري رنځ (TB) یوه ساري او وژونکي ناروغي ده چې لا هم په نړیواله کچه د عامې روغتیا لپاره جدي ګواښ ګڼل کېږي. د دې ناروغۍ د درک، کنټرول، او ړېښې ایستنې لپاره، ریاضیکي ماډلونه یو له مؤثرو علمي وسیلو څخه دي. دغه ماډلونه مرسته کوي چې د TB د خپرېدو میکانیزمونه تشریح کړو، د مداخلو ارزونه وکړو، او د اوږدمهاله پایلو وړاندوینه وکړو.

د څېړنې تګلاره

د ناروغیو د خپرېدو شکل ته په کتلو سره د ماډلونو جوړښت هم تغیر کوي. دلته چې کوم دوه ماډلونه مطالعه کېږي دیترمینیستیک ماډلونه دي، چې ریاضیکي شکلونه یې د معمولي غیري خطي تفاضلي معادلو سیستمونه تشکیلوي. د دې ماډلونه تعادلي نقطې په دوه ډولونو ویشل شوي دي: د ناروغۍ څخه

[1] Susceptible- Exposed -Infectious
[2] Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered
[3] Bcg-Vaccinated- Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered
[4] compartments

پاکه تعادلي نقطه[5] (DFE) او انډیمیک تعادلي نقطه[6] (EE) د دې نقطو د لاسته راوړلو لپاره د هر ماډل مربوطه سیستم ښی لوری له صفر سره په مساوي کولو سره لاسته راوړلای سو، د ماډلونود DFE او EE نقطو د محلي ثبات د معلومولو لپاره د ژاکوبی متریکس څخه استفاده کیږي او د روت هرویتز میتود په مرسته یي ثبات څېړل کیږي. د ماډلونو د کیفي چلند د تحلیل لپاره، موږ اړتیا لرو چې د بنسټیز تولید شمېره محاسبه کړو .دا یو مهم حدي قیمت دی چې په $\mathcal{R}_0$ سره ښودل کیږي ؛ دیکمن او همکارانو (Diekmann et al., 1990) یې داسي تعریف کړی "په ناروغي د یوه اخته شوي کس له خوا په بشپړ ډول حساس نفوس کې د اوسط ثانوي انتاناتو له شمېر څخه عبارت دی". دا ښیي چې یو اخته شوی کس به په اوسط ډول څو نور کسان په ناروغی اخته کړي. د لاسته راوړلو لپاره یي د راتلونکې نسل اپراتور میتود (Next-Generation operator technique) کارول کیږي، دا میتود په (Driessche & Watmough, 2005) کې وړاندې شوی دی. د ماډلونو پارامترونه له تیرو څېړنو ، معلوماتو او ډاټا څخه لاسته راوړلای کیږي او ځینې نور یې د (least square curve fitting) میتود په مرسته په Matlab کې محاسبه کولای شو.

موندني

د *SEIR* ماډل جوړښت

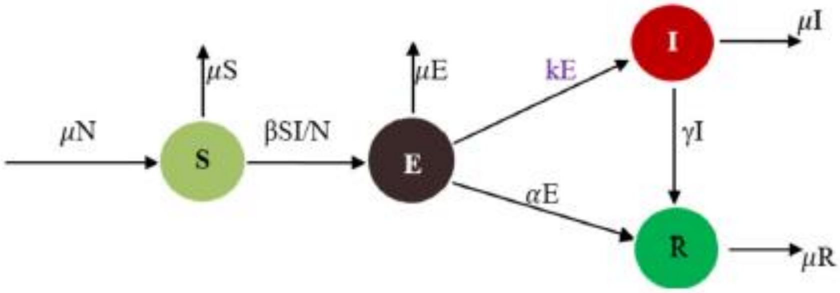
د SEIR ماډل یو له ساده ماډلونو څخه دی، دا ماډل د مطالعې لاندې ټولنه د دوی د ناروغی د وضعیت له مخې په څلورو برخو وېشي، چې عبارت دي له:

- حساس کسان (S) :هغه کسان دي چې لا تر اوسه د نري رنځ (TB) په باکتریا نه دي اخته شوي، خو د اخته کېدو احتمال لري؛مواجه شوي کسان(E) :هغه کسان دي چې تازه د نري رنځ وایروس ورته منتقل شوی، خو لا یې ناروغي فعاله نه ده؛
- انتقالوونکي کسان (I) :هغه کسان دي چې په ناروغی اخته دي او کولی شي نور کسان هم اخته کړي؛روغ شوي کسان (R) :هغه کسان دي چې له ناروغی څخه رغېدلي دي.

