

แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของการปฏิสัมพันธ์ระหว่าง  
ไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์เอ และสายพันธุ์บีในประเทศไทย  
MATHEMATICAL MODEL OF INTERACTION BETWEEN  
INFLUENZA A AND INFLUENZA B IN THAILAND



วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร  
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาคณิตศาสตร์ประยุกต์  
ภาควิชาคณิตศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์  
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

พ.ศ.2562

KMITL-2019-SC-M-001-031

แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของการปฏิสัมพันธ์ระหว่าง  
ไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์เอ และสายพันธุ์บีในประเทศไทย  
MATHEMATICAL MODEL OF INTERACTION BETWEEN  
INFLUENZA A AND INFLUENZA B IN THAILAND



อนุสิทธิ์ ชำนาญ  
ANUSIT CHAMNAN

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร  
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาคณิตศาสตร์ประยุกต์  
ภาควิชาคณิตศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์  
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง  
พ.ศ.2562

KMITL-2019-SC-M-001-031

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

MATHEMATICAL MODEL OF INTERACTION BETWEEN  
INFLUENZA A AND INFLUENZA B IN THAILAND



ANUSIT CHAMNAN

A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT OF THE REQUIREMENT FOR THE  
DEGREE OF MASTER OF SCIENCE IN APPLIED MATHEMATICS  
DEPARTMENT OF MATHEMATICS  
FACULTY OF SCIENCE  
KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG  
2019

KMITL-2019-SC-M-001-031

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



COPYRIGHT 2019

FACULTY OF SCIENCE

KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หัวข้อวิทยานิพนธ์	แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของการปฏิสัมพันธ์ระหว่าง ไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์เอ และสายพันธุ์บีในประเทศไทย
ชื่อนักศึกษา	นายอนุสิทธิ์ ชำนาญ
รหัสประจำตัว	60605015
ปริญญา	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
ภาควิชา	คณิตศาสตร์
พ.ศ.	2562
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์	รศ.ดร.พันธณี พงศ์สัมพันธ์

### บทคัดย่อ

โรคไข้หวัดใหญ่เป็นโรคที่ติดต่อระบบทางเดินหายใจที่พบว่าการแพร่ระบาดได้ตลอดทั้งปี ซึ่งเกิดจากเชื้อไวรัสชนิด influenza โดยเชื้อ influenza มีทั้งหมด 3 ชนิด โดยการติดเชื้อที่พบในคนคือสายพันธุ์ A, B และ C ในงานวิจัยนี้พิจารณาเฉพาะสายพันธุ์ A และ B โดยการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ที่พิจารณาปฏิสัมพันธ์ระหว่างไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์เอ และสายพันธุ์บีในประเทศไทย และพิจารณาหาผลเฉลยเชิงตัวเลข พร้อมทั้งหาเงื่อนไขที่ทำให้เกิดความเสถียรภาพภายในของจุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรคเมื่อ  $R_0 < 1$  และสภาวะระบาดเรื้อรังเมื่อ  $R_0 > 1$  แล้วนำมาแสดงในรูปแบบของค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน ซึ่งผลลัพธ์เชิงตัวเลขนำมาวิเคราะห์การควบคุมของโรค และเป็นแนวทางสำหรับลดการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่นอกจากนั้นยังได้มีการพิจารณาความเสถียรภาพวงกว้างของแบบจำลองนี้

**คำสำคัญ :** ไข้หวัดใหญ่ ความเสถียรภาพภายใน ความเสถียรภาพวงกว้าง ค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน

จุดสมดุล

Thesis Title	Mathematical Model of Interaction between Influenza A and Influenza B in Thailand
Student Name	Anusit Chamnan
Student ID	60605015
Degree	Master of Science (Applied Mathematic)
Department	Mathematics
Year	2018
Thesis Advisor	Assoc.Prof.Dr. Puntani Pongsumpun

### ABSTRACT

Influenza is a respiratory disease that be found to spread throughout the year. It is caused by an influenza virus, influenza-type infections with all 3 types of infection (species A, B and C) are detected in human. In this paper, we study the infection of only influenza A and B by formulating and analyzing a mathematical model with interaction between influenza A and influenza B in Thailand. The local stability condition of the disease free for  $R_0 < 1$  and endemic equilibrium states  $R_0 > 1$  are found in the form of the basic reproductive numbers. The numerical results are shown to present the way for reducing the outbreak of this disease. The output of this study should be a guideline to reduce the outbreak of influenza. Furthermore, the global stability of our model is also considered in this study.

**Keywords** : basic reproductive numbers, global stability, influenza, local stability, stability

## กิตติกรรมประกาศ

ในการทำวิทยานิพนธ์ในหัวข้อแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของการปฏิสัมพันธ์ระหว่างไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์เอ และไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์บี ในประเทศไทย สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดีนั้น ผู้วิจัยกราบขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์ ดร. พันธณี พงศ์สัมพันธ์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ที่คอยให้คำชี้แนะแนวทางในการทำวิทยานิพนธ์ในครั้งนี้พร้อมทั้งเสียสละเวลาอันมีค่าช่วยตรวจงานและให้คำแนะนำ ในการแก้ปัญหาที่อุปสรรค และให้กำลังใจ ตลอดการดำเนินงานวิจัยต่างๆ

ขอกราบขอบพระคุณ ผู้ทรงคุณวุฒิภายนอก ประธานกรรมการสอบ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. กลศ พัฒนระพีเลิศ และอาจารย์บัณฑิตประจำ กรรมการสอบ ดร.วรรณพร สรรประเสริฐ ผู้พิจารณาหัวข้อและสอบวิทยานิพนธ์ รวมทั้งให้ความกรุณาชี้แนะแนวทางในการทำงานวิจัยต่างๆ ตลอดจนวิทยานิพนธ์เล่มนี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี

ขอกราบขอบพระคุณเจ้าหน้าที่ประจำภาควิชาคณิตศาสตร์ ที่คอยช่วยเหลือ และอำนวยความสะดวกในเรื่องเอกสารต่างๆ และเพื่อนๆ ทุกคนที่ให้การช่วยเหลือในการทำวิทยานิพนธ์ในครั้งนี้  
สุดท้ายกราบขอบพระคุณ บิดา มารดา และครอบครัวของข้าพเจ้าผู้เป็นกำลังใจอันสำคัญที่ให้การสนับสนุน และมอบกำลังใจอันอบอุ่นให้เสมอมาตลอดการทำวิทยานิพนธ์ในครั้งนี้

นายอนุสิทธิ์ ชำนาญ

# สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	ก
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	ข
กิตติกรรมประกาศ.....	ค
สารบัญ.....	ง
สารบัญตาราง.....	ฉ
สารบัญรูป.....	ช
<b>บทที่ 1 บทนำ.....</b>	<b>1</b>
1.1 ความสำคัญและที่มาของวิทยานิพนธ์.....	1
1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย.....	1
1.3 ขอบเขตของงานวิจัย.....	2
1.4 ขั้นตอนของงานวิจัย.....	2
1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ.....	3
<b>บทที่ 2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....</b>	<b>4</b>
2.1 โรคไข้หวัดใหญ่.....	4
2.1.1 สาเหตุของไข้หวัดใหญ่.....	4
2.1.2 ประเภทของไข้หวัดใหญ่.....	5
2.1.3 อาการของไข้หวัดใหญ่.....	5
2.1.4 โรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทย.....	6
2.2 ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง.....	11
2.2.1 จุดสมดุล (Equilibrium point) .....	11
2.2.2 ความเสถียรภาพของจุดสมดุล (Stable of equilibrium point).....	12
2.2.3 วิธีการหาค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน (Basic reproductive numbers).....	13

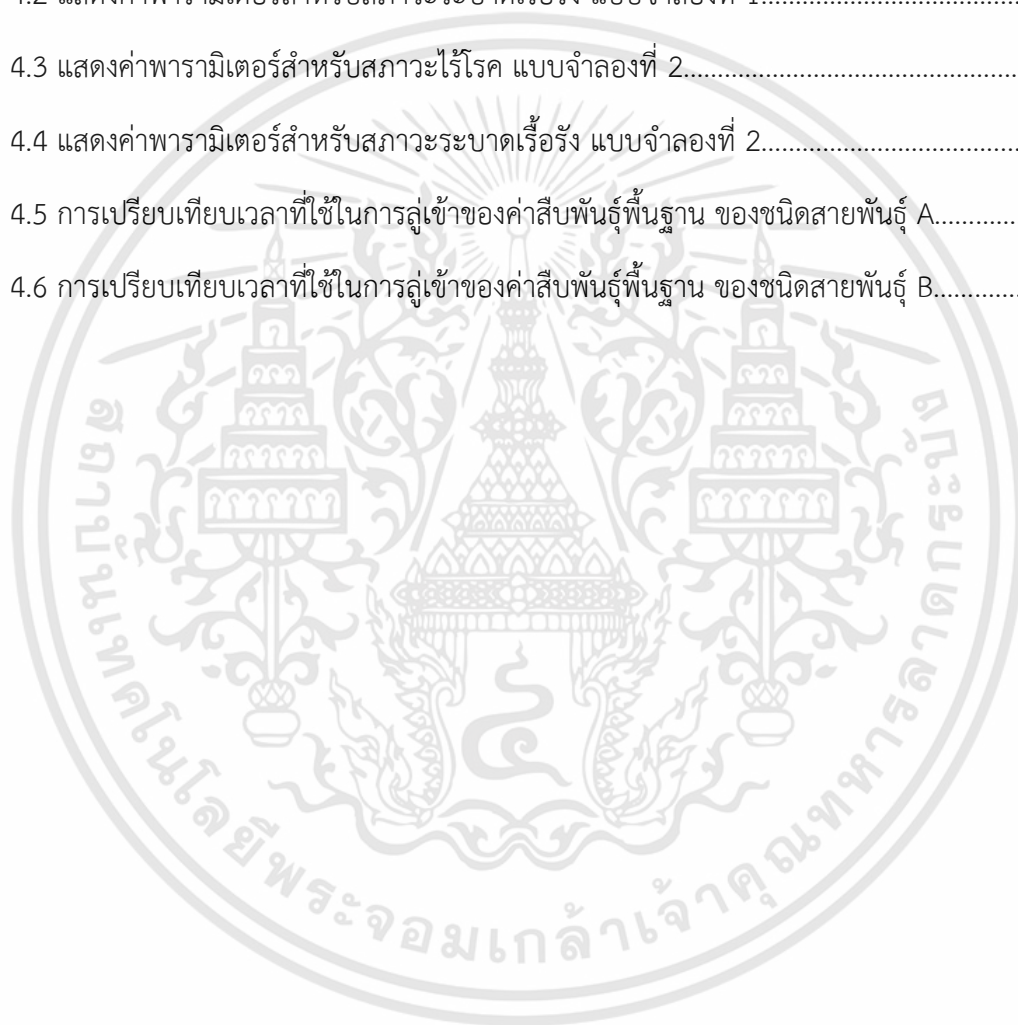
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
2.2.4 วิธีรุงเงคุดตา (Runge – Kutta method).....	17
2.2.5 Routh-Hurwitz criteria.....	18
2.2.6 ฟังก์ชันไลปูนอฟ (Lyapunov function).....	19
2.3 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	21
<b>บทที่ 3 วิธีดำเนินงานวิจัย.....</b>	<b>22</b>
3.1 การสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคไข้หวัดใหญ่.....	22
3.2 แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคไข้หวัดใหญ่.....	23
<b>บทที่ 4 ผลการวิจัยและการอภิปรายผล.....</b>	<b>29</b>
4.1 การวิเคราะห์แบบจำลองทางคณิตศาสตร์.....	29
4.2 จุดสมดุลของระบบสมการ.....	31
4.3 ค่าสืบพันธ์พื้นฐาน .....	35
4.4 ผลการวิเคราะห์เชิงตัวเลข.....	49
4.5 ความเสถียรภาพภายใน.....	92
4.6 ความเสถียรภาพวงกว้าง.....	102
<b>บทที่ 5 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ.....</b>	<b>112</b>
<b>เอกสารอ้างอิง.....</b>	<b>114</b>
<b>ภาคผนวก .....</b>	<b>119</b>
ภาคผนวก ก ความเสถียรภาพภายในของแบบจำลองที่ 2.....	120
ภาคผนวก ข ผลงานทางวิชาการ.....	125
<b>ประวัติผู้วิจัย.....</b>	<b>126</b>

## สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
1.1 ตารางแสดงขั้นตอนของงานวิจัย.....	2
3.1 สัญลักษณ์แทนข้อความของแบบจำลองโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทย.....	22
4.1 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับสภาวะไร้โรค แบบจำลองที่ 1.....	50
4.2 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับสภาวะระบาดเรื้อรัง แบบจำลองที่ 1.....	50
4.3 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับสภาวะไร้โรค แบบจำลองที่ 2.....	63
4.4 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับสภาวะระบาดเรื้อรัง แบบจำลองที่ 2.....	64
4.5 การเปรียบเทียบเวลาที่ใช้ในการลุ่เข้าของค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน ของชนิดสายพันธุ์ A.....	91
4.6 การเปรียบเทียบเวลาที่ใช้ในการลุ่เข้าของค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน ของชนิดสายพันธุ์ B.....	91



## สารบัญรูป

รูปที่	หน้า
2.1 จำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 ถึงปี พ.ศ. 2560.....	6
2.2 จำนวนผู้เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 ถึงปี พ.ศ. 2560.....	7
2.3 จำนวนผู้ป่วยที่สู่มตรวจพบโรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A.....	8
2.4 จำนวนผู้ป่วยที่สู่มตรวจพบโรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ B.....	8
2.5 จำนวนผู้ป่วยที่สู่มตรวจพบโรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A และ B .....	9
2.6 จำนวนผู้ป่วยที่สู่มตรวจพบโรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A ชนิดย่อย H3N2.....	9
2.7 จำนวนผู้ป่วยที่สู่มตรวจพบโรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A ชนิดย่อย H1N1.....	10
2.8 จำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 ถึงปี พ.ศ. 2560 โดยแยกตามรายเดือนของแต่ละปี.....	10
2.9 จำนวนผู้เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 ถึงปี พ.ศ. 2560 โดยแยกตามรายเดือนของแต่ละปี.....	11
2.10 ทิศทางของจุดสมดุลที่มีความเสถียรภาพ.....	12
2.11 ทิศทางของจุดสมดุลอานม้า.....	12
2.12 ทิศทางของจุดสมดุลที่ไม่มีความเสถียรภาพ.....	13
3.1 แผนภาพแสดงแนวคิดในการสร้างแบบจำลองของประชากรของโรคไข้หวัดใหญ่ ในประเทศไทยโดยแยกตามชนิดของเชื้อ แบบจำลองที่ 1.....	23
3.2 แผนภาพแสดงแนวคิดในการสร้างแบบจำลองของประชากรของโรคไข้หวัดใหญ่ ในประเทศไทยโดยแยกตามชนิดของเชื้อ แบบจำลองที่ 2.....	27
4.1 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อเทียบเวลา แบบจำลองที่ 1.....	51

## สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
4.2 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1.....	51
4.3 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลาแบบจำลองที่ 1.....	52
4.4 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลาแบบจำลองที่ 1.....	52
4.5 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลาแบบจำลองที่ 1.....	53
4.6 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ถูกกักกันโรคเฉลี่ยของ ชนิดสายพันธุ์ A และ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1.....	53
4.7 กราฟแสดงแนววิถีของผลเฉลยบนระนาบ $(S, E_A), (S, E_B), (S, I_A), (S, I_B), (S, Q), (E_A, E_B),$ $(E_A, I_A), (E_A, I_B), (E_A, Q), (E_B, I_A), (E_B, I_B), (E_B, Q), (I_A, I_B), (I_A, Q), (I_B, Q)$ ตามลำดับ สำหรับ $R_0 < 1$ สัดส่วนของประชากรจะลู่เข้าสู่จุดสมดุลในสภาวะไร้โรค คือ $E_1 = (1, 0, 0, 0, 0, 0)$ แบบจำลองที่ 1.....	56
4.8 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1.....	57
4.9 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1.....	57
4.10 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1.....	58

## สารบัญญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
4.11 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ถูกกักกันโรคของ ชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1.....	58
4.12 กราฟแสดงแนววิถีของผลเฉลยบนระนาบ (S, E <sub>A</sub> ), (S, I <sub>A</sub> ), (S, Q), (E <sub>A</sub> , I <sub>A</sub> ), (E <sub>A</sub> , Q), (I <sub>A</sub> , Q) ตามลำดับ สำหรับ R <sub>0</sub> > 1 สัดส่วนประชากรจะเข้าสู่จุดสมดุลในสถานะเรื้อรัง คือ E <sub>2</sub> = (0.000756154, 0.000117314, 0, 0.000273658, 0, 0.000547017) แบบจำลองที่ 1.....	59
4.13 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1.....	60
4.14 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1.....	60
4.15 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1.....	61
4.16 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ถูกกักกันโรค ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1.....	61
4.17 กราฟแสดงแนววิถีของผลเฉลยบนระนาบ (S, E <sub>B</sub> ), (S, I <sub>B</sub> ), (S, Q), (E <sub>B</sub> , I <sub>B</sub> ), (E <sub>B</sub> , Q), (I <sub>B</sub> , Q) ตามลำดับ สำหรับ R <sub>0</sub> > 1 สัดส่วนประชากรจะเข้าสู่จุดสมดุลในสถานะเรื้อรัง คือ E <sub>3</sub> = (0.00342001, 0, 0.000155996, 0, 0.000194957, 0.00054558) แบบจำลองที่ 1.....	62
4.18 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อเทียบเวลา แบบจำลองที่ 2.....	65

## สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
4.19 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2.....	65
4.20 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2.....	66
4.21 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2.....	66
4.22 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2.....	67
4.23 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ฟื้นไข้ เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2.....	67
4.24 กราฟแสดงแนววิถีของผลเฉลยบนระนาบ ( $S, E_A$ ), ( $S, E_B$ ), ( $S, I_A$ ), ( $S, I_B$ ), ( $S, R$ ), ( $E_A, E_B$ ), ( $E_A, I_A$ ), ( $E_A, I_B$ ), ( $E_A, R$ ), ( $E_B, I_A$ ), ( $E_B, I_B$ ), ( $E_B, R$ ), ( $I_A, I_B$ ), ( $I_A, R$ ), ( $I_B, R$ ) ตามลำดับ สำหรับ $\mathcal{R}_0 < 1$ สัดส่วนของประชากรจะลู่เข้าสู่จุดสมดุลในสภาวะไร้โรค คือ $E_1 = (1, 0, 0, 0, 0)$ แบบจำลองที่ 2.....	70
4.25 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2.....	71
4.26 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2.....	71
4.27 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2.....	72

## สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
4.28 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ฟันไข	
ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2.....	72
4.29 กราฟแสดงแนวโน้มของผลเฉลยบนระนาบ	
(S, E <sub>A</sub> ), (S, I <sub>A</sub> ), (S, R), (E <sub>A</sub> , I <sub>A</sub> ), (E <sub>A</sub> , R), (I <sub>A</sub> , R)	
ตามลำดับ สำหรับ $\mathfrak{R}_0 > 1$ สัดส่วนประชากรจะเข้าสู่จุดสมดุลในสภาวะเรื้อรัง คือ	
$E_2 = (0.0000000018, 0.0388, 0, 0.01821, 0, 0.7784)$	
แบบจำลองที่ 2.....	73
4.30 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ	
ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2.....	74
4.31 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรที่ติดเชื้อแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้	
ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2.....	75
4.32 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้	
ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2.....	75
4.33 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรที่ฟันไข	
ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2.....	76
4.34 กราฟแสดงแนวโน้มของผลเฉลยบนระนาบ	
(S, E <sub>A</sub> ), (S, I <sub>A</sub> ), (S, R), (E <sub>A</sub> , I <sub>A</sub> ), (E <sub>A</sub> , R), (I <sub>A</sub> , R)	
ตามลำดับ สำหรับ $\mathfrak{R}_0 > 1$ สัดส่วนประชากรจะเข้าสู่จุดสมดุลในสภาวะเรื้อรัง คือ	
$E_3 = (0.0000000023, 0, 0.0511, 0, 0.01719, 0, 0.07682)$	
แบบจำลองที่ 2.....	77
4.35 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงประสิทธิภาพของจุดสมดุลของ	
สัดส่วนประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อของชนิดสายพันธุ์ A	
และชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 1.....	78

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
4.36 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของ สัณฐานประชากรที่ติดเชื่อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ A แบบจำลองที่ 1.....	79
4.37 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัณฐาน ประชากรที่ติดเชื่อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 1.....	80
4.38 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัณฐาน ประชากรที่ติดเชื่อและสามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ A แบบจำลองที่ 1.....	81
4.39 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัณฐาน ประชากรที่ติดเชื่อและสามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 1.....	82
4.40 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัณฐาน ประชากรที่ติดถูกกักกันเฉลี่ยของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 1.....	83
4.41 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัณฐาน ประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื่อของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 2.....	85
4.42 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัณฐาน ประชากรที่ติดเชื่อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ A แบบจำลองที่ 2.....	86

## สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
4.43 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่ติดเชื่อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 2.....	87
4.44 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่ติดเชื่อและสามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ A แบบจำลองที่ 2.....	88
4.45 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่ติดเชื่อและสามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 2.....	89
4.46 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่ฟื้นไข้ของ ชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 2.....	90
4.47 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับจุดสมดุลในสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A ซึ่งสอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh-Hurwitz โดยมีค่าพารามิเตอร์ดังตารางที่ 4.2 แบบจำลองที่ 1 .....	95
4.48 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับจุดสมดุลในสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ B ซึ่งสอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh-Hurwitz โดยมีค่าพารามิเตอร์ดังตารางที่ 4.2 แบบจำลองที่ 1 .....	98
4.49 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับจุดสมดุลในสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A ซึ่งสอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh-Hurwitz โดยมีค่าพารามิเตอร์ดังตารางที่ 4.4 แบบจำลองที่ 2 .....	100

## สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่

หน้า

4.50 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับจุดสมดุลในสภาวะระบอบเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ B ซึ่งสอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh-Hurwitz โดยมีค่าพารามิเตอร์ดังตารางที่ 4.4 แบบจำลองที่ 2 .....	103
---	-----



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

# บทที่ 1

## บทนำ

### 1.1 ความสำคัญและที่มาของวิทยานิพนธ์

โรคไข้หวัดใหญ่ (Influenza) จัดเป็นโรคติดต่ออุบัติใหม่ เป็นโรคที่ติดต่อบนทางเดินหายใจ ที่พบว่ามีอาการแพร่ระบาดได้ตลอดทั้งปี เนื่องจากการติดเชื้อไวรัส Influenza สายพันธุ์ A, B หรือ C เชื้อนี้จะอยู่ในน้ำมูก น้ำลาย หรือเสมหะของผู้ป่วย ติดต่อกันโดยการไอ หรือจาม หรือการสัมผัส ภูมิภาคมือของเครื่องใช้เปื้อนเชื้อโรค สามารถทำให้เกิดการเจ็บป่วยได้ โดยการเจ็บป่วยอาจรุนแรง และอาจจะมีภาวะแทรกซ้อนที่ส่งผลให้เสียชีวิตได้ เนื่องจากโรคไข้หวัดใหญ่เป็นโรคที่พบได้ตลอดทั้งปี และสามารถพบได้ในสถานที่ทั่วไป ซึ่งพื้นที่ถ้าเกิดโรคแล้วก็จะมีความเสี่ยงที่จะมีโอกาสเกิดการระบาดในบริเวณกว้างได้ เช่น บริเวณที่มีผู้คนแออัดหรือผู้คนที่ย้ายอยู่เป็นจำนวนมาก โดยส่วนใหญ่ในแต่ละปีที่มีการระบาดของไข้หวัดใหญ่จะมีอยู่สองช่วงหลักๆ คือช่วงฤดูหนาว และฤดูฝน และมักพบในเด็กและผู้ใหญ่ ซึ่งสถานการณ์ของโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยพบว่ามีแนวโน้มเพิ่มขึ้นสูงในแต่ละปี

จากที่กล่าวมาข้างต้น ผู้วิจัยได้มีการเล็งเห็นและตระหนักถึงความสำคัญของทรัพย์สินและชีวิตของประชาชนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อของโรคไข้หวัดใหญ่ ผู้วิจัยจึงได้ทำการศึกษาหาข้อมูลของผู้ป่วยที่รวบรวมมาจากกระทรวงสาธารณสุข พร้อมทั้งวิเคราะห์และหาวิธีแก้ปัญหาโดยการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับโรคไข้หวัดใหญ่ที่แบ่งตามสายพันธุ์ของ A และ B เท่านั้น เนื่องจากสายพันธุ์ C เป็นการติดเชื้อทางเดินหายใจที่ไม่รุนแรง มีอาการป่วยเพียงเล็กน้อยหรือไม่แสดงอาการป่วยเลย ไม่ก่อให้เกิดการแพร่ระบาด เพื่อเป็นข้อมูลเบื้องต้นในการป้องกันโรค ลดจำนวนผู้ป่วย และใช้เป็นข้อมูลทางวิชาการควบคู่กับสถิติของการเกิดโรคของประเทศไทยทั่วภูมิภาคของทางสำนักโรคติดต่ออุบัติใหม่ สำนักระบาดวิทยา และกรมควบคุมโรคของกระทรวงสาธารณสุขต่อไป

### 1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย

1. เพื่อสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับโรคไข้หวัดใหญ่โดยแบ่งตามสายพันธุ์ เพื่อใช้เป็นแนวทางหาวิธีป้องกันโรคและลดจำนวนของผู้ป่วย
2. เพื่อเป็นข้อมูลทางวิชาการควบคู่กับสถิติของการเกิดโรคของประเทศไทยทั่วภูมิภาคของทางสำนักโรคติดต่ออุบัติใหม่ สำนักระบาดวิทยา และกรมควบคุมโรคของกระทรวงสาธารณสุขต่อไป
3. เพื่อนำผลของการวิเคราะห์ข้อมูลทางทฤษฎีและผลการวิเคราะห์เชิงตัวเลข มาหาแนวทางในการลดการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่

### 1.3 ขอบเขตของงานวิจัย

1. วิเคราะห์จำนวนผู้ป่วย โดยการพิจารณาจากสายพันธุ์แต่ละชนิดที่มีการติดเชื้อไขหวัดใหญ่ เพื่อสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับโรคไขหวัดใหญ่โดยแบ่งตามสายพันธุ์ พร้อมทั้งกำหนดให้จำนวนประชากรทั้งหมดคงที่
2. วิเคราะห์ความเป็นไปได้ของคำตอบในแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ เพื่อหาเงื่อนไขที่ทำให้เกิดความเสถียรภาพภายใน ความเสถียรภาพพวงกว้าง ของจุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรคและสภาวะระบาดเรื้อรัง
3. ศึกษาค่าพารามิเตอร์ต่างๆ ที่ทำให้เกิดการระบาดของแบบจำลองของโรคไขหวัดใหญ่

### 1.4 ขั้นตอนของงานวิจัย

ตารางที่ 1.1 ตารางแสดงขั้นตอนของงานวิจัย

ขั้นตอนของงานวิจัย	ระยะเวลาในการวิจัย												
	2560			2561						2562			
	ส.ค.-ก.ย.	ต.ค.-ธ.ค.	ม.ค.-ก.พ.	มี.ค.-พ.ค.	มี.ย.-ส.ค.	ก.ย.-ธ.ค.	ม.ค.-มี.ค.	เม.ย.-พ.ค.					
1. ค้นคว้าเอกสารและข้อมูลที่เกี่ยวข้อง													
2. รวบรวมข้อมูลสถิติการเกิดโรคไขหวัดใหญ่ของประชากรทั้งหมดในประเทศไทย													
3. สร้างแบบจำลองคณิตศาสตร์สำหรับโรคไขหวัดใหญ่													
4. วิเคราะห์แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ที่ได้โดยวิเคราะห์หาความเสถียรภาพภายใน และ ความเสถียรภาพพวงกว้าง													
5. พัฒนาความเหมาะสมของแบบจำลองที่ได้													
6. สรุปผลที่ได้จากการทดสอบแบบจำลองทางคณิตศาสตร์และเสนอแนะแนวทางการ													

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ขั้นตอนของงานวิจัย	ระยะเวลาในการวิจัย														
	2560				2561						2562				
	ส.ค.-ก.ย.		ต.ค.-ธ.ค.		ม.ค.-ก.พ.		มี.ค.-พ.ค.		มิ.ย.-ส.ค.		ก.ย.-ธ.ค.		ม.ค.-มี.ค.		เม.ย.-พ.ค.
พัฒนาแบบจำลอง คณิตศาสตร์ต่อไป															
7.จัดทำรูปเล่ม วิทยานิพนธ์															

### 1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. เสนอแนวทางใหม่ในการลดการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่
2. เป็นแนวทางวิจัยสำหรับผู้ที่มีความสนใจเกี่ยวกับวิธีการควบคุมการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ และควบคู่กับแนวคิดในการพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## บทที่ 2

# งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

### 2.1 โรคไข้หวัดใหญ่

โรคไข้หวัดใหญ่ (influenza) คือโรคระบบทางเดินหายใจที่เกิดจากเชื้อไวรัส หรือติดเชื้อไวรัส อย่างเฉียบพลัน มีสาเหตุมาจากเชื้อไวรัส influenza ทำให้เกิดการติดต่อแพร่กระจายและก่อโรคในคนได้ทั่วไป ส่งผลต่อระบบทางเดินหายใจในส่วนของจมูก ลำคอ และปอด อาการเบื้องต้นคล้ายกับคนที่เป็นหวัดธรรมดา เป็นโรคที่สามารถพบได้ตลอดทั้งปี และมีการระบาดมากในช่วงเปลี่ยนผ่านของฤดู ที่มีสภาพอากาศเปลี่ยนแปลงอย่างฉับพลัน โดยเฉพาะในฤดูหนาว และฤดูฝน ที่เอื้อต่อการแพร่ระบาดของเชื้อโรคได้เป็นอย่างดีพบได้ทั่วโลก โดยมักมีความรุนแรงของโรคสูงในผู้ป่วยสูงอายุ เป็นสาเหตุของการเสียชีวิตได้ ซึ่งไวรัสไข้หวัดใหญ่จัดอยู่ในตระกูล Orthomyxoviridae โดยทั่วไปไข้หวัดใหญ่ มักมีอาการรุนแรงมากกว่าไข้หวัดธรรมดา โดยสังเกตได้จากอาการที่มักจะเกิดขึ้นทันทีทันใด ต่างจากไข้หวัดธรรมดา มักจะมีอาการค่อยเป็นค่อยไป และที่สำคัญไข้หวัดมักมีไข้สูงติดต่อกันหลายวัน โดยเฉพาะในเด็กจะมีไข้สูงลอยเกินกว่า 39 – 40 องศาเซลเซียส ติดต่อกัน 3-4 วัน อาจจะมีอาการหนาวสั่นสะท้านร่วมด้วย ในขณะที่ไข้หวัดธรรมดาอาจจะมีไข้สูงแต่ไม่มากนัก นอกจากนี้เด็กโตและผู้ใหญ่ มักมีอาการปวดเมื่อยกล้ามเนื้อ ตามร่างกาย อ่อนเพลียอย่างมาก และเบื่ออาหาร เป็นอาการสำคัญ ความน่ากลัวอีกอย่างหนึ่งของไข้หวัดใหญ่คือการเกิดภาวะแทรกซ้อนของโรค ได้แก่ โรคปอดอักเสบ และโรคสมองอักเสบ ซึ่งมักเกิดกับผู้ที่เป็กลุ่มเสี่ยงคือ เด็กเล็ก ผู้สูงอายุ และผู้ที่มีโรคประจำตัวบางอย่าง เช่นโรคหัวใจ โรคปอด โรคเบาหวาน โรคไต โรคเอดส์ [1-7]

#### 2.1.1 สาเหตุของไข้หวัดใหญ่

สาเหตุของโรคไข้หวัดใหญ่เกิดจากร่างกายได้รับเชื้อไวรัสกลุ่ม influenza virus ผ่านทางประสาทสัมผัสต่างๆ เช่นเชื้อไวรัสที่แพร่กระจายอยู่ในอากาศต่างๆ เข้าสู่ร่างกายผ่านการหายใจเอาละอองน้ำมูก น้ำลาย และเสมหะของผู้ป่วย ที่ไอ หรือจาม และการสัมผัสมือ การรับของเหลวที่มีเชื้อไวรัสปะปนอยู่ผ่านการกิน การดื่ม หรือการสัมผัสเชื้อเข้าสู่เนื้อเยื่อร่างกายโดยตรงทางเลือด น้ำเหลือง น้ำหล่อลื่นที่ดวงตา หรือการใช้สิ่งของเครื่องใช้ต่างๆ ร่วมกับผู้ป่วย เช่น ผ้าเช็ดตัว แก้วน้ำ โทรศัพท์ ของเล่น รีโมตโทรทัศน์ เมื่อใช้มือมาขยี้ตา แคะจมูก เชื้อก็จะเข้าสู่ร่างกายอย่างได้ง่าย ทั้งนี้การติดเชื้อและการแพร่กระจายของเชื้อขึ้นอยู่กับสายพันธุ์ไวรัสด้วย บางสายพันธุ์สามารถติดต่อจากสัตว์เลือดอุ่นที่เป็นพาหะสู่คนได้ด้วย โดยเฉพาะปศุสัตว์ชนิดต่างๆ ที่มีความใกล้ชิดกับคน ไข้หวัดใหญ่ บางสายพันธุ์จึงมีความเสี่ยงในการแพร่ระบาดในหมู่ปศุสัตว์ และเกษตรกรค่อนข้างสูง [1-7]

## 2.1.2 ประเภทของไข้หวัดใหญ่

ไวรัสไข้หวัดใหญ่เกิดจากการติดเชื้อ Influenza Virus โดยการติดเชื้อที่พบในคนคือ สายพันธุ์ A, B และ C ซึ่งการจำแนกสายพันธุ์นั้นอาศัยคุณสมบัติหลายประการ ได้แก่ จำนวนสารพันธุกรรมที่อยู่ภายในอนุภาค คุณสมบัติความแตกต่างของแอนติเจน ความแตกต่างของสิ่งมีชีวิตที่ไวรัสสามารถเข้าเจริญเพิ่มจำนวนหรือติดเชื้อได้ และความแตกต่างในขบวนการสร้างโปรตีนจำเพาะในไวรัสแต่ละชนิด ที่เกิดขึ้นในขบวนการเพิ่มจำนวนของไวรัสเป็นต้น [1-7]

**ไวรัสชนิด A** มีความรุนแรงและอันตรายมากที่สุด สามารถติดต่อจากสัตว์พาหะมาสู่คน และจากคนที่ติดเชื้อไปสู่คนอื่นๆ ทางการไอ จาม และอากาศหายใจที่มีเชื้อไวรัสกระจายตัวอยู่ จึงสามารถแพร่ระบาดได้กว้าง หรือสามารถแพร่เชื้อระบาดได้ในระยะเวลาที่สั้นหรือเวลาที่รวดเร็วได้ ซึ่งในโครงสร้างของไวรัสชนิด A จะแตกต่างกับชนิดอื่นเพราะว่ามี โกลโคโปรตีน 2 แบบ ได้แก่ Hemagglutinin (HA) และ Neuraminidase (NA) โดยที่ HA มีหน้าที่จับกับตัวรับสารของเซลล์แล้วทำการบุกรุกเซลล์ สร้างไวรัสอนุภาคใหม่ขึ้นมา เมื่อติดเชื้อแล้ว NA จะทำหน้าที่ส่งตัวไวรัสที่สร้างขึ้นใหม่ให้แพร่กระจายไปสู่เซลล์ตัวอื่นๆ ซึ่งโปรตีน HA มีทั้งหมด 15 ชนิดย่อย และมี NA ทั้งหมด 9 ชนิดย่อย สายพันธุ์ของไวรัสจึงตั้งชื่อตามการจับตัวของโปรตีน ยกตัวอย่างเช่นสายพันธุ์ที่มีการระบาดที่ผ่านมาก็คือ H1N1 (ไข้หวัดหมู) H5N1 (ไข้หวัดนก) H2N2 (ไข้หวัดใหญ่เอเซีย) H3N2 (ไข้หวัดใหญ่ฮ่องกง)

**ไวรัสชนิด B** มักแพร่ระบาดตามฤดูกาล ที่มีสภาพอากาศชื้นเอื้ออำนวยต่อการติดเชื้อ อย่างเช่นในฤดูหนาว และในฤดูฝน เช่นไข้หวัดใหญ่ตามฤดูกาล (Seasonal Flu) อาจจะสามารถแพร่ระบาดได้ในระดับภูมิภาค ส่วนใหญ่มักจะติดเชื้อระหว่างคนกับคนเท่านั้น

**ไวรัสชนิด C** เป็นการติดเชื้อทางระบบหายใจที่ไม่ค่อยมีความรุนแรงมากเท่าไร มีอาการป่วยเพียงเล็กน้อย หรือบางครั้งอาจจะไม่แสดงอาการป่วยให้เห็นเลย ส่วนใหญ่ไม่ก่อให้เกิดการแพร่ระบาด ส่วนใหญ่สามารถพบได้ในคนและบางครั้งอาจจะพบได้ในหมู

**ไวรัสชนิด D** เป็นการติดเชื้อที่พบได้ในเฉพาะสัตว์ และยังไม่ได้มีการติดเชื้อที่แพร่มาสู่คน

## 2.1.3 อาการของไข้หวัดใหญ่

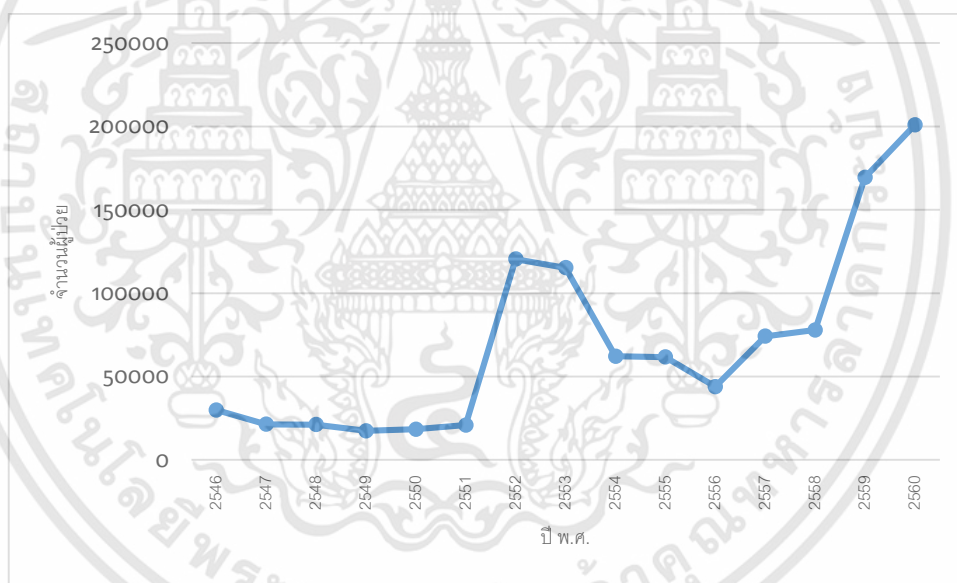
อาการส่วนใหญ่ของผู้ป่วยโรคไข้หวัดใหญ่ ส่วนมากจะเกิดกับระบบหายใจ ผู้ป่วยมักจะมีอาการไข้ขึ้นสูง ร่วมกับอาการหวัด ไอ จาม และเจ็บคอ แต่ในบางกรณีผู้ป่วยอาจจะไม่มีไข้ และในบางกรณีอาจมีอาการอื่นร่วมด้วยยกตัวอย่างเช่น มีไข้ขึ้นสูง ตั้งแต่ 38 องศาเซลเซียสขึ้นไป ปวดหัว ตัวหนาวสั่น ปวดเมื่อยตามกล้ามเนื้อของร่างกายตามแขนตามขา อ่อนเพลียจนหมดแรง คัดจมูกมีน้ำมูกหรือเสมหะ ไอแห้งจามหรือบางครั้งไอแบบไม่มีเสมหะ เจ็บคอหรือคออักเสบ คลื่นไส้อาเจียน ปวดท้อง ท้องร่วง ไม่อยากทานอาหาร นอนไม่หลับ ไม่สบายตัว ซึ่งโดยทั่วไปการป่วยเป็นไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ที่ไม่ค่อยมีความรุนแรง และไม่มีอาการที่แทรกซ้อน หากดูแลรักษาที่เหมาะสม ร่างกายจะกลับมาเป็นปกติได้ภายใน 1-2 สัปดาห์ ซึ่งระยะพักตัวของโรคไข้หวัดใหญ่ผู้ติดเชื้อจะเริ่มแสดงอาการหลังจาก

เชื้อเข้าสู่ร่างกายแล้วโดยเฉลี่ย 2 วัน (ในช่วง 1-4 วัน ) ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับสภาพร่างกายของผู้ป่วย และ ปริมาณของเชื้อที่ได้รับด้วย [1-7]

## 2.1.4 โรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทย

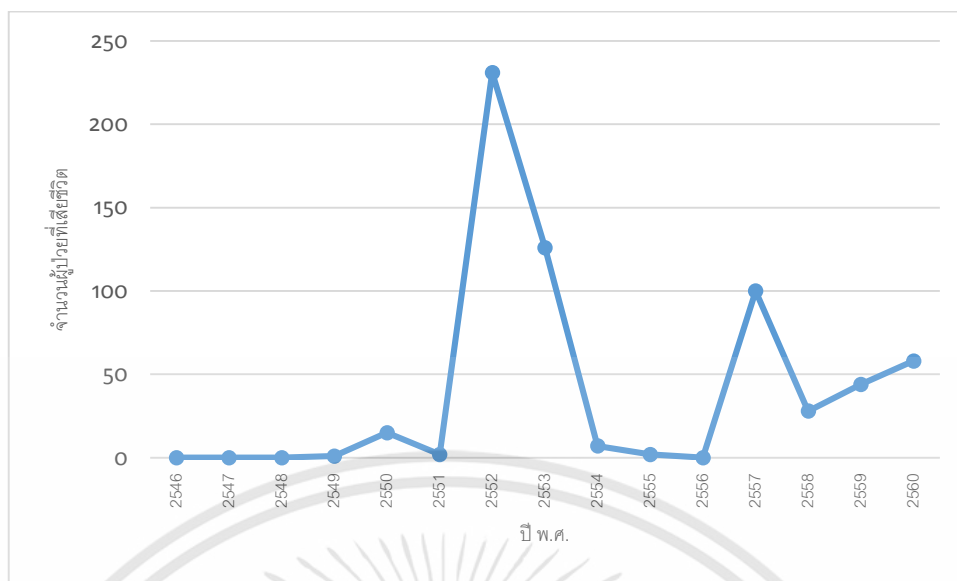
ข้อมูลโรคไข้หวัดใหญ่ได้จากสำนักระบาดวิทยา กระทรวงสาธารณสุข ซึ่งเป็นข้อมูลสถิติของการเกิดโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยทุกจังหวัด ของข้อมูลผู้ป่วยโรคไข้หวัดใหญ่เฝ้าระวัง ซึ่งหมายถึงโรคติดต่อหรือกลุ่มอาการที่มีผลกระทบต่อสุขภาพอนามัยของประชาชนอย่างรุนแรงกว้างขวาง แพร่ระบาดในกลุ่มคน หรือชุมชนได้อย่างรวดเร็ว

สถานการณ์โรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยพบว่ามีแนวโน้มที่เพิ่มขึ้นในแต่ละปีสูงมากซึ่งจำนวนผู้ป่วยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 ถึงปี พ.ศ. 2560 แสดงในรูปที่ 2.1 และจำนวนผู้ป่วยที่เสียชีวิตจากโรคไข้หวัดใหญ่ แสดงในรูปที่ 2.2 ดังนี้



รูปที่ 2.1 จำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 ถึงปี พ.ศ. 2560 [8-22]

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

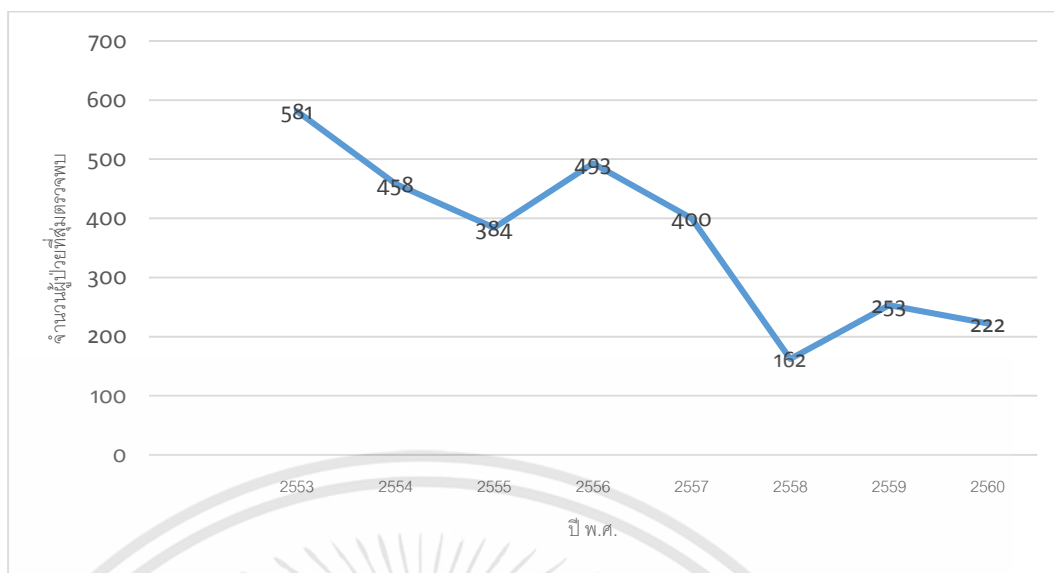


รูปที่ 2.2 จำนวนผู้เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 ถึงปี พ.ศ. 2560 [8-22]

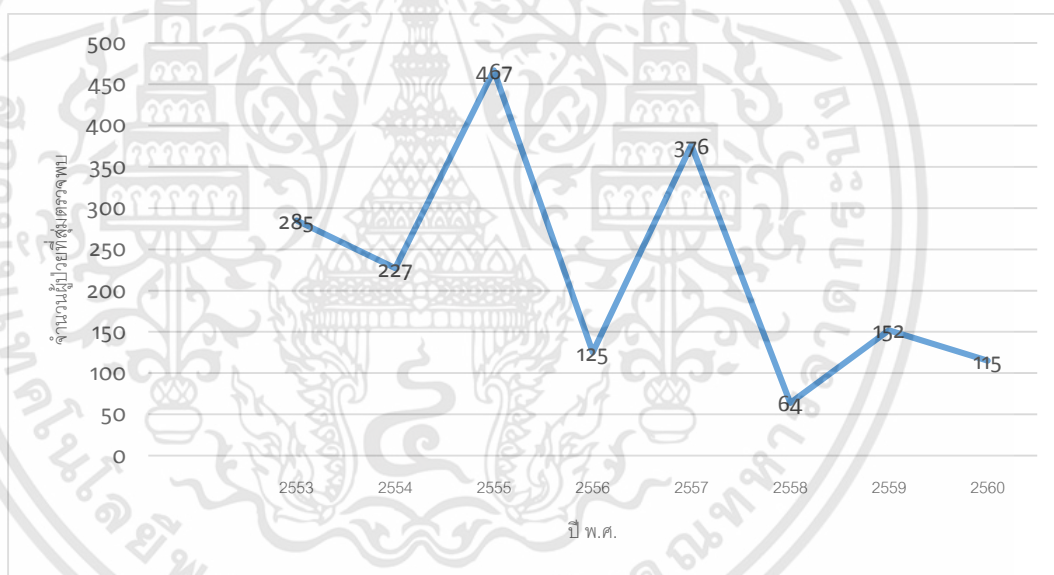
จากรูปที่ 2.1 และรูปที่ 2.2 จะเห็นว่าจำนวนผู้ป่วยของโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยปี พ.ศ. 2546 จำนวนผู้ป่วยค่อยๆ ลดลงจนถึงปี พ.ศ.2551 และได้เพิ่มขึ้นอีกครั้งในปี พ.ศ. 2552 จากนั้นได้ค่อยๆลดลงอีกครั้งจนถึงปี พ.ศ.2556 และมีแนวโน้มเพิ่มขึ้นเรื่อยๆจนปัจจุบัน และจะเห็นว่าจำนวนผู้เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ที่มีมากที่สุดในปี พ.ศ.2552 จากนั้นก็ค่อยๆลดลงเรื่อยๆ จนถึงปี พ.ศ. 2556 และก็เพิ่มขึ้นลดและลดลงสลับกันไปมา

ข้อมูลโรคไข้หวัดใหญ่ได้จากศูนย์ไข้หวัดใหญ่แห่งชาติ กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ กระทรวงสาธารณสุข ซึ่งได้รับตัวอย่างที่สุ่มจากผู้ป่วยที่มีอาการคล้ายไข้หวัดใหญ่ในแผนกผู้ป่วยนอก จากสถานพยาบาลเฝ้าระวังเฉพาะพื้นที่ ได้แก่ รพ.แม่สอด จังหวัดตาก รพ.พระปกเกล้า จังหวัดจันทบุรี รพ.หาดใหญ่ จังหวัดสงขลา รพ.หนองคาย จังหวัดหนองคาย รพ.เกาะสมุย และ รพ.กรุงเทพ - สมุย จังหวัดสุราษฎร์ธานี รพ.เกาะช้าง จังหวัดตราด รพ.เชียงใหม่ และ รพ.แม่จัน จังหวัดเชียงราย ศูนย์บริการสาธารณสุข (ศบส.) 17 กรุงเทพมหานคร รพ.วชิระภูเก็ต จังหวัดภูเก็ต รพ.ประจวบคีรีขันธ์ จังหวัดประจวบคีรีขันธ์ และ รพ.นครบุรี จังหวัดนครราชสีมา

ซึ่งปัจจุบันมีการสุ่มตรวจผู้ป่วยที่มีอาการกลุ่มเสี่ยงตามสถานพยาบาลเฝ้าระวังเฉพาะพื้นที่ และโรงพยาบาลศูนย์ต่างๆ ทั้งผู้ป่วยนอกและผู้ป่วยในของโรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A ซึ่งประกอบไปด้วยชนิดย่อยดังนี้ เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ตามฤดูกาลสายพันธุ์ H1N1 เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ตามฤดูกาลสายพันธุ์ H3N2 และไข้หวัดใหญ่ตามฤดูกาลชนิด B จากข้อมูลของศูนย์ไข้หวัดใหญ่แห่งชาติมีตั้งแต่ปี พ.ศ. 2552 ถึงปี พ.ศ. 2560 แสดงในรูปที่ 2.3 และรูปที่ 2.4 ดังต่อไปนี้

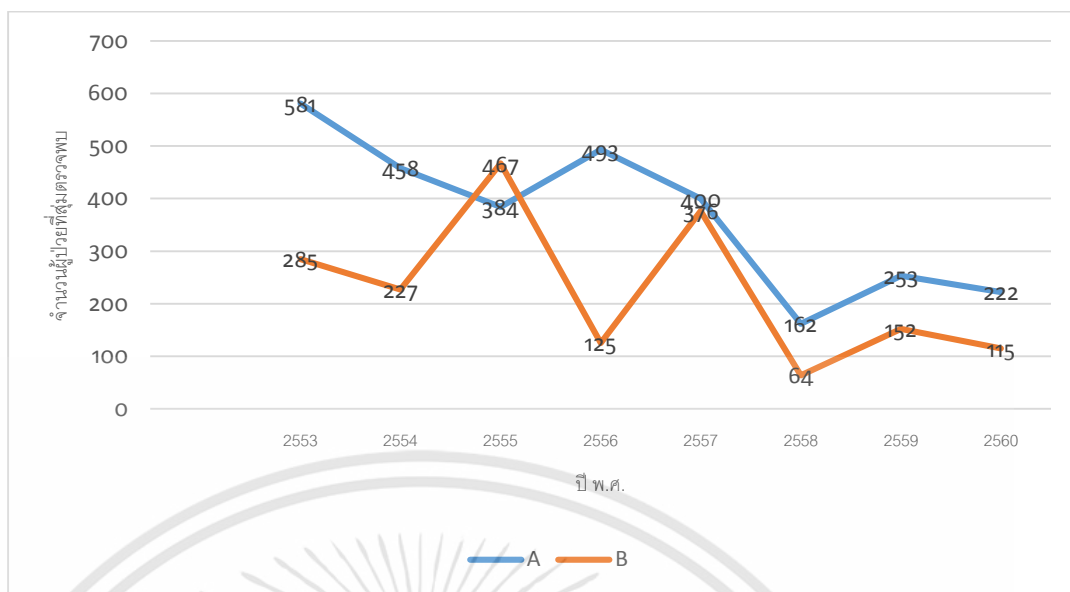


รูปที่ 2.3 จำนวนผู้ป่วยที่สุ่มตรวจพบโรคไข้วัดใหญ่สายพันธุ์ A [23-31]

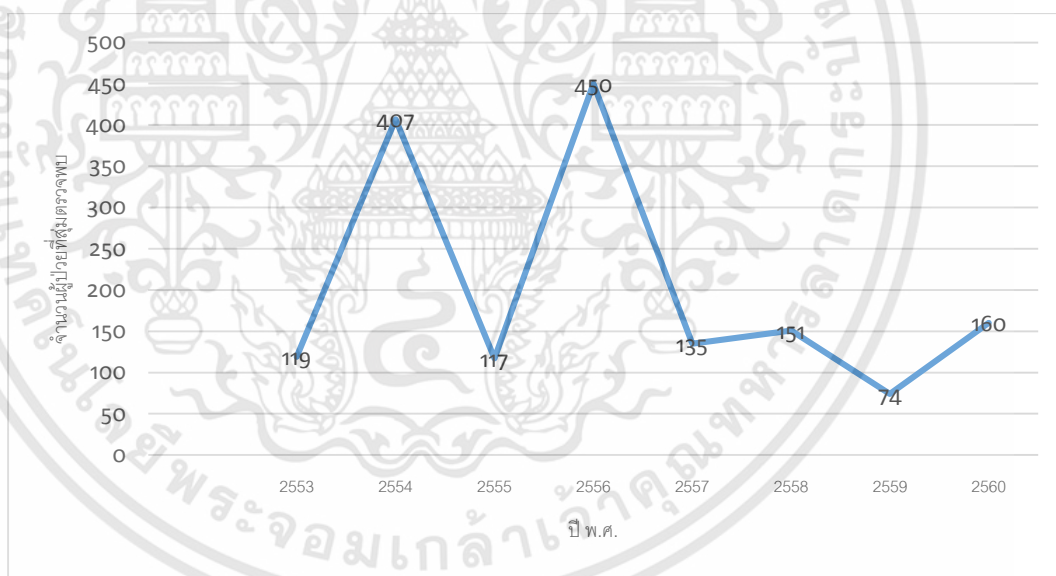


รูปที่ 2.4 จำนวนผู้ป่วยที่สุ่มตรวจพบโรคไข้วัดใหญ่สายพันธุ์ B [23-31]

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

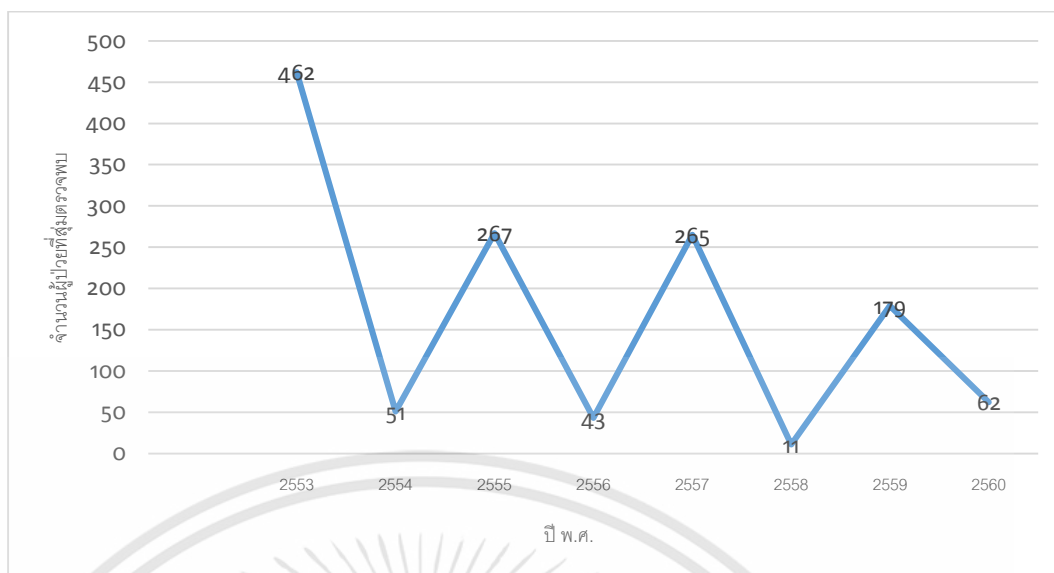


รูปที่ 2.5 จำนวนผู้ป่วยที่สู่มตรวจพบโรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A และ B [23-31]



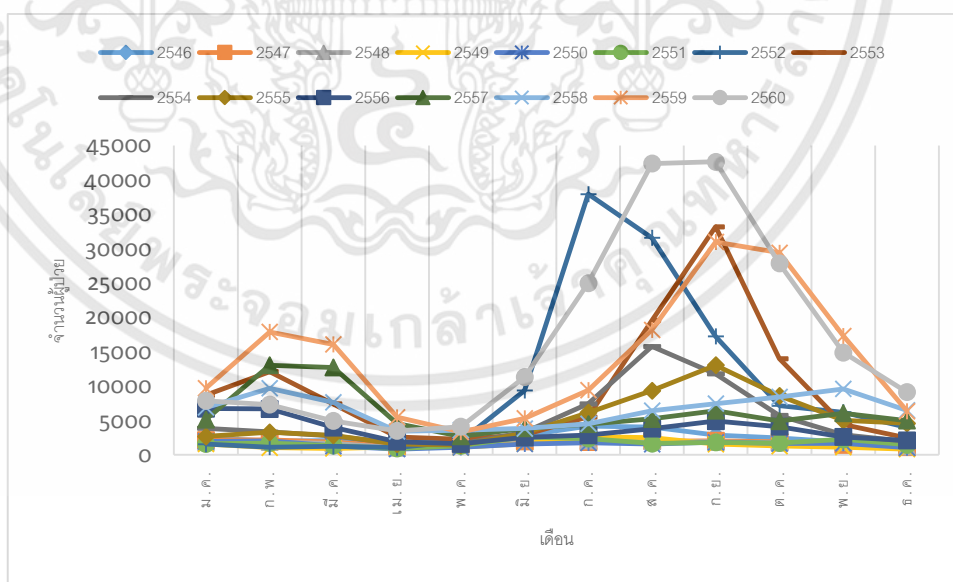
รูปที่ 2.6 จำนวนผู้ป่วยที่สู่มตรวจพบโรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A ชนิดย่อย H3N2 [23-31]

