วารสารวิทยาศาสตร์ลาดกระบัง ปีที่ 33 ฉบับที่ 1 เดือนมกราคม - มิถุนายน 2567
Journal of Science Ladkrabang Vol. 33 No. 1 January - June 2024

บทความวิจัย (Research article)

การศึกษาการระบาดของโรค Covid-19 ระลอกที่ 5 ในประเทศไทย โดยใช้ตัวแบบทางคณิตศาสตร์

Study of the 5th Wave of COVID-19 Outbreak in Thailand Using Mathematical Model

ปัณณธร เครือบคนโท และ ฐิติยา เทพารส*
Pannathon Kreabkhontho and Thitiya Theparod*
ภาควิชาคณิตศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม จ.มหาสารคาม ประเทศไทย
Department of Mathematic, Faculty of Science, Mahasarakham University, Mahasarakham, Thailand
วันที่ส่งบทความ : 5 กันยายน 2566 วันที่แก้ไขบทความ : 26 มิถุนายน 2567 วันที่ตอบรับบทความ : 27 มิถุนายน 2567
Received: 5 September 2023, Revised: 26 June 2024, Accepted: 27 June 2024

บทคัดย่อ

โรคโควิด-19 เป็นโรคติดต่อจากคนสู่คนซึ่งเกิดจากละอองฝอยขนาดเล็กจากการไอหรือจาม โดยในปัจจุบันประเทศไทยได้มีการแพร่ระบาดเชื้อโควิด-19 สายพันธุ์โอมิครอน ในระลอกที่ 5 ซึ่งพบผู้ติดเชื้อเป็นจำนวนมาก เมื่อเทียบกับระลอกก่อนหน้านี้ ทำให้ผู้วิจัยสนใจศึกษาการแพร่ระบาด และมาตรการในการป้องกันโรคจากการฉีดวัคซีนทั้ง 3 เข็ม จึงได้พัฒนาและสร้างตัวแบบทางคณิตศาสตร์ ซึ่งประกอบด้วย 8 กลุ่มประชากร ได้แก่ กลุ่มประชากรที่เสี่ยงติดเชื้อ (S) กลุ่มประชากรที่เสี่ยงติดเชื้อที่ได้รับวัคซีน (S_v) กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อ (อาการไม่รุนแรง: I) กลุ่มประชากรที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาล (อาการรุนแรง: H_1) กลุ่มประชากรที่เข้ารับการรักษาในห้อง ICU (อาการวิกฤต: C) กลุ่มประชากรที่พักฟื้นจากการรักษาที่ห้อง ICU ในโรงพยาบาล (H_2) กลุ่มประชากรที่หายจากการติดเชื้อ (R) และกลุ่มประชากรที่เสียชีวิตจากการติดเชื้อ (D) เพื่ออธิบายการแพร่ระบาดโควิด-19 และศึกษาผลกระทบของการฉีดวัคซีนในการควบคุมการแพร่ระบาดโรคโควิด-19 ซึ่งได้มีการศึกษากลุ่มประชากรติดเชื้อเพื่อหาค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (R_0) จากนั้นทำการวิเคราะห์เชิงคณิตศาสตร์และวิเคราะห์เชิงตัวเลข พบว่าเสถียรภาพเฉพาะที่ของจุดสมดุลภายใต้สภาวะแพร่ระบาดจะมีเสถียรภาพเชิงเส้นกำกับเฉพาะที่ ถ้า $R_0 > 1$ และจะไม่มีเสถียรภาพเชิงเส้นกำกับเฉพาะที่ ถ้า $R_0 < 1$ นอกจากนี้ผู้วิจัยยังวิเคราะห์ความอ่อนไหวตัวแบบทางคณิตศาสตร์ของค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน จากการวิเคราะห์พบว่าพารามิเตอร์ที่มีผลกระทบต่อค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน คือ τ_i, m_i, γ และพารามิเตอร์ที่มีผลกระทบต่อกลุ่มประชากรที่ติดเชื้อภายใต้สภาวะการแพร่ระบาดมากที่สุด คือ β, η, s_v^i ตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบอีกว่าการฉีดวัคซีนเข็มที่ 1 และ 2 มีประสิทธิภาพในการควบคุมการแพร่กระจายโรคโควิด-19 ที่ไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ ซึ่งต่างจากการฉีดวัคซีนครบทั้ง 3 เข็ม พบว่ามีประสิทธิภาพในการควบคุมการแพร่กระจายโรค ได้ดีกว่าการฉีดวัคซีนเพียงแค่สองเข็ม

คำสำคัญ: โรคโควิด-19 วัคซีน ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน แบบจำลองทางคณิตศาสตร์

*ที่อยู่ติดต่อ E-mail address: thitiya.t@msu.ac.th https://doi.org/10.55003/scikmitl.2024.260309

Abstract

Covid-19 is a contagious disease that is transmitted from person to person through small droplets released when coughing or sneezing. Currently, Thailand is experiencing an outbreak of the Omicron variant of the Covid-19 virus in its fifth wave, with a high number of infected individuals compared to previous waves. Therefore, we are interested to study the spread of the disease and the effectiveness of the three-dose vaccination using Mathematical model. To analyze the spread and study the impact of vaccination, we developed a mathematical model consisting of eight population groups: Susceptible population (S), Vaccinated population at risk (S_v), Infected population with mild symptoms (I), Hospitalized population with severe symptoms (H_1), ICU-admitted population in critical condition (C), Hospitalized population recovering from ICU treatment (H_2), Recovered population (R), Death population (D). In our investigation of COVID-19 spread and the effectiveness of vaccination, we determined crucial epidemiological factors, including the endemic equilibrium and the basic reproduction number (R_0). We then conduct mathematical and numerical analysis of the model. Our findings indicate that the endemic equilibrium is stable whenever $R_0 > 1$ and unstable when $R_0 < 1$. Additionally, we performed sensitivity analyses on the model, examining the impact of the basic reproduction number. Notably, parameters $\tau_i, m_i,$ and γ demonstrated significant influence on the infection rate (basic reproduction number), while parameters $\beta, \eta,$ and s_v^i primarily influenced the magnitude of the infected population during an epidemic. Moreover, the first and second vaccine doses have similar effect in controlling the spread of COVID-19, while the complete three-dose vaccination demonstrated superior effectiveness in mitigating transmission compared to vaccination with only one or two doses.

Keywords: Covid-19, Vaccine, Basic reproduction number, Mathematical model

1. บทนำ

สถานการณ์การแพร่ระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (Coronavirus Disease 2019) หรือโรคโควิด-19 นั้น มีต้นกำเนิดมาจากเมืองอู่ฮั่น มณฑลหูเป่ย สาธารณรัฐประชาชนจีน โดยเมื่อในวันที่ 30 ธันวาคม พ.ศ. 2562 สำนักงานสาธารณสุข ประจำสาธารณะรัฐประชาชนจีน ได้ออกประกาศอย่างเป็นทางการเรื่องการพบโรคปอดอักเสบโดยไม่ทราบสาเหตุและมีความเกี่ยวข้องกับตลาดอาหารทะเลที่ขนาดใหญ่ ณ เมืองอู่ฮั่น [1] โดยสาเหตุที่เป็นไปได้มากที่สุดในการติดต่อสู่คนคือการสัมผัสหรือรับประทานเนื้อสัตว์ประเภทต่าง ๆ ภายในตลาดอาหารทะเล เนื่องจากเมืองอู่ฮั่นเป็นเมืองที่มีประชากรอาศัยอยู่เป็นจำนวนมาก จากเหตุการณ์นี้ทำให้พบผู้ติดเชื้อและผู้เสียชีวิตจำนวนมากทำให้ประเทศจีน และองค์การอนามัยโลก (WHO) ได้ประกาศให้โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19) เป็นภาวะฉุกเฉินทางสาธารณสุขระหว่างประเทศ ในวันที่ 30 มกราคม พ.ศ. 2563 หลังจากนั้นได้พบการยืนยันผู้ติดเชื้อในหลายประเทศทั่วโลก [2] ลักษณะการระบาดของโรคพบว่าเป็นการแพร่ระบาดจากคนสู่คนผ่านละอองฝอยขนาดเล็ก จากจมูกหรือปาก ซึ่งขับออกมาจากการไอหรือจาม ระยะทางที่สามารถติดเชื้อได้ประมาณ 1-2 เมตร และยังสามารถติดต่อได้จากการสัมผัสสารคัดหลั่งของผู้ป่วย ซึ่งอาจเกิดจากการสัมผัสนำเชื้อเข้าสู่ร่างกายผ่านทางตา หรือปากได้อีกด้วย ในวันที่ 11 มีนาคม พ.ศ. 2563 องค์การอนามัยโลก ได้ประกาศให้โรคโควิด-19 เป็นโรคระบาดใหญ่ (Coronavirus Pandemic) เนื่องจากมีการรายงานผู้ติดเชื้อโควิด-19 สูงขึ้นทั่วโลก [3]

สำหรับประเทศไทยได้รับผลกระทบจากการแพร่ระบาดโรคโควิด-19 เป็นระยะเวลานานกว่า 3 ถึง 4 ปีที่ผ่านมา โดยประเทศไทยมีประชากรกว่า 66,186,707 คน [4] ซึ่งได้รับผลกระทบจากการแพร่ระบาดโควิด-19 ทำให้เกิดเกิดเหตุการณ์การแพร่ระบาดในหลาย ๆ สถานที่ เช่น การระบาดที่ตลาดกลางกุ้ง จังหวัดสมุทรสาคร การระบาดที่สถานบันเทิง เป็นต้น ได้มีการกลายพันธุ์จากสายพันธุ์เดิม สายพันธุ์อู่ฮั่น เป็นสายพันธุ์อัลฟ่า สายพันธุ์แอฟริกา สายพันธุ์เดลต้า และสายพันธุ์โอมิครอน ที่มีการแพร่ระบาดมากที่สุดในปัจจุบัน โดยทั้งหมดนี้ได้มีการใช้มาตรการในการควบคุมการแพร่ระบาด เช่น การเว้นระยะห่างทางสังคม การสวมหน้ากากอนามัยในที่สาธารณะ และใช้เจลล้างมือ เป็นต้น โดยสถานการณ์การแพร่ระบาด จากการระบาดในระลอกที่ 1 เกิดจากเชื้อสายพันธุ์อู่ฮั่น สำหรับประเทศไทยพบผู้ติดเชื้อตั้งแต่เดือน มกราคม พ.ศ. 2563 จนถึง พฤษภาคม พ.ศ. 2563 มีการใช้มาตรการล้างมือด้วยเจล เว้นระยะห่างทางสังคม สวมใส่หน้ากากอนามัย เป็นต้น ในระลอกที่ 1 พบผู้ติดเชื้อทั้งสิ้น 2,907 ราย ในระลอกที่ 2 เกิดขึ้นในช่วงกลางเดือนธันวาคม พ.ศ. 2563 มีจุดแพร่ระบาดที่ตลาดกลางกุ้ง จังหวัดสมุทรสาคร ซึ่งเป็นที่ที่ประชากรแออัด เนื่องจากเป็นตลาดค้าอาหารทะเลขนาดใหญ่ โดยในระลอกนี้ได้มีการแพร่ระบาดไปยังพื้นที่ใกล้เคียง ใช้ระยะเวลาการแพร่ระบาดในระลอกนี้ประมาณ 4 เดือน ตั้งแต่เดือนธันวาคม พ.ศ. 2563 ถึงมีนาคม พ.ศ. 2564 มีผู้ติดเชื้อทั้งสิ้น 28,863 ราย จำนวนผู้เสียชีวิต 25 ราย [5] ในระลอกที่ 3 เกิดขึ้นในช่วงต้นเดือนมีนาคม ถึง 10 มิถุนายน พ.ศ. 2564 โดยมีคลัสเตอร์สถานบันเทิงย่านทองหล่อ-เอกมัย กรุงเทพมหานคร โดยระลอกนี้เกิดจากสายพันธุ์อัลฟ่ามีจำนวนผู้ติดเชื้อ 158,675 ราย และจำนวนผู้เสียชีวิต 11,073 ราย ในช่วงระลอกที่ 4 เกิดจากสายพันธุ์เดลต้า ซึ่งเป็นสายพันธุ์ที่แพร่เชื้อได้เร็ว มีความรุนแรงมาก และลงปอดได้เร็ว ทำให้จำนวนผู้ติดเชื้อและผู้เสียชีวิตสูงขึ้น ในระลอกที่ 4 มีจำนวนผู้ติดเชื้อจำนวน 2,042,020 ราย และจำนวนผู้เสียชีวิต 21,720 ราย และในระลอกที่ 5 ตั้งแต่วันที่ 3 มกราคม พ.ศ. 2565 เป็นต้นมา ได้มี

การแพร่ระบาดสายพันธุ์โอมิครอน ซึ่งเป็นสายพันธุ์ที่มีการแพร่ระบาดได้รวดเร็วที่สุด แต่ความรุนแรงของการติดเชื้อค่อนข้างน้อย โดยพบผู้ติดเชื้อสายพันธุ์โอมิครอนรายแรกวันที่ 6 ธันวาคม พ.ศ. 2564 หลังจากนั้นพบผู้ติดเชื้อสายพันธุ์โอมิครอนเพิ่มสูงขึ้น และได้แพร่กระจายไปทั่วประเทศในระยะเวลาอันสั้น อย่างไรก็ตามทางภาครัฐได้ออกมาตรการในการควบคุมการแพร่ระบาดของโควิด-19 เช่น มาตรการลดปัจจัยเสี่ยง กิจกรรมที่มีคนจำนวนมาก มาตรการฉีดวัคซีนเพื่อลดความรุนแรงของโรค การรักษาตัวที่บ้าน เป็นต้น จากการแพร่ระบาดโควิด-19 ระลอกที่ 5 ส่งผลให้จำนวนผู้ติดเชื้อสูงถึง 2,232,485 ราย และจำนวนผู้เสียชีวิต 11,033 ราย [6] โดยจำแนกจำนวนผู้ฉีดวัคซีนแต่ละเข็ม ตั้งแต่ วันที่ 1 ตุลาคม พ.ศ. 2565 ได้ดังนี้ เข็ม 1 จำนวน 57,005,497 ราย เข็ม 2 จำนวน 53,486,086 ราย และเข็ม 3 จำนวน 32,143,431 ราย ซึ่งเป็นข้อมูลการแพร่ระบาดโควิด-19 ที่ชัดเจนในปี พ.ศ. 2565 [7]

