ISSN 0857-9512

วารสารวิทยาศาสตร์ลาดกระบัง

ปีที่ 27 ฉบับที่ 2 เดือนกรกฎาคม-ธันวาคม 2561

บทความวิจัย

แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของการเกิดโรคไข้หวัดใหญ่กับการฟักตัว

Mathematical Model of Influenza with Its Incubation

รัตติยา ซังชาสิทธิ์* และ พันธนี พงศ์สัมพันธ์**

Rattiya Sungchasit* and Puntani Pongsumpun**

*สาขาวิชาคณิตศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏภูเก็ต ภูเก็ต

**ภาควิชาคณิตศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง กรุงเทพมหานคร

วันที่ส่ง: 12 กรกฎาคม 2561วันที่แก้ไข : 24 สิงหาคม 2561 วันที่ตอบรับ : 7 กันยายน 2561

บทคัดย่อ

เชื้อไข้หวัดใหญ่เป็นเชื้อไวรัสที่มีชื่อว่า ไวรัสอินฟลูเอนซา (Influenza Virus) ซึ่งมีอยู่ในน้ำมูก น้ำลาย และเสมหะของผู้ป่วย โรคชนิดนี้เป็นการติดเชื้อไวรัสที่ระบบทางเดินหายใจแบบเฉียบพลัน โดยที่เชื้อไวรัสอินฟลูเอนซามีทั้งหมด 2 สายพันธุ์ใหญ่ ได้แก่ไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A และไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ B ในงานวิจัยนี้ผู้วิจัยได้ทำการศึกษาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์เพื่ออธิบายการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่โดยพิจารณาการฟักตัวของโรคที่แตกต่างกัน ผู้วิจัยได้ทำการหาจุดสมดุลหาเงื่อนไขที่ทำให้เกิดความเสถียรภาพของจุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรคและสภาวะการระบาดอย่างเรื้อรังแล้วนำมาแสดงในรูปของค่าสืบพันธุ์พื้นฐานมีการวิเคราะห์เชิงตัวเลขเพื่อแสดงผลลัพธ์ของแบบจำลองด้วย หลังจากการวิเคราะห์พบว่า ค่าของ β และ α จะทำให้มีการเปลี่ยนแปลงแล้วส่งผลต่อการระบาดของโรค

คำสำคัญ: การฟักตัว ไข้หวัดใหญ่ ค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน ความเสถียรภาพจุดสมดุลแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

Abstract

Influenza virus is found in the nasal saliva and sputum of patients. (This type of virus is classified as a virus called Orthomyxovirus.)This disease is a viral infection in the acute respiratory tract.Influenza virus has 2 types such as influenza virus and influenza virus B. In this research, Researchers conducted a mathematical model to explain the influenza epidemic by considering different incubations.

The equilibrium points, condition for stabilities of the disease free and endemic states are investigated.The basic reproductive numbers are shown. A numerical analysis shows the

*Email: tan_sungchasit@hotmail.com, rattiya.s@pkru.ac.th

results of simulations. The analysis found that value of β and α change will affect the outbreak.

Keywords: Incubation, Influenza, basic reproductive numbers, stability, steadystate, mathematical model

1. บทนำ

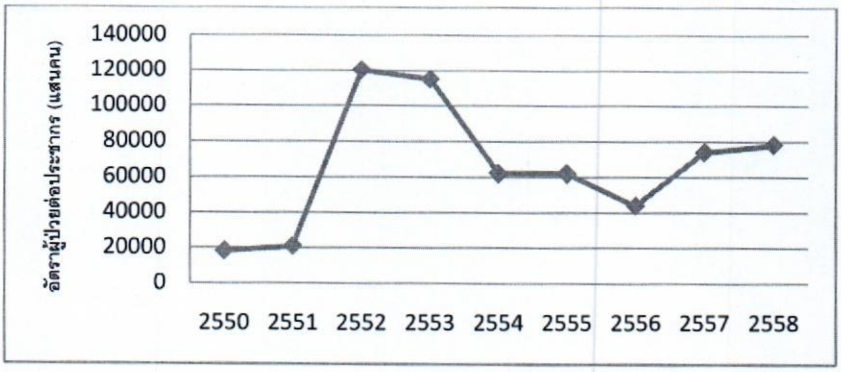
ไข้หวัดใหญ่เป็นโรคติดต่อทางเดินหายใจเช่นเดียวกับโรคหวัด แต่เกิดจากไวรัสคนละชนิดและมีความรุนแรงสูงกว่าโรคหวัดธรรมดามาก โรคนี้เป็นสาเหตุอันดับแรก ๆ ของอาการไข้ที่เกิดขึ้นเฉียบพลัน แพทย์มักให้การวินิจฉัยผู้ใหญ่ที่มีอาการตัวร้อนมา 2-3 วัน โดยไม่มีอาการอย่างอื่นชัดเจนว่าเป็นไข้หวัดใหญ่ ซึ่งบางครั้งก็อาจจะผิดพลาดได้ โรคนี้เป็นโรคที่พบได้บ่อยในคนทุกเพศทุกวัย ตั้งแต่ในเด็กจนถึงผู้สูงอายุ ผู้หญิงและผู้ชายมีโอกาสเกิดใกล้เคียงกัน เป็นโรคที่พบได้ตลอดทั้งปี แต่จะมีอุบัติการณ์สูงในช่วงฤดูฝน (มิถุนายน-ตุลาคม) และในช่วงฤดูหนาว (มกราคม-มีนาคม) ไวรัสอินฟลูเอนซามีทั้งหมด 2 สายพันธุ์ ได้แก่ ไข้หวัดสายพันธุ์ A ไข้หวัดสายพันธุ์ B แต่สำหรับไข้หวัดสายพันธุ์ A สามารถแบ่งออกเป็น A(H1N1), A(H1N2), A(H3N2), A(H5N1) และ A(H9N2) โดยพิจารณาตามความแตกต่างของโปรตีนของไวรัสที่เรียกว่า hem agglutinin (H) และ neuraminidase (N) ที่เป็นสาเหตุของไข้หวัดใหญ่นั้นๆเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่จะมีระยะการฟักตัวของเชื้อโรคประมาณ 1- 3 วัน ระยะนี้ผู้ป่วยสามารถแพร่เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ได้ตั้งแต่ 1 วันก่อนมีอาการและจะแพร่เชื้อต่อไปอีก 3- 5 วัน สำหรับเชื้อไวรัสไข้หวัดสายพันธุ์ A ส่วนเชื้อไวรัสไข้หวัดสายพันธุ์ B จะมีระยะของการฟักเชื้ออยู่ประมาณ 6 – 7 วัน

