مجله مدل‌سازی پیشرفته ریاضی
سال ۱۴۰۴، دوره ۱۵، شماره ۴، ص ۹۳–۱۰۱

شاپا چاپی: ۸۰۸۸-۲۲۵۱
DOI: 10.22055/jamm.2025.49161.2353

حل عددی مدل ویروس نقص ایمنی بدن با روش گسسته‌سازی و مینیمم‌سازی

محمد جواد عظیمی [(۱)]، سمیه زنگوئی زاده [(۱)] [۱] و عظیم ریواز [(۱)]

[(۱)] گروه ریاضی کاربردی، دانشکده ریاضی و کامپیوتر دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران

دبیر مسئول: عبدالرحمن رازانی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۱۲/۱۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۱۰/۸

چکیده: ویروس نقص ایمنی بدن یکی از چالش‌برانگیزترین معضلات بهداشتی در سطح جهانی است که سیستم ایمنی بدن را تحت تأثیر قرار داده، اکثر گلبول‌های سفید(T-helper)را نابود و سیستم ایمنی فرد مبتلا را در مقابل عفونت‌ها ضعیف می‌کند. در این مقاله، ابتدا مدل ریاضی نقص ایمنی بدن معرفی شده و سپس با استفاده از روش گسسته‌سازی و مینیمم‌سازی به حل این مسأله پرداخته می‌شود. به‌عبارتی، با حل مدل ارائه شده، تعداد سلول‌های سالم T، سلول‌های مبتلای T و ویروس‌های آزاد HIV درخون بعد از ورود این ویروس به بدن مشخص می‌شود. در نهایت جواب‌های تقریبی حاصل از این روش با روش موجک‌های لاگر مقایسه شده‌اند که نشان‌دهنده دقت و کارایی روش پیشنهادی می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: ویروس نقص ایمنی بدن، روش گسسته‌سازی، مینیمم‌سازی، گلبول‌های سفید.

رده‌بندی ریاضی: 33C45; 49XX

۱ مقدمه

بیماری ایدز [۲] یکی از چالش‌برانگیزترین معضلات بهداشتی در سطح جهانی است که به‌واسطه ویروس نقص ایمنی انسانی (HIV) ایجاد می‌شود. این بیماری سیستم ایمنی بدن را تحت تأثیر قرار داده و فرد را در برابر عفونت‌ها و بیماری‌های مختلف آسیب‌پذیر می‌سازد. با وجود پیشرفت‌های چشم‌گیر در زمینهٔ درمان و پیشگیری، ایدز همچنان یک تهدید جدی برای سلامت عمومی به‌شمار می‌رود و میلیون‌ها نفر را در سراسر جهان تحت تاثیر قرار داده است.

مدل‌سازی ریاضی بیماری‌ها به‌ویژه بیماری‌هایی که به‌سرعت در جوامع گسترش می‌یابند، از دهه‌های گذشته مورد توجه پژوهشگران و متخصصان بهداشت عمومی قرار گرفته است. ویروس نقص ایمنی انسان و بیماری ایدز به‌عنوان یکی از مهم‌ترین چالش‌های بهداشتی در قرن بیستم، نیازمند تحلیل‌های دقیق و علمی بوده است. مدل‌سازی ریاضی بیماری ایدز می‌تواند به ما کمک کند تا دینامیک انتشار این بیماری را بهتر درک کنیم و اثرات مختلف عوامل مؤثر بر آن را تحلیل کنیم. این مدل‌ها با استفاده از معادلات دیفرانسیل، رفتار سلول‌های بدن در برابر

[۱] نویسنده مسئول مقاله
(M. J. Azimi) mj.azimi@math.uk.ac.ir ،(S. Zangoei Zadeh) zangoei@uk.ac.ir, (A. Rivaz) arivaz@uk.ac.ir
[۲] Acquired Immunodeficiency Syndrom

