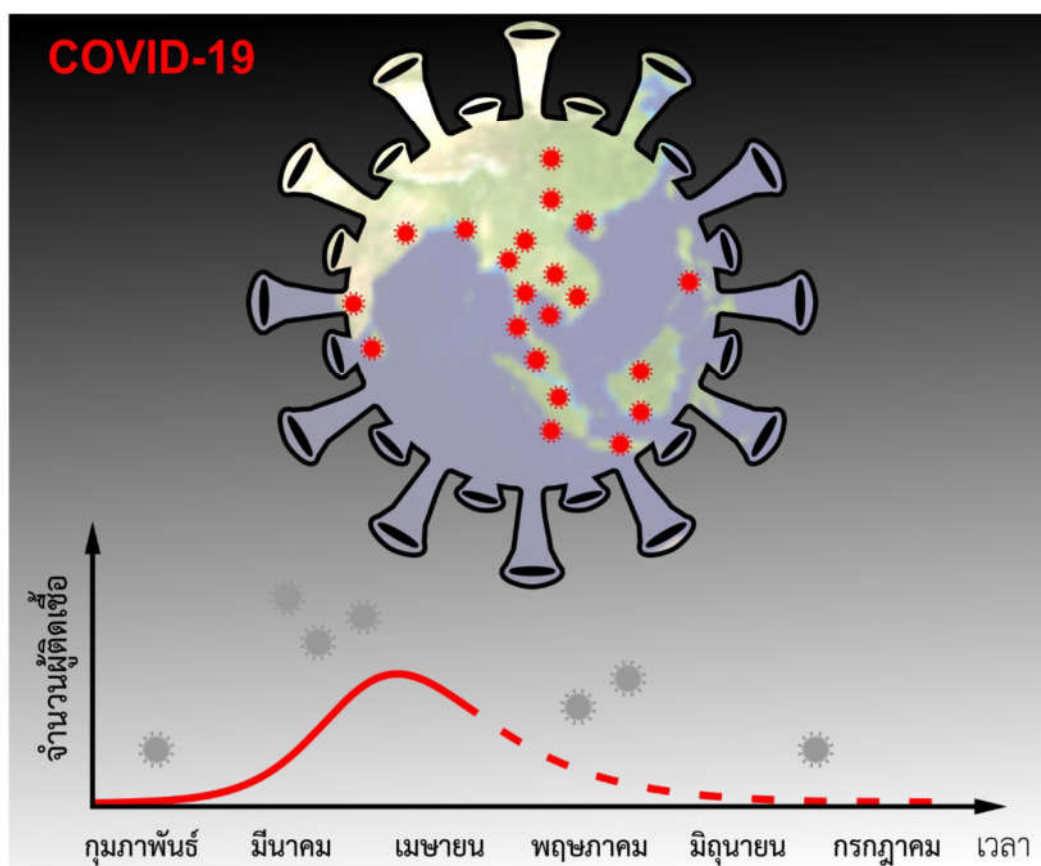


# ทำความเข้าใจการระบาดของโรคโควิด-19 ผ่านแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

Understanding Pandemic of COVID-19 via Mathematical Model

รศ.ดร.สุวิทย์ กิระวิทยา



## ความนำ

อย่างที่เรารู้กันดีว่าโรคโควิด-19 (COVID-19) เป็นโรคระบาดรุนแรงที่ส่งผลกระทบต่อการใช้ชีวิตของเราทุกคน โดยโรคนี้เกิดจากโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ที่ชื่อว่า SARS-CoV-2 ที่ถือกำเนิดขึ้นในเมืองอู่ฮั่น (Wuhan) มณฑลหูเป่ย์ (Hubei) ประเทศจีน [1] การอุบัติใหม่ของเชื้อโรคนี้ได้ถูกรายงานไปยังองค์การอนามัยโลก (World Health Organization: WHO) ในวันที่ 31 ธันวาคม พ.ศ. 2562 [2,3] และต่อมาเมื่อโรคนี้ได้ระบาดรุนแรงมากขึ้นในช่วงเดือนมกราคม-มีนาคม ทางองค์การอนามัยโลกจึงได้กำหนดให้โรคโควิด-19 นี้เป็นโรคระบาดร้ายแรง (Pandemic) ในวันที่ 12 มีนาคม พ.ศ. 2563 ซึ่งสำหรับเชื้อไวรัสนี้จะระบาดได้ง่ายจากมนุษย์สู่มนุษย์ ผ่านการติดต่อผ่านลมหายใจและสารคัดหลั่ง เช่น น้ำมูก น้ำลายและน้ำตา เนื่องจากประเทศไทยเปิดรับนักท่องเที่ยวจาก

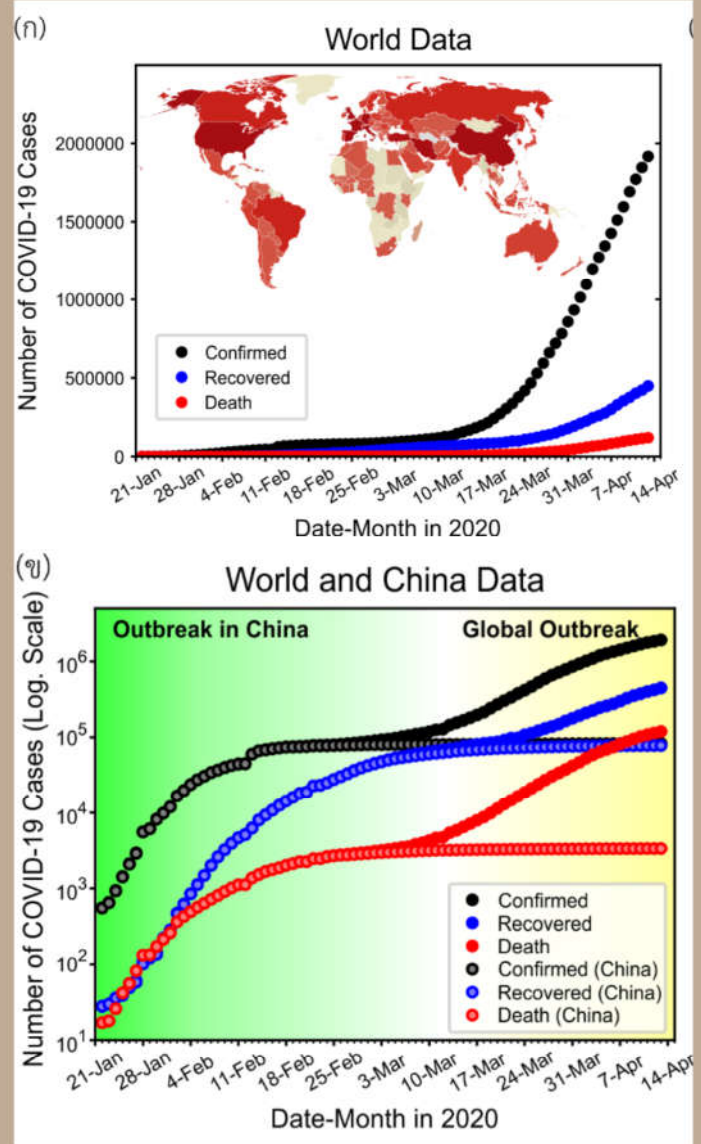
ประเทศจีนเป็นจำนวนมาก ทำให้ประเทศไทยเป็นประเทศแรกในโลกที่พบผู้ติดเชื้อโรคโควิด-19 นอกอาณาเขตประเทศจีนในช่วงเดือนมกราคม พ.ศ. 2563 ซึ่งสถานการณ์การระบาดรายวันที่รุนแรงที่สุดของประเทศไทยนับจนถึงปัจจุบัน คือ มีผู้ติดเชื้อต่อวันสูงสุด 188 ราย (ณ วันที่ 28 มีนาคม พ.ศ. 2563) และทุกฝ่ายกำลังดำเนินมาตรการต่าง ๆ เพื่อยับยั้งการระบาดของโรคนี การทำความเข้าใจการระบาดของโรคโควิด-19 ผ่านการวิเคราะห์ข้อมูลผู้ติดเชื้อและแบบจำลองทางคณิตศาสตร์เป็นแนวทางที่ถูกนำมาใช้ประกอบการตัดสินใจในการกำหนดมาตรการเหล่านั้น บทความนี้จะแสดงแนวคิดพื้นฐานด้านวิชาการของการวิเคราะห์ข้อมูลและแบบจำลองที่นำไปใช้ในการทำความเข้าใจการระบาดของโรคโควิด-19 นี้

