

# การศึกษาการประมาณค่าเบื้องต้นตัวเลขการแพร่ระบาดของเชื้อโคโรนา ไวรัสในระยะเริ่มต้นการระบาด

## Study of Preliminary Estimation of Coronavirus Reproduction Number at the Early Stage of Outbreak

สุชาดา สิทธิจึงสถาพร

สาขาวิชาวิศวกรรมอิเล็กทรอนิกส์ สถาบันนวัตกรรมมหานคร (MII)

คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีมหานคร

140 ถนนเชื่อมสัมพันธ์ แขวงกระทุ่มราย เขตหนองจอก กรุงเทพฯ 10530

E-mail: ssuchada@mut.ac.th

และ เศรษฐกุล โปร่งนุช

สาขาวิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ คณะเทคโนโลยีอุตสาหกรรม มหาวิทยาลัยราชภัฏสวนสุนันทา

1 ถนนอุทองนอก เขตดุสิต กรุงเทพฯ 10300

Email: sethakarn.pr@ssru.ac.th

Manuscript received August 4, 2020

Revised November 29, 2020

### บทคัดย่อ

บทความนี้นำเสนอแนวคิดพื้นฐานของตัวเลขการแพร่ระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัส โดยกล่าวถึงความหมายและความสำคัญของตัวเลขการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัส ระดับการแพร่ระบาดของโรคติดเชื้อที่สัมพันธ์กับการยกระดับมาตรการล็อกดาวน์ในประเทศไทย แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของการแพร่กระจายของเชื้อไวรัสเบื้องต้นที่ใช้ในการคาดการณ์การแพร่ระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัสในระยะเริ่มต้นการระบาด สำหรับการจำลองการแพร่กระจายของเชื้อโคโรนาไวรัสด้วยสมการทางคณิตศาสตร์ของการแพร่กระจายของเชื้อไวรัสจากข้อมูลที่มีการรายงานอย่างเป็นทางการของจำนวนผู้ติดเชื้อที่ได้รับการทดสอบในห้องปฏิบัติการที่เกี่ยวข้องกับมาตรการล็อกดาวน์ที่ใช้ในประเทศไทยขณะเริ่มพบการระบาด ผลที่ได้จากการจำลองการประมาณเบื้องต้นของตัวเลขการแพร่ระบาดที่สัมพันธ์กับมาตรการล็อกดาวน์ในประเทศไทย พบว่า ค่า  $R_0$  เป็น 3.8192 ในระยะเริ่มต้น

การระบาดและในระยะที่เริ่มพบการติดเชื้อเป็นสองเท่า จะได้ค่า  $R_0$  เป็น 1.1536 ซึ่งเป็นช่วงที่มีการประกาศใช้มาตรการล็อกดาวน์ ทำให้ตัวเลขการแพร่ระบาดลดลง ซึ่งแสดงให้เห็นถึงความอันตรายของการแพร่ระบาดใหญ่ของเชื้อโคโรนาไวรัสที่กำลังเกิดขึ้นในปัจจุบัน

คำสำคัญ: ตัวเลขการแพร่ระบาด การระบาดใหญ่ เชื้อโคโรนาไวรัส การยกระดับมาตรการล็อกดาวน์ วิธีการประมาณค่า

### ABSTRACT

This paper presents the basic concept of coronavirus reproduction number concerning the definition and an important of basic reproduction number and reproduction number. This leads to the knowledge of contagious disease level related to coronavirus disease and lifted lockdown in Thailand. Mathematical equations of preliminary estimation of virus reproduction number at the early stage of outbreak are associated with the contagious virus

**disease in comparison with the reported laboratory-confirmed cases of coronavirus infections and being lifted lockdown in Thailand. Simulation results show that the preliminary estimation of coronavirus reproduction number is related to the lifted lockdown regarded as the dangerous of coronavirus pandemic in this recent**

**Keywords:** Reproduction number, Pandemic, Coronavirus disease, Lifted lockdown, Estimation method

## 1. บทนำ

สถานการณ์การแพร่ระบาดใหญ่ของเชื้อโคโรนาไวรัส 2019 (Coronavirus 2019: Covid-19) ที่มีการระบาดรุนแรงไปทั่วโลก โดยมีสาเหตุมาจากเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ ซึ่งเริ่มพบการระบาดในเดือนธันวาคม พ.ศ. 2562 โดยเชื้อโคโรนาไวรัสมีการแพร่เชื้อระหว่างคนในลักษณะเดียวกับไข้หวัดใหญ่ (Influenza) โดยผ่านการติดต่อจากละอองเสมหะ (Droplet) จากการไอ [1] ซึ่งจะมีระยะเวลาระหว่างการสัมผัสเชื้อและมีอาการ (Contagious infection) โดยทั่วไปแล้วอยู่ที่ 5 วัน แต่มีช่วงระยะสังเกตการณ์อยู่ระหว่าง 2 ถึง 14 วัน [2] อาการที่พบบ่อย ได้แก่ มีไข้ ไอ และหายใจลำบาก สำหรับภาวะแทรกซ้อนอาจรวมถึงปอดบวม (Pneumonia) และกลุ่มอาการหายใจลำบากเฉียบพลัน (Acute respiratory distress syndrome) โดยยังไม่มียาที่รักษาหรือยารักษาเฉพาะ การรักษาระเบียบต้น (Primary treatment) จึงพยายามมุ่งเป้าไปที่การจัดการกับอาการ (Symptomatic) และการรักษาแบบประคับประคอง (Supportive therapy) [2]

การแพร่ระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัสมีการแพร่ระบาดขยายวงกว้างอย่างรวดเร็ว ดังนั้นทางด้านระบาดวิทยา (Epidemiology) ตัวเลขการแพร่ระบาดพื้นฐาน (Basic reproduction number) จะสามารถเป็นดัชนีที่บ่งบอกได้ถึงจำนวนผู้ติดเชื้อที่คาดว่าจะเกิดขึ้นโดยตรงในประชากรที่ทุกคนมีความไวต่อการติดเชื้อ (Susceptible population) สำหรับงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับตัวเลขการแพร่ระบาดในประเทศต่าง ๆ มีดังนี้

บทความ [3] ได้นำเสนอการประมาณค่าเบื้องต้นของตัวเลขการระบาดพื้นฐาน ของเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ที่พบใน

