

การประเมินสถานการณ์โรคโควิด 19 ในประเทศไทยโดยใช้แบบจำลอง SIR/D

Estimating the Covid-19 Epidemic in Thailand by Using SIR/D Model

¹เทียนสิริ เหลืองวิลัย, ²ฐาปนัต บัวภิบาล, ³สามารต หมุดและ, ⁴วีระพล วิลามาศ,

⁵สมภูมิ มีชานนา, ⁶สุภาวดี ลีลายุทธ

¹Thiansiri Luangwilai, ²Thapanut Buapiban, ³Samart Moodleah, ⁴Weerapol Welamas,

⁵Sompoom Meechowana, ⁶Supavadee Leelayuth

^{1,2,4,5,6}กองการศึกษา โรงเรียนนายเรืออากาศนวมินทกษัตริยาธิราช

^{1,2,4,5,6}Faculty of Academic Navamida Kasatriyadhiray Royal Air Force Academy

³ภาควิชาเทคโนโลยีสารสนเทศ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

³Information Technology Department King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang

Thiansiri.l@gmail.com, thapanat_bua@rtaf.mi.th, samart@it.kmitl.ac.th, Weerapol_w@rtaf.mi.th,

Sompoom@rtaf.mi.th, Supavadee_k@rtaf.mi.th

Received : June 23, 2020

Revised : July 28, 2020

Accepted : July 31, 2020

บทคัดย่อ

โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 หรือ โรคโควิด 19 ถือว่าเป็นหนึ่งในโรคติดต่อที่น่าหวาดกลัวที่สุดในประวัติศาสตร์ของมนุษยยุคใหม่ โดยโรคนี้นอกจากจะทำให้เกิดการสูญเสียชีวิตของผู้คนมากมายทั่วโลกแล้ว ยังทำให้เกิดการสูญเสียทางเศรษฐกิจอย่างรุนแรงครั้งใหญ่ซึ่งอาจส่งผลกระทบต่อวิถีการดำรงชีวิตของมนุษย์ทั้งในปัจจุบันและอนาคตอันใกล้ ในกระบวนการแก้ปัญหาการแพร่กระจายโรคโควิด 19 นั้นการประเมินสถานการณ์ถือว่าเป็นเรื่องที่สำคัญอย่างยิ่ง โดยจุดประสงค์ของงานวิจัยชิ้นนี้ คือการใช้แบบจำลอง Susceptible-Infectious-Recovered-Dead หรือ SIR/D มาวิเคราะห์สถานการณ์การติดต่อของโรคโควิด 19 ในประเทศไทย ในกระบวนการวิเคราะห์หาค่าตัวแปรที่สำคัญต่าง ๆ ของแบบจำลอง SIR/D จะถูกวิเคราะห์และประมาณการโดยใช้ข้อมูลสถานการณ์โรคโควิด 19 ที่เกิดขึ้นจริงในประเทศไทยจนถึงวันที่ 4 เมษายน พ.ศ. 2563

คำสำคัญ : โควิด 19, โรคระบาด, แบบจำลอง SIR/D, แบบจำลองทางคณิตศาสตร์, ประเทศไทย

ABSTRACT

The Coronavirus or Covid-19 is currently one of the most fearful pathogens in modern human history. It not only courses the loss of lives around the world but also the biggest economic losses in recent years. In order to tackle this crisis, the prediction of epidemic situation becomes crucial. The objective of this study is to use the Susceptible-Infectious-Recovered-Dead or SIR/D model to estimate the Covid-19 situation in Thailand. The required parameters of SIR/D model are analysed and estimated by using real data of Covid-19 in Thailand until 4 April 2020.