این بیماری را توصیف می‌کند و هدف آن‌ها ارائه یک چارچوب تحلیلی برای درک بهتر این بیماری و یافتن راهکارهای موثر برای کنترل این بیماری است.
ایدز برای اولین بار در اوایل دهه ۱۹۸۰ شناسایی شد و به‌سرعت به یکی از بزرگترین بحران‌های بهداشتی جهانی تبدیل شد. در این دوره محققان شروع به شناسایی ویروس و نحوه انتقال آن کردند. این اطلاعات اولیه، مبنای بسیاری از مدل‌های ریاضی این بیماری شد. در دهه ۱۹۹۰ با افزایش آگاهی‌ها در مورد این ویروس و پیشرفت در درمان‌های ضد ویروسی محققان شروع به استفاده از مدل‌سازی ریاضی برای بررسی رفتار این ویروس کردند. درسال ۱۹۹۳ پرلسون یک دستگاه معادله دیفرانسیل برای بررسی رفتار این ویروس دربدن انسان ارائه داد [۵]. در سال ۲۰۰۰ کولشاو مدل ارائه‌شده توسط پرلسون را اصلاح کرد که در ادامه این مدل معرفی می‌شود [۴]. این مدل با روش‌هایی از جمله گالرکین پتروف مرتبهٔ دوم((cGp(2)، هم محلی موجک لژاندر(LWCM)، رانگ کوتا مرتبه‌ی چهارم (RK4) وغیره حل شده است [۱]. همچنین بلر و همکارانش از روش موجک‌های لاگر (LWM) برای حل این مدل استفاده کرده‌اند [۲]. در این مقاله، هدف حل این مسأله با روش گسسته‌سازی و مینیمم‌سازی (DMM) است. در این روش با استفاده از تابعک خطا، مدل به یک مسأله برنامه‌ریزی غیرخطی تبدیل می‌شود که جواب آن بهترین جواب تقریبی مدل در فضای L_p است [۳].
مدل ویروس نقص ایمنی ارائه شده توسط کولشاو به صورت زیر است[۱]:

$$\frac{dT(t)}{dt} = s_\circ - \mu_T T(t) + \alpha T(t)\big(1 - \frac{T(t)+I(t)}{T_{max}}\big) - \beta V(t)T(t),$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta V(t)T(t) - \mu_I I(t), \tag{۱.۱}$$

$$\frac{dV(t)}{dt} = \gamma\mu_I I(t) - \mu_V V(t),$$

که درآن

$$t \in [a,b] \quad , \quad \big(T(\circ), I(\circ), V(\circ)\big) = (\circ/1, \circ, \circ/1),$$

و توابع $\big(T(t), I(t), V(t)\big) \in C\big([a,b]\big)$ به‌ترتیب از سمت چپ نشان دهنده تعداد سلول‌های سالم T، تعداد سلول‌های مبتلای T و تعداد ویروس‌های آزاد HIV در زمان t می‌باشند. پارامترهای این مدل در جدول ۱ معرفی شده‌اند.

جدول ۱: پارامترها و متغییرهای مورد استفاده در مدل HIV

پارامتر	معرفی	واحد
$s_\circ$	نرخ عرضه جدید سلول‌های سالمT در تیموس	$day^{-1}mm^{-1}$
α	نرخ رشد جمعیت سلول‌های سالمT	day^{-1}
μ_t	نرخ گردش سلول‌های سالمT	day^{-1}
μ_I	نرخ گردش سلول‌های آلودهT	day^{-1}
μ_V	نرخ گردش سلول‌های آزاد	day^{-1}
β	نرخ عفونت	day^{-1}
T_{max}	حداکثر سطح جمعیت سلول‌های سالمT	mm^{-1}
γ	تعداد ویروس تولید شده توسط سلول‌های آلودهT	$day-1$

تذکر **۱.۱**. در ادامه، برای سهولت در نوشتار به‌جای $\big(\frac{dT(t)}{dt}, \frac{dI(t)}{dt}, \frac{dV(t)}{dt}\big)$ از $\big(T_t(t), I_t(t), V_t(t)\big)$ استفاده می‌شود.

تعریف **۲.۱**. تابعک‌های خطای نقطه‌ای و کلی برای معادله اول دستگاه (۱.۱) در بازه *[a,b]* را به ترتیب با نمادهای E_1 و TE_1 نشان داده و به‌صورت زیر تعریف می‌شوند [۳]:

$$E_1 : [a,b] \longrightarrow \mathbb{R},$$

$$E_1(t) = |T_t(t) - f_1\big(T(t), I(t), V(t)\big)|, \tag{۲.۱}$$

که در آن

$$f_1\big(T(t), I(t), V(t)\big) = s_\circ - \mu_T T(t) + \alpha T(t)\big(1 - \frac{T(t)+I(t)}{T_{max}}\big) - \beta V(t)T(t),$$