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



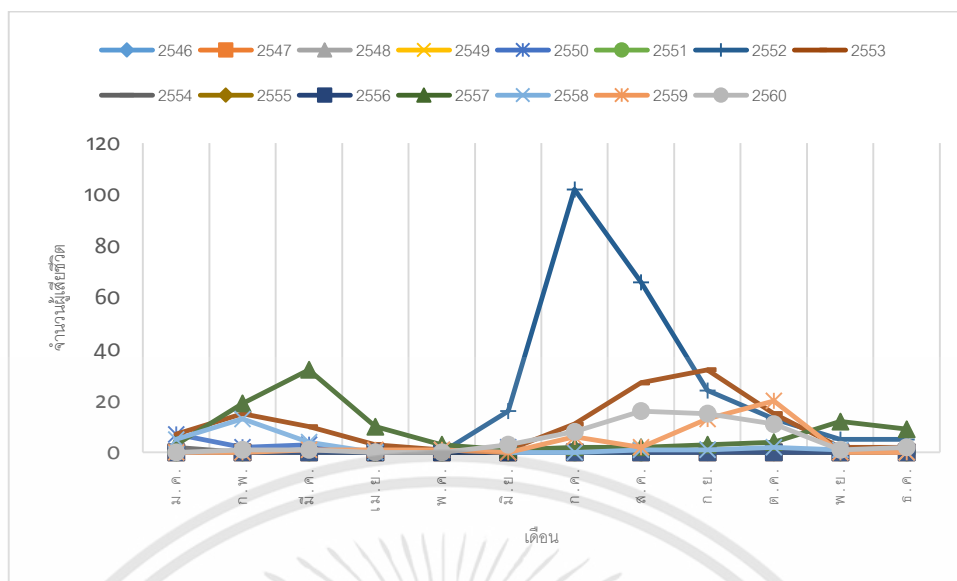
รูปที่ 2.7 จำนวนผู้ป่วยที่ส่งตรวจพบโรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A ชนิดย่อย H1N1 [23-31]

จากรูปที่ 2.3 ถึงรูปที่ 2.7 จะเห็นว่า จำนวนผู้ป่วยที่ส่งตรวจพบโรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A พบผู้ป่วยมากที่สุดในปี พ.ศ.2553 จากนั้นก็มีแนวโน้มที่จะลดลงเรื่อยๆ จำนวนผู้ป่วยที่ส่งตรวจพบโรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ B พบผู้ป่วยมากที่สุดในปี พ.ศ.2555 จากนั้นก็เพิ่มขึ้นและลดลงสลับกันไปมาในแต่ละปี จำนวนผู้ป่วยที่ส่งตรวจพบโรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A ชนิดย่อย H3N2 พบมากที่สุดในปี พ.ศ.2556 จากนั้นก็เพิ่มขึ้นและลดลงสลับกันไปมาในแต่ละปี และจำนวนผู้ป่วยที่ส่งตรวจพบโรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A ชนิดย่อย H1N1 พบมากที่สุดในปี พ.ศ.2553 จากนั้นก็เพิ่มขึ้นและลดลงสลับกันไปมาในแต่ละปีเช่นกัน



รูปที่ 2.8 จำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 ถึงปี พ.ศ. 2560 โดยแยกตามรายเดือนของแต่ละปี [23-31]

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 2.9 จำนวนผู้เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 ถึงปี พ.ศ. 2560 โดยแยกตามรายเดือนของแต่ละปี [23-31]

จากรูปที่ 2.7 และรูปที่ 2.8 จำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 ถึงปี พ.ศ. 2560 โดยแยกตามรายเดือนของแต่ละปี จะเห็นว่าจำนวนผู้ป่วยจะเพิ่มมากในช่วงฤดูฝนคือ กลางเดือน พ.ค. ถึงกลางเดือน ต.ค. และในช่วงฤดูหนาวคือ กลางเดือน ต.ค. ถึงกลางเดือน ก.พ. ตามลำดับ และในทำนองเดียวกันจำนวนผู้เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 ถึงปี พ.ศ. 2560 โดยแยกตามรายเดือนของแต่ละปีจะเห็นว่าจำนวนผู้ป่วยจะเพิ่มมากในช่วงฤดูฝนคือ กลางเดือน พ.ค. ถึงกลางเดือน ต.ค. และในช่วงฤดูหนาวคือ กลางเดือน ต.ค. ถึงกลางเดือน ก.พ. ตามลำดับเช่นกัน

## 2.2 ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง

ในงานวิจัยครั้งนี้มีทฤษฎีที่เกี่ยวข้องซึ่งได้แก่ จุดสมดุล ความเสถียรภาพของจุดสมดุล วิธีการหาค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน วิธีรุ่งเงคุดตา Routh-Hurwitz criteria และ ฟังก์ชันไลปูนอฟ ดังต่อไปนี้

### 2.2.1 จุดสมดุล (Equilibrium point)

**นิยาม 2.1** จุด  $X \in \mathbb{R}^n$  เป็นจุดสมดุล (Equilibrium point) ของ

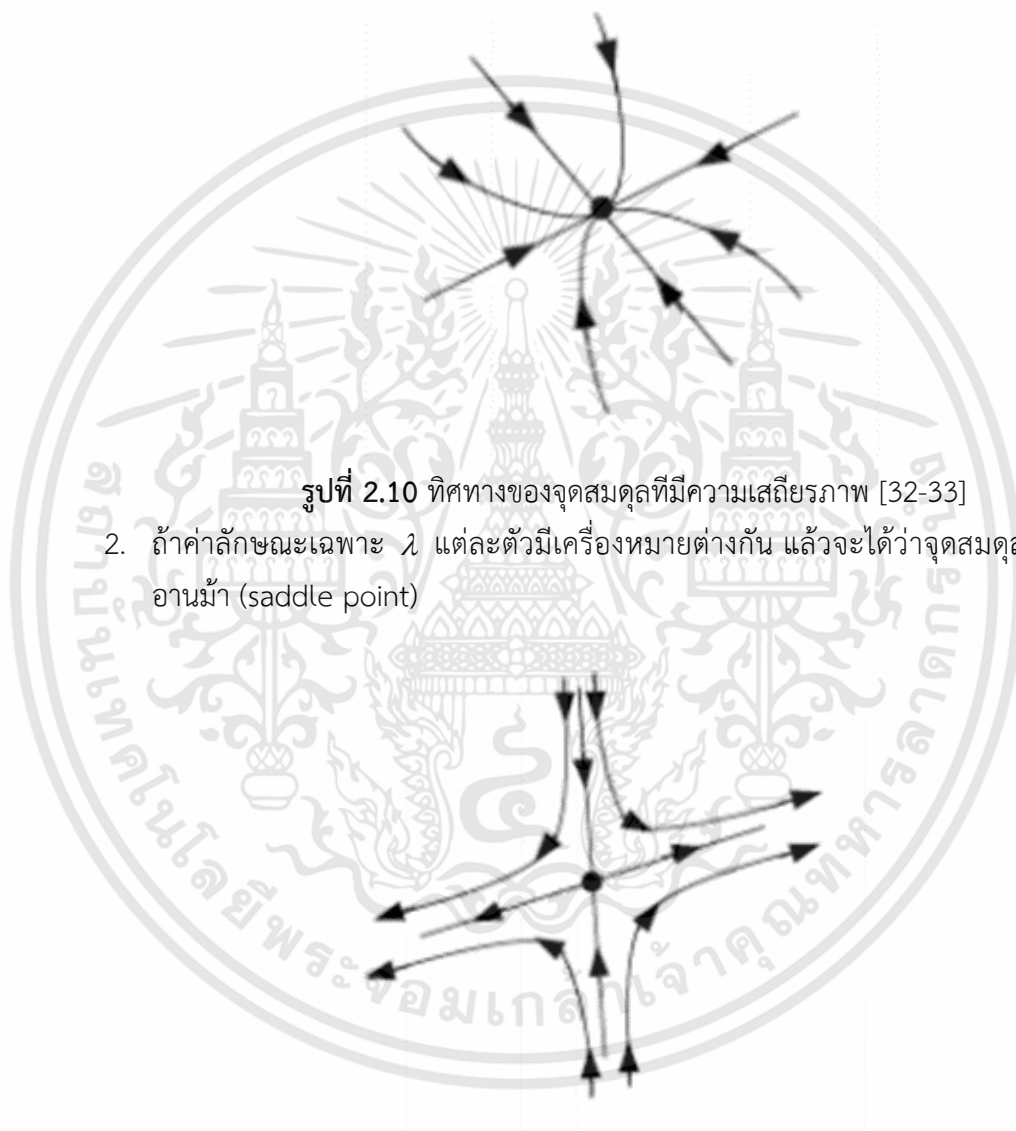
$$\frac{dX}{dt} = f(t, X)$$

เมื่อ  $f(t, X) = 0$  สำหรับ  $t > t^*$  แสดงว่า  $X$  เป็นจุดสมดุลของ  $f(t, X)$  ที่  $t^*$  [32-33]

## 2.2.2 ความเสถียรภาพของจุดสมดุล (Stable of equilibrium point)

**ทฤษฎีบท 2.2** ความเสถียรภาพของจุดสมดุล (Stable of equilibrium point) พิจารณาจากค่าลักษณะเฉพาะ (eigenvalue) ที่หาได้จาก  $\det(J - \lambda I) = 0$  ดังนี้ [32-33]

1. ถ้าค่าลักษณะเฉพาะ  $\lambda$  แต่ละตัวมีเครื่องหมายเป็นลบ แล้วจะได้ว่าจุดสมดุลนั้นมีความเสถียรภาพ (stable)

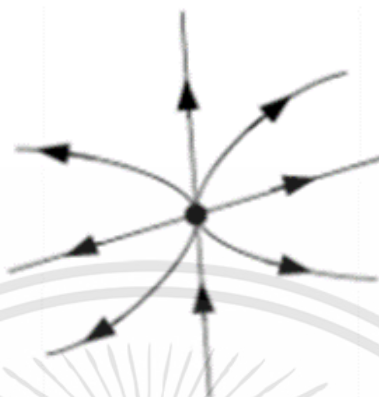


รูปที่ 2.10 ทิศทางของจุดสมดุลที่มีความเสถียรภาพ [32-33]

2. ถ้าค่าลักษณะเฉพาะ  $\lambda$  แต่ละตัวมีเครื่องหมายต่างกัน แล้วจะได้ว่าจุดสมดุลนั้นเป็นจุดอานม้า (saddle point)

รูปที่ 2.11 ทิศทางของจุดสมดุลอานม้า [32-33]

3. ถ้าค่าลักษณะเฉพาะ  $\lambda$  แต่ละตัวมีเครื่องหมายเป็นบวก แล้วจะได้ว่าจุดสมมูลนั้นไม่มีความเสถียร (unstable)



รูปที่ 2.12 ทิศทางของจุดสมมูลที่ไม่มีความเสถียรภาพ [32-33]

### 2.2.3 วิธีการหาค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน (Basic reproductive numbers)

ค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน หมายถึงค่าเฉลี่ยที่ผู้ป่วย 1 คน จะแพร่เชื้อให้แก่ผู้อื่นได้กี่คนในประชากรที่ไม่มีภูมิคุ้มกัน ซึ่งเป็นการบ่งบอกถึงความสามารถในการแพร่กระจายของไวรัส โดยที่ถ้าค่าสืบพันธุ์พื้นฐานมีค่ามากกว่า 1 จะมีแนวโน้มเกิดการระบาดได้ และเรียก  $R_0$  ว่าค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน (Basic reproductive numbers) เช่น  $R_0 = 2$  หมายความว่าผู้ป่วยรายแรกสามารถแพร่เชื้อต่อประชากรที่ไม่มีภูมิคุ้มกันได้ถึง 2 คน โดยเฉลี่ย ซึ่งในทางการระบาดวิทยา เมทริกซ์รุ่นถัดไป (next generation matrix) เป็นวิธีที่นิยมใช้ในการหาค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน

**ทฤษฎีบท 2.3** ให้  $\frac{dx_i}{dt} = F_i(x) - V_i(x)$  ซึ่ง  $F_i(x)$  แทนอัตราการติดเชื้อที่เพิ่มขึ้นของกลุ่มประชากร  $i$  และ  $V_i(x)$  แทนอัตราการติดเชื้อที่ลดลงของกลุ่มประชากร  $i$  เมื่อ

$$F(x) = (F_1(x), F_2(x), F_3(x), \dots, F_m(x))^T \text{ และ } V(x) = (V_1(x), V_2(x), V_3(x), \dots, V_m(x))^T$$

ให้  $x_0$  เป็นจุดสมมูลของสภาวะไร้โรค จะได้เมทริกซ์จาโคเบียน (Jacobian matrix) ของ  $F(x)$  และ

$$V(x) \text{ คือ } JF = \frac{\partial F_i}{\partial x_j}(x_0) \text{ และ } JV = \frac{\partial V_i}{\partial x_j}(x_0) \text{ และเรียกเมทริกซ์ } FV^{-1} \text{ ว่าเมทริกซ์รุ่นถัดไป}$$

(next generation matrix) หรือ  $R_0 = \rho(FV^{-1})$  เมื่อ  $\rho$  คือว่าร่าศมีสเปกตรัม (spectral radius)

[32-33]

**นิยาม 2.4** ให้  $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \dots, \lambda_n$  เป็นค่าเฉพาะของเมทริกซ์  $G$  ขนาด  $n \times n$  แล้วเซต

$\{\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \dots, \lambda_n\}$  จะเรียกว่าสเปกตรัมของ  $G$  (spectrum of  $G$ ) แล้วเรียก

$\rho(G) = \max\{|\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \dots, \lambda_n|\}$  ว่ารัศมีสเปกตรัมของ  $G$  (spectral radius of  $G$ )

วิธีหาค่าสเปกตรัมพื้นฐาน จากจุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค สามารถหาค่าสเปกตรัมพื้นฐานของแบบจำลองได้จากแนวคิดของ Gains and Losses [34-36] ซึ่งพิจารณาเฉพาะกลุ่มของประชากรที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ และประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ซึ่ง Gains คือพิจารณาในเทอมที่ทำให้กลุ่มของประชากรนั้นเพิ่มขึ้น และ Losses คือพิจารณาในเทอมที่ทำให้กลุ่มของประชากรนั้นลดลง แสดงดังตัวอย่างต่อไปนี้

**ตัวอย่างที่ 1** จากระบบสมการต่อไปนี้

$$\frac{dS}{dt} = \lambda - \beta SI - \mu S \quad (2.1)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - aE - \mu E \quad (2.2)$$

$$\frac{dI}{dt} = aE - \gamma I - \mu I \quad (2.3)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \quad (2.4)$$

จากสมการที่ 2.1 - 2.4 จะได้จุดสมดุลสภาวะไร้โรคโดยการนำแต่ละสมการเท่ากับศูนย์ คือ  $E_1 = (S^* = \frac{\lambda}{\mu}, E^* = 0, I^* = 0, R^* = 0)$  จากนั้นพิจารณาเฉพาะสมการที่ 2.2 และสมการที่ 2.3

ให้ 
$$\tilde{F} = \begin{bmatrix} \text{Gains to } E \\ \text{Gains to } I \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} f_1 \\ f_2 \end{bmatrix}, \quad \tilde{V} = \begin{bmatrix} \text{Losses from } E \\ \text{Losses from } I \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} v_1 \\ v_2 \end{bmatrix}$$

$$F = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial E} & \frac{\partial f_1}{\partial I} \\ \frac{\partial f_2}{\partial E} & \frac{\partial f_2}{\partial I} \end{bmatrix}, \quad V = \begin{bmatrix} \frac{\partial v_1}{\partial E} & \frac{\partial v_1}{\partial I} \\ \frac{\partial v_2}{\partial E} & \frac{\partial v_2}{\partial I} \end{bmatrix}$$

จะได้ 
$$\tilde{F} = \begin{bmatrix} f_1 \\ f_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \beta SI \\ 0 \end{bmatrix}, \quad \tilde{V} = \begin{bmatrix} v_1 \\ v_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} (a + \mu)E \\ -aE + (\gamma + \mu)I \end{bmatrix}$$

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \beta\lambda \\ \mu & 0 \end{bmatrix}, \quad V = \begin{bmatrix} a + \mu & 0 \\ -a & \gamma + \mu \end{bmatrix}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{a+\mu} & 0 \\ \frac{a}{(a+\mu)(\gamma+\mu)} & \frac{1}{\gamma+\mu} \end{bmatrix}$$

และ  $G = FV^{-1}$

จะได้  $G = \begin{bmatrix} 0 & \frac{\beta\lambda}{\mu} \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{a+\mu} & 0 \\ \frac{a}{(a+\mu)(\gamma+\mu)} & \frac{1}{\gamma+\mu} \end{bmatrix}$

$$G = \begin{bmatrix} \frac{a\beta\lambda}{\mu(a+\mu)(\gamma+\mu)} & \frac{\beta\lambda}{(\gamma+\mu)} \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

ให้  $R_0 = \rho(FV^{-1}) = \rho(G)$  เมื่อ  $\rho$  คือรัศมีสเปกตรัมของ  $G$

จากสมการลักษณะเฉพาะ (Characteristic Equation)

$$\det(G - \lambda I) = 0 \quad \text{เมื่อ } I \text{ คือเมทริกซ์เอกลักษณ์ขนาด } 2 \times 2$$

จะได้  $\begin{vmatrix} \frac{a\beta\lambda}{\mu(a+\mu)(\gamma+\mu)} - \lambda & \frac{\beta\lambda}{(\gamma+\mu)} \\ 0 & -\lambda \end{vmatrix} = 0$

ค่าเฉพาะ (Eigenvalue) คือ

$$\lambda_1 = 0$$

$$\lambda_2 = \frac{a\beta\lambda}{\mu(a+\mu)(\gamma+\mu)}$$

นั่นคือ  $R_0 = \frac{a\beta\lambda}{\mu(a+\mu)(\gamma+\mu)}$

ตัวอย่างที่ 2 จากระบบสมการต่อไปนี้

$$\frac{dV_s}{dt} = \lambda_v - \frac{b\tau_{hv}V_sH_i}{H_s + H_i + H_r} - \mu_v V_s \quad (2.5)$$

$$\frac{dV_i}{dt} = \frac{b\tau_{hv}V_sH_i}{H_s + H_i + H_r} - \mu_v V_i \quad (2.6)$$

$$\frac{dH_s}{dt} = \lambda_h - \frac{b\tau_{vh}H_sV_i}{H_s + H_i + H_r} - \mu_h H_s \quad (2.7)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\frac{dH_i}{dt} = \frac{b\tau_{vh}H_sV_i}{H_s + H_i + H_r} - \gamma_h H_i - \mu_h H_i \quad (2.8)$$

$$\frac{dH_r}{dt} = \gamma H_i - \mu_h H_r \quad (2.9)$$

จากสมการที่ 2.5 - 2.9 จะได้จุดสมดุลสถานะไร้โรคโดยการนำแต่ละสมการเท่ากับศูนย์ คือ  $E_1 = (V_s^* = \frac{\lambda_v}{\mu_v}, V_i^* = 0, H_s^* = \frac{\lambda_h}{\mu_h}, H_i^* = 0, H_r^* = 0)$  จากนั้นพิจารณาเฉพาะสมการที่ 2.6 และสมการที่ 2.8

ให้  $\tilde{F} = \begin{bmatrix} \text{Gains to } V_i \\ \text{Gains to } H_i \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} f_1 \\ f_2 \end{bmatrix}, \tilde{V} = \begin{bmatrix} \text{Losses from } V_i \\ \text{Losses from } H_i \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} v_1 \\ v_2 \end{bmatrix}$

$$F = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial V_i} & \frac{\partial f_1}{\partial H_i} \\ \frac{\partial f_2}{\partial V_i} & \frac{\partial f_2}{\partial H_i} \end{bmatrix}, V = \begin{bmatrix} \frac{\partial v_1}{\partial V_i} & \frac{\partial v_1}{\partial H_i} \\ \frac{\partial v_2}{\partial V_i} & \frac{\partial v_2}{\partial H_i} \end{bmatrix}$$

จะได้  $\tilde{F} = \begin{bmatrix} f_1 \\ f_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{b\tau_{hv}V_sH_i}{H_s + H_i + H_r} \\ \frac{b\tau_{vh}H_sV_i}{H_s + H_i + H_r} \end{bmatrix}, \tilde{V} = \begin{bmatrix} v_1 \\ v_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mu_v V_i \\ \mu_h H_i + \gamma H_i \end{bmatrix}$

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \frac{b\tau_{hv}\lambda_v}{\mu_v} \\ \frac{b\tau_{vh}\lambda_h}{\mu_h} & 0 \end{bmatrix}, V = \begin{bmatrix} \mu_v & 0 \\ 0 & \mu_h + \gamma \end{bmatrix}$$

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\mu_v} & 0 \\ 0 & \frac{1}{\mu_h + \gamma} \end{bmatrix}$$

และ  $G = FV^{-1}$

จะได้  $G = \begin{bmatrix} 0 & \frac{b\tau_{hv}\lambda_v}{\mu_v} \\ \frac{b\tau_{vh}\lambda_h}{\mu_h} & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{\mu_v} & 0 \\ 0 & \frac{1}{\mu_h + \gamma} \end{bmatrix}$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$G = \begin{bmatrix} 0 & \frac{b\tau_{hv}\lambda_v}{\mu_v(\mu_h + \gamma)} \\ \frac{b\tau_{vh}\lambda_h}{\mu_h\mu_v} & 0 \end{bmatrix}$$

ให้  $R_0 = \rho(FV^{-1}) = \rho(G)$  เมื่อ  $\rho$  คือรัศมีสเปกตรัมของ  $G$

จากสมการลักษณะเฉพาะ (Characteristic Equation)

$$\det(G - \lambda I) = 0 \quad \text{เมื่อ } I \text{ คือเมทริกซ์เอกลักษณ์ขนาด } 2 \times 2$$

จะได้

$$\begin{vmatrix} -\lambda & \frac{b\tau_{hv}\lambda_v}{\mu_v(\mu_h + \gamma)} \\ \frac{b\tau_{vh}\lambda_h}{\mu_h\mu_v} & -\lambda \end{vmatrix} = 0$$

ค่าเฉพาะ (Eigenvalue) คือ

$$\lambda_1 = 0$$

$$\lambda_2 = \sqrt{\frac{b^2\tau_{vh}\tau_{hv}\lambda_v\lambda_h}{\mu_v^2(\mu_h + \gamma)\mu_v}}$$

นั่นคือ

$$R_0 = \sqrt{\frac{b^2\tau_{vh}\tau_{hv}\lambda_v\lambda_h}{\mu_v^2(\mu_h + \gamma)\mu_v}}$$

## 2.2.4 วิธีรุงเงคุดตา (Runge - Kutta method)

วิธีรุงเงคุดตานี้ เป็นวิธีที่ให้ค่าประมาณที่ใกล้เคียงกับค่าจริง และมีความแม่นยำสูง โดยความแม่นยำจะมากหรือน้อยขึ้นกับอันดับแต่ละวิธี จึงเป็นวิธีที่นิยมมากสุดในการประมาณค่าเชิงตัวเลข [32-33]

รุงเงคุดตาอันดับสอง (RK 2)

$$y_{i+1} = y_i + hk_2$$

เมื่อ  $k_1 = f(x_i, y_i)$

$$k_2 = f\left(x_i + \frac{h}{2}, y_i + \frac{h}{2}k_1\right)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รุงเงคุดตาอันดับสาม (RK 3)

$$y_{i+1} = y_i + \frac{h}{6}(k_1 + 4k_2 + k_3)$$

เมื่อ  $k_1 = f(x_i, y_i)$

$$k_2 = f\left(x_i + \frac{h}{2}, y_i + \frac{h}{2}k_1\right)$$

$$k_3 = f(x_i + h, y_i - hk_1 + 2hk_2)$$

รุงเงคุดตาอันดับสี่ (RK 4)

$$y_{i+1} = y_i + \frac{h}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4)$$

เมื่อ  $k_1 = f(x_i, y_i)$

$$k_2 = f\left(x_i + \frac{h}{2}, y_i + \frac{h}{2}k_1\right)$$

$$k_3 = f\left(x_i + \frac{h}{2}, y_i + \frac{h}{2}k_2\right)$$

$$k_4 = f(x_i + h, y_i + hk_3)$$

## 2.2.5 Routh-Hurwitz criteria

พิจารณา

$$\frac{dN}{dt} = F(N)$$

สำหรับ  $N = (N_1, N_2, N_3, \dots, N_n)$  และ  $F = (F_1, F_2, F_3, \dots, F_n)$

เมื่อ  $N_1, N_2, N_3, \dots, N_n$  คือ ตัวแปรในระบบของสมการ

และ  $F_1, F_2, F_3, \dots, F_n$  คือ ฟังก์ชันของตัวแปร  $N_1, N_2, N_3, \dots, N_n$

จากสมการไม่เชิงเส้น จาโคเบียนของ  $F(N)$  อยู่ในรูปแบบดังต่อไปนี้ [32-33]

$$J = \frac{\partial F}{\partial N}(\bar{N})$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หรือ

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial N_1} & \frac{\partial f_2}{\partial N_2} & \cdots & \frac{\partial f_n}{\partial N_n} \\ \vdots & & & \\ \frac{\partial f_n}{\partial N_1} & \frac{\partial f_n}{\partial N_2} & \cdots & \frac{\partial f_n}{\partial N_n} \end{bmatrix}_N$$

โดยที่  $J$  เป็นเมทริกซ์ขนาด  $n \times n$  ค่าลักษณะเฉพาะ  $\lambda$  ของเมทริกซ์จะสอดคล้องกับ

$$\det(J - \lambda I) = 0$$

ซึ่งจะสอดคล้องกับสมการลักษณะเฉพาะ

$$\lambda^n + a_1 \lambda^{n-1} + a_2 \lambda^{n-2} + a_3 \lambda^{n-3} + \dots + a_n = 0$$

จากสมการลักษณะเฉพาะ กำหนดให้มี  $n$  เมทริกซ์ โดยทั้ง  $n$  เมทริกซ์นี้จะเรียกว่า เมทริกซ์ Hurwitz

จะได้ว่า

$$H_1 = [a_1]$$

$$H_2 = \begin{bmatrix} a_1 & 1 \\ a_3 & a_2 \end{bmatrix}$$

$$H_3 = \begin{bmatrix} a_1 & 1 & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 \\ a_5 & a_4 & a_3 \end{bmatrix}$$

$$H_j = \begin{bmatrix} a_1 & 1 & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 & 1 & \cdots & 0 \\ a_5 & a_4 & a_3 & a_2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{2j-1} & a_{2j-2} & a_{2j-3} & a_{2j-4} & \cdots & a_j \end{bmatrix}, \dots$$

$$H_n = \begin{bmatrix} a_1 & 1 & 0 & \cdots & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & \cdots & a_n \end{bmatrix}$$

กำหนดให้  $r$  คือแถว และ  $c$  คือหลัก

โดยที่เทอมของ  $(r, c)$  ในเมทริกซ์  $H_j$  คือ

$$a_{2r-c} \quad \text{สำหรับ } 0 < 2r - c < n$$

$$1 \quad \text{สำหรับ } 2r = c$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

0 สำหรับ  $2r < c$  หรือ  $2c > n+c$

แล้วทุกค่าลักษณะเฉพาะจะต้องมีส่วนจริงเป็นลบ สภาวะคงที่ (Steady State)  $\bar{N}$  จะเกิดเสถียรภาพ ก็ต่อเมื่อค่าดีเทอร์มิแนนต์ของทุกเมทริกซ์ Hurwitz จะต้องมามีค่าเป็นบวก ซึ่งก็คือ

$$\det(H_j) > 0 \quad \text{โดยที่ } j = 1, 2, 3, \dots, n$$

## 2.2.6 ฟังก์ชันไลปูนอฟ (Lyapunov function)

**นิยาม 2.5** กำหนดให้  $V: R^n \rightarrow R$  จะกล่าวว่า  $V(x(t))$  เป็นฟังก์ชันไลปูนอฟของสมการ (\*) ถ้า  $V(x(t))$  สอดคล้องกับเงื่อนไขต่อไปนี้ [32-33]

- 1)  $V(x(t))$  เป็นฟังก์ชันต่อเนื่อง
- 2)  $V(x(t))$  เป็นฟังก์ชันบวกแน่นอน (positive definite function) นั่นคือ  $V(x(t)) > 0$  สำหรับ  $x(t) \neq 0$
- 3) อนุพันธ์ย่อยของ  $V(x(t))$  เทียบกับ  $t$

$$\dot{V}(x(t)) = \frac{\partial V}{\partial x_1} x_1 + \frac{\partial V}{\partial x_2} x_2 + \dots + \frac{\partial V}{\partial x_N} x_N = \frac{\partial V}{\partial x_1} f_1 + \frac{\partial V}{\partial x_2} f_2 + \dots + \frac{\partial V}{\partial x_N} f_N$$

เป็นฟังก์ชันกึ่งลบแน่นอน (negative semidefinite function) นั่นคือ  $\dot{V}(x(t)) \leq 0$  สำหรับ  $x(t) \neq \bar{0}$

