

تهیه نقشه پیش‌بینی خطرپذیری ایران در برابر بیماری آنفلوآنزای پرندگان با استفاده از منطق فازی

مصطفی عزیزخانی (m.azizkhani@student.kgut.ac.ir)

کارشناس ارشد سیستم‌های اطلاعات مکانی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته کرمان
میثم ارگانی*

استادیار گروه سنجش از دور و GIS، دانشکده جغرافیا، دانشگاه تهران

فاطمه مافی (f.mafi@student.kgut.ac.ir)

کارشناس ارشد سیستم‌های اطلاعات مکانی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته کرمان

(تاریخ دریافت ۱۳۹۶/۸/۱۴ - تاریخ پذیرش ۱۳۹۶/۹/۳۰)

چکیده

بیماری آنفلوآنزای پرندگان [Influenza Avian] یکی از بیماری‌های مهم تنفسی و واگیردار پرندگان است که دارای قدرت انتشار سریع است. در حال حاضر حدود ۳۳ پاندمی از آنفلوآنزای پرندگان از نوع فوق حاد H5 و H7 از دهه ۱۹۵۰ تا ۲۰۱۷ در جهان پدید آمده است. بزرگ‌ترین پاندمی نسبت به بقیه تا حال حاضر پاندمی H5N1 در ۶۳ کشور و در حال حاضر H5N8 بوده است. همانند پاندمی H5N8 در سال ۲۰۱۶ در ۱۹۹۶ سوئیه فوق حاد در گواندونگ چین به معدوم شدن حدود ۲۵۰ میلیون قطعه طیور یا پرند وحشی در ۶۳ کشور منجر شد. بیشتر کشورها در این شرایط، سیایت معدوم‌سازی را در صنعت طیور به کار می‌گیرند تا به ریشه‌کنی سویه‌های فوق حاد آنفلوآنزا دست یابند. هر چند کشورهایی نیز از راهبرد برنامه واکسیناسیون برای کنترل بیماری استفاده می‌کنند. ویروس آنفلوآنزای پرندگان و انتقال آن به انسان یکی از دغدغه‌های اصلی پژوهشگران در سال‌های اخیر بوده است. شناخت مناطقی از کشور که از شیوع ویروس آسیب‌پذیرترند به کنترل و پیشگیری از شیوع ویروس در مراحل مختلف کمک زیادی خواهد کرد. براساس مطالعات انجام‌گرفته عوامل مؤثر اصلی بر شیوع ویروس مذکور عبارت‌اند از نزدیکی به رودها، دریاچه‌ها، باتلاق‌ها، جمعیت، مراکز پرورش طیور، روستاها، بارندگی، دما و میزان باد شناسایی شدند. در نهایت به ترتیب استان‌های تهران، البرز، قم، اصفهان، قزوین، گلستان، گیلان بیشترین خطرپذیری را دارند. پژوهش حاضر از نوع تحلیلی در سال ۱۳۹۵ برای کل کشور ایران انجام گرفت. ابتدا عوامل مؤثر شناسایی و با نظر خبرگان وزن‌دهی شده و به چهار دسته تقسیم شدند؛ سپس داده‌ها با استفاده از منطق فازی تحلیل شدند؛ توابع عضویت فازی برای هر دسته تعریف شد؛ با تعریف ۳۶ قانون مختلف تمامی حالت‌های موجود با روش ممدانی بررسی شد. هدف این پژوهش، شناسایی مناطق خطرپذیر ایران در برابر شیوع ویروس N5H8 با توجه به عوامل مؤثر، بود. نقشه پهنه‌بندی خطر به‌دست‌آمده با نمونه‌های گزارش شیوع ویروس آنفلوآنزای پرندگان مطابقت مناسبی دارد.

واژه‌های کلیدی: آنفلوآنزا در پرندگان، سیستم اطلاعات جغرافیایی، منطق فازی، همه‌گیرشناسی.

مقدمه

بیماری آنفلوآنزای پرندگان، نوعی بیماری واگیردار است. در سال‌های اخیر شاهد شیوع این بیماری در سطح آسیا و اروپا بوده‌ایم. با توجه به خاصیت جهش ژنتیکی این ویروس، شاهد انتقال این ویروس بین پرستنداران و انسان‌ها نیز بوده‌ایم [۲۷]. این بیماری توسط فضولات و مایعات بدن پرندگان مبتلا، به انسان سرایت می‌یابد. در حال حاضر حدود ۳۳ پاندمی از آنفلوآنزای طیور از نوع فوق‌حاد H5 و H7 از دهه ۱۹۵۰ تا ۲۰۱۷ در جهان پدید آمده است. بزرگ‌ترین پاندمی نسبت به بقیه تا حال حاضر پاندمی H5N1 در ۶۳ کشور و در حال حاضر H5N8 بوده است. همانند پاندمی H5N8 در سال ۲۰۱۶ در ۱۹۹۶ سوئیه فوق‌حاد در گواندونگ چین، سبب معدوم شدن حدود ۲۵۰ میلیون قطعه طیور یا پرندۀ وحشی در ۶۳ کشور شد. بیشتر کشورها در این شرایط، سیاست معدوم‌سازی را در صنعت طیور به‌کار می‌گیرند تا به ریشه‌کنی سویه‌های فوق‌حاد آنفلوآنزا دست یابند. هرچند کشورهایی نیز از راهبرد برنامه‌واکسیناسیون برای کنترل بیماری استفاده می‌کنند. نمونه انتقال این بیماری از انسان به انسان بسیار کم مشاهده شده است [۱۱]. در صورت شیوع بیماری آنفلوآنزای پرندگان و قرار گرفتن این ویروس در شرایط مختلف، امکان تغییر رفتار این بیماری و جهش ژنتیکی و در نتیجه انتقال این ویروس از انسان به انسان وجود دارد. این موضوع مهم‌ترین دغدغۀ متخصصان است؛ زیرا امکان عالم‌گیر شدن ویروس و بروز فاجعه وجود دارد [۱۷]. عالم‌گیر شدن بیماری آنفلوآنزا دارای دوره‌های ۲۵ ساله است. آخرین دورۀ فراگیری جهانی این بیماری در سال ۱۹۶۸ بوده است. امکان عالم‌گیری این بیماری ظرف شش ماه در سراسر جهان وجود دارد [۲۸].

