

دسترسی در سایت <http://jnrm.srbiau.ac.ir>

سال دهم، شماره پنجاه و یکم، آذر و دی ۱۴۰۳

شماره شاپا: ۲۵۸۸-۵۸۸X



پژوهش‌های نوین در ریاضی

دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات

مطالعه ترکیبیاتی همه‌گیری کووید-۱۹ با استفاده از ساختارهای درختی

رامین کاظمی

گروه آمار، دانشکده علوم پایه، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی، ایران

تاریخ ارسال مقاله: ۱۴۰۱/۰۶/۱۳ تاریخ پذیرش مقاله: ۱۴۰۲/۰۵/۱۹

چکیده

هدف این مقاله، مدل‌بندی ترکیبیاتی نحوه شیوع همه‌گیری کووید-۱۹ است. با استفاده از یک ساختار درختی که مطابق با هندسه کووید-۱۹ است. چندین کمیت مرتبط با شیوع این ویروس بررسی می‌شوند. برای کمیت‌های مطرح‌شده، میانگین، واریانس، تابع مولد احتمال و توزیع حدی ارائه می‌شوند. به دلیل وابستگی متغیرهای تصادفی تحت بررسی، نرمال بودن مجانبی متغیرهای تصادفی از طریق قضیه شبه‌توان هوانگ ثابت می‌شود.

واژه‌های کلیدی: ساختار درختی، ترکیبیات تحلیلی، همه‌گیری کووید-۱۹، میانگین، واریانس، توزیع حدی.

۱- مقدمه

در یک رده‌بندی کلی، بیماری‌ها را می‌توان به دو دسته بیماری‌های واگیردار و غیر واگیر تقسیم کرد. بیماری‌های واگیردار بسته به پایین یا بالا بودن احتمال واگیری ممکن است در سطحی محدود مانده و مهار شوند یا تبدیل به همه‌گیری شده و کل جامعه را درنوردند. بنابراین، تعیین آستانه گذر از ابتلای عده‌ای محدود به تعدادی نامتناهی، و در نتیجه بروز همه‌گیری مهم است. این آستانه‌ها در حوزه مدل‌های سرایت‌پذیری، همه‌گیری و انواع مدل‌های احتمالاتی قرار دارند. برای مثال، مدل آوند پولیا و مدل‌های پرکولاسیون و درخت‌های بازگشتی از نخستین مدل‌ها برای بررسی سرایت بیماری‌ها هستند [۱]. در چهار سال گذشته، همه‌گیری کووید-۱۹ با سرعتی باور نکردنی در سراسر جهان در حال گسترش بوده است. تأثیرات این ویروس در زندگی انسان‌ها در چنین گستره وسیع مرتبط با پروتئین اسپایک است که دارای قرارگاهی است که توسط آنزیمی به نام فیورین فعال می‌شود. تلاش‌ها برای مبارزه با این همه‌گیری با قرنطینه‌های محلی شروع و با تولید واکسن مؤثرتر در حال پیگیری است. سویه‌های جدید این ویروس بسته به شدت میزان انتقال و درگیری ریه‌ها، منجر به قرنطینه‌های متفاوت شده‌اند. دانشمندان و دولت‌ها هر لحظه در حال اقداماتی برای مهار کامل شیوع این ویروس هستند. برای این منظور، کارهای مدل‌سازی، پیش‌بینی و تحلیل نحوه شیوع ویروس روزبه‌روز افزایش بیشتری دارد. لذا، همواره فوریتی برای مدل‌بندی ریاضی مناسب شیوع کووید-۱۹ با هدف مهار این بیماری و سایر ویروس‌ها وجود دارد که با هدف حمایت از سازمان‌های دولتی بهداشت در سراسر جهان برای به حداکثر رساندن تأثیرگذاری راهبردهای حمایت پزشکی ضروری است. در این مقاله، تحلیلی ترکیبیاتی برای مدل‌سازی این ویروس هولناک براساس "نظریه گراف" و به‌ویژه "ساختارهای درختی" معرفی می‌شود [۲]. چون امکان تعیین تابع احتمال متغیرها (با شرایط خاص) وجود دارد از رویکرد ترکیبیاتی استفاده می‌شود.

