الخواص الشمولية لفئة من نماذج الإصابة الفيروسية ذات الزمن المتقطع

إعداد

معتوقه بنت عطا الله ضيف الله الشيخ

إشراف: أ. د. أحمد محمد أحمد عليو

المستخلص

في هذه الاطروحة تمت دراسة وتحليل مجموعة من النماذج الرياضية للإصابة الفيروسية ذات الزمن المتقطع. جميع النماذج الرياضية المقترحة تعطى إما بواسطة نظام من المعادلات التفاضلية العادية أو بواسطة نظام من المعادلات التفاضلية ذات زمن التأخير. نماذج الزمن المتصل يتم تحويلها إلى نماذج ذات زمن متقطع باستخدام طريقة الفروق المحدودة غير القياسية.

تم تنفيذ هذه الدراسة من خلال النقاط التالية:

(١) الأخذ بعين الاعتبار أنواع مختلفة من معدلات الإصابة الفيروسية و الخلوية مثل معدل الإصابة شبه الخطي (Bilinear)، والتشبعي (Saturation)، ونوع الهولنج الثاني (Holling-type-II) وكذلك معدل الاصابة العام (General). (٢) أخذنا بعين الاعتبار كلا من الخلايا المصابة الكامنة (هذا النوع من الخلايا تحتوي على الفيروس ولكن لا تنتج فيروسات إلا بعد أن تصبح نشطة) والخلايا المصابة النشطة المنتجة للفيروسات. (٣) تم إدراج أنواع مختلفة من زمن التأخير المنفصل و تم إيضاح أن زمن التأخير يقوم بنفس دور العلاج المضاد للفيروسات. (٤) نظرا لأهمية الاستجابة المناعية في مقاومة الجسم للفيروسات فإننا أخذنا بعين الاعتبار الاستجابة المناعية الخلطية والاستجابة المناعية بواسطة الخلايا القاتلة (CTL) .(٥) تم استخدام طريقة الفروق المحدودة غير القياسية لتحويل نماذج ذات الزمن المتصل إلى نماذج ذات الزمن المتقطع. تم التحقق من أن النماذج ذات الزمن المتقطع المقترحة مقبولة من الناحية البيولوجية من حيث ان جميع حلول هذه النماذج غير سالبة ومحدودة . قمنا باشتقاق قيم للبارامترات الأساسية والتي تحدد وجود واستقرار نقاط الاتزان للنماذج. في حالة نماذج الاصابة الفيروسية العام، تم فرض مجموعة من الشروط على الدوال العامة التي تلزم لإثبات الوجود والاستقرار الشمولي لنقاط الاتزان في النموذج. تم دراسة الاستقرار الشمولي للنماذج من خلال بناء دوال ليابونوف (Lyapunov). أجرينا المحاكاة العددية للنماذج وأظهرت أن كلا من النتائج النظرية والعددية متوافقة. أثبتنا أن طريقة الفروق المحدودة غير القياسية تحافظ على الخصائص الاساسية والشمولية لنماذج الزمن المتصل. تم نشر مجموعة من الأوراق العلمية من هذه الأطروحة في العديد من المجلات الدولية ذات معامل تأثير (Impact factor).

Global properties of a class of discrete-time viral infection models

By

Matuqah Atallah Daifallah Alshaikh

Supervised by

Prof. Ahmed Mohamed Elaiw

Abstract

In this thesis, we study a class of mathematical viral infection models. These models are given by systems of ordinary differential equations (ODEs) or by systems of delay differential equations (DDEs). We discretize the continuous-time models by using nonstandard finite difference scheme. In this study we consider the following: (i) Different forms of cellular and viral incidence rates of infection such as bilinear, saturation, Holling type-II and general incidence. (ii) Different categories of infected cells such as latently infected cells, short-lived infected cells, long-lived infected cells and actively infected cells. (iii) Different types of time delays. We show that the delay plays the same significant role of antiviral treatments. (iv) Two types of immune response, humoral immune response and cell-mediated immune response.

For each discrete-time model, we show that the model is biologically compatible by showing that the solutions of the model are positive and bounded. We derive threshold parameters which fully determine the existence and stability of the equilibria of the model. In case of the general viral infection model, we establish a set of conditions on the general functions which are sufficient to prove the existence and global stability of all equilibria of the model. We establish the global stability of all equilibria by using the Lyapunov method. We conduct numerical simulations and show that both the theoretical and numerical results are consistent. The outcomes of this thesis are published in several ISI International Journals.