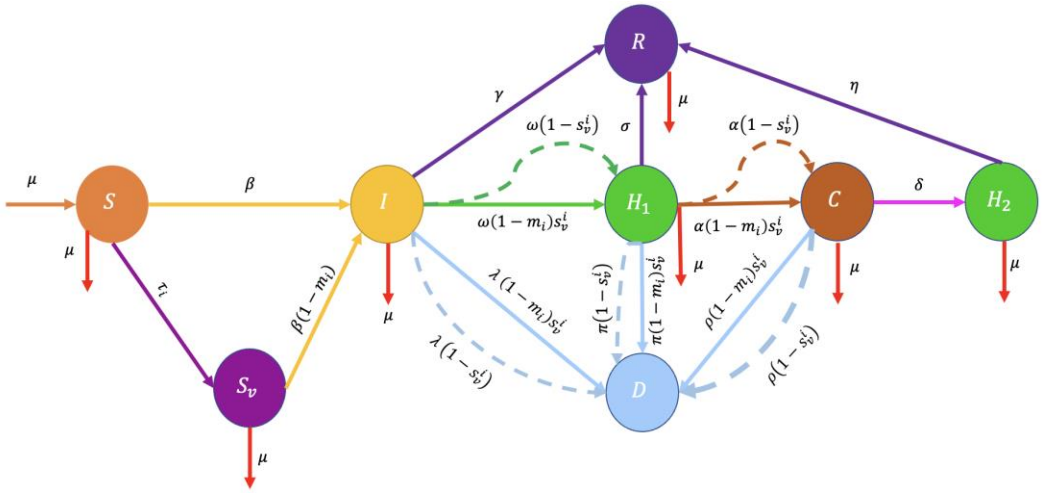
จากที่กล่าวมาข้างต้นจะเห็นว่าการระบาดในระลอกที่ 5 เป็นการระบาดจากสายพันธุ์โอมิครอน ซึ่งเป็นสายพันธุ์ที่มีการแพร่ระบาดอย่างรวดเร็วส่งผลให้มีผู้ติดเชื้อเป็นจำนวนมาก ดังนั้นผู้วิจัยจึงสนใจศึกษาการแพร่ระบาดโรคโควิด-19 ในระลอกที่ 5 โดยงานวิจัยชิ้นนี้ได้เสนอตัวแบบทางคณิตศาสตร์ที่คำนึงถึงกลุ่มประชากรทั้งฉีดวัคซีนและไม่ได้ฉีดวัคซีนร่วมด้วย เพื่อให้สอดคล้องกับกลุ่มประชากรและข้อมูลที่มีทั้งนี้ประชากรที่หายจากการติดเชื้อจะไม่สามารถกลับมาติดเชื้อได้อีก เนื่องจากมีภูมิคุ้มกันหรือต้องใช้เวลานานในการกลับมาเป็นโรคเดิมซ้ำอีก ซึ่งในตัวแบบทางคณิตศาสตร์นี้ได้แบ่งกลุ่มประชากรออกเป็น 8 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มประชากรที่เสี่ยงติดเชื้อ กลุ่มประชากรที่เสี่ยงติดเชื้อที่ได้รับการฉีดวัคซีน กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อ กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาล (อาการรุนแรง) กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อเข้ารับการรักษาในห้อง ICU (อาการวิกฤติ) กลุ่มประชากรที่พักฟื้นหลังจากการรักษาในห้อง ICU กลุ่มประชากรที่หายจากการติดเชื้อ และกลุ่มประชากรที่เสียชีวิตจากการติดเชื้อ การศึกษานี้เพื่อให้ง่ายต่อการวิเคราะห์และทำความเข้าใจผลกระทบของการฉีดวัคซีนเข็มที่ 1 ถึงเข็มที่ 3 ต่อแนวโน้มการลดการแพร่ระบาดโรคโควิด-19 ระลอกที่ 5 ในประเทศไทย โดยการศึกษานี้ได้มีการตรวจสอบความไม่เป็นลบของจำนวนประชากร ตรวจสอบการหาขอบเขตของตัวแบบ คำนวณหาจุดสมดุล คำนวณหาค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน คำนวณหาเสถียรภาพของจุดสมดุล และยังคำนวณหาค่าความอ่อนไหวที่มีผลต่อค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานและกลุ่มผู้ติดเชื้อ

2. วิธีดำเนินการวิจัย

2.1 ตัวแบบทางคณิตศาสตร์

ผู้วิจัยทำการศึกษาตัวแบบทางคณิตศาสตร์ที่เกี่ยวข้องกับการแพร่ระบาดโรคโควิด-19 ได้จากการทบทวนวรรณกรรมที่เกี่ยวข้อง [8]-[15] และได้พัฒนาตัวแบบทางคณิตศาสตร์ของการแพร่ระบาดโรคเชื้อไวรัสโควิด-19 ระลอกที่ 5 ในประเทศไทย โดยเกิดจากการนำตัวแบบทางคณิตศาสตร์ SS_vIHCRD [16] ซึ่งประกอบไปด้วยกลุ่มประชากรที่เสี่ยงติดเชื้อ (S) กลุ่มประชากรที่เสี่ยงติดเชื้อที่ได้รับการฉีดวัคซีน (S_v) กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อ (I) กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาล (อาการรุนแรง: H_1) กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อเข้ารับการรักษาในห้อง ICU (อาการวิกฤติ: C) กลุ่มประชากรที่หายจากการติดเชื้อ (R) และกลุ่มประชากรที่เสียชีวิตจากการติดเชื้อ (D) มาพัฒนาตัวแบบทางคณิตศาสตร์จากตัวแบบดังกล่าว โดยผู้วิจัยได้นำกลุ่มประชากรที่พักฟื้นหลังจากการรักษาในห้อง ICU (H_2) มาพิจารณา และพิจารณาคนที่

ฉีดและไม่ได้ฉีดวัคซีนของกลุ่มประชากรที่ติดเชื้อ (I) กลุ่มประชากรติดเชื้อที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาล (อาการรุนแรง: H_1) กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อเข้ารับการรักษาในห้อง ICU (อาการวิกฤติ: C) และกลุ่มประชากรที่เสียชีวิตจากการติดเชื้อ (D) ซึ่งจากการพัฒนาตัวแบบนี้ทำให้เข้าใจความซับซ้อนของการแพร่ระบาดของโรคมากยิ่งขึ้น เพื่อให้ได้ตัวแบบทางคณิตศาสตร์ที่เข้ากับข้อมูล และสถานการณ์การแพร่ระบาดของโรคในสถานการณ์ปัจจุบันได้มากยิ่งขึ้น โดยตัวแบบทางคณิตศาสตร์ที่ศึกษาคือตัวแบบ $SS_vIH_1CH_2RD$ ประกอบไปด้วยกลุ่มประชากรทั้งหมด 8 กลุ่มประชากร ได้แก่ กลุ่มประชากรที่เสี่ยงติดเชื้อ (S) กลุ่มประชากรที่เสี่ยงติดเชื้อที่ได้รับการฉีดวัคซีน (S_v) กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อ (I) กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาล (อาการรุนแรง: H_1) กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อเข้ารับการรักษาในห้อง ICU (อาการวิกฤติ: C) กลุ่มประชากรที่พักฟื้นหลังจากการรักษาในห้อง ICU (H_2) กลุ่มประชากรที่หายจากการติดเชื้อ (R) และกลุ่มประชากรที่เสียชีวิตจากการติดเชื้อ (D) โดยประชากรทั้งระบบเท่ากับ 66 ล้านคน หรือเป็นสัดส่วนของประชากรทั้งหมดในระบบเท่ากับ 1 ซึ่งไม่พิจารณาการเคลื่อนย้ายของประชากรตามพื้นที่ และเนื่องจากโอกาสหรืออัตราการติดเชื้อซ้ำของโรคโควิด-19 มีค่าน้อยมาก [17] ผู้วิจัยจึงสมมติให้ประชากรมีภูมิคุ้มกัน (Immune) กล่าวคือกลุ่มที่หายจากการติดเชื้อไม่สามารถกลับมาติดเชื้อได้ แสดงให้เห็นดังรูปที่ 1



รูปที่ 1. แผนภาพตัวแบบ $SS_vIH_1CH_2RD$

จากรูปที่ 1 แสดงตัวแบบ $SS_vIH_1CH_2RD$ ที่แสดงการเปลี่ยนแปลงกลุ่มประชากรตามช่วงเวลา ซึ่งจำนวนการเกิดของปี พ.ศ. 2564 มีค่าเท่ากับ 544,570 คน และจำนวนการเสียชีวิตของปี พ.ศ. 2564 มีค่าเท่ากับ 563,650 คน [18] ซึ่งมีความใกล้เคียงกัน ผู้วิจัยจึงกำหนดให้อัตราการเกิดและอัตราการเสียชีวิตเท่ากัน และในตัวแบบนี้ประชากรทั้งหมดมีสัดส่วนเท่ากับ 1 โดยเริ่มจากกลุ่มประชากร S จะมีประชากรเข้าสู่ระบบด้วยอัตราการเกิด μ โดยกลุ่มประชากร S มีการเปลี่ยนสถานะได้ 2 สถานะดังนี้ 1) เปลี่ยนสถานะไปยังกลุ่ม S_v หากประชากรได้รับการฉีดวัคซีนด้วยอัตรา τ_i โดยที่ τ_i คืออัตราการฉีดวัคซีน เมื่อ $i = 1$ แสดงว่าฉีดวัคซีน 1 เข็ม $i = 2$ แสดงว่าฉีดวัคซีน 2 เข็ม และ $i = 3$ แสดงว่าฉีดวัคซีน 3 เข็ม 2) เปลี่ยน

สถานะไปยังกลุ่ม I หากกลุ่มประชากร S มีการติดเชื้อ ด้วยอัตราการแพร่เชื้อ β โดยกลุ่ม S จะมีการออกจากระบบด้วยอัตราการเสียชีวิตโดยธรรมชาติ μ โดยที่กลุ่มประชากร S_v จะมีการเปลี่ยนสถานะไปยังกลุ่ม I เมื่อกลุ่ม S_v ได้รับการแพร่เชื้อด้วยอัตรา $(1-m_i)\beta$ โดยที่ m_i คือ ประสิทธิภาพวัคซีนเข็มที่ i โดยกลุ่ม S_v จะมีการออกจากระบบด้วยอัตราการเสียชีวิตโดยธรรมชาติ μ ซึ่งในกลุ่มประชากร I มีการเปลี่ยนสถานะได้ 3 สถานะดังนี้ 1) เปลี่ยนสถานะไปยังกลุ่ม R ด้วยอัตรา γ เมื่อหายจากการติดเชื้อ 2) เปลี่ยนสถานะไปยังกลุ่ม H_1 โดยกลุ่มที่ได้รับวัคซีนที่พบว่าติดเชื้อและมีอาการรุนแรงจะเข้ารับการรักษาที่โรงพยาบาลด้วยอัตรา $\omega(1-m_i)s_v^i$ โดยที่ ω คืออัตราการเข้ารับการรักษาที่โรงพยาบาล และ s_v^i คือ สัดส่วนประชากรที่ฉีดวัคซีนเข็มที่ i ส่วนกลุ่มประชากรที่ไม่ได้รับวัคซีนที่พบว่ามีการติดเชื้อและอาการรุนแรงจะเข้ารับการรักษาที่โรงพยาบาลด้วยอัตรา $\omega(1-s_v^i)$ 3) เปลี่ยนสถานะไปยังกลุ่ม D ด้วยอัตรา λ โดยที่ λ คือ อัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อ หากกลุ่มประชากรที่ได้รับวัคซีนและเสียชีวิต จะย้ายไปกลุ่ม D ด้วยอัตรา $\lambda(1-m_i)S_v^i$ ส่วนประชากรที่ไม่ได้รับวัคซีนและเสียชีวิต จะย้ายไปกลุ่ม D ด้วยอัตรา $\lambda(1-s_v^i)$ โดยกลุ่ม I จะมีการออกจากระบบด้วยอัตราการเสียชีวิตโดยธรรมชาติ μ และกลุ่มประชากร H_1 มีการเปลี่ยนสถานะได้ 3 สถานะดังนี้ 1) เปลี่ยนสถานะไปยังกลุ่ม R ด้วยอัตรา σ เมื่อหายจากการติดเชื้อ โดย σ คือ อัตราการหายจากการติดเชื้อในขณะที่เข้ารับการรักษาที่โรงพยาบาล 2) เปลี่ยนสถานะไปยังกลุ่ม C ด้วยอัตรา α โดยที่ α คือ อัตราการเข้ารับการรักษาที่ห้อง ICU หากกลุ่มประชากรที่ได้รับวัคซีนพบว่าติดเชื้อและมีอาการวิกฤติจะต้องเข้ารับการรักษาในห้อง ICU จะย้ายไปกลุ่ม C ด้วยอัตรา $\alpha(1-m_i)S_v^i$ ส่วนประชากรที่ไม่ได้รับวัคซีน พบว่าติดเชื้อและมีอาการวิกฤติเกิดจะต้องเข้ารับการรักษาในห้อง ICU จะย้ายไปยังกลุ่ม C ด้วยอัตรา $\alpha(1-s_v^i)$ 3) เปลี่ยนสถานะไปยังกลุ่ม D ด้วยอัตรา π โดยที่ π คือ อัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อในระหว่างที่เข้ารับการรักษาที่โรงพยาบาล หากกลุ่มประชากรที่ได้รับวัคซีนพบว่าเสียชีวิตจากการติดเชื้อจะย้ายไปกลุ่ม D ด้วยอัตรา $\pi(1-m_i)S_v^i$ ส่วนประชากรที่ไม่ได้รับวัคซีนแล้วพบว่าเสียชีวิต จะย้ายไปกลุ่ม D ด้วยอัตรา $\pi(1-s_v^i)$ โดยกลุ่ม H_1 จะมีการออกจากระบบด้วยอัตราการเสียชีวิตโดยธรรมชาติ μ และกลุ่มประชากร C จะมีการเปลี่ยนสถานะอยู่ 2 สถานะประกอบไปด้วย 1) เปลี่ยนสถานะไปยังกลุ่ม D ด้วยอัตรา ρ โดยที่ ρ คือ อัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อในระหว่างที่เข้ารับการรักษาที่ห้อง ICU หากประชากรที่ได้รับวัคซีนจะย้ายไปกลุ่ม D ด้วยอัตรา $\rho(1-m_i)S_v^i$ ส่วนกลุ่มประชากรที่ไม่ได้รับวัคซีนพบว่าเสียชีวิตจะย้ายไปกลุ่ม D ด้วยอัตรา $\rho(1-s_v^i)$ 2) เปลี่ยนสถานะไปยังกลุ่มประชากรกลุ่ม H_2 เมื่อฟักฟื้นจากการรักษาที่ห้อง ICU ด้วยอัตรา δ โดยที่ δ คือ อัตราการฟักฟื้นจากการรักษาที่ห้อง ICU โดยกลุ่ม C จะมีการออกจากระบบด้วยอัตราการเสียชีวิตโดยธรรมชาติ μ นอกจากนั้นกลุ่มประชากร H_2 จะเปลี่ยนสถานะไปยังกลุ่ม R ด้วยอัตรา η โดยที่ η คือ อัตราการหายจากการติดเชื้อในขณะที่พักฟื้นที่โรงพยาบาล โดยกลุ่ม H_2 จะมีการออกจากระบบด้วยอัตราการเสียชีวิตโดยธรรมชาติ μ และกลุ่มประชากร R มีการเพิ่มประชากรด้วยอัตรา γ จากกลุ่ม I และเพิ่มประชากรในกลุ่มด้วยอัตรา σ จากกลุ่ม H_1 และเพิ่มประชากรในกลุ่มด้วยอัตรา η จากกลุ่ม H_2 ซึ่งจะมีการออกจากระบบด้วยอัตราการเสียชีวิตโดยธรรมชาติ μ และกลุ่มสุดท้ายกลุ่ม D มีการเพิ่มประชากรด้วยอัตรา λ จากกลุ่ม I ทั้งจากฉีดวัคซีนและไม่ฉีดวัคซีน และเพิ่มประชากรในกลุ่มด้วยอัตรา π จากกลุ่ม H_1 ทั้งจากฉีดวัคซีนและไม่ฉีดวัคซีน และเพิ่มประชากรในกลุ่มด้วยอัตรา ρ จากกลุ่ม H_2 ทั้งจากฉีดวัคซีนและไม่ฉีดวัคซีนซึ่งแสดงให้เห็นในรูปแบบของระบบสมการคณิตศาสตร์ ดังนี้

$$\frac{dS(t)}{dt} = \mu - \tau_i S(t) - \mu S(t) - \beta S(t) I(t) \quad (1)$$

$$\frac{dS_v(t)}{dt} = \tau_i S(t) - \mu S_v(t) - \beta(1 - m_i) S_v(t) I(t) \quad (2)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t) I(t) + \beta(1 - m_i) S_v(t) I(t) - (\lambda(1 - m_i) s_v^i + \lambda(1 - s_v^i) + \omega(1 - m_i) s_v^i + \omega(1 - s_v^i) + \gamma + \mu) I(t) \quad (3)$$

$$\frac{dH_1(t)}{dt} = (\omega(1 - m_i) s_v^i + \omega(1 - s_v^i)) I(t) - (\pi(1 - m_i) s_v^i + \pi(1 - s_v^i) + \alpha(1 - m_i) s_v^i + \alpha(1 - s_v^i) + \sigma + \mu) H_1(t) \quad (4)$$

$$\frac{dC(t)}{dt} = (\alpha(1 - m_i) s_v^i + \alpha(1 - s_v^i)) H_1(t) - (\rho(1 - m_i) s_v^i + \rho(1 - s_v^i) + \delta + \mu) C(t) \quad (5)$$

$$\frac{dH_2(t)}{dt} = \delta C(t) - (\eta + \mu) H_2(t) \quad (6)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) + \sigma H_1(t) + \eta H_2(t) - \mu R(t) \quad (7)$$

$$\frac{dD(t)}{dt} = (\lambda(1 - m_i) s_v^i + \lambda(1 - s_v^i)) I(t) + (\pi(1 - m_i) s_v^i + \pi(1 - s_v^i)) H_1(t) + (\rho(1 - m_i) s_v^i + \rho(1 - s_v^i)) C(t) \quad (8)$$