### 1. ข้อมูลสถานการณ์โลกในภาพรวม

จากสถานการณ์ความรุนแรงของการระบาดที่เกิดขึ้นในโลกในช่วงเดือนมีนาคม พ.ศ. 2563 เป็นต้นมา ทำให้หลายหน่วยงานทั้งในและต่างประเทศ จัดทำฐานข้อมูลออนไลน์ที่เก็บข้อมูลเกี่ยวกับการระบาดนี้ โดยข้อมูลผู้ติดเชื้อโควิด-19 ที่มีกรยืนยันแล้วของแต่ละประเทศ ได้ถูกรวบรวมโดยองค์การอนามัยโลกและมีการอัปเดตสถานการณ์เป็นรายงานออนไลน์ ตั้งแต่วันที่ 21 มกราคม พ.ศ. 2563 เป็นต้นมา [2,3] รูปที่ 1(ก) แสดงข้อมูลภาพรวมของการระบาดนี้ โดยแบ่งกลุ่มเป็นข้อมูลจำนวนผู้ติดเชื้อสะสม (Confirmed Case) ข้อมูลจำนวนผู้ที่รักษาหายสะสม (Recovered) และข้อมูลจำนวนผู้เสียชีวิตสะสม (Death) ซึ่งข้อมูลเหล่านี้จะมีลักษณะที่เพิ่มขึ้นตามเวลา โดยเราจะถือว่าการระบาดสิ้นสุดลงเมื่อปริมาณทั้งสามนี้เป็นค่าคงที่ ไม่ขึ้นกับเวลาอีกต่อไป นอกจากจำนวนผู้ที่เกี่ยวข้องกับการระบาดนี้ เรายังสนใจสถานที่ที่เกิดการระบาดด้วย โดยแผนที่โลกที่แสดงในรูปด้านซ้ายบนของรูปที่ 1(ก) บ่งบอกจำนวนผู้ติดเชื้อสะสมที่มีในแต่ละประเทศด้วยความเข้มสี จากข้อมูลปัจจุบัน (วันที่ 13 เมษายน พ.ศ. 2563) จะเห็นได้ว่า การระบาดได้ขยายไปยังทุกทวีปทั่วโลกแล้ว และมีแนวโน้มที่กำลังจะระบาดในประเทศที่ยังไม่เกิดการระบาด ซึ่งส่วนใหญ่คือประเทศในแถบทวีปแอฟริกา

เป็นที่ทราบกันดีว่าการระบาดของโควิด-19 เกิดขึ้นครั้งแรกในประเทศจีน รูปที่ 1(ข) แสดงสถานการณ์การระบาดในโลกและใน

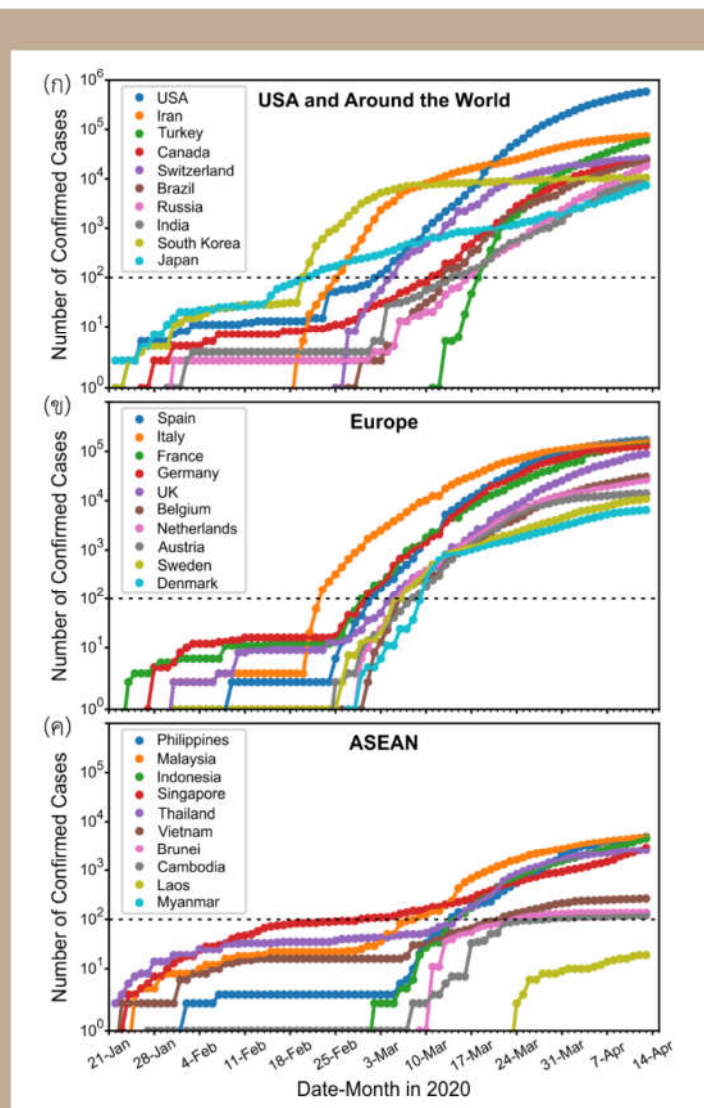
ประเทศจีนโดยการพล็อตในล็อกสเกลและเปรียบเทียบเพื่อแยกแยะประชากรเป็นสองกลุ่ม ซึ่งการระบาดในประเทศจีนที่มีแนวโน้มว่าใกล้จะสิ้นสุดลงแล้ว โดยหากมองย้อนกลับไปจะเห็นว่า ในช่วงแรก (มกราคม – กุมภาพันธ์) การระบาดทั้งหมดเกิดขึ้นในประเทศจีน ดังนั้นการศึกษามาตรการและแนวปฏิบัติต่าง ๆ จากข้อมูลของประเทศจีนจึงเป็นแนวทางหนึ่งในการกำหนดมาตรการต่าง ๆ ในประเทศไทยในช่วงที่ผ่านมา