ประเทศสาธารณรัฐประชาชนจีน ในเดือนธันวาคม พ.ศ. 2562 โดยนำเสนอการวิเคราะห์ข้อมูลเพื่อหาค่าตัวเลขการแพร่ระบาดพื้นฐาน ในระยะเริ่มต้นของการแพร่ระบาด (Outbreak) ในบทความ [4] ได้กล่าวถึงการประมาณค่าเบื้องต้นของตัวเลขการระบาดพื้นฐานของเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ที่พบในประเทศสาธารณรัฐเกาหลีและประเทศสาธารณรัฐอิตาลีภายใต้สมมติฐานเกี่ยวกับอัตราการเติบโตแบบเอกซ์โปเนนเชียลในช่วงที่พบการระบาดรุนแรงในระหว่างวันที่ 5 ถึง 10 กุมภาพันธ์ พ.ศ. 2563

สำหรับการระบาดอย่างต่อเนื่องของโรคโคโรนาไวรัสในยุโรป พบว่าเป็นปัญหาด้านสาธารณสุขที่สำคัญ ซึ่งหลายประเทศในยุโรปได้มีการรายงานเคสนำเข้าเชื้อโคโรนาไวรัสจากประเทศสาธารณรัฐอิตาลีซึ่งเป็นศูนย์กลางการแพร่ระบาดของทวีปยุโรป โดยบทความ [5] ได้กล่าวถึงการเฝ้าระวังการส่งผ่านเชื้อโรค (Monitoring transmissibility) ของเชื้อโคโรนาไวรัส และบทความ [6] ได้รายงานการประมาณค่าตัวเลขการแพร่ระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัส และขนาดการระบาดที่เป็นไปได้ (Probable outbreak size) ของเชื้อสำราณขนาดใหญ่ด้วยการวิเคราะห์ข้อมูล ส่วนในบทความ [7] ได้นำเสนอการหาตัวเลขการแพร่ระบาดอย่างมีประสิทธิภาพ (Effective reproductive number) สำหรับระยะเริ่มต้นของสถานการณ์การแพร่ระบาดใหญ่ของโรคโคโรนาไวรัสในประเทศลาตินอเมริกา

## 2. วัตถุประสงค์ของการวิจัย

วัตถุประสงค์ของการวิจัย มีดังนี้

- 1) ศึกษาองค์ความรู้ที่เกี่ยวกับเชื้อโคโรนาไวรัส
- 2) ศึกษาระดับการแพร่ระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัสกับการยกระดับมาตรการล็อกดาวน์ในประเทศไทย
- 3) อธิบายความหมายและความสำคัญของตัวเลขการแพร่ระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัส
- 4) อธิบายสมการทางคณิตศาสตร์ของการแพร่กระจายของเชื้อไวรัสเบื้องต้นที่ใช้ในการคาดการณ์การแพร่ระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัส

## 3. ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง

หัวข้อนี้จะกล่าวถึงองค์ความรู้ที่เกี่ยวกับเชื้อโคโรนาไวรัส ความหมายและความสำคัญของตัวเลขการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัส

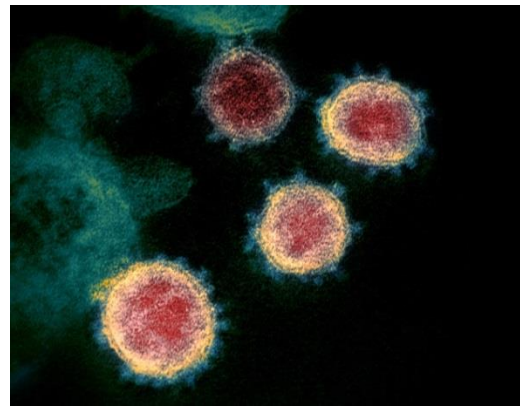
ระดับการแพร่ระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัส โดยมีรายละเอียดดังต่อไปนี้

### 3.1 องค์ความรู้เกี่ยวกับเชื้อโคโรนาไวรัส

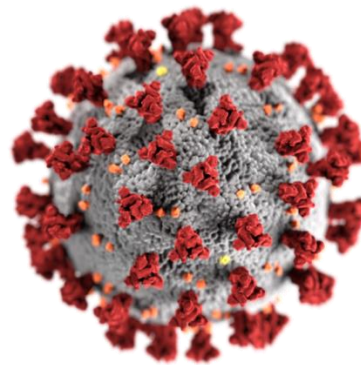
เชื้อโคโรนาไวรัส (Coronavirus disease 2019: COVID-19) หรือ เชื้อไวรัสโคโรนาสายพันธุ์กลุ่มอาการทางเดินหายใจเฉียบพลันรุนแรง 2 (Severe Acute Respiratory Syndrome CoronaVirus 2: SARS-CoV-2) [8] เป็นไวรัสชนิดอาร์เอ็นเอสายเดี่ยว (Single-stranded RNA virus) ใน วงศ์ Coronaviridae และ สกุล Betacoronavirus ที่ก่อให้เกิดโรคปอดอักเสบหรือโรคนิวโมเนีย (Pneumonia) ซึ่งเป็นสายพันธุ์ใหม่ที่ไม่เคยพบมาก่อนในมนุษย์ ก่อให้เกิดอาการป่วยระบบทางเดินหายใจในคน และสามารถแพร่เชื้อจากคนสู่คนได้ ซึ่งมีรายงานการพบเชื้อในเมืองอู่ฮั่น (Wuhan) มณฑลหูเป่ย์ (Hubei) ประเทศสาธารณรัฐประชาชนจีน เริ่มจากช่วงปลายปี พ.ศ. 2562 จนถึงปัจจุบัน [9] – [10]