ที่ $N(t) = S(t) + S_v(t) + I(t) + H_1(t) + I(t) + H_2(t) + R(t) + D(t) = 1$

จากรูปแบบของระบบสมการคณิตศาสตร์สามารถเขียนความสัมพันธ์ของแต่ละกลุ่มประชากรได้เป็นสมการเชิงอนุพันธ์ไม่เชิงเส้น ดังสมการที่ (1)–(8) สามารถอธิบายได้ดังนี้ เนื่องจากตัวแบบ $SS_vIH_1CH_2RD$ เป็นระบบเปิด มีการเปลี่ยนแปลงอยู่ตลอด โดยสมการที่ (1) จะอธิบายการเปลี่ยนแปลงของ $S(t)$ ต่อหน่วยเวลา ซึ่งมีจำนวนประชากรเข้ากลุ่มด้วยอัตรา μ และมีจำนวนประชากรที่ออกจากกลุ่ม S จากการเปลี่ยนกลุ่มไปยัง S_v ด้วยอัตรา τ_i เปลี่ยนกลุ่มไปยัง I ด้วยอัตรา β จากการปฏิสัมพันธ์ระหว่างกลุ่ม S และกลุ่ม I และสุดท้ายออกจากกลุ่ม S ด้วยอัตรา μ สมการที่ (2) จะอธิบายการเปลี่ยนแปลงของ $S_v(t)$ ต่อหน่วยเวลา ซึ่งมีจำนวนประชากรเข้ากลุ่มด้วยอัตรา τ_i และมีจำนวนประชากรที่ออกจากกลุ่ม S_v จากการเปลี่ยนกลุ่มไปยัง I ด้วยอัตรา β จากการปฏิสัมพันธ์ระหว่างกลุ่ม S_v และกลุ่ม I ซึ่งมีการป้องกันด้วยประสิทธิภาพฉีดวัคซีน $1 - m_i$ และจะมีการออกจากกลุ่ม S_v ด้วยอัตรา μ สมการที่ (3) จะอธิบายการเปลี่ยนแปลงของ $I(t)$ ต่อหน่วยเวลา ซึ่งมีจำนวนประชากรเข้ากลุ่มด้วยอัตรา β จากการมีปฏิสัมพันธ์ระหว่างกลุ่ม S, S_v และกลุ่ม I และมีจำนวนประชากรที่ออกจากกลุ่ม I จากการเปลี่ยนกลุ่มไปยัง R ด้วยอัตรา γ เปลี่ยนกลุ่มไปยัง H_1 ด้วยอัตรา ω ซึ่งมีทั้งคนที่ฉีดวัคซีน s_v^i และไม่ได้ฉีดวัคซีน $(1 - s_v^i)$ โดยคนที่ฉีดวัคซีนจะมีการป้องกันด้วยประสิทธิภาพวัคซีน $(1 - m_i)$ และเปลี่ยนกลุ่มไปยัง D ด้วยอัตรา λ ซึ่งมีทั้งคนที่ฉีดวัคซีน s_v^i และไม่ได้ฉีดวัคซีน $(1 - s_v^i)$ โดยคนที่ฉีดวัคซีนจะมีการป้องกันด้วยประสิทธิภาพวัคซีน $(1 - m_i)$ และจะมีการ

ออกจากกลุ่ม I ด้วยอัตรา μ สมการที่ (4) จะอธิบายการเปลี่ยนแปลงของ $H_1(t)$ ต่อหน่วยเวลา ซึ่งมีจำนวนประชากรเข้ากลุ่มด้วยอัตรา ω จากกลุ่ม I ทั้งคนที่ฉีดและไม่ได้ฉีดวัคซีนและมีจำนวนประชากรที่ออกจากกลุ่ม H_1 จากการเปลี่ยนกลุ่มไปยัง R ด้วยอัตรา σ เปลี่ยนกลุ่มไปยัง C ด้วยอัตรา α ซึ่งมีทั้งคนที่ฉีดวัคซีน s_v^i และไม่ได้ฉีดวัคซีน $(1-s_v^i)$ โดยคนที่ฉีดวัคซีนจะมีการป้องกันด้วยประสิทธิภาพวัคซีน $(1-m_i)$ และเปลี่ยนกลุ่มไปยัง D ด้วยอัตรา π ซึ่งมีทั้งคนที่ฉีดวัคซีน s_v^i และไม่ได้ฉีดวัคซีน $(1-s_v^i)$ โดยคนที่ฉีดวัคซีนจะมีการป้องกันด้วยประสิทธิภาพวัคซีน $(1-m_i)$ และจะมีการออกจากกลุ่ม H_1 ด้วยอัตรา μ สมการที่ (5) จะอธิบายการเปลี่ยนแปลงของ $C(t)$ ต่อหน่วยเวลา ซึ่งมีจำนวนประชากรเข้ากลุ่มด้วยอัตรา α จากกลุ่ม H_1 ทั้งคนที่ฉีดและไม่ได้ฉีดวัคซีนและมีจำนวนประชากรที่ออกจากกลุ่ม C จากการเปลี่ยนกลุ่มไปยัง H_2 ด้วยอัตรา δ และเปลี่ยนกลุ่มไปยัง D ด้วยอัตรา ρ ซึ่งมีทั้งคนที่ฉีดวัคซีน s_v^i และไม่ได้ฉีดวัคซีน $(1-s_v^i)$ โดยคนที่ฉีดวัคซีนจะมีการป้องกันด้วยประสิทธิภาพวัคซีน $(1-m_i)$ และจะมีการออกจากกลุ่ม C ด้วยอัตรา μ สมการที่ (6) จะอธิบายการเปลี่ยนแปลงของ $H_2(t)$ ต่อหน่วยเวลา ซึ่งมีจำนวนประชากรเข้ากลุ่มด้วยอัตรา δ จากกลุ่ม C และมีจำนวนประชากรที่ออกจากกลุ่ม H_2 จากการเปลี่ยนกลุ่มไปยัง R ด้วยอัตรา η และจะมีการออกจากกลุ่ม H_2 ด้วยอัตรา μ สมการที่ (7) จะอธิบายการเปลี่ยนแปลงของ $R(t)$ ต่อหน่วยเวลา ซึ่งมีจำนวนประชากรเข้ากลุ่มด้วยอัตรา γ จากกลุ่ม I อัตรา σ จากกลุ่ม H_1 และอัตรา η จากกลุ่ม H_2 ซึ่งจะมีการออกจากกลุ่ม R ด้วยอัตรา μ และสมการที่ (8) จะอธิบายการเปลี่ยนแปลงของ $D(t)$ ต่อหน่วยเวลา ซึ่งมีจำนวนประชากรเข้ากลุ่มด้วยอัตรา λ จากกลุ่ม I อัตรา π จากกลุ่ม H_1 และอัตรา ρ จากกลุ่ม C ทั้งคนที่ฉีดวัคซีน s_v^i และไม่ได้ฉีดวัคซีน $(1-s_v^i)$ โดยคนที่ฉีดวัคซีนจะมีการป้องกันด้วยประสิทธิภาพวัคซีน $(1-m_i)$ ซึ่งแสดงค่าตัวแปรและพารามิเตอร์ให้เห็นดังตารางที่ 1 และ 2

ตารางที่ 1. คำอธิบายตัวแปรของระบบสมการ

ตัวแปร	คำอธิบาย	หน่วย
S	กลุ่มประชากรที่เสี่ยงติดเชื้อ	คน
S_v	กลุ่มประชากรที่เสี่ยงติดเชื้อที่ได้รับวัคซีน	คน
I	กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อ (อาการไม่รุนแรง)	คน
H_1	กลุ่มประชากรที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาล (อาการรุนแรง)	คน
C	กลุ่มประชากรที่เข้ารับการรักษาในห้อง ICU (อาการวิกฤต)	คน
H_2	กลุ่มประชากรที่พักฟื้นจากการรักษาที่ห้อง ICU ในโรงพยาบาล	คน
R	กลุ่มประชากรที่หายจากการติดเชื้อ	คน
D	กลุ่มประชากรที่เสียชีวิตจากการติดเชื้อ	คน

ตารางที่ 2. คำอธิบายพารามิเตอร์ของระบบสมการ

พารามิเตอร์	คำอธิบาย	หน่วย
μ	อัตราการเกิดของประชากร และอัตราการเสียชีวิตโดยธรรมชาติของประชากร	ต่อวัน
τ_i	อัตราการฉีดวัคซีนเข็มที่ i โดยที่ $i = 1,2,3$	ต่อวัน
β	อัตราการแพร่เชื้อ	ต่อวัน
γ	อัตราการหายจากการติดเชื้อ	ต่อวัน
σ	อัตราการหายจากการติดเชื้อในขณะที่เข้ารับการรักษาที่โรงพยาบาล	ต่อวัน
η	อัตราการหายจากการติดเชื้อในขณะที่พักฟื้นที่โรงพยาบาล	ต่อวัน
δ	อัตราการฟักฟื้นจากการรักษาที่ห้อง ICU	ต่อวัน
ω	อัตราการเข้ารับการรักษาที่โรงพยาบาล	ต่อวัน
λ	อัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อ	ต่อวัน
π	อัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อในระหว่างที่เข้ารับการรักษาที่โรงพยาบาล	ต่อวัน
ρ	อัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อในระหว่างที่เข้ารับการรักษาที่ห้อง ICU	ต่อวัน
α	อัตราการเข้ารับการรักษาที่ห้อง ICU	ต่อวัน
m_i	ประสิทธิภาพวัคซีนในการป้องกันโรคโควิด-19 เข็มที่ i โดยที่ $i = 1,2,3$	เปอร์เซ็นต์
s_v^i	สัดส่วนประชากรที่ฉีดวัคซีนเข็มที่ i โดยที่ $i = 1,2,3$	-

2.2 การตรวจสอบความไม่เป็นลบของจำนวนประชากร

เนื่องจากจำนวนประชากรในแต่ละกลุ่มประชากรไม่ควรเป็นลบในทุกช่วงเวลา ดังนั้นการพิสูจน์ว่าประชากรของตัวแบบ $SS_vIH_1CH_2RD$ ไม่เป็นลบ จึงมีความจำเป็นสำหรับการนำตัวแบบนี้ไปใช้จริง ซึ่งฟังก์ชันของจำนวนประชากรมีความต่อเนื่องและหาอนุพันธ์ได้จากสมการที่ (1)–(8) โดยผู้วิจัยได้ทำการตรวจสอบความไม่เป็นลบของจำนวนประชากร โดยที่ t คือ เวลา ถ้าค่าเริ่มต้นของแบบจำลอง $S(0) > 0, S_v(0) > 0, I(0) > 0, H_1(0) > 0, C(0) > 0, H_2(0) > 0, R(0) > 0, D(0) > 0$ แล้วจะได้ว่า $\{S(t), S_v(t), I(t), H_1(t), C(t), H_2(t), R(t), D(t)\} > 0$ สำหรับทุก $t \geq 0$ เมื่อกำหนดให้

$$D = \{(S, S_v, I, H_1, C, H_2, R, D) \in \mathbb{R}_+^8 : S + S_v + I + H_1 + C + H_2 + R + D = N\}$$

พิสูจน์ ให้ $N = S + S_v + I + H_1 + C + H_2 + R + D$

แล้ว $\frac{dN}{dt} = \frac{dS}{dt} + \frac{dS_v}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dH_1}{dt} + \frac{dC}{dt} + \frac{dH_2}{dt} + \frac{dR}{dt} + \frac{dD}{dt}$ และ $\frac{dN}{dt} = \mu - \mu N(t) = 0$ โดย $N(t) = 1$

จะเห็นว่าคำตอบของระบบสมการที่ (1)–(8) เข้าใกล้ D ดังนั้น D เป็นค่าคงตัวในทางบวก และคำตอบของระบบสมการที่ (1)–(8) มีขอบเขต การพิสูจน์เห็นได้ว่าคำตอบของระบบสมการที่ (1)–(8) ไม่เป็นลบและมีขอบเขต

2.3 การหาขอบเขตของตัวแบบ (Invariant Region)

ในหัวข้อนี้ ผู้วิจัยได้ทำการวิเคราะห์การหาขอบเขตของตัวแบบ (Invariant Region) โดยเงื่อนไขเริ่มต้น $S(0) > 0, S_v(0) \geq 0, I(0) \geq 0, H_1(0) \geq 0, C(0) \geq 0, H_2(0) \geq 0, R(0) \geq 0, D(0) \geq 0$ จากสมการที่ (1)–(8) ทำให้ได้ขอบเขตค่าคงที่ของตัวแบบที่อยู่ในรูป

$$\Omega = \{\big(S(t), S_v(t), I(t), H_1(t), C(t), H_2(t), R(t), D(t)\big) \in \mathbb{R}_+^8 : N(t) \leq 1\}$$

พิสูจน์ พิจารณากลุ่มประชากรที่ เมื่อ $N(t) = S(t) + S_v(t) + I(t) + H_1(t) + C(t) + H_2(t) + R(t) + D(t)$ และจากสมการที่ (1)–(8) พบว่า

$$\begin{aligned}
\frac{dN(t)}{dt} &= \frac{dS(t)}{dt} + \frac{dS_v(t)}{dt} + \frac{dI(t)}{dt} + \frac{dH_1(t)}{dt} + \frac{dC(t)}{dt} + \frac{dH_2(t)}{dt} + \frac{dC(t)}{dt} + \frac{dD(t)}{dt} \\
&= [\mu - \tau_i S(t) - \mu S(t) - \beta S(t) I(t)] + [\tau_i S(t) - \mu S_v(t) - \beta(1 - m_i) S_v(t) I(t)] \\
&\quad + \big[\beta S(t) I(t) + \beta(1 - m_i) S_v(t) I(t) \\
&\quad - \big(\lambda(1 - m_i) s_v^i + \lambda\big(1 - s_v^i\big) + \omega(1 - m_i) s_v^i + \omega\big(1 - s_v^i\big) + \gamma \\
&\quad + \mu\big) I(t)\big] \\
&\quad + \Big[\Big(\omega(1 - m_i) s_v^i + \omega\big(1 - s_v^i\big)\Big) I(t) \\
&\quad - \big(\pi(1 - m_i) s_v^i + \pi\big(1 - s_v^i\big) + \alpha(1 - m_i) s_v^i + \alpha\big(1 - s_v^i\big) + \sigma \\
&\quad + \mu\big) H_1(t)\Big] \\
&\quad + \Big[\Big(\alpha(1 - m_i) s_v^i + \alpha\big(1 - s_v^i\big)\Big) H_1(t) \\
&\quad - \big(\rho(1 - m_i) s_v^i + \rho\big(1 - s_v^i\big) + \delta + \mu\big) C(t)\Big] + [\delta C(t) - (\eta + \mu) H_2(t)] \\
&\quad + [\gamma I + \sigma H_1(t) + \eta H_2(t) - \mu R(t)] \\
&\quad + \Big[\Big(\lambda(1 - m_i) s_v^i + \lambda\big(1 - s_v^i\big)\Big) I(t) \\
&\quad + \Big(\pi(1 - m_i) s_v^i + \pi\big(1 - s_v^i\big)\Big) H_1(t) \\
&\quad + \Big(\rho(1 - m_i) s_v^i + \rho\big(1 - s_v^i\big)\Big) C(t)\Big] \\
&= \mu - \mu\big(S(t) + S_v(t) + I(t) + H_1(t) + C(t) + H_2(t) + R(t)\big)
\end{aligned}$$

$$\frac{dN(t)}{dt} \leq \mu - \mu N(t)$$

พิจารณา

$$\frac{dN(t)}{dt} + \mu N(t) \leq \mu \qquad (9)$$

สมการที่ (9) เป็นสมการเชิงเส้นที่ $p(t) = \mu$ และ $q(t) = \mu$

จากสูตรประกอบปริพันธ์ $P(x) = e^{\int p(x)dx}$ จะได้ตัวประกอบปริพันธ์สำหรับสมการเชิงเส้น คือ