KEYWORDS : Covid 19, Epidemic, SIR/D, Mathematical Modelling, Thailand

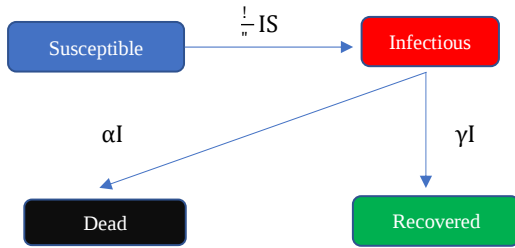
1. บทนำ

โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 หรือโรคโควิด 19 นั้นเป็นโรคติดต่อที่มีผลกระทบต่อมวลมนุษยชาติ โดยที่โรคโควิด 19 นั้นได้มีต้นกำเนิดมาจากเมืองอู่ฮั่น มณฑลหูเป่ย์ ประเทศสาธารณรัฐประชาชนจีน และได้แพร่กระจายไปทั่วโลก (Li et al., 2020; Munster et al., 2020; Zhu et al., 2020) จากข้อมูลขององค์การอนามัยโลกในเดือนเมษายน พ.ศ.2563 มีผู้ติดเชื้อทั่วโลกมากกว่า 1,051,635 คน กระจายใน 208 ประเทศ (Holshue et al., 2020; Rothe et al., 2020; World Health Organization, 2020) โดยในจำนวนนี้มีผู้เสียชีวิต 56,985 คน ซึ่งการระบาดในช่วงแรกนั้นเกิดในทวีปเอเชีย โดยประเทศที่มีการระบาดมากที่สุดคือประเทศสาธารณรัฐประชาชนจีนเอง รองลงมาคือประเทศสาธารณรัฐเกาหลี แต่ในช่วงเดือน มี.ค. การระบาดครั้งใหญ่ได้เกิดขึ้นที่ทวีปยุโรปและอเมริกาเหนือ เนื่องจากมีภูมิอากาศที่เหมาะสมต่อการระบาดและพฤติกรรมของประชากรที่เอื้อต่อการกระจายของเชื้อเป็นวงกว้าง นอกจากนั้นแล้วสาเหตุที่ทำให้มีผู้ติดเชื้อและเสียชีวิตเป็นจำนวนมากนั้นมาจากอาการของโรคที่มีอาการคล้ายไข้หวัดในช่วงแรกของการติดเชื้อ ทำให้ผู้ป่วยหลายคนนั้นเข้าใจว่าตนเองป่วยเป็นไข้หวัดธรรมดาและยังใช้ชีวิตเป็นปกติอีกทั้งยังเป็นพาหะของเชื้อทำให้เกิดการติดเชื้อเป็นวงกว้าง เชื้อไวรัสโควิด 19 นั้นจะเข้าไปโจมตีระบบทางเดินหายใจ รวมไปถึงปอด ซึ่งกว่าผู้ป่วยจะรู้ตนเองก็มีอาการค่อนข้างหนักทำให้แพทย์ไม่สามารถช่วยชีวิตได้ทัน อีกทั้งในปัจจุบันนี้ยังไม่มียารักษาโรคนี้ให้หายขาดได้ ซึ่งการรักษาจะเป็นการรักษาตามอาการเพื่อให้ร่างกายสามารถสร้างภูมิคุ้มกันขึ้นมาสู้กับเชื้อไวรัสตัวนี้ การระบาดของโรคโควิด 19 นั้นไม่ได้นำมาซึ่งการเจ็บป่วยหรือสูญเสียชีวิตเท่านั้น แต่ยังส่งผลกระทบต่อเศรษฐกิจและวิถีการดำเนินชีวิตของประชากร หลายประเทศได้สั่งให้ปิดชายแดนรวมถึงระงับการขนส่งระหว่าง

ประเทศ และได้มีการประกาศสถานการณ์ฉุกเฉินในหลายท้องถิ่นรวมถึงได้มีมาตรการระยะห่างทางสังคม (Social Distancing) ซึ่งจากผลกระทบเหล่านี้ ทำให้มีหลายงานวิจัยที่พยายามพยากรณ์อัตราการระบาดของโรคโควิด 19 เพื่อเป็นข้อมูลที่จะช่วยในการตัดสินใจของผู้รับผิดชอบในส่วนต่าง ๆ โดยในงานวิจัยชิ้นนี้จะดำเนินการประยุกต์ใช้แบบจำลองคณิตศาสตร์ของพฤติกรรมโรคติดต่อมาวิเคราะห์สถานการณ์โรคโควิด 19 ในประเทศไทยต่อไป แบบจำลองคณิตศาสตร์ของพฤติกรรมโรคติดต่อและสถานการณ์โรคโควิด 19 นั้นถือว่าเป็นเครื่องมือสำคัญในการวิเคราะห์และออกกฎเกณฑ์ในการแก้ปัญหาโรคโควิด 19 ในหลายประเทศ (Adam et al., 2019; Biao et al., 2020(a); Biao et al., 2020(b); Jonathan et al., 2020; Tianmu et al., 2020; Yan et al., 2020; Yu et al., 2020)