ในปี2552 อาจพบมีการระบาดใหญ่ ซึ่งไข้หวัดที่ทำให้เกิดการระบาดใหญ่ อย่างไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ 2009 ที่เกิดจากไข้หวัดใหญ่ชนิด เอช 1 เอ็น 1 (H1N1) ที่มีการเปลี่ยนแปลงจากเชื้อไวรัส H1N1 ไปจากเดิมมาก ทำให้คนส่วนใหญ่ไม่มีภูมิคุ้มกัน จึงทำให้การระบาดหรือติดเชื้อเป็นวงกว้าง โดยการแพร่ติดต่อเช่นเดียวกับโรคไข้หวัดใหญ่ในคนโดยทั่วไป คือเชื้อนั้นจะอยู่ในเสมหะ น้ำมูก น้ำลายของผู้ป่วย โดยการติดต่อทางการหายใจสูดเอาฝอยละอองเสมะที่ผู้ป่วไอหรือจามรดกันในระยะใกล้ชิดแพร่ไปยังผู้อื่นหรือติดจากมือและสิ่งของที่มีเชื้อปนเปื้อนอยู่เช่นแก้วน้ำ ลูกบิดประตู โทรศัพท์ ผ้าเช็ดมือ เป็นต้นและเชื้อจะเข้าสู่ร่างกายทางปาก จมูกและตา เช่น การแคะจมูก การขยี้ตาผู้ป่วยอาจเริ่มแพร่เชื้อได้ตั้งแต่ 1 วันก่อนป่วย ช่วง 3 วันแรกจะแพร่เชื้อได้มากสุด และระยะแพร่เชื้อมักไม่เกิน 7 วันผู้ป่วยส่วนใหญ่จะเริ่มมีอาการหลังจากได้รับเชื้อไวรัส 1 – 3 วันน้อยรายที่นานถึง 7 วัน โดยกลุ่มที่มีความเสี่ยงสูง คือ ผู้ที่มีโรคประจำตัวเรื้อรัง เช่น เบาหวาน ความดันโลหิตสูง โรคหัวใจผู้ที่ได้รับยากดภูมิต้านทาน เด็กอายุต่ำกว่า 2 ปีผู้ที่มีอายุมากกว่า 65 ปีหญิงมีครรภ์และผู้ที่มีปัญหาโรคอ้วน [1,2,3,4]

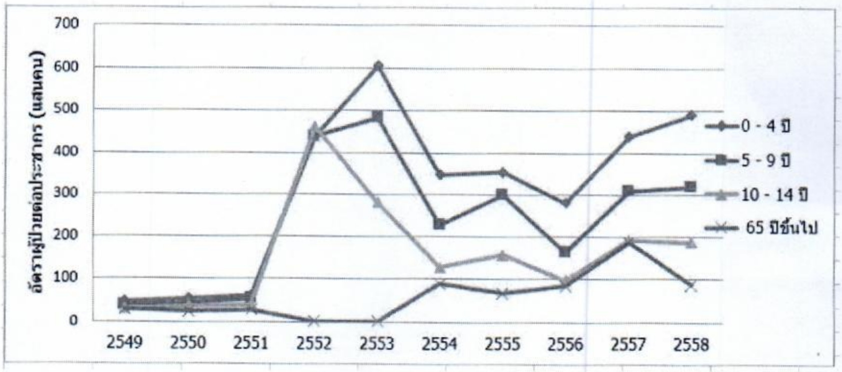
อาการป่วยที่เกิดขึ้นโดยทั่วไปของโรคไข้หวัดใหญ่เช่น มีไข้ ปวดศีรษะ ปวดเมื่อยกล้ามเนื้ออ่อนเพลีย ไอ เจ็บคอ มีเสมหะ ปอดบวม อาจมีอาการเบื่ออาหารคลื่นไส้ อาเจียน หรือท้องเสียด้วยจากนั้นเชื้อจะแพร่เข้าสู่กระแสโลหิต จึงทำให้เกิดเยื่อหุ้มสมองอักเสบ ผู้ป่วยจะมีการทรงตัวผิดปกติ เดินเอนไปเอนมาเหมือนคนเมาสุรา นอกจากนี้อาจสูญเสียการได้ยินจนถึงขั้นหูหนวกได้ และอาจเป็นอันตรายถึงชีวิตหากผู้

ติดเชื้ออยู่ในกลุ่มเสี่ยง เช่น เด็กเล็กผู้สูงอายุ และหญิงตั้งครรภ์ รวมถึงผู้ที่เป็นโรคเบาหวาน และติดยาเสพติด[2,3,4,5]

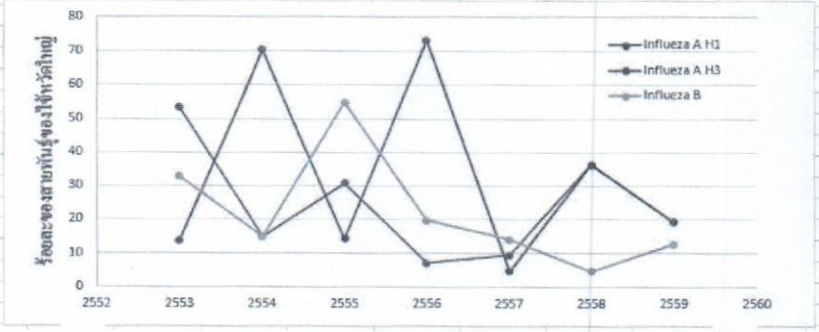
ผู้ป่วยส่วนใหญ่ที่มีอาการไม่รุนแรงอาจหายป่วยได้โดยไม่ต้องนอนรักษาตัวที่โรงพยาบาล อาการจะทุเลาและหายป่วยภายใน 5 – 7 วันแต่บางรายที่มีอาการปอดอักเสบ รุนแรง จะพบอาการหายใจเร็ว เหนื่อย หอบ หายใจลำบากซึ่งอาจทำให้เสียชีวิตได้ในประเทศไทยโรคนี้พบมากที่สุดในเด็กช่วงอายุ0 – 4 ปี จากผลการสำรวจตั้งแต่ปี พ.ศ. 2550 –พ.ศ. 2558 พบว่าผู้ป่วยมากที่สุดในปี 2552 แสดงดังรูปที่ 1 และรูปที่ 2 [1]และแสดงร้อยละของสายพันธุ์ของไข้หวัดใหญ่แสดงดังรูปที่ 3



รูปที่1.แสดงอัตราผู้ป่วยต่อประชากรแสนคนตั้งแต่ปี พ.ศ. 2550 –พ.ศ. 2558 [1,5]



รูปที่ 2.แสดงอัตราผู้ป่วยต่อประชากรแสนคนตั้งแต่ปี พ.ศ. 2550 – พ.ศ. 2558 แยกตามกลุ่มอายุ [1,5].



รูปที่ 3. แสดงร้อยละของสายพันธุ์ของไข้หวัดใหญ่ตั้งแต่ปีพ.ศ. 2553 – 2559 [1,5].