$$TE_۱ = \int_a^b E_۱(t)dt. \tag{۳.۱}$$

تعریف **۳.۱**. به‌طور مشابه متناظر با معادله‌های دوم و سوم دستگاه (۱.۱) تابعک‌های خطای نقطه‌ای و کل را به‌صورت زیر تعریف می‌کنیم:

$$E_۲(t) = |I_t(t) - f_۲\big(T(t), I(t), V(t)\big)|, \tag{۴.۱}$$

که در آن

$$f_۲\big(T(t), I(t), V(t)\big) = \beta V(t)T(t) - \mu_I I(t),$$

$$E_۳(t) = |V_t(t) - f_۳\big(T(t), I(t), V(t)\big)|, \tag{۵.۱}$$

که در آن

$$f_۳\big(T(t), I(t), V(t)\big) = \gamma\mu_I I(t) - \mu_V V(t),$$

$$TE_۲ = \int_a^b E_۲(t)dt, \tag{۶.۱}$$

$$TE_۳ = \int_a^b E_۳(t)dt. \tag{۷.۱}$$

تعریف **۴.۱**. برای محاسبه خطای کل دستگاه معادلات (۱.۱)، تابعک خطای تجمیعی زیر را تعریف می‌کنیم:

$$TE : [a, b] \longrightarrow \mathbb{R},$$

$$TE = TE_۱ + TE_۲ + TE_۳. \tag{۸.۱}$$

۲ وجود جواب

در این بخش به بررسی وجود جواب برای دستگاه (۱.۱) می‌پردازیم. هدف اصلی ارائه شرایطی است که تحت آن می‌توان تضمین کرد مسأله مورد نظر دارای جواب است.

قضیه **۱.۲**. فرض کنید $T^*(t), I^*(t), V^*(t)$ توابعی متعلق به $C([a, b])$ باشند. شرط لازم و کافی برای این که (T^*, I^*, V^*) جواب دستگاه (۱.۱) باشد این است که در رابطه $TE = 0$ صدق کند.

اثبات. اگر $\big(T^*(t), I^*(t), V^*(t)\big)$ جواب دستگاه (۱.۱) باشند، در این صورت در این دستگاه صدق خواهند کرد و بنابراین طبق تعریف خطای نقطه‌ای در (۲.۱) داریم:

$$E_۱(t) = |T_t^*(t) - f_۱\big(T^*(t), I^*(t), V^*(t)\big)| = ۰,$$

و در نتیجه

$$TE_۱ = \int_a^b E_۱(t)dt = ۰,$$

و به‌طور مشابه

$$TE_۲ = \int_a^b E_۲(t)dt = ۰,$$

$$TE_۳ = \int_a^b E_۳(t)dt = ۰,$$

در نتیجه خواهیم داشت:

$$TE = TE_۱ + TE_۲ + TE_۳ = ۰.$$

برعکس، فرض کنید سه‌تایی مانند $\big(T(t), I(t), V(t)\big)$ وجود دارد که $TE = ۰$ و

$$E_۱(t) + E_۲(t) + E_۳(t) \neq ۰,$$

باشند. باتوجه به پیوسته و نامنفی بودن توابع $E_۱$، $E_۲$ و $E_۳$، یک همسایگی با $\xi > ۰$ و $t_۱ \in [a, b]$ برای t به صورت $(t_۱-\xi, t_۱+\xi)$ وجود دارد که در آن $E_۱(t) > ۰$، $E_۲(t) > ۰$ و $E_۳(t) > ۰$ باشند. بنابراین همواره رابطه زیر برقرار است:

$$\int_a^b \big(E_۱(t) + E_۲(t) + E_۳(t)\big)dt \geq \int_{t_۱-\xi}^{t_۱+\xi} \big(E_۱(t) + E_۲(t) + E_۳(t)\big)dt > ۰,$$

بنابراین برای هر $t \in [a, b]$ داریم:

$$\big(E_۱(t) + E_۲(t) + E_۳(t)\big) = ۰.$$

در نتیجه باتوجه به تعریف خطای نقطه‌ای

$$E_۱(t) = ۰, E_۲(t) = ۰, E_۳(t) = ۰.$$

بنابراین سه‌تایی $\big(T(t), I(t), V(t)\big)$ یک جواب دستگاه معادلات (۱.۱) خواهد بود و اثبات کامل می‌شود. □