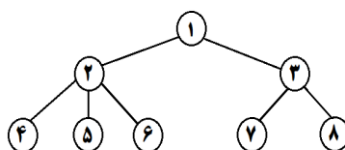
۲- معرفی مدل

تحرك و جابه‌جایی انسان‌ها عامل اصلی انتشار ویروس‌ها است. یعنی، اگر انسان‌ها به محض اطلاع از آلوده شدن به ویروس جابه‌جایی نداشته و به اصطلاح خود را قرنطینه کنند، انتشار ویروس قطع شده و سریع‌تر به پایان بیماری نزدیک می‌شویم. اما همان‌طور که می‌دانیم در بسیاری از کشورها، گروه‌های متعددی با قرنطینه و ایجاد محدودیت‌ها در سطح جامعه مخالف هستند. در این حالت چه تدبیری باید اندیشیده شود؟

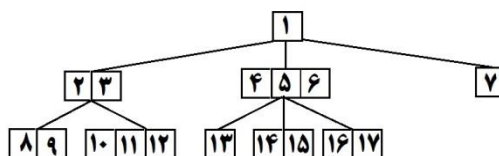
یک مدل ساده این است که فرض کنیم شخص با جابه‌جایی باعث انتشار ویروس شده و تنها یک نفر را در هر مکان آلوده می‌کند. برای مثال، فرض کنید شخصی به ویروس کووید-۱۹ آلوده شده است (شماره ۱). شخص جابه‌جا می‌شود و در دو مکان متفاوت، باعث آلودگی دو شخص دیگر می‌شود (شماره ۲ و ۳). حال، فرض کنید شخص شماره ۲، به سه مکان مختلف مراجعه کرده و در هر مکان یک نفر را آلوده کند (شخص شماره ۴ و ۵ و ۶). همچنین فرض کنید شخص شماره ۳ به دو مکان مراجعه کرده و یک نفر را در هر مکان آلوده کند (شخص شماره ۷ و ۸). در این صورت، شکل ۱ را می‌توان در نظر گرفت. شماره‌ها نشان‌دهنده افراد آلوده به ویروس و خطوط بیانگر جابه‌جایی‌ها هستند. این ساختار به همین صورت می‌تواند ادامه یابد.

مدل بالا بیش از اندازه آرمانی و ساده است. همان‌طور که در مقالات متعدد اشاره شده است شخص آلوده به ویروس کووید-۱۹ می‌تواند تا تعدادی مانند $b \geq 1$ شخص را در هر مکان که به آن مراجعه می‌کند، آلوده کند. بدیهی است که این مدل منطقی‌تر و به اصطلاح به هندسه کووید-۱۹ نزدیک‌تر است. فرض کنید شخص اولی که به ویروس

آلوده شده است به سه مکان مراجعه کرده و به ترتیب در مکان اول، ۲ نفر در مکان دوم، ۳ نفر و در مکان سوم، ۱ نفر را آلوده کند. در ادامه، فرض کنید اشخاص شماره ۳، ۴، ۶ و ۷ در قرنطینه مانده‌اند اما اشخاص شماره ۲ و ۵ هر کدام به ترتیب ۲ و ۳ جابه‌جایی داشته‌اند. اگر شخص شماره ۲ در یک مکان، ۲ نفر و در مکان دیگری، ۳ نفر و همچنین فرد شماره ۵، در یک مکان یک نفر و در هریک از ۲ مکان دیگر ۲ شخص را آلوده کند، آنگاه ساختار درختی ارائه‌شده در شکل ۲ را می‌توان در نظر گرفت. به همین صورت، روند انتشار ویروس می‌تواند به دلیل رعایت نکردن قرنطینه ادامه یابد.



شکل ۱. نمایش درختی آلوده‌شدن به ویروس کووید-۱۹ (مدل ۱).



شکل ۲. نمایش درختی آلوده‌شدن به ویروس کووید-۱۹ (مدل ۲).

۳- احتمال ابتلای شخص جدید

بنابر آنچه در بخش ۲ گفته شد می‌توان نحوه انتشار ویروس را به صورت یک ساختار درختی در نظر گرفت که در آن اشخاص آلوده‌شده به ویروس نظیر رأس‌ها و جابه‌جایی افراد آلوده نظیر یال‌ها هستند. بنابراین، اولین مسئله‌ای که باید حل شود، تعیین احتمال ابتلای شخص جدید است. به وضوح، احتمال ابتلای شخص n ام به ویروس کووید-۱۹ توسط یکی از $n - 1$ شخص آلوده‌شده قبلی در مدل ۱ برابر با $1/(n - 1)$ است.