**ทฤษฎีบท 2.6** กำหนดให้  $x = \bar{0}$  เป็นจุดสมดุลของสมการ (\*) จะได้ว่า

- 1) จุดสมดุลของสมการ (\*) จะมีความเสถียรภาพ (stable) ถ้าฟังก์ชันไลปูนอฟ  $V(x(t))$  ที่สอดคล้องกับบทนิยาม 2.5
- 2) จุดสมดุลของสมการ (\*) จะมีความเสถียรภาพเชิงเส้นกำกับ (asymptotically stable) ถ้าฟังก์ชันไลปูนอฟ  $V(x(t))$  ที่สอดคล้องกับบทนิยาม 2.5 และอนุพันธ์ย่อยของ  $V(x(t))$  เป็นลบแน่นอน นั่นคือ  $\dot{V}(x(t)) < 0$  สำหรับ  $x(t) \neq \bar{0}$  และ  $\dot{V}(\bar{0}) = 0$  [32-33]

**ทฤษฎีบท 2.7** ให้  $P \in R^{n \times n}$  เป็นเมทริกซ์สมมาตร กำหนดให้  $\lambda_{\min}(P)$  เป็นค่าลักษณะเฉพาะที่มีค่าน้อยที่สุดของเมทริกซ์  $P$  และ  $\lambda_{\max}(P)$  เป็นค่าลักษณะเฉพาะที่มีค่ามากที่สุดของเมทริกซ์  $P$  แล้ว  $\lambda_{\min}(P)x^T x \leq x^T P x \leq \lambda_{\max}(P)x^T x$  สำหรับ  $x \in R^{n \times n}$  [32-33]

**ทฤษฎีบท 2.8** กำหนดให้  $P$  เป็นเมทริกซ์สมมาตรจะกล่าวว่า [32-33]

- 1)  $P$  เป็นเมทริกซ์ลบแน่นอน (Negative definite) ก็ต่อเมื่อ ทุกค่าลักษณะเฉพาะ (eigenvalue) เป็นลบแท้จริง (strictly negative)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2)  $P$  เป็นเมทริกซ์บวกแน่นอน (Positive definite) ก็ต่อเมื่อ ทุกค่าลักษณะเฉพาะ (eigenvalue) เป็นบวกแท้จริง (strictly positive)

## 2.3 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

Jodar (2008) ได้ศึกษาการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์เกี่ยวข้องกับวิวัฒนาการของโรคไข้หวัดใหญ่ในประชากรคน ได้หาจุดสมดุลสภาวะไร้โรค และสภาวะระบาดเรื้อรัง พร้อมทั้งหาค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน และหาเงื่อนไขความเสถียรภาพสำหรับสภาวะไร้ และสภาวะระบาดเรื้อรัง [37]

Kongnuy (2014) ได้ศึกษาการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของไข้หวัดใหญ่โดยเปรียบเทียบระยะฟักตัวและการควบคุมในประเทศไทย และวิเคราะห์ข้อมูลเพื่อสร้างระบบสมการเชิงอนุพันธ์ไม่เชิงเส้น ได้จุดสมดุลคือสภาวะไร้โรค และสภาวะการระบาดเรื้อรัง พร้อมทั้งหาเงื่อนไขที่ทำให้เกิดความเสถียรภาพของจุดสมดุลแต่ละจุด [38]

Pongsumpun (2014) ได้ศึกษาการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่เชื้อ influenza virus ชนิด A สายพันธุ์ย่อยชนิด H1N1 ซึ่งเป็นแบบจำลอง SEIQR โดยทำการวิเคราะห์โดยวิธีการจำลองเชิงพลวัตมาตรฐาน (standard dynamical modeling method) วิเคราะห์ความเสถียรภาพภายใน (local stability) โดยการใช้เงื่อนไข Routh-Hurwitz ตรวจสอบความเสถียรภาพของจุดสมดุลแต่ละจุด [39]

Kharis (2017) ได้ศึกษาการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของการแพร่ระบาดของไข้หวัดใหญ่ตามฤดูกาลกับการรักษา และได้วิเคราะห์เกี่ยวกับจุดสมดุล และความเสถียรภาพ โดยให้ค่าพารามิเตอร์ที่สอดคล้องกับค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน ผลที่ได้จากการวิจัยนี้ทำให้ทราบค่าสืบพันธุ์พื้นฐานจากค่าพารามิเตอร์ และหาแนวทางในการลดการระบาดในวงกว้าง [40]

Krishnapriya (2017) ได้ศึกษาการวิเคราะห์ทางคณิตศาสตร์ของแบบจำลองการระบาดของไข้หวัดใหญ่ชนิด A และการระบาดของโรคที่มีความล่าช้าไม่ต่อเนื่อง และหาเงื่อนไขความเสถียรภาพแบบวงกว้าง [41]

แบบจำลองในงานวิจัยนี้ได้พัฒนามาจากแบบจำลองของ Jodar [37] และ Kharis [40] โดยได้ศึกษาการสร้างแบบจำลองของสายพันธุ์ A มาจาก Pongsumpun [39] และ Krishnapriya [41] และได้สร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคไข้หวัดใหญ่ ซึ่งเป็นแบบจำลอง SEIQR (S คือประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ, E คือประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้, I คือประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้, Q คือประชากรคนที่ถูกกักกัน และ R คือประชากรคนที่ฟื้นไข้) จากนั้นได้มีการพัฒนาต่อโดยแยกตามสายพันธุ์ชนิดของเชื้อ

### บทที่ 3

## วิธีดำเนินงานวิจัย

### 3.1 การสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคไข้หวัดใหญ่

พิจารณาการสร้างแบบจำลองของโรคไข้หวัดใหญ่ในกรณีของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B โดยได้นิยามตัวแปร และนิยามตัวพารามิเตอร์ ไว้ในตารางดังต่อไปนี้

ตารางที่ 3.1 สัญลักษณ์แทนข้อความของแบบจำลองโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทย

สัญลักษณ์	คำอธิบาย	หน่วย
$S$	สัดส่วนประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ	คน
$E_A$	สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A	คน
$E_B$	สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B	คน
$I_A$	สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A	คน
$I_B$	สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B	คน
$Q$	สัดส่วนประชากรคนที่ถูกกักกันโรคเฉื่อยของชนิดสายพันธุ์ A และ B	คน
$R$	สัดส่วนประชากรคนที่ฟื้นไข้	คน
$N$	จำนวนประชากรคนทั้งหมด	คน
$d$	อัตราการเสียชีวิตของประชากรคน	ต่อคน ต่อวัน
$\mu_H$	อัตราการเกิดของประชากรคน	ต่อคน ต่อวัน
$\beta_A$	อัตราการติดเชื้อโรคไข้หวัดใหญ่ของชนิดสายพันธุ์ A	ต่อคน ต่อวัน
$\beta_B$	อัตราการติดเชื้อโรคไข้หวัดใหญ่ของชนิดสายพันธุ์ B	ต่อคน ต่อวัน
$\gamma$	อัตราการที่ถูกกักกันโรคกลายเป็นผู้ที่ฟื้นไข้	ต่อคน ต่อวัน
$\gamma_A$	อัตราที่ผู้ติดเชื้อกลายเป็นผู้ฟื้นไข้ของชนิดสายพันธุ์ A	ต่อคน ต่อวัน
$\gamma_B$	อัตราที่ผู้ติดเชื้อกลายเป็นผู้ฟื้นไข้ของชนิดสายพันธุ์ B	ต่อคน ต่อวัน
$\alpha$	อัตราการติดเชื้อซ้ำ	ต่อคน ต่อวัน
$Hp_A$	จำนวนวันสำหรับการพักตัวของเชื้อชนิดสายพันธุ์ A	วัน
$Hp_B$	จำนวนวันสำหรับการพักตัวของเชื้อชนิดสายพันธุ์ B	วัน
$Hq_A$	จำนวนวันสำหรับการถูกกักกันของเชื้อชนิดสายพันธุ์ A	วัน
$Hq_B$	จำนวนวันสำหรับการถูกกักกันของเชื้อชนิดสายพันธุ์ B	วัน

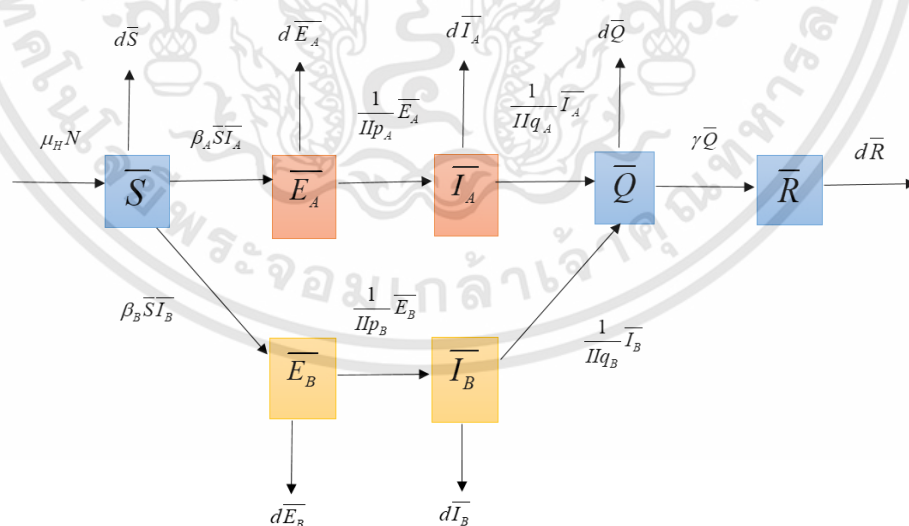
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หมายเหตุ การถูกกักกัน หมายถึง การวัดอุณหภูมิในร่างกาย เพื่อคัดกรองผู้ป่วย และกักกันไว้ สอดตามประวัติการเดินทาง เนื่องจากอาจเกิดการระบาดรุนแรงในต่างประเทศ และส่งตรวจดูอาการ ให้แน่ชัด

### 3.2 แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคไข้หวัดใหญ่

#### แบบจำลองที่ 1 SEIQR

แผนภาพแบบจำลองได้แบ่งกลุ่มประชากรของคน โดยแบ่งออกทั้งหมด 7 กลุ่มประชากร ได้แก่ สัดส่วนประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อมีโรคนกหวัดใหญ่ของชนิดสายพันธุ์ A และ B และสัดส่วนประชากรคนที่ฟื้นไข้ ซึ่งสามารถอธิบายได้ ดังนี้ จากกลุ่มประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ จากนั้นเปลี่ยนไปเป็นกลุ่มประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A หรือเปลี่ยนไปเป็นกลุ่มประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B จากนั้นเปลี่ยนไปเป็นกลุ่มประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A หรือเปลี่ยนไปเป็นกลุ่มประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B จากนั้นเปลี่ยนไปเป็นกลุ่มประชากรคนที่ถูกกักกันโรคนกหวัดใหญ่ของชนิดสายพันธุ์ A และ B จากนั้นเปลี่ยนไปเป็นกลุ่มประชากรคนที่ฟื้นไข้



รูปที่ 3.1 แผนภาพแสดงแนวคิดในการสร้างแบบจำลองของประชากรของโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยโดยแยกตามชนิดของเชื้อ แบบจำลองที่ 1

**ข้อสังเกต** จากแผนภาพแสดงแนวคิดของแบบจำลอง ลูกศรที่ชี้เข้ามามีค่าเป็นบวก และลูกศรที่ชี้ออกมีค่าเป็นลบ จากแผนภาพแสดงแนวคิดข้างต้น สามารถนำมาเขียนเป็นแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ได้ดังนี้

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อเทียบกับเวลา

$$\frac{d\bar{S}}{dt} = -\beta_A \bar{S} \bar{I}_A - \beta_B \bar{S} \bar{I}_B + \mu_H N - d\bar{S}$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบกับเวลา

$$\frac{d\bar{E}_A}{dt} = \beta_A \bar{S} \bar{I}_A - \frac{1}{\Pi p_A} \bar{E}_A - d\bar{E}_A$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบกับเวลา

$$\frac{d\bar{E}_B}{dt} = \beta_B \bar{S} \bar{I}_B - \frac{1}{\Pi p_B} \bar{E}_B - d\bar{E}_B$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบกับเวลา

$$\frac{d\bar{I}_A}{dt} = \frac{1}{\Pi p_A} \bar{E}_A - \frac{1}{\Pi q_A} \bar{I}_A - d\bar{I}_A$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบกับเวลา

$$\frac{d\bar{I}_B}{dt} = \frac{1}{\Pi p_B} \bar{E}_B - \frac{1}{\Pi q_B} \bar{I}_B - d\bar{I}_B$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ถูกกักกันโรคเฉลี่ยของชนิดสายพันธุ์ A และ B เทียบกับเวลา

$$\frac{d\bar{Q}}{dt} = \frac{1}{\Pi q_A} \bar{I}_A + \frac{1}{\Pi q_B} \bar{I}_B - \gamma \bar{Q} - d\bar{Q}$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ฟื้นไข้เทียบกับเวลา

$$\frac{d\bar{R}}{dt} = \gamma \bar{Q} - d\bar{R}$$

และกำหนดให้จำนวนประชากรคงที่ โดยที่  $N = \bar{S} + \bar{E}_A + \bar{E}_B + \bar{I}_A + \bar{I}_B + \bar{Q} + \bar{R}$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\begin{aligned}
\text{นั่นคือ } \frac{dN}{dt} &= \frac{d\bar{S}}{dt} + \frac{d\bar{E}_A}{dt} + \frac{d\bar{E}_B}{dt} + \frac{d\bar{I}_A}{dt} + \frac{d\bar{I}_B}{dt} + \frac{d\bar{Q}}{dt} + \frac{d\bar{R}}{dt} \\
&= (-\beta_A \bar{S} \bar{I}_A - \beta_B \bar{S} \bar{I}_B + \mu_H N - d\bar{S}) + (\beta_A \bar{S} \bar{I}_A - \frac{1}{\Pi p_A} \bar{E}_A - d\bar{E}_A) + \\
&\quad (\beta_B \bar{S} \bar{I}_B - \frac{1}{\Pi p_B} \bar{E}_B - d\bar{E}_B) + (\frac{1}{\Pi p_A} \bar{E}_A - \frac{1}{\Pi q_A} \bar{I}_A - d\bar{I}_A) + \\
&\quad (\frac{1}{\Pi p_B} \bar{E}_B - \frac{1}{\Pi q_B} \bar{I}_B - d\bar{I}_B) + (\frac{1}{\Pi q_A} \bar{I}_A + \frac{1}{\Pi q_B} \bar{I}_B - \gamma \bar{Q} - d\bar{Q}) + (\gamma \bar{Q} - d\bar{R}) \\
&= \mu_H N - d\bar{S} - d\bar{E}_A - d\bar{E}_B - d\bar{I}_A - d\bar{I}_B - d\bar{Q} - d\bar{R} \\
&= \mu_H N - d(\bar{S} + \bar{E}_A + \bar{E}_B + \bar{I}_A + \bar{I}_B + \bar{Q} + \bar{R}) \\
&= \mu_H N - dN \\
&= (\mu_H - d)N
\end{aligned}$$

ดังนั้น  $\mu_H = d$  หมายถึงอัตราการเกิดของประชากรเท่ากับอัตราการตายของประชากร

และทำการลดรูปสมการโดยที่กำหนดให้ตัวแปรแทนตามลำดับดังต่อไปนี้

$$S = \frac{\bar{S}}{N}, E_A = \frac{\bar{E}_A}{N}, E_B = \frac{\bar{E}_B}{N}, I_A = \frac{\bar{I}_A}{N}, I_B = \frac{\bar{I}_B}{N}, Q = \frac{\bar{Q}}{N}, R = \frac{\bar{R}}{N} \text{ และจะได้สมการที่ลดรูปคือ}$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อเทียบกับเวลา

$$\frac{dS}{dt} = -\beta_A S N I_A - \beta_B S N I_B + \mu_H - dS$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบกับเวลา

$$\frac{dE_A}{dt} = \beta_A S N I_A - \frac{1}{\Pi p_A} E_A - dE_A$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบกับเวลา

$$\frac{dE_B}{dt} = \beta_B S N I_B - \frac{1}{\Pi p_B} E_B - dE_B$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบกับเวลา

$$\frac{dI_A}{dt} = \frac{1}{\Pi p_A} E_A - \frac{1}{\Pi q_A} I_A - dI_A$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบกับเวลา

$$\frac{dI_B}{dt} = \frac{1}{\Pi p_B} E_B - \frac{1}{\Pi q_B} I_B - dI_B$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ถูกกักกันโรคเฉลี่ยของชนิดสายพันธุ์ A และ B เทียบกับเวลา

$$\frac{dQ}{dt} = \frac{1}{\Pi q_A} I_A + \frac{1}{\Pi q_B} I_B - dI_B$$

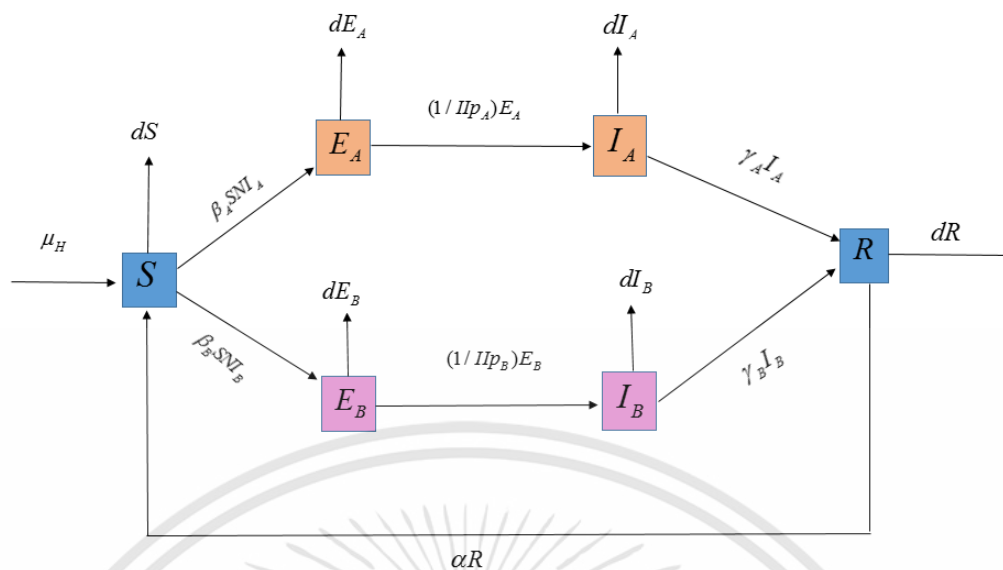
อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ฟื้นไข้เทียบกับเวลา

$$\frac{dR}{dt} = \gamma Q - dR$$

และ  $S + E_A + E_B + I_A + I_B + Q + R = 1$  นั่นคือ  $R = 1 - S - E_A - E_B - I_A - I_B - Q$

## แบบจำลองที่ 2 SEIR

แผนภาพแบบจำลองได้แบ่งกลุ่มประชากรของคน โดยแบ่งออกทั้งหมด 6 กลุ่มประชากร ได้แก่ สัดส่วนประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B และสัดส่วนประชากรคนที่ฟื้นไข้ ซึ่งสามารถอธิบายได้ดังนี้ จากกลุ่มประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ จากนั้นเปลี่ยนไปเป็นกลุ่มประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A หรือเปลี่ยนไปเป็นกลุ่มประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B จากนั้นเปลี่ยนไปเป็นกลุ่มประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A หรือเปลี่ยนไปเป็นกลุ่มประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B และจากนั้นเปลี่ยนไปเป็นกลุ่มประชากรคนที่ฟื้นไข้



รูปที่ 3.2 แผนภาพแสดงแนวคิดในการสร้างแบบจำลองของประชากรของโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยโดยแยกตามชนิดของเชื้อ แบบจำลองที่ 2

**ข้อสังเกต** จากแผนภาพแสดงแนวคิดของแบบจำลอง ลูกศรที่ชี้เข้ามีค่าเป็นบวก และลูกศรที่ชี้ออกมีค่าเป็นลบ จากแผนภาพแสดงแนวคิดข้างต้น สามารถนำมาเขียนเป็นแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ได้ดังนี้

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อเทียบกับเวลา

$$\frac{dS}{dt} = \mu_H + \alpha R - S(\beta_A I_A N + \beta_B I_B N + d)$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบกับเวลา

$$\frac{dE_A}{dt} = \beta_A S N I_A - \left( \frac{1}{IIp_A} + d \right) E_A$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบกับเวลา

$$\frac{dE_B}{dt} = \beta_B S N I_B - \left( \frac{1}{IIp_B} + d \right) E_B$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบกับเวลา

$$\frac{dI_A}{dt} = \frac{1}{IIp_A} E_A - (\gamma_A + d) I_A$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบกับเวลา

$$\frac{dI_B}{dt} = \frac{1}{H p_B} E_B - (\gamma_B + d) I_B$$

อัตราการเปลี่ยนแปลงของประชากรคนที่ฟื้นไข้เทียบกับเวลา

$$\frac{dR}{dt} = \gamma_A I_A + \gamma_B I_B - (\alpha + d) R$$

และกำหนดให้จำนวนประชากรคงที่ โดยที่  $N = S + E_A + E_B + I_A + I_B + R$



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## บทที่ 4

### ผลการวิจัยและการอภิปรายผล

#### 4.1 การวิเคราะห์แบบจำลองทางคณิตศาสตร์

##### แบบจำลองที่ 1 SEIQR

สมมติให้จำนวนประชากรทั้งหมดเป็นค่าคงที่นั่นคืออัตราการเกิดเท่ากับอัตราการตาย จากแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคไข้หวัดใหญ่โดยแยกตามชนิดของเชื้อ จะได้สมการดังนี้

$$\frac{dS}{dt} = -\beta_A S N I_A - \beta_B S N I_B + \mu_H - dS \quad (4.1)$$

$$\frac{dE_A}{dt} = \beta_A S N I_A - \frac{1}{\Pi p_A} E_A - dE_A \quad (4.2)$$

$$\frac{dE_B}{dt} = \beta_B S N I_B - \frac{1}{\Pi p_B} E_B - dE_B \quad (4.3)$$

$$\frac{dI_A}{dt} = \frac{1}{\Pi q_A} E_A - \frac{1}{\Pi q_A} I_A - dI_A \quad (4.4)$$

$$\frac{dI_B}{dt} = \frac{1}{\Pi q_B} E_B - \frac{1}{\Pi q_B} I_B - dI_B \quad (4.5)$$

$$\frac{dQ}{dt} = \frac{1}{\Pi q_A} I_A + \frac{1}{\Pi q_B} I_B - \gamma Q - dQ \quad (4.6)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma Q - dR \quad (4.7)$$

และจาก  $S + E_A + E_B + I_A + I_B + Q + R = 1$

จะได้ว่า  $R = 1 - S - E_A - E_B - I_A - I_B - Q$

ดังนั้นสามารถลดรูปสมการ (4.1) - (4.7) ได้ดังนี้

$$\frac{dS}{dt} = -\beta_A S N I_A - \beta_B S N I_B + \mu_H - dS \quad (4.8)$$

$$\frac{dE_A}{dt} = \beta_A S N I_A - \left( \frac{1}{\Pi p_A} + d \right) E_A \quad (4.9)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\frac{dE_B}{dt} = \beta_B S N I_B - \left( \frac{1}{\Pi p_B} + d \right) E_B \quad (4.10)$$

$$\frac{dI_A}{dt} = \left( \frac{1}{\Pi p_A} \right) E_A - \left( \frac{1}{\Pi q_A} + d \right) I_A \quad (4.11)$$

$$\frac{dI_B}{dt} = \left( \frac{1}{\Pi p_B} \right) E_B - \left( \frac{1}{\Pi q_B} + d \right) I_B \quad (4.12)$$

$$\frac{dQ}{dt} = \left( \frac{1}{\Pi q_A} \right) I_A + \left( \frac{1}{\Pi q_B} \right) I_B - (\gamma + d) Q \quad (4.13)$$

## แบบจำลองที่ 2 SEIR

สมมติให้จำนวนประชากรทั้งหมดเป็นค่าคงที่นั่นคืออัตราการเกิดเท่ากับอัตราการตาย จากแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคไข้วัดใหญ่โดยแยกตามชนิดของเชื้อ จะได้สมการดังนี้

$$\frac{dS}{dt} = \mu_H + \alpha R - S(\beta_A I_A N + \beta_B I_B N + d) \quad (4.14)$$

$$\frac{dE_A}{dt} = S \beta_A I_A N - \left( \frac{1}{\Pi p_A} + d \right) E_A \quad (4.15)$$

$$\frac{dE_B}{dt} = S \beta_B I_B N - \left( \frac{1}{\Pi p_B} + d \right) E_B \quad (4.16)$$

$$\frac{dI_A}{dt} = \left( \frac{1}{\Pi p_A} \right) E_A - (\gamma_A + d) I_A \quad (4.17)$$

$$\frac{dI_B}{dt} = \left( \frac{1}{\Pi p_B} \right) E_B - (\gamma_B + d) I_B \quad (4.18)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma_A I_A + \gamma_B I_B - (\alpha + d) R \quad (4.19)$$

## 4.2 จุดสมดุลของระบบสมการ

### แบบจำลองที่ 1 SEIQR

จุดสมดุลของระบบสมการหาได้จากการนำสมการที่ (4.8) - (4.13) ให้เท่ากับศูนย์

$$\text{จาก } -\beta_A S^* NI_A^* - \beta_B S^* NI_B^* + \mu_H - dS^* = 0$$

$$(-\beta_A NI_A^* - \beta_B NI_B^* - d)S^* + \mu_H = 0$$

$$S^* = \frac{\mu_H}{\beta_A NI_A^* + \beta_B NI_B^* + d}$$

$$\text{จาก } \beta_A S^* NI_A^* - \frac{1}{\Pi p_A} E_A^* - dE_A^* = 0$$

$$\beta_A S^* NI_A^* - \left(\frac{1}{\Pi p_A} + d\right) E_A^* = 0$$

$$E_A^* = \frac{\beta_A S^* NI_A^*}{\left(\frac{1}{\Pi p_A} + d\right)}$$

$$\text{เมื่อ } S^* = \frac{\mu_H}{\beta_A NI_A^* + \beta_B NI_B^* + d}$$

$$E_A^* = \frac{\beta_A \left(\frac{\mu_H}{\beta_A NI_A^* + \beta_B NI_B^* + d}\right) NI_A^*}{\left(\frac{1}{\Pi p_A} + d\right)}$$

$$\text{จาก } \beta_B S^* NI_B^* - \frac{1}{\Pi p_B} E_B^* - dE_B^* = 0$$

$$\beta_B S^* NI_B^* - \left(\frac{1}{\Pi p_B} + d\right) E_B^* = 0$$

$$E_B^* = \frac{\beta_B S^* NI_B^*}{\left(\frac{1}{\Pi p_B} + d\right)}$$

$$\text{เมื่อ } S^* = \frac{\mu_H}{\beta_A NI_A^* + \beta_B NI_B^* + d}$$

$$E_B^* = \frac{\beta_B \left(\frac{\mu_H}{\beta_A NI_A^* + \beta_B NI_B^* + d}\right) NI_B^*}{\left(\frac{1}{\Pi p_B} + d\right)}$$

$$\text{จาก } \frac{1}{\Pi p_A} E_A^* - \frac{1}{\Pi q_A} I_A^* - dI_A^* = 0$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\frac{1}{\Pi p_A} E_A^* - \left(\frac{1}{\Pi q_A} + d\right) I_A^* = 0$$

$$I_A^* = \frac{\frac{1}{\Pi p_A} E_A^*}{\left(\frac{1}{\Pi q_A}\right) + d}$$

$$\text{เมื่อ } E_A^* = \frac{\beta_A \left(\frac{\mu_H}{\beta_A N_{A^*} + \beta_B N_{B^*} + d}\right) N_{A^*}}{\left(\frac{1}{\Pi p_A}\right) + d}$$

$$I_A^* = \frac{\frac{1}{\Pi p_A} \left(\frac{\beta_A \left(\frac{\mu_H}{\beta_A N_{A^*} + \beta_B N_{B^*} + d}\right) N_{A^*}}{\left(\frac{1}{\Pi p_A}\right) + d}\right)}{\left(\frac{1}{\Pi q_A}\right) + d}$$

$$\text{จาก } \frac{1}{\Pi p_B} E_B^* - \frac{1}{\Pi q_B} I_B^* - d I_B^* = 0$$

$$\frac{1}{\Pi p_B} E_B^* - \left(\frac{1}{\Pi q_B} + d\right) I_B^* = 0$$

$$I_B^* = \frac{\frac{1}{\Pi p_B} E_B^*}{\left(\frac{1}{\Pi q_B}\right) + d}$$

$$\text{เมื่อ } E_B^* = \frac{\beta_B \left(\frac{\mu_H}{\beta_A N_{A^*} + \beta_B N_{B^*} + d}\right) N_{B^*}}{\left(\frac{1}{\Pi p_B}\right) + d}$$

$$I_B^* = \frac{\frac{1}{\Pi p_B} \left(\frac{\beta_B \left(\frac{\mu_H}{\beta_A N_{A^*} + \beta_B N_{B^*} + d}\right) N_{B^*}}{\left(\frac{1}{\Pi p_B}\right) + d}\right)}{\left(\frac{1}{\Pi q_B}\right) + d}$$

$$\text{จาก } \frac{1}{\Pi q_A} I_A^* + \frac{1}{\Pi q_B} I_B^* - \gamma Q^* - d Q^* = 0$$

$$\frac{1}{\Pi q_A} I_A^* + \frac{1}{\Pi q_B} I_B^* - (\gamma + d) Q^* = 0$$

$$Q^* = \frac{\frac{1}{\Pi q_A} I_A^* + \frac{1}{\Pi q_B} I_B^*}{\gamma + d}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\text{เมื่อ } I_A^* = \frac{\frac{1}{\Pi p_A} \left( \frac{\beta_A \left( \frac{\mu_H}{\beta_A N I_A^* + \beta_B N I_B^* + d} \right) N I_A^*}{\left( \frac{1}{\Pi p_A} \right) + d} \right)}{\left( \frac{1}{\Pi q_A} \right) + d}$$

$$\text{และ } I_B^* = \frac{\frac{1}{\Pi p_B} \left( \frac{\beta_B \left( \frac{\mu_H}{\beta_A N I_A^* + \beta_B N I_B^* + d} \right) N I_B^*}{\left( \frac{1}{\Pi p_B} \right) + d} \right)}{\left( \frac{1}{\Pi q_B} \right) + d}$$