เชื้อโคโรนาไวรัส เป็นไวรัสที่มีขนาดใหญ่ที่สุดที่มีสารพันธุกรรมเป็นอาร์เอ็นเอเดี่ยว (Single-stranded RNA virus) ดังแสดงในรูปที่ 1 และมีเปลือกหุ้มด้านนอกที่ประกอบด้วยโปรตีนคลุมด้วยกลุ่มคาร์โบไฮเดรตเป็นปุ่ม ๆ (Spike) ยื่นออกมาจากอนุภาคไวรัส ดังแสดงในรูปที่ 1(ก) เมื่อดูด้วยกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนจะเห็นเป็นเหมือนมงกุฎยื่นออกมาล้อมรอบอนุภาคของเชื้อโคโรนาไวรัส ดังแสดงในรูปที่ 1(ข) เป็นภาพแสดงทางสัณฐานวิทยา (Morphology) ซึ่งคำว่า ‘Corona’ เป็นภาษาละติน แปลว่า มงกุฎ (Crown)

ดังนั้นเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ที่ก่อโรคในสัตว์ทั้งระบบทางเดินหายใจ อาจแพร่มาสู่คนและก่อโรคในคนได้ (Zoonotic infection) ซึ่งสามารถก่อให้เกิดความเจ็บป่วย ได้ตั้งแต่โรคไข้หวัดธรรมดาไปจนถึงโรกระบบทางเดินหายใจที่รุนแรง เช่น โรคทางเดินหายใจตะวันออกกลาง (Middle East Respiratory Syndrome: MERS) และ กลุ่มอาการทางเดินหายใจเฉียบพลันรุนแรง (Severe Acute Respiratory Syndrome: SARS)



(ก) ภาพถ่ายจากกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอน

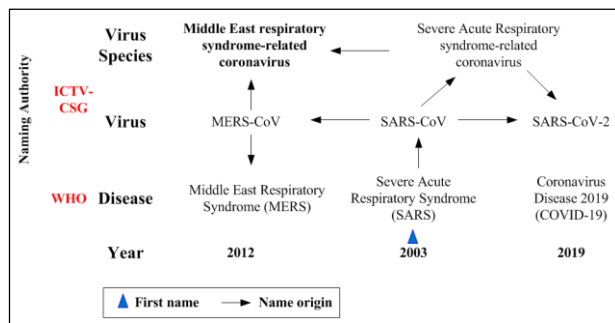


(ข) ภาพสัณฐานวิทยาของเชื้อโคโรนาไวรัส

รูปที่ 1 เชื้อโคโรนาไวรัส (Covid-19)

ที่มา:

[https://en.wikipedia.org/wiki/Severe\\_acute\\_respiratory\\_syndrome\\_coronavirus\\_2](https://en.wikipedia.org/wiki/Severe_acute_respiratory_syndrome_coronavirus_2)



รูปที่ 2 ภาพไดอะแกรมความสัมพันธ์ในการตั้งชื่อเชื้อโคโรนาไวรัส  
อย่างเป็นทางการ [8]

ภาพไดอะแกรมในรูปที่ 2 แสดงความสัมพันธ์ในการตั้งชื่อเชื้อโคโรนาไวรัส 2019 (Coronavirus disease 2019: Covid-19) อย่างเป็นทางการที่ได้ประกาศในวันที่ 11 กุมภาพันธ์ พ.ศ. 2563 โดยองค์การอนามัยโลก (World Health Organization: WHO) และ คณะกรรมการระหว่างประเทศว่าด้วยอนุกรมวิธานของไวรัส (International Committee on Taxonomy of Viruses: ICTV) ตามกฎการตั้งชื่อไวรัสที่มีอยู่ซึ่งคำนวณจากความสัมพันธ์แบบสายลำดับชั้นของไวรัสโคโรนา [11]

### 3.2 ระดับการแพร่ระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัส

ระดับการแพร่ระบาด (Outbreak) เป็นการอุบัติขึ้นแบบฉับพลันของโรคติดต่อที่ไม่ใช่โรคปกติทั่วไป ในกลุ่มคนจำนวนหนึ่ง ๆ ในเมืองใดเมืองหนึ่ง โดยไม่พบการแพร่กระจายออกไป [12] โดยแบ่งออกได้เป็น 3 ระดับ ได้แก่

- 1) ระดับโรคประจำถิ่น (Endemic) เป็นการแพร่ระบาดที่มีการระบาดของโรคเกิดขึ้นตลอดเวลา
- 2) ระดับโรคระบาด (Epidemic) เป็นการแพร่ระบาดที่พบการระบาดของโรคโดยทั่วไปที่เริ่มมีการแพร่กระจายออกไปเมืองต่าง ๆ มากขึ้น
- 3) ระดับโรคระบาดใหญ่ (Pandemic) เป็นการแพร่ระบาดที่พบการระบาดของโรคที่แพร่กระจายไปทั่วทั้งโลก และยากต่อการควบคุม

สำหรับระดับการแพร่ระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัส จัดเป็นระดับที่มีการระบาดใหญ่เป็นวงกว้างไปทั่วโลก จากรายงานขององค์การอนามัยโลกได้รายงานเกี่ยวกับความสามารถในการ

แพร่กระจายโรคของเชื้อโคโรนาไวรัส [13] ว่า โรคนี้สามารถแพร่จากคนหนึ่งไปสู่อีกคนหนึ่งผ่านทางฝอยละอองจากจมูกหรือปากของผู้ป่วย เมื่อผู้ป่วยไอ จามหรือหายใจ ฝอยละออง (Droplet) จะตกลงสู่วัตถุหรือพื้นผิวรอบ ๆ จากนั้นเมื่อมีการรับเชื้อได้ด้วยการสัมผัสพื้นผิวหรือวัตถุเหล่านั้นแล้วมาจับตา จมูกหรือปาก หรือการรับเชื้อโดยตรงได้จากการหายใจเอาฝอยละอองของผู้ป่วยเข้าไปเมื่อผู้ป่วยไอ จาม หรือหายใจออกมา เพราะฉะนั้น จึงจำเป็นต้องปฏิบัติตามวิธีการรักษาระยะห่างจากผู้ป่วยอย่างน้อย 1 เมตร หรือ 3 ฟุต (Physical distancing)

ด้านการระบาดวิทยา (Epidemiology) ของเชื้อโคโรนาไวรัส ได้พบการตรวจพบการแพร่ระบาดของสายพันธุ์ SARS-CoV-2 ในเดือนธันวาคม พ.ศ. 2562 จากนั้นเชื้อโคโรนาไวรัสมีการแพร่กระจายไปยังทุกจังหวัดในประเทศสาธารณรัฐประชาชนจีน และ 150 ประเทศในทวีปเอเชีย ยุโรป อเมริกาเหนือ อเมริกาใต้ แอฟริกา และโอเชียเนีย โดยพบว่าการติดต่อจากคนสู่คน (Human-to-human transmission) ของเชื้อโคโรนาไวรัสได้รับการยืนยันแล้วในทุกภูมิภาค และในวันที่ 11 มีนาคม พ.ศ. 2563 องค์การอนามัยโลกประกาศว่าเป็นการระบาดรุนแรง (Pandemic)