تحت تیپ H5N1 ویروس آنفلوآنزای پرندگان در سال ۲۰۰۴ سبب تلفات سنگین شد [۱۹]. در سال ۲۰۱۴ از بین ۶۵۰ مورد ابتلای انسان به این بیماری ۳۸۶ مورد مرگ بیمار گزارش شد [۷]. تا سال ۲۰۱۲ در ۶۳ کشور مختلف جهان، گزارش‌های ابتلای مرغ و پرندگان وحشی به آنفلوآنزای پرندگان مخابره شد. به عقیده بسیاری از صاحب‌نظران اثر مخرب شیوع این بیماری بر اقتصاد دامداری و کشاورزی بسیار عمیق بوده است. در سال‌های اخیر ایران صدها هزار پرندۀ را به‌دلیل شیوع آنفلوآنزا در ۱۷ استان معدوم کرده است. هزاران پرندۀ وحشی به‌ویژه غاز در مناطق مرکزی، مرده کشف شدند. از اواسط سال ۲۰۱۶ تا ابتدای ۲۰۱۷ به‌دنبال ۹ مورد شیوع آنفلوآنزا مرغی، ۷۲۵ هزار پرندۀ امحا شدند [۱۶]. ایران به‌علت داشتن شرایط آب‌وهوایی متنوع و فرهنگ روستایی خاص، مستعد شیوع آنفلوآنزای پرندگان است. در بیشتر روستاهای ایران شاهد نگهداری ماکیان برای استفاده از تخم، گوشت و سایر محصولات هستیم. از طرفی آب‌وهوای متنوع ایران، این کشور را برای مهاجرت پرندگان گوناگون در فصول خاص مستعد کرده است [۱۴].

ویروس آنفلوآنزای پرندگان براساس قدرت بیماری‌زای آنها به دو دسته تقسیم می‌شود. ویروس‌های بسیار پاتوژن (HPAT) که ممکن است مرگ‌ومیری در حدود ۱۰۰ درصد داشته باشد و در صورت انتقال به ماکیان، بسیار واگیردارند [۲۹، ۴]. باقی ویروس‌های آنفلوآنزای پرندگان سبب علائم ملایم و ابتدایی تنفسی می‌شوند که ممکن است به‌وسیله دیگر عوامل بیماری‌زا یا وضعیت محیط تشدید شوند. پرندگان وحشی به‌طور معمول دچار بیماری نشده و به‌عنوان ناقل عمل می‌کنند؛ ولی این ویروس می‌تواند تلفات زیادی در پرندگان اهلی داشته باشد [۲۵]. با توجه به تفاوت ماهیت ژنتیکی تحت تیپ‌های مختلف این ویروس، شاهد خصوصیات و واکنش‌های متفاوت بین زیر دسته‌های آن هستیم، به‌طوری که برای شیوع به عوامل محیطی مختلف واکنش مختلفی دارند. هدف این پژوهش رسیدن به نقشه خطرپذیری ایران در برابر شیوع تحت تیپ H5N8 ویروس آنفلوآنزای پرندگان است.

فارغ از انواع تحت تیپ ویروس آنفلوآنزای پرندگان، این ویروس بر اثر عوامل مختلفی رشد و تکثیر می‌یابد. عوامل محیطی زیادی در این مسئله تأثیرگذارند. شرایط آب‌وهوایی، دما، نزدیکی به رودخانه دائمی، برکه و دریاچه، جهت و شدت باد، نزدیکی به محل زندگی انسان‌ها چه روستایی و چه شهری از جمله این عوامل اند [۱۵، ۲۰]. از طرفی نوع پرورش و نگهداری پرندگان بومی نیز بسیار مهم است. در مناطق روستایی ایران شاهد نگهداری ماکیان در نزدیکی محل زندگی روستایان هستیم، این مسئله خود سبب ایجاد خطر برای شیوع انواع بیماری در بین پرندگان و انسان‌ها می‌شود. مهاجرت پرندگان دیگر مناطق به محل آلودگی و بازگشت این پرندگان ناقل بیماری مسئله مهمی است که باید مدنظر قرار گیرد. این مهاجرت‌ها علاوه بر شیوع بیشتر بیماری‌ها سبب ایجاد جهش ژنتیکی ویروس آنفلوآنزای پرندگان می‌شود [۲۲].

روش کار

روش تحقیق در مقاله حاضر روش تحلیلی، استنتاجی است و با تکیه بر توانمندی‌های سامانه اطلاعات جغرافیایی (GIS) و روش استنتاج فازی به شناسایی خطرپذیری ایران در برابر بیماری آنفلوآنزای پرندگان پرداخته شد.