فرضوو چې ټول نفوس N ثابت پاتې کیږي (یعنې د طبیعي زیږون او مړینې کچه سره برابره ده، او کډوالي یا مهاجرت نه شته) او د نري رنځ له امله مړینې نه واقع کیږي. نو د زیږون او مړینې طبیعي نرخ μ دی. همداراز، فرضوو چې یو شخص لومړی په ناروغی اخته کسانو سره د تماس له لارې په ناروغی

[5] Disease free equilibrium
[6] Endemic equilibrium

اخته کېږي، خو سمدلاسه ناروغي نه انتقالوي. يعنې، تر ابتدايي اخته کېدو وروسته، شخص يو پټ پړاو تېروي او بيا يا خو ښه کېږي(کله چې دفاعي سيستم باکتريا له منځه وړي). او يا هم ناروغي په فعال شکل را څرګنديږي ، په دې حالت کې ناروغي انتقالوي، هغه اندازه خلک چې حساس حالت ته داخليږي، د μN اندازه دي. له دې کچې نه د حساسو کسانو د مړينې کچه μS، او د هغو حساسو کسانو کچه $\frac{\beta SI}{N}$چې انتقالي کسانو سره د تماس له لارې اخته کېږي ، منفی کېږي. له مخامخ شويو کسانو څخه، هغه چې مري μE ، هغه چې انتاني کېږي kE ، او هغه چې رغېږي αE ، له $\frac{\beta SI}{N}$ تفريق کېږي. د دې لپاره چې څرګنده شي خلک څنګه انتاني حالت ته داخليږي، له kE نه د انتقالي کسانو د مړينې کچه μI ، او د رغېدنې کچه γI تفريق کېږي. وروستی معادله هغه کچه تشريح کوي چې خلک څنګه له ناروغی رغېږي؛ يعنې، هغه کسان چې انتاني حالت ته نه ځي αE ، له E نه R ته انتقاليږي، او هغه چې له انتاني حالت نه رغېږي γI ، له I نه R ته انتقاليږي. له دې شمېرې نه، د رغېدلو کسانو د مړينې کچه μR تفريق کېږي. دا ماډل په (لومړي انځور) کې ښودل شوی دی.



لومړی انځور: د SEIR ماډل دياګرام (Kereyu & Demie, 2021)

د دې ماډل دياګرام په اساس د ماډل ډيناميک د لاندې معمولي تفاضلي معادلو يو سيستم دی

$$
\begin{aligned}
\frac{dS}{dt} &= \mu N - \mu S - \beta S\frac{I}{N},\\
\frac{dE}{dt} &= \beta S\frac{I}{N} - (\mu + k + \alpha)E,\\
\frac{dI}{dt} &= kE - (\mu + \gamma)I,\\
\frac{dR}{dt} &= \alpha E + \gamma I - \mu R,
\end{aligned}
\qquad (۱)
$$

چې د لاندې اوليه شرايطو درلودونکی دی

$$S(0) = S_0 \geq 0, \ \ E(0) = E_0 \geq 0, I(0) = I_0 \geq 0, \ \ R(0) = R_0 \geq 0.$$

که په (۱) سیستم کې د R څخه صرف نظر وکړو، نو کولای شو پورته سیستم په لاندي ډول ولیکو

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \mu N - \mu S - \beta S \frac{I}{N}, \\ \frac{dE}{dt} &= \beta S \frac{I}{N} - (\mu + k + \alpha), \\ \frac{dI}{dt} &= kE - (\mu + \gamma) I. \end{aligned} \qquad (۲)$$

د SEIR ماډل تحلیل

مثبت والی او محدودیت. دا چې ماډل نفوسو پوري اړه لري نو ټول متحولونه باید د $t > 0$ لپاره مثبت وي، د دې لپاره چې دا وښیو لاندي قضیه بیانوو.

۱. قضیه: د لومړي ماډل اولیه شرایط غیر منفي دي، نو د (۱) سیستم د حلونو سټ

$$\mathcal{G} = \{S(t), E(t), I(t), R(t)\},$$

د هر $t > 0$ لپاره غیر منفي دی.

مثبته ثابته ساحه. د لومړي ماډل لپاره یوه بیولوژیکي معنا لرونکې ساحه $\Gamma \subset R_+^4$ داسې تعریفوو:

$$\Gamma = \{S(t), E(t), I(t), R(t) \in R_+^4 \mid S(t) + E(t) + I(t) + R(t) \leq \frac{\Lambda}{\mu}\}.$$

۲. قضیه: د Γ سټ په $\mathbb{R}_+^4$ ساحه کې مثبت ثابت پاتي کیدونکی ټرلی سټ دی.

د اساسي تکثیر شمېره او تعادلي نقطې. د (۱) ماډل اساسي تکثیر شمېره $\mathcal{R}_0$ چې د راتلونکې نسل اپراتور میتود (Next-Generation operator technique) پواسطه لاسته راوړل سوې عبارت ده له

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta k}{(\mu + k + \alpha)(\mu + \gamma)}.$$

د (۲) ماډل تعادلي نقطې په دوه ډولونو ویشل شوي دي: د ناروغی څخه پاکه تعادلي نقطه[7] (DFE) او انډیمیک تعادلي نقطه[8] (EE) چې په ترتیب سره په لاندي ډول دي

$$E_1 = (N, 0, 0),$$

[7] Disease free equilibrium
[8] Endemic equilibrium

او

$$E_2 = \left(\frac{N}{\mathcal{R}_0}, \frac{\mu N(\mu+\gamma)}{\beta k}(\mathcal{R}_0 - 1), \frac{\mu N}{\beta}(\mathcal{R}_0 - 1)\right).$$

لاندي قضيې د (۲) سیستم دثبات اړوند دي.