### 4. ความหมายและความสำคัญของตัวเลขการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัส

หัวข้อนี้จะกล่าวถึงความหมายและความสำคัญของตัวเลขการแพร่ระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัส ดังนี้

#### 4.1 ตัวเลขการแพร่ระบาดพื้นฐาน ( $R_0$ )

ตัวเลขการแพร่ระบาดพื้นฐาน (Basic reproduction number:  $R_0$ ) เป็นตัวเลขเลขที่ใช้เพื่อบอกถึงศักยภาพการแพร่กระจายของโรคนั้น ๆ ซึ่งเป็นจำนวนเฉลี่ยของการติดเชื้อในระดับทุติยภูมิ (Secondary infection) ซึ่งเป็นการติดเชื้อของผู้ที่เคยติดเชื้อการแพร่ระบาดในเชื้อกลุ่มเดียวกัน [3], [27] ยกตัวอย่างเช่น ถ้าค่า  $R_0$  สำหรับโรคหัด (Measles) ในประชากร จะมีค่า  $R_0$  เป็น 15 หมายความว่า ถ้าพบผู้ป่วยใหม่ 1 เคส (Case) จะสามารถคาดการณ์ได้ว่าจะมีการแพร่กระจายให้พบผู้ป่วยโรคหัดได้ถึง 15 เคส เป็นต้น ดังแสดงสรุปตัวเลขการแพร่ระบาดพื้นฐานของโรคติดต่อจากเชื้อไวรัสที่เป็นที่รู้จักในตารางที่ 1

ปัจจัยที่เป็นผลกระทบกับค่า  $R_0$  ได้แก่

- 1) อัตราการติดต่อในประชากร (Rate of contacts)
- 2) ความน่าจะเป็นของการติดเชื้อที่มีแพร่ระบาดระหว่างการติดต่อ (Probability of infection being transmitted during contact)
- 3) ระยะเวลาของการติดเชื้อ (Rate of infectiousness)

**ตารางที่ 1** ค่าตัวเลขการแพร่ระบาดพื้นฐาน ( $R_0$ ) ของโรคติดต่อจากเชื้อไวรัสที่เป็นที่รู้จัก

| ชื่อโรค                                   | การแพร่กระจาย (Transmission)                              | ค่า $R_0$      |
|-------------------------------------------|-----------------------------------------------------------|----------------|
| หัด (Measles)                             | อากาศ (Aerosols)                                          | 12 - 18 [15]   |
| โปลิโอ (Polio)                            | ผ่านเข้าทางปาก (fecal-oral route)                         | 5 - 7 [16]     |
| คางทูม (Mumps)                            | ละอองน้ำในอากาศผ่านระบบทางเดินหายใจ (Respiratory droplet) | 4-7 [16]       |
| ไข้ทรพิษ (Smallpox)                       | สัมผัสผู้ป่วย                                             | 7 - 6[16]      |
| ไข้หวัด (Common cold)                     | ละอองน้ำในอากาศผ่านระบบทางเดินหายใจ                       | 3 - 2 [17]     |
| ไข้หวัดใหญ่ (Influenza: seasonal strains) | ละอองน้ำในอากาศผ่านระบบทางเดินหายใจ                       | 0.9 - 2.1 [18] |
| อีโบลา (Ebola)                            | ของเหลวในร่างกาย (Body fluids)                            | 1.5 - 1.9 [19] |
| ซาร์ส (SARS)                              | ละอองน้ำในอากาศผ่านระบบทางเดินหายใจ                       | 3.1 - 4.2 [20] |
| เมอร์ส (MERS)                             | ละอองน้ำในอากาศผ่านระบบทางเดินหายใจ                       | 0.3 - 0.8 [21] |
| โคโรนาไวรัส (Covid-19)                    | ละอองน้ำในอากาศผ่านระบบทางเดินหายใจ                       | 3.8 - 8.9 [22] |

จากตัวเลขการแพร่ระบาดพื้นฐาน ( $R_0$ ) ของโรคโคโรนาไวรัส

ได้รับการประเมินอยู่ระหว่าง 3.8 และ 8.9 [22] ซึ่งหมายความว่า การติดเชื้อจากไวรัสแต่ละครั้ง คาดว่าจะส่งผลให้เกิดการติดเชื้อใหม่ 3.8 ถึง 8.9 หมายถึง ถ้าสมาชิกในชุมชนไม่มีภูมิคุ้มกันและไม่มีมาตรการป้องกัน จะทำให้ตัวเลขการแพร่ระบาดพื้นฐาน ( $R_0$ ) อาจสูงกว่าได้เมื่ออยู่ในสภาวะที่มีประชากรหนาแน่น ดังนั้นจึงควรมีการป้องกันในหลากหลายรูปแบบสำหรับสถานการณ์เฉพาะเพื่อลดการแพร่กระจายของเชื้อโคโรนาไวรัส

## 4.2 ตัวเลขการแพร่ระบาด (R)

ตัวเลขการแพร่ระบาด (Reproduction number: R) อาจจะเรียกว่า ตัวเลขการแพร่ระบาดอย่างมีประสิทธิภาพ (Effective reproduction number: RE) [14] โดยในความเป็นจริงนั้น ประชากรจะมีภูมิคุ้มกันที่อาจเกิดได้จากการติดเชื้อมาก่อนหน้านี้ แล้วร่างกายจึงมีการสร้างภูมิคุ้มกันชนิดตลอดชีพ (Life-long immunity) หรืออาจเป็นผลมาจากการได้รับวัคซีนก่อนหน้านี้ (Previous immunization) ดังนั้นผู้ที่ได้รับ หรือสัมผัสเชื้อ (Contact) ทั้งหมดอาจจะไม่ได้ติดเชื้อ (Infected) และค่าเฉลี่ยของเคสการติดเชื้อในระดับทุติยภูมิต่อการติดเชื้อ (Average number of secondary cases per infectious case) จะมีค่าต่ำกว่าตัวเลขการแพร่ระบาดพื้นฐาน ( $R_0$ ) ดังนั้นตัวเลขการแพร่ระบาด (R) จะเป็นค่าเฉลี่ยของเคสการติดเชื้อในระดับทุติยภูมิต่อการติดเชื้อของจำนวนประชากรจากทั้งที่อ่อนแอและที่แข็งแรง

