

การจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 ในประเทศไทย
(Mathematical simulation of COVID-19 pandemic in Thailand)

นายธีระพงษ์ หอมชื่น
รหัส 630510480

ภาควิชาคณิตศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์
มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
ปีการศึกษา 2566

การจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 ในประเทศไทย
(Mathematical simulation of COVID-19 pandemic in Thailand)

นายธีระพงษ์ หอมชื่น

630510480

งานค้นคว้าอิสระนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต

ภาควิชาคณิตศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์

มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

ภาคการศึกษาที่ 2 ปีการศึกษา 2566

การจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 ในประเทศไทย

(Mathematical simulation of COVID-19 pandemic in Thailand)

ได้รับพิจารณาอนุมัติให้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษา

ตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต

สาขาวิชาคณิตศาสตร์

คณะกรรมการควบคุมการค้นคว้าอิสระ



..... ประธานกรรมการ
(รองศาสตราจารย์ ดร.สมชาย ศรียาบ)



..... กรรมการ
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ธีรณัฐ สืบเจริญ)

วันที่ 21 มีนาคม พ.ศ. 2567

กิตติกรรมประกาศ

งานค้นคว้าอิสระฉบับนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาในกระบวนวิชาการค้นคว้าอิสระ (206499) ตาม หลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต สาขาคณิตศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ โดยมี วัตถุประสงค์เพื่อให้นักศึกษาได้ศึกษาค้นคว้าประยุกต์ใช้ทฤษฎีและแนวคิดทางคณิตศาสตร์ ในการทำการค้นคว้าอิสระ ซึ่งผู้ค้นคว้าได้ศึกษาในเรื่อง การจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 ในประเทศไทย

ผู้ค้นคว้าขอขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์ ดร.สมชาย ศรียาบ ประธานกรรมการสอบและในฐานะอาจารย์ที่ปรึกษา งานค้นคว้าอิสระ ที่อนุเคราะห์ทั้งร่างกาย แรงใจ สละเวลาอันมีค่าให้คำปรึกษา คำแนะนำ คำอธิบายในส่วนที่ผู้ ค้นคว้าไม่เข้าใจ ให้ความรู้และคำแนะนำที่เกี่ยวข้องกับการทำงานค้นคว้าอิสระ การนำเสนอและรูปเล่มรายงาน ตลอดจนตรวจสอบความสมบูรณ์ถูกต้องการ ค้นคว้าอิสระนี้จนประสบความสำเร็จตามวัตถุประสงค์ทุกประการ

ขอขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ธีรณัฐ สืบเจริญ อาจารย์กรรมการสอบงานค้นคว้าอิสระ ที่ได้สละเวลาอันมีค่าให้ข้อเสนอแนะ พิจารณาและตรวจสอบความถูกต้องเหมาะสม รวมถึงให้คำแนะนำที่เป็นประโยชน์ต่อการปรับปรุงแก้ไขงานค้นคว้าอิสระฉบับนี้ให้สำเร็จลุล่วงด้วยดี

ทั้งนี้ขอกราบขอบพระคุณ บิดา มารดา ผู้มีพระคุณ ที่ให้กำลังใจ กำลังสติปัญญาอย่างสม่ำเสมอ ตลอดจนการทำงานตั้งแต่เริ่มต้นจนสำเร็จลุล่วงตามวัตถุประสงค์

ขอขอบคุณคณาจารย์ภาควิชาคณิตศาสตร์ที่ได้กรุณาอบรมสั่งสอนวิชาความรู้ทั้งในและนอกตำราให้แก่ผู้ค้นคว้าอันเป็นประโยชน์และสามารถนำมาประยุกต์ใช้ในการศึกษาค้นคว้าอิสระในครั้งนี้

ขอขอบคุณเพื่อน พี่ น้อง ภาควิชาคณิตศาสตร์ตลอดจนผู้มีส่วนเกี่ยวข้องทุกท่านที่มีได้กล่าวถึง ที่ให้กำลังใจ ให้ความรู้ให้การช่วยเหลือ เป็นผลให้งานค้นคว้าอิสระนี้ออกมาเป็นไปตามรูปแบบและ วัตถุประสงค์ทุกประการ

สุดท้ายนี้ผู้ค้นคว้าหวังเป็นอย่างยิ่งว่างานค้นคว้าอิสระฉบับนี้จะเป็นประโยชน์ต่อผู้อ่านทุกท่าน และหากมีข้อบกพร่องด้วยประการใด ๆ ในงานค้นคว้าอิสระฉบับนี้ ผู้ค้นคว้าอิสระขอน้อมรับไว้ด้วยความเคารพและขอบคุณอย่างยิ่ง

นายธีระพงษ์ หอมชื่น

หัวข้อ (ภาษาไทย)	การจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 ในประเทศไทย
(ภาษาอังกฤษ)	Mathematical simulation of COVID-19 pandemic in Thailand
ชื่อผู้ทำการค้นคว้าอิสระ	นายธีระพงษ์ หอมชื่น รหัสนักศึกษา 630510480
ชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา	รองศาสตราจารย์ ดร.สมชาย ศรียาบ
ชื่อกรรมการสอบ	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ธีรณัฐ สืบเจริญ

บทคัดย่อ

การศึกษาค้นคว้าอิสระในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ Susceptible - Exposed - Infectious - Recovered (SEIR) สำหรับอธิบายพลวัตการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 ในประเทศไทย ผู้จัดทำได้แบ่งการวิเคราะห์แบบจำลองที่สร้างขึ้นเป็น 2 ส่วน ได้แก่ การหาค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic reproduction number: R_0) และการหาผลเฉลยเชิงตัวเลข (Numerical solution) โดยการใช้ ode23s ใน matlab จากนั้นเปรียบเทียบกับข้อมูลการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 ในประเทศไทยและในการศึกษาค้นคว้าครั้งนี้ได้แบ่งช่วงการวิเคราะห์ออกเป็น 4 ช่วงเวลา ได้แก่ 1 เมษายน - 8 พฤษภาคม พ.ศ.2564 9 พฤษภาคม - 5 มิถุนายน พ.ศ.2564 6 มิถุนายน - 24 กรกฎาคม พ.ศ.2564 และ 25 กรกฎาคม - 31 ธันวาคม พ.ศ. 2564 และได้ใช้ fminsearch algorithm ในการหาค่าต่ำสุดสัมพัทธ์ของผลรวมกำลังสองของความคลาดเคลื่อน (Sum of square error) และใช้ค่าสัมประสิทธิ์แสดงการตัดสินใจ (R - Square) ในการตรวจสอบความเหมาะสมของผลเฉลยเชิงตัวเลขและข้อมูลจริง ซึ่งพบว่าผลเฉลยเชิงตัวเลขสอดคล้องกับข้อมูลจริงในช่วง 1 เมษายน - 8 พฤษภาคม พ.ศ.2564 9 พฤษภาคม - 5 มิถุนายน พ.ศ.2564 และ 25 กรกฎาคม - 31 ธันวาคม พ.ศ. 2564 แต่ไม่สอดคล้องกับข้อมูลจริงในช่วง 6 มิถุนายน - 24 กรกฎาคม พ.ศ.2564

Abstract

This study aims to develop a Susceptible - Exposed - Infectious - Recovered (SEIR) mathematical model for explaining the dynamics of the spread of COVID-19 in Thailand. The model simulation analysis is divided into two parts that consists of determining the basic reproduction number (R_0) and solving numerical solution by using ode23s code in Matlab. Then, we compare for the numerical results with real data. Time period has been divided into 4 periods: 1 April - 8 May 2021, 9 May - 5 June 2021, 6 June - 24 July 2021, and 25 July - 31 December 2021. Using the fminsearch algorithm to calculate the relative minimum value of the sum of square error and validate the results by coefficient of determination (R - Square). The numerical results are consistent with real data from April 1, 2021 to May 8, 2021, May 9, 2021 to

June 5, 2021 and July 25, 2021 to December 31, 2021. While the numerical results are not consistent with real data from June 6, 2021 to July 24, 2021.

สารบัญ

เรื่อง	หน้า
กิตติกรรมประกาศ	ก
บทคัดย่อ	ข
บทที่ 1 บทนำ (Introduction)	1
บทที่ 2 ความรู้พื้นฐาน (Preliminaries)	2
บทที่ 3 วิธีการศึกษา (Method)	7
บทที่ 4 ผลการศึกษา (Main results)	15
บทที่ 5 สรุปผลการศึกษา (Conclusion)	21
บรรณานุกรม	22

บทที่ 1

บทนำ (Introduction)

จากการระบาดครั้งใหญ่ของโรคระบาด COVID-19 ในประเทศไทยนับตั้งแต่มีการประกาศพบผู้ติดเชื้อรายแรกเมื่อวันที่ 12 มกราคม ค.ศ. 2020 เป็นทักท้วงเกี่ยวกับจีนที่เดินทางเข้ามาในประเทศไทย ต่อมาวันที่ 31 มกราคม ค.ศ. 2020 ประเทศไทยได้รายงานผู้ป่วยชาวไทยรายแรกในประเทศ ประกอบอาชีพขับรถแท็กซี่ โดยมีประวัติว่าขับรถแท็กซี่ ให้บริการกับผู้โดยสารจีน และเกิดการระบาดครั้งใหญ่เมื่อกลางเดือน มีนาคม ค.ศ. 2020 โดยสถานการณ์ในปี ค.ศ. 2020 ได้เกิดการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 อยู่ 2 ระลอกโดยในระลอกที่ 1 เกิดขึ้นเมื่อวันที่ 18 มีนาคม ค.ศ. 2020 และมีการลดลงของจำนวนผู้ติดเชื้อโควิด-19 เมื่อวันที่ 12 เมษายน ค.ศ. 2020 รวมทั้งสิ้นเป็นระยะเวลา 25 วันโดยมีจุดสูงสุดของจำนวนผู้ติดเชื้ออยู่ที่ 188 รายต่อวันและในระลอกที่ 2 เกิดการแพร่ระบาดของเชื้อโควิด-19 ทั้งสิ้นเป็นระยะเวลา 103 วันโดยมีจุดสูงสุดของจำนวนผู้ติดเชื้ออยู่ที่ 959 รายต่อวัน ในส่วนของสถานการณ์ในปี ค.ศ. 2021 เกิดการระบาดครั้งใหญ่ที่สุดในประเทศไทยโดยนับเป็นระลอกที่ 3 ของประเทศ และเมื่อเปรียบเทียบกับสถานการณ์การแพร่ระบาดในระลอกที่ 1 และ 2 เห็นได้ชัดว่าการแพร่ระบาดในระลอกที่ 3 มีความรุนแรงมากกว่าหลายเท่า [1],[2]

กรอบงานทั่วไปสำหรับแบบจำลองทางคณิตศาสตร์รวมถึงการใช้แบบจำลองแบบแบ่งกลุ่มที่เกี่ยวข้องกับการเชิงอนุพันธ์สามัญไม่เชิงเส้น โดยใช้โครงสร้างการแบ่งกลุ่มเป็น Susceptible-Exposed-Infected-Recovered สำหรับการสร้างแบบจำลองการแพร่ระบาดของโรค นับตั้งแต่มีข่าวที่เกี่ยวข้องกับ COVID-19 เกิดขึ้นในประเทศไทย ได้มีการใช้แบบจำลองทางคณิตศาสตร์เพื่อให้เกิดความเข้าใจเกี่ยวกับโรคโควิด-19 มากยิ่งขึ้นในการค้นคว้าอิสระในครั้งนี้มีจุดประสงค์เพื่อปรับปรุงแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ SEIR มาอธิบายพลวัตการแพร่กระจายเชื้อของโรค COVID-19 ที่เกิดขึ้นในประเทศไทยเพื่อให้ได้มาซึ่งค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic reproduction number: R_0) โดยใช้วิธีเมทริกซ์รุ่นถัดไป (Next-generation matrix) ในการหาคำนวณหาค่า R_0 และวิเคราะห์คำตอบเชิงตัวเลขให้ได้มาซึ่งค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสม ซึ่งผู้จัดทำได้กำหนดขอบเขตการศึกษา คือ ศึกษาแบบจำลองการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 ในรูปสมการเชิงอนุพันธ์สามัญอันดับหนึ่งโดยจะศึกษาเฉพาะการแพร่ระบาดในประเทศไทยเท่านั้น และข้อมูลผู้ติดเชื้อโควิด-19 ที่ใช้ในการศึกษาในครั้งนี้เป็นข้อมูลผู้ติดเชื้อในการแพร่ระบาดระลอกที่ 3 ในประเทศไทย ตั้งแต่วันที่ 1 เมษายน ค.ศ. 2021 ถึงวันที่ 31 ธันวาคม ค.ศ. 2021 รวมเป็นจำนวน 40 สัปดาห์ซึ่งเป็นระลอกที่มีการระบาดหนักที่สุดในประเทศไทย นอกจากนี้ผู้จัดทำได้กำหนดสมมติฐานของการศึกษา โดยสมมติให้กลุ่มประชากรที่หายจากโรคโควิด-19 แล้วนั้นจะไม่สามารถติดเชื้อจากกลุ่มประชากรที่ติดเชื้อโควิด-19 ได้อีก และไม่มีอัตราการเกิดธรรมชาติและอัตราการเสียชีวิตธรรมชาติ