در مدل دوم، هر رأس درخت شامل یک یا بیش از یک برچسب است. این گره‌های جدید را $c(v)$ -گره می‌نامیم که در آن $c(v)$ ظرفیت یا همان تعداد برچسب‌های موجود (افراد آلوده‌شده) در رأس v است. به‌طور مشخص در این مدل، برای هر رأس v ، $1 \leq c(v) \leq b$. به سادگی می‌توان نتیجه گرفت که در مدل ۲، احتمال آلوده‌شدن شخص n ام توسط یکی از $n - 1$ شخص آلوده‌شده به ویروس برابر با $\frac{c(v)}{n-1}$ است. بنابراین، اگر اشخاص قرنطینه را رعایت کنند، آنگاه $c(v)$ کاهش یافته و لذا احتمال ابتلای افراد جدید کاهش می‌یابد.

تحلیل بالا نشان می‌دهد که مدل ۱ زیرمدلی از مدل ۲ است زیرا احتمال ابتلای شخص جدید در آن، حالت خاص احتمال ابتلای مدل ۲ است ($b = 1$).

۴- فرمول‌بندی ریاضی

همان‌طور که در بررسی ساختارهای برچسب‌دار در رویکرد ترکیبیاتی مرسوم است، لازم است که ابتدا یک تابع وزنی برای ساختار در نظر گرفته شود [۳،۵]. فرض کنید $d(v)$ درجه خروجی یک $c(v)$ -گره باشد. واضح است که اگر n مرتبه درخت باشد، آنگاه

$$n = \sum_{v \in V(T)} c(v),$$

که در آن $V(T)$ مجموعه رئوس ساختار درختی T است. فرض می‌کنیم که برچسب‌گذاری در بین رأس‌های T با شرایط زیر صورت گیرد:

(الف) برچسب ۱ (شخص آلوده‌شده اول) در رأس اول ذخیره شود.

(ب) هر رأس v شامل دقیقاً $c(v)$ برچسب باشد.

(پ) برچسب‌ها درون هر رأس با ظرفیت $c(v) > 1$ قرار گیرند.

(ت) هر دنباله از برچسب‌ها در طول هر مسیر آغاز شده از ریشه افزایشی باشد.

چون برچسب‌ها درون رئوس افزایشی هستند، یک رده T از خانواده‌ای جدید از درخت‌ها را می‌توان به‌صورت زیر تعریف کرد [۳]: یک دنباله از اعداد نامنفی $(\alpha_k)_{k \geq 0}$ با $\alpha_k > 0$ و دو دنباله از اعداد نامنفی $\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_{b-1}$ و $\gamma_1, \gamma_2, \dots, \gamma_{b-1}$ برای تعریف وزن $w(T)$ از هر درخت مرتب‌شده T توسط

$$w(T) := \prod_v w(v)$$

استفاده می‌شوند که در آن v روی همه رأس‌های T تغییر می‌کند. طبیعی است که $w(v)$ باید وابسته به $c(v)$ و $d(v)$ باشد. بنابراین، وزن $w(v)$ برای هر $c(v)$ -گره را به‌صورت

$$w(v) = \begin{cases} \alpha_{d(v)} & c(v)=b \text{ or root} \\ \beta_{c(v)} & c(v)<b, \text{ non-leaf} \\ \gamma_{c(v)} & c(v)<b, \text{ leaf} \end{cases}$$

تعریف می‌کنیم که در آن برگ (leaf) رأسی با درجه خروجی صفر است.