สำหรับการคำนวณค่า R สามารถประมาณได้จากการหาผลคูณของตัวเลขการแพร่ระบาดพื้นฐาน ( $R_0$ ) กับสัดส่วนของผู้รับเชื้อที่ไวต่อโรค (Susceptible host) ดังนี้ [23]

$$R = R_0 \cdot x \quad (1)$$

เมื่อ  $x \in (0,1)$  เป็นสัดส่วนของผู้รับเชื้อที่ไวต่อโรค

สรุปได้ว่า ถ้าค่า R มีค่ามากกว่า 1 แล้ว จำนวนของเคสที่พบการติดเชื้อจะเพิ่มขึ้น ซึ่งเรียกว่า จุดเริ่มของการระบาด (epidemic) เมื่อ R มีค่าเท่ากับ 1 หมายความว่า เชื้อโรคจะอยู่มีการแพร่ระบาดอยู่ในระดับโรคประจำถิ่น และถ้า R มีค่าน้อยกว่า 1 แล้วจำนวนเคสที่พบการติดเชื้อจะเริ่มลดลง ดังนั้นถ้าต้องการกำจัดให้เชื้อโรคหมดไป จะต้องทำให้ค่า R มีค่าน้อยกว่า 1

## 5. ระเบียบวิธีวิจัย

ระเบียบวิธีวิจัยเพื่อใช้ในการประมาณค่าตัวเลขการแพร่ระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัสในประเทศไทย มีดังนี้

### 5.1 วิธีการประมาณ

วิธีการประมาณ (Estimation method) ในระหว่างการเกิดการระบาดของโรคนั้น โดยทั่วไปจะทราบถึงจำนวนผู้ติดเชื้อที่ได้รับการวินิจฉัยแล้วในช่วงเวลานั้น ๆ (Number of diagnosed infection)  $y(t)$  ซึ่งในระดับแรก ๆ ของการแพร่ระบาด พบว่า การเติบโตจะเป็นแบบเอกซ์โปเนนเชียลด้วยอัตราการเติบโต (growth rate:  $K$ ) คำนวณได้จาก [24]

$$K = \frac{d \ln(y(t))}{dt} \quad (2)$$

กำหนดสมมติฐานที่ใช้เพื่อประมาณค่า  $R_0$  ในรูปของเวลาหน่วง (Time delay) ระหว่างการติดเชื้อ (Infection) การวินิจฉัย (Diagnosis) และเวลาระหว่างการติดเชื้อและการเริ่มพบการติดเชื้อโดยการเติบโตแบบเอกซ์โปเนนเชียล (Exponential growth:  $K_E$ ) จะสัมพันธ์กับระยะเวลาที่พบผู้ติดเชื้อเพิ่มเป็นสองเท่า (Doubling time:  $T_d$ ) สามารถคำนวณได้ ดังนี้

$$K_E = \frac{\ln(2)}{T_d} \quad (3)$$

### 5.2 การศึกษาแบบจำลองในระยะเวลาติดเชื้อแฝง

การศึกษาระยะเวลาติดเชื้อแฝง (Latent infectious period) โดยใช้แบบจำลองอย่างง่ายเพื่อทำการจำลองเพื่อหาค่า  $R_0$  เมื่อทำการกักตัวหลังจากได้รับการวินิจฉัยแล้ว โดยแบบจำลองการติดเชื้อ (Model of latent infection) ให้ความหมายการติดเชื้อในระยะต่างๆ [25] ดังนี้

- 1) ช่วงเวลาแฝงเฉลี่ย (Average latent period :  $L$ ) เป็นระยะที่มีการติดเชื้อ ไม่มีอาการและจะยังไม่แพร่เชื้อไปยังผู้อื่น

- 2) ช่วงเวลาติดเชื้อแฝงเฉลี่ย (Average latent infectious period :  $D$ ) เป็นระยะที่มีการติดเชื้อ ไม่มีอาการ แต่สามารถแพร่เชื้อไปยังผู้อื่นได้
- 3) ช่วงเวลากักตัว (Isolation) หลังจากได้รับการวินิจฉัยแล้ว โดยเป็นมาตรการที่นำมาใช้เพื่อป้องกันการติดเชื้อเพิ่มขึ้น ทำการคำนวณเพื่อหา  $R_0$  ดังนี้ [25]

$$\therefore R_0 = K^2(LD) + K(L + D) + 1 \quad (4)$$

## 6. ผลการวิจัย

ทำการจำลองการทำงานจากสมการคณิตศาสตร์ที่ได้ โดยใช้ข้อมูลจากรายงานสถานการณ์ Covid-19 ของกรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข [26] จำนวนผู้ติดเชื้อในแต่ละวันที่มีการรายงานอย่างเป็นทางการจากกรมควบคุมโรคแสดงในรูปที่ 3 และจากรูปที่ 4 แสดงจำนวนผู้ติดเชื้อสะสมอย่างเป็นทางการเมื่อเทียบกับจำนวนวันตั้งแต่เริ่มพบการระบาดโดยใช้ข้อมูลจริงจากรายงานสถานการณ์ Covid-19 ของกรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข

การวิจัยจะใช้วิธีการประมาณเพื่อใช้ในการจำลองเพื่อหาค่า  $R_0$  แบ่งออกเป็น 2 ช่วงระยะเวลา ได้แก่ ระยะเริ่มต้นการระบาดหรือในระยะเวลาติดเชื้อแฝง และระยะที่เริ่มพบการติดเชื้อเป็นสองเท่า ดังนี้