$$P(t) = e^{\int \mu dt} = e^{\mu t}$$

นำตัวประกอบปริพันธ์ $P(t) = e^{\mu t}$ คูณตลอดทั้งสมการเชิงเส้นสมการที่ (9)

$$\frac{dN(t)}{dt} + \mu N(t) \leq \mu$$

จะได้

$$(e^{\mu t})\frac{dN(t)}{dt} + (e^{\mu t})\mu N(t) \leq (e^{\mu t})\mu$$

และเนื่องจากพจน์ฝั่งซ้ายมือของสมการเท่ากับ $\frac{d}{dt}[P(t)N(t)]$ จึงจะได้

$$\frac{d}{dt}[P(t)N(t)] \leq (e^{\mu t})\mu$$

ทำการแยกตัวแปรสมการข้างต้น จะได้

$$d[P(t)N(t)] \leq (e^{\mu t})\mu dt$$

ทำการหาปริพันธ์ทั้งสองฝั่งของสมการ จะได้

$$\int d[P(t)N(t)] \leq \int \mu(e^{\mu t})dt$$

โดยที่ c เป็นค่าคงตัวใด ๆ นั่นคือ

$$P(t)N(t) \leq e^{\mu t} + c$$

ดังนั้น

$$P(t)N(t) \leq e^{\mu t} + c$$

หรือ

$$N(t) \leq \frac{1}{e^{\mu t}}[e^{\mu t} + c]$$

เพราะฉะนั้น ผลเฉลยสมการทั่วไปของสมการเชิงเส้น คือ

$$N(t) \leq 1 + ce^{-\mu t}$$

เนื่องจาก $N(t) = N(0)$ ที่ $t = 0$ จะได้

$$N(t) \leq 1 + c_1 e^{-\mu t}$$

$$N(0) \leq 1 + c_1 e^{-\mu t}$$

$$c_1 \leq N(0) - 1$$

ดังนั้น จะได้ผลเฉลยเฉพาะของสมการที่ (9) คือ

$$N(t) \leq 1 + (N(0) - 1)e^{-\mu t}$$

นอกจากนี้จะเห็นได้ว่า $N(t) \to 1$ เมื่อ $t \to \infty, e^{-\mu t} \to 0$ ดังนั้นเซตของผลเฉลยที่เป็นไปได้ของสมการที่ (1)–(8) จะอยู่ในบริเวณ

$$\Omega = \{\big(S(t), S_v(t), I(t), H_1(t), C(t), H_2(t), R(t), D(t)\big) \in \mathbb{R}_+^8 : N(t) \leq 1\}$$

2.4 การหาจุดสมดุล (Equilibrium point)

การหาจุดสมดุลเป็นการหาเป็นจุดหรือสถานะที่ประชากรทุกกลุ่มมีความคงที่ซึ่งค่าที่ได้ไม่ได้เปลี่ยนไปตามเวลา โดยที่จุดสมดุลของระบบมี 2 จุด คือ

1. จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค (Disease Free Equilibrium point: DFE) เป็นจุดสมดุลการแพร่ระบาด ณ จุดที่ไม่มีจำนวนผู้ติดเชื้อในระบบ
2. จุดสมดุลภายใต้สภาวะการแพร่ระบาด (Endemic Equilibrium Point: EE) เป็นจุดสมดุลการแพร่ระบาด ณ จุดที่ยังมีจำนวนผู้ติดเชื้อในระบบ

การหาจุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรคและจุดสมดุลภายใต้สภาวะการแพร่ระบาด พิจารณาหาผลเฉลยของตัวแบบโดยการกำหนดให้สมการที่ (1)-(8) มีค่าเท่ากับศูนย์ ซึ่งกำหนดให้ $\mu, \tau_i, \beta, \gamma, \sigma, \eta, \delta, \omega, \lambda, \pi, \rho, \alpha > 0$ และ $0 < m_i, s_v^i < 1$ จะได้สมการที่ (10)–(17) ดังนี้

$$0 = \mu - \tau_i S(t) - \mu S(t) - \beta S(t) I(t) \tag{10}$$

$$0 = \tau_i S(t) - \mu S_v(t) - \beta(1 - m_i) S_v(t) I(t) \tag{11}$$

$$0 = \beta S(t) I(t) + \beta(1 - m_i) S_v(t) I(t) - (\lambda(1 - m_i) s_v^i + \lambda(1 - s_v^i) + \omega(1 - m_i) s_v^i + \omega(1 - s_v^i) + \gamma + \mu) I(t) \tag{12}$$

$$0 = (\omega(1 - m_i) s_v^i + \omega(1 - s_v^i)) I(t) - (\pi(1 - m_i) s_v^i + \pi(1 - s_v^i) + \alpha(1 - m_i) s_v^i + \alpha(1 - s_v^i) + \sigma + \mu) H_1(t) \tag{13}$$

$$0 = (\alpha(1 - m_i) s_v^i + \alpha(1 - s_v^i)) H_1(t) - (\rho(1 - m_i) s_v^i + \rho(1 - s_v^i) + \delta + \mu) C(t) \tag{14}$$

$$0 = \delta C(t) - (\eta + \mu) H_2(t) \tag{15}$$

$$0 = \gamma I(t) + \sigma H_1(t) + \eta H_2(t) - \mu R(t) \tag{16}$$

$$0 = (\lambda(1 - m_i) s_v^i + \lambda(1 - s_v^i)) I(t) + (\pi(1 - m_i) s_v^i + \pi(1 - s_v^i)) H_1(t) + (\rho(1 - m_i) s_v^i + \rho(1 - s_v^i)) C(t) \tag{17}$$

ทำการหาจุดสมดุลทั้งสองจุด ดังนี้

1. จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค

$$E_{DFE} = \left(S_0^*, S_{v_0}^*, H_{1_0}^*, I_0^*, H_{2_0}^*, C_0^*, R_0^*, D_0^*\right)$$

พิจารณา สมการที่ (10)–(17) ณ จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรคจะไม่มีจำนวนผู้ติดเชื้อในระบบจึงไม่มีประชากรในระบบนอกจากกลุ่มประชากร S และ S_v จะแทนค่าในสมการได้ดังนี้ $S(t) = S_0^*$, $S_v(t) = S_{v_0}^*$, $I(t) = 0$, $H_1(t) = 0$, $C(t) = 0$, $H_2(t) = 0$, $R(t) = 0$, $D(t) = 0$ ทำให้ได้สมการที่ (12)–(17) เท่ากับ 0 และจากการแก้สมการที่ (10) และ (11) จะได้ $0 = \mu - \tau_i S_0^* - \mu S_0^*$ และ $0 = \tau_i S_0^* - \mu S_{v_0}^*$ ทำให้ได้ผลเฉลย $S_0^*, S_{v_0}^*$ เท่ากับ $S_0^* = \frac{\mu}{\mu + \tau_i}, S_{v_0}^* = \frac{\tau_i}{\mu + \tau_i}$ ตามลำดับ

ดังนั้น $E_{DFE} = \left(S_0^*, S_{v_0}^*, I_0^*, H_{1_0}^*, C_0^*, H_{2_0}^*, R_0^*, D_0^*\right) = \left(\frac{\mu}{\mu + \tau_i}, \frac{\tau_i}{\mu + \tau_i}, 0,0,0,0,0,0\right)$

2. จุดสมดุลในสภาวะการแพร่ระบาด

$$E_{EE} = (S^*, S_v^*, I^*, H_1^*, C^*, H_2^*, R^*, D^*)$$

ทำการแก้ระบบสมการที่ (11)–(17) จะได้

$$S^* = \frac{\mu}{\tau_i + \mu + \beta I^*}$$

$$S_v^* = \frac{\tau_i S^*}{\mu + \beta(1-m_i)I^*}$$

$$I^* = \frac{-B + \sqrt{B^2 - 4AC}}{2A} \; ; B^2 - 4AC \geq 0$$

$$H_1^* = \frac{\left(\omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i)\right) I^*}{\pi(1-m_i)s_v^i + \pi(1-s_v^i) + \alpha(1-m_i)s_v^i + \alpha(1-s_v^i) + \sigma + \mu}$$

$$C^* = \frac{(\alpha(1-m_i)s_v^i + \alpha(1-s_v^i))H_1^*}{\rho(1-m_i)s_v^i + \rho(1-s_v^i) + \delta + \mu}$$

$$H_2^* = \frac{\delta C^*}{\eta + \mu}$$

$$R^* = \frac{\gamma I^* + \sigma H_1^* + \eta H_2^*}{\mu}$$

$$D^* = 1 - (S^* + S_v^* + I^* + H_1^* + C^* + H_2^* + R^*)$$

เมื่อ

$$A = \beta^2 K(1-m_i)$$

$$B = -\beta^2\mu(1-m_i) + \beta\mu K + \beta K(1-m_i)(\tau_i + \mu)$$

$$C = -\beta\mu^2 - \beta(1-m_i)\tau_i\mu + \tau_i\mu K + \mu^2 K$$

และ $K = \lambda(1-m_i)s_v^i + \lambda(1-s_v^i) + \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i) + \gamma + \mu$

2.5 การหาค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic Reproduction Number)

การหาค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน คือ จำนวนผู้ติดเชื้อเฉลี่ยของผู้ติดเชื้อรายใหม่ในประชากรที่ไม่มีภูมิคุ้มกัน ที่เกิดจากผู้ป่วยรายแรกที่แพร่เชื้อให้ โดยค่า R_0 สามารถแบ่งระดับการระบาดได้ 3 ระดับ ดังนี้

1. ถ้า $R_0 > 1$ แสดงว่า โรคมีการระบาด
2. ถ้า $R_0 = 1$ แสดงว่า โรคเริ่มเสถียร
3. ถ้า $R_0 < 1$ แสดงว่า โรคไม่มีการระบาด

ผู้วิจัยทำการคำนวณค่า R_0 โดยใช้วิธี next-generation matrix ในการหาค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน [19] จากสมการ ดังนี้

$$R_0 = \rho(FV^{-1})$$

ในที่นี้ ผู้วิจัยทำการพิจารณากลุ่มประชากรที่ติดเชื้อ ซึ่งได้แก่ กลุ่ม I (กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อ) กลุ่ม H_1 (กลุ่มประชากรที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาลอาการรุนแรง) กลุ่ม C (กลุ่มประชากรที่เข้ารับการรักษาในห้อง ICU อาการวิกฤติ) และกลุ่ม H_2 (กลุ่มประชากรที่พักฟื้นจากการติดเชื้อ) กล่าวคือ พิจารณา

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) + \beta(1-m_i)S_v(t)I(t) - (\lambda(1-m_i)s_v^i + \lambda(1-s_v^i) + \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i) + \gamma + \mu)I(t)$$

$$\frac{dH_1(t)}{dt} = (\omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i))I(t) - (\pi(1-m_i)s_v^i + \pi(1-s_v^i) + \alpha(1-m_i)s_v^i + \alpha(1-s_v^i) + \sigma + \mu)H_1(t)$$

$$\frac{dC(t)}{dt} = (\alpha(1-m_i)s_v^i + \alpha(1-s_v^i))H_1(t) - (\rho(1-m_i)s_v^i + \rho(1-s_v^i) + \delta + \mu)C(t)$$

$$\frac{dH_2(t)}{dt} = \delta C(t) - (\eta + \mu)H_2(t)$$

ตามวิธีของ next-generation matrix นำระบบสมการข้างต้น มาจัดให้อยู่ในรูป $f(x) - v(x)$ โดย f คือ เมทริกซ์ของกลุ่มประชากรผู้ป่วยที่ติดเชื้อใหม่ และ v คือ เมทริกซ์ของกลุ่มประชากรผู้ป่วยที่เปลี่ยนสถานะจากกลุ่มหนึ่งไปอีกกลุ่มหนึ่ง พบว่า

$$f(x) = \begin{bmatrix} \beta SI + \beta(1-m_i)S_v I \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, v(x) = \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \end{bmatrix}$$

โดยที่ $a_1 = (\lambda(1-m_i)s_v^i + \lambda(1-s_v^i) + \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i) + \gamma + \mu)I$

$a_2 = -\left(\omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i)\right)I + ((1-m_i)s_v^i + \pi(1-s_v^i) + \alpha(1-m_i)s_v^i + \alpha(1-s_v^i) + \sigma + \mu)H_1$

$a_3 = -\left(\alpha(1-m_i)s_v^i + \alpha(1-s_v^i)\right)H_1 + (\rho(1-m_i)s_v^i + \rho(1-s_v^i) + \delta + \mu)C$

$a_4 = -\delta C(t) + (\eta + \mu)H_2(t)$

เมทริกซ์จาโคเบียนของ f และ v คือ F และ V ตามลำดับ

$$F = \begin{bmatrix} \beta S + \beta(1-m_i)S_v & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}, V = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 \\ X_2 & X_3 & 0 & 0 \\ 0 & X_4 & X_5 & 0 \\ 0 & 0 & X_6 & X_7 \end{bmatrix}$$

โดยที่ $X_1 = \lambda(1-m_i)s_v^i + \lambda(1-s_v^i) + \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i) + \gamma + \mu$

$X_2 = -\left(\omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i)\right)$

$X_3 = \pi(1-m_i)s_v^i + \pi(1-s_v^i) + \alpha(1-m_i)s_v^i + \alpha(1-s_v^i) + \sigma + \mu$

$X_4 = -\left(\alpha(1-m_i)s_v^i + \alpha(1-s_v^i)\right)$

$X_5 = \rho(1-m_i)s_v^i + \rho(1-s_v^i) + \delta + \mu$

$X_6 = -\delta$

$X_7 = \eta + \mu$

ทำให้ได้ว่า

$$V^{-1}=\begin{bmatrix} \frac{1}{X_1} & 0 & 0 & 0 \\ -\frac{X_2}{X_1X_3} & \frac{1}{X_3} & 0 & 0 \\ \frac{X_4X_2}{X_1X_3X_5} & -\frac{X_4}{X_3X_5} & \frac{1}{X_5} & 0 \\ -\frac{X_2X_4X_6}{X_1X_3X_5X_7} & \frac{X_4X_6}{X_3X_5X_7} & -\frac{X_6}{X_5X_7} & \frac{1}{X_7} \end{bmatrix}$$

พิจารณาที่จุดสมดุล จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค $E_{DFE}=\left(S_0^*,S_{v_0}^*,H_{1_0}^*,I_0^*,H_{2_0}^*,C_0^*,R_0^*,D_0^*\right)$ นั้นคือ

$$F=\begin{bmatrix} \beta S_0^*+\beta(1-m_i)S_{v_0}^* & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}, V^{-1}=\begin{bmatrix} \frac{1}{X_1} & 0 & 0 & 0 \\ -\frac{X_2}{X_1X_3} & \frac{1}{X_3} & 0 & 0 \\ \frac{X_4X_2}{X_1X_3X_5} & -\frac{X_4}{X_3X_5} & \frac{1}{X_5} & 0 \\ -\frac{X_2X_4X_6}{X_1X_3X_5X_7} & \frac{X_4X_6}{X_3X_5X_7} & -\frac{X_6}{X_5X_7} & \frac{1}{X_7} \end{bmatrix}$$

รัศมีสเปกตรัมของ FV^{-1} คือค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานพบว่า

$$FV^{-1}=\begin{bmatrix} \frac{\beta S_0^*+\beta(1-m_i)S_{v_0}^*}{X_1} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

ค่าลักษณะเฉพาะของ FV^{-1} คือ

$$\sigma_1=\frac{\beta S+\beta(1-m_i)S_{v_0}^*}{\lambda(1-m_i)s_v^i+\lambda(1-s_v^i)+\omega(1-m_i)s_v^i+\omega(1-s_v^i)+\gamma+\mu}, \sigma_2=0, \sigma_3=0, \sigma_4=0$$

จากสมการข้างต้นพบว่า

$$\begin{aligned} R_0=\rho(FV^{-1}) &= \max\{|\sigma_1|,|\sigma_2|,|\sigma_3|,|\sigma_4|\} \\ &= \frac{\beta S_0^*+\beta(1-m_i)S_{v_0}^*}{\lambda(1-m_i)s_v^i+\lambda(1-s_v^i)+\omega(1-m_i)s_v^i+\omega(1-s_v^i)+\gamma+\mu} \\ &= \frac{\beta\mu+\beta(1-m_i)\tau_i}{(\lambda(1-m_i)s_v^i+\lambda(1-s_v^i)+\omega(1-m_i)s_v^i+\omega(1-s_v^i)+\gamma+\mu)(\mu+\tau_i)} \end{aligned}$$