برای یک دنباله درجه-وزن مفروض $(\alpha_k)_{k \geq 0}$ با یک تابع مولد درجه-وزن $\varphi(t) = \sum_{k \geq 0} \alpha_k t^k$ و دو دنباله نامنفی $\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_{b-1}$ و $\gamma_1, \gamma_2, \dots, \gamma_{b-1}$ تابع مولد نمایی

$$T_{n,b}(z) = \sum_{n=1}^{\infty} T_{n,b} \frac{z^n}{n!},$$

را تعریف می‌کنیم که در آن $T_{n,b}$ وزن‌های کل است [۳،۵]. اگر ریشه درخت دارای درجه خروجی $r \geq 1$ باشد (یا فرد آلوده به ویروس به $r \geq 1$ مکان مراجعه کند) این امکان وجود دارد که در تعدادی از زیردرخت‌های حاصل، ریشه

زیردرخت دارای ظرفیت بیش از یک باشد. فرض کنید $0 \leq m \leq r$ تعداد زیردرخت‌های دارای ریشه‌ای با ظرفیت بیش از یک باشد. در این صورت عامل $\alpha^{-m} \binom{r}{m}$ باید در $T_{n,b}$ لحاظ شود. اما دیگر رویکرد ترکیببانی نمی‌تواند روابط صریحی برای تابع احتمال و توابع مرتبط ارائه کند. لذا در ادامه فرض می‌کنیم که $m = 0$ باشد. حال، مطابق با روند شیوع ویروس و روش مشابه در [۶]، $T_{n,b}(z)$ در معادله دیفرانسیلی مرتبه اول

$$T'_{n,b}(z) = b! \varphi(bT_{n,b}(z)),$$

صدق می‌کند. همچنین، $T_{n,b}(0) = 0$ چون احتمال ابتلای شخص جدید برابر با $\frac{c(v)}{n-1}$ است، لذا نتیجه می‌شود که [۵،۴]:

$$\alpha_k = \frac{1}{bk!}, \quad \beta_k = \frac{1}{k}, \quad \gamma_k = k.$$

زیرا در مقایسه با مدل ارائه‌شده در [۵] هر برجسب تنها یک بار در مدل ظاهر می‌شود و در مقایسه با مدل ارائه‌شده در [۶] رؤس درونی (غیربرگ) با ظرفیت کمتر از b می‌توانند درجه خروجی بیش از یک داشته باشند.

۵- نتایج اصلی

فرض کنید I_n تعداد افرادی باشد که به‌طور مستقیم باعث بیمارشدن نفر n ام با شروع از نفر اول شده‌اند. برای بررسی این متغیر نیازمند یک رویکرد تابع مولد دومتغیره هستیم [۶]. روابط روشنی برای تابع احتمال، امیدریاضی و واریانس این کمیت ارائه می‌شود. نشان می‌دهیم که وقتی $n \rightarrow \infty$ توزیع حدی نرمال است. این نتایج با استفاده از معادلات دیفرانسیل جزئی برای توابع مولد گشتاور و حل آنها به‌دست می‌آیند. در ادامه، به بررسی متغیر I_n ، یعنی تعداد افرادی باشد که به‌طور مستقیم باعث بیمار شدن نفر n ام با شروع از نفر اول شده‌اند، می‌پردازیم. در این حالت نیز نتایج مشابه‌ای از طریق توابع مولد سه‌متغیره ثابت خواهد شد. در نهایت، نتایج به تعداد افراد آلوده‌شده بین دو بیمار دلخواه که کمیتی کلی‌تر است، تعمیم داده می‌شود.

به‌عنوان اولین نتیجه نشان می‌دهیم که وزن کل $T_{n,b}$ به تعداد افراد آلوده‌شده $b \geq 1$ وابسته است.

لم ۱. برای هر $n \geq 1$ داریم:

$$T_{n,b} = \frac{1}{b} (n-1)! b!^n.$$

برهان. با استفاده از تعریف وزن‌های α_k ،

$$\varphi(t) = \sum_{k \geq 1} \alpha_k t^k = \frac{1}{b} e^t.$$

در نتیجه،

$$T'_{n,b}(z) = (b-1)! \exp(bT_{n,b}(z)),$$

و چون $T_{n,b}(0) = 0$

$$T_{n,b}(z) = \frac{1}{b} \log \left(\frac{1}{1 - b!z} \right).$$

بنابراین طبق تعریف $T_{n,b}(z)$ برهان کامل می‌شود. ■

قضیه ۲. فرض کنید I_n تعداد افرادی باشد که به‌طور مستقیم باعث بیمار شدن نفر n ام با شروع از نفر اول شده‌اند. تابع مولد دومتغیره

$$I(z, v) = \sum_{n \geq 1} \sum_{m \geq 0} P(I_n = m) \times T_{n,b} \frac{z^{n-1}}{(n-1)!} v^m,$$

را می‌توان به صورت

$$I(z, v) = \frac{1}{b(1 - b!z)^v},$$

با شرط آغازین $I(\cdot, v) = \alpha. = \frac{1}{b}$ ارائه کرد.