۳. قضيه :که چيري $\mathcal{R}_0 < 1$ وي ؛ نو د DFE یعني E_1 د (۲) ماډل محلي مجانبي ثبات (LAS) لري.

۴. قضـــيه: که چيري $\mathcal{R}_0 > 1$ وي ؛ نو د EE یعني E_2 د (۲) ماډل محلي مجانبي ثبات (LAS) لري.

پورته قضيې د ژاکوبي متريکس په مرسته، د سيستم د مشخصه قيمتونو په نظر کې نيولو سره ثبوتيږي. دا چې دا يو ساده سيستم دی نو ثبوت يې پيچلی نه دی او د ثبوت څخه يې صرف نظر کوو.

د ماډل د پارامترونو محاسبه کول. په SEIR ماډل کې پارمترونه عبارت دي له: μ (د مړيني کچه)، β (د ناروغی د انتقال ضريب) ، k (د انتقال کچه له latentڅخه اخته شويو ته)، α (د رغيدو کچه له latent څخه R ته) او γ (د رغيدو کچه له اخته شويو څخه R ته). د دې پارامترونو څخه يې ځينې کولای شو له ډاټا څخه محاسبه کړو خو ځينې نور يې کولای شو د[9] ميتود په مرسته محاسبه کړو.

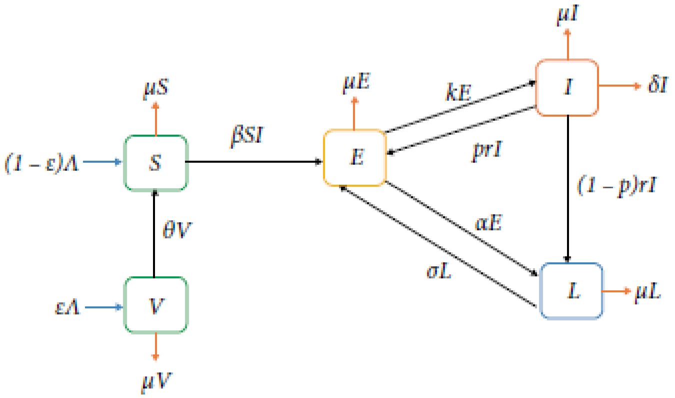
د *SVEIL* ماډل جوړښت

دا ماډل په t وخت کې، ټول نفوس $N(t)$ ، په پنځو فرعي ګروپونو ويشي: حساس $S(t)$ ، واکسين شوي $V(t)$ ، $E(t)$ د لوړ خطر پټ اخته[10] دا هغه کسان دي چې ميکروب يې په بدن کې پټ دی ناروغي نه انتقالوي ، خو لوړ خطر لري چې وروسته د ناروغی په فعال شکل اخته شي او نورو ته يې انتقال کړي. $I(t)$ اخته شوي کسان او $L(t)$ د ټيټ خطر پټ اخته کسان[11]. موږ فرضوو چې نفوس ته د نوو افرادو د داخليدو کچه Λ ده، او يو څه برخه $\varepsilon\Lambda$ به يې د زيږون پر مهال واکسين ترلاسه کړي، چيرې چې $1 \leq \varepsilon \leq 0$ دی. د مړينې کچه هغه مړينه چې د TB له امله نه وي (د هر ټولګي لپاره يوشان فرض شوې ده) او μ سره ښودل شوې ده .د TB له امله مړينه يوازې په I ټولګي کې پېښيږي، چې کچه يې δ ده .د BCG[12] واکسين مؤثريت بشپړ نه دی؛ له همدې امله، فرض کيږي چې يو څه برخه واکسين شوي افراد به د باکتريا پر وړاندې حساس پاتې شي، چې کچه يې θ ده. β د انتقال

[9] least square curve fitting
[10] High-Risk latently infected
[11] Low-Risk latent
[12] Bacillus Calmette-Guérin

ضریب دی، حساس افراد کولی شي د β په کچه په TB اخته شي. د E ټولګي لپاره د درملنې کچه αسره ښودل شوې ده. فرضوو چې د E ټولګي نه تداوي شوي برخه به په فعال TB بدله شي، چې کچه یې k ده. که چیرې د I ټولګي لپاره درملنه د r په کچه تطبیق شي، نو یو څه برخه به یې په سمه توګه درملنه بشپړه کړي، چې کچه یې $r(1 - p)$ ده، چیرې چې $0 \leq p \leq 1$ رغېدلو افرادو ته L ټولګي ته انتقال ورکول کېږي، ځکه ځینې وختونه درملنه نشي کولی د TB باکتریا له بدن څخه په بشپړه توګه له منځه یوسي. له همدې امله، رغېدلي او د ټیټ خطر پټ اخته افراد $L(t)$ په یوه ټولګي کې طبقه بندي شوي دي .فرضوو چې د نري رنځ پر وړاندې دایمي معافیت نشته؛ له همدې امله، یو څه برخه رغېدلي (د ټیټ پټ انتان لرونکي) افراد کولی شي خپل معافیت له لاسه ورکړي او بیا د لوړ پټ انتان لرونکي شي، چې د بیا فعالېدو کچه یې σ ده. همدارنګه موږ فرضوو چې د دې ماډل لپاره ټول پارامترونه غیر منفي دي.