บทที่ 2

ความรู้พื้นฐาน (Preliminaries)

2.1 ต้นกำเนิดโรค COVID-19

COVID-19 (Coronavirus disease 2019) เป็นโรคติดต่อทางเดินหายใจที่เกิดจากไวรัส Corona ชนิดที่มีการค้นพบล่าสุดที่เรียกว่า SARS-CoV-2 (Severe Acute Respiratory Syndrome Corona Virus 2) ลักษณะการแพร่กระจายมีลักษณะเดียวกับไข้หวัดใหญ่โดยมีการแพร่เชื้อระหว่างคน ซึ่งเป็นเชื้อโรคที่ต้องอยู่ในเซลล์เนื้อเยื่อ หรือมีเมือกคลุมอยู่ เช่น เสมหะ ไม่สามารถอยู่เป็นอิสระ นอกจากนี้ ยังเป็นไวรัสที่เกาะด้านนอกเป็น ไขมัน ซึ่งจะสลายตัวเมื่อสัมผัสกับสารซักฟอกหรือสบู่ โดยองค์การอนามัยโลกได้แถลงการณ์การว่าเกิดไวรัสตัวใหม่นี้เมื่อวันที่ 31 ธันวาคม ค.ศ. 2019 ตามรายงานกลุ่มผู้ป่วยโรคปอดบวมจากไวรัสในเมือง อู่ฮั่น มณฑลหูเป่ย์ สาธารณรัฐประชาชนจีน [3],[4]

2.1.1 ชนิดของไวรัสโคโรนา

ไวรัสโคโรนาที่ก่อโรคในมนุษย์ในปัจจุบันมีทั้งหมด 7 ชนิด [4]

ชนิดที่ 1-4: โรคหัดธรรมดา

ชนิดที่ 5: โรค SARS (Severe Acute Respiratory Syndrome) จากไวรัสสายพันธุ์ใหม่ เมื่อ ค.ศ. 2002-2003

ชนิดที่ 6: โรค MERS (Middle East Respiratory Syndrome) จากไวรัสสายพันธุ์ใหม่ เมื่อ ค.ศ. 2017

ชนิดที่ 7: โรค COVID-19 (Coronavirus disease 2019) จากไวรัสสายพันธุ์ใหม่ เมื่อ ค.ศ. 2019

2.1.2 ระยะฟักตัวของโรค

ระยะฟักตัว (Incubation period, IP) หมายถึงระยะเวลาตั้งแต่รับเชื้อจนถึงเริ่มมีอาการป่วยซึ่งระยะฟักตัวของโรค COVID-19 เท่ากับ 2-14 วัน ซึ่งเป็นเหตุผลที่ให้ผู้สัมผัสโรคต้องกักกันตัวจากคนอื่น 14 วัน

จากรายงานผู้ป่วยนอกเมืองอู่ฮั่น ระหว่าง มกราคม - กุมภาพันธ์ ค.ศ. 2020 พบว่าค่ามัธยฐาน (median, ค่ากลาง) ของระยะฟักตัวของโรคนี้ ประมาณ 5.1 วัน (95% CI, 4.5 to 5.8 days) และ 97.5% ของผู้ป่วยมีระยะฟักตัวของโรคน้อยกว่า 11.5 วัน (95% CI, 8.2 to 15.6 days) [4]

ปัจจัยที่มีผลต่อระยะฟักตัว ได้แก่

1. ปริมาณของเชื้อไวรัสที่ได้รับ ถ้ามากจะทำให้เกิดโรคเร็วคือระยะฟักตัวสั้น
2. ทางเข้าของเชื้อไวรัส COVID-19 หากเข้าสู่ปอดโดยตรงทางจมูก และปากจะเกิดโรคเร็วกว่าการรับเชื้อทางเยื่อบุตา
3. ความเร็วของการเพิ่มจำนวนไวรัสในร่างกายมนุษย์
4. สุขภาพของผู้ที่ได้รับเชื้อ
5. ปฏิกริยาทางภูมิคุ้มกันของผู้ติดเชื้อต่อไวรัส ซึ่งมีผลทั้งในการกำจัดเชื้อ และการอักเสบซึ่งมีผลให้เกิดอาการของโรค เช่น ไข้ ไอ หอบ

2.1.3 ระยะเวลาการติดเชื้อ

จากข้อมูลผู้ป่วย 55,924 ราย ให้ค่ามัธยฐาน (median time หรือ ค่ากลาง) ของ ระยะเวลาจากเริ่มมีอาการจนถึงวันที่เริ่มฟื้นตัวจากการป่วย [4] ดังนี้

1. ผู้ป่วยที่มีอาการน้อย (mild cases) 2 สัปดาห์
2. ผู้ป่วยที่มีอาการหนัก (severe or critical) 3-6 สัปดาห์
 - เริ่มป่วยจนมีอาการหนัก 1 สัปดาห์
 - เริ่มป่วยจนถึงเสียชีวิต 2-8 สัปดาห์

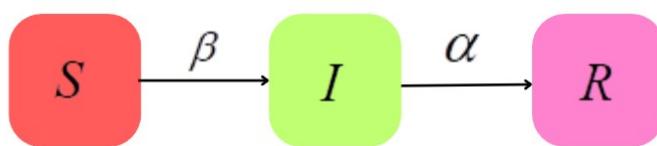
2.2 แบบจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับโรคติดต่อ

2.2.1 แบบจำลอง SIR

แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ Susceptible-Infected-Recovered (SIR) เป็นแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ที่ใช้ในการจำลองการแพร่ระบาดของโรคติดต่อในชุมชนโดยที่เฉพาะสำหรับโรคที่ไม่มีระยะฟักตัวของโรคและกลุ่มคนที่หายดีแล้วจะมีภูมิคุ้มกันทำให้ไม่กลับมาเป็นโรคเดิมซ้ำอีก โดยสามารถแบ่งกลุ่มประชากรออกเป็น 3 กลุ่ม [7] ดังนี้

1. กลุ่มประชากรกลุ่มเสี่ยงที่จะติดเชื้อ (Susceptible) คือ กลุ่มประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ กลุ่มประชากรกลุ่มนี้จะแทนด้วย S
2. กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อ (Infectious) คือ กลุ่มประชากรที่มีการติดเชื้อสามารถที่จะแพร่กระจายเชื้อไปสู่ผู้อื่นได้ กลุ่มประชากรกลุ่มนี้จะแทนด้วย I
3. กลุ่มประชากรที่หายจากโรค (Recovered) คือ กลุ่มประชากรที่ได้รับการรักษาและหายจากการเป็นโรค กลุ่มประชากรกลุ่มนี้จะแทนด้วย R

และสามารถเขียนระบบสมการเชิงอนุพันธ์สามัญไม่เชิงเส้นได้ดังนี้ :



รูปที่ 1 : แผนภาพสำหรับแบบจำลอง SIR

จากรูปที่ 1 สอดคล้องกับระบบสมการเชิงอนุพันธ์ไม่เชิงเส้นที่แสดงการเปลี่ยนแปลงของตัวแปรต่าง ๆ เทียบกับเวลา t ได้ดังนี้

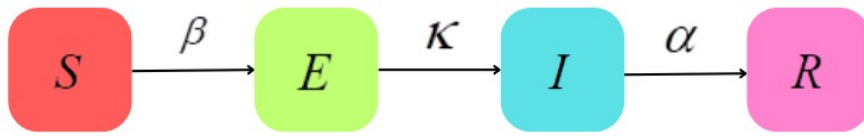
$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dE}{dt} &= \beta SI - \alpha I \\ \frac{dR}{dt} &= \alpha I\end{aligned}$$

โดยที่ β หมายถึง อัตราการแพร่กระจายเชื้อของโรค และ α หมายถึง อัตราการหายจากโรค

2.2.2 แบบจำลอง SEIR

แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ Susceptible-Exposed-Infected-Recovered (SEIR) เป็นแบบจำลองที่ใช้ในการพยากรณ์โรคระบาดเหมาะสำหรับโรคที่มีระยะฟักตัวของเชื้อ เช่น โรคไข้หวัดใหญ่ โรคโควิด-19 ฯลฯ โดยเป็นการจำลองการแพร่กระจายเชื้อในกลุ่มประชากร โดยทั่วไปแล้วจะแบ่งออกเป็น 4 กลุ่มประชากร [7] ดังนี้

1. กลุ่มประชากรกลุ่มเสี่ยงที่จะติดเชื้อ (Susceptible) คือ กลุ่มประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ กลุ่มประชากรกลุ่มนี้จะแทนด้วย S
 2. กลุ่มประชากรที่สัมผัสเชื้อ (Exposed) คือ กลุ่มประชากรที่เชื้อโดยการสัมผัสกับผู้ป่วย แต่อยู่ในระยะฟักตัวโดยที่กลุ่มประชากรนี้ยังไม่สามารถที่จะแพร่กระจายเชื้อไปสู่ผู้อื่นได้ กลุ่มประชากรกลุ่มนี้จะแทนด้วย E
 3. กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อ (Infectious) คือ กลุ่มประชากรที่มีการติดเชื้อสามารถที่จะแพร่กระจายเชื้อไปสู่ผู้อื่นได้ กลุ่มประชากรกลุ่มนี้จะแทนด้วย I
 4. กลุ่มประชากรที่หายจากโรค (Recovered) คือ กลุ่มประชากรที่ได้รับการรักษาและหายจากการเป็นโรค กลุ่มประชากรกลุ่มนี้จะแทนด้วย R
- จะได้ระบบสมการเชิงอนุพันธ์สามัญไม่เชิงเส้นดังนี้



รูปที่ 2 : แผนภาพสำหรับแบบจำลอง SEIR

จากรูปที่ 2 สอดคล้องกับระบบสมการเชิงอนุพันธ์ไม่เชิงเส้นที่แสดงการเปลี่ยนแปลงของตัวแปรต่าง ๆ เทียบกับเวลา t ได้ดังนี้

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dE}{dt} &= \beta SI - \kappa E \\ \frac{dI}{dt} &= \kappa E - \alpha I \\ \frac{dR}{dt} &= \alpha I\end{aligned}$$

โดยที่ κ หมายถึง อัตราการพักตัวของเชื้อ

2.3 การหาค่า R_0 โดยวิธี Next-generation matrix

การหาการะดับการติดเชื้อพื้นฐาน (basic reproductive number) ในการค้นคว้าอิสระนี้จะใช้วิธี Next-generation matrix โดยเป็นหนึ่งในวิธีการที่ใช้คำนวณหาการะดับการติดเชื้อพื้นฐานและเหมาะสมกับแบบจำลองเชิงคณิตศาสตร์

โดยกำหนดให้ $X = (x_1, x_2, \dots, x_n)^T$ คือเมทริกซ์ของจำนวนประชากรในแต่ละกลุ่มประชากร โดยให้มีประชากรที่ติดเชื้อจำนวน m กลุ่มที่ $m < n$ โดยที่ n คือ จำนวนกลุ่มประชากรในแบบจำลองทั้งหมด และในวิธีการ Next-generation matrix นี้จะกำหนดได้ว่า $\frac{dx_i}{dt} = \mathcal{F}_i(X) - \mathcal{V}_i(X)$ สำหรับ $i = 1, 2, \dots, m$ เมื่อ $\mathcal{F}_i(X)$ คือ เมทริกซ์ของการพบผู้ติดเชื้อใหม่ในกลุ่มประชากร i และ $\mathcal{V}_i(X)$ คือ เมทริกซ์ของประชากรที่เปลี่ยนสถานะเป็นผู้ติดเชื้อ

และกำหนดให้ F แทนเมทริกซ์จาโคเบียนของ $\mathcal{F}$ และ V แทนเมทริกซ์จาโคเบียนของ $\mathcal{V}$ โดยจะเขียนแทนด้วยสัญลักษณ์ $F(x) = \left(\frac{\partial \mathcal{F}_i(x)}{\partial x_j} \right)$ และ $V(x) = \left(\frac{\partial \mathcal{V}_i(x)}{\partial x_j} \right)$ สำหรับ $1 \leq i \leq m$ และ $1 \leq j \leq m$