ในปี 2013, Okyere, Oduro, Bonyahและ Munkayazi [8] ศึกษาแบบจำลองของการถ่ายทอดโรคไข้หวัด (H1N1) ในเขต Ashanti ของ Ghana, โดยใช้ข้อมูลประชากรในปี 2012 ศึกษาการแพร่กระจายของ H1N1 โดยใช้ข้อมูลประชากรจากพื้นที่ Ashanti ของประเทศกานา กำหนดให้ประชากรคงที่โดยที่อัตราการเกิดเท่ากับอัตราการตาย สมมติให้จำนวนประชากรคงที่นั่นคืออัตราการเกิดเท่ากับอัตราการเสียชีวิต วิเคราะห์แบบจำลอง โดยหาจุดสมดุลและความเสถียรภาพ ซึ่งมีจุดมุ่งหมายเพื่อหาแนวทางการลดการระบาดของเชื้อนี้พร้อมทั้งใช้วิธีการวิเคราะห์เชิงตัวเลขในการแสดงผลลัพธ์

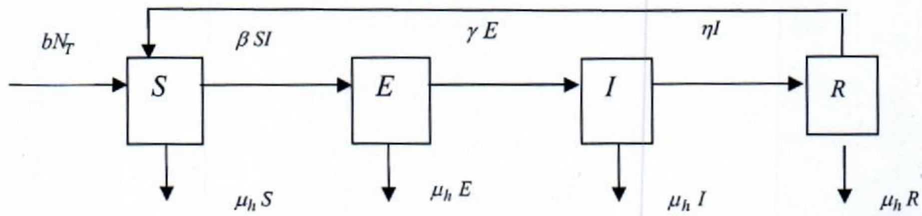
ในปี 2013, Razali และ Karim [9]ได้ศึกษาไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A H1N1 ซึ่งเป็นไข้หวัดที่แพร่ระบาดในประเทศมาเลเซีย จากปัญหาดังกล่าวได้ศึกษาการแพร่ระบาดโดยการประมาณค่าสืบพันธุ์ขั้นพื้นฐาน (R_0) เพื่อเป็นข้อสรุปในการลดการระบาดของโรคนี้

โรคไข้หวัดใหญ่เป็นโรคที่เกิดกับประชากรส่วนใหญ่และเป็นปัญหาสาธารณสุขที่สำคัญในประเทศไทยเนื่องจากมีการพบการกระจายของโรคในพื้นที่ทุกแห่งของประเทศไทย ในงานวิจัยนี้ผู้วิจัยได้ทำการศึกษาปัญหาจากข้อมูลของผู้ป่วยที่ได้รวบรวมมาจากกระทรวงสาธารณสุขพร้อมทั้งวิเคราะห์และหาวิธีป้องกันโดยการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ที่ได้ศึกษาจาก Estevaและ Vargas [6]และ Radzuan และคณะ [9] ผู้วิจัยได้นำมาประยุกต์เกี่ยวกับโรคไข้หวัดใหญ่ กับการฟักตัวของเชื้ออินฟลูเอนซาและผู้วิจัยศึกษาข้อมูลเกี่ยวกับสภาพภูมิอากาศของพื้นที่ประเทศไทยจึงได้พิจารณาแล้วแบ่งตามช่วงการระบาดของโรคตามสภาพภูมิประเทศเพื่อนำไปใช้เป็นข้อมูลเบื้องต้นในการป้องกันโรคลดจำนวนผู้ป่วยและใช้เป็นข้อมูลทางวิชาการควบคู่กับสถิติการเกิดโรคของประเทศไทยทั่วภูมิภาคของโรคเฝ้าระวังของสำนักระบาดวิทยาและกรมควบคุมโรคกระทรวงสาธารณสุขต่อไป[1,2,3,5]

2. แบบจำลองทางคณิตศาสตร์

ในงานวิจัยนี้ ผู้วิจัยได้นำเสนอแบบจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับโรคไข้หวัดใหญ่ที่สอดคล้องกับกลุ่มประชากร และลักษณะของการเกิดโรค โดยกำหนดให้จำนวนประชากรทั้งหมดมีขนาดคงที่ ซึ่งจะแบ่งประชากรออกเป็น 4 กลุ่มคือ กลุ่มประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อแต่ไม่สามารถ

ถ่ายทอดเชื้อได้ กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ และกลุ่มประชากรที่ฟื้นจากการติดเชื้อ โดยแสดงแผนภาพเพื่ออธิบายแนวคิดในการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ได้ดังนี้



รูปที่4.แสดงแนวคิดในการสร้างโครงสร้างของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

โดยที่ S เป็นจำนวนประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ E เป็นจำนวนประชากรที่ติดเชื้อแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ I เป็นจำนวนประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ และ R เป็นจำนวนประชากรที่ฟื้นจากการติดเชื้อ b เป็นอัตราการเกิดของประชากร μ_h เป็นอัตราการเสียชีวิตของประชากร β เป็นอัตราการเกิดเชื้อไข้หวัดใหญ่ γ เป็นอัตราการฟักตัวของเชื้อ η เป็นอัตราการหายจากโรคไข้หวัดใหญ่ และ α เป็นอัตราการเสี่ยงกลับมาเป็นเป็นโรคไข้หวัดใหญ่นี้อีกครั้งและ N_Tคือจำนวนประชากรทั้งหมด[6,10,11,12]ซึ่งสามารถสร้างแบบจำลองสำหรับโรคโดยที่สมการพลศาสตร์ของประชากรมนุษย์แสดงได้ดังนี้

$$\frac{dS}{dt} = bN_T - \beta SI - \mu_h S + \alpha R \tag{1}$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - \mu_h E - \gamma E \tag{2}$$

$$\frac{dI}{dt} = -\mu_h I + \gamma E - \eta I \tag{3}$$

$$\frac{dR}{dt} = -\mu_h R - \alpha R + \eta I \tag{4}$$

โดยที่ $N_T = S + E + I + R$

สมมติให้จำนวนประชากรทั้งหมดที่เป็นค่าคงที่ นั่นคือ $\frac{dN_T}{dt} = 0$

จะได้ว่า $\frac{dN_T}{dt} = \frac{dS}{dt} + \frac{dE}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt}$

$$0 = b - \mu_h N_T$$

$$\therefore \quad \mu_h = b$$

กำหนดให้ $\bar{s} = \frac{S}{N_T}$, $\bar{e} = \frac{E}{N_T}$, $\bar{i} = \frac{I}{N_T}$, $\bar{r} = \frac{R}{N_T}$

สามารถจัดสมการ (1) – (4) ใหม่ได้ดังนี้

$$\frac{d\bar{s}}{dt} = b - \beta \bar{s}\bar{i} N_T - \mu_h \bar{s} + \alpha(1 - (\bar{s} + \bar{e} + \bar{i})) \qquad (5)$$

$$\frac{d\bar{e}}{dt} = \beta \bar{s}\bar{i} N_T - \mu_h \bar{e} - \gamma \bar{e} \qquad (6)$$

$$\frac{d\bar{i}}{dt} = -\mu_h \bar{i} + \gamma \bar{e} - \eta \bar{i} \qquad (7)$$