د دې فرضیو پر بنسټ، لاندې ډیاګرام (دوهم انځور) لاسته راځي چې د پنځه واړه ټولګیو ترمنځ اړیکې ښیي.



دوهم انځور: د SVEIL ماډل دیاګرام(Mengistu & Witbooi, 2019)

د پورته تعریفونو، فرضیو او د متحولونو ترمنځ اړیکو پراساس، د TB ډینامیک بیان لپاره د معمولي تفاضلي معادلو (ODE) لاندې سیستم تشکیلیږي:

$$\frac{dS}{dt} = (1 - \varepsilon)\Lambda + \theta V - \beta S\, I - \mu S,$$

$$\frac{dV}{dt} = \varepsilon\Lambda - (\theta + \mu)V,$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta S I + p r I + \sigma L - (k + \alpha + \mu)E, \qquad (۳)$$
$$\frac{dI}{dt} = kE - (\mu + r + \delta)I,$$
$$\frac{dL}{dt} = (1 - p)r I + \alpha E - (\mu + \sigma)L,$$
$$N(t) = S(t) + V(t) + E(t) + I(t) + L(t).$$

د SVEIL ماډل تحلیل

مثبت والی او محدودیت. ۵. قضیه: د غیر منفي لومړنیو شرایطو سره، د (۳) ماډل د حل ساحه په لاندي ډول ده:

$$\Gamma = \{S(t), V(t), E(t), I(t), L(t) \in R_+^5 \mid N(t) \leq \frac{\Lambda}{\mu}\},$$

چیري چې $N(t)$ د (۳) رابطې اخېري معادله ده.

د اساسي تکثیر شمېره او تعادلي نقطې. څرنګه چې SVEIL ماډل پنځه ټولګي لري او د پارامترونو شمیر یي هم نسبت SEIR ته ډیر دی؛ نو د تکثیر اساسي شمېره $\mathcal{R}_0$ یې د اوږدو محاسباتو په مرسته لاسته راځي. د اساسي تکثیر شمېره هم د (Next Generation Matrix) میتود په واسطه لاسته راوړو. او $\mathcal{R}_0$ یې په لاندي ډول ده:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{Y_1}{\mu\,(\theta + \mu)(Y_2 + Y_3)}, \qquad (۴)$$

چیري چې

$$Y_1 = k\beta\Lambda[\theta + \mu\,(1 - \varepsilon)](\mu + \sigma),$$
$$Y_2 = \mu\,(r + \delta + \mu)(\alpha + \mu + \sigma),$$
$$Y_3 = k\,\{r\mu\,(1 - p) + (\delta + \mu)(\mu + \sigma)\}.$$

د (۲) سیستم DFE نقطه په لاندي ډول ده

$$P_0^* = (S_0^*, V_0^*, 0,0,0),$$

داسي چې $S_0^* = \frac{\mu\,(1-\varepsilon)}{\theta+\mu}\frac{\Lambda\theta}{\mu}$ او $V_0^* = \frac{\varepsilon\Lambda}{\theta+\mu}$ دي. او EE یي لاندي شکل لري:

$$P^* = (S^*, V^*, E^*, I^*, L^*),$$

چیري چې

$$S^* = \frac{\Lambda[\theta + \mu\,(1 - \varepsilon)]}{\mathcal{R}_0(\theta + \mu)},$$

$$V^* = \frac{\varepsilon\Lambda}{\theta + \mu},$$

$$E^* = \frac{(r + \delta + \mu)\mu}{k\beta}(\mathcal{R}_0 - 1),$$

$$I^* = \frac{\mu}{\beta}(\mathcal{R}_0 - 1),$$

$$L^* = \frac{\mu(kr(1 - p)\alpha(r + \delta + \mu)\mu}{k\beta(\mu + \sigma)}(\mathcal{R}_0 - 1).$$

٦. قضیه: که چیري $\mathcal{R}_0 < 1$ وي؛ نو د DFE یعني E_1 د (۲) ماډل محلي مجانبي ثبات (LAS) لري.

۷. قضـــیه: که چیري $\mathcal{R}_0 > 1$ وي؛ نو د EE یعني E_2 د (۲) ماډل محلي مجانبي ثبات (LAS) لري.

د SVEIL پارامترونه عبارت دي له: δ، Λ، ε، θ، β، α، k، r، p او σ هر یو یې مخکې تشریح شوي دي.