### 6.1 ระยะเริ่มต้นการระบาด

- 1) กำหนดให้  $t$  เป็นจำนวนวันตั้งแต่เริ่มพบการระบาด
- 2) กำหนดให้  $y(t)$  เป็นจำนวนผู้ติดเชื้อที่ได้รับรายงานในช่วงเวลา  $t$
- 3) ทำการประมาณค่า  $K$  จากข้อมูลจริงของจำนวนผู้ติดเชื้อที่ได้รับการวินิจฉัยจากห้องปฏิบัติการ  $y(t)$  ในระยะเริ่มต้นการแพร่ระบาด ดังแสดงในรูปที่ 4 จากการรายงานการแพร่ระบาดพบผู้ติดเชื้อคนแรกในวันที่ 12/1/2563 กำหนด 9 ช่วงเวลา ดังนี้
  - 3.1) เมื่อเวลาผ่านไป 14 วันนับจากวันแรกที่พบผู้ติดเชื้อ กำหนดให้  $t_1 = 14$  จะมีจำนวนผู้ติดเชื้อสะสม  $y(t_1) = 8$
  - 3.2) เมื่อเวลาผ่านไป 22 วันนับจากวันแรกที่พบผู้ติดเชื้อ กำหนดให้  $t_2 = 22$  จะมีจำนวนผู้ติดเชื้อสะสม  $y(t_2) = 19$

3.3)เมื่อเวลาผ่านไป 27 วันนับจากวันแรกที่พบผู้ติดเชื้อ

กำหนดให้  $t_3 = 27$  จะมีจำนวนผู้ติดเชื้อสะสม  $y(t_3) = 32$

3.4)เมื่อเวลาผ่านไป 37 วันนับจากวันแรกที่พบผู้ติดเชื้อ

กำหนดให้  $t_4 = 37$  จะมีจำนวนผู้ติดเชื้อสะสม  $y(t_4) = 35$

3.5)เมื่อเวลาผ่านไป 47 วันนับจากวันแรกที่พบผู้ติดเชื้อ

กำหนดให้  $t_5 = 47$  จะมีจำนวนผู้ติดเชื้อสะสม  $y(t_5) = 42$

3.6)เมื่อเวลาผ่านไป 56 วันนับจากวันแรกที่พบผู้ติดเชื้อ

กำหนดให้  $t_6 = 56$  จะมีจำนวนผู้ติดเชื้อสะสม  $y(t_6) = 50$

3.7)เมื่อเวลาผ่านไป 64 วันนับจากวันแรกที่พบผู้ติดเชื้อ

กำหนดให้  $t_7 = 64$  จะมีจำนวนผู้ติดเชื้อสะสม  $y(t_7) = 177$

3.8)เมื่อเวลาผ่านไป 65 วันนับจากวันแรกที่พบผู้ติดเชื้อ

กำหนดให้  $t_8 = 65$  จะมีจำนวนผู้ติดเชื้อสะสม  $y(t_8) = 212$

3.9)เมื่อเวลาผ่านไป 66 วันนับจากวันแรกที่พบผู้ติดเชื้อ

กำหนดให้  $t_9 = 66$  จะมีจำนวนผู้ติดเชื้อสะสม  $y(t_9) = 272$

4) คำนวณหาค่า  $K$  จากสมการที่ (2) ดังนี้

$$\therefore K_1 = \frac{d \ln(y(t))}{dt} = \frac{\ln(y(t_2)) - \ln(y(t_1))}{t_2 - t_1} = 0.1081$$

5) คำนวณหาค่า  $R_0$  จากสมการที่ (4) กำหนดให้  $L = 7$

และ  $D = 9$  [23] จะได้

$$\therefore R_{0_1} = K_1^2(L \cdot D) + K_1(L + D) + 1 = 3.4665$$

6) ทำการคำนวณหาค่า  $K$  และ  $R_0$  ในทุกช่วงเวลาที่กำหนด  
ดังแสดงในตารางที่ 2

7) จากข้อมูลข้างต้น นำมาคำนวณหาค่าเฉลี่ย  $R_0$  จะได้

$$\therefore R_0 = 3.8192$$

## 6.2 ระยะที่เริ่มพบการติดเชื้อเป็นสองเท่า

หลังจากที่องค์การอนามัยโลกได้ประกาศให้การแพร่ระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัสเป็นการแพร่ระบาดใหญ่ (pandemic) [11] จึง

การนำยกระดับมาตรการล็อกดาวน์ทั้งประเทศในช่วงวันที่ 25/3/2563

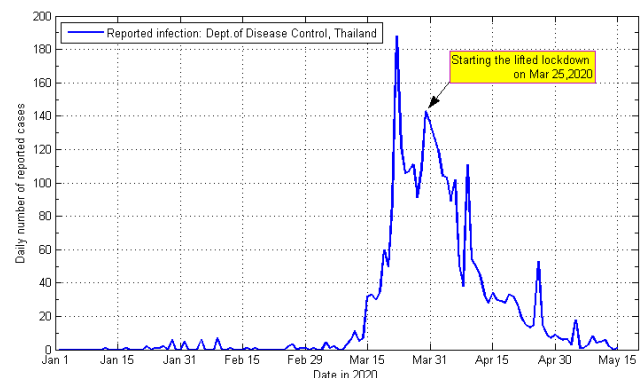
ทำการคำนวณหาค่า  $K_E$  จากสมการที่ (3) และ  $R_0$  จากสมการที่ (4) กำหนดให้  $L = 7$  และ  $D = 9$  [23] จะได้ดังแสดงในตารางที่ 3 แสดงวันที่และระยะเวลาที่เริ่มพบจำนวนผู้ติดเชื้อเป็นสองเท่า ( $T_d$ ) แล้วนำมาคำนวณเพื่อหาค่า  $K_E$  และ  $R_0$

จากข้อมูลข้างต้น นำมาคำนวณหาค่าเฉลี่ย  $R_0$  จะได้

$$\therefore R_0 = 1.1536$$

ตารางที่ 2 ค่า  $K$  และ  $R_0$  ที่ได้จากการคำนวณในระยะเริ่มต้นการระบาด

| $t$ | $y(t)$ | $K$    | $R_0$  |
|-----|--------|--------|--------|
| 14  | 8      | -      | -      |
| 22  | 19     | 0.1081 | 3.4665 |
| 27  | 32     | 0.1043 | 3.3530 |
| 37  | 35     | 0.0090 | 1.1484 |
| 47  | 42     | 0.0182 | 1.3127 |
| 56  | 50     | 0.0194 | 1.3336 |
| 64  | 177    | 0.1580 | 5.1013 |
| 65  | 212    | 0.1804 | 5.9381 |
| 66  | 272    | 0.2492 | 8.9003 |