รูปที่ 1 กราฟแสดงจำนวนผู้ติดเชื้อสะสม (Confirmed) จำนวนผู้ที่รักษาหายสะสม (Recovered) และ จำนวนผู้เสียชีวิตสะสม (Death) ตั้งแต่วันที่ 22 มกราคม พ.ศ. 2563 ถึงปัจจุบัน (13 เมษายน พ.ศ. 2563) โดยรูป (ก) แสดงในสเกลเชิงเส้น และรูป (ข) แสดงในล็อกสเกลและแสดงข้อมูลของประเทศจีนด้วย รูปเล็กในรูป (ก) แสดงแผนที่โลกที่บ่งบอกจำนวนผู้ติดเชื้อสะสมที่มีในแต่ละประเทศด้วยความเข้มของสีแดง (รูปเล็กนี้นำมาจาก [4] ณ วันที่ 13 เมษายน พ.ศ. 2563)

## 2. ข้อมูลจำนวนผู้ติดเชื้อในภูมิภาคต่าง ๆ

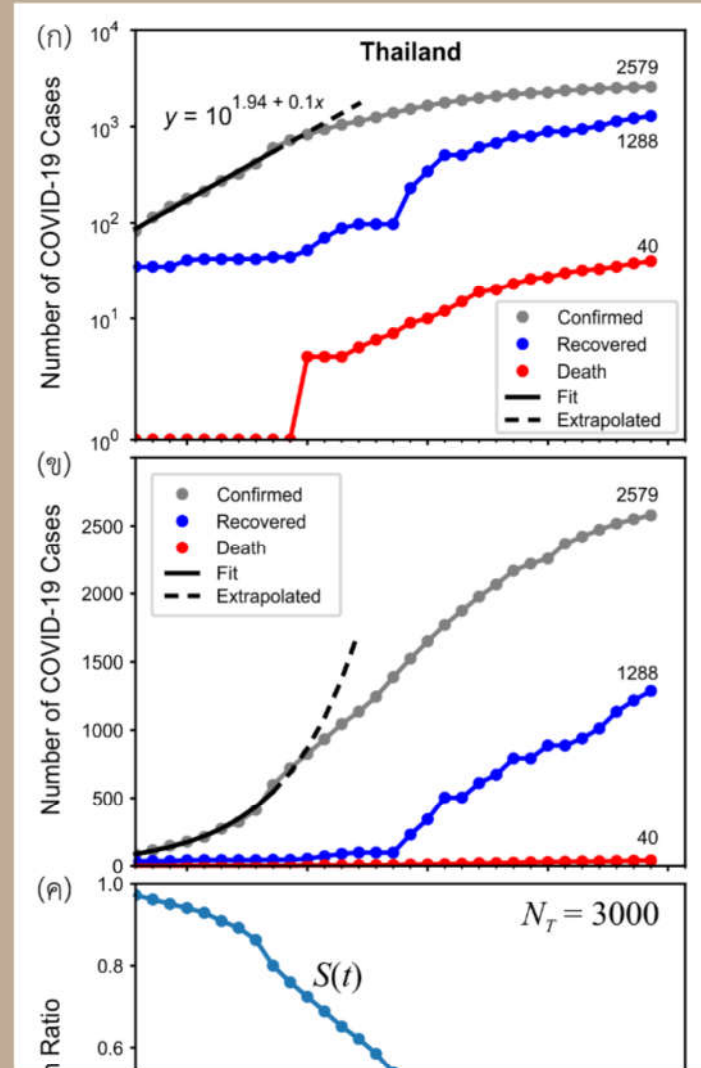
การพิจารณาการระบาดในแต่ละภูมิภาคสามารถทำได้โดยการพล็อตข้อมูลจำนวนผู้ติดเชื้อสะสมในรายประเทศ รูปที่ 2 แสดงข้อมูลนี้ของแต่ละประเทศในโลก (ข้อมูลจาก [3,5]) โดยรูปที่ 2(ก) คือข้อมูลของประเทศสหรัฐอเมริกาและประเทศอื่น ๆ ทั่วโลก รูปที่ 2(ข) คือข้อมูลของประเทศในแถบทวีปยุโรป และ รูปที่ 2(ค) คือข้อมูลของประเทศในกลุ่มประเทศอาเซียน หากเปรียบเทียบข้อมูลนี้ ณ ปัจจุบัน จะพบว่าประเทศอเมริกาเป็นประเทศที่มีผู้ติดเชื้อสะสมสูงสุดและยังมีแนวโน้มที่จะเพิ่มขึ้นอยู่ต่อไป ในขณะที่บางประเทศเช่น เกาหลีใต้ (ในรูปที่ 2(ก)) มีการติดเชื้ออย่างรวดเร็วในจำนวนที่มากในตอนแรกแต่ปัจจุบันการระบาดมีแนวโน้มที่จะหยุดลงแล้วเช่นเดียวกับประเทศจีน (รูปที่ 1(ข)) จากรูปที่ 2 จะเห็นได้ว่า การเริ่มต้นของการระบาดในแต่ละประเทศเกิดขึ้นไม่พร้อมกัน โดยหลังจากที่เริ่มระบาดในประเทศนั้น ๆ แล้ว (คือการเริ่มมีจำนวนผู้ติดเชื้อสะสมเกินหนึ่งร้อยรายโดยประมาณ) ความเร็วในการแพร่เชื้อก็สามารถแสดงได้ด้วยการเพิ่มขึ้นของจำนวนผู้ติดเชื้อในแต่ละวันของแต่ละประเทศ โดยความเร็วนี้เป็นสิ่งที่นำมาใช้กำหนดมาตรการที่นำมาใช้ในแต่ละประเทศเพื่อหยุดยั้งการระบาด



รูปที่ 2 กราฟแสดงจำนวนผู้ติดเชื้อสะสมตามเวลาในแต่ละประเทศ (ก) ประเทศสหรัฐอเมริกาและประเทศอื่น ๆ ทั่วโลก (ข) ประเทศในแถบทวีปยุโรป และ (ค) ประเทศในกลุ่มประเทศอาเซียน (เส้นนอนประในแต่ละรูปแสดงระดับจำนวนผู้ติดเชื้อสะสมหนึ่งร้อยราย)