2.6 ความเสถียรภาพของระบบ (Stability)

ความเสถียรภาพของระบบเป็นการหาค่าลักษณะเฉพาะเพื่ออธิบายของสมการเกี่ยวกับความสมดุล สำหรับตรวจสอบว่าจุดสมดุลมีเสถียรภาพกำกับเฉพาะที่ (Local Asymptotically Stable) [20] มี 2 กรณี ดังนี้

1. จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค จะมีความเสถียรภาพเชิงเส้นกำกับเฉพาะที่ เมื่อ $R_0 < 1$ และจะไม่มีความเสถียรภาพเชิงเส้นกำกับเฉพาะที่ เมื่อ $R_0 > 1$

2. จุดสมดุลภายใต้สภาวะการแพร่ระบาด จะมีความเสถียรภาพเชิงเส้นกำกับเฉพาะที่ เมื่อ $R_0 > 1$ และจะไม่มีความเสถียรภาพเชิงเส้นกำกับเฉพาะที่ เมื่อ $R_0 < 1$

2.6.1 พิจารณาจุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค

ผู้วิจัยทำการพิจารณาโดยแทน

$$E_{DFE} = \left(S_0^*, S_{v_0}^*, I_0^*, H_{1_0}^*, C_0^*, H_{2_0}^*, R_0^*\right) = \left(\frac{\tau_i}{\mu+\tau_i}, \frac{\mu}{\mu+\tau_i}, 0,0,0,0,0\right)$$

จากสมการที่ (1)–(8) พิจารณาค่าลักษณะเฉพาะ (Eigenvalue) จากเมทริกซ์จาโคเบียน ดังนี้

$$J_{DFE} = \begin{bmatrix} A_1 & 0 & A_4 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A_2 & A_3 & A_5 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & A_6 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & A_7 & A_9 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & A_{10} & A_{12} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & A_{13} & A_{14} & 0 \\ 0 & 0 & A_8 & A_{11} & 0 & A_{15} & A_{16} \end{bmatrix}$$

โดยที่ $A_1 = -\mu - \tau_i$

$A_2 = \tau_i$

$A_3 = -\mu$

$A_4 = -\beta S_0^*$

$A_5 = -\beta(1-m_i)S_{v_0}^*$

$A_6 = \beta S_0^* + \beta(1-m_i)S_{v_0}^* - \omega(1-m_i)s_v^i - \lambda(1-m_i)s_v^i - \lambda(1-s_v^i) - \omega(1-s_v^i) - \gamma - \mu$

$A_7 = \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i)$

$A_8 = \gamma$

$A_9 = -\alpha(1-m_i)s_v^i - \pi(1-m_i)s_v^i - \alpha(1-s_v^i) - \pi(1-s_v^i) - \mu - \sigma$

$A_{10} = \alpha(1-m_i)s_v^i + \alpha(1-s_v^i)$

$A_{11} = \sigma$

$A_{12} = -\rho(1-m_i)s_v^i - \rho(1-s_v^i) - \delta - \mu$

$A_{13} = \delta$

$A_{14} = -\eta - \mu$

$A_{15} = \eta$

$A_{16} = -\mu$

ผู้วิจัยทำการพิจารณาค่าลักษณะเฉพาะ จาก $\det(J_{DFE} - \lambda I_7) = 0$

$$J_{DFE}=\begin{bmatrix} A_1-\lambda_1 & 0 & A_4 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A_2 & A_3-\lambda_2 & A_5 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & A_6-\lambda_3 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & A_7 & A_9-\lambda_4 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & A_{10} & A_{12}-\lambda_5 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & A_{13} & A_{14}-\lambda_6 & 0 \\ 0 & 0 & A_8 & A_{11} & 0 & A_{15} & A_{16}-\lambda_7 \end{bmatrix}$$

จากสมการจะได้

$$\det(J_{DFE}-\lambda I_7)=(A_1-\lambda_1)(A_2-\lambda_2)(A_3-\lambda_3)(A_9-\lambda_4)(A_{12}-\lambda_5)(A_{14}-\lambda_6)(A_{16}-\lambda_7)$$

$$\begin{aligned}\det(J_{DFE}-\lambda I_7)=&(-\mu-\tau_i-\lambda_1)(-\mu-\lambda_2)\big(\beta S_0^*+\beta(1-m_i)S_{v_0}^*-\omega(1-m_i)s_v^i\\&-\lambda(1-m_i)s_v^i-\lambda(1-s_v^i)-\omega(1-s_v^i)-\gamma-\mu-\lambda_3\big)(-\alpha(1-m_i)s_v^i\\&-\pi(1-m_i)s_v^i-\alpha(1-s_v^i)-\pi(1-s_v^i)-\mu-\sigma-\lambda_4)(-\rho(1-m_i)s_v^i\\&-\rho(1-s_v^i)-\delta-\mu-\lambda_5)(-\eta-\mu-\lambda_6)(-\mu-\lambda_7)\\=&\,0\end{aligned}$$

พิจารณาผลเฉลยของสมการ ดังนี้

$\lambda_1=-\mu-\tau_i<0$
$\lambda_2=-\mu<0$
$\lambda_4=-\alpha(1-m_i)s_v^i-\pi(1-m_i)s_v^i-\alpha(1-s_v^i)-\pi(1-s_v^i)-\mu-\sigma<0$
$\lambda_5=-\rho(1-m_i)s_v^i-\rho(1-s_v^i)-\delta-\mu<0$
$\lambda_6=-\eta-\mu<0$
$\lambda_7=-\mu<0$

ส่วน

$$\lambda_3=\beta S_0^*+\beta(1-m_i)S_{v_0}^*-\omega(1-m_i)s_v^i-\lambda(1-m_i)s_v^i-\lambda(1-s_v^i)-\omega(1-s_v^i)-\gamma-\mu$$

ทำการพิจารณา λ_3 ว่ามีค่าน้อยกว่า 0 หรือไม่

$$\lambda_3=\beta S_0^*+\beta(1-m_i)S_{v_0}^*-(\omega(1-m_i)s_v^i+\lambda(1-m_i)s_v^i+\lambda(1-s_v^i)+\omega(1-s_v^i)+\gamma+\mu)$$

$$\lambda_3<\frac{\beta S_0^*+\beta(1-m_i)S_{v_0}^*}{(\omega(1-m_i)s_v^i+\lambda(1-m_i)s_v^i+\lambda(1-s_v^i)+\omega(1-s_v^i)+\gamma+\mu)}-1=R_0-1<0$$

ในกรณีนี้จะเห็นได้ว่า $\lambda_1,\lambda_2,\lambda_3,\lambda_4,\lambda_5,\lambda_6$ และ λ_7 ไม่มีค่าลักษณะเฉพาะที่เป็นจำนวนจริงบวกหรือจำนวนเชิงซ้อนที่มีส่วนจริงเป็นบวก จากทฤษฎีจุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค [20] นั้นคือ $R_0<1$ จึงสรุปได้ว่า ณ จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค (E_{DFE}) ของระบบสมการ $SS_vIH_1CH_2RD$ มีเสถียรภาพเชิงเส้นกำกับเฉพาะที่

2.6.2 พิจารณาจุดสมดุลภายใต้สภาวะการแพร่ระบาด

พิจารณา $(S^*,S_v^*,I^*,H_1^*,C^*,H_2^*,R^*)$ จากสมการที่ (1)–(8) พิจารณาค่าลักษณะเฉพาะ (Eigenvalue) จากเมทริกซ์จาโคเบียน ดังนี้

$$J_{EE} = \begin{bmatrix} B_1 & 0 & B_6 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ B_2 & B_4 & B_7 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ B_3 & B_5 & B_8 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & B_9 & B_{11} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & B_{12} & B_{14} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & B_{15} & B_{16} & 0 \\ 0 & 0 & B_{10} & B_{13} & 0 & B_{17} & B_{18} \end{bmatrix}$$

โดยที่ $B_1 = -I^*\beta - \mu - \tau_i$

$B_2 = \tau_i$

$B_3 = \beta I^*$

$B_4 = -\mu - \beta(1-m_i)I^*$

$B_5 = \beta(1-m_i)I^*$

$B_6 = -\beta S^*$

$B_7 = -\beta(1-m_i)S_v^*$

$B_8 = \beta S + \beta(1-m_i)S_v^* - \omega(1-m_i)s_v^i - \lambda(1-m_i)s_v^i - \lambda(1-s_v^i) - \omega(1-s_v^i) - \gamma - \mu$

$B_9 = \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i)$

$B_{10} = \gamma$

$B_{11} = -\alpha(1-m_i)s_v^i - \pi(1-m_i)s_v^i - \alpha(1-s_v^i) - \pi(1-s_v^i) - \mu - \sigma$

$B_{12} = \alpha(1-m_i)s_v^i + \alpha(1-s_v^i)$

$B_{13} = \sigma$

$B_{14} = -\rho(1-m_i)s_v^i - \rho(1-s_v^i) - \delta - \mu$

$B_{15} = \delta$

$B_{16} = -\eta - \mu$

$B_{17} = \eta$

$B_{18} = -\mu$

จากสมการพิจารณาค่าลักษณะเฉพาะ จาก $\det(J_{EE} - \lambda I_7) = 0$

$$\det(J_{EE} - \lambda I_7) = \begin{bmatrix} B_1-\lambda_1 & 0 & B_6 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ B_2 & B_4-\lambda_2 & B_7 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ B_3 & B_5 & B_8-\lambda_3 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & B_9 & B_{11}-\lambda_4 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & B_{12} & B_{14}-\lambda_5 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & B_{15} & B_{16}-\lambda_6 & 0 \\ 0 & 0 & B_{10} & B_{13} & 0 & B_{17} & B_{18}-\lambda_7 \end{bmatrix}$$

จากสมการจะได้

$\det(J_{EE} - \lambda I_7) = (B_{11}-\lambda_4)(B_{14}-\lambda_5)(B_{16}-\lambda_6)(B_{18}-\lambda_7)(-1)(\lambda^3 + Z_1\lambda^2 + Z_2\lambda + Z_3)$

$\det(J_{EE} - \lambda I_7) = (-\alpha(1-m_i)s_v^i - \pi(1-m_i)s_v^i - \alpha(1-s_v^i) - \pi(1-s_v^i) - \mu - \sigma$
$- \lambda_4)(-\rho(1-m_i)s_v^i - \rho(1-s_v^i) - \delta - \mu$
$- \lambda_5)(-\eta - \mu - \lambda_6)(-\mu - \lambda_7)(-1)(\lambda^3 + Z_1\lambda^2 + Z_2\lambda + Z_3)$

ค่าลักษณะเฉพาะ คือ

$\lambda_4 = -\alpha(1-m_i)s_v^i - \pi(1-m_i)s_v^i - \alpha(1-s_v^i) - \pi(1-s_v^i) - \mu - \sigma < 0$

$\lambda_5 = -\rho(1-m_i)s_v^i - \rho(1-s_v^i) - \delta - \mu < 0$
$\lambda_6 = -\eta - \mu < 0$
$\lambda_7 = -\mu < 0$

ในที่นี้ จาก $\lambda_4, \lambda_5, \lambda_5, \lambda_6$ ซึ่งต่างมีค่าน้อยกว่า 0 และค่ารากของพหุนาม $(-1)(\lambda^3 + Z_1\lambda^2 + Z_2\lambda + Z_3)$ ที่สามารถหาได้จากเกณฑ์ความมั่นคง (Routh-Hurwitz criteria) [21] พบว่ามีรากส่วนจริงเป็นเป็นบวก

พิจารณาค่า

$Z_1 = B_1 + B_4 + B_8 = A + B - C + D$
$Z_2 = -B_1B_4 - B_1B_8 + B_3B_6 - B_4B_8 + B_5B_7$
$\quad = (\beta(1-m_i))^2 I^* S_v^* + \beta^2 S^* I^* + AB - AC + AD - BC + BD$
$Z_3 = B_1B_4B_8 - B_1B_5B_7 + B_2B_5B_6 - B_3B_4B_6$
$\quad = A(\beta(1-m_i))^2 I^* S_v^* + \beta^2 BI^* S^* + \big(\beta(1-m_i)\big)\tau_i\beta S^* I^* - ABC + ABD$

โดยนำ Z_1, Z_2, Z_3 แทนในสมการ

$$\lambda^3 + (A+B-C+D)\lambda^2 + \left(\big(\beta(1-m_i)\big)^2 I^* S_v^* + \beta^2 S^* I^* + AB - AC + AD - BC + BD\right)\lambda + A\big(\beta(1-m_i)\big)^2 I^* S_v^* + \beta^2 BI^* S^* + (\beta(1-m_i))\tau_i\beta S^* I^* - ABC + ABD$$

โดย $A = I^*\beta + \mu + \tau_i$
$B = \mu + \beta(1-m_i)I^*$
$C = \beta S^* + \beta(1-m_i)S_v^*$
$D = \lambda(1-m_i)s_v^i + \lambda(1-s_v^i) + \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i) + \gamma + \mu$

พิจารณาจากเกณฑ์ความมั่นคงให้พหุนาม

$$P(\lambda) = \lambda^n + a_1\lambda^{n-1} + \cdots + a_{n-1}\lambda + a_n$$

โดยมีค่าสัมประสิทธ์ a_i เป็นจริงและไม่เป็นศูนย์ โดยที่ $i = 1,2,3,\ldots,n$ โดยเกณฑ์ความมั่นคง จะมีเกณฑ์สำหรับ $n = 3$ คือ $n = 3; a_1 > 0, a_3 > 0$ และ $a_1a_2 > a_3$

จากสมการทำการพิจารณา Z_1 โดย $Z_1 > 0$

$Z_1 = A + B - C + D$
$Z_1 = I^*\beta + \mu + \tau + \mu + \beta(1-m_i)I^* - \beta S^* - \beta(1-m_i)S_v^* + \lambda(1-m_i)s_v^i + \lambda(1-s_v^i) + \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i) + \gamma + \mu$
$Z_1 = \beta(I^* - S^*) + \mu + \tau_i + \mu + \beta(1-m_i)(I^* - S_v^*) + \lambda(1-m_i)s_v^i + \lambda(1-s_v^i) + \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i) + \gamma + \mu$

เงื่อนไข $I^* > S^*, S_v^*$ ทำการพิจารณา Z_3 โดย $Z_3 > 0$

$Z_3 = A(\beta(1-m_i))^2 I^* S_v^* + \beta^2 BIS + \big(\beta(1-m_i)\big)\tau\beta S^* I^* - ABC + ABD$
$Z_3 = A(\beta(1-m_i))^2 I^* S_v^* + \beta^2 BIS + \big(\beta(1-m_i)\big)\tau\beta S^* I^* + AB(D-C)$
$Z_3 = A\big(\beta(1-m_i)\big)^2 I^* S_v^* + \beta^2 BIS + \big(\beta(1-m_i)\big)\tau\beta S^* I^* + AB(\lambda(1-m_i)s_v^i + \lambda(1-s_v^i) + \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i) + \gamma + \mu - \beta S^* - \beta(1-m_i)S_v^*)$

โดย $S^* = \frac{\mu}{\tau_i + \mu + \beta I^*}, S_v^* = \frac{\tau_i S^*}{\mu + \beta(1-m_i)I^*}$

แยกพิจารณา

$$\lambda(1-m_i)s_v^i + \lambda(1-s_v^i) + \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i) + \gamma - \frac{\beta\mu}{\tau_i + \mu + \beta I^*} + \mu - \frac{\beta(1-m_i)\tau_i}{\mu + \beta(1-m_i)I^*}$$

$$\lambda(1-m_i)s_v^i + \lambda(1-s_v^i) + \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i) + \frac{\gamma\tau_i + \gamma\mu}{\tau_i + \mu + \beta I^*} + \frac{\beta(\gamma I^* - \mu)}{\tau_i + \mu + \beta I^*} + \frac{\mu^2}{\mu + \beta(1-m_i)I^*} + \frac{\beta(1-m_i)(I^*\mu - \tau_i)}{\mu + \beta(1-m_i)I^*}$$