รูปที่ 3 จำนวนผู้ติดเชื้อในแต่ละวันที่มีการรายงานเป็นทางการจากกรมควบคุมโรค

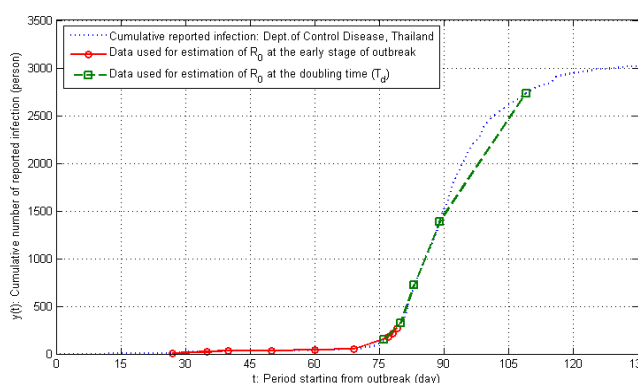


ตารางที่ 3 ค่า  $K$  และ  $R_0$  ที่ได้จากการคำนวณในระยะที่เริ่มพบจำนวนผู้ติดเชื้อเป็นสองเท่า

| วันที่    | $y(t)$ | $T_d$ | $K_E$  | $R_0$  |
|-----------|--------|-------|--------|--------|
| 16/3/2563 | 147    | 65    | 0.0107 | 1.1778 |
| 20/3/2563 | 322    | 69    | 0.0100 | 1.1671 |
| 23/3/2563 | 721    | 72    | 0.0096 | 1.1599 |
| 29/3/2563 | 1524   | 78    | 0.0089 | 1.1472 |
| 18/4/2563 | 3018   | 98    | 0.0071 | 1.1163 |

## 7. สรุปและอภิปรายผล

ผลที่ได้จากการประมาณค่าตัวเลขวการแพร่ระบาดพื้นฐานพบว่า ค่าตัวเลขวการแพร่ระบาดพื้นฐานที่ได้ในระยะเริ่มต้นการระบาด มีค่าสูงมาก และเมื่อมีการยกระดับใช้มาตรการล็อกดาวน์ในช่วงระยะที่เริ่มพบการติดเชื้อเป็นสองเท่า นั้นพบว่า ค่าตัวเลขวการแพร่ระบาดพื้นฐานที่ได้มีค่ามากกว่า 1 เพียงเล็กน้อย ซึ่งหมายความว่า มาตรการล็อกดาวน์ที่นำมาใช้ควบคุมการแพร่ระบาดทั้งประเทศ ได้อย่างมีประสิทธิภาพ



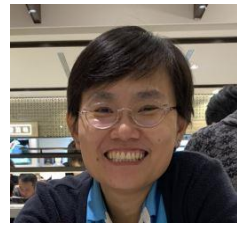
รูปที่ 4 จำนวนผู้ติดเชื้อสะสมเป็นทางการจากกรมควบคุมโรค

## เอกสารอ้างอิง

- [1] World Health Organization. (2020 Jan). "Statement on the second meeting of the International Health Regulations (2005) Emergency Committee regarding the outbreak of novel coronavirus (2019-nCoV)". [Online]. Available: [https://www.who.int/news-room/detail/30-01-2020-statement-on-the-second-meeting-of-the-international-health-regulations-\(2005\)-emergency-committee-regarding-the-outbreak-of-novel-coronavirus-\(2019-ncov\)](https://www.who.int/news-room/detail/30-01-2020-statement-on-the-second-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-outbreak-of-novel-coronavirus-(2019-ncov)). [Accessed: May 11, 2020].
- [2] Centers for Disease Control and Prevention. (2020 Apr). "What you should know about COVID-19 to protect yourself and others". [Online]. Available: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/downloads/2019-ncov-factsheet.pdf>. [Accessed: May 11, 2020].
- [3] S. Zhao, J. Ran, S. S. Musa, G. Yang, Y. Lou, D. Gao, L. Yang, D. He, "Preliminary estimation of the basic reproduction number of novel coronavirus (2019-nCoV) in China, from 2019 to 2020: A data-driven analysis in the early phase of the outbreak", International Journal of Infectious Diseases, vol. 92, pp. 214–217, 2020.
- [4] Z. Zhuanga, S. Zhaob,c, Q. Lind, P. Caoe, Y. Loua, L. Yangf, S. Yang, D. Hea, L. Xiaog, "Preliminary estimates of the reproduction number of the coronavirus disease (COVID-19) outbreak in Republic of Korea and Italy by 5 March 2020", International Journal of Infectious Diseases, vol. 95, pp. 308–310, 2020.
- [5] J. Yuana, M. Lib, G. Lvc, Z. K. Lud, "Monitoring transmissibility and mortality of COVID-19 in Europe", International Journal of Infectious Diseases, vol. 95, pp. 311–315, 2020.
- [6] S. Zhanga, M. Diaob, W. Yuc, L. Peic, Z. Lind, D. Chena, "Estimation of the reproductive number of novel coronavirus (COVID-19) and the probable outbreak size on the Diamond Princess Cruise ship: A data-driven analysis", International Journal of Infectious Diseases, vol. 93, pp. 201–204, 2020.
- [7] Y. Ochoa, D. E. Sáncheza, M. Rallóna, H. F. Motta, Y. R. Fandiñoa, "Effective Reproductive Number estimation for initial stage of COVID-19 pandemic in Latin American Countries", International Journal of Infectious Diseases, vol. 95, pp. 316–318, 2020.
- [8] A. E. Gorbalenya, S. C. Baker, R. S. Baric, et al. "The Species Severe Acute Respiratory Syndrome-related Coronavirus: Classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2", Nature Microbiology, vol. 5, pp. 536–544, 2020.
- [9] Department of Microbiology, Faculty of Medicine Siriraj Hospital, Mahidol University. "Novel coronavirus 2019 (2019-nCoV)". [Online]. Available: <https://www.si.mahidol.ac.th/th/healthdetail.asp?aid=1410>. [Accessed: 10 May 2020].
- [10] Q. Li, X. Guan, P. Wu, X. Wang "Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus-Infected Pneumonia", New England Journal of Medicine, vol. 383, no. 13, pp. 1199–1207, Jan. 2020.
- [11] World Health Organization. "Naming the coronavirus disease (COVID-19) and the virus that causes it". [Online]. Available: [https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance/naming-the-coronavirus-disease-\(covid-2019\)-and-the-virus-that-causes-it](https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance/naming-the-coronavirus-disease-(covid-2019)-and-the-virus-that-causes-it). [Accessed: 10 May 2020].
- [12] K. J. Rothman, S. Greenland, T. L. Lash, "Modern Epidemiology", 3rd Edition, Lippincott Williams & Wilkins, 2008.
- [13] World Health Organization. "Novel coronavirus-2019". [Online]. Available: <https://www.who.int/thailand/emergencies/novel-coronavirus-2019>. [Accessed May 10 2020].
- [14] "Epidemic theory". [Online]. Available: <https://www.healthknowledge.org.uk/public-health-textbook/research-methods/1a-epidemiology/epidemic-theory>. [Accessed 10 May 2020].
- [15] F. M. Guerra, S. Bolotin, G. Lim, J. Heffernan, S. Deeks, L. Shelley, Y. Li, N. Crowcroft. "The Basic Reproduction Number ( $R_0$ ) of Measles: A Systematic Review", The Lancet Infectious