### 3. ข้อมูลจำนวนผู้ติดเชื้อในประเทศไทย

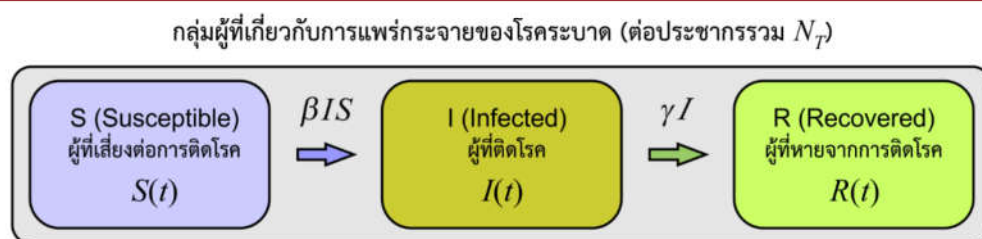
สำหรับประเทศไทยซึ่งเป็นหนึ่งในประเทศอาเซียน กราฟการเปลี่ยนแปลงของจำนวนผู้ติดเชื้อสะสม ผู้ที่รักษาหายและผู้เสียชีวิตตามเวลานั้น แสดงในรูปที่ 3(ก) และ 3(ข) โดยในตอนเริ่มต้นของการระบาดของโรคนี (ช่วงต้นเดือนมีนาคม) การเพิ่มขึ้นของจำนวนผู้ติดเชื้อสะสมเป็นไปอย่างรวดเร็วและมีลักษณะเป็นแบบทวีคูณ จำนวนผู้ติดเชื้อสะสมของประเทศไทยมีค่าเกินหนึ่งร้อยคนในวันที่ 15 มีนาคม และมีแนวโน้มเพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่อง ซึ่งข้อมูลนี้สามารถนำมาพิตด้วยเอกซ์โพเนนเชียลฟังก์ชันและพล็อตได้เป็นกราฟเส้นตรงในสเกลล็อก (ดูเส้นตรงทึบในรูปที่ 3(ก)) จากความสัมพันธ์นี้ทำให้เราสามารถทำนายจำนวนผู้ติดเชื้อสะสมในอนาคตได้ ซึ่งจากข้อมูลการคาดการณ์นี้ทำให้หลายฝ่ายวิตกว่าจำนวนผู้ติดเชื้อจะเพิ่มขึ้นสูงมากถึงระดับแสนราย ซึ่งจะทำให้ทรัพยากรด้านสาธารณสุขของประเทศไทยไม่เพียงพอต่อการรักษาโรค และนำมาสู่มาตรการต่าง ๆ ที่ใช้ในการจำกัดการระบาดของโรคในเวลาต่อมา โดยข้อมูลขณะที่เขียนบทความนี้ (วันที่ 13 เมษายน พ.ศ. 2563) จำนวนผู้ติดเชื้อสะสมของประเทศไทย คือ 2579 ราย และแนวโน้มการเพิ่มขึ้นมีลักษณะลดลง ซึ่งความสัมพันธ์ของจำนวนผู้ติดเชื้อสะสมต่อเวลานี้ไม่เป็นลักษณะทวีคูณหรือเป็นฟังก์ชันเอกซ์โพเนนเชียลแล้ว ดังแสดงในรูปที่ 3(ก) และ 3(ข) แนวทางหนึ่งในการทำความเข้าใจเกี่ยวกับการระบาดในเวลาต่อมาจึงเป็นการใช้แบบจำลองที่สอดคล้องกับความเป็นจริงมากขึ้น ซึ่งจะทำให้ได้ผลการคาดการณ์ที่มีความถูกต้องมากยิ่งขึ้นด้วย โดยแบบจำลองหนึ่งที่มีการนำมาใช้มีชื่อว่า แบบจำลอง SIR [6-8] และมีรายละเอียดที่จะกล่าวถึงในหัวข้อต่อไป โดยรูปที่ 3(ค) แสดงปริมาณสัดส่วนประชากรตามแบบจำลอง SIR ของข้อมูลการระบาดของโรคโควิด-19 ในประเทศไทย ตั้งแต่วันที่ 14 มีนาคม จนถึงปัจจุบัน



รูปที่ 3 กราฟแสดงจำนวนผู้ติดเชื้อสะสม ผู้ที่รักษาหายสะสมและผู้เสียชีวิตสะสม ตามเวลาของประเทศไทย ใน (ก) ล็อกสเกล และ (ข) สเกลเชิงเส้น (ค) การเปลี่ยนแปลงของสัดส่วนประชากรที่เกี่ยวข้องกับการระบาดนี้ตามแบบจำลอง SIR โดยกำหนดให้จำนวนประชากรทั้งหมด  $N_T$  คือ 3000

## 4. แบบจำลอง SIR

แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ที่นิยมนำมาใช้ในการอธิบายการเปลี่ยนแปลงของจำนวนผู้ที่เกี่ยวข้องกับการระบาดของโรคคือแบบจำลอง SIR [6-8] ซึ่งแนวคิดตามแบบจำลองนี้เริ่มจากการแบ่งกลุ่มประชากร (Compartmental Model) แล้วอธิบายการเปลี่ยนแปลงจำนวนของประชากรในกลุ่มนั้น ๆ ด้วยการสมการเชิงอนุพันธ์ โดยในแบบจำลอง SIR นี้จะมีการแบ่งกลุ่มผู้เกี่ยวข้องเป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มผู้ที่เสี่ยงต่อการติดโรค S (Susceptible) กลุ่มผู้ติดโรค I (Infected) และ กลุ่มผู้ที่หายจากการติดโรค R (Recovered หรือ Removed) โดยกลุ่มสุดท้ายนี้จะเป็กลุ่มรวมของผู้ที่รักษาหายและผู้เสียชีวิตจากโรคด้วย รูปที่ 4 แสดงแผนภาพการแบ่งกลุ่มประชากรตามแบบจำลอง SIR นี้



รูปที่ 4 แผนภาพแสดงความสัมพันธ์ของกลุ่มผู้เกี่ยวข้องกับการแพร่กระจายของโรคระบาดในแบบจำลอง SIR (คิดต่อประชากรรวม  $N_T$  คงที่)

สมมติฐานเบื้องต้นของแบบจำลอง SIR คือ เมื่อเกิดโรคระบาดแล้ว การระบาดก็จะทำให้จำนวนผู้ติดโรคเพิ่มขึ้นและทำให้ผู้ที่เสี่ยงต่อการติดโรคลดจำนวนลง (เพราะว่าผู้ที่เสี่ยงกลายเป็นผู้ติดโรคแล้ว) ซึ่งอัตราการลดจำนวนผู้ที่เสี่ยงต่อการติดโรคจะแปรผันตรงกับจำนวนผู้ติดโรคแล้วและแปรผันตรงกับจำนวนผู้ที่เสี่ยงต่อการติดโรค ณ ขณะนั้นด้วย เมื่อจำนวนผู้ติดโรคเพิ่มมากขึ้นก็จะมีผู้ติดโรคบางส่วนได้รับการรักษาให้หายหรือเสียชีวิตลงไปโดยอัตราการเพิ่มของจำนวนผู้ที่หายจากการติดโรคนี้อจะแปรผันตรงกับจำนวนผู้ติดโรค ณ ขณะนั้น และผู้ที่รักษาหายแล้วจะไม่กลับมาเป็นโรคเดิมอีกเพราะมีภูมิคุ้มกันหรืออาจจะต้องใช้เวลาในการกลับมาเป็นโรคเดิมซ้ำอีก ดังนั้นหากเรากำหนดตัวแปรให้จำนวนประชากรโดยรวมที่เกี่ยวข้องกับการแพร่ของโรคระบาดคือ  $N_T$  (สมมติให้มีค่า ๆ หนึ่งและคงที่) สัดส่วนจำนวนผู้ที่เสี่ยงต่อการติดโรคต่อประชากร คือ  $S(t)$  สัดส่วนจำนวนผู้ติดโรคต่อ