برهان. با استدلال مشابه ارائه‌شده در [۶]، داریم (مشتق‌گیری نسبت به z):

$$I'(z, v) = v\varphi'(bT_{n,b}(z))I(z, v).$$

حل عمومی معادله بالا به‌صورت

$$I(z, v) = e(v) \exp \left\{ v \int_0^z \varphi'(bT_{n,b}(t)) dt \right\},$$

با تابع $e(v)$ است که باید تعیین شود. با ارزیابی در $z = 0$ و به‌کارگیری شرط آغازین اشاره‌شده به این نتیجه می‌رسیم که $e(v) = \alpha. = \frac{1}{b}$ ، لذا رابطه روشن

$$I(z, v) = \frac{1}{b} \left(\frac{\varphi(bT_{n,b}(z))}{\frac{1}{b}} \right)^v,$$

برای تابع مولد $I(z, v)$ به‌دست می‌آید. با استفاده از لم ۱،

$$I(z, v) = \frac{1}{b(1 - b!z)^v}. \quad \blacksquare$$

در قضیه زیر تابع احتمال متغیر تصادفی I_n ارائه می‌شود. در این قضیه، $s(n, m)$ بیانگر m مین عدد استرلینگ مرتبه n است [۴].

قضیه ۳. احتمال‌های $P(I_n = m)$ از رابطه

$$P(I_n = m) = \frac{1}{b!} \frac{s(n-1, m)}{(n-1)!},$$

به‌دست می‌آیند.

برهان. فرض کنید $f_n = [z^n]f(z)$ بیانگر ضریب z^n در سری $\sum_n f_n z^n$ باشد. چون $[z^n]f(qz) = [z^n]f(z)$ ، با استخراج $P(I_n = m)$ به عنوان ضریب تابع مولد دومتغیره $I(z, v)$ در قضیه ۲ برهان کامل می‌شود [۳، ۶]. ■

از طریق یک تحلیل تکینی، بسط مجانبی تابع مولد احتمال را می‌توان به صورت

$$\begin{aligned} p(v) &= \mathbb{E}(e^{vI_n}) = \sum_{m \geq 0} P(I_n = m) v^m \\ &= \frac{1}{b!} \frac{n^{v-1}}{\Gamma(v)} \left(1 + O\left(\frac{1}{n^{1-\epsilon}}\right) \right), \end{aligned} \quad (۱)$$

به طور یکنواخت در یک همسایگی $v = 1$ با مقدار دلخواه و کوچک $\epsilon > 0$ ارائه کرد [۳، ۴].

بنابراین، تابع مولد احتمال به b وابسته است. برای به دست آوردن توزیع حدی نرمال از قضیه شبه توان هوانگ در زیر استفاده می‌کنیم زیرا متغیرهای تصادفی برای هر $n \geq 1$ وابسته هستند.

قضیه ۴. [۴] فرض کنید $(X_n)_{n \geq 1}$ یک دنباله از متغیرهای تصادفی نامنفی باشد. فرض کنید تابع مولد گشتاور دارای بسط مجانبی‌ای به صورت

$$\mathbb{E}(e^{sX_n}) = e^{U(s)\phi(n)+V(s)} (1 + O(\kappa^{-1}))$$

باشد که در آن تابع O برای $s \in \mathbb{C}$ و $|s| \leq \sigma$ و $\sigma > 0$ یکنواخت است. همچنین،

الف) توابع $U(s)$ و $V(s)$ برای $|s| \leq \sigma$ تحلیلی و مستقل از n باشند، $U''(\cdot) \neq 0$.

ب) وقتی $\kappa_n \rightarrow \infty$ ، $\phi(n) \rightarrow \infty$.