เงื่อนไข $I^* > \frac{\tau_i}{\mu}$ และ $I^* > \frac{\mu}{\gamma}$

ทำการพิจารณา โดย Z_1, Z_2, Z_3โดย $Z_1 Z_2 > Z_3$

$$(A+B-C+D)((\beta(1-m_i))^2 I^* S_v^* + \beta^2 S^* I^* + AB - AC + AD - BC + BD) > A\big(\beta(1-m_i)\big)^2 I^* S_v^* + \beta^2 B I^* S^* + \big(\beta(1-m_i)\big)\tau_i \beta S^* I^* - ABC + ABD$$

$$\beta^3 S^* I^{*2} + \tau_i \beta^2 S^* I^* + \mu\beta^2 S^* I^* + A^2(D-C) + B(\beta(1-m_i))^2 I^* S_v^* + BD^2 + BC^2 + A^2 B + AD^2 + AB^2 + AC^2 + B^2(D-C) + (D-C)(\beta(1-m_i))^2 I^* S_v^* + (D-C)\beta^2 S^* I^* + 2AB(D-C) - 2CAD - 2CBD > 0$$

$$\beta^3 S^* I^{*2} + \tau_i \beta^2 S^* I^* + \mu\beta^2 S^* I^* + A^2(D-C) + B\big(\beta(1-m_i)\big)^2 I^* S_v^* + BC^2 + A^2 B + AB^2 + AC^2 + B^2(D-C) + (D-C)(\beta(1-m_i))^2 I^* S_v^* + (D-C)\beta^2 S^* I^* + 2AB(D-C) + AD(D-2C) + BD(D-2C) > 0$$

ซึ่งพิจารณา

$$D - 2C = \lambda(1-m_i)s_v^i + \lambda(1-s_v^i) + \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i) + \gamma + \mu - 2\beta S^* - 2\beta(1-m_i)S_v^*$$

ทำการแยกพิจารณา

$$\lambda(1-m_i)s_v^i + \lambda(1-s_v^i) + \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i) + \gamma - \frac{2\beta\mu}{\tau_i + \mu + \beta I^*} + \mu - \frac{2\beta(1-m_i)\tau_i}{\mu + \beta(1-m_i)I^*}$$

$$\lambda(1-m_i)s_v^i + \lambda(1-s_v^i) + \omega(1-m_i)s_v^i + \omega(1-s_v^i) + \frac{\gamma\tau_i + \gamma\mu}{\tau_i + \mu + \beta I^*} + \frac{\beta(\gamma I^* - 2\mu)}{\tau_i + \mu + \beta I^*} + \frac{\mu^2}{\mu + \beta(1-m_i)I^*} + \frac{\beta(1-m_i)(I^*\mu - 2\tau_i)}{\mu + \beta(1-m_i)I^*}$$

เงื่อนไข $I^* > \frac{2\tau_i}{\mu}$ และ $I^* > \frac{2\mu}{\gamma}$ พบว่าค่าของ $Z_1 > 0, Z_3 > 0$ และ $Z_1 Z_2 > Z_3$ เมื่อ $R_0 > 1$

ดังนั้น จะเห็นได้ว่า $\lambda_4, \lambda_5, \lambda_6$ และ $\lambda_7 < 0$ และจากเกณฑ์ความมั่นคง พบว่า Z_1, Z_2 และ Z_3 เป็นบวกที่ทำให้สมการ $(-1)(\lambda^3 + Z_1\lambda^2 + Z_2\lambda + Z_3) < 0$ นั้นคือ $R_0 > 1$ จึงสรุปได้ว่าจุดสมดุลภายใต้สภาวะการแพร่ระบาด (E_{EE}) ของระบบสมการ $SS_v IH_1 CH_2 RD$ มีเสถียรภาพเชิงเส้นกำกับเฉพาะที่ โดยมีเงื่อนไขดังนี้ $I^* > S^*, S_v^*, I^* > \frac{\tau_i}{\mu}, I^* > \frac{\mu}{\gamma}, I^* > \frac{2\tau_i}{\mu}$ และ $I^* > \frac{2\mu}{\gamma}$

3. ผลการทดลองและวิจารณ์

ผู้วิจัยนำตัวแบบ $SS_v IH_1 CH_2 RD$ ที่ได้จากการวิเคราะห์มาวิเคราะห์เชิงตัวเลข วิเคราะห์ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานของแต่ละเข็มจากตัวแบบ วิเคราะห์ความอ่อนไหว และวิเคราะห์ผลกระทบของการฉีดวัคซีนต่ออัตราการแพร่เชื้อ และอัตราการเสียชีวิต ซึ่งได้ผลลัพธ์ดังต่อไปนี้

3.1 การวิเคราะห์เชิงตัวเลข (Numerical Simulation)

การวิเคราะห์เชิงตัวเลขสำหรับตัวแบบ $SS_v IH_1 CH_2 RD$ จะใช้ค่าของตัวแปรและค่าพารามิเตอร์จากข้อมูลจริงเพื่อใช้ในการเปรียบเทียบระหว่างผลของการจำลองกับข้อมูลผู้ติดเชื้อรายวัน ตั้งแต่ 3 มกราคม ถึง 1 ตุลาคม พ.ศ. 2565 จำนวน 272 วัน ค่าพารามิเตอร์และตัวแปรต่าง ๆ จากรายงาน

สถานการณ์ประจำวัน โรคโควิด-19 ของสำนักงานสถิติแห่งชาติ [4] กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข [5] กองโรคติดต่อทั่วไป กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข [22] โดยประชากรทั้งระบบสมการเท่ากับ 66 ล้านคน เปรียบเป็นสัดส่วนเท่ากับ 1 โดยใช้วิธี Nelder-Mead ในคำสั่ง OPTIM ด้วยโปรแกรม R Studio ในการจำลองข้อมูลที่ได้จากตัวแบบเทียบกับข้อมูลจริง เพื่อหาค่าพารามิเตอร์ที่ดีที่สุดที่ทำให้ตัวแบบมีค่าเข้าใกล้ข้อมูลจริงมากที่สุด ในที่นี้ผู้วิจัยทำการคำนวณหาค่าพารามิเตอร์ β และ λ ที่เหมาะสมโดยมีประชากรเริ่มต้น ดังตารางที่ 3 และค่าพารามิเตอร์ ดังตารางที่ 4

ตารางที่ 3. ค่าตัวแปรเริ่มต้นของแต่ละกลุ่มประชากร

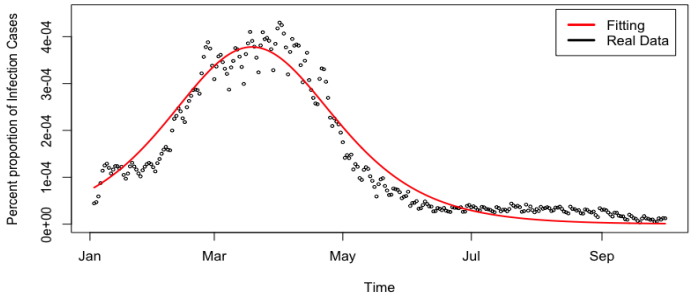
ตัวแปร	ค่าตัวแปร	แหล่งที่มาของตัวแปร
กลุ่มประชากรที่เสี่ยงติดเชื้อ (S)	58,511,326 (คน)	กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข [5]
กลุ่มประชากรที่เสี่ยงติดเชื้อที่ได้รับการฉีดวัคซีน (S_v)	7,466,139 (คน)	
กลุ่มประชากรที่ติดเชื้อ (I)	2,927 (คน)	
กลุ่มประชากรที่ติดเชื้ออาการรุนแรง (H_1)	15,945 (คน)	
กลุ่มประชากรที่ติดเชื้ออาการวิกฤติ (C)	704 (คน)	
กลุ่มประชากรที่พักฟื้นตัว (H_2)	38 (คน)	
กลุ่มประชากรที่หายจากการติดเชื้อ (R)	2,903 (คน)	
กลุ่มประชากรที่เสียชีวิตจากการติดเชื้อ (D)	18 (คน)	

ตารางที่ 4. ค่าพารามิเตอร์ของระบบสมการ

พารามิเตอร์	ค่าของพารามิเตอร์	แหล่งที่มาของข้อมูล
μ	1/(3,544,570/365) (ต่อวัน)	สำนักงานสถิติแห่งชาติ [4]
σ	1/10 (ต่อวัน)	กองโรคติดต่อทั่วไป กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข [22]
η	1/10 (ต่อวัน)	
γ	1/10 (ต่อวัน)	
δ	1/10 (ต่อวัน)	
ω	1/7 (ต่อวัน)	
π	1/10 (ต่อวัน)	
ρ	1/10 (ต่อวัน)	
α	1/10 (ต่อวัน)	
m_i	87%	
τ_i	1/(24,667,292/272) (ต่อวัน)	กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข [5]
s_v^i	7,466,139/66,000,000	

จากนั้นทำการเปรียบเทียบระหว่างข้อมูลผู้ติดเชื้อรายใหม่ที่ได้จากตัวแบบกับข้อมูลผู้ติดเชื้อรายใหม่ที่ได้จากข้อมูลจริง โดยข้อมูลผู้ติดเชื้อใหม่จากตัวแบบผู้วิจัยได้จากการคำนวณหาค่าพารามิเตอร์ β และ λ ที่เหมาะสม ที่จะทำให้ค่าผู้ติดเชื้อรายใหม่ (Incidence) จากตัวแบบ $SS_vIH_1CH_2RD$ ใกล้เคียงกับข้อมูล

มากที่สุด โดยกำหนดค่าตัวแปรเริ่มต้นดังตารางที่ 3 และค่าพารามิเตอร์ดังตารางที่ 4 ซึ่งความใกล้เคียงในการเปรียบเทียบระหว่างข้อมูลจากตัวแบบกับข้อมูลจริง ผู้วิจัยเปรียบเทียบผ่านฟังก์ชันวัตถุประสงค์คือฟังก์ชันรากที่สองของผลต่างกำลังสองเฉลี่ย (Root Mean Square Deviation: RMSD) โดยการค้นหาค่าพารามิเตอร์ผู้วิจัยใช้วิธี Nelder-Mead ในคำสั่ง OPTIM ด้วยโปรแกรม R Studio ซึ่งจากการวิเคราะห์จะได้ข้อมูล ผู้ติดเชื้อรายใหม่จากตัวแบบเปรียบเทียบกับข้อมูลผู้ติดเชื้อรายใหม่จากข้อมูลจริงใกล้เคียงมากที่สุด แสดงให้เห็น ดังรูปที่ 2



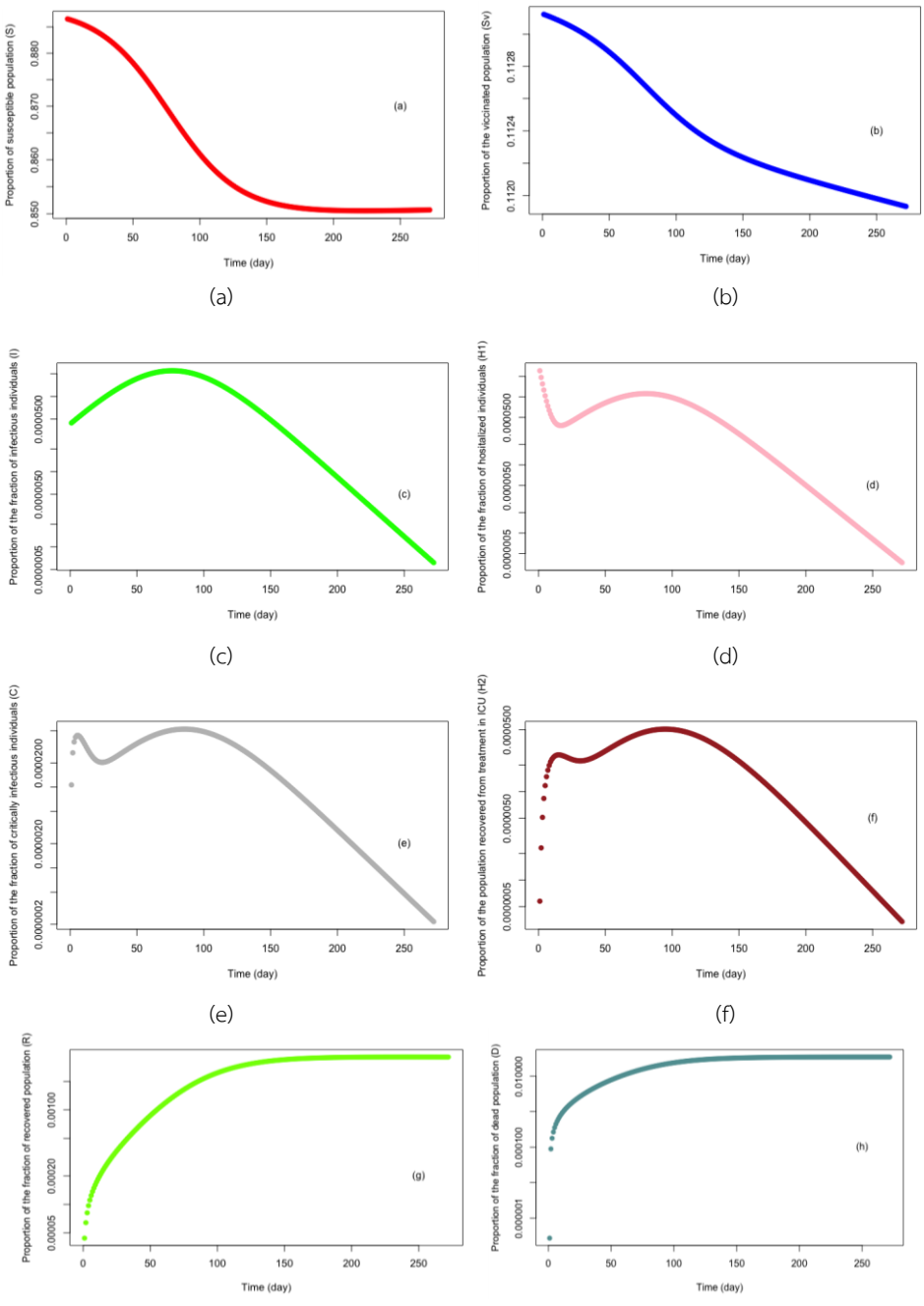
รูปที่ 2. ข้อมูลผู้ติดเชื้อระลอกที่ 5 ในประเทศไทยเทียบกับกราฟจากตัวแบบ

ทำให้ได้ค่า β และ λ แสดงให้เห็นดังตารางที่ 5

ตารางที่ 5. ค่าพารามิเตอร์ของระบบสมการที่ได้จากการวิเคราะห์ตัวแบบ

พารามิเตอร์	ค่าของพารามิเตอร์	แหล่งที่มาของข้อมูล
β	1.839	Fitting
λ	1.544	Fitting

จากการวิเคราะห์ตัวแบบสามารถแสดงอัตราการเปลี่ยนแปลงจำนวนประชากรของประชากรแต่ละกลุ่มที่ฉีดวัคซีนครบ 3 เข็ม จะสามารถแสดงให้เห็นดังรูปที่ 3(a) ถึงรูปที่ 3(h)