สำหรับเมทริกซ์ FV^{-1} ที่มีขนาด $(i \times j)$ คือ เมทริกซ์ที่แสดงจำนวนประชากรที่คาดว่าจะเป็นผู้ติดเชื้อที่อยู่ในลำดับถัดไปซึ่งมาจากกลุ่มผู้ติดเชื้อกลุ่มแรกในกลุ่มประชากร i โดยติดเชื้อจากกลุ่มประชากรกลุ่มประชากร j นั่นคือจะกล่าวได้ว่า FV^{-1} คือ Next-generation matrix และจะได้ว่า

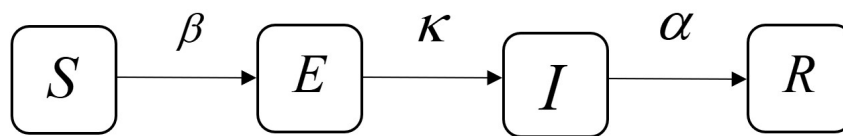
$\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1})$ คือ ค่าลักษณะเฉพาะที่มีค่ามากที่สุดของเมทริกซ์ FV^{-1} โดยที่ $\rho(FV^{-1})$ หมายถึง ค่าสูงสุดของค่าสัมบูรณ์ของค่าลักษณะเฉพาะนั้นคือ Spectral radius ของเมทริกซ์ FV^{-1} [8]

บทที่ 3

วิธีการศึกษา (Method)

3.1 แบบจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับโรคโควิด-19 ในประเทศไทย

การค้นคว้าอิสระครั้งนี้ผู้ค้นคว้าได้ทำการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ Susceptible-Exposed-Infected-Recovered (SEIR) เพื่อนำมาอธิบายพลวัตการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 ที่เกิดขึ้นในประเทศไทย ซึ่งในที่นี้ได้กำหนดสมมติฐานให้จำนวนประชากรทั้งหมดมีขนาดคงที่ กลุ่มประชากรที่หายจากโรคโควิด-19 จะไม่สามารถติดเชื้อโควิด-19 จากประชากรกลุ่มที่ติดเชื้อได้อีก และไม่มีอัตราการเกิดธรรมชาติและอัตราการเสียชีวิตธรรมชาติ โดยในงานนี้ได้แบ่งกลุ่มประชากรออกเป็น 4 กลุ่มประชากร ได้แก่ กลุ่มประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ กลุ่มประชากรที่สัมผัสเชื้อและอยู่ในระยะฟักตัวของเชื้อ กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อและสามารถแพร่กระจายเชื้อได้ กลุ่มประชากรที่หายจากโรค แสดงได้ดังนี้



รูปที่ 3 : แผนภาพแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ SEIR สำหรับการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 ในประเทศไทย

จากรูปที่ 3 สามารถกำหนดความหมายของตัวแปรและพารามิเตอร์ได้ดังตารางต่อไปนี้

สัญลักษณ์	ความหมาย
S	กลุ่มประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อโควิด-19
E	กลุ่มประชากรที่สัมผัสเชื้อโควิด-19
I	กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อโควิด-19
R	กลุ่มประชากรที่หายจากโรคโควิด-19
β	อัตราการแพร่กระจายเชื้อของโรคโควิด-19
κ	อัตราการฟักตัวของเชื้อของโรคโควิด-19
α	อัตราการหายจากโรคของโรคโควิด-19

ตารางที่ 1 : ตารางแสดงสัญลักษณ์และความหมายของตัวแปรและพารามิเตอร์ต่าง ๆ

รูปที่ 3 สามารถเขียนระบบสมการเชิงอนุพันธ์ไม่เชิงเส้นที่แสดงการเปลี่ยนแปลงของตัวแปรต่าง ๆ เทียบกับเวลา t ได้ดังนี้

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (3.1)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - \kappa E \quad (3.2)$$

$$\frac{dI}{dt} = \kappa E - \alpha I \quad (3.3)$$

$$\frac{dR}{dt} = \alpha I \quad (3.4)$$

กล่าวได้ว่ากลุ่มประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ (S) ณ เวลา t นั้นจะมีจำนวนลดลงเนื่องจากเกิดการติดเชื้อจากกลุ่มประชากรที่ติดเชื้อ (I) ด้วยอัตราการติดเชื้อ β ซึ่งส่งผลทำให้กลุ่มประชากรที่สัมผัสเชื้อและอยู่ในระยะฟักตัวของเชื้อ (E) เพิ่มขึ้น ณ เวลา t จากนั้นเมื่อครบระยะเวลาฟักตัวของเชื้อโควิด-19 เป็นเวลา $\frac{1}{\kappa}$ สัปดาห์ กลุ่มประชากรที่สัมผัสเชื้อและอยู่ในระยะฟักตัวนั้นจะกลายเป็นกลุ่มประชากรที่ติดเชื้อ (I) และสามารถแพร่กระจายเชื้อสู่กลุ่มประชากรกลุ่มเสี่ยงได้ส่งผลให้กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อมีจำนวนเพิ่มขึ้น ณ เวลา t และกลุ่มประชากรที่ติดเชื้อจะมีจำนวนลดลงเนื่องจากระยะเวลาในการหายจากโรคโควิด-19 เป็นเวลา $\frac{1}{\alpha}$ สัปดาห์ ซึ่งส่งผลทำให้กลุ่มประชากรที่หายจากโรค (R) มีจำนวนเพิ่มขึ้นจนถึงค่าคงที่ ณ เวลา t และถ้า N แทนจำนวนประชากรทั้งหมดที่เกี่ยวข้องกับโรคระบาดแล้วจะได้ว่า $N = S + E + I + R$

3.2 จุดสมดุล (Equilibrium points)

ก่อนที่จะหาจุดสมดุลของระบบสมการ (3.1)-(3.4) เราจะเปลี่ยนระบบสมการดังกล่าวให้เป็นระบบสมการที่ไม่มีหน่วย โดยให้

$$S^* = \frac{S}{N}, E^* = \frac{E}{N}, I^* = \frac{I}{N} \text{ และ } R^* = \frac{R}{N}$$

ดังนั้นระบบสมการ (3.1)-(3.4) สามารถเขียนได้ดังนี้

$$\frac{dS^*}{dt} = -\beta S^* I^* \quad (3.5)$$

$$\frac{dE^*}{dt} = \beta S^* I^* - \kappa E^* \quad (3.6)$$

$$\frac{dI^*}{dt} = \kappa E^* - \alpha I^* \quad (3.7)$$

$$\frac{dR^*}{dt} = \alpha I^* \quad (3.8)$$

จุดสมดุลของระบบสมการ (3.5)-(3.8) สามารถได้จาก $\frac{dS^*}{dt} = \frac{dE^*}{dt} = \frac{dI^*}{dt} = \frac{dR^*}{dt} = 0$ จะได้ $E^* = 0, I^* = 0, R^* = 0$ และ S^* เป็นจำนวนจริงใด ๆ แต่เนื่องจาก $S^* + E^* + I^* + R^* = 1$ จะได้ว่า $S^* = 1$ ดังนั้นจุดสมดุลของระบบสมการ คือ $S^* = 1, E^* = 0, I^* = 0$ และ $R^* = 0$

3.3 ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic reproduction number)

จากแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ในสมการที่ (3.1)-(3.4) เราจะหาค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic reproduction number) โดยวิธี Next-generation matrix จากสถานะการติดเชื้อในระบบสมการสมการเชิงอนุพันธ์ไม่เชิงเส้น E, I ในสมการ (3.2)-(3.3)

กำหนดให้ $X = \{x_1, x_2\}$ โดยที่ $x_1 = E$ และ $x_2 = I$

และ $\frac{dX}{dt} = \mathcal{F}(X) - \mathcal{V}(X)$

จะได้ว่าเวกเตอร์ $\mathcal{F}$ แทนการติดเชื้อใหม่ที่เกิดขึ้นเฉพาะในระยะพักตัวของเชื้อ

$$\mathcal{F} = \{\beta SI, 0\}$$

นอกจาก $\mathcal{F}$ แล้ว จะกำหนด $\mathcal{V}$ ซึ่งหมายถึงบุคคลที่เปลี่ยนสถานะเป็นผู้ติดเชื้อแล้วในสมการ (3.2)-(3.3) จะได้ว่า

$$\mathcal{V} = \{\kappa E, \alpha I - \kappa E\}$$

ต่อไปจะคำนวณจาโคเบียน F จาก $\mathcal{F}$ โดยแสดงดังนี้

กำหนด $f(E, I) = \beta I$ และ $g(E, I) = 0$

พิจารณา

$$\begin{aligned} F &= \begin{bmatrix} \frac{\partial f(E, I)}{\partial E} & \frac{\partial f(E, I)}{\partial I} \\ \frac{\partial g(E, I)}{\partial E} & \frac{\partial g(E, I)}{\partial I} \end{bmatrix} \\ &= \begin{bmatrix} \frac{\partial \beta I}{\partial E} & \frac{\partial \beta I}{\partial I} \\ \frac{\partial 0}{\partial E} & \frac{\partial 0}{\partial I} \end{bmatrix} \end{aligned}$$

จะได้ว่า

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \beta \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

ที่จุดสมดุล ณ สภาวะไร้โรค จะได้ว่า $(S^*, E^*, I^*, R^*) = (1, 0, 0, 0)$

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \beta \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

และคำนวณจาโคเบียน V จาก $\mathcal{V}$ โดยจะได้ว่า

กำหนด $f(E, I) = \kappa E$ และ $g(E, I) = \alpha I - \kappa E$

พิจารณา

$$V = \begin{bmatrix} \frac{\partial f(E, I)}{\partial E} & \frac{\partial f(E, I)}{\partial I} \\ \frac{\partial g(E, I)}{\partial E} & \frac{\partial g(E, I)}{\partial I} \end{bmatrix}$$

$$V = \begin{bmatrix} \kappa & 0 \\ -\kappa & \alpha \end{bmatrix}$$

คำนวณหาค่าอินเวอร์สของเมทริกซ์ V จะได้ว่า

$$V^{-1} = \frac{1}{\kappa\alpha} \begin{bmatrix} \alpha & 0 \\ \kappa & \kappa \end{bmatrix}$$

ดังนั้น

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\kappa} & 0 \\ \frac{1}{\alpha} & \frac{1}{\alpha} \end{bmatrix}$$

ต่อไปจะใช้เมทริกซ์ F และ V ในการคำนวณหาเมทริกซ์รุ่นถัดไป นั่นคือ FV^{-1} จะได้ว่า

$$\begin{aligned} FV^{-1} &= \begin{bmatrix} 0 & \beta \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{\kappa} & 0 \\ \frac{1}{\alpha} & \frac{1}{\alpha} \end{bmatrix} \\ &= \begin{bmatrix} \frac{\beta}{\alpha} & \frac{\beta}{\alpha} \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \end{aligned}$$

ค่า R_0 สอดคล้องกับค่าลักษณะเฉพาะ ต่อไปจึงจะแสดงวิธีการหาค่าลักษณะเฉพาะได้ดังนี้
พิจารณา

$$| FV^{-1} - \lambda I | = \begin{vmatrix} \frac{\beta}{\alpha} - \lambda & \frac{\beta}{\alpha} \\ 0 & 0 - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

จะได้ว่า $\lambda_1 = \frac{\beta}{\alpha}$ และ $\lambda_2 = 0$ เห็นได้ชัดว่า FV^{-1} ไม่มีค่าใดเป็นลบ จึงกล่าวได้ว่าค่าลักษณะเฉพาะไม่มีค่าเป็นลบด้วยดังนั้นค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานสามารถเขียนแทนด้วยสัญลักษณ์คือ $R_0 = \rho(FV^{-1})$ ซึ่งหมายถึง Spectral radius ของเมทริกซ์ FV^{-1} หรือกล่าวได้ว่าเป็นค่าสัมบูรณ์สูงสุดของค่าลักษณะเฉพาะซึ่งแสดงถึงการกระจายตัวของผู้ติดเชื้อที่จะทำให้เกิด R_0 สูงสุดของการแพร่กระจายเชื้อให้คนกลุ่มเสี่ยงต่อโรค

ดังนั้นจะได้ว่าค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานสำหรับแบบจำลองนี้คือ

$$R_0 = \frac{\beta}{\alpha}$$

กล่าวได้ว่าค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานนั้นคำนวณได้จากอัตราการแพร่กระจายเชื้อของโรคโควิด-19 หารด้วยอัตราการหายจากโรคโควิด-19

ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic reproduction number) หรือ R_0 เป็นค่าเฉลี่ยของอัตราส่วนการติดเชื้อในขั้นต้น [4],[5],[6]

สามารถแบ่งกรณีของ R_0 แต่ละกรณีได้ดังนี้

กรณีที่ 1 : $R_0 < 1$ แสดงว่า จำนวนผู้ติดเชื้อลดลง และจะไม่เกิดการระบาดของโรคในที่สุด