د SEIR ماډل یو ساده ریاضیکي ماډل دی چې د ناروغیو د خپریدو د ډینامیک لپاره کاریږي، دا ماډل څلور برخې (Compartments) لري، دې ماډل کې د ناروغی له امله رامنځته کیدونکي مړینه، واکسین، دویم ځلي په ناروغی اخته کېدل په نظر کې نه دي نیول شوي. دا یو ساده ماډل دی چې د عمومي ساري ناروغیو تحلیل لپاره کاریږي، خو د واقعیتونو ډېرو اړخونو ته پاملرنه نه کوي. بل خوا SVEIL نسبت SEIR ته یو پراخ ماډل دی چې تر ډیره د پیچلو ناروغیو، لکه نري رنځ لپاره مناسب دی، ځکه د واکسین، درملنې مرحلو، او معافیت له لاسه ورکولو اغېزې پکې شاملې دي. که څه هم SVEIL محاسباتي پیچلتیا لري، خو د ناروغیو د خپرېدو د دقیق تحلیل لپاره ډېر مناسب دی. نو د نري رنځ یا ورته ناروغیو لپاره، SVEIL تر SEIR غوره ماډل دی، ځکه د ناروغی طبیعت او وقایوي تدابیر ښه انعکاسوي.

بحث او مناقشه

د SEIR ماډل یو ساده څلور برخې لرونکی ریاضیکي ماډل دی چې حساس S، مخفي/ مواجه E، په نارورغی اخته I او رغېدونکي R افراد پکې شامل دي، د دې ماډل ریاضیکي شکل د معمولي غیر خطي دیفرانیسلي معادلو سیستم دی. په دې ماډل کې یو حساس کس لومړی انتاني کېږي داسي چې

نورو ته ناروغي نه خپروي چې دې ته د پټ انتان مرحله وايي، وروسته له دې شخه که انتان د تداوی یا بدن د مقاومت پواسطه له منځه لاړ شي نو افراد R ټولګي ته ځي، خو که ناروغي پرمختګ وکړي په دې مرحله کې نو بیا I ټولګي ته داخلیږي، همدارنګه په دې ماډل کې د نري رنځ له امله مړینه په نظر کې نه ده نیول شوي، چې د ا د ناروغی له واقعیتونو سره ډیره نږدې نه ده ځکه د نري رنځ او ځینې نورو ساري ناروغیو له امله انسانان ژوند له لاسه ورکوي. د I ټولګي شخه افراد وروسته له تداوی د رغېدو ټولګي R ته داخلیږي، د R شخه وروسته افراد کوم بل ټولګي ته نه ځي دا خبره دا مفهوم ورکوي چې دلته د رغېدونکو لپاره مکمل معافیت فرض شوی دی.

د مختلفو ناروغیو د بېلګې په ډول نري رنځ لپاره واکسین هم وجود لري چې مشهور یې BCG واکسین دی خو په دې ماډل کې په نظر کې نه دی نیول شوی، همدارنګه د I ټولګي کې د ناروغی له امله مړینه رامنځته کیږي خو دلته صرف نظر ورڅخه شوی دی. همدارنګه کامیابه تداوي هم په نظر کې نیول شوې نه ده.

خو SVEIL داسي یو ماډل دی چې پنځه برخې[۱۳] لري چې حساس S ، واکسین شوي V ، لوړ پټ انتان لرونکي E ، په نارورغی اخته I او ټیټ پټ انتان لرونکي L لري. د دې ماډل ریاضیکي شکل د SEIR په شان د معمولي غیر خطي دیفرانیسلي معادلو سیستم دی. په دې ماډل کې latent یا پټ انتان لرونکي په دوو برخو ویشل شوي چې ټیټ پټ انتان لرونکي او لوړ پټ انتان لرونکي پکې شامل دي، او دا له ځینو ناروغیو د بېلګې په ډول نري رنځ سره ښه موافقت لري، ځکه په دې ناروغی کې یادي مرحلي وجود لري، په دې ماډل کې واکسین شوي V دي دا چې د واکسین لپاره نیمګړی معافیت نظر کې نیول شوی نو هغه کسان چې واکسین شوي او د ناروغی په وړاندي وروسته له یو څه وخته خپل معافیت له لاسه ورکړی هغه کسان S ته دا خلیږي، همدارنګه S افرادو د داخلېدو کچه Λ ده. حساس افراد S لومړی لوړ پټ انتاني E کېږي، وروسته که درملنه وشي نو ټیټ پټ انتان لرونکي L ته داخلیږي، له همدې امله، رغېدلي او د ټیټ پټ انتان لرونکي افراد $L(t)$ په یوه ټولګي کې طبقه بندي شوي دي، دا چې د نري رنځ لپاره معافیت نشته نو رغېدلي یا ټیټ پټ انتان لرونکي ممکن بیرته لوړ پټ انتاني E شي، همدارنګه که تداوي ونه شي یا کامیابه نه وي نو لوړ پټ انتاني E د I ټولګي ته چې د ناروغی فعال شکل دی ځي.