ประชากรคือ  $I(t)$  และ สัดส่วนจำนวนผู้ที่หายจากการติดโรค คือ  $R(t)$  (จะได้ว่า  $S+I+R=N_T$  เสมอ และจำนวนประชากรในแต่ละกลุ่มคือผลคูณของ  $N_T$  กับ  $S(t)$ ,  $I(t)$ , และ  $R(t)$ ) จากแบบจำลอง SIR ที่บรรยายมานี้ เราจะสามารถเขียนความสัมพันธ์ของจำนวนต่าง ๆ ได้เป็นสมการเชิงอนุพันธ์แบบไม่เชิงเส้น คือ

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \cdot I \cdot S \quad (1.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \cdot I \cdot S - \gamma \cdot I \quad (1.2)$$

และ

$$\frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I \quad (1.3)$$

โดย  $\beta$  คือค่าเฉลี่ยของจำนวนครั้งที่แต่ละบุคคลสัมผัสกันในช่วงเวลา (เช่นในหนึ่งวัน) คูณกับความน่าจะเป็นที่เชื้อโรคจะถูกส่งผ่านจากการสัมผัสระหว่างผู้ที่เสี่ยงต่อการติดโรคและผู้ติดโรค และ  $\gamma$  คืออัตราเฉลี่ยของการรักษาผู้ติดเชื้อให้หายจากการติดโรค (คือรักษาหายหรือเสียชีวิต) โดยหากคิดในหน่วยต่อวันแล้วจะได้ว่า  $\gamma^{-1}$  คือจำนวนวันเฉลี่ยที่ต้องใช้ในการรักษาผู้ติดโรคนั้นเอง

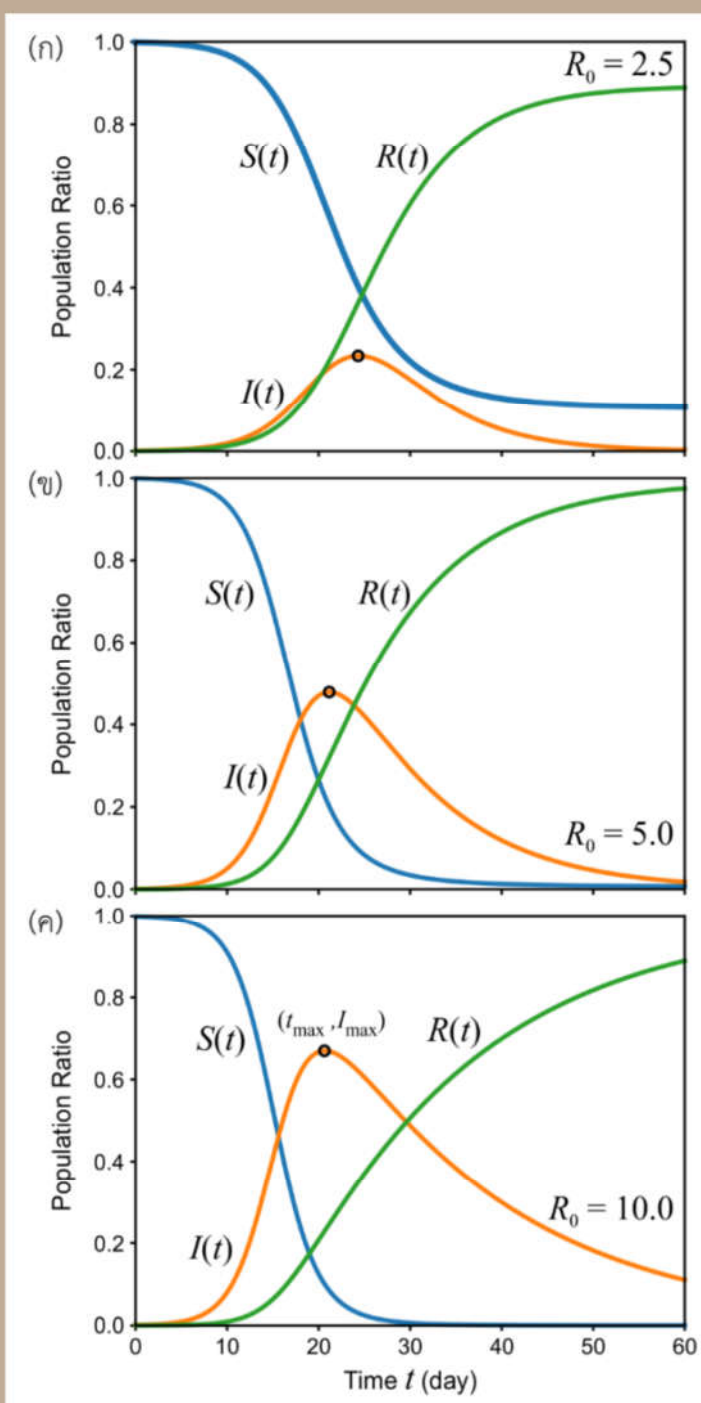
จากชุดสมการข้างต้นและความจริงที่ว่า  $\beta$  และ  $\gamma$  มีค่ามากกว่าศูนย์ ทำให้สังเกตได้ว่าจำนวนผู้ที่เสี่ยงต่อการติดโรคต่อหน่วยประชากรจะมีค่าลดลงเสมอ นั่นคือ  $S(t)$  เป็นฟังก์ชันลดทางเดียว (Monotonically Decreasing Function) ในขณะที่ สัดส่วนจำนวนผู้ที่ยังไม่ติดโรคจะมีค่าเพิ่มขึ้นเสมอ นั่นคือ  $R(t)$  เป็นฟังก์ชันเพิ่มทางเดียว (Monotonically Increasing Function) โดยจากความจริงที่ว่า ผลรวมของประชากรทั้งสามกลุ่มจะมีค่าคงที่ เราจะแสดงได้ว่าที่เวลานาน ๆ ( $t \rightarrow \infty$ ) ประชากรส่วนใหญ่จะกลายเป็นผู้ที่หายจากการติดโรค ( $S(t \rightarrow \infty) \approx 0$  และ  $R(t \rightarrow \infty) \approx 1$ ) โดยสำหรับฟังก์ชัน  $I(t)$  จะเป็นไปได้หลายรูปแบบซึ่งขึ้นกับอัตราการเพิ่มและลดของจำนวนผู้ติดโรคนั้น (สมการ(1.2)) ลูกศรในรูปที่ 4 ถูกกำกับด้วยสัญลักษณ์ของอัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรทั้งสามกลุ่มนี้ โดย ณ ช่วงเวลาเริ่มต้น เราอาจกล่าวได้ว่า  $S(0) \approx 1$ ,  $I(0) \approx 0$  และ  $R(0) = 0$ , โดย  $I(0)$  จะต้องมากกว่าศูนย์เล็กน้อยเพื่อให้เกิดการเริ่มกระบวนการ