โดยที่ $\bar{r} = 1 - (\bar{s} + \bar{e} + \bar{i})$

3. การวิเคราะห์แบบจำลองทางคณิตศาสตร์

3.1 จุดสมดุล

จุดสมดุล $(\bar{s}^*, \bar{e}^*, \bar{i}^*)$ สามารถหาได้จากการจัดสมการ(5) – (7) ให้เท่ากับศูนย์ จะได้จุดสมดุล คือ จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค $T_0(1, 0, 0)$ และจุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรัง $T_1(\bar{s}^*, \bar{e}^*, \bar{i}^*)$ [6,7, 11,12]เมื่อ

$$\bar{s}^* = \frac{(\gamma + \mu_h)(\eta + \mu_h)}{\beta \gamma},$$

$$\bar{e}^* = \frac{(\eta + \mu_h)(-b\beta\gamma + \mu_h(\gamma + \mu_h)(\eta + \mu_h) + \alpha(-\beta\gamma + (\gamma + \mu_h)(\eta + \mu_h))))}{\beta\gamma((\gamma + \mu_h)(\eta + \mu_h) + \alpha(\gamma + \eta + \mu_h)))},$$

$$\bar{i}^* = \frac{(b\beta\gamma - \mu_h(\gamma + \mu_h)(\eta + \mu_h) + \alpha(\beta\gamma - (\gamma + \mu_h)(\eta + \mu_h)))}{(\beta((\gamma + \mu_h)(\eta + \mu_h) + \alpha(\gamma + \eta + \mu_h)))}$$

โดยที่ $\bar{i}^* > 0$ เมื่อ $R_0 > 1$ โดยที่ $R_0 = \frac{(b + \alpha)\beta\gamma}{(\alpha + \mu_h)(\gamma + \mu_h)(\eta + \mu_h)}$

3.2 ความเสถียรภาพ

ความเสถียรภาพของจุดสมดุลสามารถพิจารณาจากค่าลักษณะเฉพาะของเมตริกซ์จาโคเบียน [6,9] จากระบบสมการ (5) – (7) [7,11,12]สามารถเขียนในรูปเมตริกซ์จาโคเบียนได้ดังนี้

$$D=\begin{bmatrix} \beta\bar{i}N_T-\mu_h-\alpha & -\alpha & -\beta\bar{s}N_T-\alpha \\ \beta\bar{i}N_T & -\mu_h-\gamma & \beta\bar{s}N_T \\ 0 & \gamma & -\mu_h-\eta \end{bmatrix}$$

พิจารณาหาค่าลักษณะเฉพาะได้จากสมการลักษณะเฉพาะ

$$Det(D-\lambda I_3)=0$$

เมื่อ I_3 คือเมตริกซ์เอกลักษณ์ ขนาด 3x3 หรือ $I_3=\begin{bmatrix}1&0&0\\0&1&0\\0&0&1\end{bmatrix}$

จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค $T_0(1,\,0,0)$ สมการลักษณะเฉพาะคือ [6,7,8]

$$(\lambda+\alpha+\mu_h)\,(\lambda^2+a_1\lambda+a_2)=0 \tag{8}$$

จะได้ค่าลักษณะเฉพาะ เป็น $\lambda_1=-\alpha-\mu_h$ และ λ_2,λ_3 หาได้จากการแก้สมการลักษณะเฉพาะ $\lambda^2+a_1\lambda+a_2\ =0$

โดยที่

$$a_1=\ \gamma+\eta+2\mu_h,\quad a_2=\frac{-bN_T\beta\gamma-N_T\alpha\beta\gamma+(\alpha+\mu_h)(\gamma+\mu_h)(\eta+\mu_h)}{\alpha+\mu_h}$$

จากเงื่อนไขของ Routh – Hurwitz [7,8,10,11,12]จุดสมดุลอยู่ในสภาวะระบาดไร้โรคมีความเสถียรภาพเมื่อ $a_1>0$ และ $a_2>0$ เมื่อ $(\alpha+\mu_h)(\gamma+\mu_h)(\eta+\mu_h)>\ (b+\alpha)\,\beta\gamma$

ดังนั้นจุดสมดุลจุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค จะสอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh – Hurwitz เมื่อ $R_0<1$ โดยที่ $R_0=\dfrac{(b+\alpha)\,\beta\gamma}{(\alpha+\mu_h)(\gamma+\mu_h)(\eta+\mu_h)}$

จุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรัง $T_1(\bar{s}^*,\,\bar{e}^*,\bar{i}^*)$ สมการลักษณะเฉพาะคือ [10 -11]

$$\lambda^3+a_1\lambda^2+a_2\lambda+a_3\ =0 \tag{9}$$

โดยที่ $a_1 = -\alpha + \gamma + \eta + 3\mu_h + IdN_T\beta$

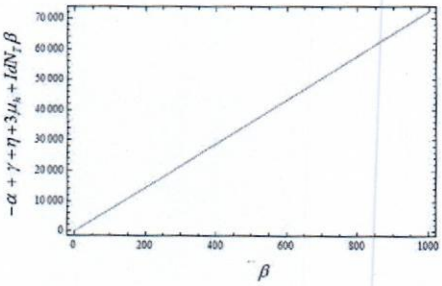
$$a_2 = -N_T S\beta\gamma + \gamma\eta + 2\gamma\mu_h + 2\eta\mu_h + 3\mu_h^{\,2} - \alpha(\gamma + \eta + 2\mu_h) + IdN_T\beta(\alpha + \gamma + \eta + \mu_h)$$

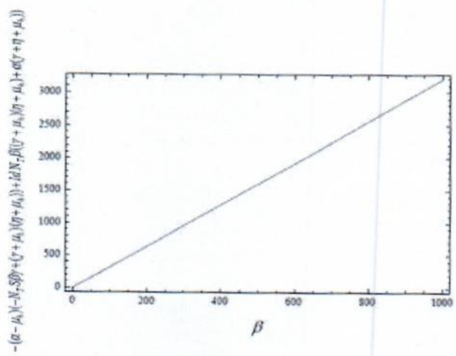
$$a_3 = -(\alpha - \mu_h)(-N_T S\beta\gamma + (\gamma + \mu_h)(\eta + \mu_h)) + Id\, N_T\beta((\gamma + \mu_h)(\eta + \mu_h) + \alpha(\gamma + \eta + \mu_h))$$

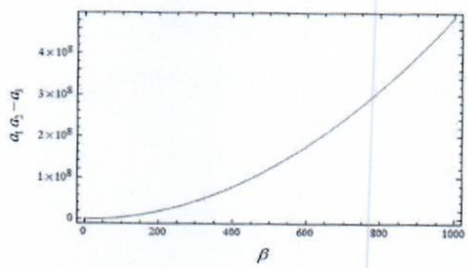
เมื่อ $S = \dfrac{(\gamma + \mu_h)(\eta + \mu_h)}{\beta\gamma}$ และ

$$Id = \frac{(b\,\beta\gamma - \mu_h\,(\gamma + \mu_h)(\eta + \mu_h) + \alpha\,(\beta\gamma - (\gamma + \mu_h)(\eta + \mu_h)))}{(\beta((\gamma + \mu_h)(\eta + \mu_h) + \alpha\,(\gamma + \eta + \mu_h)))}$$