2. วิธีดำเนินการวิจัย

ในงานวิจัยชิ้นนี้ได้ดำเนินการใช้แบบจำลอง Susceptible - Infectious - Recovered - Dead หรือ SIR/D (Hethcote, 2000; Kermack and McKendrick, 1927; Nesteruk, 2020) แบบจำลองในการประเมินสถานการณ์โรคโควิด 19 ในประเทศไทย โดยในแบบจำลองนี้จะมีสมการอนุพันธ์จำนวน 4 สมการเพื่อใช้ในการอธิบายจำนวนประชากรในแต่ละกลุ่มของโรคโควิด 19 โดยประชากรใน 4 กลุ่มมีดังนี้ 1) กลุ่มคนที่มีความเสี่ยงในการติดโรค (Susceptible (S)), 2) กลุ่มคนติดเชื้อ (Infectious (I)), 3) กลุ่มคนหายป่วยจากโรคโควิด 19 (Recovered (R)) และ 4) กลุ่มผู้เสียชีวิตจากโรคโควิด 19 (Death (D))



รูปที่ 1 แผนภาพความสัมพันธ์ของประชากรแต่ละกลุ่มของแบบจำลอง SIR/D พร้อมอัตราการถ่ายเท

$$\frac{ds}{dt} = -\frac{\beta}{N} IS \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N} IS - \gamma I - \alpha I \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3)$$

$$\frac{dD}{dt} = \alpha I \quad (4)$$

โดยสมการในระบบสมการเชิงอนุพันธ์นี้ประกอบด้วยอัตราการเปลี่ยนแปลงของจำนวนประชากรในแต่ละกลุ่ม โดยในสมการที่ (1) อธิบายอัตราการเปลี่ยนแปลงประชากรของคนที่มีความเสี่ยงต่อการติดโรคโควิด 19 ในประเทศไทย โดยในสมการนี้จะมีค่าตัวแปร β คืออัตราติดโรคโควิด 19 เพิ่มในประเทศไทยซึ่งจะมีความเกี่ยวข้องกันระหว่างจำนวนผู้ติดเชื้ออยู่แล้วในปัจจุบัน $I(t)$ กับจำนวนผู้มีความเสี่ยงในการติดเชื้อได้ $S(t)$ สมการที่ (2) อธิบายอัตราการเปลี่ยนแปลงจำนวนประชากรของคนที่ยังไม่ติดเชื้ออยู่ในขณะนั้น โดยจำนวนคนที่ติดเชื้อเพิ่มจากกลุ่มคนเสี่ยงติดเชื้อจะย้ายจำนวนเข้ามา

อยู่ในกลุ่มนี้เป็นจำนวน $\frac{\beta}{N} IS$ คน ในแต่ละช่วงเวลา ในขณะที่จำนวนประชากรที่ย้ายออกจากกลุ่มคนที่ติดเชื้ออยู่จะมี 2 ประเภท คือ ประเภทที่ 1 คนที่รักษาหายแล้ว $R(t)$ โดยจำนวนอัตราคนที่รักษาหายในแต่ละช่วงเวลาจะอธิบายด้วยเทอม γI ซึ่งในเทอมนี้ จะมีตัว