۳ جواب‌های عددی

باتوجه به تعاریف و قضیه بخش قبل، در ادامه با استفاده از گسسته‌سازی، حل دستگاه (۱.۱) به یک مسأله مینیمم‌سازی برای خطای کل تبدیل می‌شود. فرض‌کنید بازه زمانی به‌صورت $[0, t_{max}]$ باشد. برای گسسته‌سازی خطای کل، بازه $[۰, t_{max}]$ را به n قسمت مساوی با طول گام

$$\Delta t = \frac{t_{max}}{n},$$

در گره‌های

$$۰ = t_۰ < t_۱ < ... < t_n = t_{max},$$

تقسیم می‌کنیم. حال خطاهای کل در تعاریف (۲.۱) ، (۳.۱) را به کمک روش ذوزنقه‌ای تقریب می‌زنیم:

$$TE_۱ = \sum_{i=۰}^{n-۱} \int_{t_i}^{t_{i+۱}} E_۱(t)dt = \frac{\Delta t}{۲} \sum_{i=۰}^{n-۱} \big(E_۱(t_i) + E_۱(t_{i+۱})\big), \tag{۱.۳}$$

$$TE_۲ = \sum_{i=۰}^{n-۱} \int_{t_i}^{t_{i+۱}} E_۲(t)dt = \frac{\Delta t}{۲} \sum_{i=۰}^{n-۱} \big(E_۲(t_i) + E_۲(t_{i+۱})\big), \tag{۲.۳}$$

$$TE_۳ = \sum_{i=۰}^{n-۱} \int_{t_i}^{t_{i+۱}} E_۳(t)dt = \frac{\Delta t}{۲} \sum_{i=۰}^{n-۱} \big(E_۳(t_i) + E_۳(t_{i+۱})\big). \tag{۳.۳}$$

باتوجه به غیرخطی بودن دستگاه (۱.۱) و قضیه (۱.۲) برای یافتن جواب‌های این دستگاه، جواب‌های تقریبی مسأله مینیمم‌سازی غیرخطی زیر را با شرایط اولیه داده‌شده محاسبه می‌کنیم:

$$\min TE = \frac{\Delta t}{۲}\sum_{i=۰}^{n-۱}\big(E_۱(t_i)+E_۱(t_{i+۱})+E_۲(t_i)+E_۲(t_{i+۱})+E_۳(t_i)+E_۳(t_{i+۱})\big). \qquad (۴.۳)$$

برای محاسبه تابعک‌های خطای نقطه‌ای تعاریف (۲.۱) و (۳.۱) در گره‌های t_i، از تفاضلات پیشرو جهت تقریب مشتق به‌صورت زیر استفاده می‌کنیم:

$$E_۱(t_i) = \left|\frac{T(t_{i+۱})-T(t_i)}{\Delta t} - f_۱\big(T(t_i),I(t_i),V(t_i)\big)\right|, \qquad (۵.۳)$$

$$E_۲(t_i) = \left|\frac{I(t_{i+۱})-I(t_i)}{\Delta t} - f_۲\big(T(t_i),I(t_i),V(t_i)\big)\right|, \qquad (۶.۳)$$

$$E_۳(t_i) = \left|\frac{V(t_{i+۱})-V(t_i)}{\Delta t} - f_۳\big(T(t_i),I(t_i),V(t_i)\big)\right|. \qquad (۷.۳)$$

همچنین برای محاسبه این تابعک‌ها در گره‌های $t_{i+۱}$، از تفاضلات پسرو جهت تقریب مشتق استفاده می‌کنیم:

$$E_۱(t_{i+۱}) = \left|\frac{T(t_{i+۱})-T(t_i)}{\Delta t} - f_۱\big(T(t_{i+۱}),I(t_{i+۱}),V(t_{i+۱})\big)\right|, \qquad (۸.۳)$$

$$E_۲(t_{i+۱}) = \left|\frac{I(t_{i+۱})-I(t_i)}{\Delta t} - f_۲\big(T(t_{i+۱}),I(t_{i+۱}),V(t_{i+۱})\big)\right|, \qquad (۹.۳)$$

$$E_۳(t_{i+۱}) = \left|\frac{V(t_{i+۱})-V(t_i)}{\Delta t} - f_۳\big(T(t_{i+۱}),I(t_{i+۱}),V(t_{i+۱})\big)\right|. \qquad (۱۰.۳)$$

درنهایت دستگاه (۱.۱) به مسأله مینیمم‌سازی غیرخطی (۴.۳) تبدیل می‌شود که می‌توان جواب بهینه آن را با نرم‌افزارهایی مانند MATLAB, LINGO,... محاسبه کرد.