จุดสมดุลของระบบสมการนี้คือได้ดังนี้

i) จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค  $E_1 = \left( \frac{\mu_H}{d}, 0, 0, 0, 0 \right)$

ii) จุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A  $E_2 = (S^*, E_A^*, 0, I_A^*, 0, Q^*)$

โดยที่  $S^* = \frac{(1 + d \Pi p_A)(1 + d \Pi q_A)}{\Pi q_A N \beta_A}$

$$E_A^* = - \frac{\Pi p_A [d + d^2 \Pi p_A (1 + d \Pi q_A) + \Pi q_A (d^2 - N \beta_A \mu_H)]}{(1 + d \Pi p_A) N \Pi q_A \beta_A}$$

$$I_A^* = - \frac{d + d^2 \Pi p_A (1 + d \Pi q_A) + \Pi q_A (d^2 - N \beta_A \mu_H)}{(1 + d \Pi p_A)(1 + d \Pi q_A) N \beta_A}$$

$$Q^* = - \frac{d + d^2 \Pi p_A (1 + d \Pi q_A) + \Pi q_A (d^2 - N \beta_A \mu_H)}{(d + \gamma)(1 + d \Pi p_A)(1 + d \Pi q_A) \Pi q_A N \beta_A}$$

ซึ่ง  $S^*, E_A^*, I_A^*, Q^*$  จะมีค่าเป็นบวกเมื่อ  $\frac{\mu_H N \beta_A \Pi q_A}{d(1 + d \Pi p_A)(1 + d \Pi q_A)} > 1$

iii) จุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ B  $E_3 = (S^*, 0, E_B^*, 0, I_B^*, Q^*)$

โดยที่  $S^* = \frac{(1 + d \Pi p_B)(1 + d \Pi q_B)}{\Pi q_B N \beta_B}$

$$E_B^* = - \frac{\Pi p_B [d + d^2 \Pi p_B (1 + d \Pi q_B) + \Pi q_B (d^2 - N \beta_B \mu_H)]}{(1 + d \Pi p_B) N \Pi q_B \beta_B}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$I_B^* = -\frac{d + d^2 I p_B (1 + d I I q_B) + I I q_B (d^2 - N \beta_B \mu_H)}{(1 + d I I p_B)(1 + d I I q_B) N \beta_B}$$

$$Q^* = -\frac{d + d^2 I p_B (1 + d I I q_B) + I I q_B (d^2 - N \beta_B \mu_H)}{(d + \gamma)(1 + d I I p_B)(1 + d I I q_B) I I q_B N \beta_B}$$

ซึ่ง  $S^*, E_B^*, I_B^*, Q^*$  จะมีค่าเป็นบวกเมื่อ  $\frac{\mu_H N \beta_B I I q_B}{d(1 + d I I p_B)(1 + d I I q_B)} > 1$

## แบบจำลองที่ 2 SEIR

จุดสมดุลของระบบสมการแบบจำลองที่ 2 หาได้จากการนำสมการที่ (4.14) – (4.19) ให้เท่ากับศูนย์ จะได้จุดสมดุลของระบบสมการทั้งหมด 3 จุด ดังนี้

i) จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค  $E_1 = (\frac{\mu_H}{d}, 0, 0, 0, 0)$

ii) จุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A  $E_2 = (S^*, E_A^*, 0, I_A^*, 0, R^*)$

โดยที่  $S^* = \frac{(1 + d I I p_A)(1 + d \gamma_A)}{N \beta_A}$

$$E_A^* = \frac{(d + \alpha) I I p_A (d + \gamma_A) (-d(1 + d I I p_A)(d + \gamma_A) + \beta_A \mu_H N)}{d N \beta_A (d + \alpha + \gamma_A + (d + \alpha) I I p_A (d + \gamma_A))}$$

$$I_A^* = \frac{(d + \alpha) (-d(1 + d I I p_A)(d + \gamma_A) + \beta_A \mu_H N)}{d N \beta_A (d + \alpha + \gamma_A + (d + \alpha) I I p_A (d + \gamma_A))}$$

$$R^* = \frac{\gamma_A (-d(1 + d I I p_A)(d + \gamma_A) + \beta_A \mu_H N)}{d N \beta_A (d + \alpha + \gamma_A + (d + \alpha) I I p_A (d + \gamma_A))}$$

ซึ่ง  $S^*, E_A^*, I_A^*, R^*$  จะมีค่าเป็นบวกเมื่อ  $\frac{\mu_H N \beta_A}{d(1 + d I I p_A)(1 + d \gamma_A)} > 1$

iii) จุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ B  $E_3 = (S^*, 0, E_B^*, 0, I_B^*, R^*)$

โดยที่  $S^* = \frac{(1 + d I I p_B)(1 + d \gamma_B)}{N \beta_B}$

$$E_B^* = \frac{(d + \alpha) I I p_B (d + \gamma_B) (-d(1 + d I I p_B)(d + \gamma_B) + \beta_B \mu_H N)}{d N \beta_B (d + \alpha + \gamma_B + (d + \alpha) I I p_B (d + \gamma_B))}$$

$$I_B^* = \frac{(d + \alpha)(-d(1 + dIIP_B)(d + \gamma_B) + \beta_B \mu_H N)}{dN\beta_B(d + \alpha + \gamma_B + (d + \alpha)IIP_B(d + \gamma_B))}$$

$$R^* = \frac{\gamma_B(-d(1 + dIIP_B)(d + \gamma_B) + \beta_B \mu_H N)}{dN\beta_B(d + \alpha + \gamma_B + (d + \alpha)IIP_B(d + \gamma_B))}$$

ซึ่ง  $S^*, E_B^*, I_B^*, R^*$  จะมีค่าเป็นบวกเมื่อ  $\frac{\mu_H N \beta_B}{d(1 + dIIP_B)(1 + d\gamma_B)} > 1$

### 4.3 ค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน

#### แบบจำลองที่ 1 SEIQR

จากจุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค  $E_1 = (\frac{\mu_H}{d}, 0, 0, 0, 0, 0)$  สามารถหาค่าสืบพันธุ์พื้นฐานของแบบจำลองได้จากแนวคิดของ Gains and Losses [47-48] ซึ่งพิจารณากลุ่มของประชากรที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B กลุ่มของประชากรที่ถูกกักกันโรคเฉื่อยของชนิดสายพันธุ์ A และ B และกลุ่มของประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B ซึ่ง Gains คือพิจารณาเทอมที่ทำให้กลุ่มประชากรนั้นเพิ่มขึ้น และ Losses คือพิจารณาเทอมที่ทำให้กลุ่มประชากรนั้นลดลง ดังนี้

ซึ่งพิจารณาในสมการ (4.9) – (4.13)

$$\begin{bmatrix} \text{Gains to } E_A, E_B \\ \text{Gains to } I_A, I_B \\ \text{Gains to } Q \\ \text{Losses from } E_A, E_B \\ \text{Losses from } I_A, I_B \\ \text{Losses from } Q \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} (\beta_A I_A + \beta_B I_B) SN \\ 0 \\ 0 \\ \left( \frac{1}{IIP_A} + d \right) E_A + \left( \frac{1}{IIP_B} + d \right) E_B \\ -\frac{1}{IIP_A} E_A + \left( \frac{1}{IIq_A} + d \right) I_A - \frac{1}{IIP_B} E_B + \left( \frac{1}{IIq_B} + d \right) I_B \\ -\frac{1}{IIq_A} I_A - \frac{1}{IIq_B} I_B + (\gamma + d) Q \end{bmatrix}$$

$$\text{กำหนดให้ } \tilde{F} = \begin{bmatrix} \text{Gains to } E_A \text{ and } E_B \\ \text{Gains to } I_A \text{ and } I_B \\ \text{Gains to } Q \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} F_1 \\ F_2 \\ F_3 \end{bmatrix}$$

$$\tilde{V} = \begin{bmatrix} \text{Losses to } E_A \text{ and } E_B \\ \text{Losses to } I_A \text{ and } I_B \\ \text{Losses to } Q \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V_1 \\ V_2 \\ V_3 \end{bmatrix}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$F$  และ  $V$  คือเมทริกซ์จาโคเบียนที่ได้จาก  $\tilde{F}$  และ  $\tilde{V}$  ตามลำดับ

นั่นคือ

$$F = \begin{bmatrix} \frac{\partial}{\partial E_A}(F_1) + \frac{\partial}{\partial E_B}(F_1) & \frac{\partial}{\partial I_A}(F_1) + \frac{\partial}{\partial I_B}(F_1) & \frac{\partial}{\partial Q}(F_1) \\ \frac{\partial}{\partial E_A}(F_2) + \frac{\partial}{\partial E_B}(F_2) & \frac{\partial}{\partial I_A}(F_2) + \frac{\partial}{\partial I_B}(F_2) & \frac{\partial}{\partial Q}(F_2) \\ \frac{\partial}{\partial E_A}(F_3) + \frac{\partial}{\partial E_B}(F_3) & \frac{\partial}{\partial I_A}(F_3) + \frac{\partial}{\partial I_B}(F_3) & \frac{\partial}{\partial Q}(F_3) \end{bmatrix}$$

$$V = \begin{bmatrix} \frac{\partial}{\partial E_A}(V_1) + \frac{\partial}{\partial E_B}(V_1) & \frac{\partial}{\partial I_A}(V_1) + \frac{\partial}{\partial I_B}(V_1) & \frac{\partial}{\partial Q}(V_1) \\ \frac{\partial}{\partial E_A}(V_2) + \frac{\partial}{\partial E_B}(V_2) & \frac{\partial}{\partial I_A}(V_2) + \frac{\partial}{\partial I_B}(V_2) & \frac{\partial}{\partial Q}(V_2) \\ \frac{\partial}{\partial E_A}(V_3) + \frac{\partial}{\partial E_B}(V_3) & \frac{\partial}{\partial I_A}(V_3) + \frac{\partial}{\partial I_B}(V_3) & \frac{\partial}{\partial Q}(V_3) \end{bmatrix}$$

จะได้

$$\tilde{F} = \begin{bmatrix} F_1 \\ F_2 \\ F_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} (\beta_A I_A + \beta_B I_B) SN \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$\tilde{V} = \begin{bmatrix} V_1 \\ V_2 \\ V_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \left(\frac{1}{\Pi p_A} + d\right) E_A + \left(\frac{1}{\Pi p_B} + d\right) E_B \\ -\frac{1}{\Pi p_A} E_A + \left(\frac{1}{\Pi q_A} + d\right) I_A - \frac{1}{\Pi p_B} E_B + \left(\frac{1}{\Pi q_B} + d\right) I_B \\ -\frac{1}{\Pi q_A} I_A - \frac{1}{\Pi q_B} I_B + (\gamma + d) Q \end{bmatrix}$$

$$F = \begin{bmatrix} 0 & (\beta_A + \beta_B) SN & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$V = \begin{bmatrix} \frac{1}{\Pi p_A} + \frac{1}{\Pi p_B} + 2d & 0 & 0 \\ -\frac{1}{\Pi p_A} - \frac{1}{\Pi p_B} & \frac{1}{\Pi q_A} + \frac{1}{\Pi q_B} + 2d & 0 \\ 0 & -\frac{1}{\Pi q_A} - \frac{1}{\Pi q_B} & \gamma + d \end{bmatrix}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

และ

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\frac{1}{\Pi p_A} + \frac{1}{\Pi p_B} + 2d} & 0 & 0 \\ \frac{(\Pi p_A + \Pi p_B)\Pi q_A \Pi q_B}{(\Pi p_B + \Pi p_A(1+2d\Pi p_B))(\Pi q_A + \Pi q_B(1+2d\Pi q_B))} & \frac{1}{\frac{1}{\Pi q_A} + \frac{1}{\Pi q_B} + 2d} & 0 \\ \frac{(\Pi p_A + \Pi p_B)(\Pi q_A + \Pi q_B)}{(\gamma + d)(\Pi p_B + \Pi p_A(1+2d\Pi p_B))(\Pi q_A + \Pi q_B(1+2d\Pi q_B))} & \frac{(\Pi q_A + \Pi q_B)}{(\gamma + d)(\Pi q_B + \Pi q_A(1+2d\Pi q_B))} & \frac{1}{\gamma + d} \end{bmatrix}$$

ให้

$$G = FV^{-1}$$

$$G = \begin{bmatrix} \frac{NS(\Pi p_A + \Pi p_B)\Pi q_A \Pi q_B(\beta_A + \beta_B)}{(\Pi p_B + \Pi p_A(1+2d\Pi p_B))(\Pi q_A + \Pi q_B(1+2d\Pi q_B))} & \frac{NS(\beta_A + \beta_B)}{\frac{1}{\Pi q_A} + \frac{1}{\Pi q_B} + 2d} & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$\text{เมื่อ } S = \frac{\mu_H}{d}$$

จะได้

$$G = \begin{bmatrix} \frac{\mu_H N(\Pi p_A + \Pi p_B)\Pi q_A \Pi q_B(\beta_A + \beta_B)}{d(\Pi p_B + \Pi p_A(1+2d\Pi p_B))(\Pi q_A + \Pi q_B(1+2d\Pi q_B))} & \frac{NS(\beta_A + \beta_B)}{\left(\frac{1}{\Pi q_A} + \frac{1}{\Pi q_B} + 2d\right)} & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

จากสมการลักษณะเฉพาะ (Characteristic Equation)  $\det(G - \lambda I) = 0$

เมื่อ  $I$  คือเมทริกซ์เอกลักษณ์  $3 \times 3$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\begin{vmatrix} \frac{\mu_H N(IIp_A + IIp_B)IIq_A IIq_B (\beta_A + \beta_B)}{d(IIp_B + IIp_A(1 + 2dIIp_B))(IIq_B + IIq_A(1 + 2dIIq_B))} - \lambda & \frac{NS(\beta_A + \beta_B)}{\left(\frac{1}{IIq_A} + \frac{1}{IIq_B} + 2d\right)} & 0 \\ 0 & -\lambda & 0 \\ 0 & 0 & -\lambda \end{vmatrix} = 0$$

ค่าเจาะจง (Eigenvalue) คือ

$$\lambda_1 = 0, \lambda_2 = 0, \lambda_3 = \frac{\mu_H N(IIp_A + IIp_B)IIq_A IIq_B (\beta_A + \beta_B)}{d(IIp_B + IIp_A(1 + 2dIIp_B))(IIq_B + IIq_A(1 + 2dIIq_B))}$$

จะได้ว่า  $R_0 = \rho(G)$  เมื่อ  $\rho$  คือรัศมีสเปกตรัมของ G (spectral radius of G)

ซึ่งหาได้จาก  $\max\{\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3\}$

$$\text{นั่นคือ } R_0 = \frac{\mu_H N(IIp_A + IIp_B)IIq_A IIq_B (\beta_A + \beta_B)}{d(IIp_B + IIp_A(1 + 2dIIp_B))(IIq_B + IIq_A(1 + 2dIIq_B))}$$

กรณีที่แยกพิจารณาแต่ละชนิดสายพันธุ์

ชนิดสายพันธุ์ A

$$\text{กำหนดให้ } \tilde{F}_A = \begin{bmatrix} \text{Gains to } E_A \\ \text{Gains to } I_A \\ \text{Gains to } Q \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} F_{1A} \\ F_{2A} \\ F_{3A} \end{bmatrix}$$

$$\tilde{V}_A = \begin{bmatrix} \text{Losses to } E_A \\ \text{Losses to } I_A \\ \text{Losses to } Q \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V_{1A} \\ V_{2A} \\ V_{3A} \end{bmatrix}$$

$F_A$  และ  $V_A$  คือเมทริกซ์จาโคเบียนที่ได้จาก  $\tilde{F}_A$  และ  $\tilde{V}_A$  ตามลำดับ

$$\text{นั่นคือ } F_A = \begin{bmatrix} \frac{\partial}{\partial E_A}(F_{1A}) & \frac{\partial}{\partial I_A}(F_{1A}) & \frac{\partial}{\partial Q}(F_{1A}) \\ \frac{\partial}{\partial E_A}(F_{2A}) & \frac{\partial}{\partial I_A}(F_{2A}) & \frac{\partial}{\partial Q}(F_{2A}) \\ \frac{\partial}{\partial E_A}(F_{3A}) & \frac{\partial}{\partial I_A}(F_{3A}) & \frac{\partial}{\partial Q}(F_{3A}) \end{bmatrix}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

จะได้

$$V_A = \begin{bmatrix} \frac{\partial}{\partial E_A}(V_{1A}) & \frac{\partial}{\partial I_A}(V_{1A}) & \frac{\partial}{\partial Q}(V_{1A}) \\ \frac{\partial}{\partial E_A}(V_{2A}) & \frac{\partial}{\partial I_A}(V_{2A}) & \frac{\partial}{\partial Q}(V_{2A}) \\ \frac{\partial}{\partial E_A}(V_{3A}) & \frac{\partial}{\partial I_A}(V_{3A}) & \frac{\partial}{\partial Q}(V_{3A}) \end{bmatrix}$$

$$\tilde{F}_A = \begin{bmatrix} F_{1A} \\ F_{2A} \\ F_{3A} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \beta_A I_A SN \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$\tilde{V}_A = \begin{bmatrix} V_{1A} \\ V_{2A} \\ V_{3A} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \left(\frac{1}{\Pi p_A} + d\right) E_A \\ -\frac{1}{\Pi p_A} E_A + \left(\frac{1}{\Pi q_A} + d\right) I_A \\ -\frac{1}{\Pi q_A} I_A + (\gamma + d) Q \end{bmatrix}$$

$$F_A = \begin{bmatrix} 0 & \beta_A SN & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$V_A = \begin{bmatrix} \frac{1}{\Pi p_A} + d & 0 & 0 \\ -\frac{1}{\Pi p_A} & \frac{1}{\Pi q_A} + d & 0 \\ 0 & -\frac{1}{\Pi q_A} & \gamma + d \end{bmatrix}$$

และ

$$V_A^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\frac{1}{\Pi p_A} + d} & 0 & 0 \\ \frac{\Pi q_A}{(1 + d\Pi p_A)(1 + d\Pi q_A)} & \frac{1}{\frac{1}{\Pi q_A} + d} & 0 \\ \frac{1}{(\gamma + d)(1 + d\Pi p_A)(1 + d\Pi q_A)} & \frac{1}{(\gamma + d)(1 + d\Pi q_A)} & \frac{1}{\gamma + d} \end{bmatrix}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ให้  $G_A = F_A V_A^{-1}$  เมื่อ  $S = \frac{\mu_H}{d}$  จะได้

$$G_A = \begin{bmatrix} \frac{\mu_H N \beta_A \Pi q_A}{d(1 + \Pi p_A)(1 + d \Pi q_A)} & \frac{\mu_H N \beta_A}{d + \frac{1}{\Pi q_A}} & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

จากสมการลักษณะเฉพาะ (Characteristic Equation)  $\det(G_A - \lambda I) = 0$

เมื่อ  $I$  คือเมทริกซ์เอกลักษณ์  $3 \times 3$

$$\begin{vmatrix} \frac{\mu_H N \beta_A \Pi q_A}{d(1 + \Pi p_A)(1 + d \Pi q_A)} - \lambda & \frac{\mu_H N \beta_A}{d + \frac{1}{\Pi q_A}} & 0 \\ 0 & 0 - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

ค่าเฉพาะ (Eigenvalue) คือ  $\lambda_1 = 0, \lambda_2 = 0, \lambda_3 = \frac{\mu_H N \beta_A \Pi q_A}{d(1 + \Pi p_A)(1 + d \Pi q_A)}$

จะได้ว่า  $R_0(A) = \rho(G_A)$  เมื่อ  $\rho$  คือรัศมีสเปกตรัมของ  $G_A$  (spectral radius of  $G_A$ )

ซึ่งหาได้จาก  $\max\{|\lambda_1|, |\lambda_2|, |\lambda_3|\}$

นั่นคือ  $R_0(A) = \frac{\mu_H N \beta_A \Pi q_A}{d(1 + \Pi p_A)(1 + d \Pi q_A)}$

**ชนิดสายพันธุ์ B**

$$\text{กำหนดให้ } \tilde{F}_B = \begin{bmatrix} \text{Gains to } E_B \\ \text{Gains to } I_B \\ \text{Gains to } Q \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} F_{1B} \\ F_{2B} \\ F_{3B} \end{bmatrix}$$

$$\tilde{V}_B = \begin{bmatrix} \text{Losses to } E_B \\ \text{Losses to } I_B \\ \text{Losses to } Q \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V_{1B} \\ V_{2B} \\ V_{3B} \end{bmatrix}$$

$F_B$  และ  $V_B$  คือเมทริกซ์จาโคเบียนที่ได้จาก  $\tilde{F}_B$  และ  $\tilde{V}_B$  ตามลำดับ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

นั่นคือ

$$F_B = \begin{bmatrix} \frac{\partial}{\partial E_B}(F_{1B}) & \frac{\partial}{\partial I_B}(F_{1B}) & \frac{\partial}{\partial Q}(F_{1B}) \\ \frac{\partial}{\partial E_B}(F_{2B}) & \frac{\partial}{\partial I_B}(F_{2B}) & \frac{\partial}{\partial Q}(F_{2B}) \\ \frac{\partial}{\partial E_B}(F_{3B}) & \frac{\partial}{\partial I_B}(F_{3B}) & \frac{\partial}{\partial Q}(F_{3B}) \end{bmatrix}$$

$$V_B = \begin{bmatrix} \frac{\partial}{\partial E_B}(V_{1B}) & \frac{\partial}{\partial I_B}(V_{1B}) & \frac{\partial}{\partial Q}(V_{1B}) \\ \frac{\partial}{\partial E_B}(V_{2B}) & \frac{\partial}{\partial I_B}(V_{2B}) & \frac{\partial}{\partial Q}(V_{2B}) \\ \frac{\partial}{\partial E_B}(V_{3B}) & \frac{\partial}{\partial I_B}(V_{3B}) & \frac{\partial}{\partial Q}(V_{3B}) \end{bmatrix}$$

จะได้

$$\tilde{F}_B = \begin{bmatrix} F_{1B} \\ F_{2B} \\ F_{3B} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \beta_B I_B SN \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$\tilde{V}_B = \begin{bmatrix} V_{1B} \\ V_{2B} \\ V_{3B} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \left( \frac{1}{\Pi p_B} + d \right) E_B \\ -\frac{1}{\Pi p_B} E_B + \left( \frac{1}{\Pi q_B} + d \right) I_B \\ -\frac{1}{\Pi q_B} I_B + (\gamma + d) Q \end{bmatrix}$$

$$F_B = \begin{bmatrix} 0 & \beta_B SN & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$V_B = \begin{bmatrix} \frac{1}{\Pi p_B} + d & 0 & 0 \\ -\frac{1}{\Pi p_B} & \frac{1}{\Pi q_B} + d & 0 \\ 0 & -\frac{1}{\Pi q_B} & \gamma + d \end{bmatrix}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

และ

$$V_B^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\frac{1}{\Pi p_B} + d} & 0 & 0 \\ \frac{\Pi q_B}{(1+d\Pi p_B)(1+d\Pi q_B)} & \frac{1}{\frac{1}{\Pi q_B} + d} & 0 \\ \frac{1}{(\gamma+d)(1+d\Pi p_B)(1+d\Pi q_B)} & \frac{1}{(\gamma+d)(1+d\Pi q_B)} & \frac{1}{\gamma+d} \end{bmatrix}$$

ให้  $G_B = F_B V_B^{-1}$  เมื่อ  $S = \frac{\mu_H}{d}$  จะได้

$$G_B = \begin{bmatrix} \frac{\mu_H N \beta_B \Pi q_B}{d(1+\Pi p_B)(1+d\Pi q_B)} & \frac{\mu_H N \beta_B}{d + \frac{1}{\Pi q_B}} & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

จากสมการลักษณะเฉพาะ (Characteristic Equation)  $\det(G_B - \lambda I) = 0$

เมื่อ  $I$  คือเมทริกซ์เอกลักษณ์  $3 \times 3$

$$\begin{vmatrix} \frac{\mu_H N \beta_B \Pi q_B}{d(1+\Pi p_B)(1+d\Pi q_B)} - \lambda & \frac{\mu_H N \beta_B}{d + \frac{1}{\Pi q_B}} & 0 \\ 0 & 0 - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

ค่าเฉพาะ (Eigenvalue) คือ  $\lambda_1 = 0, \lambda_2 = 0, \lambda_3 = \frac{\mu_H N \beta_B \Pi q_B}{d(1+\Pi p_B)(1+d\Pi q_B)}$

จะได้ว่า  $R_0(B) = \rho(G_B)$  เมื่อ  $\rho$  คือรัศมีสเปกตรัมของ  $G_B$  (spectral radius of  $G_B$ )

ซึ่งหาได้จาก  $\max\{|\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3|\}$

นั่นคือ  $R_0(B) = \frac{\mu_H N \beta_B \Pi q_B}{d(1+\Pi p_B)(1+d\Pi q_B)}$

ดังนั้นสามารถสรุปได้ว่า

$$R_0 = \frac{\mu_H N (\Pi p_A + \Pi p_B) \Pi q_A \Pi q_B (\beta_A + \beta_B)}{d(\Pi p_B + \Pi p_A(1+2d\Pi p_B))(\Pi q_B + \Pi q_A(1+2d\Pi q_B))}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$R_0(A) = \frac{\mu_H N \beta_A I q_A}{d(1 + I p_A)(1 + d I q_A)}$$

$$R_0(B) = \frac{\mu_H N \beta_B I q_B}{d(1 + I p_B)(1 + d I q_B)}$$

จะเห็นได้ว่าถ้า  $R_0 > 1$  จะทำให้  $R_0(A) > 1$  และ  $R_0(B) > 1$

ดังนั้น เงื่อนไขที่ทำให้เกิดสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B เมื่อจุดสมดุลของ  $E_2, E_3 > 1$

## แบบจำลองที่ 2 SEIR

จากจุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค  $E_1 = (\frac{\mu_H}{d}, 0, 0, 0, 0)$  สามารถหาค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน

ของแบบจำลองได้จากแนวคิดของ Gains and Losses [47-48] ซึ่งพิจารณากลุ่มของประชากรที่ติดเชื่อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B และกลุ่มของประชากรที่ติดเชื่อและสามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B ซึ่ง Gains คือพิจารณาเทอมที่ทำให้กลุ่มประชากรนั้นเพิ่มขึ้น และ Losses คือพิจารณาเทอมที่ทำให้กลุ่มประชากรนั้นลดลง ดังนี้

ซึ่งพิจารณาในสมการ (4.15) – (4.18)

$$\begin{bmatrix} \text{Gains to } E_A, E_B \\ \text{Gains to } I_A, I_B \\ \text{Losses from } E_A, E_B \\ \text{Losses from } I_A, I_B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} (\beta_A I_A + \beta_B I_B) S N \\ 0 \\ \left( \frac{1}{I p_A} + d \right) E_A + \left( \frac{1}{I p_B} + d \right) E_B \\ - \left( \frac{1}{I p_A} \right) E_A + (\gamma_A + d) I_A - \left( \frac{1}{I p_B} \right) E_B + (\gamma_B + d) I_B \end{bmatrix}$$

$$\text{กำหนดให้ } \tilde{F} = \begin{bmatrix} \text{Gains to } E_A \text{ and } E_B \\ \text{Gains to } I_A \text{ and } I_B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} F_1 \\ F_2 \end{bmatrix}$$

$$\tilde{V} = \begin{bmatrix} \text{Losses to } E_A \text{ and } E_B \\ \text{Losses to } I_A \text{ and } I_B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V_1 \\ V_2 \end{bmatrix}$$

$F$  และ  $V$  คือเมทริกซ์จาโคเบียนที่ได้จาก  $\tilde{F}$  และ  $\tilde{V}$  ตามลำดับ

นั่นคือ

$$F = \begin{bmatrix} \frac{\partial}{\partial E_A}(F_1) + \frac{\partial}{\partial E_B}(F_1) & \frac{\partial}{\partial I_A}(F_1) + \frac{\partial}{\partial I_B}(F_1) \\ \frac{\partial}{\partial E_A}(F_2) + \frac{\partial}{\partial E_B}(F_2) & \frac{\partial}{\partial I_A}(F_2) + \frac{\partial}{\partial I_B}(F_2) \end{bmatrix}$$

$$V = \begin{bmatrix} \frac{\partial}{\partial E_A}(V_1) + \frac{\partial}{\partial E_B}(V_1) & \frac{\partial}{\partial I_A}(V_1) + \frac{\partial}{\partial I_B}(V_1) \\ \frac{\partial}{\partial E_A}(V_2) + \frac{\partial}{\partial E_B}(V_2) & \frac{\partial}{\partial I_A}(V_2) + \frac{\partial}{\partial I_B}(V_2) \end{bmatrix}$$