แปรที่ไม่ทราบค่าอยู่คือตัวแปร γ ส่วนประเภทที่ 2 คือคนที่รักษาไม่ทันท่วงทีแล้วเสียชีวิตในแต่ละช่วงเวลา ซึ่งในส่วนนี้จะอธิบายด้วยเทอม αI ซึ่งในเทอมนี้ จะมีตัวแปรที่ไม่ทราบค่าอยู่คือตัวแปร α สมการที่ (3) คือสมการที่อธิบายอัตราการเปลี่ยนแปลงจำนวนประชากรผู้ที่รักษาหายจากโรคโควิด 19 เรียบร้อยแล้ว ด้วยอัตราเร็ว γI คนต่อช่วงเวลา และสมการสุดท้าย คือสมการที่ (4) เป็นสมการที่ใช้ในการอธิบายอัตราการเปลี่ยนแปลงจำนวนผู้เสียชีวิตในแต่ละช่วงเวลา โดยจำนวนผู้เสียชีวิตที่เพิ่มขึ้นในแต่ละช่วงเวลาอธิบายด้วยเทอม αI โดยค่าเริ่มต้นของระบบสมการอนุพันธ์นี้คือ $S(0), I(0), R(0)$ และ $D(0)$ ซึ่งค่าของ $I(0), R(0)$ และ $D(0)$ นั้นสามารถหาได้จากข้อมูลที่มีการบันทึกในแต่ละวันของการเริ่มระบาดของโรคโควิด 19 แต่ค่าของ $S(0)$ ซึ่งก็คือค่าเริ่มต้นของคนที่มีความเสี่ยงในการติดโรคโควิด 19 ซึ่งถือว่าเป็นตัวแปรที่ไม่ทราบค่าอีกตัวหนึ่ง หากมาตรการต่าง ๆ ของรัฐบาลเช่น การปิดสถานที่ต่าง ๆ การรักษาระยะห่างระหว่างบุคคล (Social distancing) การใส่หน้ากาก และการล้างมือบ่อย ๆ ได้ผลดี จะทำให้จำนวน $S(t)$ อยู่ในระดับต่ำ ทำให้ยอดของคนติดเชื้อก็จะต่ำไปด้วย ในทางตรงข้ามหากมาตรการมีความผิดพลาดก็จะทำให้เกิดการแพร่กระจายอย่างรุนแรงขึ้นมาและทำให้ค่าของผู้มีความเสี่ยง $S(t)$ ผู้ติดเชื้อ $I(t)$ และผู้เสียชีวิต $D(t)$ เพิ่มขึ้นอย่างก้าวกระโดดได้อีกด้วย โดยจำนวนประชากรทั้งหมดที่เกี่ยวข้องกับการแพร่กระจายของโรคโควิด 19 ($N(t)$) ในแต่ละช่วงเวลามีความสัมพันธ์กันดังนี้

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t) + D(t) \quad (5)$$

ในแบบจำลอง SIR/D จำเป็นที่จะต้องทราบค่าตัวแปรในระบบสมการเชิงอนุพันธ์ให้ครบถ้วนเสียก่อนเพื่อที่จะดำเนินการแก้ระบบสมการเชิงอนุพันธ์เหล่านี้

ต่อไปได้ เพื่อให้ทราบจำนวนประชากรในแต่ละกลุ่มของผู้ติดเชื้อโควิด 19 ในแต่ละช่วงเวลา ทำให้สามารถทำนายสถานการณ์การแพร่กระจายของโรคโควิด 19 ได้อย่างแม่นยำ โดยตัวแปรที่ไม่ทราบค่าในระบบนี้คือ $S(0), \beta, \alpha$ และ γ ค่าตัวแปรเหล่านี้สามารถดำเนินการหาได้โดยกระบวนการทำซ้ำแล้วหาค่าตัวแปรที่จะให้ผลของระบบสมการเชิงอนุพันธ์มีค่าใกล้เคียงจากข้อมูลจริงมากที่สุดตามสมการด้านล่าง

$$\begin{aligned} \min = & \|I_{d,t} - I_t(\beta, \gamma, \alpha, S(0))\|^2 + \\ & \|R_{d,t} - R_t(\beta, \gamma, \alpha, S(0))\|^2 + \\ & \|D_{d,t} - D_t(\beta, \gamma, \alpha, S(0))\|^2 \end{aligned} \quad (6)$$

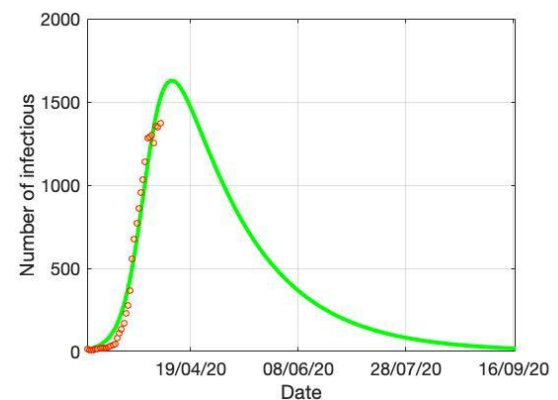
หลังจากที่ดำเนินการวิเคราะห์หาค่าตัวแปรเหล่านี้ได้จนครบแล้ว สมการเชิงอนุพันธ์จะถูกดำเนินการหาคำตอบของระบบสมการต่อไป