۱۳ Compartments

د I ټولګي لپاره درملنه د r په کچې سره تطبيق کېږي او $r(1-p)$ يي هغه برخه ده چې کاميابه درملنه ترلاسه کوي ، دا کسان L ته ځي. او هغه چې کاميابه درملنه نه ترلاسه کوي rp دي. چې E ته ورګرځي. نفوس N په دواړو ماډلونو کې ثابت فرض شوی دی. د *SEIR* د تکثير اساسي شمېره= $\mathcal{R}_0$ $\beta k/((\mu+k+\alpha)(\mu+\gamma)$ ده، خو دSVEIL د توليد اساسي شمېره يوه پيچلې معادله ده چې (۴) کې تعريف شوي ده. د د *SEIR* پارامترونه عبارت دي له: μ ، β ، k، α او γ څخه، په داسي حال کې چې د SVEIL پارمترونه μ, δ، Λ، ε، θ، β، α، k، r، p او σ څخه عبارت دي. په دي ماډل کې کاميابه درملنه $(1-p)$ ، معافيت له لاسه ورکول σ ، د نري رنځ د مړيني کچه δ ، هغه کسان چې د واکسين وروسته معافيت د لاسه ورکوي θ او هغه کسان چې واکسين شوي ε دي، دا هغه پارامترونه دي چې په *SEIR* کې شتون نه لري، د *SVEIL* ماډل پراخ دی او تر ډيره حده د ناروغی په هکله واقع بينانه تحليل وړاندي کوي. په دواړو ماډلونو کې کله چې $\mathcal{R}_0 < 1$ وي، د ناروغی څخه پاکي تعادلي نقطې (DFE) ثبات لري او که $\mathcal{R}_0 > 1$ وي، انډيميک تعادلي نقطه (EE) ثبات لري. د دواړو ماډلونو $\mathcal{R}_0$ د Next-Generation Matrix پواسطه محاسبه شوی دی. دا چې *SEIR* نسبت *SVEIL* ته ساده دی؛ نو $\mathcal{R}_0$ محاسبه کول يي ساده دي خو برعکس د *SVEIL ماډل* $\mathcal{R}_0$ محاسبه کول پراخو رياضيکي عمليو ته ضرورت لري، د (DFE) او (EE) د ثبات (Stability) محاسبه کولو پروسه د ماډلونو جوړښت ته په کتو سره توپير لري. دا چې په نري رنځ کې د واکسين پوښښ موثر دی، نو په هغو ساحو کې چې د نري رنځ ناروغی لپاره واکسين تجويز کېږي هلته د نري رنځ رياضيکي تحليل لپاره *SVEIL* يو مناسب ماډل دي.

همدارنګه اوجاکان او همکارانو(۲۰۲۱) يي د نري رنځ د خپرېدو لپاره چي کوم ساده ماډلونه SIR ، SEIR او BSEIR ماډلونه مطالعه کړل او د دوي پايلې يې پرتله کړي، دوي وښودل چې BSEIR ماډل د نورو دوو ماډلونو په پرتله دقيق او مناسب دی. زموږ موندني هم دا ښيي چي SVEIL د SEIR په پرتله ښه او مناسب دی. البته BSEIR او SVEIL جوړښتونه په ځينو پارامترونو کي توپير سره لري.

همدارنګه (۲۰۱۹) چي کوم ماډل مطالعه کړی دوي د latent (انتان پټه مرحله) په دوو برخو کمزوې او قوي مرحلو ويشلې او هم يي تداوي د يوه متحول په حيث په نظر کې نيولې ده، خو واکسين يې په نظر کې نه دی نيولی. په داسي حال کې موږ چي کوم ماډلونه تحليل او مقايسه کړل په SVEILکې هم د latent (پټ انتان مرحله) په دوو برخو ويشل شوې ده خو تداوي د يوه پارامتر په شکل په نظر کې نيول شوې او هم واکسين وجود لري.

په دې دواړو ماډلونو کې ځينې محدوديتونه وجود لري. د بېلګې په ډول د درملوسره مقاومت، مهاجرت، عمر او د نري رنځ سره يو ځای د يوې بلې ساري ناروغی درلودل هغه څه دي چې په دې ماډلونو کې په نظر کې نه دي نيول شوي. په عمومي ډول ويلای شو چې د SEIR ماډل ټولګې (compartments) او پارامترونه کم دي، نو په همدې اساس يې ډيناميکي چلند تحليلول اسانه او ساده دی، خو د ناروغيو په هکله ښه واقع بينانه تحليل نه شي وړاندې کولای.