นั่นคือสมการ (9) เมื่อจุดสมดุลอยู่ในสภาวะเรื้อรัง โดยการพิจารณาค่า $a_1 > 0$, $a_3 > 0$ และ $a_1 a_2 - a_3 > 0$ ซึ่งสอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh –Hurwitz [10] แสดงดังรูปที่ 6







รูปที่6 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับจุดสมดุลในสภาวะระบาดเรื้อรัง ซึ่งสอดคล้องกับเงื่อนไขของRouth – Hurwitz โดยมีค่าพารามิเตอร์ดังนี้

$$\beta = 0.001, b = \mu_h = 1/(365*74), \gamma = 0.08, \eta = 0.25, \alpha = 0.04, \; N_T = 10{,}000$$

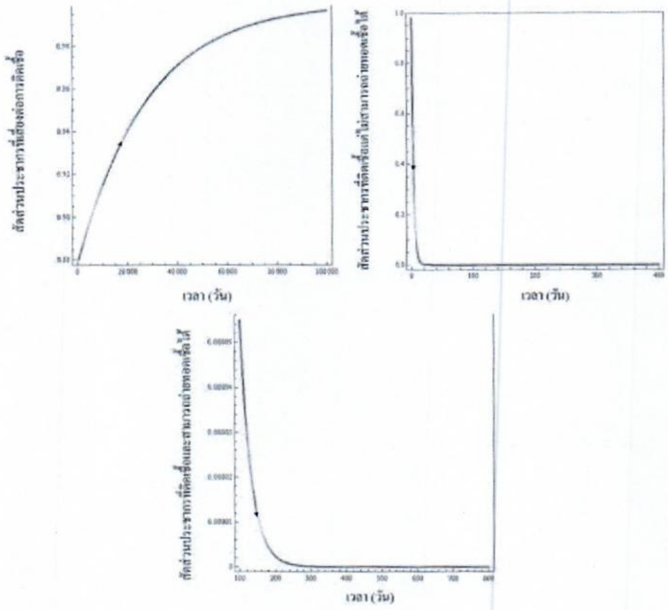
จากรูปที่ 6 จะสอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh – Hurwitz เมื่อ $R_0 > 1$

3.3 ผลการวิเคราะห์เชิงตัวเลข

ในงานวิจัยนี้ผู้วิจัยได้ทำการวิเคราะห์เชิงตัวเลข โดยการนำค่าพารามิเตอร์ที่ได้จากการสำรวจข้อมูลเกี่ยวกับการระบาดของโรคไข้หวัด H1N1 ในการติดเชื้อของคน ซึ่งมีค่าต่าง ๆ ดังนี้

ตารางที่ 1.ตารางแสดงค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ ของโรคไข้หวัด H1N1

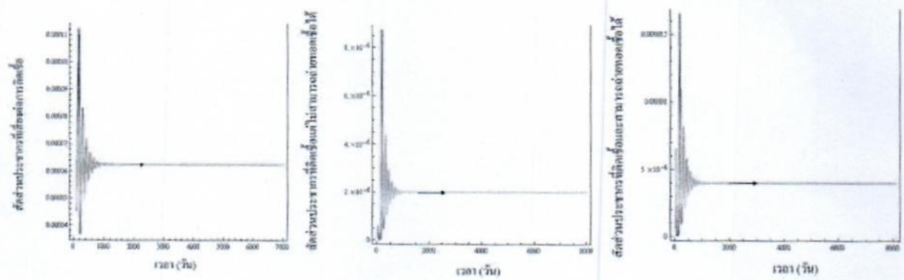
ข้อความ	สัญลักษณ์	พารามิเตอร์	หน่วย
อัตราการเสียชีวิตของประชากรมนุษย์	μ_h	$\dfrac{1}{(365*74)}$	ต่อวัน
อัตราการเกิดของประชากร	b	$\dfrac{1}{(365*74)}$	ต่อวัน
อัตราการเกิดเชื้อไข้หวัด N1H1	β	0.1- 0.9	ต่อวัน
อัตราการฟักตัวของเชื้อ	γ	0.1 – 0.9	ต่อวัน
อัตราการหายจากโรคไข้หวัดใหญ่	η	0.1 – 0.9	ต่อวัน
เป็นอัตราการเสี่ยงกลับมาเป็นเป็นโรคไข้หวัดใหญ่นี้อีกครั้ง	α	0.1 – 0.9	ต่อวัน



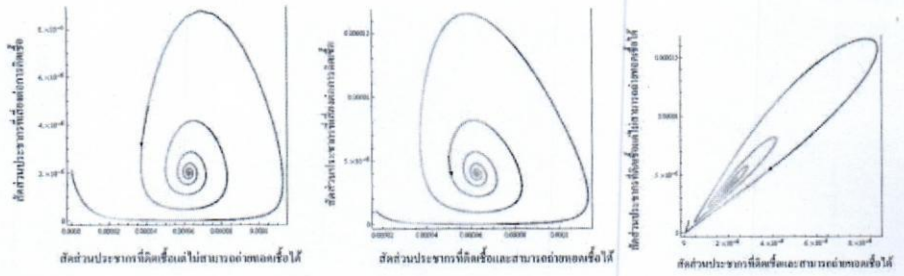
รูปที่6. แสดงสัดส่วนของประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ ประชากรที่ติดเชื้อแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ และประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ สำหรับโรคไข้หวัด H1N1 ในสภาวะระบาดไร้โรค

จากรูปที่ 6จะเห็นว่าผลเฉลยจะลู่เข้าสู่จุดสมดุล ณ สภาวะระบาดเรื้อรังT_1 (1,0,0)โดยที่R_0 = 0.9847.เมื่อ

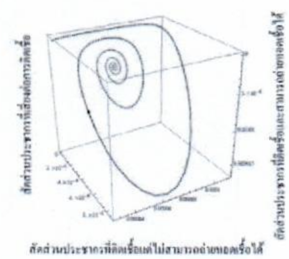
$$\beta = 0.075, b = \mu_h = 1/(365*74), \gamma = 0.024, \eta = 0.085, \alpha = 0.005, N_T = 10,000$$



(a)



(b)



(c)

รูปที่7.แสดงสัดส่วนของประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ ประชากรที่ติดเชื้อแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ และประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ และการเปรียบเทียบของสัดส่วนประชากรแต่ละกลุ่ม สำหรับโรคไข้หวัด H1N1 ในสภาวะระบาดเรื้อรัง