3. ผลการวิจัย

ในกระบวนการดำเนินการวิเคราะห์การแพร่กระจายของโรคโควิด 19 ในประเทศไทยโดยใช้แบบจำลอง SIR/D ในครั้งนี้ ได้ดำเนินการใช้ข้อมูลจำนวนผู้ติดเชื้อ ผู้หายติดเชื้อ และผู้เสียชีวิตจากกรมควบคุมโรคและจากองค์การอนามัยโลก (World Health Organization, 2020) โดยข้อมูลมีการปรับปรุงล่าสุด ในวันที่ 4 เมษายน พ.ศ. 2563 ซึ่งทำให้ได้ค่าตัวแปรที่สำคัญของแบบจำลอง SIR/D จะได้ว่า $\beta = 0.2169, \gamma = 0.0267, \alpha = 6.5353 \times 10^{-4}$ และ $S(0) = 2762$ โดยค่าตัวแปรเหล่านี้จะสามารถเปลี่ยนแปลงไปได้ในอนาคต เมื่อข้อมูลจริงมีการปรับปรุงไปหรือมีเหตุการณ์การแพร่กระจายรุนแรงครั้งใหม่เกิดขึ้นอีก โดยค่าตัวแปรที่วิเคราะห์ได้เหล่านี้ถูกนำไปใช้ในการหาคำตอบของ

แบบจำลอง SIR/D โดยได้ผลการประเมินสถานการณ์ดังนี้

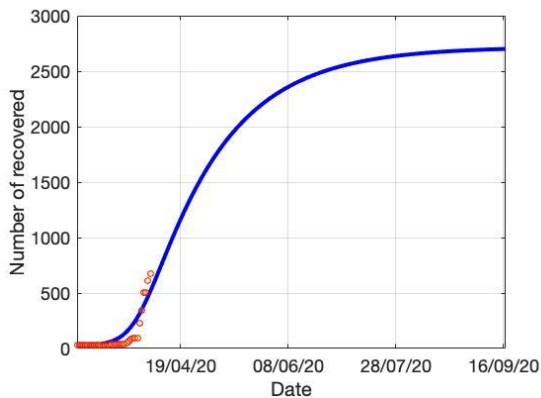
จำนวนผู้ติดเชื้อในประเทศไทยถูกแสดงอยู่ในรูปที่ 2 โดยการคาดคะเนถูกแสดงด้วยเส้นกราฟสีเขียวและข้อมูลจริงแสดงด้วยวงกลมสีแดง จากการคาดคะเนด้วยแบบจำลอง SIR/D ของข้อมูลผู้ป่วยจริงในประเทศไทยพบว่าจำนวนผู้ป่วยโรคโควิด 19 ในประเทศจะมีจำนวนมากที่สุดประมาณวันที่ 15 เมษายน 2563 จำนวนประมาณ 1650 คน และจะเริ่มลดจำนวนลง จนเข้าใกล้ศูนย์ในปลายเดือนมิถุนายน พ.ศ. 2563



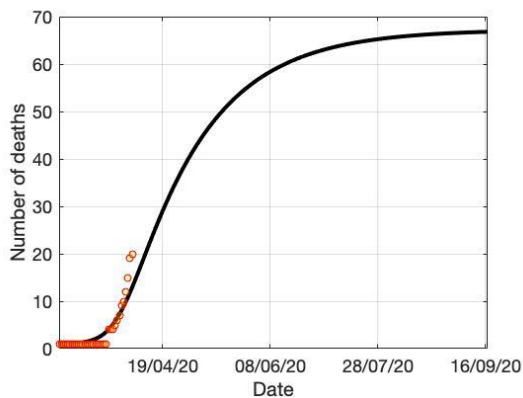
รูปที่ 2 แสดงจำนวนผู้ติดเชื้อโรคโควิด 19 ในแต่ละวันในประเทศไทย (วงกลมสีแดง) และการประมาณการจำนวนผู้ติดเชื้อในแต่ละวันด้วยแบบจำลอง SIR/D (เส้นสีเขียว)

ในรูปที่ 3 แสดงจำนวนผู้หายป่วยสะสมจากโรคโควิด 19 ในประเทศไทย ส่วนรูปที่ 4 แสดงจำนวนผู้เสียชีวิตสะสมจากโรคโควิด 19 ในประเทศไทย โดยใน 2 รูปนี้ ข้อมูลจริงนั้นถูกแสดงด้วยวงกลมสีแดง ในขณะที่ยอดผู้หายป่วยสะสมในประเทศไทยที่มาจาก การประมาณการด้วยแบบจำลอง SIR/D แสดงด้วยเส้นกราฟสีน้ำเงินในรูปที่ 3 ส่วนยอดผู้เสียชีวิตสะสม