پايلې

رياضيکي ماډلونه د ناروغيو د خپرېدو د ديناميک د مطالعې لپاره يو مهمه وسيله ده .دا وسيله د عامې روغتيا پاليسي جوړونکو ته اړين معلومات برابروي ترڅو د ساري ناروغيو د کنټرول لپاره مؤثر پروګرامونه پلې کړي .په تېرو کلونو کې، بيلابيل ماډلونه د ګڼ شمېر څېړونکو له خوا رامنځته شوي او د بيلابيلو ناروغيو لپاره تطبيق شوي دي.په دې څېړنه کې موږ د نري رنځ دوه رياضيکي ماډلونو SEIR او SVEIL جوړښت پرتله کړل، دلته موږ د دې ماډلونو مختلف اړخونه وڅېړل، موږ وښودل چې که څه هم د SVEIL ماډل جوړښت ، د ثبات تحليل، اساسي تکثير شمېره $\mathcal{R}_0$ لاسته راوړل محاسباتي پيچلتيا لري خو دا چې ډېر ټولګې لري، او همدارنګه د ناورغی لپاره واکسين، د تداوي کچه او د ناروغی په وړاندې د معافيت له لاسه ورکولو اغيزې پکې شاملې دي، نو د نري رنځ يا ورته ناروغيو لپاره، SVEIL نسبت SEIR ته غوره ماډل دی، ځکه د ناروغی طبيعت او وقايوي تدابير ښه انعکاسوي. او د ناروغيو په هکله تر ډېره واقع بينانه تحليل وړاندې کولای شي. نو د رياضياتو له نظره د نري رنځ يا دېته ورته نورو ساري ناروغيو د رياضيکي موډل بنديو لپاره SVEIL نسبت SEIR ته ښه انتخاب دی.

د دې څېړنې موخه د نري رنځ د خپرېدو د SEIR او SVEIL رياضيکي ماډلونو تحليل او مقايسه وه، خو څېړنه يو شمېر محدوديتونه هم لري. دا څېړنه يوازې د نري رنځ په رياضيکي ماډلونو تمرکز لري او نورې انتاني ناروغی پکې نه دي شاملې شوې، چې د ماډلونو د عمومي تطبيق وړتيا محدوده کوي. موږ يوازې دوه ټاکلي ماډلونه تحليل کړي؛ دا پداسې حال کې ده چې نور پرمختللي يا بديل ماډلونه ممکن لا مؤثرې پايلې ورکړي. له واقعي معلوماتو سره د ماډلونو تطبيق د ماډل په انتخاب کې مهم رول لري ، خو دلته په واقعي معلوماتو باندې د يادو ماډلونو تطبيق نه دی مقايسه شوی.

وړانديزونه

وړانديز کېږي که د رياضيکي ماډلونو په مرسته په افغانستان کې د نري رنځ پرمختګ په راتلونکي کې د ناروغيو د پرمختللو ماډلونو په مرسته تحليل شي، دا به د نري رنځ په کنټرول کې مهم وي. همدارنګه

د کنټرول غوره ستراتیژی که د ریاضیکي نظره تحلیل شي ، تر څو د يادي ناروغی د کنټرول غوره د مخنيوي ستراتيژي وپيژندل شي.

مننليک

موږ د کابل پوهنتون د رياضياتو پوهنځي مننه کوو چې د دې څېړنې په ترسره کولو کې يې زموږ سره تخنيکي او علمي مرسته وکړه. د دوی همکاري او لارښوونې زموږ د څېړنيز کار د پیاوړتیا لپاره بنسټيز رول ولوباوه.

د ليکوالانو ونډه

نورالله نوري د مقالې مفهوم وړاندي کړی ، د څېړنيز کارونو څخه يې نظارت او د مقالې کتنه ترسره کړې. محمدحنیف تکل د موندنو، میتودلوژي او تحليل برخه او همدارنگه د مقالې ليکل ترسره کړي. او عبدالوکيل بيدار د مقالې د مناقشې برخه او د مقالې کتنه ترسره کړېده.

د گټو ټکر

ليکوالان تصديق کوي چې د دې مقالې په تړاو هېڅ ډول د گټو ټکر شتون نه لري.

اخځلیکونه

Antunes, J. L. F., & Waldman, E. A. (2001). The impact of AIDS, immigration and housing overcrowding on tuberculosis deaths in São Paulo, Brazil, 1994–1998. *Social Science & Medicine*, *52*(7), 1071–1080. https://doi.org/10.1016/S0277-9536(00)00214-8

Brady, R., & Enderling, H. (2019). Mathematical Models of Cancer: When to Predict Novel Therapies, and When Not to. *Bulletin of Mathematical Biology*, *81*(10), 3722–3731. https://doi.org/10.1007/S11538-019-00640

Chinnathambi, R., Rihan, F. A., & Alsakaji, H. J. (2021). A fractional-order model with time delay for tuberculosis with endogenous reactivation and exogenous reinfections. *Mathematical Methods in the Applied Sciences*, *44*(10), 8011–8025. https://doi.org/10.1002/MMA.5676

Ginting, E., Aldila, D., & Febiriana, I. H. (2024). A deterministic compartment model for analyzing tuberculosis dynamics considering vaccination and reinfection. *Healthcare Analytics*, *5*, 100341. https://doi.org/10.1016/J.HEALTH.2024.100341

Diekmann, O., Heesterbeek, J. A. P., & Metz, J. A. J. (1990). On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations. *Journal of Mathematical Biology*, *28*(4), 365–382. https://doi.org/10.1007/BF00178324/METRICS

Driessche, P. Van Den, & Watmough, J. (n.d.). *Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission*. *March 2005*, 1–21.