กรณีที่ 2 : $R_0 = 1$ แสดงว่า จำนวนผู้ป่วยจะค่อนข้างคงที่หรือสถานะการระบาดคงที่

กรณีที่ 3 : $R_0 > 1$ แสดงว่า จำนวนผู้ป่วยเพิ่มขึ้นตามลำดับ และจะเกิดการระบาดของโรค

3.4 วิธีเชิงตัวเลข (Numerical Method)

เนื่องจากในสมการที่ (3.1)-(3.4) เป็นระบบสมการเชิงอนุพันธ์ไม่เชิงเส้นซึ่งไม่สามารถหาคำตอบที่แท้จริงได้ ดังนั้นในการศึกษานี้จะใช้วิธีเชิงตัวเลขซึ่งจะใช้คำสั่ง ode23s ในโปรแกรม Matlab เพื่อหาผลเฉลยเชิงตัวเลขสำหรับแบบจำลอง SEIR มาอธิบายพลวัตการแพร่กระจายเชื้อของโรคโควิด-19 ในประเทศไทยระหว่างวันที่ 1 เมษายน ถึงวันที่ 31 ธันวาคม พ.ศ.2564 เป็นจำนวน 40 สัปดาห์ โดยสามารถกำหนดเงื่อนไขเริ่มต้น และพารามิเตอร์เริ่มต้นดังนี้ [9]

$$S(0) = 400,000$$

$$E(0) = 100$$

$$I(0) = 168$$

$$R(0) = 242$$

สัญลักษณ์	ค่าพารามิเตอร์	หน่วย	อ้างอิง
β	3.5	ต่อสัปดาห์	กำหนดเอง
κ	0.9859	ต่อสัปดาห์	[10]
α	0.5	ต่อสัปดาห์	[4]

ตารางที่ 2 : ตารางแสดงค่าพารามิเตอร์ในแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

เพื่อเป็นการตรวจสอบว่าผลเฉลยเชิงตัวเลขที่ได้มีความสอดคล้องกับข้อมูลจริงมากน้อยเพียงใด ในการศึกษาครั้งนี้จึงได้นำค่าสัมประสิทธิ์แสดงการตัดสินใจ (R-Square) มาช่วยตรวจสอบความสอดคล้องดังกล่าว โดย นิยามได้ดังนี้

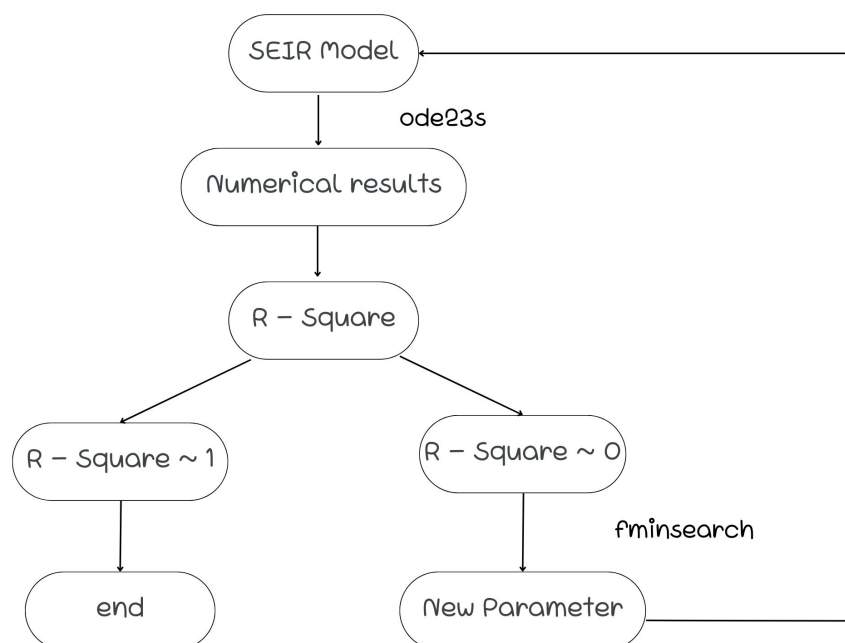
$$R^2 = 1 - \frac{SSE}{SST}$$

โดยที่ SSE หมายถึง ผลรวมกำลังสองของความคลาดเคลื่อน (Sum of square error) และ SST หมายถึง ผลรวมกำลังสองของการทดลอง หรือผลรวมกำลังสองของทั้งหมด (Sum of square total) กำหนดดังนี้

$$SSE = \sum (q - q_{data})^2$$

$$SST = \sum (q - \overline{q_{data}})^2$$

โดยทั่วไปค่า R-Square มีค่าอยู่ระหว่าง 0 ถึง 1 โดยถ้า R-Square เท่ากับ 0 แสดงให้เห็นว่าคำตอบของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ที่ได้มานั้นไม่สามารถอธิบายความผันแปรของค่าตัวแปรตอบสนองที่กระจายรอบค่าเฉลี่ยได้ ในทางกลับกันถ้า R-Square เท่ากับ 1 หมายความว่า คำตอบของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์นั้นเหมาะสมกับข้อมูล และเพื่อให้ได้ซึ่งค่า R-Square ที่ใกล้เคียงกับ 1 ในการค้นคว้าอิสระในครั้งนี้ได้นำวิธี Simplex algorithm โดยเป็นการนำทฤษฎีของเมทริกซ์มาช่วย หลักการคือ การเลือกจุดหมุนที่เหมาะสมเพื่อหาค่าที่เหมาะสมของฟังก์ชันวัตถุประสงค์ โดยในการค้นคว้าอิสระในครั้งนี้ใช้ fminsearch algorithm ซึ่งเป็นการนำหลักการ Simplex algorithm มาช่วยหาค่าที่เหมาะสม โดยหลักการหาค่าน้อยสุดของฟังก์ชันหลายตัวแปรสำหรับปัญหาที่เป็น unconstrained problem โดยกำหนดพารามิเตอร์เริ่มต้นดังที่ได้กล่าวมา และผังงานการหาผลเฉลี่ยเชิงตัวเลขของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์และการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดของพารามิเตอร์ของแบบจำลอง แสดงได้ดังนี้



ตัวอย่างโปรแกรมคอมพิวเตอร์ที่สอดคล้องกับผังงานและใช้ในการหาผลเฉลี่ยเชิงตัวเลขและการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด

```

function COVIDFitting
clear all
close all
clc
  
```

```

load seir40.txt
format long
tdata = seir40(:,1);
edata = seir40(:,2);
qdata = seir40(:,3);
rdata = seir40(:,4);
tfor = 1:0.01:40;
tmea = [1:100:3901]';
a = 0.37;
b = 3.5;
c = 0.9 ;
function dy = model1(~,y,k)
    a= k(1);
    b= k(2);
    c= k(3);
    dy = zeros(4,1);
    dy(1) = - b*y(1)*y(3);
    dy(2) = b*y(1)*y(3)-c*y(2);
    dy(3) = c*y(2)-a*y(3);
    dy(4) = a*y(3);
end
function error_in_data1 = moder1(k)
    [T Y] = ode23s(@(t,y)(model1(t,y,k)),tfor,[400000.0 100.0 168.0 242.0]);
    q = Y(tmea(:),3);
    error_in_data1 = sum((q-qdata).^2)
end
k = [a b c];
[T Y] = ode23s(@(t,y)(model1(t,y,k)),tfor,[400000.0 100.0 168.0 242.0]);
yint = Y(tmea(:),3);
figure(1)
subplot(1,2,1);
plot(tdata,qdata,'r. ');
hold on
plot(tdata,yint,'b-');
xlabel('เวลาในหน่วยสัปดาห์');
ylabel('จำนวนผู้ติดเชื้อ');

```

```

axis([1 40 0 150000]);
[k,fval] = fminsearch(@moder1,k);
disp(k);
[T Y] = ode23s(@(t,y)(model1(t,y,k)),tfor,[400000.0 100.0 168.0 242.0]);
yint = Y(tmea(:,3));
subplot(1,2,2)
plot(tdata,qdata,'r. ');
hold on
plot(tdata,yint,'b-');
xlabel('เวลาในหน่วยสัปดาห์');
ylabel('จำนวนผู้ติดเชื้อ');
axis([1 40 0 150000]);
end

```

โดยหลักการทำงานของโปรแกรมทางคอมพิวเตอร์นั้นเริ่มจากการนำข้อมูลการรายงานผู้ติดเชื้อจำนวน 40 สัปดาห์โดยเรียงจากข้อมูลเวลา จำนวนประชากรผู้ติดเชื้อในระยะพักตัว จำนวนประชากรผู้ติดเชื้อ และจำนวนประชากรผู้ที่ยาจากโรค ตามลำดับ จากนั้นหาคำตอบเชิงตัวเลขของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ โดยใช้ ode23s เมื่อได้คำตอบจากแบบจำลองแล้วกระบวนการต่อไปสร้างฟังก์ชันเพื่อทำการหา ผลรวมกำลังสองของความคลาดเคลื่อน (Sum of Square Error) สำหรับกลุ่มประชากรที่ติดเชื้อ (I) และใช้ fminsearch algorithm ในการหาค่าน้อยที่สุดของ ผลรวมกำลังสองของความคลาดเคลื่อน (Sum of square error) และค่าพารามิเตอร์ชุดใหม่โดยเริ่มจากพารามิเตอร์เริ่มต้น จากนั้นจึงแสดงกราฟเปรียบเทียบระหว่างคำตอบเชิงตัวเลขเริ่มต้นและเมื่อปรับให้เหมาะสมแล้ว

บทที่ 4

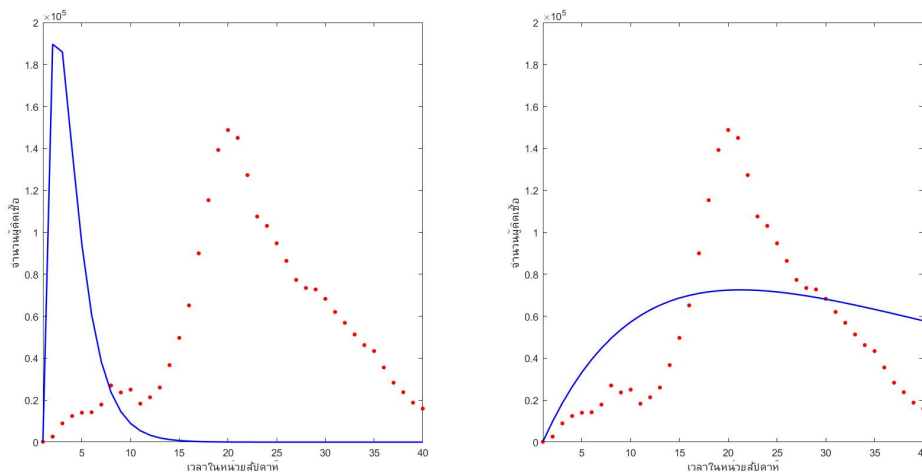
ผลการศึกษา (Main results)

4.1 การวิเคราะห์ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน

โดยการหนดประชากรเริ่มต้นเป็น $S(0) = 400,000$ $E(0) = 100$ $I(0) = 168$ และ $R(0) = 242$ และการกำหนดค่าพารามิเตอร์ในตารางที่ 2 ซึ่งหมายความว่าอัตราการแพร่กระจายเชื้อของโรคโควิด-19 เท่ากับ 2 วันและระยะเวลาการหายจากโรคโควิด-19 เท่ากับ 2 สัปดาห์หรือ 14 วัน จะทำให้ได้ว่าค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (R_0) มีค่าเท่ากับ 7 กล่าวได้ว่า ณ ขณะนั้น โดยเฉลี่ยจะมีผู้ติดเชื้อรายใหม่ 7 คน ต่อผู้หายจากโรค 1 คน

หลังจากนี้จะได้พารามิเตอร์ชุดใหม่จากการใช้คำสั่ง `fminsearch` จะได้ว่าค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมซึ่งจะความแตกต่างจากค่าพารามิเตอร์เริ่มต้น ดังนั้นค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (R_0) จะมีค่าเปลี่ยนแปลงไปซึ่งจะกล่าวถึงในหัวข้อต่อไป