จากรูปที่ 7

(a) จะเห็นว่าผลเฉลยจะลู่เข้าสู่จุดสมดุล ณ สภาวะระบาดเรื้อรังT_1 (0.0000625, 0.00000199, 0.00000399) โดยที่ R_0 = 1.599เมื่อ $\beta = 0.4$, $\mu_h = 1/(365*74)$, $\gamma = 0.7$, $\eta = 0.4$, $\alpha = 0.07$, $N_T = 1{,}000$

(b) ผลเฉลยเชิงตัวเลขของ $(\bar{s}^*, \bar{e}^*)$, $(\bar{s}^*, \bar{i}^*)$, $(\bar{e}^*, \bar{i}^*)$ สำหรับ $R_0 > 1$ โดยที่กราฟ(b) จะลู่เข้าสู่จุดสมดุล(0.0000625,0.00000199),(0.0000625,0.00000399)และ(0.00000199,0.00000399) ตามลำดับ

(c) ผลเฉลยเชิงตัวเลขของ $(\bar{s}^*, \bar{e}^*, \bar{i}^*)$ สำหรับ $R_0 > 1$ โดยที่ กราฟ (c) จะลู่เข้าสู่จุดสมดุล (0.0000625, 0.00000199, 0.00000399)

4. อภิปรายผลและสรุปผล

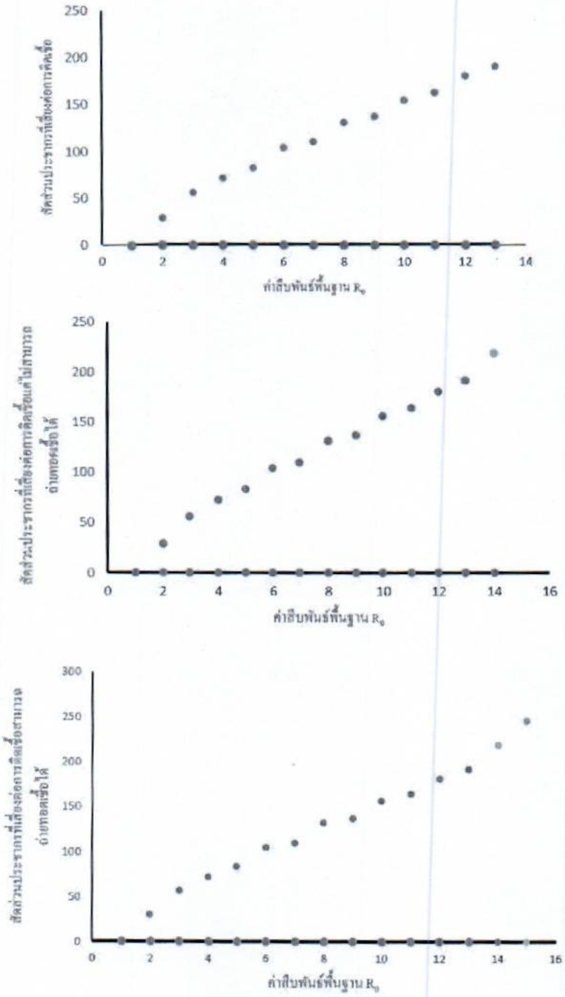
ในการศึกษาครั้งนี้ ผู้วิจัยได้สร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์เพื่อศึกษาการระบาดของโรคไข้หวัด H1N1 ได้กำหนดให้จำนวนประชากรคงที่ อัตราการการเสียชีวิตและอัตราการเกิด อัตราการถ่ายทอดเชื้อ อัตราการฟักตัวของเชื้อ เป็นค่าคงที่ ซึ่งข้อมูลได้มีการเก็บรวบรวมจากสำนักระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข มาสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ เพื่อนำมากำหนดรูปแบบสมการเชิงอนุพันธ์ วิธีการจำลองเชิงพลวัตรมาตรฐาน (standard dynamical modeling) ได้นำมาศึกษาในงานวิจัยนี้ จุดสมดุลจาโคเบียนเมตริกซ์และค่าเจาะจง นำมาศึกษาเพื่อให้ได้เงื่อนไขความเสถียรภาพภายในของแต่ละจุด และนำผลการวิเคราะห์เชิงตัวเลขมาแสดงเพื่อยืนยันผลลัพธ์

จาการศึกษา ผลลัพธ์ที่ได้คือจุดสมดุลสองจุด คือ จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรคและจุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรัง จากการศึกษาพบว่าค่าสืบพันธ์ชั้นพื้นฐาน (R_0) เพิ่มขึ้นจะส่งผลให้เวลาการลู่เข้าจุดสมดุลเร็วขึ้นเมื่อพิจารณาคาบของการแกว่ง พบว่าคาบของการแกว่งมีค่าประมาณ0.33 ปี เมื่อค่าลักษณะเฉพาะมีค่าเป็น $-0.00621705 \pm 0.0511357\ i$ ที่สภาวะเรื้อรัง $R_0 = 1.599$ เมื่อพิจารณาค่า R_0กับสัดส่วนต่างๆ พบว่าในสภาวะไร้โรค จุดสมดุลจะเสถียรภาพ ที่ $R_0 < 1$และในสภาวะระบาดเรื้อรังจุดสมดุลจะเสถียรภาพโดยที่ $\hat{R}_0 = \sqrt{R_0}$ จะถูกเรียกว่าค่าสืบพันธ์ชั้นพื้นฐานของโรคนี้ โดยเป็นค่าเฉลี่ยที่แสดงถึงจำนวนของการเกิดโรคในระยะที่สองโดยใช้ผลของระยะแรก

กราฟแสดงค่าสืบพันธ์พื้นฐานเทียบกับสัดส่วนของประชากรกลุ่มต่าง ๆ

จากรูปที่ 8 จะทำให้ทราบว่าเมื่อค่าสืบพันธ์พื้นฐานมีเพิ่มขึ้น สัดส่วนของคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อได้มีค่าน้อยลง แต่สัดส่วนที่ติดเชื้อแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อและที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ จะมีค่าเพิ่มขึ้น

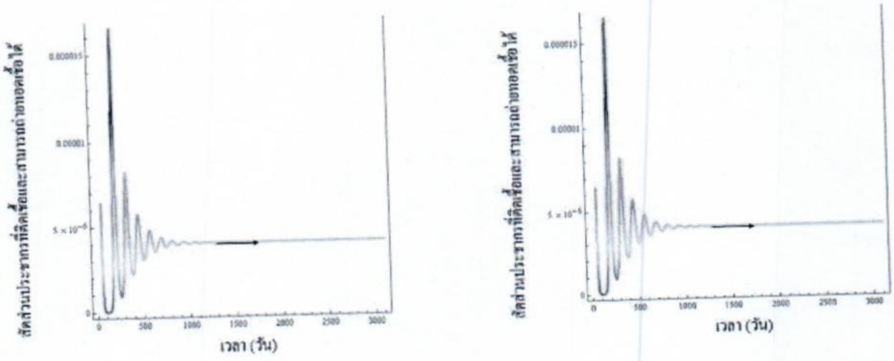
จากการวิจัยข้างต้นพบว่าแบบจำลองนี้เกิดจุดสมดุลสองจุดที่มีความเสถียรภาพที่สภาวะไร้โรคและสภาวะระบาดเรื้อรัง โดยค่าสืบพันธ์พื้นฐานมีผลที่จะทำให้การลู่เข้าจุดสมดุลเร็วขึ้นและยังมีผลต่อสัดส่วนของประชากรในแต่ละกลุ่มด้วย จะเห็นได้ว่าค่าสืบพันธ์ชั้นพื้นฐานมีผลช่วยลดการระบาดของโรคดังกล่าวได้เร็วขึ้น ซึ่งสามารถใช้เป็นแนวทางในการลดการระบาดของโรคแสดงดังรูปที่ 8