در این پژوهش از انواع داده‌های وکتور و رستر با منابع مختلف استفاده شد. در ابتدا عوامل مؤثر در شیوع ویروس آنفلوآنزای نوع A تعریف و شناسایی شد. این عوامل با استفاده از نظر کارشناسان و پژوهش‌های مشابه در ایران و جهان صورت گرفت. سپس، داده‌های وکتور [Vector] و رستر [Raster] جمع‌آوری شده و به محیط نرم‌افزار ArcGIS 10.4.1 وارد شد. داده‌های وکتور با استفاده از عملگر فاصله اقلیدسی [Euclidean Distance] به رستر تبدیل شدند. داده‌ها

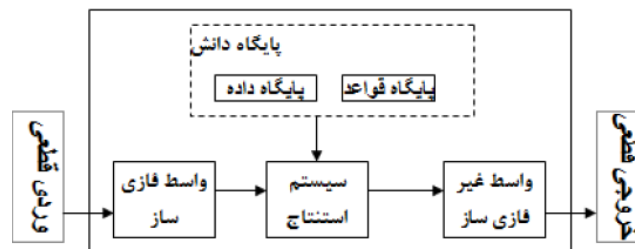
Georeference شده و استانداردسازی داده‌ها صورت گرفت. در گام بعدی، کلاس‌های مجدد براساس ارزش هر لایه داده تعریف شد. برای مثال هر چقدر فاصله تا رودخانه دائمی کمتر باشد، ریسک بیشتری وجود دارد. سپس، خلاصه‌سازی داده‌ها و خروجی گرفتن از آنها با فرمت ASCII صورت گرفت؛ زیرا این فرمت برای نرم‌افزار متلب تعریف شده است. داده‌ها به نرم افزار متلب وارد شده و توابع عضویت و قواعد فازی تعریف شد. این کار توسط رابط گرافیکی کاربر [GUI] موجود در نرم‌افزار متلب صورت گرفت. سرانجام، گرفتن خروجی و وارد کردن مجدد تحلیل‌ها به محیط نرم‌افزار ArcGIS 10.4.1 و نمایش پایانی به صورت نقشه‌ای کامل برای شناسایی خطرپذیری ایران در برابر بیماری آنفلوآنزای پرندگان، انجام گرفت.



شکل ۱. شرح فعالیت‌های انجام گرفته در این پژوهش

منطق استنتاج فازی

منطق فازی نوعی منطق در ریاضیات است که جانشین الگوی ساده دودویی شده است. مفهوم منطق فازی نخستین بار در جهان، توسط دانشمند برجسته پروفیسور لطفی‌زاده، استاد دانشگاه برکلی در کالیفرنیا در سال ۱۹۶۵ ارائه شد [۳۰]. این منطق شباهت بیشتری به تصمیمات ذهن انسان دارد. اساساً کاری که یک سیستم فازی انجام می‌دهد، تبدیل دانش بشری به زبان قابل فهم کامپیوتر است. ساختار اصلی این سیستم از چهار جزء واسط فازی‌ساز، پایگاه دانش، سیستم استنتاج و واسط غیر فازی‌ساز تشکیل شده است که در شکل ۲ مشخص شده است.



شکل ۲. ساختار اصلی یک سیستم بر مبنای منطق فازی

استنتاج فازی، فرایندی سیستماتیک برای تبدیل یک پایگاه دانش به یک نگاهت غیرخطی را فراهم می‌آورد. به همین علت، از سیستم‌های مبتنی بر دانش (سیستم‌های فازی) در کاربردهای مهندسی و تصمیم‌گیری استفاده می‌شود. در این پژوهش به علت دقت زیاد و همچنین شبیه‌سازی مناسب از روش استنتاج فازی برای تحلیل داده‌های مکانی استفاده شد.

عوامل مؤثر بر شیوع ویروس آنفلوآنزای پرندگان

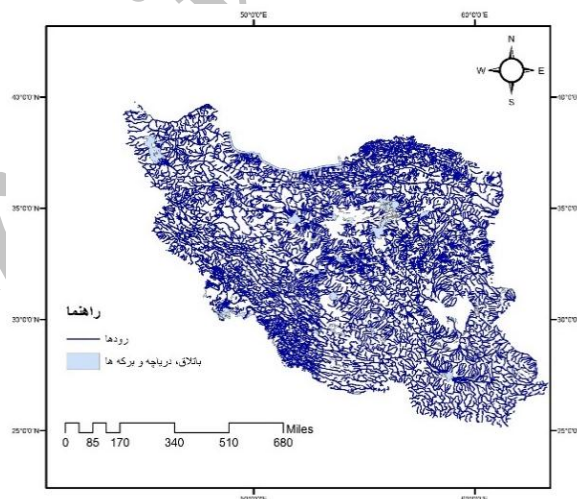
عوامل مؤثر بر شیوع ویروس آنفلوآنزای پرندگان به چهار دسته کلی تقسیم می‌شوند. اولین دسته، عوامل مجاورت یا نزدیکی به آب جاری و ساکن است. دسته دوم مربوط به شرایط آب‌وهوایی می‌شود. دسته سوم محل‌های مهاجرت پرندگان است. چهارمین دسته، محل‌های مجاورت و تماس مستقیم آنها با مردم است. در شکل ۳ می‌توان عوامل مؤثر بر شیوع ویروس آنفلوآنزای پرندگان را مشاهده کرد. ابتدا با استفاده از پژوهش‌های مشابه و نظر خبرگان عوامل مختلف انتخاب شدند. سپس با استفاده از اندازه‌گیری‌های میدانی پژوهشگران دیگر، هر دسته از عوامل ارزیابی قرار شده و مشخص شد که تأثیر این عامل مستقیم بوده است یا معکوس. سپس عوامل توسط خبرگان اپیدمیولوژی وزن داده شدند.