۴ نتایج عددی

در این بخش مدل ویروس HIV معرفی شده در (۱.۱) را به مسأله بهینه‌سازی غیرخطی تبدیل می‌کنیم و جواب‌های عددی مدل را محاسبه می‌کنیم. همان‌طور که در نتایج عددی مشاهده می‌شود، با افزایش زمان و افزایش تعداد سلول‌های T سالم، جمعیت سلول‌های T آلوده نیز افزایش می‌یابند.
بازه زمانی را $[۰, ۱]$، مقادیر اولیه را

$$T(۰) = ۰/۱, \quad I(۰) = ۰, \quad V(۰) = ۰/۱,$$

و پارامترهای مدل را مقادیر مشخص زیر در نظر می‌گیریم:

$$s_۰ = ۰/۱, \quad \alpha = ۳, \quad \mu_T = ۰/۰۲, \quad \mu_I = ۰/۳,$$

$$\mu_V = ۲/۴, \quad \beta = ۰/۰۰۲۷, \quad T_{max} = ۱۵۰۰, \quad \gamma = ۱۰.$$

جدول‌های ۲، ۳ و ۴ جواب مسأله را با استفاده از روش بخش قبل (DMM) با در نظر گرفتن تعداد زیر بازه‌های $n = ۱۰$، $n = ۴۰$ و $n = ۸۰$ نشان می‌دهد. لازم به‌ذکر است که برای حل مسأله بهینه‌سازی به‌دست آمده از نرم‌افزار MATLAB استفاده شده است.

جدول ۲: پاسخ‌های تقریبی برای $T(t_i)$ با تعداد گره‌های متفاوت.

t_i	$n = ۱۰$	$n = ۴۰$	$n = ۸۰$
۰	۰٫۱۰۰۰۰۰۰۰۰	۰٫۱۰۰۰۰۰۰۰۰	۰٫۱۰۰۰۰۰۰۰۰
۰٫۱	۰٫۱۳۹۷۹۵۴۹۵	۰٫۱۴۴۵۰۱۶۱۷	۰٫۱۴۵۵۱۸۳۱۲
۰٫۲	۰٫۱۹۱۴۴۷۵۹۸	۰٫۲۰۳۷۸۳۳۶۳	۰٫۲۰۷۰۱۴۱۷۹
۰٫۳	۰٫۲۵۸۴۸۸۲۹۳	۰٫۲۸۲۷۹۸۶۷۶	۰٫۲۸۸۹۱۷۶۲۶
۰٫۴	۰٫۳۴۵۵۰۰۷۸۰	۰٫۳۸۹۲۳۵۵۱۰	۰٫۳۹۸۷۴۰۷۳۴
۰٫۵	۰٫۴۵۸۴۳۲۵۰۵	۰٫۵۲۹۹۷۲۶۰۸	۰٫۵۴۵۶۷۹۳۶۴
۰٫۶	۰٫۶۰۴۹۹۹۳۷۱	۰٫۷۱۷۵۳۶۹۷۱	۰٫۷۴۳۱۱۸۰۹۸
۰٫۷	۰٫۷۹۵۲۱۱۵۰۳	۰٫۹۶۷۴۹۶۰۵۷	۱٫۰۰۹۱۸۴۵۹۲
۰٫۸	۱٫۰۴۲۰۵۳۳۱۰	۱٫۳۰۰۵۷۰۸۳۸	۱٫۳۶۳۲۸۹۸۰۹
۰٫۹	۱٫۳۶۲۳۶۳۰۰۴	۱٫۷۴۴۳۴۱۶۶۰	۱٫۸۳۷۵۰۱۳۶۰
۱	۱٫۷۷۷۹۷۰۶۷۴	۲٫۳۳۵۵۰۴۲۹۷	۲٫۴۷۵۹۷۰۸۴۶

جدول ۳: پاسخ‌های تقریبی برای $I(t_i)$ با تعداد گره‌های متفاوت.