จะได้

$$\tilde{F} = \begin{bmatrix} F_1 \\ F_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} (\beta_A I_A + \beta_B I_B) SN \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$\tilde{V} = \begin{bmatrix} V_1 \\ V_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \left(\frac{1}{IIp_A} + d\right) E_A + \left(\frac{1}{IIp_B} + d\right) E_B \\ -\left(\frac{1}{IIp_A}\right) E_A + (\gamma_A + d) I_A - \left(\frac{1}{IIp_B}\right) E_B + (\gamma_B + d) I_B \end{bmatrix}$$

$$F = \begin{bmatrix} 0 & (\beta_A + \beta_B) SN \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$V = \begin{bmatrix} \frac{1}{IIp_A} + \frac{1}{IIp_B} + 2d & 0 \\ -\frac{1}{IIp_A} - \frac{1}{IIp_B} & \gamma_A + \gamma_B + 2d \end{bmatrix}$$

และ

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\left(\frac{1}{IIp_A} + \frac{1}{IIp_B} + 2d\right)} & 0 \\ \frac{(\gamma_A + \gamma_B + 2d)}{(IIp_A + IIp_B)} & \frac{1}{(\gamma_A + \gamma_B + 2d)} \end{bmatrix}$$

ให้

$$G = FV^{-1}$$

$$G = \begin{bmatrix} 0 & (\beta_A + \beta_B) SN \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{\left(\frac{1}{IIp_A} + \frac{1}{IIp_B} + 2d\right)} & 0 \\ \frac{(\gamma_A + \gamma_B + 2d)}{(IIp_A + IIp_B)} & \frac{1}{(\gamma_A + \gamma_B + 2d)} \end{bmatrix}$$

$$G = \begin{bmatrix} \frac{NS(IIp_A + IIp_B)(\beta_A + \beta_B)}{(IIp_B + IIp_A(1 + 2dIIp_B))(\gamma_A + \gamma_B + 2d)} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\text{เมื่อ } S = \frac{\mu_H}{d}$$

$$\text{จะได้ } G = \begin{bmatrix} \frac{\mu_H N (I p_A + I p_B) (\beta_A + \beta_B)}{d (I p_B + I p_A (1 + 2d I p_B)) (\gamma_A + \gamma_B + 2d)} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

จากสมการลักษณะเฉพาะ (Characteristic Equation)  $\det(G - \lambda I) = 0$

เมื่อ  $I$  คือเมทริกซ์เอกลักษณ์  $2 \times 2$

$$\begin{vmatrix} \frac{\mu_H N (I p_A + I p_B) (\beta_A + \beta_B)}{d (I p_B + I p_A (1 + 2d I p_B)) (\gamma_A + \gamma_B + 2d)} - \lambda & 0 \\ 0 & -\lambda \end{vmatrix} = 0$$

ค่าเฉพาะ (Eigenvalue) คือ  $\lambda_1 = 0, \lambda_2 = \frac{\mu_H N (I p_A + I p_B) (\beta_A + \beta_B)}{d (I p_B + I p_A (1 + 2d I p_B)) (\gamma_A + \gamma_B + 2d)}$

จะได้ว่า  $\mathfrak{R}_0 = \rho(G)$  เมื่อ  $\rho$  คือรัศมีสเปกตรัมของ  $G$  (spectral radius of  $G$ )

ซึ่งหาได้จาก  $\max\{\lambda_1, \lambda_2\}$

$$\text{นั่นคือ } \mathfrak{R}_0 = \frac{\mu_H N (I p_A + I p_B) (\beta_A + \beta_B)}{d (I p_B + I p_A (1 + 2d I p_B)) (\gamma_A + \gamma_B + 2d)}$$

กรณีที่แยกพิจารณาแต่ละชนิดสายพันธุ์

ชนิดสายพันธุ์ A

$$\begin{bmatrix} \text{Gains to } E_A \\ \text{Gains to } I_A \\ \text{Losses from } E_A \\ \text{Losses from } I_A \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \beta_A I_A S N \\ 0 \\ \left(\frac{1}{I p_A} + d\right) E_A \\ -\left(\frac{1}{I p_A}\right) E_A + (\gamma_A + d) I_A \end{bmatrix}$$

$$\text{กำหนดให้ } \tilde{F}_A = \begin{bmatrix} \text{Gains to } E_A \\ \text{Gains to } I_A \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} F_{1A} \\ F_{2A} \end{bmatrix}$$

$$\tilde{V}_A = \begin{bmatrix} \text{Losses to } E_A \\ \text{Losses to } I_A \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V_{1A} \\ V_{2A} \end{bmatrix}$$

$F_A$  และ  $V_A$  คือเมทริกซ์จาโคเบียนที่ได้จาก  $\tilde{F}_A$  และ  $\tilde{V}_A$  ตามลำดับ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

นั่นคือ

$$F_A = \begin{bmatrix} \frac{\partial}{\partial E_A}(F_{1A}) & \frac{\partial}{\partial I_A}(F_{1A}) \\ \frac{\partial}{\partial E_A}(F_{2A}) & \frac{\partial}{\partial I_A}(F_{2A}) \end{bmatrix}$$

$$V_A = \begin{bmatrix} \frac{\partial}{\partial E_A}(V_{1A}) & \frac{\partial}{\partial I_A}(V_{1A}) \\ \frac{\partial}{\partial E_A}(V_{2A}) & \frac{\partial}{\partial I_A}(V_{2A}) \end{bmatrix}$$

จะได้

$$\tilde{F}_A = \begin{bmatrix} F_{1A} \\ F_{2A} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \beta_A I_A SN \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$\tilde{V}_A = \begin{bmatrix} V_{1A} \\ V_{2A} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \left(\frac{1}{IIp_A} + d\right) E_A \\ -\left(\frac{1}{IIp_A}\right) E_A + (\gamma_A + d) I_A \end{bmatrix}$$

$$F_A = \begin{bmatrix} 0 & \beta_A SN \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$V_A = \begin{bmatrix} \frac{1}{IIp_A} + d & 0 \\ -\frac{1}{IIp_A} & \gamma_A + d \end{bmatrix}$$

และ

$$V_A^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\frac{1}{IIp_A} + d} & 0 \\ \frac{1}{(1+dIIp_A)(d+\gamma_A)} & \frac{1}{(\gamma_A+d)} \end{bmatrix}$$

ให้  $G_A = F_A V_A^{-1}$  เมื่อ  $S = \frac{\mu_H}{d}$

$$G_A = \begin{bmatrix} 0 & \beta_A SN \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{\frac{1}{IIp_A} + d} & 0 \\ \frac{1}{(1+dIIp_A)(d+\gamma_A)} & \frac{1}{(\gamma_A+d)} \end{bmatrix}$$

จะได้

$$G_A = \begin{bmatrix} \frac{\mu_H N \beta_A}{d(1+dIIp_A)(d+\gamma_A)} & \frac{\mu_H N \beta_A}{d+\gamma_A} \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นอนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

จากสมการลักษณะเฉพาะ (Characteristic Equation)  $\det(G_A - \lambda I) = 0$

เมื่อ  $I$  คือเมทริกซ์เอกลักษณ์  $2 \times 2$

$$\begin{vmatrix} \frac{\mu_H N \beta_A}{d(1+dI\mu p_A)(d+\gamma_A)} - \lambda & \frac{\mu_H N \beta_A}{d+\gamma_A} \\ 0 & 0 - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

ค่าเฉพาะ (Eigenvalue) คือ  $\lambda_1 = 0, \lambda_2 = \frac{\mu_H N \beta_A}{d(1+dI\mu p_A)(d+\gamma_A)}$

จะได้ว่า  $\mathfrak{R}_0(A) = \rho(G_A)$  เมื่อ  $\rho$  คือรัศมีสเปกตรัมของ  $G_A$  (spectral radius of  $G_A$ )

ซึ่งหาได้จาก  $\max\{\lambda_1, \lambda_2\}$

นั่นคือ  $\mathfrak{R}_0(A) = \frac{\mu_H N \beta_A}{d(1+dI\mu p_A)(d+\gamma_A)}$

ชนิดสายพันธุ์ B

$$\begin{bmatrix} \text{Gains to } E_B \\ \text{Gains to } I_B \\ \text{Losses from } E_B \\ \text{Losses from } I_B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \beta_B I_B SN \\ 0 \\ \left(\frac{1}{I\mu p_B} + d\right) E_B \\ -\left(\frac{1}{I\mu p_B}\right) E_B + (\gamma_B + d) I_B \end{bmatrix}$$

กำหนดให้  $\tilde{F}_B = \begin{bmatrix} \text{Gains to } E_B \\ \text{Gains to } I_B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} F_{1B} \\ F_{2B} \end{bmatrix}$

$$\tilde{V}_B = \begin{bmatrix} \text{Losses to } E_B \\ \text{Losses to } I_B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V_{1B} \\ V_{2B} \end{bmatrix}$$

$F_B$  และ  $V_B$  คือเมทริกซ์จาโคเบียนที่ได้จาก  $\tilde{F}_B$  และ  $\tilde{V}_B$  ตามลำดับ

นั่นคือ  $F_B = \begin{bmatrix} \frac{\partial}{\partial E_B}(F_{1B}) & \frac{\partial}{\partial I_B}(F_{1B}) \\ \frac{\partial}{\partial E_B}(F_{2B}) & \frac{\partial}{\partial I_B}(F_{2B}) \end{bmatrix}$

$$V_B = \begin{bmatrix} \frac{\partial}{\partial E_B}(V_{1B}) & \frac{\partial}{\partial I_B}(V_{1B}) \\ \frac{\partial}{\partial E_B}(V_{2B}) & \frac{\partial}{\partial I_B}(V_{2B}) \end{bmatrix}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

จะได้ 
$$\tilde{F}_B = \begin{bmatrix} F_{1B} \\ F_{2B} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \beta_B I_B SN \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$\tilde{V}_B = \begin{bmatrix} V_{1B} \\ V_{2B} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \left(\frac{1}{IIp_B} + d\right) E_B \\ -\left(\frac{1}{IIp_B}\right) E_B + (\gamma_B + d) I_B \end{bmatrix}$$

$$F_B = \begin{bmatrix} 0 & \beta_B SN \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$V_B = \begin{bmatrix} \frac{1}{IIp_B} + d & 0 \\ -\frac{1}{IIp_B} & \gamma_B + d \end{bmatrix}$$

และ

$$V_B^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\frac{1}{IIp_B} + d} & 0 \\ \frac{1}{(1+dIIp_B)(d+\gamma_B)} & \frac{1}{(\gamma_B + d)} \end{bmatrix}$$

ให้

$$G_B = F_B V_B^{-1} \text{ เมื่อ } S = \frac{\mu_H}{d}$$

$$G_B = \begin{bmatrix} 0 & \beta_B SN \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{\frac{1}{IIp_B} + d} & 0 \\ \frac{1}{(1+dIIp_B)(d+\gamma_B)} & \frac{1}{(\gamma_B + d)} \end{bmatrix}$$

จะได้

$$G_B = \begin{bmatrix} \frac{\mu_H N \beta_B}{d(1+dIIp_B)(d+\gamma_B)} & \frac{\mu_H N \beta_B}{d+\gamma_B} \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

จากสมการลักษณะเฉพาะ (Characteristic Equation)  $\det(G_B - \lambda I) = 0$

เมื่อ  $I$  คือเมทริกซ์เอกลักษณ์  $2 \times 2$

$$\begin{vmatrix} \frac{\mu_H N \beta_B}{d(1+dIIp_B)(d+\gamma_B)} - \lambda & \frac{\mu_H N \beta_B}{d+\gamma_B} \\ 0 & 0 - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ค่าเฉพาะจาง (Eigenvalue) คือ  $\lambda_1 = 0, \lambda_2 = \frac{\mu_H N \beta_B}{d(1+dIIP_B)(d+\gamma_B)}$

จะได้ว่า  $\mathfrak{R}_0(B) = \rho(G_B)$  เมื่อ  $\rho$  คือรัศมีสเปกตรัมของ  $G_B$  (spectral radius of  $G_B$ )

ซึ่งหาได้จาก  $\max\{|\lambda_1, \lambda_2|\}$

นั่นคือ  $\mathfrak{R}_0(B) = \frac{\mu_H N \beta_B}{d(1+dIIP_B)(d+\gamma_B)}$

ดังนั้นสามารถสรุปได้ว่า

$$\mathfrak{R}_0 = \frac{\mu_H N (IIP_A + IIP_B)(\beta_A + \beta_B)}{d(IIP_B + IIP_A(1+2dIIP_B))(\gamma_A + \gamma_B + 2d)}$$

$$\mathfrak{R}_0(A) = \frac{\mu_H N \beta_A}{d(1+dIIP_A)(d+\gamma_A)}$$

$$\mathfrak{R}_0(B) = \frac{\mu_H N \beta_B}{d(1+dIIP_B)(d+\gamma_B)}$$

จะเห็นได้ว่าถ้า  $\mathfrak{R}_0 > 1$  จะทำให้  $\mathfrak{R}_0(A) > 1$  และ  $\mathfrak{R}_0(B) > 1$

ดังนั้น เงื่อนไขที่ทำให้เกิดสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B เมื่อจุดสมดุลของ  $E_2, E_3 > 1$

#### 4.4 ผลการวิเคราะห์เชิงตัวเลข

##### แบบจำลองที่ 1 SEIQR

ตารางที่ 4.1 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับสภาวะไร้โรค แบบจำลองที่ 1

สัญลักษณ์	คำอธิบาย	ค่าพารามิเตอร์	หน่วย
$N$	จำนวนประชากรคนทั้งหมด	900000	คน
$d$	อัตราการเสียชีวิตของประชากรคน	1/(365 × 70)	ต่อคน ต่อวัน
$\mu_H$	อัตราการเกิดของประชากรคน	1/(365 × 70)	ต่อคน ต่อวัน
$\beta_A$	อัตราการติดเชื้อโรคไขหวัดใหญ่ของชนิดสายพันธุ์ A	0.0000000995	ต่อคน ต่อวัน
$\beta_B$	อัตราการติดเชื้อโรคไขหวัดใหญ่ของชนิดสายพันธุ์ B	0.0000000429	ต่อคน ต่อวัน
$\gamma$	อัตราการที่ถูกกักกันโรคกลายเป็นผู้ที่ฟื้นไข้	1/14	ต่อคน ต่อวัน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สัญลักษณ์	คำอธิบาย	ค่าพารามิเตอร์	หน่วย
$\Pi p_A$	จำนวนวันสำหรับการฟักตัวของเชื้อชนิดสายพันธุ์ A	3	วัน
$\Pi p_B$	จำนวนวันสำหรับการฟักตัวของเชื้อชนิดสายพันธุ์ B	4	วัน
$\Pi q_A$	จำนวนวันสำหรับการถูกกักกันของเชื้อชนิดสายพันธุ์ A	7	วัน
$\Pi q_B$	จำนวนวันสำหรับการถูกกักกันของเชื้อชนิดสายพันธุ์ B	5	วัน

ตารางที่ 4.2 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับสภาวะระบาดเรื้อรัง แบบจำลองที่ 1

สัญลักษณ์	คำอธิบาย	ค่าพารามิเตอร์	หน่วย
$N$	จำนวนประชากรคนทั้งหมด	900000	คน
$d$	อัตราการเสียชีวิตของประชากรคน	$1/(365 \times 70)$	ต่อคน ต่อวัน
$\mu_H$	อัตราการเกิดของประชากรคน	$1/(365 \times 70)$	ต่อคน ต่อวัน
$\beta_A$	อัตราการติดเชื้อโรคไข้หวัดใหญ่ของชนิดสายพันธุ์ A	0.00021	ต่อคน ต่อวัน
$\beta_B$	อัตราการติดเชื้อโรคไข้หวัดใหญ่ของชนิดสายพันธุ์ B	0.000065	ต่อคน ต่อวัน
$\gamma$	อัตราการที่ถูกกักกันโรคกลายเป็นผู้ที่ฟื้นฟู	$1/14$	ต่อคน ต่อวัน
$\Pi p_A$	จำนวนวันสำหรับการฟักตัวของเชื้อชนิดสายพันธุ์ A	3	วัน
$\Pi p_B$	จำนวนวันสำหรับการฟักตัวของเชื้อชนิดสายพันธุ์ B	4	วัน
$\Pi q_A$	จำนวนวันสำหรับการถูกกักกันของเชื้อชนิดสายพันธุ์ A	7	วัน
$\Pi q_B$	จำนวนวันสำหรับการถูกกักกันของเชื้อชนิดสายพันธุ์ B	5	วัน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

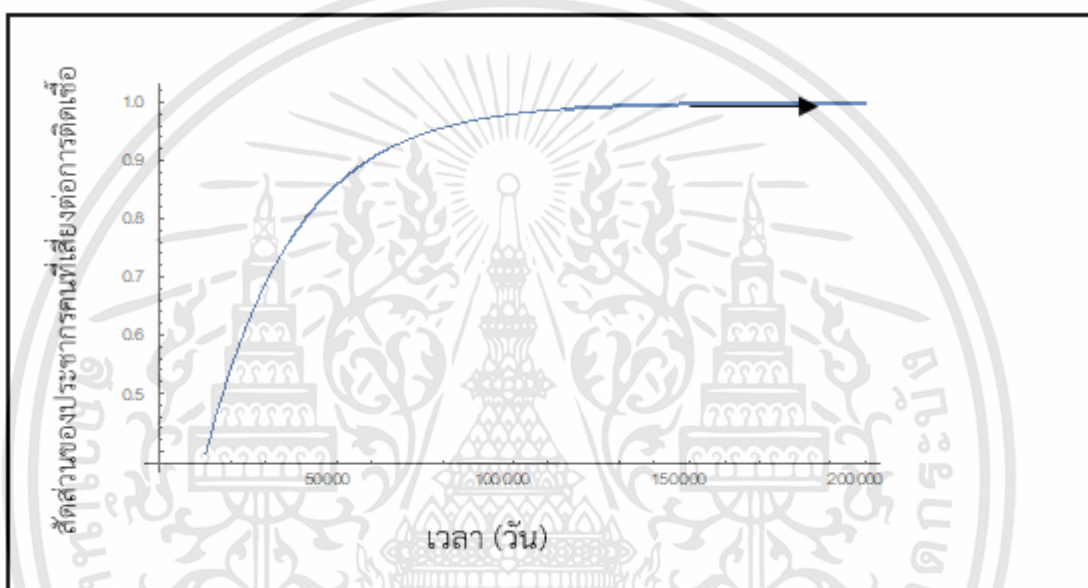
## แบบจำลองเชิงตัวเลข สภาวะไร้โรค

ในสภาวะไร้โรคได้กำหนดพารามิเตอร์ ดังนี้

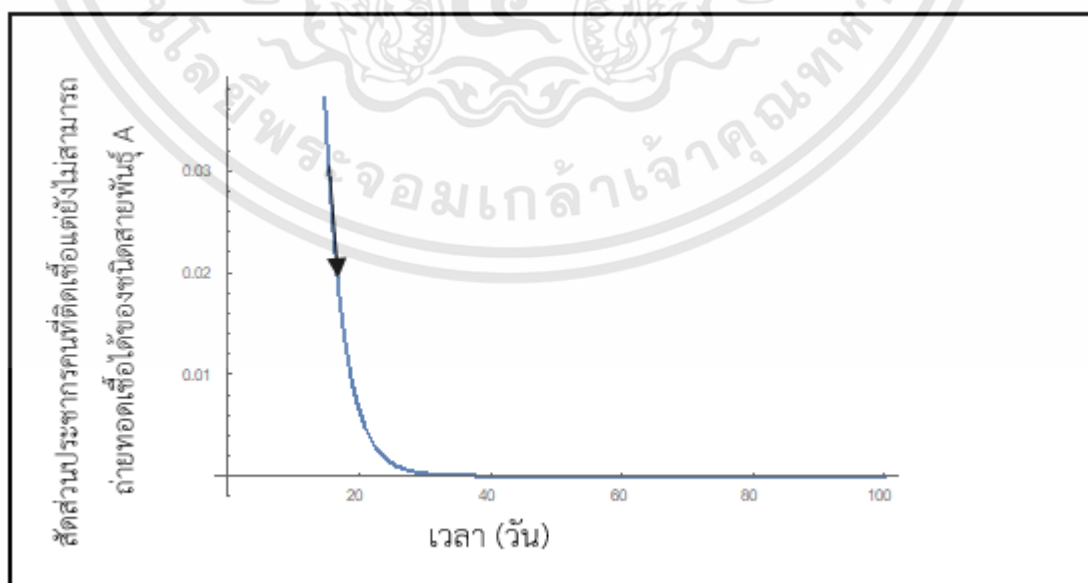
$$N = 900000, d = \frac{1}{365 \times 70}, \mu_H = \frac{1}{365 \times 70}, \beta_A = 0.0000000995,$$

$$\beta_B = 0.0000000429, \gamma = \frac{1}{14}, \Pi p_A = 3, \Pi p_B = 4, \Pi q_A = 7, \Pi q_B = 5$$

$$R_0 = 0.373672$$

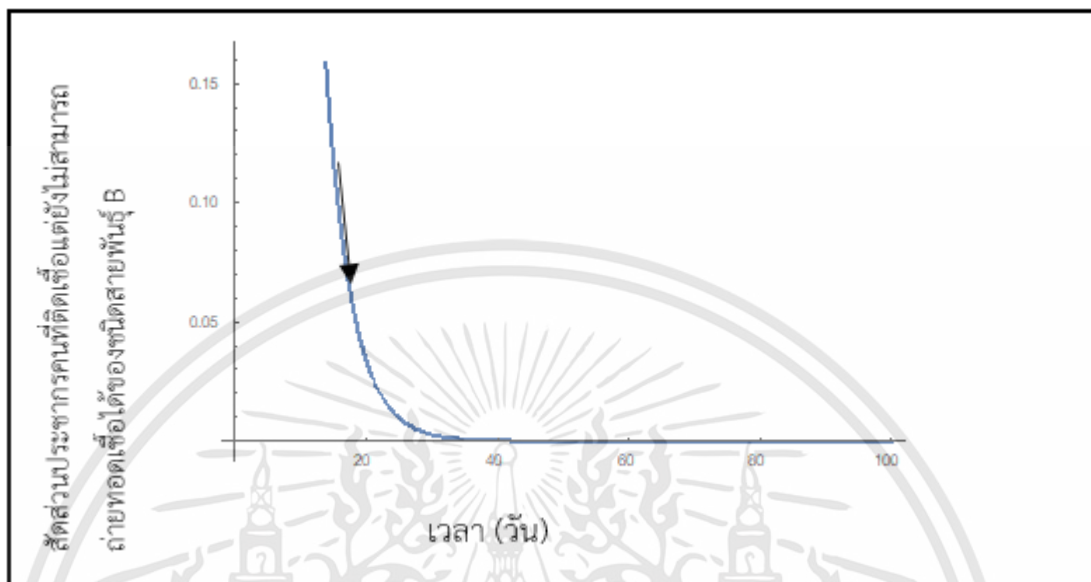


รูปที่ 4.1 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อเทียบเวลา แบบจำลองที่ 1

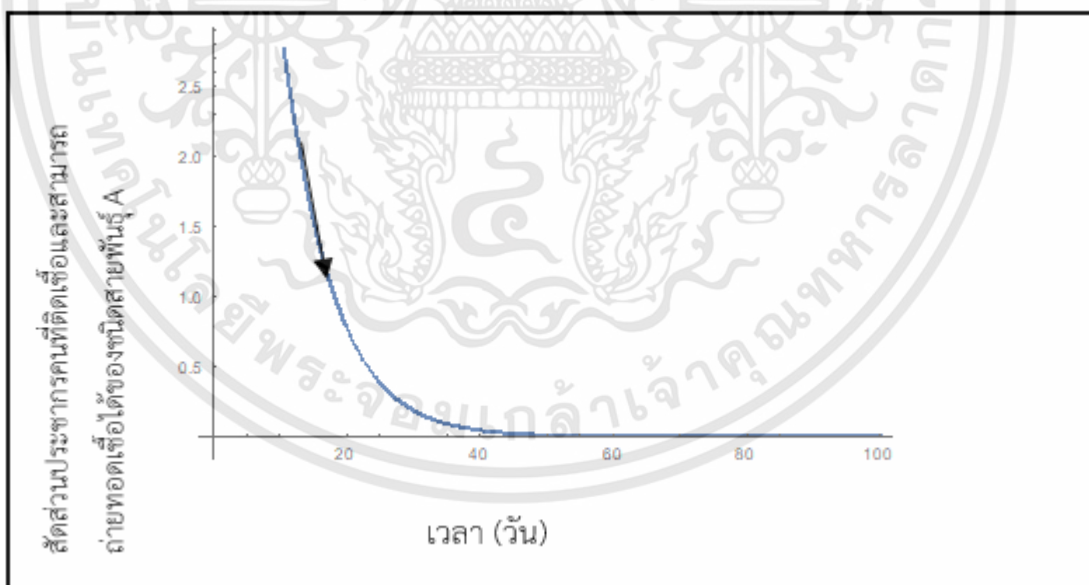


เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รูปที่ 4.2 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1

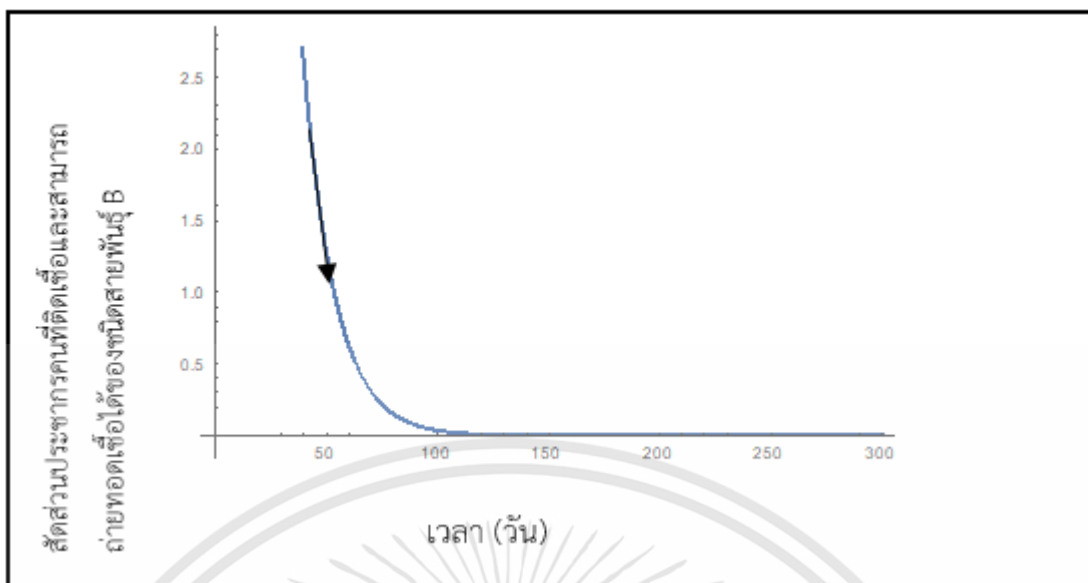


รูปที่ 4.3 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลาแบบจำลองที่ 1

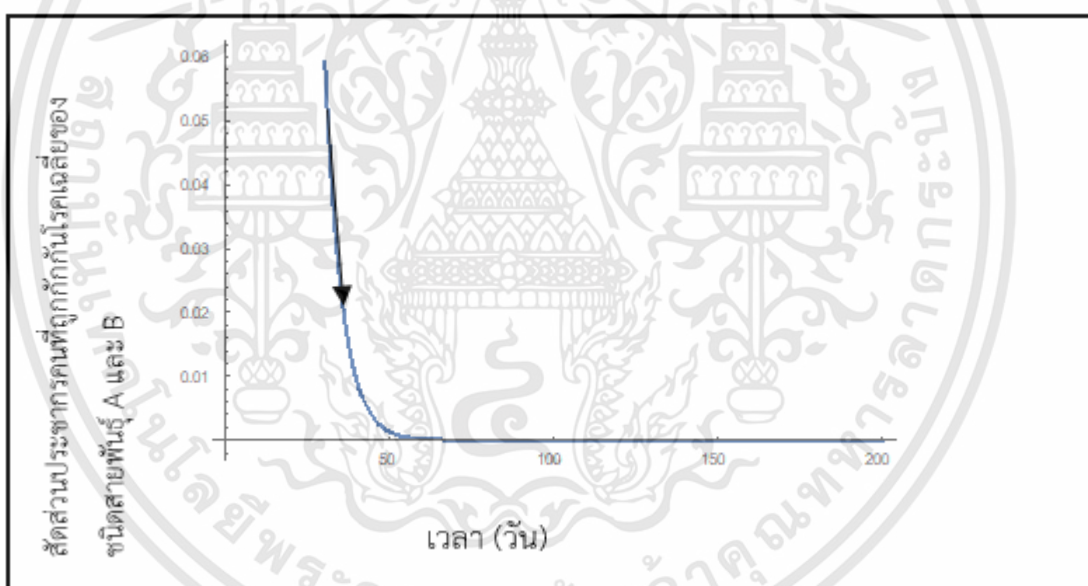


รูปที่ 4.4 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลาแบบจำลองที่ 1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.5 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื่อและสามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลาแบบจำลองที่ 1



รูปที่ 4.6 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ถูกกักกันโรคเฉลี่ยของชนิดสายพันธุ์ A และ B เทียบเวลาแบบจำลองที่ 1