شکل ۳. عوامل مؤثر بر شیوع ویروس آنفلوانزای پرندگان

الف) نزدیکی به آب

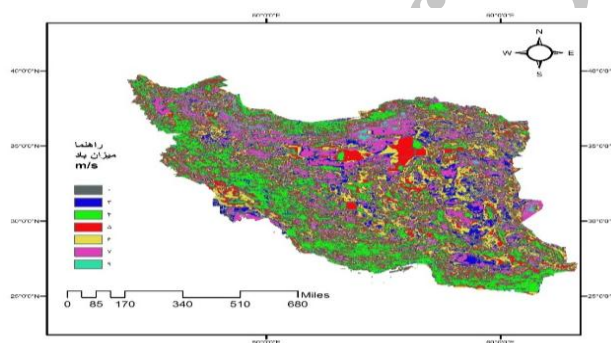
فلاح در سال ۲۰۱۴ با استفاده داده‌های جمع‌آوری شده توسط نمونه‌گیری از پرندگان ایران به وجود رابطه بین نزدیک بودن به دریاچه یا رودخانه دائمی و افزایش احتمال ابتلا پرندگان به ویروس آنفلوانزای پرندگان پی برد؛ به طوری که هرچه محیط زندگی پرندگان به دریاچه نزدیک‌تر باشد، احتمال ابتلا به ویروس افزایش می‌یابد [۲۲]. این ارتباط فارغ از وجود پرندگان مهاجر در نزدیکی تالاب و دریاچه است. از طرفی هرچه آب راکدتر باشد، احتمال ابتلا افزایش می‌یابد [۸]. در تحلیل‌های مکانی این پژوهش، به دریاچه‌ها، باتلاق‌ها و برکه‌ها وزن بیشتری نسبت به رودها اختصاص داده می‌شود. با اختصاص وزن هر لایه در نهایت به لایه نزدیک به آب می‌رسیم. در شکل ۴ می‌توان نقشه رودها، باتلاق‌ها و دریاچه‌های ایران را مشاهده کرد.



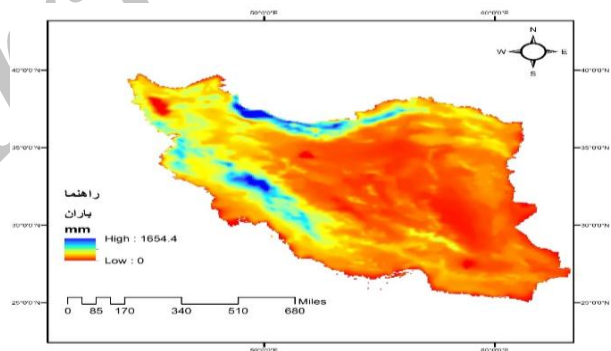
شکل ۴. نقشه رودها، برکه‌ها، باتلاق‌ها و دریاچه‌های ایران

ب) شرایط آب‌وهوایی

در بیشتر پژوهش‌های انجام‌گرفته برای انواع ویروس‌های تحت تیپ آنفلوآنزای پرندگان شرایط آب‌وهوایی تأثیر بسزایی در احتمال ابتلای پرندگان دارد. به‌عنوان مثال شرایط آب‌وهوایی کوهستانی به‌علت سرد و خشک بودن احتمال ابتلای کمتری نسبت به هوای گرم و مرطوب دارد [۲۰]. در پژوهش حاضر بررسی شرایط آب‌وهوایی به‌صورت دقیق‌تر مورد تأکید بوده است. میزان متوسط سالیانه دما، باد و باران به‌عنوان عوامل آب‌وهوایی انتخاب شده و سپس میزان تأثیرگذاری توسط مقایسه با پژوهش‌های دیگر و نظر کارشناسان تعیین شد. براساس نتایج پژوهش‌های مختلف دما رابطه مستقیمی با شیوع ویروس آنفلوآنزای پرندگان دارد [۲۳، ۵، ۱]. باد و کاهش بارندگی نیز تأثیر مستقیمی در شیوع بیشتر ویروس آنفلوآنزای پرندگان دارند [۲۱، ۱۰]. در شکل‌های ۵ و ۶، نقشه متوسط سالیانه میزان باد و باران ایران را می‌توان مشاهده کرد.



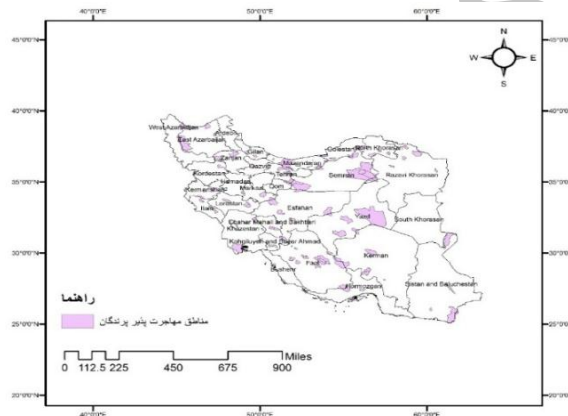
شکل ۵. نقشه متوسط سالیانه میزان باد ایران