จากการประมาณการด้วยแบบจำลอง SIR/D ในรูปที่ 4 ถูกแสดงด้วยเส้นกราฟสีดำ จากผลการประมาณการพบว่าผู้ติดเชื้อส่วนใหญ่จะค่อย ๆ หายป่วยเกือบทั้งหมด หลังปลายเดือนกรกฎาคม โดยยอดผู้เสียชีวิตสะสมอยู่ที่ประมาณ 68 ราย

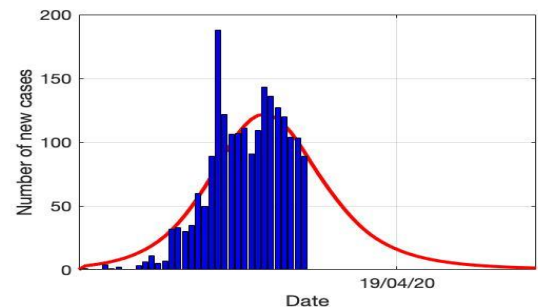


รูปที่ 3 แสดงจำนวนผู้หายป่วยสะสมจากโรคโควิด 19 ในประเทศไทย (วงกลมสีแดง) และการประมาณจำนวนผู้หายป่วยสะสมจากโรคโควิด 19 ด้วยแบบจำลอง SIR/D (เส้นทึบสีน้ำเงิน)



รูปที่ 4 แสดงจำนวนผู้เสียชีวิตสะสมจากโรคโควิด 19 ในประเทศไทย (วงกลมสีแดง) และการประมาณจำนวนผู้เสียชีวิตสะสมด้วยแบบจำลอง SIR/D (เส้นทึบสีดำ)

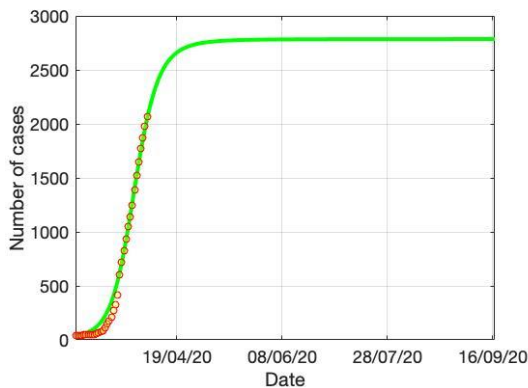
ในรูปที่ 5 แสดงยอดผู้ป่วยรายใหม่ในแต่ละวัน โดยข้อมูลจริงนั้นจะถูกแสดงด้วยกราฟแผนภูมิแท่งสีน้ำเงิน ส่วนการประมาณค่าจากแบบจำลอง SIR/D นั้นจะถูกแสดงด้วยเส้นกราฟสีแดง จากผลการวิเคราะห์พบว่า หากไม่มีเหตุการณ์การแพร่กระจายใหญ่เกิดขึ้นอีก สถานการณ์การติดเชื้อในประเทศไทยกำลังไปในทิศทางที่ดีขึ้น คือยอดผู้ป่วยรายใหม่ในแต่ละวันมีการลดจำนวนลง ด้วยอัตราการลดจำนวนของยอดผู้ป่วยรายใหม่ในขณะนี้สามารถประมาณการได้ว่าประเทศไทยได้ผ่านช่วงสูงสุดของการแพร่กระจายมาแล้วและยอดผู้ป่วยรายใหม่จะเข้าสู่สภาวะประมาณต้นเดือนมิถุนายน พ.ศ. 2563



รูปที่ 5 แสดงจำนวนผู้ติดโรคโควิด 19 รายใหม่ในประเทศไทย (แผนภูมิแท่งสีน้ำเงิน) และการประมาณจำนวนผู้ติดโรคโควิด 19 รายใหม่แต่ละวันด้วยแบบจำลอง SIR/D (เส้นทึบสีแดง)

ในรูปที่ 6 เป็นการประมาณยอดผู้ติดเชื้อสะสมทั้งหมดที่จะเกิดขึ้นในประเทศไทย โดยจากการประมาณด้วยแบบจำลอง SIR/D นั้นแสดงด้วยเส้นกราฟสีเขียว และข้อมูลสถานการณ์จริงในประเทศไทย ณ วันที่ 4 เมษายน พ.ศ. 2563 แสดงด้วยวงกลมสีแดง จากการประมาณการด้วยแบบจำลองพบว่า ยอดผู้ติดเชื้อใหม่จะ