รูปที่ 3. อัตราการเปลี่ยนแปลงจำนวนประชากรของประชากรแต่ละกลุ่มจากตัวแบบ

รูปที่ 3(a) เมื่อเริ่มมีการระบาด กลุ่มประชากร S จะลดลงด้วยอัตราการติดเชื้อ β อัตราการฉีดวัคซีน (τ_i) เข็มที่ i โดยที่ $i = 1,2,3$ และอัตราการเสียชีวิตโดยธรรมชาติ (μ) ซึ่งจะลดลงเรื่อย ๆ จนเริ่มเข้าสู่ค่าจุดสมดุล S^* ซึ่งในรูปที่ 3(b) เมื่อเริ่มมีการระบาด กลุ่มประชากร S_v จะลดลงด้วยอัตราการติดเชื้อ β ประสิทธิภาพวัคซีน (m_i) เข็มที่ i และอัตราการเสียชีวิตโดยธรรมชาติ (μ) โดยในประชากรกลุ่มนี้จะลดลงเรื่อย ๆ จนเข้าสู่ค่าสมดุล S_v^* ในขณะที่กลุ่มประชากร I จากรูปที่ 3(c) จำนวนประชากรจะเพิ่มในช่วงเริ่มการระบาด เนื่องจากมีผู้ติดเชื้อเพิ่มขึ้น หลังจากนั้นจำนวนประชากรติดเชื้อก็จะลดลง จนเข้าสู่ค่าจุดสมดุล I^* และในทางเดียวกันจากรูปที่ 3(d) รูปที่ 3(e) และรูปที่ 3(f) ประชากรกลุ่ม H_1, C, H_2 ในช่วงแรกประชากรจะเพิ่มขึ้นในช่วงระยะเวลาหนึ่ง และหลังจากนั้นจำนวนประชากรก็จะลดลง และเพิ่มขึ้นจนระยะเวลาหนึ่งก็จะลดลงเรื่อย ๆ จนลู่เข้าสู่ค่าจุดสมดุล H_1^*, C^*, H_2^* ตามลำดับ และจากรูปที่ 3(g) และรูปที่ 3(h) ประชากรกลุ่ม R, D ในช่วงแรกประชากรกลุ่มเหล่านี้จะเพิ่มขึ้นเรื่อย ๆ จนถึงระยะเวลาหนึ่งก็จะลู่เข้าค่าจุดสมดุล R^*, D^* ตามลำดับ

3.2 ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานของแต่ละเข็มจากตัวแบบทางคณิตศาสตร์

จากค่าตัวแปรและค่าพารามิเตอร์ที่แสดงไว้ในตารางที่ 3 และ 4 ที่ใช้ในการหาค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานของการฉีดวัคซีนแต่ละเข็ม โดยผู้วิจัยได้กำหนดค่าพารามิเตอร์ของแต่ละเข็มประกอบด้วย τ_i คือ อัตราการฉีดวัคซีนแต่ละเข็ม โดยที่ $i = 1,2,3$ และ m_i คือประสิทธิภาพการฉีดวัคซีน โดยที่ $i = 1,2,3$ และ s_v^i คือสัดส่วนผู้ฉีดวัคซีนเข็มที่ i โดยที่ $i = 1,2,3$ โดยข้อมูลดังกล่าวนำมาจากข้อมูลของกรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข [5] ซึ่งมีค่าพารามิเตอร์แต่ละเข็ม แสดงให้เห็นดังตารางที่ 6

ตารางที่ 6. ค่าพารามิเตอร์ของแต่ละเข็ม

พารามิเตอร์	เข็มที่ 1	เข็มที่ 2	เข็มที่ 3	หน่วย
τ_i	1/(5,588,615/272)	1/(7,156,006/272)	1/(24,667,292/272)	ต่อวัน
m_i	60	64	87	เปอร์เซ็นต์
s_v^i	51,416,846/66,000,000	46,330,080/66,000,000	7,466,139/66,000,000	-

ผู้วิจัยสามารถหาค่าระดับระดับการติดเชื้อพื้นฐานของการฉีดวัคซีนทั้ง 3 เข็ม แสดงให้เห็นดังตารางที่ 7

ตารางที่ 7. ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานจากการจำลองของแต่ละเข็ม

	เข็มที่ 1	เข็มที่ 2	เข็มที่ 3
$\boldsymbol{R_0}$	1.487	1.478	1.036

จากตารางที่ 7 จะเห็นได้ว่าเมื่อฉีดวัคซีนครบ 3 เข็ม จะทำให้ค่าระดับการติดเชื้อน้อยลงกว่าการฉีดวัคซีนเข็มที่ 1 และ 2 ซึ่งบ่งบอกได้ว่าการฉีดวัคซีนครบ 3 เข็ม เป็นการป้องกันการแพร่เชื้อได้ดีกว่าการฉีดวัคซีนเข็มที่ 1 และ 2

3.3 การวิเคราะห์ความอ่อนไหว (Sensitivity analysis)

ผู้วิจัยทำการวิเคราะห์ความอ่อนไหว [23] เพื่อทราบความสัมพันธ์ของพารามิเตอร์ตัวแบบการแพร่ระบาดโควิด-19 ระลอกที่ 5 ในประเทศไทย ต่อค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานและประชากรกลุ่มติดเชื้อ โดยคำนวณค่าความอ่อนไหวของพารามิเตอร์แต่ละตัวจากวิธี PRCC ในคำสั่ง PCC ด้วยโปรแกรม R Studio โดยสามารถคำนวณค่าความอ่อนไหวได้จากสูตร ดังนี้

$$\Upsilon_K^{J_i} = \frac{\partial K}{\partial J_i} \cdot \left(\frac{J_i}{K}\right)$$

ผู้วิจัยทำการพิจารณาโดย $K = R_0, I^*, H_1^*, C^*, H_2^*$ และ J_i คือ $\mu, \tau_i, \beta, m_i, \sigma, \eta, \gamma, \delta, \omega, \lambda, \pi, \rho, \alpha, s_v^i$ เนื่องจาก R_0 และกลุ่มประชากร I^*, H_1^*, C^*, H_2^* ขึ้นอยู่กับพารามิเตอร์ทั้ง 14 ตัว โดยสามารถหาความอ่อนไหวของแต่ละพารามิเตอร์ได้จากสูตรดังนี้

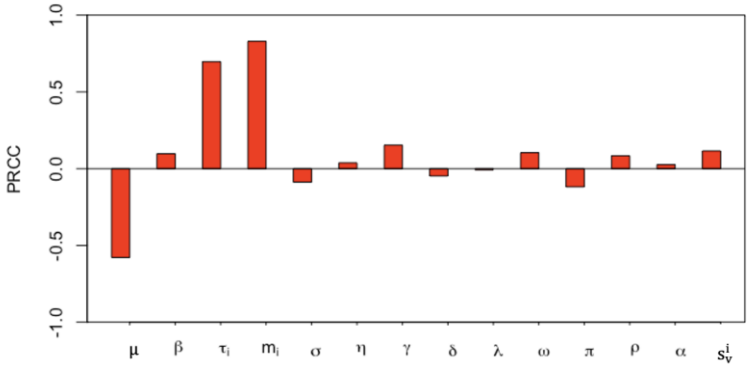
$\Upsilon_K^{\mu} = \frac{\partial K}{\partial \mu} \cdot \left(\frac{\mu}{K}\right), \Upsilon_K^{\tau_i} = \frac{\partial K}{\partial \tau_i} \cdot \left(\frac{\tau_i}{K}\right), \Upsilon_K^{\beta} = \frac{\partial K}{\partial \beta} \cdot \left(\frac{\beta}{K}\right), \Upsilon_K^{m_i} = \frac{\partial K}{\partial m_i} \cdot \left(\frac{m_i}{K}\right), \Upsilon_K^{\sigma} = \frac{\partial K}{\partial \sigma} \cdot \left(\frac{\sigma}{K}\right), \Upsilon_K^{\eta} = \frac{\partial K}{\partial \eta} \cdot \left(\frac{\eta}{K}\right), \Upsilon_K^{\gamma} = \frac{\partial K}{\partial \gamma} \cdot \left(\frac{\gamma}{K}\right), \Upsilon_K^{\delta} = \frac{\partial K}{\partial \delta} \cdot \left(\frac{\delta}{K}\right), \Upsilon_K^{\omega} = \frac{\partial K}{\partial \omega} \cdot \left(\frac{\omega}{K}\right), \Upsilon_K^{\lambda} = \frac{\partial K}{\partial \lambda} \cdot \left(\frac{\lambda}{K}\right), \Upsilon_K^{\pi} = \frac{\partial K}{\partial \pi} \cdot \left(\frac{\pi}{K}\right), \Upsilon_K^{\rho} = \frac{\partial K}{\partial \rho} \cdot \left(\frac{\rho}{K}\right), \Upsilon_K^{\alpha} = \frac{\partial K}{\partial \alpha} \cdot \left(\frac{\alpha}{K}\right), \Upsilon_K^{s_v^i} = \frac{\partial K}{\partial s_v^i} \cdot \left(\frac{s_v^i}{K}\right)$

จากการวิเคราะห์ค่าความอ่อนไหวของค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน แสดงให้เห็นดังตารางที่ 8

ตารางที่ 8. ค่าความอ่อนไหวของค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน ต่อพารามิเตอร์แต่ละตัว

พารามิเตอร์ (J_i)	ค่าความอ่อนไหวของค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน ($\Upsilon_{J_i}^{R_0}$)
μ	-0.578
β	0.097
τ_i	0.697
m_i	0.829
σ	-0.087
η	0.037
γ	0.153
δ	-0.047
λ	-0.007
ω	0.104
π	-0.118
ρ	0.084
α	0.027
s_v^i	0.115

ตารางที่ 8 แสดงให้เห็นว่าค่าพารามิเตอร์ที่ส่งผลต่อค่าการติดเชื้อพื้นฐานในทิศทางเดียวกัน เนื่องจากค่าความอ่อนไหวเป็นบวก ได้แก่ $\beta, \tau_i, m_i, \eta, \gamma, \omega, \rho, \alpha, s_v^i$ ซึ่งจะส่งผลให้การแพร่ระบาดเชื้อเพิ่มขึ้น ส่วนค่าพารามิเตอร์ที่ส่งผลต่อค่าการติดเชื้อพื้นฐานในทิศทางเดียวกัน เนื่องจากค่าความอ่อนไหวเป็นลบ ได้แก่ $\mu, \sigma, \delta, \lambda, \pi$ จะส่งผลให้การแพร่ระบาดเชื้อลดลง และจากตารางที่ 8 จะเห็นได้ชัดว่าพารามิเตอร์ที่ส่งผลต่อค่าการติดเชื้อพื้นฐานมากที่สุด ได้แก่ m_i พารามิเตอร์ที่ส่งผลต่อค่าการติดเชื้อพื้นฐานน้อยที่สุด ได้แก่ μ เมื่อปรับพารามิเตอร์ m_i เพิ่มขึ้น 10% จาก m_3 เท่ากับ 87% เป็น 95.7% โดยค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานเดิมมีค่าเท่ากับ 1.036 เมื่อเปลี่ยนค่าพารามิเตอร์พบว่าค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานใหม่มีค่าเท่ากับ 1 ซึ่งจะส่งผลให้ประชากรที่ติดเชื้อลดลงอย่างเห็นได้ชัด และสามารถแสดงค่าความอ่อนไหวของค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานต่อพารามิเตอร์แต่ละตัว ดังรูปที่ 4



รูปที่ 4. ค่าความอ่อนไหวของแต่ละพารามิเตอร์ที่ส่งผลต่อค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน

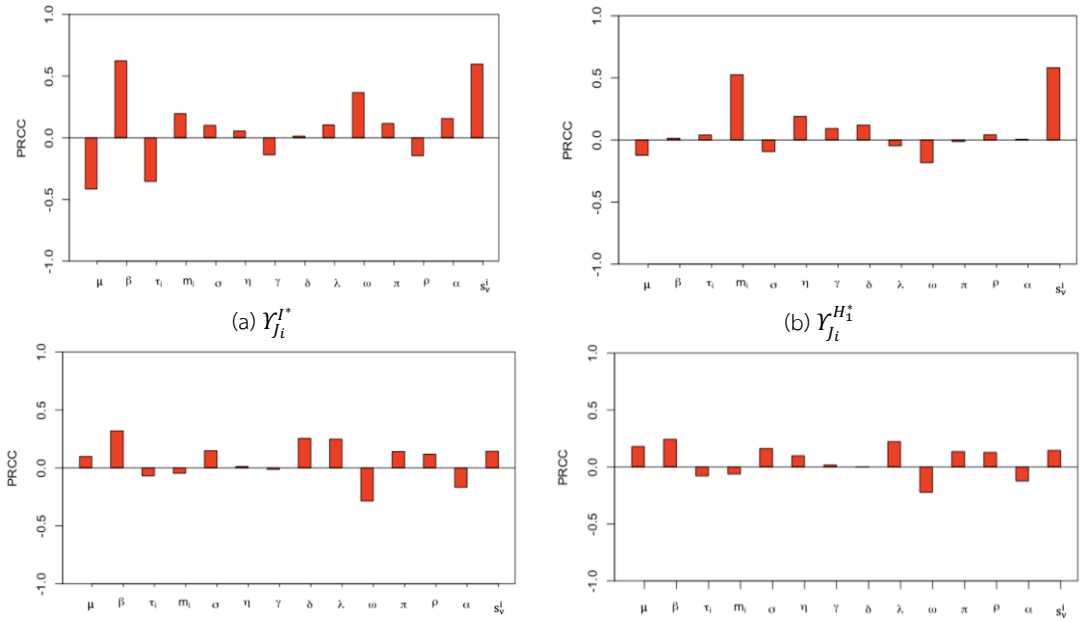
ผู้วิจัยสามารถทราบค่าความอ่อนไหวของประชากรกลุ่มที่ติดเชื้อ (Infected populations) ที่เกี่ยวข้องกับแต่ละพารามิเตอร์ แสดงให้เห็นดังตารางที่ 9

ตารางที่ 9. ค่าความอ่อนไหวของกลุ่มประชากรที่ติดเชื้อต่อพารามิเตอร์แต่ละตัว

พารามิเตอร์ (J_i)	ค่าความอ่อนไหว			
	กลุ่มประชากรติดเชื้อ ($\Upsilon_{J_i}^{I^*}$)	กลุ่มประชากรที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาล (อาการรุนแรง: $\Upsilon_{J_i}^{H_1^*}$)	กลุ่มประชากรที่เข้ารับการรักษาในห้อง ICU (อาการวิกฤต: $\Upsilon_{J_i}^{C^*}$)	กลุ่มประชากรที่พักฟื้นจากการรักษาในห้อง ICU ($\Upsilon_{J_i}^{H_2^*}$)
μ	-0.41424	-0.122970	0.09888	0.17965
β	0.62324	0.013972	0.31953	0.24319
τ_i	-0.35394	0.039401	-0.06890	-0.07827
m_i	0.19550	0.525501	-0.04724	-0.06271
σ	0.10097	-0.093099	0.14871	0.16203
η	0.05438	0.189230	0.01225	0.09829
γ	-0.13717	0.092663	-0.01302	0.01711
δ	0.01373	0.120184	0.25436	-0.00209
λ	0.10413	-0.046941	0.24873	0.22272
ω	0.36603	-0.183334	-0.28501	-0.22315
π	0.11603	-0.012812	0.14139	0.13556
ρ	-0.14590	0.041762	0.11817	0.12814
α	0.15643	0.005262	-0.16815	-0.12327
s_v^i	0.59765	0.582155	0.14361	0.14522