شکل ۶. نقشه متوسط سالیانه باران ایران

پ) مهاجرت پرندگان

مهم‌ترین راه انتقال ویروس آنفلوانزای پرندگان تماس مستقیم با فضولات و مایعات بدن پرندۀ آلوده است [۳]. بسیاری از پرندگان صدها کیلومتر را طی می‌کنند تا به محل دیگری مهاجرت کنند؛ اگر در بین این پرندگان موردی به ویروس مبتلا باشد، ویروس می‌تواند مسافت‌های بسیار زیادی را طی کند و در شرایط محیطی جدید، جهش ژنتیکی خطرناکی داشته باشد [۲۴، ۱۸]. ایران سالانه شاهد ورود هزاران پرندۀ مهاجر است. مهاجرت این پرندگان به نواحی گوناگون به نوع آنها بستگی دارد. برای مثال اگر پرندۀ از نوع جنگلی باشد، به سمت جنگل و یا جنگل‌های گیلان، مازندران و گلستان می‌رود. پرندگان بیابانی نیز به مناطق بیابانی ایران می‌روند. پرندگان آبی نیز به سمت تالاب‌ها و دریاچه‌ها حرکت می‌کنند.



شکل ۷. نقشه مناطق مهاجرت‌پذیر پرندگان ایران

ث) مجاورت با انسان

هر چه تماس فیزیکی انسان با پرندگان بیشتر باشد، احتمال انتقال ویروس به آنها بیشتر است. همان‌طور که گفته شد با توجه به سبک زندگی روستایی در ایران و نگهداری ماکیان در محل زندگی روستائینان خطر ابتلای آنها به ویروس بسیار زیاد است. در ایران کمتر روستایی است که از این امر مستثنا باشد. پس روستاهای ایران اولین عامل مجاورت انسان با پرندگان است [۱۳]. از طرفی مراکز تولید و نگهداری مرغ و طیور در سطح کشور به‌علت تراکم زیاد می‌تواند سبب گسترش بیماری بین پرندگان و نیز انتقال ویروس به انسان شود. عامل سوم تراکم جمعیت مردم در سطح کشور است. با افزایش تراکم، امکان انتقال ویروس بیشتر می‌شود.

شهرهایی مانند تهران که تراکم جمعیت زیادی دارند، خطر بسیار زیادی در گسترش بیماری آنفلوآنزای پرندگان دارند.

تحلیل یافته‌ها

در قسمت قبل به بررسی عوامل مؤثر بر شیوع ویروس آنفلوآنزای پرندگان پرداخته شد. انواع داده مکانی مربوط به عوامل، پس از جمع‌آوری، وارد نرم‌افزار ArcGIS شدند. در مرحله بعد داده‌ها Georeference شدند. سپس با استفاده از نظر پنج متخصص اپیدمیولوژی و راهنمای مراقبت و کنترل بیماری آنفلوآنزا در جمهوری اسلامی ایران، هر عامل استاندارد شد. براساس وزن‌های گرفته‌شده از نظر کارشناسان به تعریف کلاس‌های مجدد و ادغام زیردسته‌ها به دسته‌های اصلی پرداخته شد. این کار برای ادغام لایه‌هایی که واحدهای متفاوتی دارند ضروری است. برای مثال در دسته شرایط آب‌وهوایی ارزش زیردسته‌های میزان باد (متر بر ثانیه) و دما (درجه سلسیوس) استانداردسازی شده و سپس با می‌شوند. در جدول ۱ می‌توان میزان ارزش‌گذاری مجدد هر عامل را که به استاندارد شدن عوامل منجر می‌شود، مشاهده کرد. سپس این عوامل تحت چهار دسته کلی تجمیع شدند. در جدول ۲ سهم هر عامل در دسته کلی مشخص شده است.

جدول ۱. میزان ارزش‌گذاری مجدد هر عامل برای استانداردسازی

نام عامل	میزان ارزش	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰
۱. ف.ا. برکه	کیلومتر	۳۰	۲۷	۲۴	۲۱	۱۸	۱۵	۱۲	۹	۶	۳
۲. ف.ا. دریاچه	کیلومتر	۳۰	۲۷	۲۴	۲۱	۱۸	۱۵	۱۲	۹	۶	۳
۳. ف.ا. رودخانه	کیلومتر	۳۰	۲۷	۲۴	۲۱	۱۸	۱۵	۱۲	۹	۶	۳
۴. میزان باد	کیلومتر بر ثانیه	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰
۵. بارندگی	میلی‌متر بر مترمربع	۱۷۰۰	۱۵۰۰	۱۳۵۰	۱۱۰۰	۹۵۰	۸۰۰	۶۵۰	۵۰۰	۳۵۰	۲۰۰
۶. دما	سلسیوس	۱۰	۱۳	۱۶	۲۰	۲۲	۲۵	۲۸	۳۰	۳۲	۳۵
۷. ف.ا. مناطق مهاجرت پرندگان	کیلومتر	۳۰	۲۷	۲۴	۲۱	۱۸	۱۵	۱۲	۹	۶	۳
۸. جمعیت	نفر بر کیلومتر مربع	۱۰	۳۲	۶۱	۸۳	۱۱۰	۱۴۹	۱۹۷	۲۵۵	۳۱۵	۳۶۸
۹. ف.ا. روستا	کیلومتر	۳۰	۲۷	۲۴	۲۱	۱۸	۱۵	۱۲	۹	۶	۳
۱۰. ف.ا. مراکز پرورش و کشتارگاه	کیلومتر	۳۰	۲۷	۲۴	۲۱	۱۸	۱۵	۱۲	۹	۶	۳