t_i	$n = ۱۰$	$n = ۴۰$	$n = ۸۰$
۰	$۰٫۰۰۰۰e+۰۰$	$۰٫۰۰۰۰e+۰۰$	$۰٫۰۰۰۰e+۰۰$
۰٫۱	$۲٫۹۱۳۷e-۰۶$	$۲٫۸۲۱۸e-۰۶$	$۲٫۸۲۷۸e-۰۶$
۰٫۲	$۵٫۸۷۳۱e-۰۶$	$۵٫۹۲۲۳e-۰۶$	$۵٫۹۵۱۴e-۰۶$
۰٫۳	$۹٫۰۵۸۸e-۰۶$	$۹٫۲۷۴۷e-۰۶$	$۹٫۳۴۶۴e-۰۶$
۰٫۴	$۱٫۲۴۴۴e-۰۵$	$۱٫۲۸۵۹e-۰۵$	$۱٫۲۹۸۵e-۰۵$
۰٫۵	$۱٫۶۰۱۶e-۰۵$	$۱٫۶۶۶۳e-۰۵$	$۱٫۶۸۳۸e-۰۵$
۰٫۶	$۱٫۹۷۳۷e-۰۵$	$۲٫۰۶۶۹e-۰۵$	$۲٫۰۹۰۳e-۰۵$
۰٫۷	$۲٫۳۶۲۰e-۰۵$	$۲٫۴۸۷۲e-۰۵$	$۲٫۵۱۹۴e-۰۵$
۰٫۸	$۲٫۷۶۵۵e-۰۵$	$۲٫۹۲۶۰e-۰۵$	$۲٫۹۷۰۱e-۰۵$
۰٫۹	$۳٫۱۸۳۸e-۰۵$	$۳٫۳۸۲۲e-۰۵$	$۳٫۴۴۰۳e-۰۵$
۱	$۳٫۶۱۹۵e-۰۵$	$۳٫۸۵۴۸e-۰۵$	$۳٫۹۳۳۰e-۰۵$

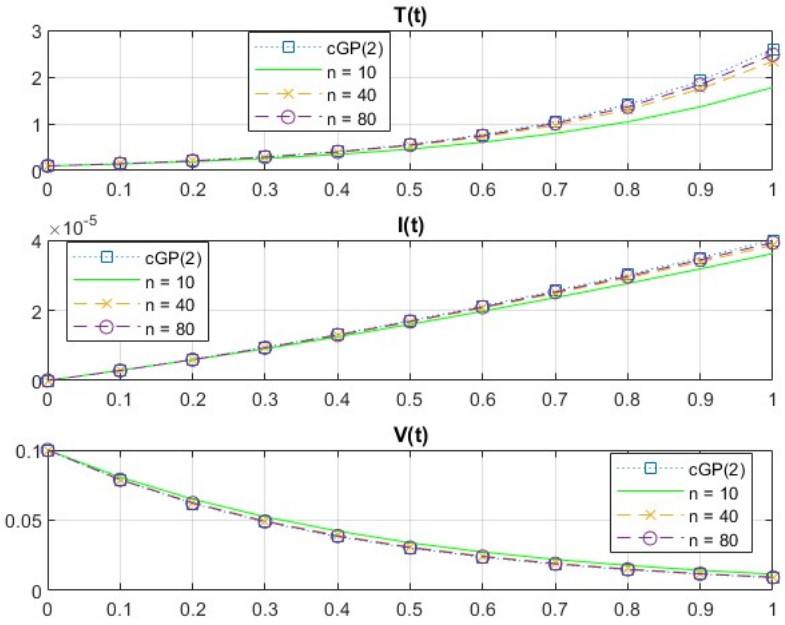
جدول ۴: پاسخ‌های تقریبی برای $V(t_i)$ با تعداد گره‌های متفاوت.