تحت این شرایط، توزیع X_n به طور مجانبی نرمال است:

$$\sup_{x \in \mathbb{R}} \left| P \left\{ \frac{X_n - U'(\cdot)\phi(n)}{\sqrt{U''(\cdot)\phi(n)}} \leq x \right\} - \Phi(x) \right| = o \left(\frac{1}{\kappa_n} + \frac{1}{\sqrt{\phi(n)}} \right),$$

که در آن $\Phi(\cdot)$ تابع توزیع نرمال استاندارد است. به علاوه، میانگین و واریانس X_n به صورت

$$\mathbb{E}(X_n) = U'(\cdot)\phi(n) + V'(\cdot) + O(\kappa_n^{-1}),$$

$$\text{Var}(X_n) = U''(\cdot)\phi(n) + V''(\cdot) + O(\kappa_n^{-1})$$

خواهند بود.

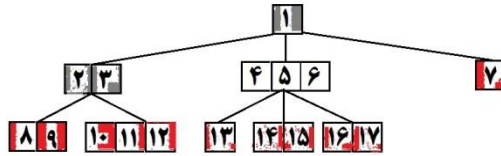
حال، بنابر قضیه شبه توان هوانگ، برای متغیر تصادفی I_n و رابطه (۱)،

$$\mathbb{E}(I_n) = \text{Var}(I_n) = \frac{1}{b!} \log n + O(1),$$

$$\sup_{x \in \mathbb{R}} \left| P \left\{ \frac{I_n - \frac{1}{b!} \log n}{\sqrt{\frac{1}{b!} \log n}} \leq x \right\} - \Phi(x) \right| = o \left(\frac{1}{\sqrt{\log n}} \right),$$

که درحقیقت نتیجه قضیه شبه‌توان هوانگ برای $v = e^S$ است.

در ادامه، نتایج قبلی روی I_n به متغیر تصادفی I_j ، تعداد افرادی که به‌طور مستقیم باعث بیمار شدن نفر j ام با شروع از نفر اول شده‌اند، توسیع داده می‌شود. درنهایت، همه نتایج به متغیر تصادفی $H_{i,j}$ که تعداد افراد آلوده به ویروس بین اشخاص i و j است، توسیع داده می‌شوند که کمیتی کلی‌تر است. یادآور می‌شود که منظور از شخص i در حقیقت $C(v)$ -گره شامل برچسب (شخص) i است. برای به‌دست آوردن معادله دیفرانسیلی مرتبط با تابع مولد سه‌متغیره متناظر با متغیر تصادفی I_j ، رویکرد ترکیبیاتی زیر را در نظر می‌گیریم. به درخت‌های سه رنگی که در آن رنگ‌آمیزی به‌شرح زیر است، توجه می‌کنیم: $C(v)$ -گره حاوی برچسب (شخص) j به رنگ سفید، تمام $C(v)$ -گره‌های دارای برچسب‌های کوچکتر از همه برچسب‌های موجود در $C(v)$ -گره سفید به رنگ سیاه و تمام $C(v)$ -گره‌های دارای برچسب‌های بزرگتر از برچسب $C(v)$ -گره سفید به رنگ قرمز رنگ‌آمیزی می‌شوند.



شکل ۳. درخت سه‌رنگی شکل ۲.

واضح است که به دنبال تعیین عمق (سطح) $C(v)$ -گره سفید در زیردرخت شامل آن هستیم. فرض کنید که درجه خروجی ریشه $r \geq 1$ است و $C(v)$ -گره سفید در درخت T گره ریشه نیست (در صورتی که $C(v)$ -گره سفید ریشه درخت باشد با شرایط اولیه مطابقت دارد، اما کمتر در عمل ظاهر می‌شود). پس $C(v)$ -گره سفید در یکی از r زیردرخت T قرار دارد. فرض می‌کنیم که در زیردرخت اول است. پس از برچسب‌گذاری مجدد، هر زیردرخت $T_1, \dots, T_r$ یک ساختار درختی با ظرفیت‌های متفاوت $C(v)$ -گره‌ها است. زیردرخت اول مجدداً یک درخت سه رنگی با یک $C(v)$ -گره سفید، j سیاه و k_1 قرمز است درحالی‌که بقیه $r - 1$ زیردرخت فقط دارای دو رنگ هستند (شکل ۳ را ببینید). برای توصیف سره این تحلیل ترکیبیاتی از توابع مولدی که در هر دو متغیر u و z نمایشی هستند استفاده می‌کنیم که در آن z ، $C(v)$ -گره‌های سیاه و u ، $C(v)$ -گره‌های قرمز را علامت‌گذاری می‌کند. اگر ریشه این زیردرخت گره‌ای با ظرفیت یک و مرتبه آن $k + j + 1$ باشد، قرار می‌دهیم:

$$L(z, u, v) = \sum_{k \geq 0} \sum_{j \geq 0} \sum_{m \geq 0} P(I_{j+1} = m) \times T_{k+j+1, b} \frac{z^j}{j!} \frac{u^k}{k!} v^m.$$