Jia, Z.-W., Tang, G.-Y., Jin, Z., Dye, C., Vlas, S. J., Li, X.-W., Feng, D., Fang, L.-Q., Zhao, W.-J., & Cao, W.-C. (2008). Modeling the impact of immigration on the epidemiology of tuberculosis. *Elsevier*, *73*, 437–448. https://doi.org/10.1016/j.tpb.2007.12.007

Mengistu, A., & Witbooi, P. J. (2019). Modeling the Effects of Vaccination and Treatment on Tuberculosis Transmission Dynamics. *Journal of Applied Mathematics*, *2019*. https://doi.org/10.1155/2019/7463167

Kereyu, D., & Demie, S. (2021). Transmission dynamics model of Tuberculosis with optimal control strategies in Haramaya district, Ethiopia. *Advances in Difference Equations*, *2021*(1), 1–22. https://doi.org/10.1186/S13662-021

Khan, M. A., Ahmad, M., Ullah, S., Farooq, M., & Gul, T. (2019). Modeling the transmission dynamics of tuberculosis in Khyber Pakhtunkhwa Pakistan. *Advances in Mechanical Engineering*, *11*(6). https://doi.org/10.1177/1687814019854835

Kucharski, A. J., Russell, T. W., Diamond, C., Liu, Y., Edmunds, J., Funk, S., Eggo, R. M., Sun, F., Jit, M., Munday, J. D., Davies, N., Gimma, A., van Zandvoort, K., Gibbs, H., Hellewell, J., Jarvis, C. I., Clifford, S., Quilty, B. J., Bosse, N. I., … Flasche, S. (2020). Early dynamics of transmission and control of COVID-19: a mathematical modelling study. *The Lancet Infectious Diseases*, *20*(5), 553–558. https://doi.org/10.1016/S1473

Mandal, S., Sarkar, R., & Sinha, S. (2011). Mathematical models of malaria - A review. *Malaria Journal*, *10*(1), 1–19. https://doi.org/10.1186/1475-2875

NOORANI, M. S. M. (2012). SEIR MODEL FOR TRANSMISSION OF DENGUE FEVER IN SELANGOR MALAYSIA. *International Journal of Modern Physics: Conference Series*, *9*, 380. https://doi.org/10.1142/S2010194512005454

Trauer, J. M., Denholm, J. T., & McBryde, E. S. (2014). Construction of a mathematical model for tuberculosis transmission in highly endemic regions of the Asia-pacific. *Journal of Theoretical Biology*, *358*, 74–84. https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2014.05.023

Twumasi, C., Asiedu, L., & Nortey, E. N. N. (2019). Markov Chain Modeling of HIV, Tuberculosis, and Hepatitis B Transmission in Ghana. *Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases*, *2019*. https://doi.org/10.1155/2019/9362492

Ucakan, Y., Gulen, S., & Koklu, K. (2021a). Analysing of Tuberculosis in Turkey through SIR, SEIR and BSEIR Mathematical Models. *Mathematical and Computer Modelling of Dynamical Systems*, *27*(1), 179–202. https://doi.org/10.1080/13873954.2021.1881560

Ucakan, Y., Gulen, S., & Koklu, K. (2021b). Analysing of Tuberculosis in Turkey through SIR, SEIR and BSEIR Mathematical Models. *Mathematical and Computer Modelling of Dynamical Systems*, *27*(1), 179–202. https://doi.org/10.1080/13873954.2021.1881560

Ullah, I., Ahmad, S., & Zahri, M. (2023). Investigation of the effect of awareness and treatment on Tuberculosis infection via a novel epidemic model. *Alexandria Engineering Journal*, *68*, 127–139. https://doi.org/10.1016/j.aej.2022.12.061

WAALER, H., GESER, A., & ANDERSEN, S. (1962). The use of mathematical models in the study of the epidemiology of tuberculosis. *American Journal of Public Health and the Nation's Health*, *52*(6), 1002–1013. https://doi.org/10.2105/AJPH.52.6.1002

WHO. (2023). *Tuberculosis*. Link

WHO. (2024). *Global Tuberculosis Report*. Link

Widyaningsih, P., Nugroho, A. A., Saputro, D. R. S., & Sutanto. (2019). Tuberculosis transmission with relapse in Indonesia: susceptible vaccinated infected recovered model. *Journal of Physics: Conference Series*, *1217*(1), 012071. https://doi.org/10.1088/1742

Yang, Y., Li, J., Ma, Z., Chaos, L. L.-, Fractals, S. &, & 2010, undefined. (n.d.). Global stability of two models with incomplete treatment for tuberculosis. *ElsevierY Yang, J Li, Z Ma, L LiuChaos, Solitons & Fractals, 2010•Elsevier*. Retrieved March 6, 2025, from Link

Zhao, K., Liu, Z., Guo, C., Xiang, H., Liu, L., & Wang, L. (2025). Modeling and analysis of transmission dynamics of tuberculosis with preventive treatment and vaccination strategies in China. *Applied Mathematical Modelling*, *138*, 115779. https://doi.org/10.1016/J.APM.2024.115779

Zhao, Y., Li, M., & Yuan, S. (2017). Analysis of transmission and control of tuberculosis in Mainland China, 2005-2016, based on the age-structure mathematical model. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, *14*(10). https://doi.org/10.3390/ijerph14101192