ค่อย ๆ ลดลงหลังวันที่ 19 เมษายน พ.ศ. 2563 และจำนวนผู้ติดเชื้อสุดท้ายจะอยู่ที่ประมาณ 2803 คน



รูปที่ 6 แสดงจำนวนยอดผู้ติดเชื้อโควิด 19 สะสมในประเทศไทย (วงกลมสีแดง) และการประมาณการยอดผู้ติดเชื้อสะสมด้วยแบบจำลอง SIR/D (เส้นทึบสีเขียว)

4. วิจัยผลการวิจัย

จากการดำเนินการนำข้อมูลการติดเชื้อโควิด 19 ในประเทศไทย จนถึงวันที่ 4 เมษายน พ.ศ. 2563 มาวิเคราะห์พฤติกรรมและดำเนินการทำประมาณการแบบถดถอยที่ไม่เป็นเชิงเส้นเข้ากับระบบสมการเชิงอนุพันธ์ 4 สมการ เพื่อหาค่าตัวแปรที่ยังไม่ทราบค่าในแบบจำลอง SIR/D ที่มีทั้งสี่ตัวแปร คือ $S(0)$, β , α และ γ ส่วนค่าเริ่มต้นอีก 3 ตัวคือ $I(0)$, $R(0)$ และ $D(0)$ นั้นทราบค่าอยู่แล้วจากข้อมูลของการติดเชื้อโควิด 19 จริงในประเทศไทย จากนั้นดำเนินการแก้สมการเชิงอนุพันธ์ทั้ง 4 สมการ เพื่อทำการทำนายสถานการณ์การแพร่กระจายโรคโควิด 19 ในประเทศไทย ซึ่งจากการวิเคราะห์พบว่า สถานการณ์ในประเทศไทยนั้นมีทิศทางที่สามารถควบคุมโรคติดต่อชนิดนี้ไว้ได้และจะทำให้ยอดผู้ติดเชื้อรายใหม่ลดลงเรื่อย ๆ ส่วนผู้ป่วยสะสมก็จะได้รับการรักษาและจะทยอยหายป่วยจนหมดในที่สุด ซึ่ง

หากนำผลการทำนายนี้ เทียบกับข้อมูลจริงที่เกิดขึ้นในวันที่ 5 – 9 เมษายน พ.ศ. 2563 ยังมีความถูกต้องอยู่มาก

แม้ว่าจากบทความวิจัยนี้จะพบว่าทิศทางการควบคุมโรคโควิด 19 จะอยู่ในทิศทางที่ดี แต่มาตรการการควบคุมโรคและเฝ้าระวังโรคยังมีความจำเป็นอย่างยิ่ง เพราะหากมีการติดต่อใหญ่เกิดขึ้นอีกจะทำให้โรคโควิด 19 มีเพิ่มกว่ายอดที่ประมาณการในบทความวิจัยนี้และจะใช้เวลาในการรักษาผู้ป่วยทั้งหมดยาวนานขึ้น อีกทั้งยังจะนำมาซึ่งแล้วเสียหายทางเศรษฐกิจและสังคมอย่างใหญ่หลวง

5. สรุปผลการวิจัย

ในงานวิจัยชิ้นนี้ได้ดำเนินการใช้แบบจำลองคณิตศาสตร์แบบ SIR/D เพื่อมาดำเนินการวิเคราะห์สถานการณ์ของวิกฤตโรคโควิด 19 โดยใช้ข้อมูลของสถานการณ์จริงมาดำเนินการวิเคราะห์ค่าตัวแปรต่าง ๆ ในระบบสมการอนุพันธ์ลำดับที่หนึ่งจำนวน 4 สมการ จากกระบวนการวิเคราะห์ได้พบว่าจำนวนผู้ติดเชื้อโควิดทั้งหมดในประเทศไทยจะมีจำนวนทั้งสิ้น 2803 คน โดยจำนวนผู้ติดเชื้อรายใหม่จะลดลงจนเข้าใกล้ศูนย์เมื่อประมาณกลางเดือนพฤษภาคม พ.ศ. 2563