t_i	$n = ۱۰$	$n = ۴۰$	$n = ۸۰$
۰	۰٫۱۰۰۰۰۰۰۰۰	۰٫۱۰۰۰۰۰۰۰۰	۰٫۱۰۰۰۰۰۰۰۰
۰٫۱	۰٫۰۸۰۶۴۵۸۶۰	۰٫۰۷۹۰۱۶۱۱۱	۰٫۰۷۸۸۴۷۷۶۴
۰٫۲	۰٫۰۶۵۰۳۸۳۹۲	۰٫۰۶۲۵۸۹۱۸۴	۰٫۰۶۲۲۴۳۶۲۸
۰٫۳	۰٫۰۵۲۴۵۲۴۷۵	۰٫۰۴۹۴۵۹۷۵۵	۰٫۰۴۹۱۰۶۸۲۵
۰٫۴	۰٫۰۴۲۳۰۳۳۷۰	۰٫۰۳۹۱۳۶۹۱۶	۰٫۰۳۸۷۱۶۴۲۲
۰٫۵	۰٫۰۳۳۹۵۱۵۷۰	۰٫۰۳۰۹۸۳۲۷۹	۰٫۰۳۰۵۳۹۰۳۷
۰٫۶	۰٫۰۲۷۳۸۴۹۳۵	۰٫۰۲۴۵۱۶۳۲۸	۰٫۰۲۴۰۸۷۴۲۰
۰٫۷	۰٫۰۲۲۰۹۰۳۲۸	۰٫۰۱۹۳۷۹۳۹۱	۰٫۰۱۹۰۰۸۲۰۱
۰٫۸	۰٫۰۱۷۸۲۱۴۶۸	۰٫۰۱۵۳۲۵۴۵۵	۰٫۰۱۴۹۹۶۳۰۱
۰٫۹	۰٫۰۱۴۳۷۹۸۳۶	۰٫۰۱۲۰۶۵۹۹۱	۰٫۰۱۱۸۲۸۲۹۵
۱	۰٫۰۱۱۶۰۵۳۳۴	۰٫۰۰۹۵۱۵۹۰۲	۰٫۰۰۹۳۳۹۴۳۴

فرض کنید بردارهای T_m، I_m و V_m حاصل از حل مدل ویروس HIV در بازه زمانی $[۰, t_{max}]$ با m $(m \in \mathbb{N})$ زیر بازه متساوی‌الفاصله باشند. همچنین فرض کنید بردارهای حاصل از حل مدل با n $(n > m)$ زیر بازه متساوی‌الفاصله در این بازه باشند. با توجه به داده‌های جداول ۵، ۶ و ۷ می‌توان بررسی کرد که برای پاسخ‌های عددی به‌دست آمده، داریم:

$$\|T_n - T_m\| < \xi_۱,$$

$$\|I_n - I_m\| < \xi_۲,$$



شکل ۱: مقایسه جواب‌های تقریبی مدل ویروس HIV، از بالا به پایین به‌ترتیب $T(t)$، $I(t)$ و $V(t)$ در بازه $[۰, ۱]$.

$$\|V_n - V_m\| < \xi_۳.$$

به عبارتی همگرایی روش را با مثال عددی می‌توان نتیجه گرفت.

جدول ۵: بررسی همگرایی روش DMM برای $T(t)$

$\|T_n - T_m\|_۲$	E_T
$\|T_{۴۰} - T_{۱۰}\|_۲$	۰٫۷۵۷۴۴۶۶۶۵
$\|T_{۸۰} - T_{۴۰}\|_۲$	۰٫۱۸۷۴۰۷۴۲۵

جدول ۶: بررسی همگرایی روش DMM برای $I(t)$

$\|I_n - I_m\|_۲$	E_I
$\|I_{۴۰} - I_{۱۰}\|_۲$	$۳٫۸۸۹۶e-۰۶$
$\|I_{۸۰} - I_{۴۰}\|_۲$	$۱٫۱۶۴۲e-۰۶$

جدول ۷: بررسی همگرایی روش DMM برای $V(t)$

$\|V_n - V_m\|_۲$	E_V
$\|V_{۴۰} - V_{۱۰}\|_۲$	۰٫۰۰۸۲۴۴۷۵۷
$\|V_{۸۰} - V_{۴۰}\|_۲$	۰٫۰۰۱۰۷۸۹۸۱

در پایان این بخش، نتایج حاصل از روش بیان شده در بخش قبل (DMM) و روش موجک‌های لاگر (LWM) مطرح شده در [۲] در گره‌های $t_i = ۰٫۲i \quad ; \quad i = ۰, ۱, ۲, ۳, ۴,$ در جدول ۸ آمده است. همچنین، برای نشان دادن کارایی روش مطرح شده در این مقاله، بردار خطا بر اساس هر یک از معادلات دستگاه (۱.۱) محاسبه شده و نرم اقلیدسی بردار خطا در جدول ۹ آورده شده است. لازم به‌ذکر است که برای محاسبه مشتق مرتبه اول در سمت راست هر یک از معادلات دستگاه، از روش تفاضلات تقسیم شده پیشرو استفاده شده است.