รูปที่ 8.แสดงค่าการสืบพันธ์เทียบกับสัดส่วนต่าง ๆ ของประชากรในสภาวะระบาดเรื้อรัง

เนื่องจากการฟักตัวของเชื้อไวรัสอินฟลูเอนซ่าของเชื้อแต่ละชนิดมีค่าไม่เท่ากัน ดังนั้นจึงพิจารณาการลู่เข้าของจุดสมดุลของประชากรที่ติดเชื้อสำหรับเชื้อไวรัสอินฟลูเอนซาแต่ละชนิดดังนี้

โดยการติดเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธ์ A จะลู่เข้าสู่จุดสมดุลเร็วกว่าโดยที่ $R_0 = 1.599$ เมื่อค่าของ $\beta = 0.075$ และ $\alpha = 0.00003$ ส่วนการติดเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ B โดยที่ $R_0 = 7.973$ เมื่อค่าของ $\beta = 0.15$ และ $\alpha = 0.0000007$ แสดงดังรูป



(a) (b)

รูปที่ 9.แสดงสัดส่วนของประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของโรคไข้หวัด H1N1ชนิด A (a) และ ชนิด B (b)

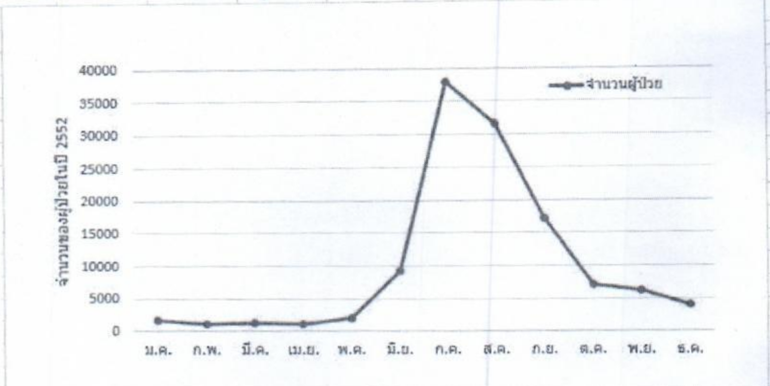
จากรูปที่ 9

(a) สัดส่วนของประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของไข้หวัด H1N1 ชนิด A จะลู่เข้าสู่จุดสมดุล ณ เวลา 1,500 วัน

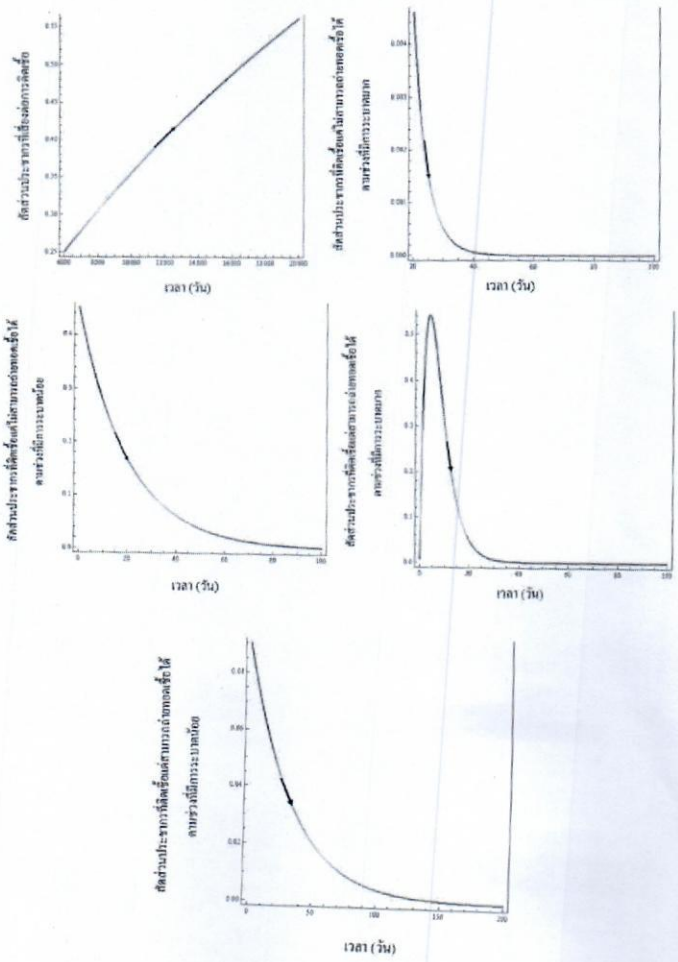
(b) สัดส่วนของประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของไข้หวัด H1N1 ชนิด B จะลู่เข้าสู่จุดสมดุล ณ เวลา 5,000 วัน

จะทำให้ทราบว่าเมื่อค่า β และค่า α เปลี่ยนแปลงจะทำให้ทราบว่าการลู่เข้าสู่จุดสมดุลมีความแตกกต่างกัน โดยการลู่เข้าสู่จุดสมดุลของไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ชนิด A จะมีการลู่เข้าสู่จุดสมดุลที่เร็วกว่าสายพันธุ์ชนิด B

นอกจากนั้นในงานวิจัยนี้ยังได้เพิ่มพารามิเตอร์ที่เกี่ยวข้องกับฤดูกาลเข้าไปด้วย โดยแบ่งการพิจารณาการระบาดออกเป็น 2 ช่วงคือ ช่วงที่มีการระบาดมาก และช่วงที่มีการระบาดน้อย โดยที่ช่วงที่มีการระบาดมากจะเป็นช่วงเดือนพฤษภาคมถึงเดือนตุลาคมและช่วงที่มีการระบาดน้อยจะเป็นช่วงเดือนพฤศจิกายนถึงเดือนเมษายนดังแสดงในรูปที่ 10



รูปที่ 10. แสดงจำนวนผู้ป่วยรายเดือนในปี 2552[1,5]