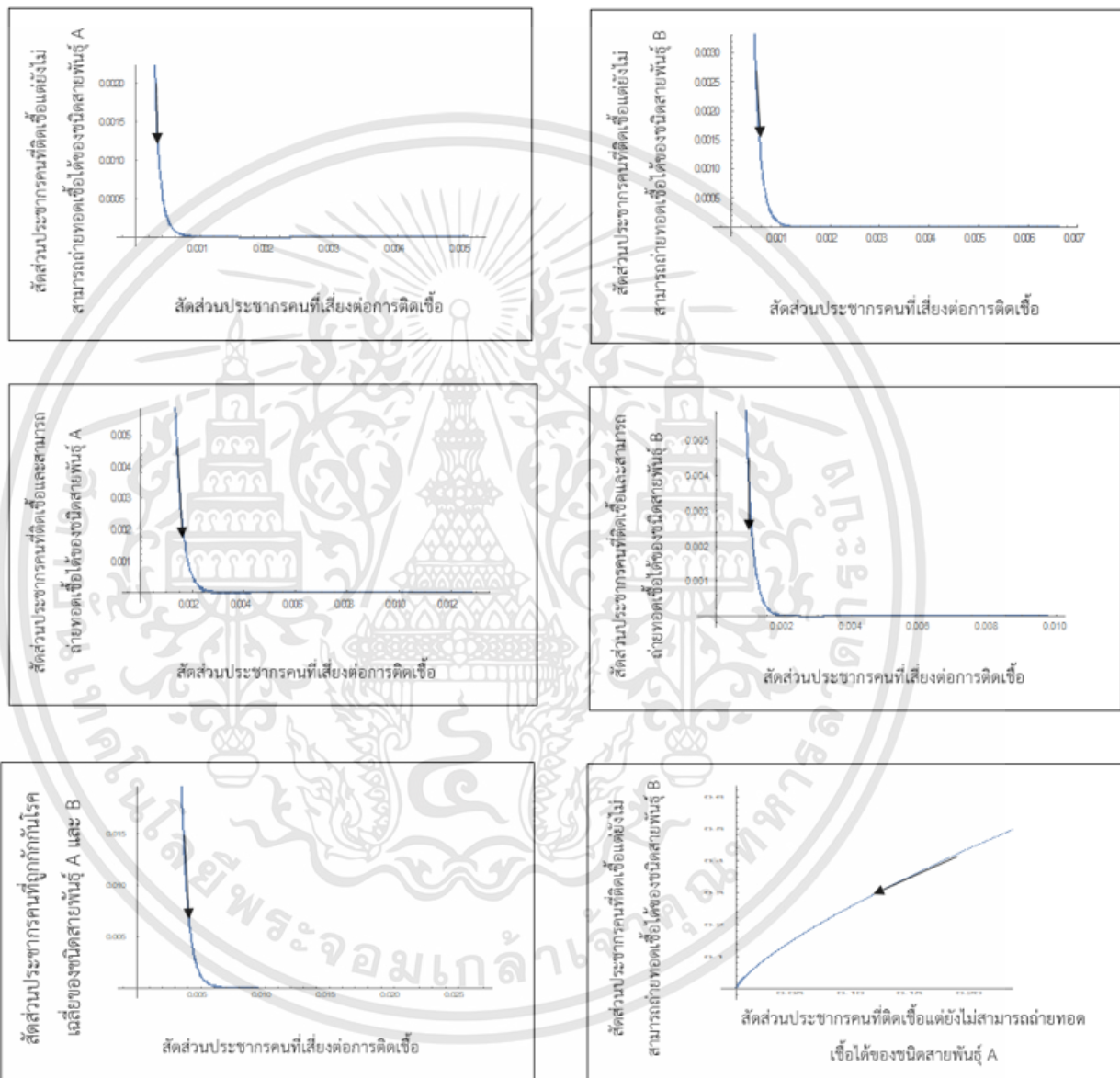
จากรูปที่ 4.1- รูปที่ 4.6 สรุปได้ว่าในสภาวะไร้โรค สัดส่วนประชากรจะลู่เข้าสู่จุดสมดุล

คือ  $E_1 = (1, 0, 0, 0, 0, 0)$  โดยสัดส่วนประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื่อจะลู่เข้าสู่ 1 คน เมื่อเวลา 150,000 วัน นั้นแสดงว่าประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื่อจะเพิ่มมากขึ้นเมื่อเวลาเพิ่มขึ้น และสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื่อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ A จะลู่เข้าสู่ 0 คน เมื่อเวลา 30 วัน สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื่อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ B จะลู่เข้าสู่ 0 คน เมื่อเวลา 40 วัน สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื่อและสามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ A จะ

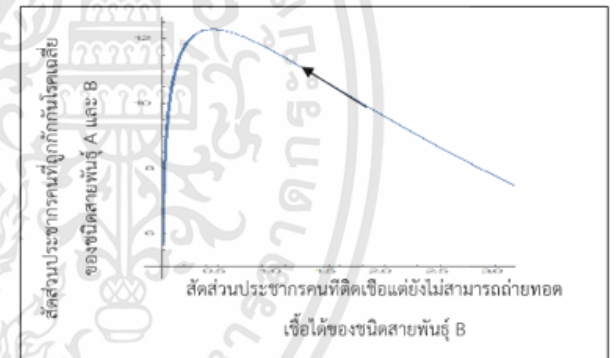
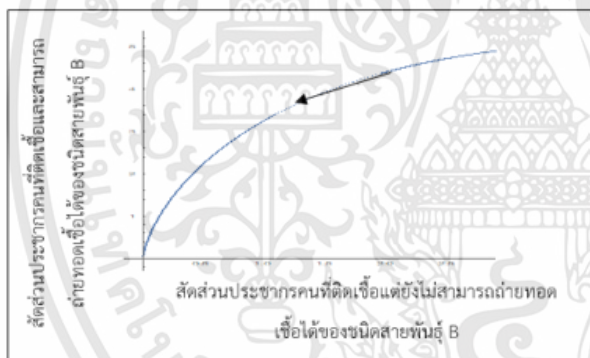
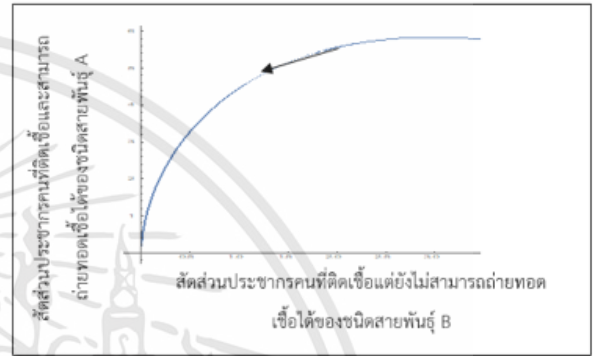
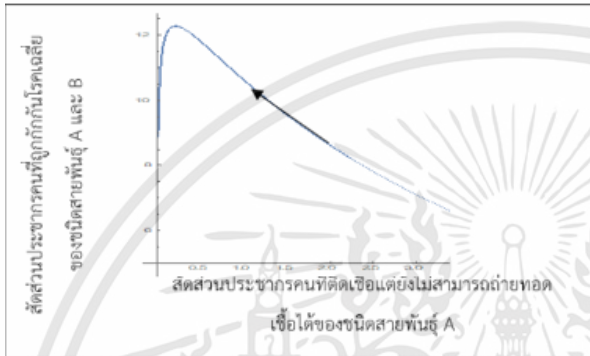
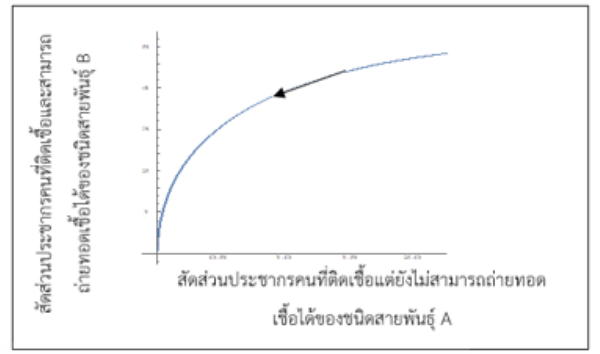
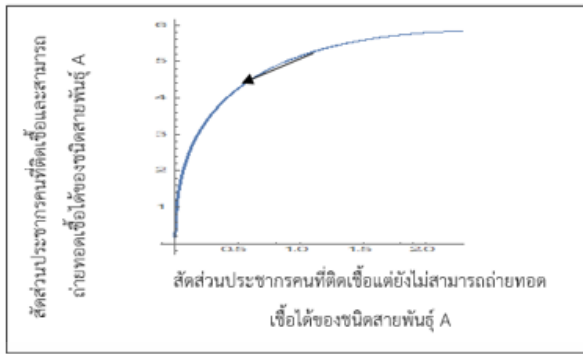
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ลู่เข้าสู่ 0 คน เมื่อเวลา 50 วัน สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B จะลู่เข้าสู่ 0 คน เมื่อเวลา 120 วัน และสัดส่วนประชากรคนที่ถูกกักกันโรคเฉลี่ยของชนิดสายพันธุ์ A และ B จะลู่เข้าสู่ 0 คน เมื่อเวลา 60 วัน

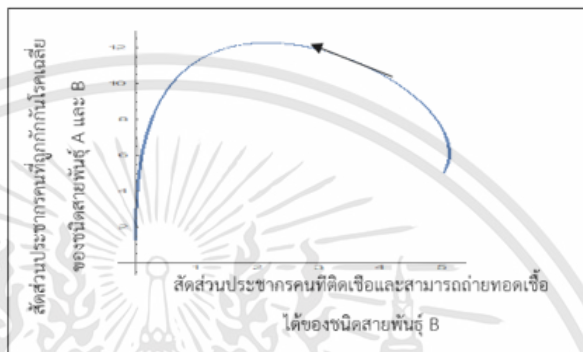
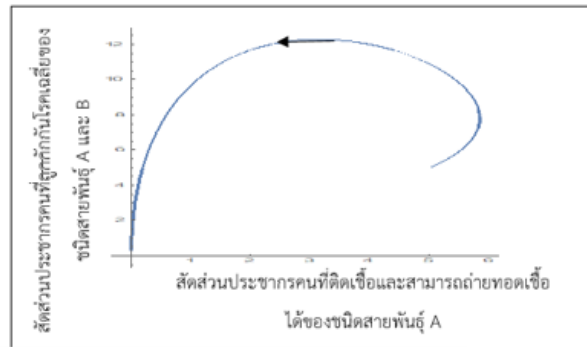
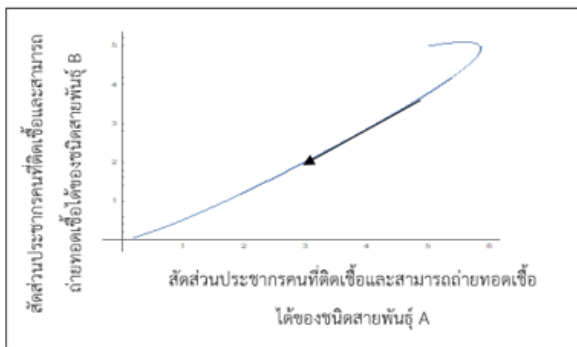
### กราฟแสดงแนวโน้มของผลเฉลยบนระนาบในสถานะไร้โรค



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



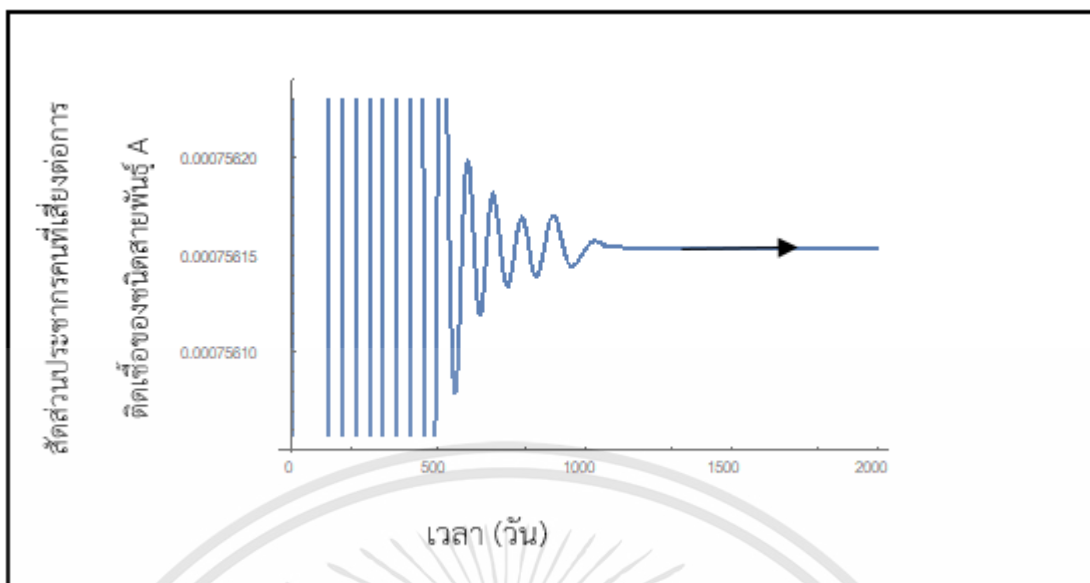
รูปที่ 4.7 กราฟแสดงแนววิถีของผลเฉลยบนระนาบ  $(S, E_A), (S, E_B), (S, I_A), (S, I_B), (S, Q), (E_A, E_B), (E_A, I_A), (E_A, I_B), (E_A, Q), (E_B, I_A), (E_B, I_B), (E_B, Q), (I_A, I_B), (I_A, Q), (I_B, Q)$  ตามลำดับ สำหรับ  $R_0 < 1$  สัดส่วนของประชากรจะลู่เข้าสู่จุดสมดุลในสภาวะไร้โรค คือ  $E_1 = (1, 0, 0, 0, 0, 0)$  แบบจำลองที่ 1

**แบบจำลองเชิงตัวเลข สภาวะระบาดเรื้อรังของสายพันธุ์ชนิด A**

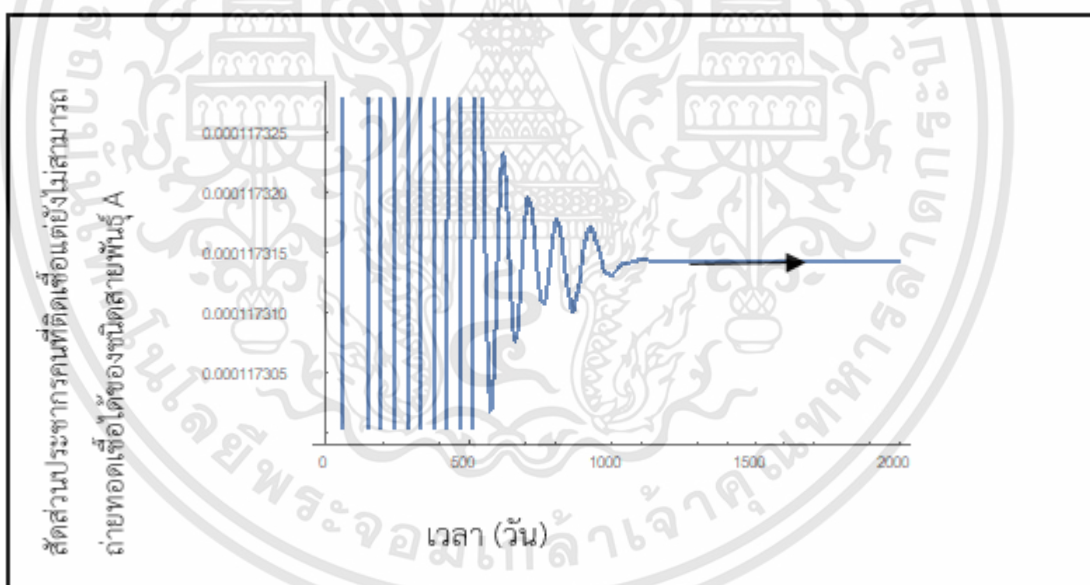
ในสภาวะระบาดเรื้อรังได้กำหนดพารามิเตอร์ ดังนี้

$$N = 900000, d = \frac{1}{365 \times 70}, \mu_H = \frac{1}{365 \times 70}, \beta_A = 0.00021, \gamma = \frac{1}{14}, \Pi p_A = 3, \Pi q_A = 7$$

$$R_0 = 551.086$$

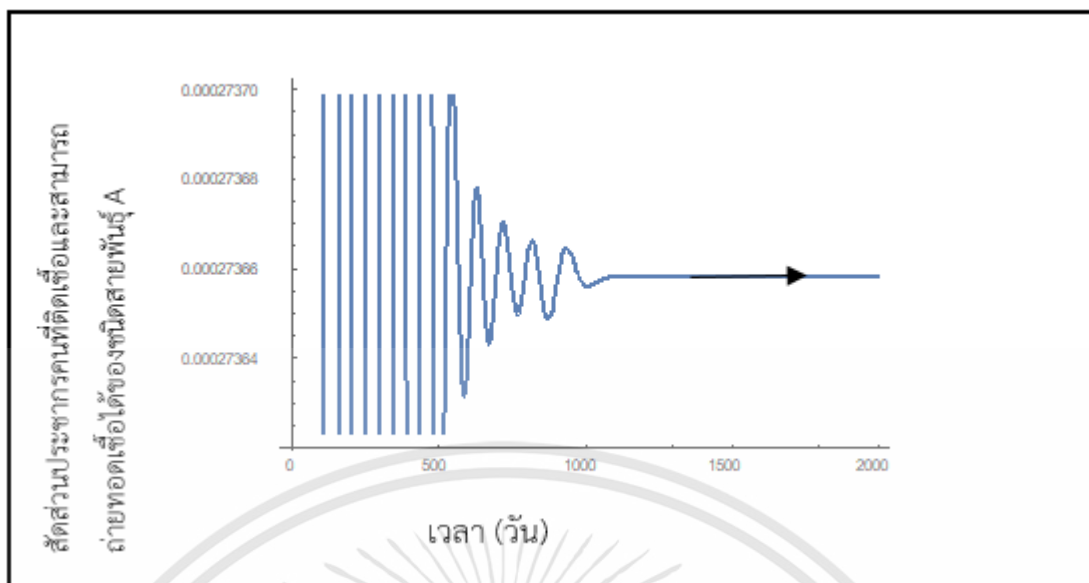


รูปที่ 4.8 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่เสียต่อการติดเชื้อของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1

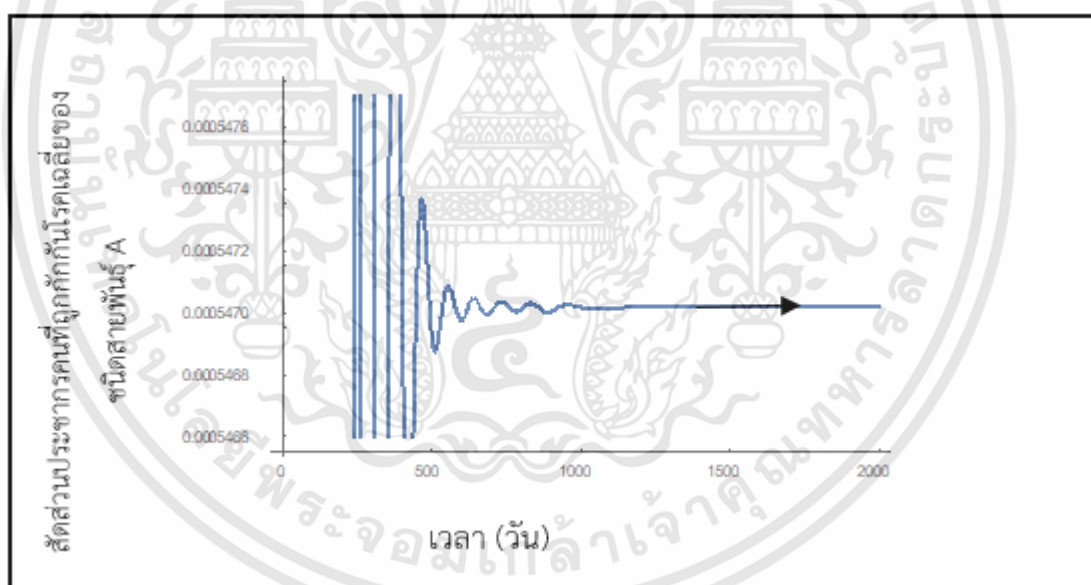


รูปที่ 4.9 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.10 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1



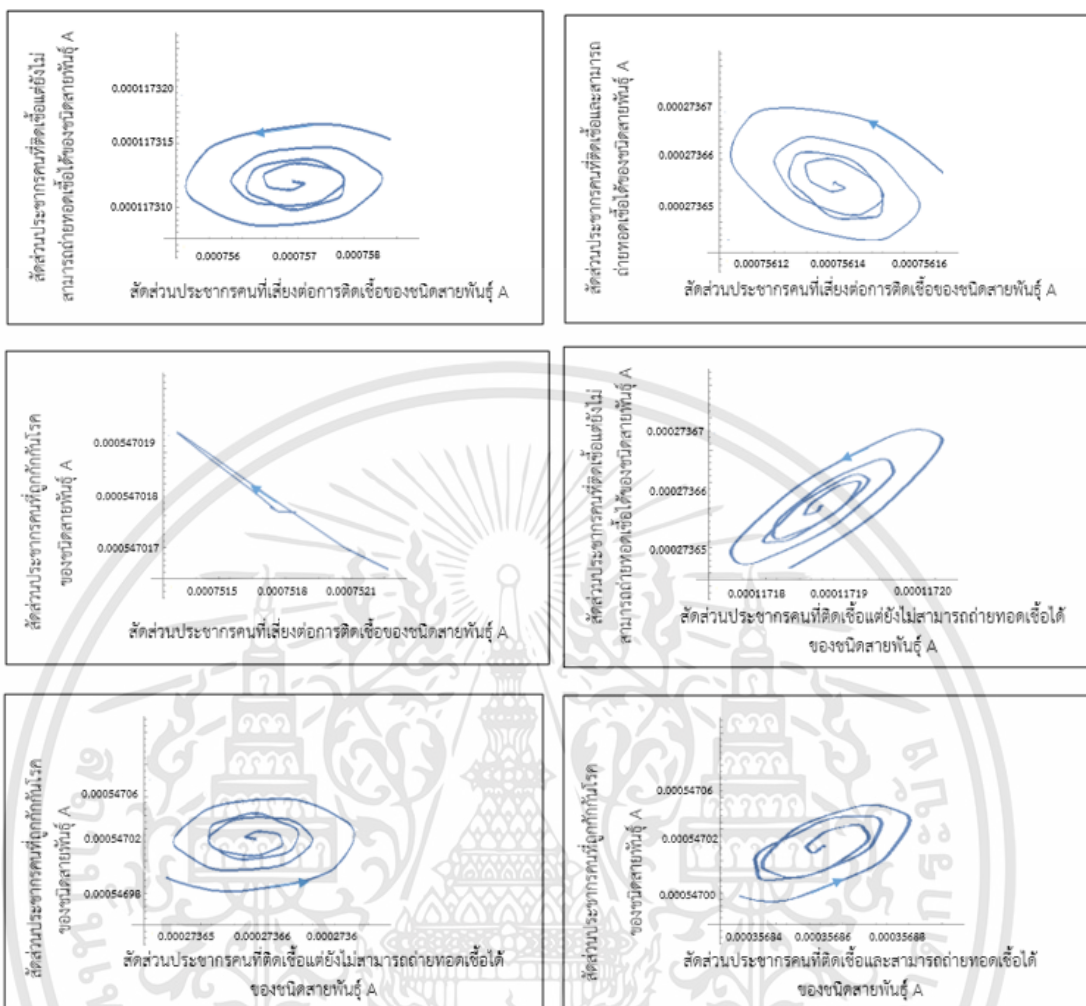
รูปที่ 4.11 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ถูกกักกันโรคของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1

จากรูปที่ 4.8 – รูปที่ 4.11 สรุปได้ว่าในสภาวะเรื้อรังของสายพันธุ์ชนิด A สัดส่วนประชากรจะลู่เข้าสู่จุดสมดุล

$$E_2 = (0.000756154, 0.000117314, 0, 0.000273658, 0, 0.000547017)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## กราฟแสดงแนววิถีของผลเฉลยบนระนาบในสภาวะระบาคเรื้อรังของสายพันธุ์ชนิด A



รูปที่ 4.12 กราฟแสดงแนววิถีของผลเฉลยบนระนาบ

$(S, E_A), (S, I_A), (S, Q), (E_A, I_A), (E_A, Q), (I_A, Q)$  ตามลำดับ สำหรับ  $R_0 > 1$  สัดส่วนประชากรจะลู่เข้าสู่จุดสมดุลในสภาวะเรื้อรัง คือ

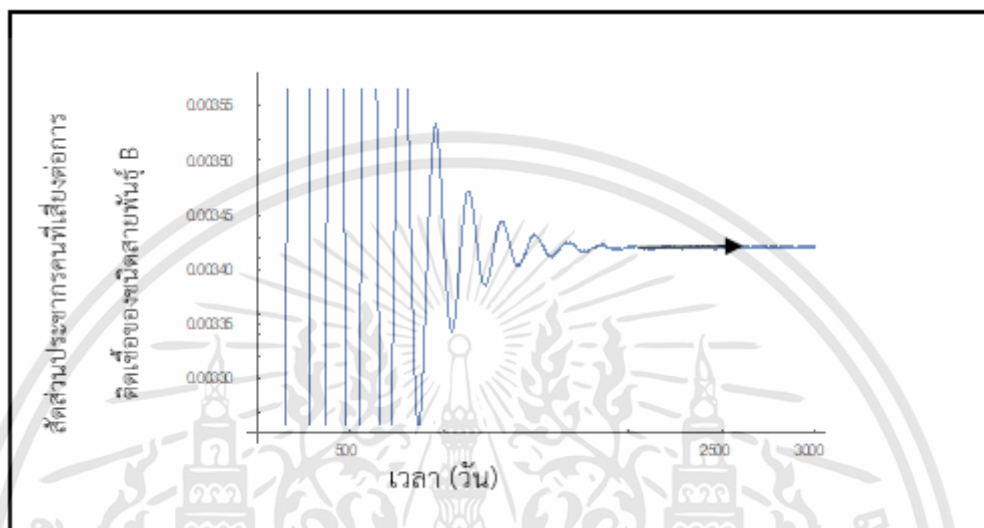
$$E_2 = (0.000756154, 0.000117314, 0, 0.000273658, 0, 0.000547017) \text{ แบบจำลองที่ 1}$$

## แบบจำลองเชิงตัวเลข สภาวะระบาดเรื้อรังของสายพันธุ์ชนิด B

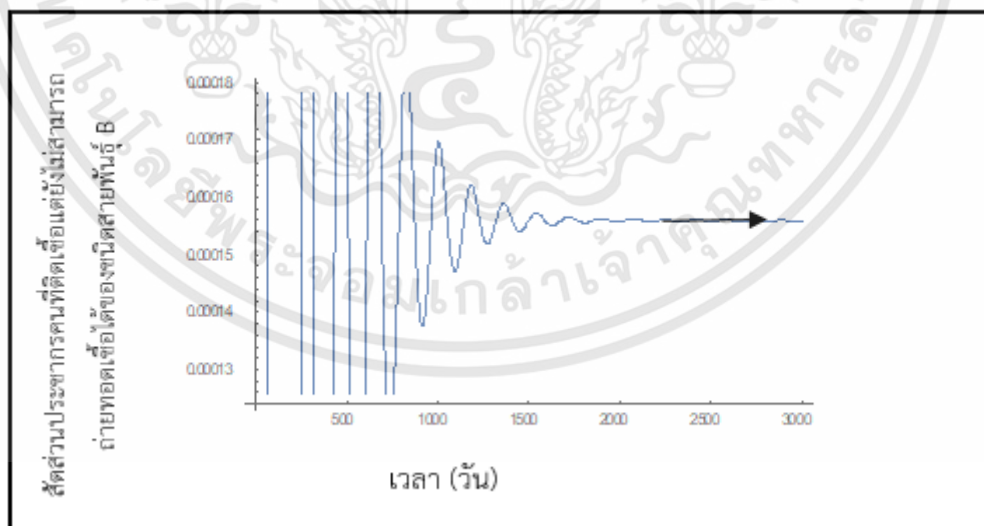
ในสภาวะระบาดเรื้อรังได้กำหนดพารามิเตอร์ ดังนี้

$$N = 900000, d = \frac{1}{365 \times 70}, \mu_H = \frac{1}{365 \times 70}, \beta_B = 0.000065, \gamma = \frac{1}{14}, IIP_B = 4, IIQ_B = 5$$

$$R_0 = 180.574$$

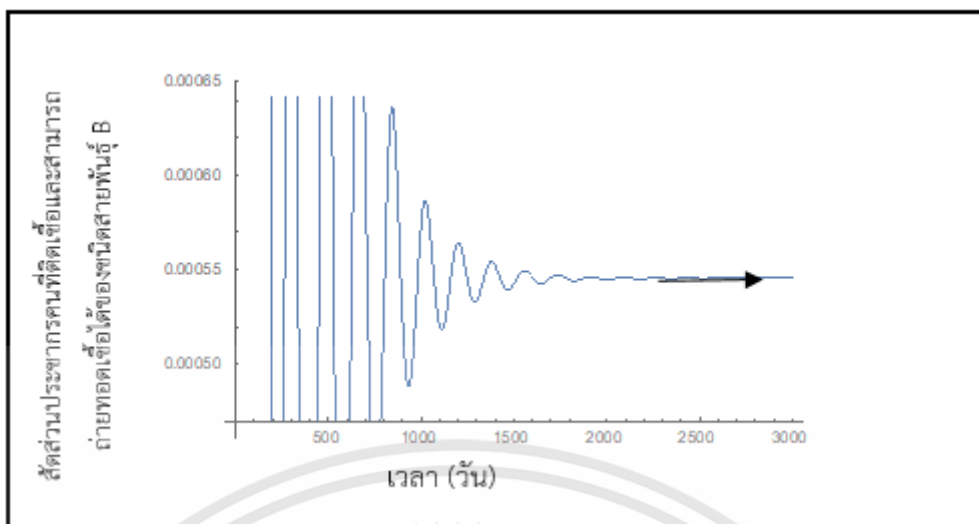


รูปที่ 4.13 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1

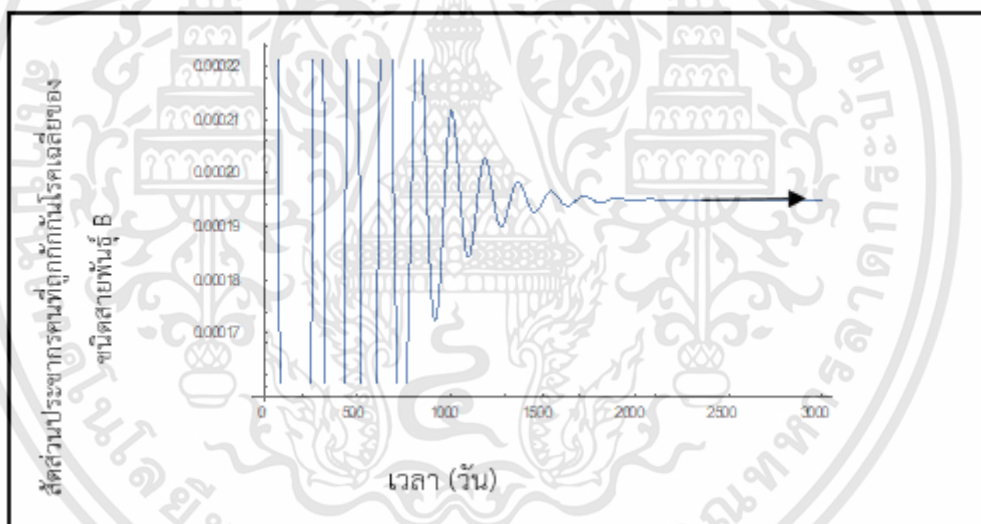


รูปที่ 4.14 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.15 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื่อและสามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1