4.2 ผลเฉลยเชิงตัวเลข

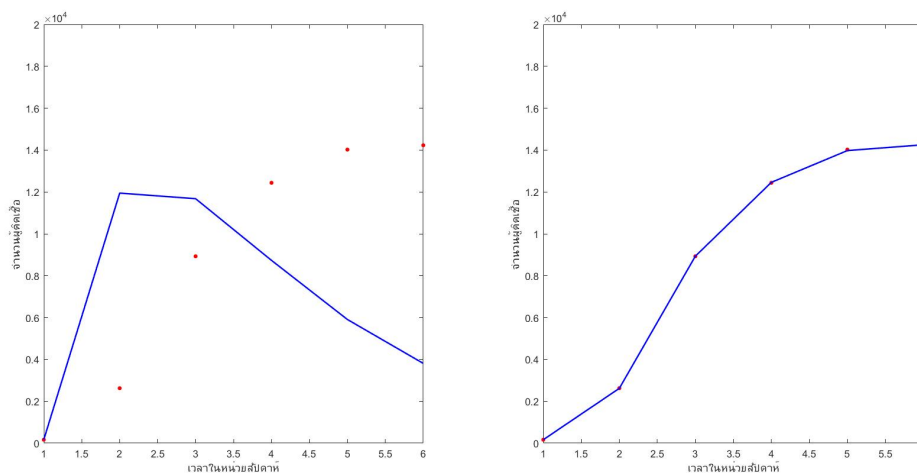


รูปที่ 4 : จำนวนประชากรที่ติดเชื้อ (I) ในสัปดาห์ที่ 1 ถึง 40

รูปในที่ 4 กำหนดให้ $S(0) = 400,000$ $E(0) = 100$ $I(0) = 168$ และ $R(0) = 242$ และค่าพารามิเตอร์ดังตารางที่ 2 ในแบบจำลอง SEIR จะเห็นว่ารูปทางซ้ายอธิบายได้ว่าผู้ติดเชื้อมีจำนวนเพิ่มสูงขึ้นในช่วงแรกและเมื่อเวลาผ่านไปจำนวนผู้ติดเชื้อจะลดลงจนเข้าสู่ 0 และจากนั้นผู้ติดเชื้อจะเปลี่ยนเป็นประชากรที่หายจากโรคโดยในแบบจำลองครั้งนี้ผู้ที่หายจากโรคนั้นจะไม่สามารถกลับ

มาติดเชื่อได้อีกทำให้เห็นว่าคำตอบเชิงตัวเลขสำหรับจำนวนผู้ติดเชื่อนั้นจะไม่มีการเพิ่มขึ้นอีกซึ่งเมื่อเปรียบเทียบกับข้อมูลจริงแล้วไม่สามารถนำชุดพารามิเตอร์นี้มาอธิบายพลวัตรการแพร่กระจายเชื้อโรคโควิด-19 ได้

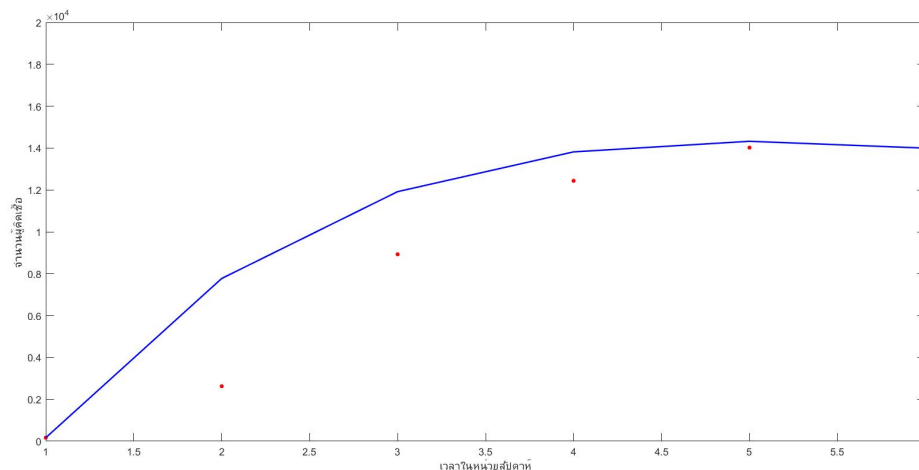
ในรูปทางขวาได้ใช้คำสั่ง fminsearch Algorithm มาช่วยในการหาค่าต่ำสุดสัมพัทธ์ของผลรวมกำลังสองของความคลาดเคลื่อน (SSE) ของจำนวนประชากรที่ติดเชื่อ (I) โดยมีค่าเริ่มต้นเป็นพารามิเตอร์ดังตารางที่ 2 และกำหนดให้วันที่ 1 เมษายน พ.ศ. 2564 เป็นการเริ่มต้นสัปดาห์ที่ 1 ในแบบจำลอง เพื่อให้ได้มาซึ่งค่าพารามิเตอร์ชุดใหม่



รูปที่ 5 : จำนวนประชากรที่ติดเชื่อ (I) ในสัปดาห์ที่ 1 ถึง 6

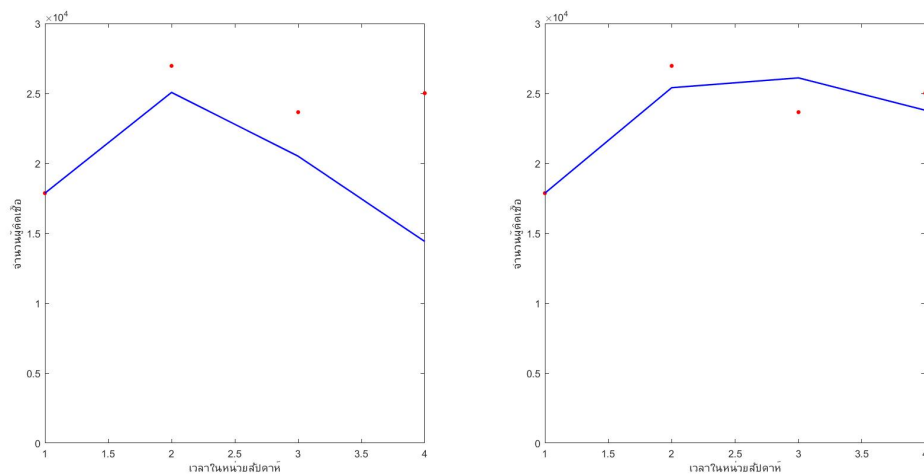
จากรูปที่ 5 กำหนดให้ประชากรเริ่มต้นได้เป็น $S(0) = 25,000$ $E(0) = 0$ $I(0) = 168$ และ $R(0) = 242$ และกำหนดพารามิเตอร์เริ่มต้นดังนี้ $\beta = 3.5$, $\kappa = 0.98$ และ $\alpha = 0.5$ ซึ่งกลุ่มประชากรเริ่มต้นในแบบจำลองมาจากสัปดาห์แรกตามรายงานการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 [9] ตั้งแต่วันที่ 1 เมษายน - 8 พฤษภาคม พ.ศ.2564 หรือ 6 สัปดาห์แรก ในรูปทางซ้ายอธิบายเกี่ยวกับจำนวนผู้ติดเชื่อโรคโควิด-19 ที่ได้จากพารามิเตอร์เริ่มต้นกล่าวได้ว่าเมื่อระยะเวลาผ่านไป 1 สัปดาห์ได้เริ่มเกิดการระบาดเพิ่มขึ้นของจำนวนผู้ติดเชื่อโรคโควิด-19 และจากนั้นจำนวนผู้ติดเชื่อจะลดลงซึ่งคำตอบเชิงตัวเลขที่ได้มานั้นยังไม่เหมาะสมกับข้อมูลจริงในระยเวลาดังกล่าว และในรูปทางขวาได้ทำการปรับให้เหมาะสมโดยคำสั่ง fminsearch จากรูปเห็นได้ชัดว่ากลุ่มประชากรที่ติดเชื่อโรคโควิด-19 นั้นเพิ่มขึ้นตลอดระยะเวลา 6 สัปดาห์แรกซึ่งคำตอบเชิงตัวเลขของกลุ่มประชากรที่ติดเชื่อมีความเหมาะสมกับข้อมูลจริง โดยการปรับให้เหมาะสมในครั้งนี้ได้มาซึ่งค่าผลรวมกำลังสองของความคลาดเคลื่อน (SSE) เท่ากับ 3.191465×10^3 ผลรวมกำลังสองของทั้งหมด (SST) เท่ากับ 1.826108×10^8 และได้ค่าสัมประสิทธิ์การตัดสินใจ (R-Square) เท่ากับ 0.99998 และได้พารามิเตอร์ชุดใหม่ คือ $\beta = 0.001709$ $\kappa = 0.4017$ และ $\alpha = 0.1402$ กล่าวได้ว่า อัตราการแพร่กระจายของเชื้อโควิด-19 คือ 585.137 สัปดาห์ หรือ 4,095.9626 วัน อัตราการฟักตัวของเชื้อโควิด-19 คือ 2.4894 สัปดาห์ หรือ 17.4259 วันและอัตราการหายจากโรคในคือ 7.133 สัปดาห์ หรือ 49.9287 วัน จากพารามิเตอร์ชุด

ใหม่ทำให้ได้ว่าค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (R_0) ในช่วงระยะเวลา 6 สัปดาห์มีค่าเท่ากับ 0.012189 จะพบว่าค่าพารามิเตอร์ที่ได้มาและค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานนั้นไม่สอดคล้องกับความเป็นจริง



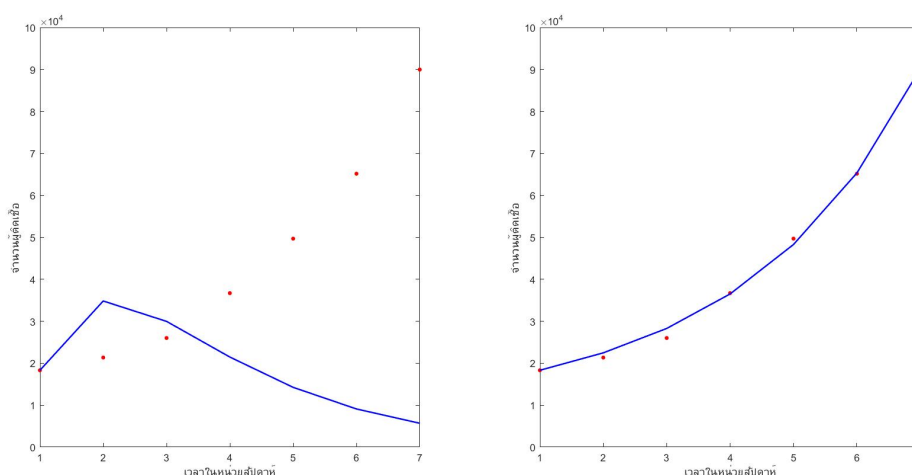
รูปที่ 6 : จำนวนประชากรที่ติดเชื้อ (I) ในสัปดาห์ที่ 1 ถึง 6 หลังปรับให้เหมาะสม

รูปที่ 6 ได้ทำการนำชุดพารามิเตอร์ที่เหมาะสมจากรูปที่ 5 ทางขวามาปรับใหม่อีกครั้งโดยการกำหนดให้ค่าพารามิเตอร์ในการวิเคราะห์เชิงตัวเลขในครั้งนี้เป็น $\beta = 0.5$, $\kappa = 0.4017$ และ $\alpha = 0.1402$ ตามลำดับ จากรูปอธิบายได้ว่าจำนวนผู้ติดเชื้อโรคโควิด-19 จะค่อย ๆ เพิ่มขึ้นจากสัปดาห์แรกโดยในช่วงระยะเวลา 6 สัปดาห์นี้ยังไม่มีอาการลดลงของจำนวนผู้ติดเชื้อโดยกล่าวได้ว่าประชากรที่ติดเชื้อในระยะเวลานี้มีระยะเวลาฟักตัวของเชื้อโควิด-19 เท่ากับ 2.4894 สัปดาห์ หรือ 17.4258 วัน และระยะเวลาการฟื้นตัวหรือการหายจากโรค เท่ากับ 7.1327 สัปดาห์ หรือ 49.9289 วัน และได้ค่าผลรวมกำลังสองของความคลาดเคลื่อน (SSE) เท่ากับ 3.748468287×10^7 ผลรวมกำลังสองของทั้งหมด (SST) เท่ากับ 1.692279463×10^8 และได้ค่าสัมประสิทธิ์การตัดสินใจ (R-Square) เท่ากับ 0.7785 ซึ่งจากชุดพารามิเตอร์ที่ได้ส่งผลทำให้ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (R_0) = 3.5663 โดยในการวิเคราะห์ครั้งนี้จะไม่ใช้ fminsearch Algorithm และจากแผนภาพของประชากรที่ติดเชื้อในระบะเวลานี้กล่าวได้ว่า ระยะเวลาฟักตัวของเชื้อโควิด-19 เท่ากับ 2.4894 สัปดาห์หรือ 17.4258 วัน และระยะเวลาการฟื้นตัวหรือการหายจากโรค เท่ากับ 7.1327 สัปดาห์ หรือ 49.9289 วัน