- Diseases, vol. 17, no. 12, pp. e420–e428, 2017.
- [16] P. E. Fine, "Herd Immunity: history, theory, practice", *Epidemiologic Reviews*, vol. 15, pp. 265–302, 1993.
- [17] C. Freeman, "Magic formula that will determine whether Ebola is beaten". [Online]. Available: <https://www.telegraph.co.uk/news/worldnews/ebola/11213280/Magic-formula-that-will-determine-whether-Ebola-is-beaten.html>. [Accessed: May 10, 2020].
- [18] B.J. Coburn, B. G. Wagner, S. Blower, "Modeling influenza epidemics and pandemics: insights into the future of swine flu (H1N1)", *BMC Medicine*, vol. 7, Article 30, 2009.
- [19] A. Khan, M. Naveed, M. Ahmad, M. Imran, "Estimating the basic reproductive ratio for the Ebola outbreak in Liberia and Sierra Leone", *Infectious Diseases of Poverty*, vol. 4, no. 13, Feb. 2015.
- [20] N.M. Ferguson, D.A. Cummings, C. Fraser, J.C. Cajka, P. C. Cooley, D.S. Burke, "Strategies for Mitigating an Influenza Pandemic", *Nature*, vol. 442, no. 7101, pp. 448–452, 2006.
- [21] A. Kucharski, C.L. Althaus, "The Role of Superspreading in Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV) Transmission", *Eurosurveillance*, vol. 20, no. 26, pp. 14 – 18, 2015.
- [22] S. Sanche, Y. T. Lin, C. Xu, E. Severson, N. Hengartner, R. Ke, "High Contagiousness and Rapid Spread of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2", *Emerging Infectious Diseases*, vol. 26, no. 7, Apr. 2020.
- [23] Z. Cao, Q. Zhang, X. Lu, D. Pfeiffer, Z. Jia, H. Song, D. D. Zeng, "Estimating the effective reproduction number of the 2019-nCoV in China", *medRxiv*, 2020.
- [24] F. Brauer F, "Compartmental Models in Epidemiology", in F. Brauer, P. van den Driessche, J. Wu (eds), *Mathematical Epidemiology, Lecture Notes in Mathematics*, vol. 1945. Springer, Berlin, Heidelberg, 2008.
- [25] Y. Liu, A. A. Gayle, A. Smith, J. Rocklov, "The Reproductive number of COVID-19 is higher compared to SARS coronavirus", *Journal of Travel Medicine*, pp. 1–4, 2020.
- [26] Department of Disease Control, Ministry of Public Health, Thailand. "Covid-19 Infected Situation Reports". [Online]. Available: <https://covid19.ddc.moph.go.th/>. [Accessed 10 May 2020].
- [27] G. N. Milligan, A. D. T. Barrett, *Vaccinology : An Essential Guide*, Wiley Blackwell, 2015.



**สุชาดา สิทธิจึงสถาพร** จบการศึกษาวិทยาสาตรบัณฑิต สาขาเกษตรศาสตร์ สาขาย่อย วิศวกรรมศาสตรบัณฑิต (เกียรตินิยม อันดับหนึ่ง) สาขาวิศวกรรมอิเล็กทรอนิกส์ และ วิศวกรรมศาสตรดุษฎีบัณฑิต สาขา

วิศวกรรมไฟฟ้า จากมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีมหานคร ปัจจุบันเป็นอาจารย์ประจำสาขาวิชาวิศวกรรมอิเล็กทรอนิกส์ สถาบันนวัตกรรมมหานคร คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีมหานครและดำรงตำแหน่งรองศาสตราจารย์ สาขาวิศวกรรมอิเล็กทรอนิกส์ หัวข้องานวิจัยที่สนใจ ได้แก่ การประมวลผลขั้นสูง การประมวลผลเชิงสถิติ การประมวลผลเชิงภาพและวิดีโอแมชชีนเลิร์นนิง ระบบสมองกลฝังตัวและอัลกอริธึมแบบปรับตัวได้



**เศรษฐกาล โปร่งนุช** จบการศึกษาวิศวกรรมศาสตรบัณฑิต สาขาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลพระนคร ต่อมาจบการศึกษาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต และ วิศวกรรมดุษฎีบัณฑิต สาขาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัย

เทคโนโลยีมหานคร ปัจจุบันเป็นอาจารย์ประจำและหัวหน้าสาขาวิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ คณะเทคโนโลยีอุตสาหกรรม มหาวิทยาลัยราชภัฏสวนสุนันทา งานวิจัยที่สนใจ ได้แก่ ระบบคอมพิวเตอร์และแอปพลิเคชัน สถาปัตยกรรมคอมพิวเตอร์ ระบบสมองกลฝังตัว เอฟพีจีเอ การออกแบบร่วมกันระหว่างฮาร์ดแวร์กับซอฟต์แวร์ และระบบที่มีตัวประมวลผลหลายชนิด