به‌طور مشابه با بخش قبلی و بنابر قاعده رشد تصادفی درخت مورد نظر،

$$\frac{\partial}{\partial z} L(z, u, v) = v \varphi' \left(b T_{n, b}(z + u) \right) \times L(z, u, v).$$

این معادله دارای حل عمومی

$$L(z, u, v) = e(u, v) \times \exp \left\{ v \int_{\cdot}^z \varphi' \left(bT_{n,b}(t + u) \right) dt \right\}$$

با یک تابع $e(u, v)$ است که باید تعیین شود. با ارزیابی در $z = 0$ و استفاده از شرط آغازین معرفی شده، نتیجه می‌شود که

$$e(u, v) = L(\cdot, u, v) \\ = b! \varphi(bT_{n,b}(u))$$

بنابر این، [۶]،

$$L(z, u, v) = \varphi(bT_{n,b}(u)) \left(\frac{\varphi(bT_{n,b}(z+u))}{\varphi(bT_{n,b}(u))} \right)^v.$$

در این صورت، مشابه با رویکرد ارائه‌شده در [۴،۶] لم زیر را داریم:

لم ۵. احتمال‌های $P(I_j = m)$ توسط رابطه

$$P(I_j = m) = \frac{1}{b!} \frac{s(j-1, m)}{(j-1)!}, \quad j \leq n$$

دادہ می شوند. همچنین،

$$\mathbb{E}(I_j) = \frac{1}{b!} H_{j-1},$$

$$\text{Var}(I_j) = \frac{1}{h^1} \left(1 - \frac{1}{h^1} \right) H_{j-1}^r + \frac{1}{h^1} (H_{j-1} - H_{j-1}^{(r)}),$$

که در آن H_j ، زامین عدد هارمونیک و $H_j^{(2)}$ ، زامین عدد هارمونیک مرتبه ۲ است و

$$\sup_{x \in \mathbb{R}} \left| P \left\{ \frac{I_j - \frac{1}{b!} \log j}{\sqrt{\frac{1}{b!} \log j}} \leq x \right\} - \Phi(x) \right| = O \left(\frac{1}{\sqrt{\log j}} \right).$$

برهان. داریم کہ

$$\begin{aligned} \mathbb{E}(I_j) &= \frac{(j-1)!(n-j-1)!}{T_{n,b}} [z^{j-1} u^{n-j-1}] \frac{\partial L(z, u, v)}{\partial v} \Big|_{v=1} \\ &= \frac{1}{b!} H_{j-1}. \end{aligned}$$

همچنین،

$$\begin{aligned} \mathbb{E}(I_j(I_j - 1)) &= \frac{(j-1)!(n-j-1)!}{T_{n,b}} [z^{j-1} u^{n-j-1}] \frac{\partial^r L(z, u, v)}{\partial v^r} \Big|_{v=1} \\ &= \frac{1}{b!} (H_{j-1}^{(r)} - H_{j-1}^{(r)}). \end{aligned}$$

در نتیجه، برهان قسمت میانگین و واریانس کامل می‌شود. اما

$$p(v) = \frac{1}{b!} \binom{v+j-2}{j-1}. \quad (2)$$

نرمال بودنِ مجانبی مجدداً نتیجه قضیه شبه‌توان هوانگ است. ■

با قراردادن $j = n$ میانگین و واریانس دقیق I_n به دست می‌آید.