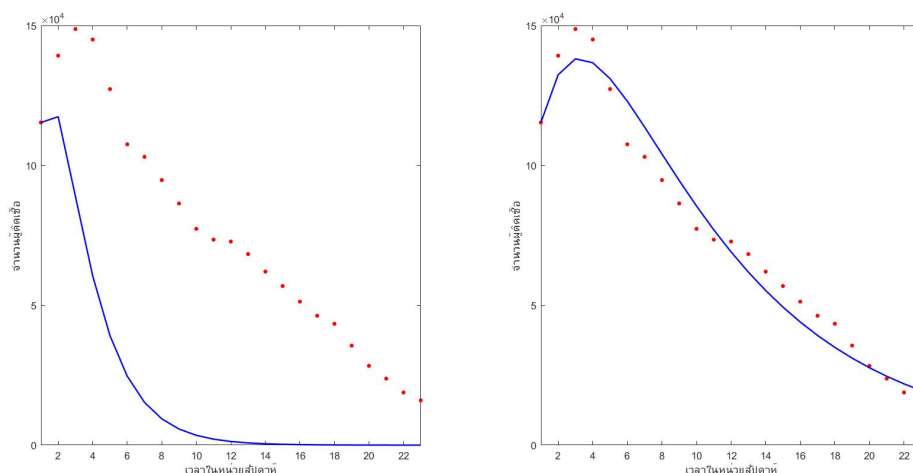
รูปที่ 7 : จำนวนประชากรที่ติดเชื้อ (I) ในสัปดาห์ที่ 7 ถึง 10

ในรูปที่ 7 กำหนดให้ประชากรเริ่มต้นเป็น $S(0) = 30,000$ $E(0) = 0$ $I(0) = 17,871$ และ $R(0) = 12,248$ และกำหนดพารามิเตอร์เริ่มต้นเป็น $\beta = 3.5$, $\kappa = 0.98$ และ $\alpha = 0.5$ จากรูปสามารถอธิบายการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 ตั้งแต่วันที่ 9 พฤษภาคม - 5 มิถุนายนได้ว่าในรูปทางซ้ายกลุ่มประชากรที่ติดเชื้อโรคโควิด-19 จากการกำหนดค่าพารามิเตอร์เริ่มต้นมีจำนวนเพิ่มขึ้นในสัปดาห์ที่ 2 และจากนั้นจะลดลง และจากรูปทางขวาเมื่อทำการปรับให้เหมาะสมโดยคำสั่ง `fminsearch` แล้วสามารถอธิบายได้ว่าจำนวนประชากรที่ติดเชื้อโรคโควิด-19 ในระยะเวลา 4 สัปดาห์นี้ยังคงมีการเพิ่มขึ้นของผู้ติดเชื้อโควิด-19 อย่างต่อเนื่อง โดยที่ค่าตอบเชิงตัวเลขที่ได้ใกล้เคียงข้อมูลจริงโดยจะได้ว่าค่าผลรวมกำลังสองของความคลาดเคลื่อน (SSE) เท่ากับ 9.936745823×10^6 ผลรวมกำลังสองของทั้งหมด (SST) เท่ากับ 4.212029405×10^7 และทำให้ได้ค่าสัมประสิทธิ์การตัดสินใจ (R-Square) เท่ากับ 0.7640865 และเมื่อทำการปรับให้เหมาะสมแล้วได้ค่าพารามิเตอร์ชุดใหม่คือ $\beta = 7.7613$, $\kappa = 0.5845$ และ $\alpha = 0.2565$ หรือกล่าวได้ว่า อัตราการฟักตัวของเชื้อโควิด-19 และอัตราการหายจากโรคในช่วงสัปดาห์นี้คือ 1.711 สัปดาห์ หรือ 11.997 วัน และ 3.8971 สัปดาห์ หรือ 27.2797 วันตามลำดับ เป็นผลทำให้ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (R_0) ในช่วงระยะเวลานี้ เท่ากับ 30.2585



รูปที่ 8 : จำนวนประชากรที่ติดเชื้อ (I) ในสัปดาห์ที่ 11 ถึง 17

รูปที่ 8 กำหนดให้ประชากรเริ่มต้นเป็น $S(0) = 50,000$ $E(0) = 0$ $I(0) = 18,309$ และ $R(0) = 26,178$ และกำหนดพารามิเตอร์เริ่มต้นเป็น $\beta = 3.5$, $\kappa = 0.98$ และ $\alpha = 0.5$ จากรูปอธิบายจำนวนกลุ่มประชากรที่ติดเชื้อโรคโควิด-19 ตั้งแต่วันที่ 6 มิถุนายน - 24 กรกฎาคม เป็นจำนวน 7 สัปดาห์และในรูปทางซ้ายอธิบายได้ว่าจำนวนผู้ติดเชื้อโควิด-19 จากการกำหนดค่าพารามิเตอร์เริ่มต้นผลที่ได้คือได้มีการเพิ่มขึ้นเพียงเล็กน้อยและจากนั้นจึงลดลงซึ่งไม่ใกล้กับข้อมูลจริงเห็นได้ชัดว่า ค่าพารามิเตอร์เริ่มต้นนั้นให้คำตอบเชิงตัวเลขไม่ใกล้เคียงกับข้อมูลจริง หรือกล่าวได้ว่าพารามิเตอร์ชุดนี้ไม่เหมาะสม และในรูปทางขวาสามารถอธิบายได้ว่าจำนวนผู้ติดเชื้อในช่วงระยะเวลานี้ได้มีการเพิ่มขึ้นของผู้ติดเชื้อโควิด-19 เป็นจำนวนมากและยังไม่มีแนวโน้มในการลดลงของการระบาดของเชื้อ และจากการปรับให้เหมาะสมครั้งนี้ได้ค่าของชุดพารามิเตอร์ใหม่นี้ $\beta = 7.645133507590149$ $\kappa = -0.073995334413445$ และ $\alpha = -0.394199485556134$ แต่ค่าพารามิเตอร์ที่สามารถนำมาใช้ในการวิเคราะห์แบบจำลองทางคณิตศาสตร์นั้นจะมีค่าไม่เป็นลบ ดังนั้นจึงกล่าวได้ว่า ในช่วงสัปดาห์ที่ 11 ถึงสัปดาห์ที่ 17 นั้นไม่สามารถใช้แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ SEIR มาอธิบายได้หรือแบบจำลองไม่เหมาะสมสำหรับชุดข้อมูลที่มีการพุ่งสูงขึ้นตลอดระยะเวลา



รูปที่ 9 : จำนวนประชากรที่ติดเชื้อ (I) ในสัปดาห์ที่ 18 ถึง 40

รูปที่ 9 กำหนดให้กลุ่มประชากรเริ่มต้นเป็น $S(0) = 100,000$ $E(0) = 0$ $I(0) = 115,320$ และ $R(0) = 64,131$ และกำหนดพารามิเตอร์เริ่มต้นเป็น $\beta = 3.5$, $\kappa = 0.98$ และ $\alpha = 0.5$ จากรูปอธิบายจำนวนกลุ่มประชากรที่ติดเชื้อโรคโควิด-19 ตั้งแต่วันที่ 25 กรกฎาคม - 31 ธันวาคมเป็นจำนวน 23 สัปดาห์ ในรูปทางซ้ายสามารถอธิบายได้ว่ากลุ่มประชากรที่ติดเชื้อโรคโควิด-19 จากการกำหนดพารามิเตอร์เริ่มต้นได้ว่าสัปดาห์เริ่มต้นนั้นมีการเพิ่มขึ้นเพียงเล็กน้อยเท่านั้นภายในระยะ 1 สัปดาห์และหลังจากนั้นจำนวนผู้ติดเชื้อจะลดลงอย่างรวดเร็วจนเข้าสู่ศูนย์หรือกล่าวได้ว่าเมื่อระยะเวลาผ่านไปนั้นจะไม่มีผู้ติดเชื้อโควิด-19 อีก และในรูปทางขวาอธิบายได้ว่ากลุ่มประชากรที่ติดเชื้อโควิด-19 มีจำนวนสูงขึ้นอย่างมากในช่วงเวลา 3 สัปดาห์และจากนั้นจะค่อย ๆ ลดลงแต่ยังคงมีการติดเชื้ออยู่ และจากการปรับให้เหมาะสมพบว่าคำตอบเชิงตัวเลขที่ได้ใกล้เคียงกับข้อมูลจริง โดยจะได้ค่าผลรวมกำลังสองของความคลาดเคลื่อน (SSE) เท่ากับ 1.202381458×10^9 ผลรวมกำลังสองของทั้งหมด (SST) เท่ากับ $3.8702808569 \times 10^{10}$ และได้ว่าค่าสัมประสิทธิ์การตัดสินใจ (R-Square) เท่ากับ 0.968932966 โดยได้พารามิเตอร์ชุดใหม่ได้แก่ อัตราการแพร่กระจายเชื้อของโรคโควิด-19 (β) เท่ากับ 4.2475, อัตราการฟักตัวของโรค (κ) เท่ากับ 0.3816 กล่าวได้ว่าระยะเวลาฟักตัวของโรคเท่ากับ 2.619 สัปดาห์ หรือ 18.33 วัน และอัตราการหายจากโรคโควิด-19 (α) เท่ากับ 0.1177 กล่าวได้ว่าระยะเวลาในการหายจากโรคโควิด-19 เท่ากับ 8.499 สัปดาห์ หรือ 59.43 วัน ซึ่งเป็นผลทำให้ค่าระดับการติดเชื้อพื้น (R_0) เท่ากับ 36.08

บทที่ 5

สรุปผลการศึกษา (Conclusion)

การศึกษาในครั้งนี้ผู้ค้นคว้าได้พัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ SEIR สำหรับอธิบายพลวัตการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 ในประเทศไทย โดยผู้ค้นคว้าได้ทำการหาค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (R_0) โดยวิธีการเมทริกซ์รุ่นถัดไป (Next-generation matrix) และทำการหาค่าตอบเชิงตัวเลข และใช้ Simplex algorithm มาช่วยปรับให้เหมาะสม จากนั้นทำการเปรียบเทียบคำตอบเชิงตัวเลขระหว่างพารามิเตอร์เริ่มต้นและพารามิเตอร์ที่ปรับให้เหมาะสมกับข้อมูลจากกระทรวงสาธารณสุข และเพื่อตรวจสอบว่าผลเฉลยเชิงตัวเลขที่ได้มีความสอดคล้องกับข้อมูลจริงมากน้อยเพียงใดในการศึกษานี้จึงได้นำค่าสัมประสิทธิ์แสดงการตัดสินใจมาช่วยในการตรวจสอบความคลาดเคลื่อน

จากผลการศึกษาในแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ SEIR พบว่าแบบจำลองในสัปดาห์ที่ 1 ถึง 6 มีค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน $R_0 = 3.5663 > 1$ เมื่อ $\beta = 0.5$, $\kappa = 0.4017$ และ $\alpha = 0.1402$ โดยมีค่าสัมประสิทธิ์การตัดสินใจ $R^2 = 0.7785$ และในสัปดาห์ที่ 7 ถึง 10 มีค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน $R_0 = 30.2585 > 1$ เมื่อ $\beta = 7.7613$, $\kappa = 0.5845$ และ $\alpha = 0.2565$ โดยมีค่าสัมประสิทธิ์การตัดสินใจ $R^2 = 0.7640865$ และในสัปดาห์ที่ 11 ถึง 17 มีค่า $\beta = 7.7645$, $\kappa = -0.73995$ และ $\alpha = -0.394199$ ซึ่งพารามิเตอร์ที่สามารถนำมาอธิบายพลวัตการแพร่กระจายเชื้อในแบบจำลองทางคณิตศาสตร์นั้นจะมีค่าไม่เป็นลบ จึงกล่าวได้ว่าในสัปดาห์ที่ 11 ถึง 17 นั้นไม่สามารถใช้แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ SEIR มาอธิบายได้ จากนั้นในสัปดาห์ที่ 18 ถึง 40 มีค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน $R_0 = 36.08 > 1$ เมื่อ $\beta = 4.2475$, $\kappa = 0.3816$ และ $\alpha = 0.1177$ โดยมีค่าสัมประสิทธิ์การตัดสินใจ $R^2 = 0.968932966$ กล่าวได้ว่าทุก ๆ ช่วงระยะเวลาในแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ SEIR สำหรับการแพร่ระบาดของโรคโควิด-19 ในประเทศไทยให้ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน $R_0 > 1$

อย่างไรก็ตามจากจำนวนประชากรที่ติดเชื้อโควิด-19 ของแบบจำลองยังมีความคลาดเคลื่อนจากข้อมูลของจำนวนประชากรที่ติดเชื้อโควิด-19 จากกระทรวงสาธารณสุข ซึ่งเหตุผลที่ทำให้เกิดการคลาดเคลื่อนอาจเกิดจากการเลือกใช้แบบจำลองที่ไม่ได้คำนึงถึงพารามิเตอร์ทั้งหมดที่เกี่ยวข้องกับการระบาดของโรคโควิด-19 และการกำหนดค่าพารามิเตอร์ให้เป็นค่าคงที่ซึ่งค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ เป็นฟังก์ชันที่ขึ้นกับเวลา