جدول ۲. سهم هر زیردسته در تشکیل دسته

نام دسته	زیردسته (عامل)	سهم زیردسته (%)
آب	ف.ا. برکه	۴۰
	ف.ا. دریاچه	۴۰
	ف.ا. رودخانه دائمی	۲۰
شرایط آب‌وهوایی	میزان باد	۳۰
	بارندگی	۳۰
مهاجرت	دما	۴۰
	ف.ا. مناطق مهاجرت پرندگان	۱۰۰
تراکم جمعیت	جمعیت	۱۵
	ف.ا. روستا	۳۵
	ف.ا. مراکز پرورش و کشتارگاه	۵۰

جدول ۳. تابع عضویت و شکل تابع عضویت فازی

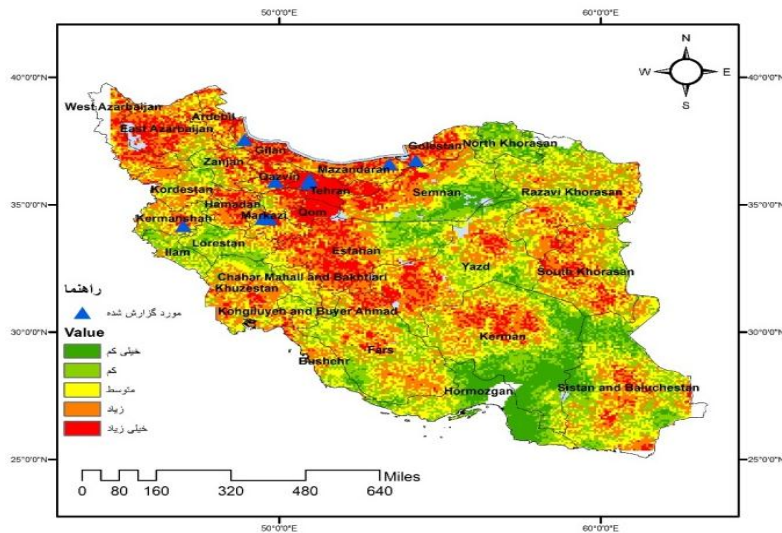
شکل تابع عضویت فازی	تابع عضویت
	مثلثی (آب)
	دوزنقه‌ای (شرایط آب‌وهوایی)
	دوزنقه‌ای (مهاجرت)
	دوزنقه‌ای (تراکم جمعیت)
	مثلثی (تابع خروجی)

سپس از دسته‌های اصلی با فرمت ASCII خروجی گرفته شده و وارد نرم‌افزار MatLab شد. در مرحله بعد هر چهار دسته یک تابع عضویت در نظر گرفته شد. در این مرحله برای هر متغیر ورودی، توابع عضویت در نظر می‌گیریم تا ورودی‌های قطعی به فازی تبدیل شوند و در سیستم استنتاج فازی قرار گیرند. سپس هر چهار دسته یک تابع عضویت در نظر گرفته شد. نوع تابع‌های عضویت و بازه‌های فازی توسط نظر کارشناسان اپیدمیولوژی تعیین شد. در جدول ۳ تابع عضویت و شکل تابع فازی مشخص شده است.

بعد از اینکه تعریف ورودی‌ها و خروجی به‌همراه تابع عضویتشان، باید یک رشته قوانین تعریف شوند. قوانین به مجموعه "اگر - آن‌گاه" فازی گفته می‌شود که قلب سیستم استنتاج فازی است. قوانین باید به‌گونه‌ای باشند که تمام حالت‌هایی را که امکان دارد برای هر پیکسل به‌وجود آید در بر گیرند دو روش اصلی برای تعیین قواعد فازی وجود دارد: یکی استفاده از دانش خبره و دیگری استفاده از آموزش‌های خودسازمانده، مانند الگوریتم‌های نوین و شبکه عصبی که در اینجا از روش اول برای تعیین قواعد فازی استفاده شده است. در این تحقیق برای اینکه تمام حالت‌ها در نظر گرفته شود، ۳۶ قانون وجود دارد که این عدد رابطه مستقیم با توابع عضویت ورودی‌ها دارد. حال نوبت به عملکرد موتور استنتاج فازی می‌رسد که شبیه فرایند استدلال آدمی است، به‌طوری که با اعمال آن بر روی ورودی‌ها و قواعد، خروجی مشخص می‌شود و این همان کاری است که انسان در بسیاری از قضاوت‌های خود به‌کار می‌گیرد. در اینجا از روش ممدانی به‌عنوان موتور استنتاج فازی استفاده شد. پس از اجرای قوانین یادشده، نتیجه وارد نرم‌افزار ArcGIS شد.

نتایج

در شکل ۸ می‌توان نتیجه نهایی مدلسازی را مشاهده کرد. در این نقشه پیش‌بینی خطرپذیری ایران در برابر بیماری آنفلوآنزای پرندگان به تفکیک استان‌های مختلف ایران مشخص شده است. بعد از تهیه نقشه یادشده، برای به‌دست آوردن دقت کار تصمیم بر آن شد که این نقشه با استفاده از گزارش‌های عینی ارزیابی شود. همان‌طور که در شکل ۷ مشاهده می‌شود، نقشه به‌دست آمده و موردهای گزارش شده در اواخر سال ۲۰۱۶ تا ماه ژانویه ۲۰۱۷ [۷] مطابقت مناسبی با یکدیگر دارند. در نهایت به‌ترتیب استان‌های تهران، البرز، قم، اصفهان، قزوین، گلستان و گیلان بیشترین خطرپذیری را دارند.



شکل ۸. نقشه پهنه‌بندی خطر شیوع ویروس آنفلوآنزای پرندگان در ایران و موارد گزارش شده در جدول ۴ نوع داده مکانی مورد استفاده در این پژوهش و همچنین منبع این داده‌ها آمده است.