## 5. ลักษณะการขึ้นกับเวลาของจำนวนผู้ติดเชื้อ

ลักษณะการขึ้นกับเวลาของจำนวนผู้ติดเชื้อ ดังแสดงข้อมูลจริงสำหรับประเทศไทยในรูปที่ 3(ค) สามารถจำลองได้ด้วยการแก้ชุดสมการที่ (1) ด้วยระเบียบวิธีเชิงเลข [6-8] โดยได้ผลในลักษณะที่แสดงในรูปที่ 5 การบอกระดับความรุนแรงของการระบาดตามแบบจำลอง SIR นี้ มักจะแสดงด้วยค่าสัดส่วนของค่า  $\beta$  และ  $\gamma$  ซึ่งเรียกว่า อัตราส่วนการติดโรคในขั้นต้น (Basic Reproduction Ratio) และจะแสดงด้วยสัญลักษณ์  $R_0 (R_0 = \beta / \gamma)$  โดยหาก  $R_0$  มีค่าน้อยกว่าหนึ่งแล้วการระบาดจะเกิดขึ้นอย่างไม่รุนแรง คือ เมื่อเกิดการระบาดขึ้นแล้วเราสามารถรักษาหายได้ทันและผู้ที่ยังเสี่ยงต่อการติดโรคจะกลายเป็นผู้ที่ติดโรคและผู้ที่หายจากการติดโรคอย่างค่อยเป็นค่อยไป แต่หาก  $R_0$  มีค่ามากกว่าหนึ่งแล้วจะหมายความว่า

ว่าการระบาดจะเกิดขึ้นโดยจะมีช่วงที่มีกลุ่มประชากรที่ติดเชื้อมีจำนวนสูงสุด โดยสำหรับโรคโควิด-19 นี้ มีการคาดการณ์เบื้องต้นจากผลการวิเคราะห์การระบาดในประเทศจีนว่า ระดับค่า  $R_0$  จะอยู่ที่ประมาณ 2.2-2.7 [9] รูปที่ 5 แสดงตัวอย่างการจำลองผลตามแบบจำลอง SIR นี้ ซึ่งก็คือการแสดงการเปลี่ยนแปลงของ  $S(t)$ ,  $I(t)$  และ  $R(t)$  ตามเวลา โดยกำหนดให้ค่า  $R_0 = 2.5$ , 5 และ 10 ในรูปที่ 5(ก), (ข) และ (ค) ตามลำดับ และในการจำลองนี้ เรากำหนดให้  $\beta = 0.5$  ต่อวัน,  $I(0) = 10^{-3}$  และ  $R(0) = 0$  คงที่ แล้วคำนวณค่า  $\gamma (= \beta / R_0)$  โดยโค้ดสำหรับสร้างผลการจำลองตามแบบจำลองนี้สามารถเขียนได้ด้วยภาษาไพธอน [8]

ผลการจำลองที่แสดงในรูปที่ 5 มีสิ่งที่เราให้ความสนใจมากคือเวลาที่เกิดการระบาดมากที่สุดและค่าสูงสุดของจำนวนผู้ติดเชื้อ ( $t_{max}$  และ  $I_{max}$ ) ซึ่งจะเห็นได้ว่าหาก  $R_0$  มีค่ามากขึ้นแล้วค่า  $I_{max}$  นี้จะมีค่ามากขึ้นตาม ในขณะที่เวลาที่ใช้ในการทำให้เกิดการระบาดมากที่สุดนี้จะสั้นลงเล็กน้อย และนอกจากพารามิเตอร์  $\beta$  และ  $\gamma$  ที่เป็นพารามิเตอร์สำคัญและเขียนแสดงอย่างชัดเจนในแบบจำลอง SIR นี้ เรายังมีพารามิเตอร์คือจำนวนประชากรรวม  $N_T$  ด้วย โดยในแบบจำลองเชิงทฤษฎีของการระบาดที่ขึ้นกับเวลานั้นเรามักจะกำหนดให้  $N_T$  มีค่าคงที่ ในขณะที่ในการระบาดจริงของโรคระบาด ค่า  $N_T$  อาจจะไม่เปลี่ยนแปลงตามเวลาด้วย ดังนั้นในการแสดงข้อมูลจริงด้วยแบบจำลอง SIR นี้ พารามิเตอร์ที่สำคัญอีกตัวหนึ่งคือ  $N_T$  โดยในการยับยั้งการระบาดของโรคคือการลดค่าจำนวนประชากรรวมนี้ให้น้อยที่สุดเท่าที่จะเป็นไปได้นั่นเอง รูปที่ 3(ค) ที่แสดงก่อนหน้านี้เป็นการพล็อตค่า  $S(t)$ ,  $I(t)$  และ  $R(t)$  สำหรับข้อมูลผู้ติดเชื้อของประเทศไทยโดยกำหนดให้  $N_T = 3000$



รูปที่ 5 ตัวอย่างผลการจำลองการเปลี่ยนแปลงของจำนวนประชากรแต่ละกลุ่ม โดยมีพารามิเตอร์คือ  $R_0 = 2.5, 5$  และ  $10$ ,  $\beta = 0.50$  ต่อวัน (คงที่),  $I(t = 0) = 10^{-3}$  และ  $R(t = 0) = 0$  โดยกำหนดให้  $(t_{max}, I_{max})$  คือจุดสูงสุดของ  $I(t)$

## 6. การจำลองการแพร่กระจายและแนวทางการหยุดยั้ง

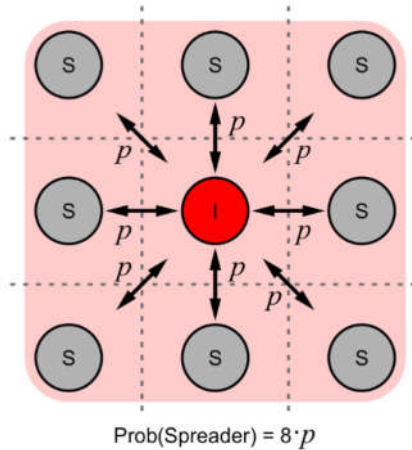
ในการจำลองการแพร่กระจายโรคในเชิงตำแหน่งนั้น หากเราพิจารณาการปฏิสัมพันธ์ที่เกิดขึ้นจริงของคนที่อยู่ในกลุ่มผู้ที่ยังเสี่ยงต่อการติดโรค  $S$  และคนที่อยู่ในกลุ่มผู้ที่ติดโรคแล้ว  $I$  ในสถานการณ์จริง เราจะพบว่ามีความซับซ้อนมากที่จะบ่งบอกว่าจะเกิดการแพร่กระจายโรคนาน้อยเพียงไร ทั้งนี้เพราะการแพร่กระจายโรคเกิดขึ้นได้ในหลายลักษณะ รวมทั้งการที่คนสามารถเคลื่อนที่ได้และทำกิจกรรมได้หลากหลายมากในแต่ละวัน การจำลองอย่างง่ายเพื่อให้ทราบถึงความเร็วและความรุนแรงของการระบาดบนพื้นฐานของแบบจำลอง SIR อาจทำได้โดยการกำหนดสมมติฐานและกฎพื้นฐานในการแพร่กระจายของเชื้อโรค ในลักษณะที่เป็น Cellular Automata [10] คือ