همچنین نرم باقیمانده $(\|.\|_۲)$ بردارهای V ، I ، T با توجه به دستگاه (۱.۱) و با استفاده از تفاضلات پیشرو جهت تقریب مشتق در جدول پایین آمده است.

جدول ۸: مقایسه‌ی دو روش DMM و LWM

	t_i	۰	۰/۲	۰/۴	۰/۶	۰/۸	۱
$T(t_i)$	DMM	۰/۱۰۰	۰/۱۹۱	۰/۳۴۶	۰/۶۰۵	۱/۰۴۲	۱/۷۷۸
	LWM[۲]	۰/۱۰۰	۰/۲۰۹	۰/۴۰۶	۰/۷۶۴	۱/۴۱۲	۲/۵۸۷
$I(t_i)$	DMM	$0e+00$	$5e-06$	$1e-05$	$1e-05$	$2e-05$	$3e-05$
	LWM[۲]	$0e+00$	$6e-06$	$1e-05$	$2e-05$	$3e-05$	$3e-05$
$V(t_i)$	DMM	۰/۱۰۰	۰/۰۵۸	۰/۰۳۳	۰/۰۱۹	۰/۰۱۱	۰/۰۱۲
	LWM[۲]	۰/۱۰۰	۰/۰۶۲	۰/۰۳۸	۰/۰۲۴	۰/۰۱۵	۰/۰۱۰

جدول ۹: نرم خطا برای دو روش DMM و LWM

	$\|E_T\|_2$	$\|E_I\|_2$	$\|E_V\|_2$
DMM	۰/۵۹۱	$۴/۱۲۴e-05$	۰/۰۴۷
LWM	۱/۸۸۱	$۵/۹۷۸e-06$	۰/۱۶۹

فهرست منابع

[1] Sohaib, M., 2020. Mathematical modeling and numerical simulation of HIV infection model. *Applied mathematics, 7*, pp.100–118. doi: 10.1016/j.rinam.2020.100118

[2] Beler, A., Simsek, G.O., and Gumgum, S., 2023. Numerical solution of the HIV infection model of CD4(+) cells by Laguerre wavelets. *Mathematics and computers in simulation, 209*, pp.205–219. doi: 10.1016/j.matcom.2023.02.016

[3] Badakhshan, K.P., Kamyad, A.V. and Azemi, A., 2007. Using AVK method to solve nonlinear problems with uncertain parameters. *Applied mathematics and compution, 189(1)*, pp.27–34. doi: 10.1016/j.amc.2006.11.172

[4] Culshaw, R.V., and Ruan. S., 2000. A Delay-differential Equation Model of HIV Infection of $CD4^+T$-Cells. *Mathematical biosciences, 165(1)*, pp.27–39. doi: 10.1016/S0025-5564(00)00006-7

[5] Perelson, A.S., Kirschner, D.E., and Boer, R.D., 1993. Dynamics of HIV Infection of $CD4^+T$ Cells. *Mathematical biosciences, 114 (1)*, pp.81–125. doi: 10.1016/0025-5564(93)90043-A

Numerical Solution of the Human Immunodeficiency Virus Model by Discretization and Minimization Method

Mohammad Javad Azimi[(1)], Somayeh Zangoei Zadeh[(1)] [3] and Azim Rivaz[(1)]

[(1)] Department of Applied Mathematics, Faculty of Mathematics and Computer, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran.

Communicated by: Abdolrahman Razani

Received: 3 March 2025 Accepted: 29 December 2025

Abstract: Human Immunodeficiency Virus (HIV) is one of the most challenging global health issues, affecting the body's immune system, destroying most white blood cells, and weakening the infected individual's immune system against infections. In this paper, first, a mathematical model of HIV is introduced, and then the problem is solved using discretiztion and minimization method. In other words, by solving the presented model, the number of healthy cells, infected cells, and free viruses in the blood after the virus enters the body is determined. Finally, the approximate solutions obtained from this method are compared with the Laguerre wavelet method, which demonstrates the accuracy and efficiency of the proposed method.

Keywords: Human Immunodeficiency Virus, Discretization method, Minimization method, White blood cells.

©2024 Shahid Chamran University of Ahvaz, Ahvaz, Iran. This article is an open-access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution-NonComertial 4.0 International (CC BY-NC 4.0 license) (http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/).

[3]Corresponding author
E-mail addresses: arivaz@uk.ac.ir