บรรณานุกรม

- [1] กรมควบคุมโรค. (2021). สถานการณ์โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19) มาตรการสาธารณสุข และปัญหาอุปสรรคการป้องกันควบคุมโรคในผู้เดินทาง
- [2] การแพร่ระบาดระลอก 3 สถานการณ์ ผลกระทบและทางออกเชิงนโยบาย. (วันที่ 20 เดือน พฤษภาคม พ.ศ.2564). ค้นจาก <https://tdri.or.th/2021/05/covid-119/>
- [3] World Health Organization. Coronavirus disease 2019 (COVID-19) Q&A. Retrieved from <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/question-and-answers-hub>
- [4] คณะแพทยศาสตร์ โรงพยาบาล รามาธิบดี. (2563). ความรู้พื้นฐาน COVID-19. ค้น จาก https://www.niems.go.th/1/UploadAttachFile/2020/EBook/49793_20200325095718.pdf
- [5] James Holland Jones, Department of Anthropological Sciences Stanford University. (2007). Notes On R_0 . Retrieved from <https://web.stanford.edu/~jhj1/teachingdocs/Jones-on-R0.pdf>
- [6] สำนักนโยบายเศรษฐกิจมหภาค สำนักงานเศรษฐกิจการคลัง. (24 พฤษภาคม พ.ศ.2564). การใช้แบบจำลองคณิตศาสตร์คาดการณ์การระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา-19 ค้นจาก <https://thaipublica.org/2021/05/epidemic-sir-model/>
- [7] Maia Martcheva. (2015). An Introduction to Mathematical Epidemiology
- [8] Next-Generation Matrices and Basic Reproductive Numbers for All Phases of the Coronavirus Disease Retrieved from <https://www.researchgate.net/publication/341267511>
- [9] กรมควบคุมโรค. (2564). รายงานสถานการณ์ COVID-19 ระลอก 3 (ตั้งแต่ 01/04/2021 – 31/12/2021) ค้นจาก <https://covid19.ddc.moph.go.th/api/Cases/report-round-3-y21-line-lists>
- [10] Cheng, C., Zhang, D., Dang, D. et al.(2021). The incubation period of COVID-19: a global meta-analysis of 53 studies and a Chinese observation study of 11 545 patients



Mathematical simulation of COVID-19 pandemic in Thailand

Mr. Theeraphong Homchuen

Advisor : Assoc. Prof. Dr. Somchai Sriyab

Department of Mathematics, Faculty of Science, Chiang Mai University



ABSTRACT

This study aims to develop a Susceptible - Exposed - Infectious - Recovered (SEIR) mathematical model for explaining the dynamics of the spread of COVID-19 in Thailand. The model simulation analysis is divided into two parts that consist of determining the basic reproduction number (R_0) and solving numerical solution by using ode23s code in Matlab. Then, we compare for the numerical results with real data. Time period has been divided into 4 periods: 1 April - 8 May 2021, 9 May - 5 June 2021, 6 June - 24 July 2021, and 25 July - 31 December 2021. Using the fminsearch algorithm to calculate the relative minimum value of the sum of square error and validate the results by coefficient of determination (R - Square). The numerical results are consistent with real data from April 1, 2021 to May 8, 2021, May 9, 2021 to June 5, 2021 and July 25, 2021 to December 31, 2021. While the numerical results are not consistent with real data from June 6, 2021 to July 24, 2021.

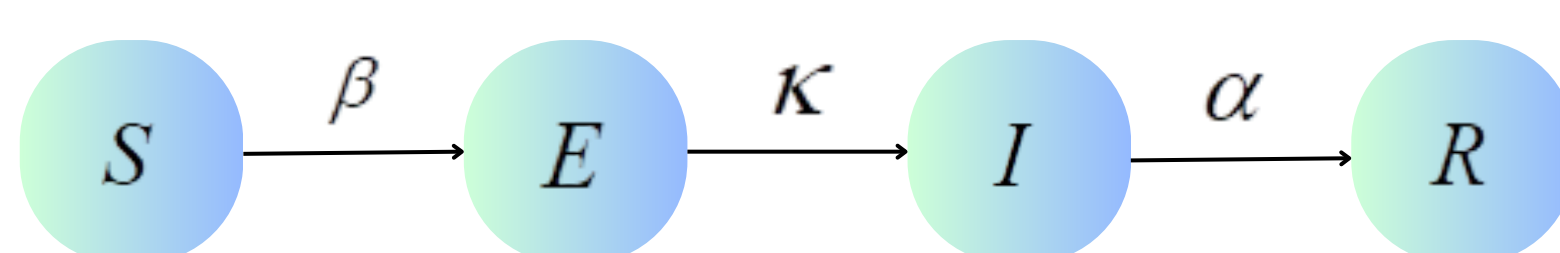
INTRODUCTION

The outbreak of the COVID-19 epidemic in Thailand since the announcement of the first infected person on January 12, 2020, was a result of Chinese tourists entering Thailand. Later, on January 31, 2020, Thailand reported the first Thai patient in the country who works as a taxi driver. He has a history of driving a taxi to provide services to Chinese patients. A major outbreak occurred in mid-March 2020. In the situation in 2020, there were two waves of the COVID-19 outbreak, with the first wave occurring on March 18, 2020, and there was a decline in the number of COVID-19 cases on April 12, 2020, for a total of 25 days with a peak of 188 daily cases. And in the second wave, there was an outbreak of COVID-19 infection. Total for 103 days, with the peak number of infected people at 959 cases per day. As for the situation in 2021, the largest outbreak occurred in Thailand, which is considered the third wave of the country, and when Compared with the epidemic situation in the first and second waves, it is clear that the third wave of the epidemic is many times more severe. In this study, aim to develop a Susceptible - Exposed - Infectious - Recovered (SEIR) mathematical model for explaining the dynamics of the spread of COVID-19 in Thailand, The basic reproduction number (R_0) is obtained by using the next generation matrix method. The numerical results are obtained by using ode23s and fminsearch algorithm.

METHODOLOGY

We apply the next-generation matrix to find the basic reproduction to indicate the behavior of COVID-19 outbreak. The ode23s is solved the model and the fminsearch algorithm is applied to optimize parameters in model. The initial parameters are $\beta = 3.5$, $\kappa = 0.9859$ and $\alpha = 0.5$ while the initial variables are $S(0) = 400,000$, $E(0) = 100$, $I(0) = 168$ and $R(0) = 242$

MATHEMATICAL MODEL



This model is described with the following system of nonlinear differential equations

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dE}{dt} &= \beta SI - \kappa E \\ \frac{dI}{dt} &= \kappa E - \alpha I \\ \frac{dR}{dt} &= \alpha I\end{aligned}$$

Definition of human sub-populations and parameters in the mathematical model

- S Individuals who have not been infected with COVID-19
- E Individuals in the incubation period of disease progression
- I Infectious individuals
- R Individuals who survived COVID-19
- β Transmission Rate
- κ Rate at which Exposed individuals become Infected
- α Rate at which Infectious individuals become Recovered

RESULTS AND DISCUSSION

Basic reproduction number (R_0)

$$R_0 = \frac{\beta}{\alpha}$$

this basic reproduction number shows the ratio of the transmission rate to the recovery rate and from $\beta = 3.5$, $\kappa = 0.9859$ and $\alpha = 0.5$. So the basic reproduction number is equal to 7. then we would expect each new case of COVID-19 to produce 7 new secondary cases

Numerical solution

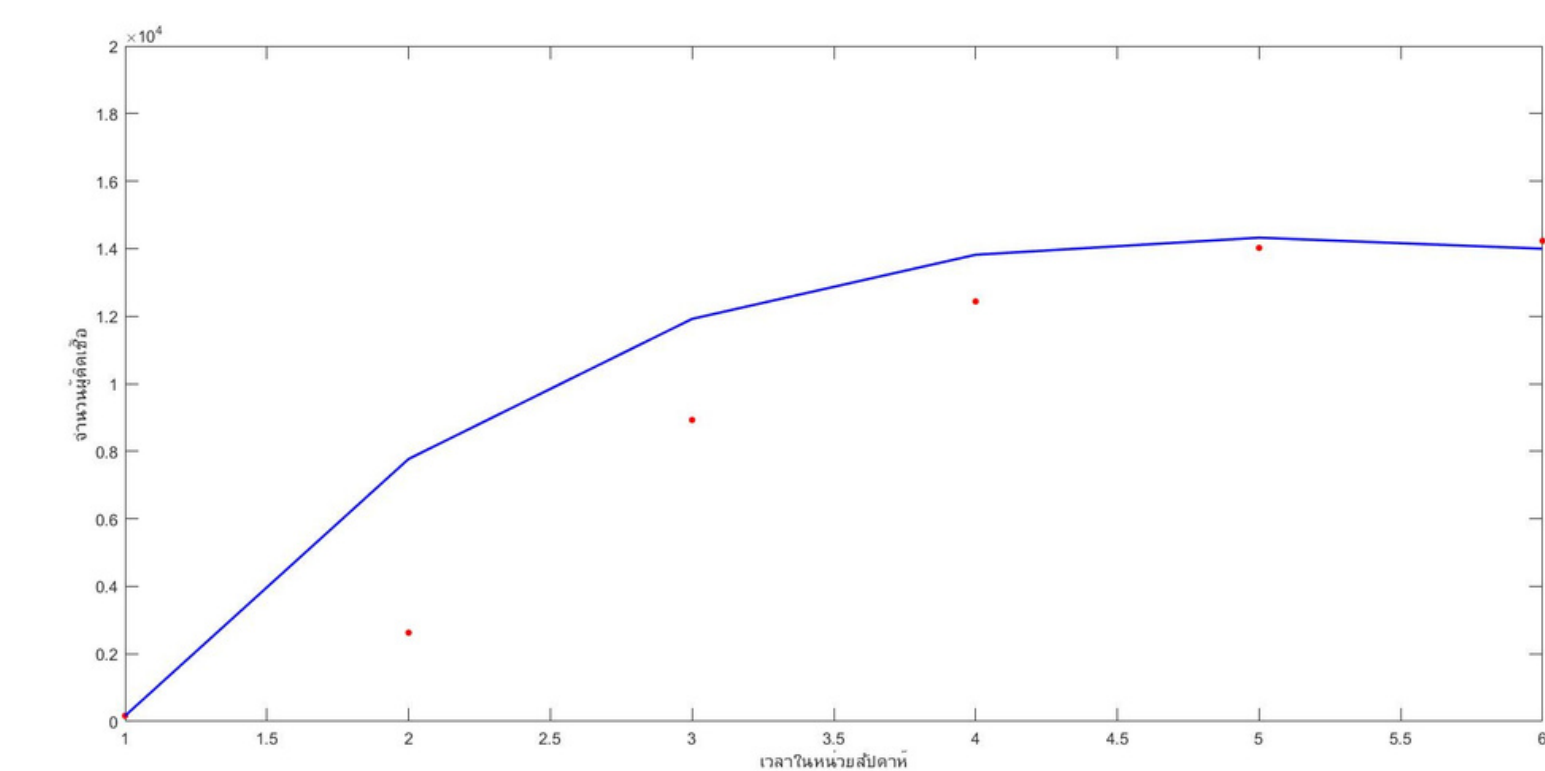


Figure 1 Infectious from April 1, 2021 to May 8, 2021, the basic reproduction number(R_0) is equal to $3.5663 > 1$ when $\beta = 0.5$, $\kappa = 0.4017$ and $\alpha = 0.1402$ with Sum of square error is equal to 3.748468287×10^7 and R - Square is equal to 0.7785. The numerical results agree well the data.