1. ให้คนที่อยู่ในกลุ่มผู้ที่ยังเสี่ยงต่อการติดโรคกระจายอย่างสม่ำเสมอและอยู่นิ่งในระบบพิกัดฉาก
2. ในตอนเริ่มต้นมีจำนวนผู้ที่ติดโรคแล้ว  $I$  จำนวนเล็กน้อย และกระจายอยู่อย่างสุ่มในกลุ่มประชากรทั้งหมด
3. การติดต่อของโรคจะเกิดกับผู้ที่ติดโรคแล้วและผู้ที่อยู่ในกลุ่มเสี่ยงที่อยู่รอบ ๆ ผู้ติดโรคแล้วเท่านั้น (ดูรูปที่ 6(ก))
4. ความน่าจะเป็นในการติดต่อโรคในช่วงเวลา 1 วัน คือ  $p$  ดังนั้น ความน่าจะเป็นที่ผู้ที่ติดโรคแล้วจะแพร่กระจายโรคจะมีค่าสูงสุดคือ  $8.p$  และจะมีค่าลดลงหารอบ ๆ ของผู้ที่ติดโรคคนนั้นเป็นผู้ที่ติดโรคแล้ว

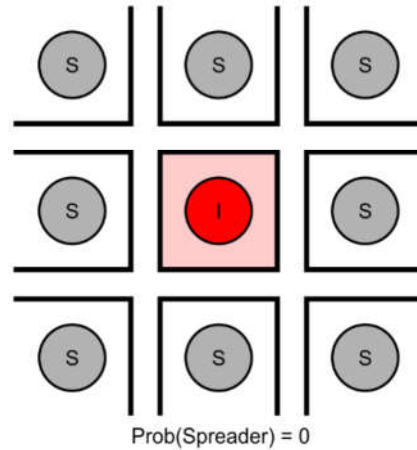
5. ในแต่ละวัน ผู้ที่ติดโรคแล้ว  $I$  จะสามารถกลายเป็นผู้ที่หายจากการติดโรค  $R$  ได้ด้วยความน่าจะเป็นอีกค่าหนึ่ง คือ  $p_R$  โดย ( $p_R < p$  เสมอ) และเมื่อหายจากโรคแล้วจะไม่กลับมาเป็นโรคซ้ำ จากสมมติฐานข้างต้นเราสามารถบ่งบอกได้ว่าจะเกิดการระบาดขึ้นโดยความรุนแรงจะขึ้นกับค่าของ  $p$  และ  $p_R$  ซึ่งหากมีการหยุดยั้งการระบาดโดยการเว้นระยะห่างทางสังคมหรือ Social Distancing แล้ว เราอาจกำหนดได้ว่าผู้ที่ติดโรคแล้วจะไม่สามารถแพร่กระจายโรคออกไปได้ โดยการเว้นระยะห่างที่มากที่สุด คือการไม่มีปฏิสัมพันธ์โดยตรงกับคนรอบข้างเลย รูปที่ 6(ข) แสดงแผนภาพจำลองในกรณีนี้ ซึ่งจะมีความน่าจะเป็นในการแพร่กระจายโรคเป็นศูนย์

สมมติฐานและกฎพื้นฐานในการแพร่กระจายของเชื้อโรคที่กล่าวมาข้างต้นสามารถนำมาใช้จำลองเหตุการณ์การระบาดได้ โดยการพิจารณาเหตุการณ์ที่เกิดขึ้นในแต่ละวันของคนในกลุ่ม I รูปที่ 7(ก) แสดงผลการจำลองการแพร่กระจายโรคที่เวลา  $t = 5, 15$  และ  $25$  วัน สำหรับกรณีที่ไม่มีการทำเว้นระยะห่างทางสังคมของประชากรขนาด  $100 \times 100$  ค่า  $p$  เท่ากับ  $0.625$  และค่า  $p_r$  เท่ากับ  $0.01$  โดยจำนวนผู้ติดเชื้อในตอนเริ่มต้นเท่ากับ  $10$  จากรูปจะเห็นได้ว่าการระบาดจะแพร่กระจายออกไปโดยมีศูนย์กลางคือผู้ที่ติดโรคคนแรกจนกระทั่งเต็มพื้นที่ในที่สุดและประชากรทุกคนจะติดโรคแล้วกลายเป็นผู้ที่หายจากการติดโรคในเวลาต่อมา รูปที่ 7(ข) แสดงผลการจำลองในกรณีที่มีการเว้นระยะห่างทางสังคมในลักษณะที่ประชากรอยู่กันเป็นกลุ่ม ๆ กลุ่มละ  $9 \times 9$  และมีพารามิเตอร์อื่น ๆ เหมือนกับการจำลองที่แสดงก่อนหน้านี้ จากผลการจำลองจะเห็นได้ว่าการระบาดจะเกิดขึ้นในกลุ่มของผู้ติดโรคเท่านั้น และประชากรในกลุ่มที่ไม่มีผู้ติดเชื้อในตอนเริ่มต้น ก็จะไม่ติดเชื้อ ซึ่งแนวทางที่จำลองนี้เป็นสิ่งที่นำมาใช้ในการลดการระบาดที่เกิดขึ้นจริงในโลกปัจจุบัน