جدول ۴. نوع داده مکانی و منبع داده‌های استفاده شده در این پژوهش

منبع داده	نوع داده مکانی
www.diva-gis.org [۲۶]	برکه، رودخانه دائمی، دریاچه وکتور (خطی)
[۲]	میزان باد رس‌تر
biodiversitymapping.org	میزان بارندگی - دما رس‌تر
www.diva-gis.org	مناطق مهاجرت‌پذیر پرندگان وکتور (سطحی)
www.diva-gis.org	روستاها وکتور (نقطه‌ای)
www.diva-gis.org	جمعیت وکتور (نقطه‌ای)
www.openstreetmap.org [۶]	کشتارگاه‌ها وکتور (نقطه‌ای)

در زمینه تهیه پهنه‌بندی خطر شیوع ویروس آنفلوآنزای پرندگان در ایران، متأسفانه پژوهش‌های زیادی صورت نگرفته است؛ اما برخی از پژوهش‌ها به بررسی عوامل مؤثر بر خطر شیوع ویروس آنفلوآنزای پرندگان در ایران پرداخته‌اند. این پژوهش‌ها که بیشتر در حیطه اپیدمیولوژی قرار دارند، در زمینه بررسی میدانی عوامل مختلف محیطی مؤثر بر شیوع و انتقال

ویروس آنفلوآنزای پرندگان بوده‌اند. البته همان‌گونه که پیشتر نیز گفته شد، عوامل محیطی وابستگی زیادی به ژنتیک ویروس آنفلوآنزای پرندگان دارد و هر ساله ممکن است نسبت به عوامل مختلف محیطی، واکنش متفاوتی از این ویروس شاهد باشیم. در جدول ۵ می‌توان مقایسه‌ای از عوامل بررسی شده در پژوهش حاضر و پژوهش‌های مشابه داخلی و خارجی در این زمینه را مشاهده کرد. این پژوهش‌ها با استفاده از عوامل مؤثر و بررسی میزان تأثیر آنها و تهیه نقشه بررسی شده‌اند.

جدول ۵. مقایسه عوامل بررسی شده در پژوهش حاضر و پژوهش‌های مشابه داخلی و خارجی

[۹]	[۱۲]	[۲۲]	[۶]	پژوهش حاضر	
			*	*	میزان باد
*	*	*		*	بارندگی
*	*	*	*	*	دما
*				*	مناطق مهاجرت پرندگان
*	*			*	جمعیت
		*	*	*	روستا
*	*	*	*	*	مراکز پرورش و کشتارگاه
*		*	*	*	محیط‌های آبی
*	*	*	*	*	بررسی عوامل و میزان تأثیر
*	*			*	تهیه نقشه

در این پژوهش میزان تأثیر هر عامل از طریق مطالعه پژوهش‌های دیگر و نظر نخبگان استخراج شد. پیشنهاد می‌شود در پژوهش‌های آتی میزان تأثیر عوامل به صورت میدانی و دقیق‌تر بررسی شود.

منابع

- [1]. Adegboye, O.; & Kotze, D. (2014). "Epidemiological analysis of spatially misaligned data: a case of highly pathogenic avian influenza virus outbreak in Nigeria". *Epidemiology and Infection*. vol. 142. pp. 940-949
- [2]. Azizkhani, M.; Vakili, A.; Noorollahi Y.; & Naseri, F. (2016). "Potential survey of photovoltaic power plants using Analytical Hierarchy Process (AHP) method in Iran". *Renewable and Sustainable Energy Reviews*.
- [3]. Bridge, E. S.; Kelly, J. F.; Xiao, X.; Takekawa, J. Y.; Hill, N. J.; Yamage, M. et al. (2014). "Bird migration and avian influenza: A comparison of hydrogen