รูปที่11. แสดงสัดส่วนของประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ ประชากรที่ติดเชื้อแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ตามช่วงที่มีการระบาดมากและช่วงที่มีการระบาดน้อยและประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ตามช่วงที่มีการระบาดมาก และช่วงที่มีการระบาดน้อย สำหรับโรคไข้หวัด H1N1 ในสภาวะระบาดไร้โรค จะเห็นว่าผลเฉลยจะลู่เข้าสู่จุดสมดุล ณ สภาวะระบาดเรื้อรังT_1โดยที่ R_0 = 20.453 เมื่อ $\beta 1 = 0.4$, $\beta 2 = 0.004$, $\mu_h = 1/(365*74)$, $\gamma 1 = 0.5$, $\gamma 2 = 0.005$, $\eta 1 = 0.25$, $\eta 2 = 0.08$, $\alpha = 0.00001$, $N_T = 100,000$

จากแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ดังรูปที่ 4 ได้เพิ่มค่าพารามิเตอร์ที่เกี่ยวข้องกับการระบาดของโรค โดยให้อัตราการติดเชื้อหวัดมีค่าแตกต่างกันสำหรับฤดูกาลระบาดที่แตกต่างกันโดยที่ที่ S ประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ และแบ่งกลุ่มของ E เป็นสองกลุ่ม คือ E1 และ E2 เป็นจำนวนประชากรที่ติดเชื้อแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ในช่วงที่มีการระบาดมาก และช่วงที่มีการระบาดน้อย ตามลำดับ I แบ่งเป็นสองกลุ่ม คือ I1 และ I2 เป็นจำนวนประชากรทีติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ในช่วงที่มีการระบาดมาก และช่วงที่มีการระบาดน้อย และ R เป็นจำนวนประชากรที่พื้นไข้ b เป็นอัตราการเกิดของประชากร μ_h เป็นอัตราการเสียชีวิตของประชากร $\beta 1$ เป็นอัตราการเกิดเชื้อไข้หวัดใหญ่ในช่วงที่มีการระบาดมาก $\beta 2$ เป็นอัตราการเกิดเชื้อไข้หวัดใหญ่ช่วงที่มีการระบาดน้อย $\gamma 1$ เป็นอัตราการฟักตัวของเชื้อในช่วงที่มีการระบาดมาก $\gamma 2$ เป็นอัตราการฟักตัวของเชื้อช่วงที่มีการระบาดน้อย $\eta 1$ เป็นอัตราการหายจากโรคไข้หวัดใหญ่ในช่วงที่มีการระบาดมาก $\eta 2$ เป็นอัตราการหายจากโรคไข้หวัดใหญ่ช่วงที่มีการระบาดน้อยและ α เป็นอัตราการเสี่ยงกลับมาเป็นเป็นโรคไข้หวัดใหญ่นี้อีกครั้ง [6,10,11,12]. จากการวิเคราะห์แบบจำลองโดยมีการพิจารณาช่วงที่มีการระบาดมากและช่วงที่มีการระบาดน้อยพบว่าเมื่อเทียบกับเวลาจะทราบว่าช่วงที่มีการระบาดมากลู่เข้า ณ เวลา 40 วัน แต่ในช่วงที่มีการระบาดน้อยจะมีการลู่เข้า ณ เวลา 200 วัน เมื่อพิจารณาค่าพารามิเตอร์บางปัจจัยที่มีผลต่อการเปลี่ยนแปลงจะทราบว่าช่วงเวลาที่มีการระบาดมากจะทำให้การระบาดของโรคมากกว่าช่วงเวลาที่มีการระบาดน้อยและจะเกิดในช่วงเดือนพฤษภาคมถึงเดือนตุลาคมเกือบทุกปีตามรูปที่ 10 -11

ข้อเสนอแนะจากผลการวิจัยเมื่อค่า β และค่า α เปลี่ยนแปลงจะทำให้การควบคุมของโรคและการระบาดของโรคลดลง

กิตติกรรมประกาศ

ผู้เขียนขอขอบคุณสาขาวิชาคณิตศาสตร์และสถิติคณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏภูเก็ต สำนักระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข และผู้ทรงคุณวุฒิทุกท่าน

เอกสารอ้างอิง(References)

[1] สำนักระบาดวิทยากรมควบคุมโรคกระทรวงสาธารณสุข.[ออนไลน์].เข้าถึงได้จาก:<http://www.boe.moph.go.th/Annual/Total_Annual.html>[Bureau of Epidemiology, Department of Disease Control Ministry of Public Health, fromhttp://www.boe.moph.go.th/Annual/Total_Annual.html]

[2] โรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์H1N1.[ออนไลน์]. เข้าถึงได้จาก:<https://health.kapook.com/view2410.html>[H1N1influenza, from, https://health.kapook.com/ view 2410.html]

[3] โรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์H1N1. [ออนไลน์]. เข้าถึงได้จาก: <https://health.kapook.com/view2410.html>[H1N1influenza, from, https://health.kapook.com/view2410. html]

[4] สุรเกียรติ อาชานุภาพ, หนังสือตำราตรวจรักษาโรคทั่วไป 2 "ไข้หวัดใหญ่ (Influenza /Flu)" หน้า 393 – 396.[SurakiatAunchurat, General infectious disease treatment book 2, "influenza (Influenza / Flu)", Page 393 – 396.(in Thai)]

[5] สำนักโรคติดต่ออุบัติใหม่ กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. "สถานการณ์ไข้หวัดใหญ่ H1N1 (1 มกราคม – 26 ธันวาคม 2558" [ออนไลน์]. เข้าถึงได้จาก: <beid.ddc.moph.go.th>[Bureau of Emerging Infectious Disease, Department of Disease Control Ministry of Public Health,"InfluenzaH1N1 (1January– 26 December2015" from, beid.ddc.moph.go.th]

[6] Esteva, L. & Vargas. C. 1998. Analysis of a dengue disease Transmission model. *Mathematical Biolosciences*, 150, 131-151.

[7] Leah, E.K. 1998. Mathematical Models in Biology. New York: Random House.

[8] Okyere, S., Oduro, F.T., Bonyah, E.and Munkayazi, L. 2013, Epidemiological model of influenza a (H1N1) transmission in Ashanti Region of Ghana, 2012, Journal of Public Health and Epidemiology,5(4),DOI:10.5897/JPHE2013.0512, ISSN2006-9723©2013 Academic Journals,160 – 166.

[9] Radzuan Razali and SamsulAriffin Abdul Karim. 2013, Estimation of the reproduction number of the novel influenza A, H1N1 in Malaysia, IJSIT (www.ijsit.com), Volume 2, Issue 5, September-October 2013,359 -366.

[10] Sungchasit,R. Pongsumpun,P. and Tang, I.M. 2015. SIR Transmission Model of Dengue Virus Taking Into Account Two Species of Mosquitoes and an Age Structure in the Human Population,American Journal of Applied Sciences, 12(6), 426 – 443.

[11] Sungchasit,R. Pongsumpun,P. and Tang, I.M..2017, Environmental impact on the spread of dengue virus when two mosquito species circulate , Far East Journal of Mathematical Sciences (FJMS), Volume 101, Number 1, 137-170, ISSN: 0972-0871.

[12] Kedall.A. 1993, Elementary Numerical Analysis,2nd ed. John Wiley &sons,USA.