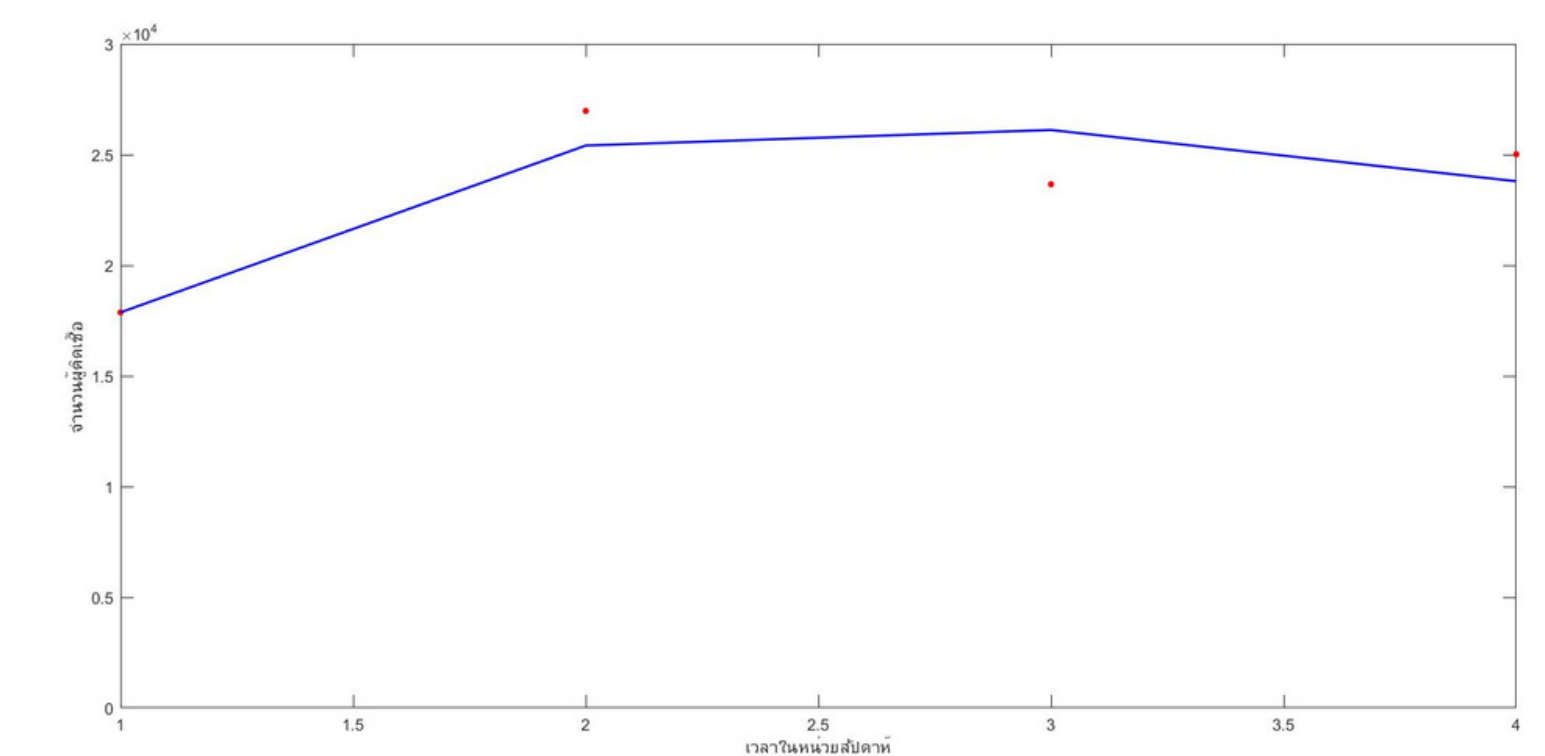


Figure 2 Infectious from May 9, 2021 to June 5, 2021, the basic reproduction number(R_0) is equal to $30.2585 > 1$ when $\beta = 7.7613$, $\kappa = 0.5845$ and $\alpha = 0.2565$ with Sum of square error is equal to 9.936745823×10^6 and R - Square is equal to 0.7640865. The numerical results coincide with the data

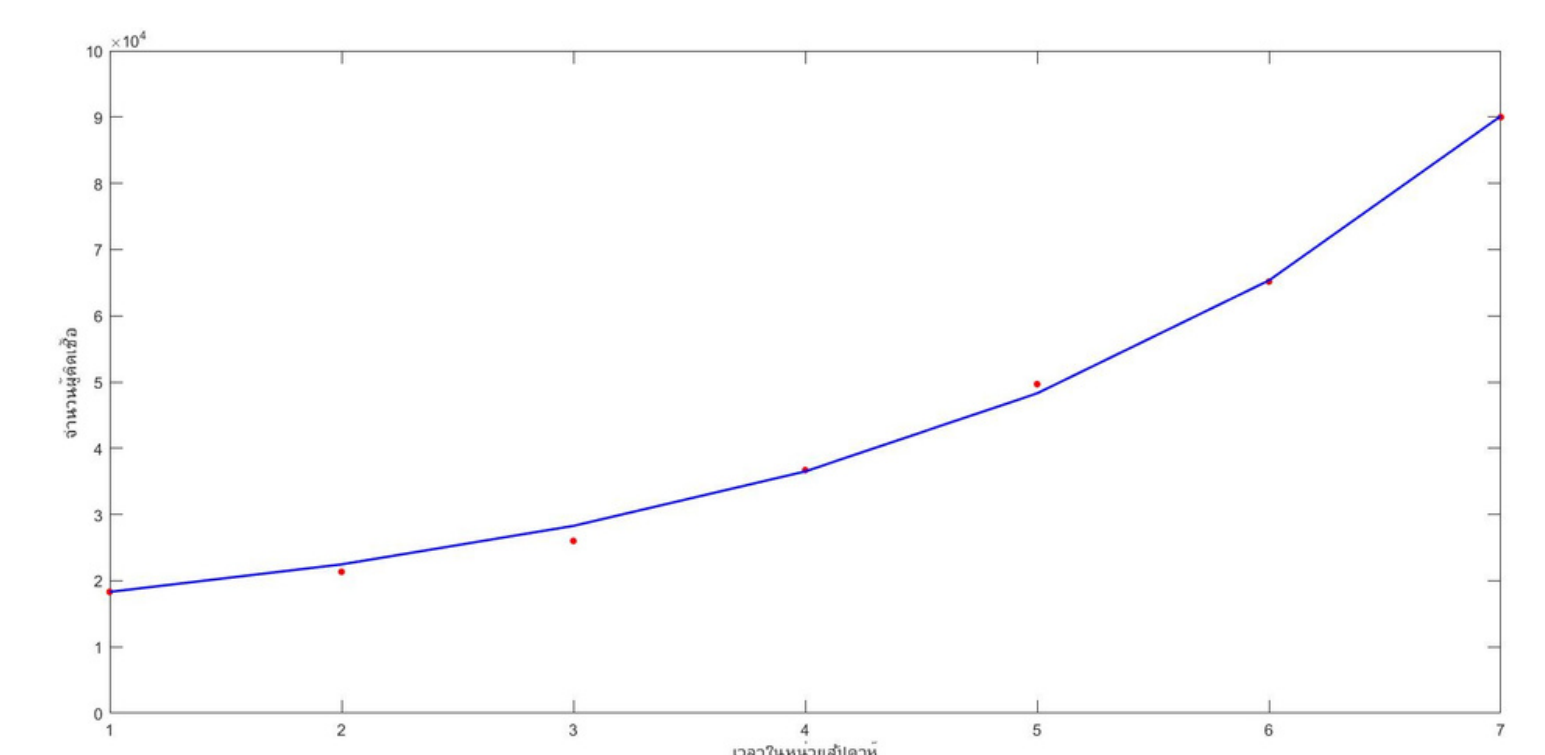


Figure 3 Infectious from June 6, 2021 to July 24, 2021, $\beta = 7.6451335$, $\kappa = -0.0739953$ and $\alpha = -0.3941995$ which the parameters that can be used to explain the of the spread of COVID-19 in SEIR mathematical model can not be used to explain. The numerical results agree well with the data but the obtained parameters are not suitable.

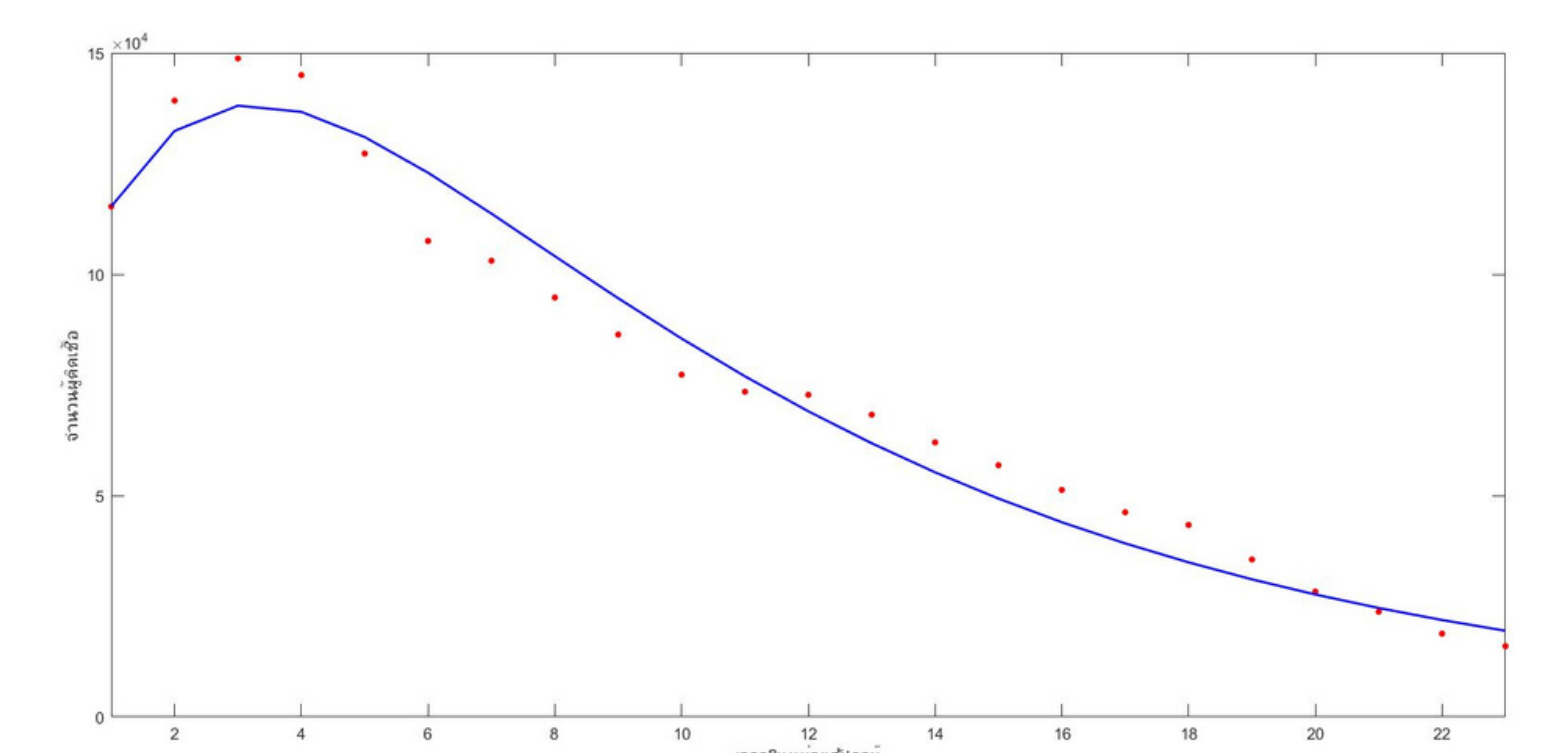


Figure 4 Infectious from July 25, 2021 to December 31, 2021, the basic reproduction number(R_0) is equal to $36.08 > 1$ when $\beta = 4.2575$, $\kappa = 0.3816$ and $\alpha = 0.1177$ with Sum of square error is equal to 1.202381458×10^9 and R - Square is equal to 0.968932966. The numerical results are unidirectional with the data

CONCLUSION

By using the SEIR mathematical model, we can explain the dynamic of the spread of COVID-19 in Thailand over three time periods that is April 1, 2021, to May 8, 2021, May 9, 2021, to June 5, 2021, and July 25, 2021, to December 31, 2021, and can not explain from June 6, 2021, to July 24, 2021.

References

- [1] กรมควบคุมโรค. (2021). สถานการณ์โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19) มาตราการสาธารณสุข และปัญหาอุปสรรคการป้องกันควบคุมโรคในผู้เดินทาง
- [2] การแพร่ระบาดของ 3 สถานการณ์ ผลกระทบและทางออกเชิงนโยบาย. (วันที่ 20 เดือนพฤษภาคม พ.ศ.2564). ค้นจาก <https://tdri.or.th/2021/05/covid-119/>
- [3] World Health Organization. Coronavirus disease 2019 (COVID-19) Q&A. Retrieved from <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/question-and-answers-hub>
- [4] คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี. (2563). ความรู้พื้นฐาน COVID-19. ค้นจาก https://www.niems.go.th/1/UploadAttachFile/2020/EBook/49793_20200325095718.pdf
- [5] James Holland Jones, Department of Anthropological Sciences Stanford University. (2007). Notes On R0. Retrieved from <https://web.stanford.edu/~jhj1/teachingdocs/Jones-on-R0.pdf>
- [6] Maia Martcheva. (2015). An Introduction to Mathematical Epidemiology
- [7] Next-Generation Matrices and Basic Reproductive Numbers for All Phases of the Coronavirus Disease Retrieved from <https://www.researchgate.net/publication/341267511>
- [8] กรมควบคุมโรค. (2564). รายงานสถานการณ์ COVID-19 ระลอก 3 (ตั้งแต่ 01/04/2021 - 31/12/2021) ค้นจาก <https://covid19.ddc.moph.go.th/api/Cases/report-round-3-y21-line-lists>
- [9] Cheng, C., Zhang, D., Dang, D. et al.(2021). The incubation period of COVID-19: a global meta-analysis of 53 studies and a Chinese observation study of 11 545 patients