- stable isotopes and satellite tracking methods". *Ecological indicators*. vol. 45, pp. 266-273.
- [4]. Claas, E. C.; Osterhaus, A. D.; Van Beek, R.; De Jong, J. C.; Rimmelzwaan G. F.; Senne, D. A. et al. (1998). "Human influenza A H5N1 virus related to a highly pathogenic avian influenza virus". *The Lancet*, vol. 351. pp. 472-477.
- [5]. Davis, H.A. (2016). *Current and Future Challenges of Preventing Outbreaks of Highly Pathogenic Avian Influenza*. Kansas State University.
- [6]. Fallah Mehrabadi, M.; Bamonar, A.; Zaynolabedini Tehrani, F.; Vasfi Marandi, M.; Sadrzadeh, A.; Ghafouri, S. et al. (2015). "Seroepidemiology of Avian Influenza (H9N2) in Rural Domestic Poultry of Iran: A Cross-Sectional Study." *Iranian Journal of Epidemiology*. vol. 10. pp. 1-9
- [7]. Fan, S.; Hatta, M.; Kim, J.H.; Halfmann, P.; Imai, M.; Macken, C. A. et al. (2014). "Novel residues in avian influenza virus PB2 protein affect virulence in mammalian hosts". *Nature communications*. vol. 5.
- [8]. Fang, L.-Q.; de Vlas, S. J.; Liang, S.; Looman, C. W.; Gong, P.; Xu, B. et al., (2008). "Environmental factors contributing to the spread of H5N1 avian influenza in mainland China". *PLoS one*, vol. 3, p. e2268.
- [9]. Fang, L.-Q.; Li, X.-L.; Liu, K.; Li, Y.-J.; Yao, H.-W.; Liang, S. et al. (2013). "Mapping spread and risk of avian influenza A (H7N9) in China". *Scientific reports*, vol. 3.
- [10]. Flint, P. L.; Pearce, J. M.; Franson, J. C.; & Derksen, D. V. (2015). "Wild bird surveillance for highly pathogenic avian influenza H5 in North America". *Virology journal*. vol. 12, p. 1.
- [11]. Fouchier, R. A.; García-Sastre, A.; Kawaoka, Y.; Barclay, W. S.; Bouvier, N. M.; Brown, I. H. et al. (2013). "Transmission studies resume for avian flu". *Science*. vol. 339. pp. 520-521.
- [12]. Fuller, T. L.; Saatchi, S. S.; Curd, E. E.; Toffelmier, E.; Thomassen, H. A.; Buermann, W. et al. (2010). "Mapping the risk of avian influenza in wild birds in the US". *BMC Infectious Diseases*. vol. 10. p. 187.
- [13]. Ghafouri, S. A.; Langeroudi, A. G.; Maghsoudloo, H.; Tehrani, F.; Khalbadi Farahani, R.; Abdollahi, H. et al. (2016). "Phylogenetic study-based hemagglutinin (HA) gene of highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) detected from backyard chickens in Iran. 2015," *Virus Genes*. pp. 1-4.
- [14]. Hatami, H. (2016). "History of Influenza: Pandemics in Iran and the World". *International Journal of Infection*, vol. 3.
- [15]. Hill, E. M.; House, T.; Dhingra, M. S.; Kalpravidh, W.; Morzaria, S.; Osmani, M. G. et al. (2017). "Modelling H5N1 in Bangladesh across spatial scales: model complexity and zoonotic transmission risk". *Epidemics*. 2017.
- [16]. <http://www.oie.int/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2017/> .
- [17]. Iwami, S.; Takeuchi, Y.; & Liu, X. (2009). "Avian flu pandemic: Can we prevent it?". *Journal of theoretical biology*. vol. 257, pp. 181-190.

- [18]. Javid, N.; Moradi, A.; Tabarraei, A.; & Bazouri, M. (2017). "Clinical and Epidemiological Profile of Pandemic Influenza A H1N1, H3N2, and Type B in the Southeast of Caspian Sea, Iran". *Jundishapur Journal of Microbiology*.
- [19]. Li, K.; Guan, Y.; Wang, J.; Smith, G.; Xu, K.; Duan, L. et al. (2014) "Genesis of a highly pathogenic and potentially pandemic H5N1 influenza virus in eastern Asia". *Nature*. vol. 430. pp. 209-213.
- [20]. Lu, L.; Brown, A. J. L.; & Lycett, S. J. (2017). "Quantifying predictors for the spatial diffusion of avian influenza virus in China". *BMC Evolutionary Biology*. vol. 17. p. 16.
- [21]. Madsen, J. M.; Zimmermann, N. G.; Timmons, J. & N. L. Tablante (2013). "Avian influenza seroprevalence and biosecurity risk factors in Maryland backyard poultry: a cross-sectional study". *PloS one*, vol. 8. p. e56851.
- [22]. Mehrabadi, M. F.; Bahonar, A.; Marandi, M. V.; Sadrzadeh, A.; Tehrani, F.; & Salman, M. (2016). "Sero-survey of Avian Influenza in backyard poultry and wild bird species in Iran-2014". *Preventive veterinary medicine*. vol. 128. pp. 1-5.
- [23]. Mu, J. E.; McCarl, B. A.; Wu, X.; & Ward M. P. (2014). "Climate change and the risk of highly pathogenic avian influenza outbreaks in birds". *British Journal of Environment and Climate Change*. vol. 4. p. 166.
- [24]. Osterhaus, A. D.; Fouchier, R. A.; Olsen, B.; Waldenström, J.; Latorre-Margalef, N.; Tolf, C. et al. (2014). "Long-term variation in influenza A virus prevalence and subtype diversity in migratory mallards in northern europe". *Proceedings of the royal society B*.
- [25]. Prosser, D. J.; Hungerford, L. L.; Erwin, R. M.; Ottinger M. A.; Takekawa, J. Y.; Newman, S. H. et al. (2015). "Spatial modeling of wild bird risk factors to investigate highly pathogenic A (H5N1) avian influenza virus transmission". *Avian Diseases*.
- [26]. Satkin, M.; Noorollahi, Y.; Abbaspour, M.; & Yousefi, H. (2014). "Multi criteria site selection model for wind-compressed air energy storage power plants in Iran". *Renewable and Sustainable Energy Reviews*. vol. 32. pp. 579-590.
- [27]. Shinya, K.; Ebina, M.; Yamada, S.; Ono, M.; Kasai, N.; & Kawaoka, Y. (2006). "Avian flu: influenza virus receptors in the human airway". *Nature*. vol. 440. pp. 435-436.
- [28]. Smith, G. J.; Vijaykrishna, D.; Bahl, J.; Lycett, S. J.; Worobey, M.; Pybus, O. G. et al. (2009). "Origins and evolutionary genomics of the 2009 swine-origin H1N1 influenza A epidemic". *Nature*. vol. 459, pp. 1122-1125.
- [29]. Spackman, E.; Senne, D.; Bulaga, L.; Myers, T.; Perdue, M.; Garber, L. et al. (2003). "Development of real-time RT-PCR for the detection of avian influenza virus". *Avian diseases*. vol. 47, pp. 1079-1082.
- [30]. Zadeh, L. A. (1965). "Fuzzy sets". *Information and control*. vol. 8, pp. 338-353.