ตารางที่ 9 แสดงให้เห็นว่ากลุ่มประชากรแต่ละกลุ่มจะมีการเพิ่มหรือลดของประชากรภายในกลุ่มตามค่าความอ่อนไหวของแต่ละพารามิเตอร์ โดยพารามิเตอร์ที่มีค่าความอ่อนไหวเป็นบวกของทุกกลุ่มประชากร คือ β, η และ s_v^i ซึ่งพารามิเตอร์ดังกล่าวมีผลต่อการเพิ่มของจำนวนประชากรในแต่กลุ่ม โดยถ้า β, η และ s_v^i เพิ่มขึ้นจะทำให้จำนวนประชากรในกลุ่ม I, H_1, C, H_2 เพิ่มขึ้น และในกลุ่ม I พบว่าค่าพารามิเตอร์ที่เป็นบวก คือ $\beta, m_i, \sigma, \eta, \delta, \lambda, \pi, \omega, \alpha, s_v^i$ ส่วนพารามิเตอร์ที่มีค่าความอ่อนไหวต่อกลุ่ม I เป็นลบ คือ $\mu, \tau_i, \gamma, \rho$ ในกลุ่ม I พารามิเตอร์ที่ส่งผลต่อแบบจำลองมากที่สุด คือ β ซึ่งคืออัตราการแพร่เชื้อมีค่าเท่ากับ 0.62324 และ s_v^i คือสัดส่วนประชากรที่ฉีดวัคซีน ซึ่งมีค่าความอ่อนไหวเท่ากับ 0.59765 ในกลุ่ม H_1 พบว่าค่าพารามิเตอร์ที่เป็นบวก คือ $\beta, \tau_i, m_i, \eta, \gamma, \delta, \rho, \alpha, s_v^i$ ส่วนพารามิเตอร์ที่มีค่าความอ่อนไหวต่อกลุ่ม H_1 เป็นลบ คือ $\mu, \sigma, \omega, \lambda, \pi$ ในกลุ่ม H_1 พารามิเตอร์ที่ส่งผลต่อแบบจำลองมากที่สุด คือ m_i ซึ่ง คือประสิทธิภาพวัคซีนมีค่าเท่ากับ 0.525501 และ s_v^i คือ สัดส่วนประชากรที่ฉีดวัคซีนซึ่งมีค่าความอ่อนไหวเท่ากับ 0.582155 ในกลุ่ม C พบว่าค่าพารามิเตอร์ที่เป็นบวก คือ $\beta, \eta, \rho, s_v^i, \mu, \sigma, \delta, \lambda, \pi$ ส่วนพารามิเตอร์ที่มีค่าความอ่อนไหวต่อกลุ่ม C เป็นลบ คือ $\tau_i, m_i, \gamma, \omega, \alpha$ โดยในกลุ่มนี้ค่าความอ่อนไหวพารามิเตอร์ส่วนใหญ่จะไม่เกิน 0.5 ถึง -0.5 และสุดท้ายในกลุ่ม H_2 พบว่าค่าพารามิเตอร์ที่เป็นบวก คือ $\beta, \eta, \gamma, \rho, s_v^i, \mu, \sigma, \lambda, \pi$ ส่วนพารามิเตอร์ที่มีค่าความอ่อนไหวต่อกลุ่ม H_2 เป็นลบ คือ $\tau_i, m_i, \omega, \alpha, \delta$ โดย

ในกลุ่มนี้ค่าความอ่อนไหวพารามิเตอร์ส่วนใหญ่จะไม่เกิน 0.5 ถึง -0.5 และสามารถแสดงค่าความอ่อนไหวกลุ่มประชากรที่ติดเชื้อต่อพารามิเตอร์แต่ละตัว ดังรูปที่ 5



(a) $\Upsilon_{J_i}^{I^*}$ (b) $\Upsilon_{J_i}^{H_1^*}$

(c) $\Upsilon_{J_i}^{C^*}$ (d) $\Upsilon_{J_i}^{H_2^*}$

รูปที่ 5. ค่าความอ่อนไหวของแต่ละพารามิเตอร์ที่ส่งผลต่อกลุ่มประชากร

3.4 ผลกระทบของการฉีดวัคซีนแต่ละเข็มต่ออัตราการแพร่เชื้อ และอัตราการเสียชีวิต

ในส่วนนี้ ผู้วิจัยทำการศึกษาผลกระทบของการฉีดวัคซีนแต่ละเข็มในการลดอัตราการแพร่เชื้อ และการเสียชีวิต โดยการกำหนดค่าพารามิเตอร์ในการวิเคราะห์จากตารางที่ 4 และใช้ค่าพารามิเตอร์ τ_i, m_i และ s_v^i ตามข้อมูลจริงจากตารางที่ 6 เพื่อหาค่าพารามิเตอร์ β และ λ โดยใช้ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ คือ ฟังก์ชันรากที่สองของผลต่างกำลังสองเฉลี่ย (RMSD) [24] จากการวิเคราะห์โดยโปรแกรม R Studio ซึ่งจะได้ผลการวิเคราะห์ ดังตารางที่ 10

ตารางที่ 10. การเปรียบเทียบพารามิเตอร์ที่ได้จากการจำลองของแต่ละเข็ม

พารามิเตอร์	เข็มที่ 1	เข็มที่ 2	เข็มที่ 3	หน่วย
β	1.823	1.885	1.839	ต่อวัน
λ	2.872	2.786	1.544	ต่อวัน

จากตารางที่ 10 แสดงให้เห็นว่า ค่าพารามิเตอร์ที่ได้จากการวิเคราะห์เชิงตัวเลขได้ค่าพารามิเตอร์ β สำหรับแต่ละเข็มไม่แตกต่างกัน ซึ่งตรงกับค่าความอ่อนไหว จากตารางที่ 8 โดยค่า β มีค่าเท่ากับ 0.097 สามารถบ่งบอกได้ว่าค่า β มีผลต่อการแพร่ระบาดโรคค่อนข้างน้อย ซึ่งมีค่าอยู่ระหว่าง 1.82 ถึง 1.89 ส่วน

พารามิเตอร์ λ จะเห็นได้ชัดว่าเข็มที่ 1 และ 2 มีค่าใกล้เคียงกัน มีค่าอยู่ระหว่าง 2.786 - 2.872 ซึ่งต่างกับเข็มที่ 3 มีค่าเท่ากับ 1.544 บ่งบอกได้ว่า ถ้ามีการฉีดวัคซีนครบ 3 เข็มจะช่วยลดอัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อได้มากกว่า การฉีดวัคซีนเข็มที่ 1 และ 2

4. สรุปผลการทดลอง

ในงานวิจัยนี้ผู้วิจัยทำการสร้างและพัฒนาตัวแบบทางคณิตศาสตร์ $SS_vIH_1CH_2RD$ มาใช้ในการศึกษาการแพร่กระจายของโรคโควิด-19 ระลอกที่ 5 ในประเทศไทย โดยใช้ข้อมูลจากสถานการณ์จริงตั้งแต่วันที่ 2 มกราคม ถึง 1 ตุลาคม พ.ศ. 2565 เทียบกับข้อมูลที่ได้จากตัวแบบ เห็นได้ว่าค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน เท่ากับ 1.036 ซึ่งเป็นของการฉีดวัคซีนเข็มที่ 3 และค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน เท่ากับ 1.478, 1.487 ของการฉีดวัคซีนเข็มที่ 2 และ 1 ตามลำดับ สำหรับการแพร่ระบาดโรคโควิด-19 ระลอกที่ 5 ในประเทศไทย ค่า R_0 ของทั้ง 3 เข็มมีค่ามากกว่า 1 แสดงถึงแนวโน้มการแพร่กระจายโรคโควิด-19 เพิ่มขึ้นในกลุ่มประชากร ดังนั้นเชื้อโรคยังคงระบาดอยู่ในประเทศไทย ตั้งแต่วันที่ 2 มกราคม ถึง 1 ตุลาคม พ.ศ. 2565 ถ้าไม่มีมาตรการป้องกันใด ๆ เกิดขึ้น จำนวนผู้ติดเชื้อจะมีจำนวนพุ่งสูงขึ้นไปมากกว่านี้ ดังนั้นในตัวแบบนี้ได้มีการพิจารณามาตรการการฉีดวัคซีนตั้งแต่เข็มที่ 1 ถึงเข็มที่ 3 จะพบว่า R_0 ลดลง เมื่อฉีดวัคซีนจนครบ 3 เข็ม ส่งผลต่อการควบคุมการแพร่ระบาดโรคโควิด-19 ซึ่งสอดคล้องกับพารามิเตอร์อัตราการฉีดวัคซีน (τ_i) เข็มที่ i และประสิทธิภาพวัคซีน (m_i) ที่เป็นปัจจัยที่ส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงของค่า R_0 มากที่สุด จากตารางที่ 8 เมื่อพิจารณาจากการวิเคราะห์ค่าความอ่อนไหวของพารามิเตอร์จากตัวแบบ โดยพารามิเตอร์ทั้งสองตัวที่ส่งผลต่อค่าความอ่อนไหวสูงที่สุดถึง 0.697 และ 0.829 ตามลำดับ และพบว่ามีพารามิเตอร์ตัวอื่นที่ส่งผลต่อตัวแบบเช่นเดียวกันในทิศทางบวกได้แก่ $\beta, \eta, \gamma, \omega, \rho, \alpha, s_v^i$ โดยจะส่งผลต่อการแพร่กระจายเพิ่มขึ้นและ $\mu, \sigma, \delta, \lambda, \pi$ จะเป็นพารามิเตอร์ที่ทำให้ค่าระดับการติดเชื้อลดลง ส่วนค่าความอ่อนไหวต่อประชากรกลุ่มติดเชื้อ ประกอบด้วยกลุ่ม I^*, H_1^*, C^*, H_2^* จากตารางที่ 9 พบว่าประชากรกลุ่ม I^* มีพารามิเตอร์ที่ส่งผลต่อประชากรมากที่สุด คือ β, s_v^i ประชากรกลุ่ม H_1^* มีพารามิเตอร์ที่ส่งผลต่อประชากร คือ m_i, s_v^i ส่วนกลุ่มประชากร C^*, H_2^* มีพารามิเตอร์ที่ส่งผลต่อค่าความอ่อนไหวพารามิเตอร์ส่วนใหญ่จะไม่เกิน 0.5 ถึง -0.5 และผู้วิจัยทำการวิเคราะห์ผลกระทบของการฉีดวัคซีนแต่ละเข็มต่ออัตราการแพร่เชื้อ และอัตราการเสียชีวิต พบว่า อัตราการแพร่เชื้อของทั้ง 3 เข็มไม่แตกต่างกัน ต่างกับอัตราการเสียชีวิตซึ่งการฉีดเข็มที่ 1 และ 2 มีค่า 2.786 และ 2.872 ต่างกับการฉีดวัคซีนเข็มที่ 3 มีค่าเท่ากับ 1.54 เห็นได้ชัดว่าการฉีดวัคซีนเข็มที่ 3 ลดอัตราการเสียชีวิตได้ดีกว่าเข็มที่ 1 และ 2 โดยกล่าวสรุปได้ว่านโยบายในการควบคุมและป้องกันโรค หากภาครัฐเร่งนโยบายรณรงค์ให้ประชาชนฉีดวัคซีนให้ครบอย่างน้อย 3 เข็ม จะส่งผลให้จำนวนผู้ติดเชื้อลดลง และหากคิดค้นวิจัยประสิทธิภาพวัคซีนให้สูงขึ้นก็จะยิ่งส่งผลต่อการป้องกันโรคโควิด-19 สูงขึ้น ลดอัตราการเสียชีวิตลงได้ โดยงานวิจัยนี้ที่พัฒนาขึ้นสามารถเข้าใจได้ง่ายและสอดคล้องกับสถานการณ์จริง จึงสามารถนำไปใช้เป็นต้นแบบในการศึกษาและพัฒนาตัวแบบโรคโควิด-19 ระลอกที่ 5 และระลอกอื่น ๆ ในประเทศไทย รวมโรคติดเชื้ออื่น ๆ ที่มีการแพร่ระบาดในลักษณะเดียวกันได้อีกด้วย

กิตติกรรมประกาศ

ผู้วิจัยขอขอบคุณภาควิชาคณิตศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม ที่เอื้อเฟื้อสถานที่ในการทำวิจัยครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง (References)

[1] Huang, C. et al. 2020. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *The Lancet*, 395(10223), 497-506, https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30183-5.

[2] World Health Organization. 2021. Listings of WHO's response to COVID-19. Available at: https://www.who.int/news/item/29-06-2020-covidtimeline. Retrieved 16 May 2023.

[3] BARRETO, C. and MEJIA, M. 2021. Peru's intensive care units at capacity as virus cases surge. Available at: https://apnews.com/article/lima-coronavirus-pandemic-peru-847fb33c1f5c49ca70b66227f0435e2e. Retrieved 16 May 2023.

[4] National Statistical Office. 2021. Demography Population and Housing. Available at: http://statbbi.nso.go.th/staticreport/page/sector/th/01.aspx. Retrieved 19 May 2023.

[5] Department of Disease Control. 2022. DDC COVID-19 Interactive Dashboard. Available at: https://ddc.moph.go.th/covid19-dashboard/?dashboard=main. Retrieved 12 May 2023.

[6] Rajatanavin, N., Tuangratananon, T., Suphanchaimat, R. and Tangcharoensathien, V. 2021. Responding to the COVID-19 second wave in Thailand by diversifying and adapting lessons from the first wave. *BMJ global health*, 6(7), https://doi.org/10.1136/bmjgh-2021-006178.

[7] World Health Organization Country Office for Thailand. 2022. COVID-19 Situation in Thailand. Available at: https://t.ly/bm8Ac. Retrieved 17 May 2023.

[8] Keeling, M.J., and Rohani, P. 2008. Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals, Princeton University Press, https://doi.org/10.2307/j.ctvcm4gk0.

[9] Chen, Z. et al. 2022. SEIR model with unreported infected population and dynamic parameters for the spread of COVID-19. *Mathematics and computers in simulation*, 198, 31-46, https://doi.org/10.1016/j.matcom.2022.02.025.

[10] Teklu, S. W. 2022. Mathematical analysis of the transmission dynamics of COVID-19 infection in the presence of intervention strategies. *Journal of Biological Dynamics*, 16(1), 640-664, https://doi.org/10.1080/17513758.2022.2111469.

[11] Ayoola, T. A., Kolawole, M. K. and Popoola, A. O. 2022. Mathematical model of COVID-19 transmission dynamics with double dose vaccination. *Tanzania Journal of Science*, 48(2), 499-512, https://doi.org/10.4314/tjs.v48i2.23.

[12] Marinov, T. T. and Marinova, R. S. 2022. Inverse problem for adaptive SIR model: Application to COVID-19 in Latin America. *Infectious Disease Modelling*, 7(1), 134-148, https://doi.org/10.1016/j.idm.2021.12.001.

[13] Youssef, H., Alghamdi, N., Ezzat, M. A., El-Bary, A. A. and Shawky, A. M. 2021. Study on the SEIQR model and applying the epidemiological rates of COVID-19 epidemic spread in Saudi Arabia. *Infectious Disease Modelling*, 6, 678-692, https://doi.org/10.1016/j.idm.2021.04.005.

[14] Alqahtani, R. T. 2021. Mathematical model of SIR epidemic system (COVID-19) with fractional derivative: stability and numerical analysis. *Advances in Difference Equations*, 2021(1), 1-16, https://doi.org/10.1186/s13662-020-03192-w.

[15] Ahmad, N. 2020. COVID-19 modeling in Saudi Arabia using the modified Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered (SEIR) model. *Cureus*, 12(9), https://doi.org/10.7759/cureus.10452.

[16] Theparod, T., Kreabkhontho, P. and Teparos, W. 2023. Booster Dose Vaccination and Dynamics of COVID-19 Pandemic in the Fifth Wave: An Efficient and Simple Mathematical Model for Disease Progression. *Vaccines*, 11(3), 589, https://doi.org/10.3390/vaccines11030589.

[17] Ledford, H. 2020. COVID-19 reinfection: three questions scientists are asking. *Nature*, 585(7824), 168-169, https://doi.org/10.1038/d41586-020-02506-y.

[18] The Bureau of Registration Administration. 2021. Number of births and deaths in Thailand 2021. Available at: https://t.ly/BS9lw. Retrieved 22 May 2023.

[19] Van den Driessche, P. and Watmough, J. 2002. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical biosciences*, 180(1-2), 29-48, https://doi.org/10.1016/S0025-5564(02)00108-6.

[20] PHAT, B. and Ngoc, V. 2001. Introduction to mathematical control theory. Hanoi National University Publisher, Hanoi.

[21] DeJesus, E.X. and C. Kaufman. 1987. Routh-Hurwitz criterion in the examination of eigenvalues of a system of nonlinear ordinary differential equations. *Physical Review A*, 35(12), 5288, https://doi.org/10.1103/PhysRevA.35.5288.

[22] Department of Disease Control. 2021. Guidelines for people who need COVID-19 Epidemic Situation 2021 in Thailand. Available at: https://ddc.moph.go.th/vaccine-covid19/getFiles/11/1628849610213.pdf. Retrieved 19 May 2023.

[23] Chitnis, N., Hyman, J.M., and Cushing, J.M. 2008. Determining important parameters in the spread of malaria through the sensitivity analysis of a mathematical model.

Bulletin of mathematical biology, 70, 1272-1296, https://doi.org/10.1007/s11538-008-9299-0.

[24] Coutsias, E.A., Seok, C. and Dill, K.A. 2004. Using quaternions to calculate RMSD. *Journal of Computational Chemistry*, 25(15), 1849-1857, https://doi.org/10.1002/jcc.20110.