แม้ว่ากระบวนการวิจัยชิ้นนี้ได้ทำให้คาดเดาสถานการณ์วิกฤตโรคติดต่อโควิดตั้งแต่ต้นจนจบ แต่ข้อมูลที่นำมาดำเนินการหาค่าตัวแปรต่าง ๆ นั้นยังมีจำนวนน้อยอยู่และมีการปรับปรุงล่าสุดวันที่ 4 เมษายน พ.ศ. 2563 อีกทั้งสถานการณ์ปัจจุบันถือว่าเป็นช่วงเริ่มของการแพร่กระจายโรคโควิด 19 ในประเทศไทย เมื่อเวลาผ่านไปอาจมีสถานการณ์ที่เปลี่ยนไปหรืออาจมีเหตุการณ์การแพร่กระจายใหญ่เกิดขึ้น จะทำให้การประมาณการสถานการณ์โรคติดต่อชนิดนี้ผิดพลาดไปได้บ้าง ดังนั้นมีความจำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องดำเนินการหาค่าตัวแปรเหล่านี้ใหม่เมื่อมีจำนวนข้อมูลเพิ่มมากขึ้นเพื่อความแม่นยำในการประเมินสถานการณ์ในอนาคตต่อไป

6. เอกสารอ้างอิง

- [1] Adam J. K., Timothy W R., Charlie D., Sebastian F., & Rosalind M E. (2020). Early dynamics of transmission and control of 2019-ncov: a mathematical modelling study. *medRxiv*.
- [2] Biao T., Xia W., Qian L., Nicola L. B., Sanyi T., Yanni X., & Jianhong W.. (2020(a)). Estimation of the transmission risk of the 2019-ncov and its implication for public health interventions. *Journal of Clinical Medicine*, 9(2),
- [3] Biao T., Nicola L. B., Qian L., Sanyi T., Yanni X., & Jianhong W. (2020(b)). An updated estimation of the risk of transmission of the novel coronavirus (2019-ncov). *Infectious Disease Modelling*.
- [4] Hethcote, H.W. (2000). The Mathematics of Infectious Diseases, *SIAM Review*, 42(4), 599-653.
- [5] Holshue M. L., DeBolt C., Lindquist S., Lofy K. H., Wiesman J., Bruce H., et al. (2020). First Case of 2019 Novel Coronavirus in the United States. *N Engl J Med*.
- [6] Jonathan M. R., Jessica R. B., Derek A. C., Antonia H., & Chris P. J. (2020). Novel coronavirus 2019-ncov: early estimation of epidemiological parameters and epidemic predictions. *medRxiv*.
- [7] Kermack W. O. & McKendrick A. G. (1927). A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. In *Proceedings of the Royal Society A*. 115 (772), 700-721.
- [8] Li Q., Guan X., Wu P., Wang X., Zhou L., Tong Y., et al. (2020) Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus-Infected Pneumonia. *N Engl J Med*. DOI: 10.1056/NEJMoa2001316.
- [9] Munster V. J., Koopmans M., van Doremalen N., van Riel D., & de Wit E. (2020). A Novel Coronavirus Emerging in China - Key Questions for Impact Assessment. *N Engl J Med*.
- [10] Nesteruk, I. (2020). Statistics based predictions of coronavirus 2019-nCoV spreading in mainland China. *medRxiv*.
- [11] Rothe C., Schunk M., Sothmann P., Bretzel G., Froeschl G., Wallrauch C., et al. (2020). Transmission of 2019-nCoV Infection from an Asymptomatic Contact in Germany. *N Engl J Med*.
- [12] Tianmu C., Jia R., Qiupeng W., Zeyu Z., Jing-An C., & Ling Y. (2020). A mathematical model for simulating the transmission of Wuhan novel coronavirus. *bioRxiv*.
- [13] World Health Organization. (2020). *Coronavirus Disease (COVID-19) Situation Dashboard*. Retrieved 4th April 2020 from <https://experience.arcgis.com/experience/685d0ace521648f8a5beeeeb1b9125c>
- [14] Yan Y., Chen Y., Liu K., Luo X., Xu B., Jiang Y., & Cheng J. (2020). Modeling and prediction for the trend of outbreak of ncp based on a time-delay dynamic system. *SCIENTIA SINICA Mathematica*, 1674-7216.
- [15] Yu C., Jin C., Yu J., & Keji L. (2020). A time delay dynamical model for outbreak of 2019-ncov and the parameter identification. *arXiv:2002.00418*
- [16] Zhu N., Zhang D., Wang W., Li X., Yang B., Song J., et al. (2020). A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med*. DOI: 10.1056/NEJMoa2001017