قضیه ۶. وقتی $n \rightarrow \infty$ برای دنباله‌های $(n, j(n))_{n \in \mathbb{N}}$,

$$Z = \frac{H_{n,j} - \frac{1}{b!}(\log n + \log j)}{\sqrt{\frac{1}{b!}(\log n + \log j)}} \xrightarrow{d} N(0, 1).$$

برهان. نتیجه با روش مشابه در [۷] و به کمک رابطه (۲) ثابت می‌شود. تنها تفاوت در این است که در مقایسه با مدل ارائه شده در [۵] هر برچسب تنها یک بار در مدل ظاهر می‌شود و در مقایسه با مدل ارائه شده در [۶] غیربرگ‌های با ظرفیت کمتر از b می‌توانند درجه خروجی بیش از یک داشته باشند که باعث ظهور عامل $\frac{1}{b!}$ در محاسبات خواهد شد. ■

بنابر آنچه تا کنون ارائه و ثابت شد می‌توان برای متغیر تصادفی $H_{i,j}$ نتیجه زیر را به کمک قضیه شبه‌توان هوانگ ارائه کرد [۶, ۷].

نتیجه ۷. برای $1 \leq i < j < n$,

$$E(H_{i,j}) = \text{Var}(H_{i,j}) = \frac{1}{b!}(\log i + \log j) + O(1).$$

اگر

$$\mu_{i,j} := \frac{1}{b!}(\log i + \log j)$$

و

$$\sigma_{i,j}^2 = \frac{1}{b!}(\log i + \log j),$$

لذا برای دنباله‌های دلخواه $(n, i(n), j(n))_{n \in \mathbb{N}}$

$$Z = \frac{H_{i,j} - \frac{1}{b!}(\log i + \log j)}{\sqrt{\frac{1}{b!}(\log i + \log j)}} \xrightarrow{d} N(0, 1). \quad \blacksquare$$

نتیجه ۸. فرض کنید $b = 1$. در این صورت، برای تعریف وزن هر رأس تنها یک دنباله α_k لازم است زیرا برای تمام رئوس $c(v) = 1$ است. در نتیجه،

$$\alpha_k = \frac{1}{k!}, \quad k \geq 0.$$

حال با قرار دادن $b = 1$ نتایج ارائه شده به مدل ۱ تقلیل داده می‌شود.

۶- نتیجه‌گیری

با استفاده از یک ساختار درختی که مطابق با هندسه کووید-۱۹ بود چندین کمیت مرتبط با شیوع این ویروس بررسی شدند. برای کمیت‌های مطرح‌شده، میانگین، واریانس، تابع مولد احتمال و توزیع حدی ارائه شد. به‌دلیل وابستگی متغیرهای تصادفی تحت بررسی، اثبات نرمال‌بودنِ مجانبی متغیرهای تصادفی از طریق قضیه شبه‌توان هوانگ صورت گرفت.

فهرست منابع

۱. ر. کاظمی، مدل‌سازی ریاضی همه‌گیری کووید-۱۹، *ریاضی و جامعه*، ۷، ۱۴۰۱، ۱۹-۱.
۲. ر. کاظمی، و م.ق. وحیدی‌اصل، تحلیل همه‌گیری کووید-۱۹ با استفاده از نظریهٔ پرکولاسیون، *اندیشه آماری*، ۲۶، ۱۴۰۱، ۵۳-۶۵.
- [۳] M. Drmota, "Random Trees: An Interplay Between Combinatorics and Probability", Springer, Wien, New York, ۲۰۰۹.
- [۴] R. Kazemi, "On the multiplicative Zagreb indices of bucket recursive trees", *Iranian Journal of Mathematical Chemistry*, vol. ۸. No. ۱, pp. ۳۷-۴۵, ۲۰۱۷.
- [۵] R. Kazemi, "Analysis of a special tree structure", *Int. J. Pure. App. Math.*, vol. ۸۱, no. ۶, pp. ۸۱۳-۸۲۰, ۲۰۱۲.
- [۶] R. Kazemi, "Depth in bucket recursive trees with variable capacities of buckets", *Acta Math. Sinica, English Series*, vol. ۳۰. No. ۲, pp. ۳۰۵-۳۱۰, ۲۰۱۴.
- [۷] S. Naderi, R. Kazemi, M.H. Behzadi, "Labels distance in bucket recursive trees with variable capacities of buckets", *Acta Univ. Sapientiae, Mathematica*, vol. ۱۳, no. ۲. pp. ۴۱۳-۴۲۶, ۲۰۱۱.