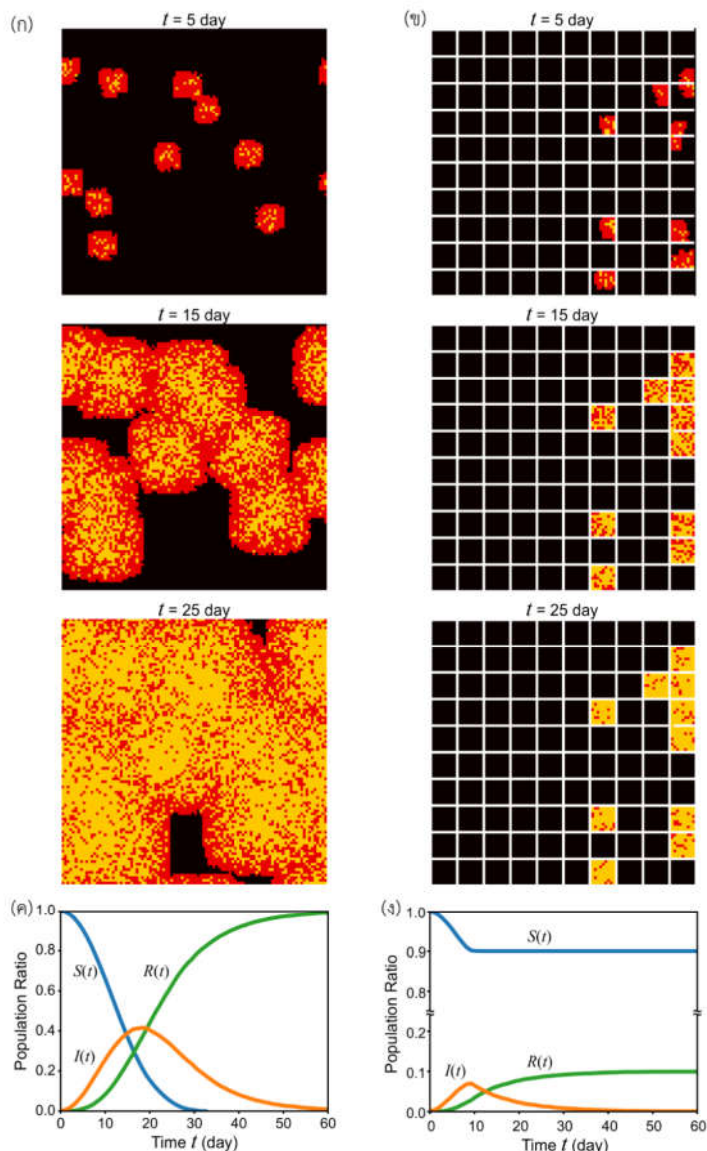
(ก) Without Social Distancing



(ข) With Social Distancing



รูปที่ 6 แผนภาพจำลองการติดต่อของโรคของผู้ที่ติดโรค (วงกลมตรงกลาง) แล้วและผู้ที่เกี่ยวข้องการติดโรค (วงกลมที่อยู่รอบ ๆ) สำหรับ (ก) กรณีที่ไม่มีการทำเว้นระยะห่างทางสังคม และ (ข) กรณีที่ไม่มีการปฏิสัมพันธ์กัน



รูปที่ 7 ตัวอย่างการจำลองการแพร่กระจายโรคที่เวลา  $t = 5, 15$  และ  $25$  วัน สำหรับ (ก) กรณีที่ไม่มีการทำเว้นระยะห่างทางสังคมของประชากรขนาด  $100 \times 100$  และ (ข) กรณีที่มีการอยู่กับเป็นกลุ่ม ๆ (กลุ่มละ  $9 \times 9$ ) โดยจุดสีดำแทนผู้ที่เสี่ยงต่อการติดโรค จุดสีแดงแทนผู้ที่ติดโรคแล้วและ จุดสีเหลืองแทนผู้ที่หายจากการติดโรค (ค) และ (ง) ผลการคำนวณสัดส่วนประชากรในกลุ่มต่าง ๆ ตามเวลา จากผลการจำลองการแพร่ระบาดที่แสดงในรูป (ก) และ (ข) ตามลำดับ

รูปที่ 7(ค) และ (ง) แสดงข้อมูลสัดส่วนจำนวนประชากรในแต่ละกลุ่มตามแบบจำลอง SIR ซึ่งจะเห็นได้ว่าในกรณีที่ไม่มีกัการเว้นระยะห่างทางสังคม (รูปที่ 7(ค)) กราฟจะมีลักษณะเช่นเดียวกับ ผลการจำลองด้วยการแก้สมการเชิงอนุพันธ์ที่แสดงในหัวข้อที่แล้ว (รูปที่ 5) แต่หากมีการเว้นระยะห่างทางสังคม (รูปที่ 7(ง)) ก็จะทำให้กลุ่มจำนวนประชากรที่ติดเชื้อ  $I$  มีจำนวนลดลงอย่างมาก โดยจำนวนผู้ติดโรคจะสามารถลดลงได้อีก หากมีการเว้นระยะห่างทางสังคมโดยการแบ่งกลุ่มที่เล็กลงกว่านี้ ซึ่งกลุ่มที่มีขนาดเล็กที่สุดมีขนาด  $1 \times 1$  (คือ ประชากรทุกคนไม่มีปฏิสัมพันธ์ต่อกัน) จะทำให้ไม่เกิดการแพร่ระบาดของโรค

### 7. สรุป

บทความนี้แสดงข้อมูลจำนวนผู้ติดเชื้อโรคโควิด-19 ที่กำลังระบาดอย่างมากในภูมิภาคต่าง ๆ ในโลก รวมถึงในประเทศไทยด้วย และจากนั้นจึงได้เสนอแบบจำลอง SIR ที่ใช้อธิบายการเกิดโรคระบาดได้ โดยการแก้สมการเชิงอนุพันธ์ที่ได้จากแบบจำลอง SIR นี้ทำให้เราสามารถจำลองการเกิดการระบาดของโรคได้ และสามารถถึงพารามิเตอร์ที่สำคัญที่บ่งบอกระดับความรุนแรงของการระบาดออกมาเพื่อดูแนวโน้มของการระบาดได้ โดยบทความนี้แสดงการจำลองการแพร่กระจายของโรคและได้นำแนวทางการหยุดยั้งการระบาดด้วยการทำการเว้นระยะห่างทางสังคมมาใส่ลงในการจำลองเพื่อแสดงให้เห็นแนวโน้มของค่าเชิงเลขที่สอดคล้องกับผลการแก้สมการเชิงอนุพันธ์ โดยผลที่ได้รับนี้สามารถใช้เป็นแนวทางในการกำหนดมาตรการเพื่อยับยั้งการระบาดของโรคนี้ได้

## เอกสารอ้างอิง

- [1] [https://en.wikipedia.org/wiki/2019-20\\_coronavirus\\_pandemic](https://en.wikipedia.org/wiki/2019-20_coronavirus_pandemic)
- [2] <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports>
- [3] <https://github.com/CSSEGISandData/COVID-19>
- [4] <https://foreignpolicy.com/2020/03/04/mapping-coronavirus-outbreak-infographic/>
- [5] <https://www.worldometers.info/coronavirus/>
- [6] Keeling, M. J.; Rohani, P. (2008). Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals, Princeton University Press: 15-34.
- [7] Kermack, W. O.; McKendrick, A. G. (1927). "A contribution to the mathematical theory of epidemics". Proceedings of the Royal Society A. 115 (772): 700–721.
- [8] Linge, S.; Langtangen, H. P. (2020) Programming for Computations – Python, Springer: 225–239.
- [9] Li, Q. et al. (2020) "Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel Coronavirus – infected pneumonia". The New England Journal of Medicine. 382: 1199-1207.
- [10] Boccarra, N.; Cheong, K. (1992) "Automata network SIR models for the spread of infectious diseases in populations of moving individuals". Journal of Physics A: Mathematical and General. 25: 2447-2461.

## ประวัติผู้เขียนบทความ

### ประวัติการศึกษา

- ▶ วศ.บ (วิศวกรรมไฟฟ้า) (เกียรตินิยมอันดับ 2) จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
- ▶ วศ.ด. (วิศวกรรมไฟฟ้า) จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

### ตำแหน่งปัจจุบัน

- ▶ พ.ศ. 2546 – 2554 นักวิจัยในประเทศเยอรมนี
- ▶ พ.ศ. 255 - ปัจจุบัน อาจารย์ประจำสาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยนเรศวร



รศ.ดร.สุวิทย์ กิระวิทย์