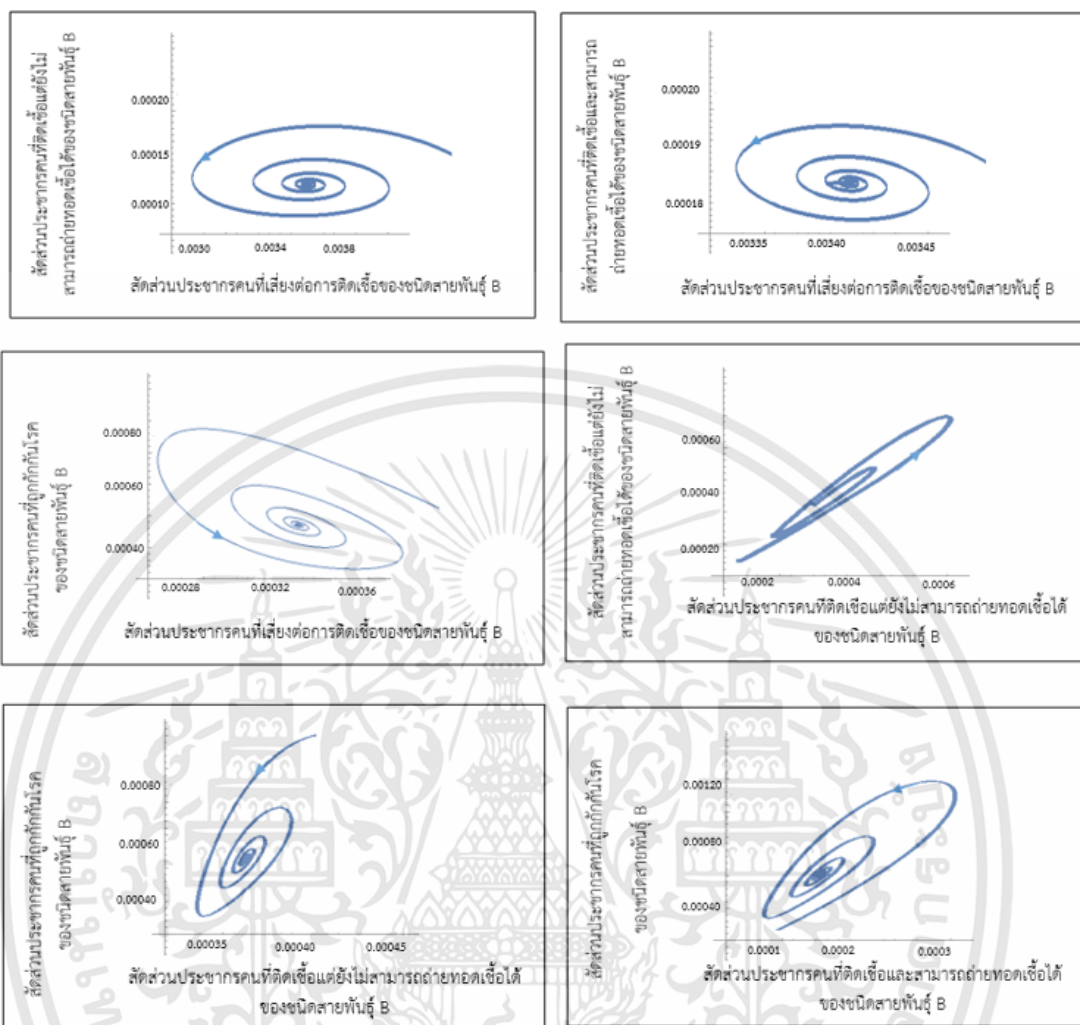
รูปที่ 4.16 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ถูกกักกันโรคของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 1

จากรูปที่ 4.11 – รูปที่ 4.16 สรุปได้ว่าในสภาวะเรื้อรังของสายพันธุ์ชนิด B สัดส่วนประชากรจะลู่เข้าสู่จุดสมดุล

$$E_3 = (0.00342001, 0, 0.000155996, 0, 0.000194957, 0.00054558)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

กราฟแสดงแนววิถีของผลเฉลยบนระนาบในสภาวะระบาดเรื้อรังของสายพันธุ์ชนิด B



รูปที่ 4.17 กราฟแสดงแนววิถีของผลเฉลยบนระนาบ  $(S, E_B), (S, I_B), (S, Q), (E_B, I_B), (E_B, Q), (I_B, Q)$  ตามลำดับ สำหรับ  $R_0 > 1$  สัดส่วนประชากรจะเข้าสู่จุดสมดุลในสภาวะเรื้อรัง คือ

$$E_3 = (0.00342001, 0, 0.000155996, 0, 0.000194957, 0.00054558) \text{ แบบจำลองที่ 1}$$

จากรูปที่ 4.9 –รูปที่ 4.17 สรุปได้ว่าในสภาวะระบาดเรื้อรังทั้ง 2 สายพันธุ์ คือ สภาวะระบาดเรื้อรังของสายพันธุ์ชนิด A และสภาวะระบาดเรื้อรังของสายพันธุ์ชนิด B สัดส่วนประชากรจะเข้าสู่จุดสมดุล คือ  $E_2 = (0.000756154, 0.000117314, 0, 0.000273658, 0, 0.000547017)$  โดยสัดส่วนประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อจะเข้าสู่ 0.000756154 คน เมื่อเวลา 1,000 วัน สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A จะเข้าสู่ 0.000117314 คน เมื่อเวลา 1,200 วัน สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B จะเข้าสู่ 0 คน เมื่อเวลา 0 วัน สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A จะเข้าสู่ 0.000273658 คน เมื่อเวลา 1,200 วัน สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B จะเข้าสู่ 0 คน เมื่อเวลา 0 วัน และสัดส่วนประชากรคน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ที่ถูกกักกันโรคของชนิดสายพันธุ์ A จะถูกรักษา 0.000547017 คน เมื่อเวลา 800 วัน และ  $E_3 = (0.00342001, 0, 0.000155996, 0, 0.000194957, 0.00054558)$  โดยสัดส่วนประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อจะถูกรักษา 0.00342001 คน เมื่อเวลา 2,500 วัน สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A จะถูกรักษา 0 คน เมื่อเวลา 0 วัน สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B จะถูกรักษา 0.000155996 คน เมื่อเวลา 2,500 วัน สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A จะถูกรักษา 0 คน เมื่อเวลา 0 วัน สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B จะถูกรักษา 0.000194957 คน เมื่อเวลา 2,500 วัน และสัดส่วนประชากรคนที่ถูกกักกันโรคของชนิดสายพันธุ์ B จะถูกรักษา 0.00054558 คน เมื่อเวลา 2,500 วัน

## แบบจำลองที่ 2 SEIR

ตารางที่ 4.3 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับสภาวะไร้โรค แบบจำลองที่ 2

สัญลักษณ์	คำอธิบาย	ค่าพารามิเตอร์	หน่วย
$N$	จำนวนประชากรคนทั้งหมด	900000	คน
$d$	อัตราการเสียชีวิตของประชากรคน	$1/(365 \times 70)$	ต่อคน ต่อวัน
$\mu_H$	อัตราการเกิดของประชากรคน	$1/(365 \times 70)$	ต่อคน ต่อวัน
$\beta_A$	อัตราการติดเชื้อโรคไข้หวัดใหญ่ของชนิดสายพันธุ์ A	0.000000046	ต่อคน ต่อวัน
$\beta_B$	อัตราการติดเชื้อโรคไข้หวัดใหญ่ของชนิดสายพันธุ์ B	0.000000035	ต่อคน ต่อวัน
$\alpha$	อัตราการติดเชื้อซ้ำ	1/180	ต่อคน ต่อวัน
$\Pi p_A$	จำนวนวันสำหรับการพักตัวของเชื้อชนิดสายพันธุ์ A	3	วัน
$\Pi p_B$	จำนวนวันสำหรับการพักตัวของเชื้อชนิดสายพันธุ์ B	4	วัน
$\gamma_A$	อัตราที่ผู้ติดเชื้อกลายเป็นผู้ฟื้นไข้ของชนิดสายพันธุ์ A	1/14	ต่อคน ต่อวัน
$\gamma_B$	อัตราที่ผู้ติดเชื้อกลายเป็นผู้ฟื้นไข้ของชนิดสายพันธุ์ B	1/14	ต่อคน ต่อวัน

ตารางที่ 4.4 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับสภาวะระบาดเรื้อรัง แบบจำลองที่ 2

สัญลักษณ์	คำอธิบาย	ค่าพารามิเตอร์	หน่วย
$N$	จำนวนประชากรคนทั้งหมด	900000	คน
$d$	อัตราการเสียชีวิตของประชากรคน	$1/(365 \times 70)$	ต่อคน ต่อวัน
$\mu_H$	อัตราการเกิดของประชากรคน	$1/(365 \times 70)$	ต่อคน ต่อวัน
$\beta_A$	อัตราการติดเชื้อโรคใช้ขวดใหญ่ของชนิดสายพันธุ์ A	0.00075	ต่อคน ต่อวัน
$\beta_B$	อัตราการติดเชื้อโรคใช้ขวดใหญ่ของชนิดสายพันธุ์ B	0.00025	ต่อคน ต่อวัน
$\alpha$	อัตราการติดเชื้อซ้ำ	1/180	ต่อคน ต่อวัน
$\Pi p_A$	จำนวนวันสำหรับการฟักตัวของเชื้อชนิดสายพันธุ์ A	3	วัน
$\Pi p_B$	จำนวนวันสำหรับการฟักตัวของเชื้อชนิดสายพันธุ์ B	4	วัน
$\gamma_A$	อัตราที่ผู้ติดเชื้อกลายเป็นผู้ฟื้นไข้ของชนิดสายพันธุ์ A	1/14	ต่อคน ต่อวัน
$\gamma_B$	อัตราที่ผู้ติดเชื้อกลายเป็นผู้ฟื้นไข้ของชนิดสายพันธุ์ B	1/14	ต่อคน ต่อวัน

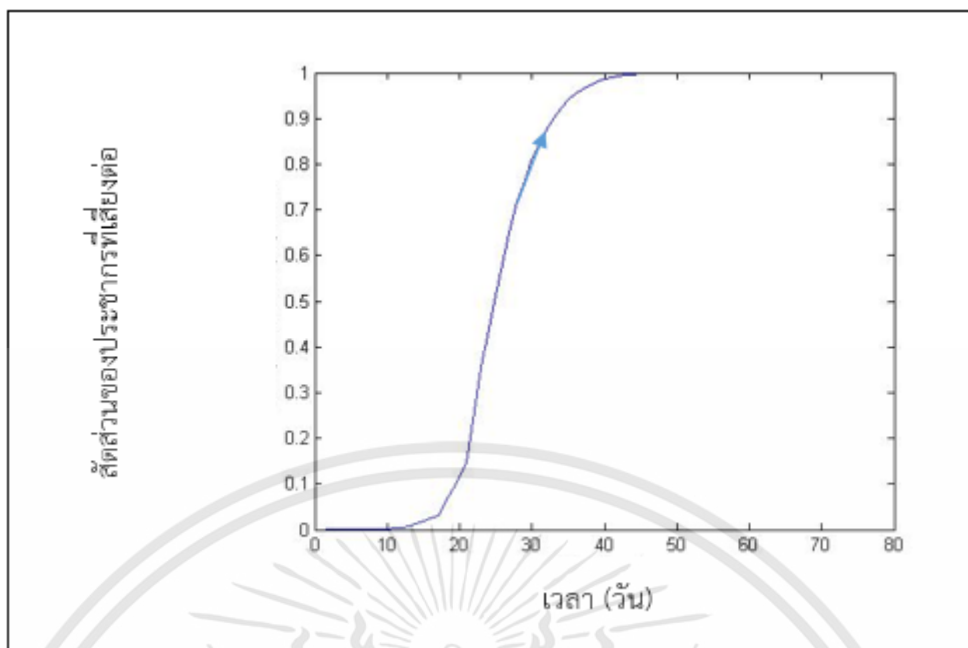
#### แบบจำลองเชิงตัวเลข สภาวะไร้โรค

ในสภาวะไร้โรคได้กำหนดพารามิเตอร์ ดังนี้

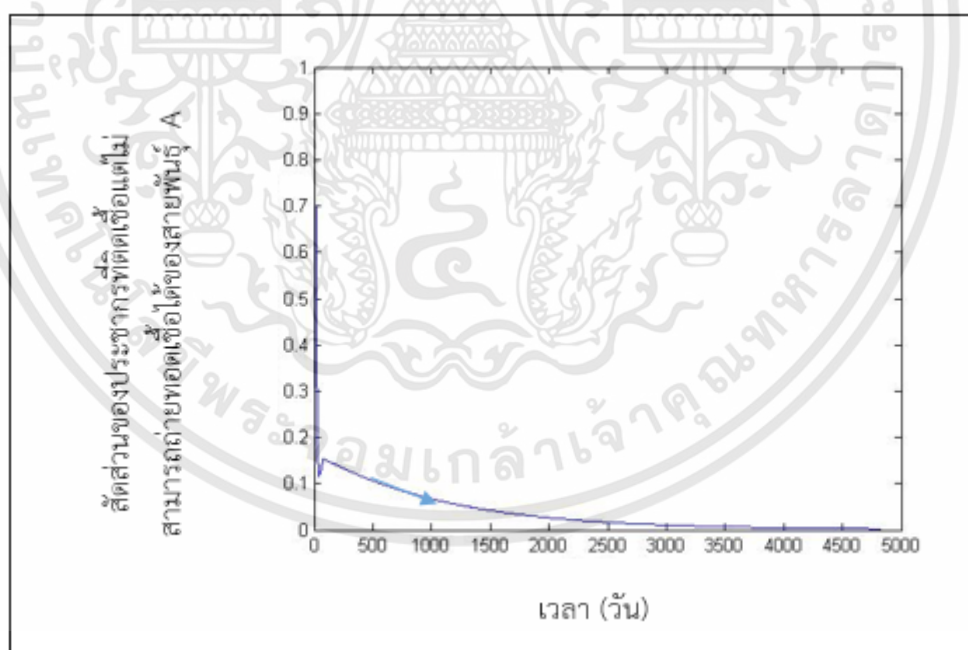
$$N = 900000, d = \frac{1}{365 \times 70}, \mu_H = \frac{1}{365 \times 70}, \beta_A = 0.000000046,$$

$$\beta_B = 0.000000035, \Pi p_A = 3, \Pi p_B = 4, \gamma_A = \frac{1}{14}, \gamma_B = \frac{1}{14}, \alpha = \frac{1}{180}$$

$$\mathfrak{R}_0 = 0.0566588$$

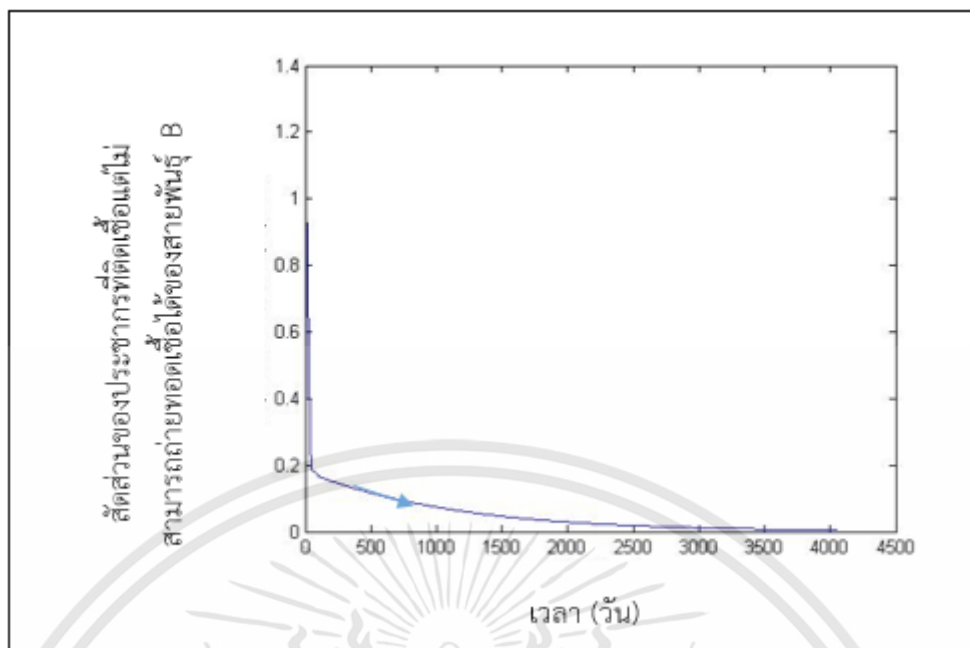


รูปที่ 4.18 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อเทียบเวลา แบบจำลองที่ 2

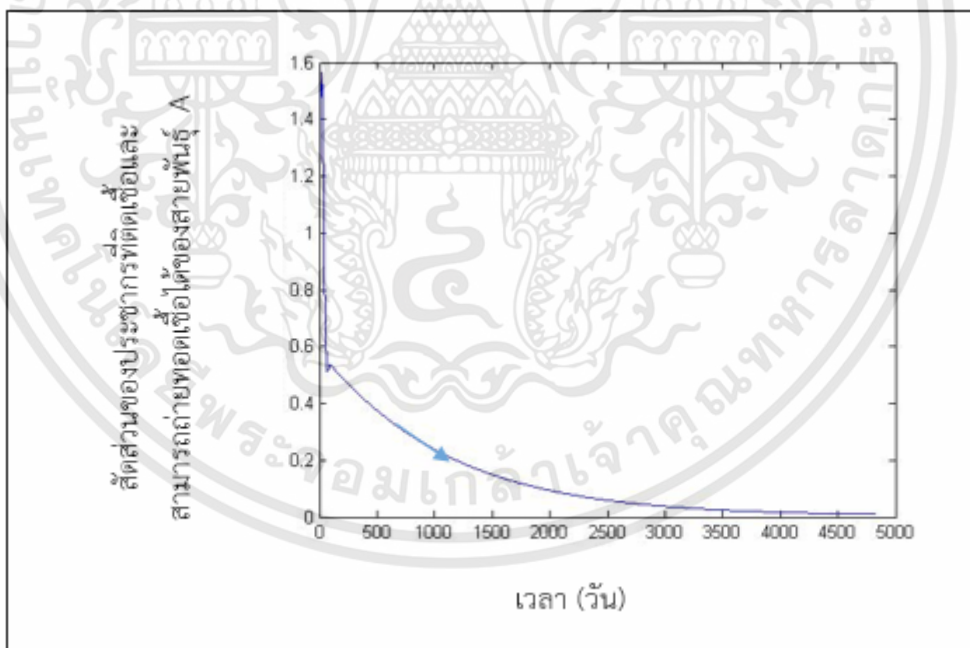


รูปที่ 4.19 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

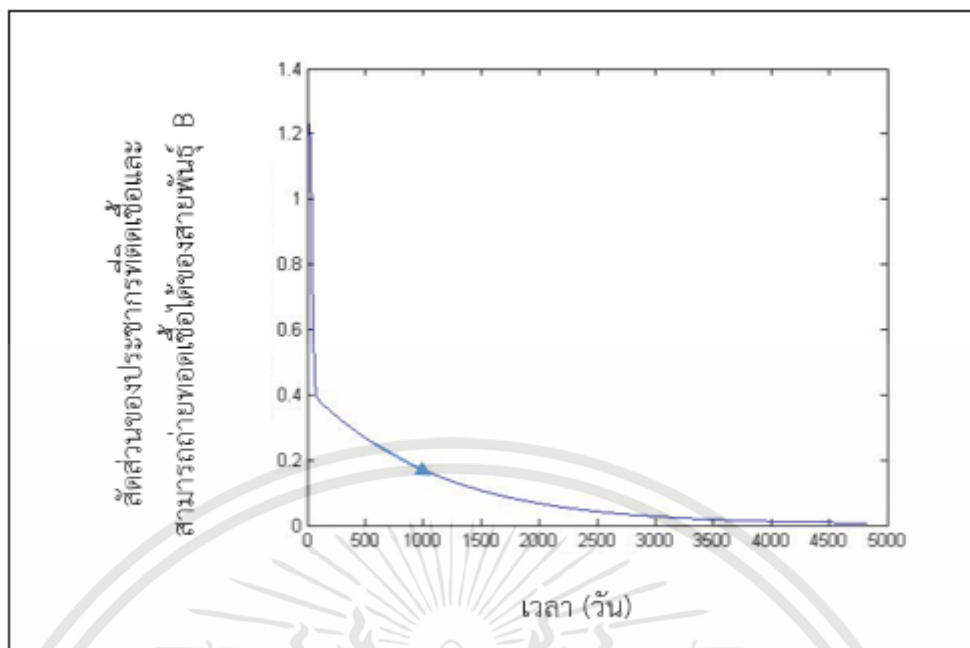


รูปที่ 4.20 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรที่ติดเชื่อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2

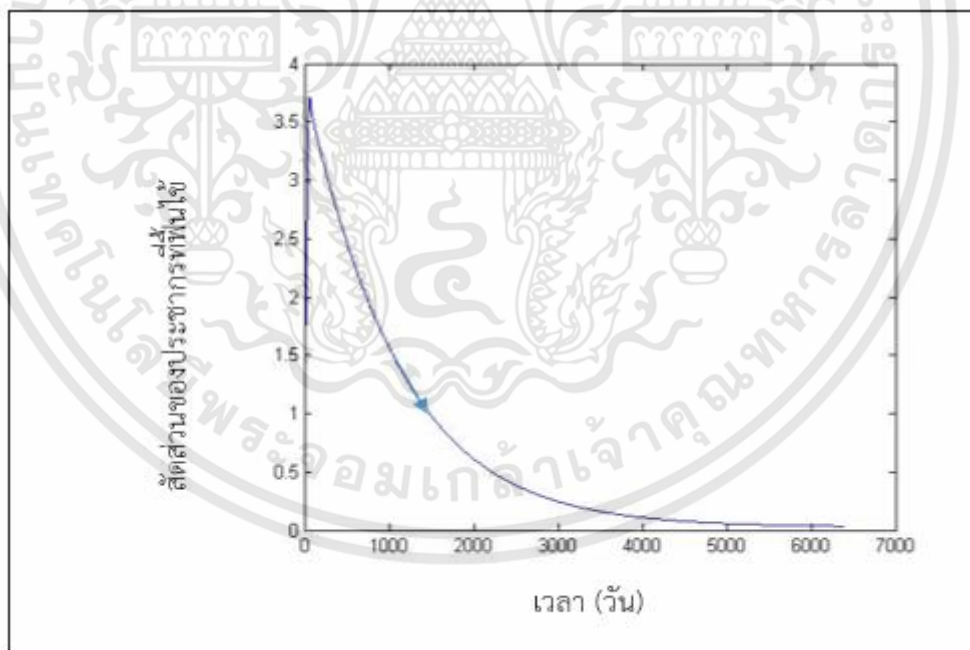


รูปที่ 4.21 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรที่ติดเชื่อและสามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.22 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2



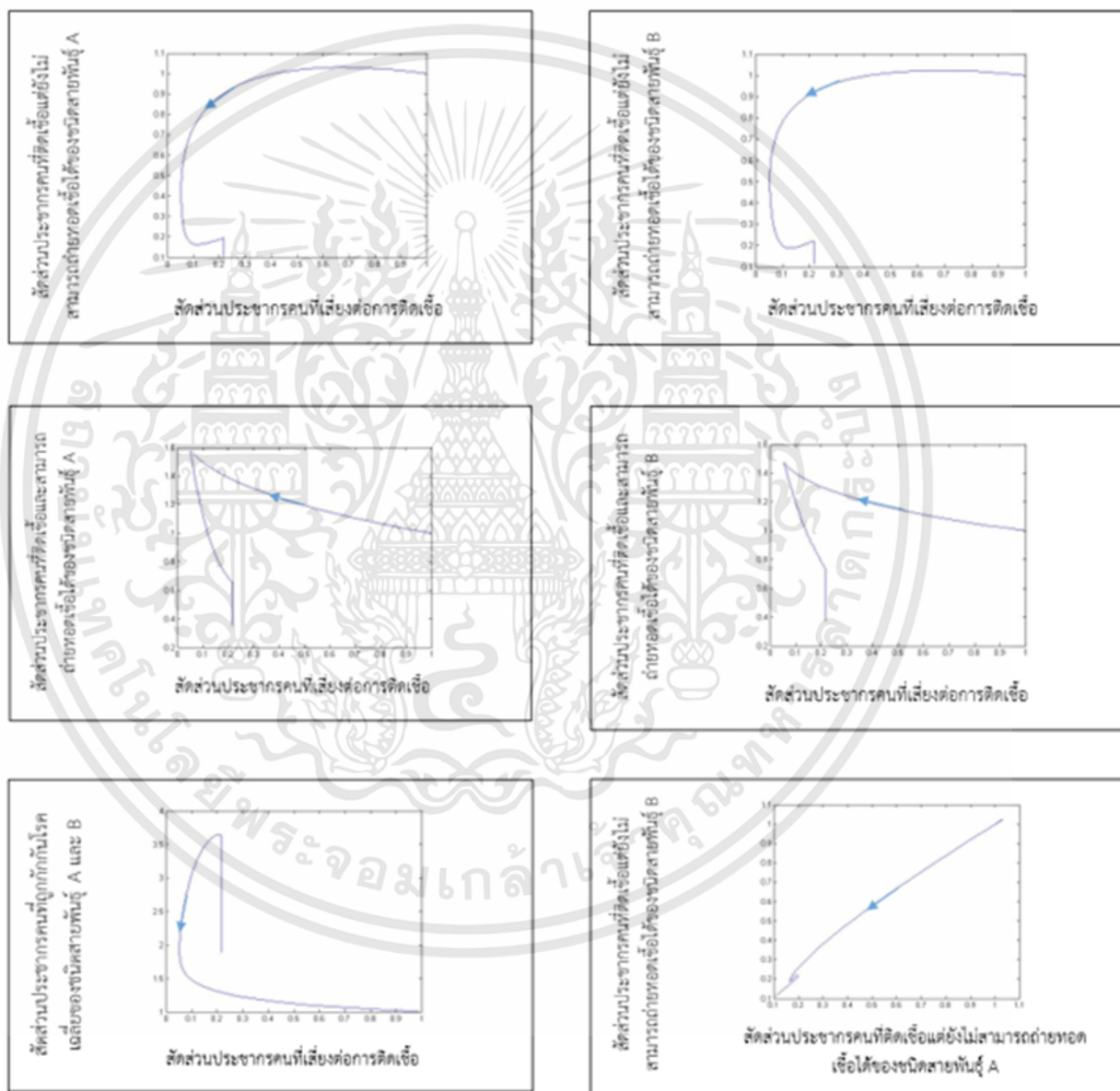
รูปที่ 4.23 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อ เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2

จากรูปที่ 4.18- รูปที่ 4.23 สรุปได้ว่าในสภาวะไร้โรค แบบจำลองที่ 2 สัดส่วนประชากรจะลู่เข้าสู่จุดสมดุล

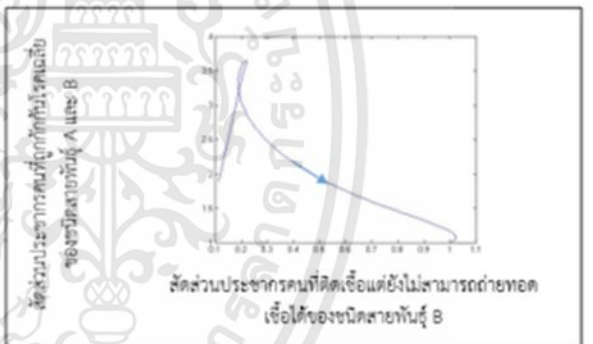
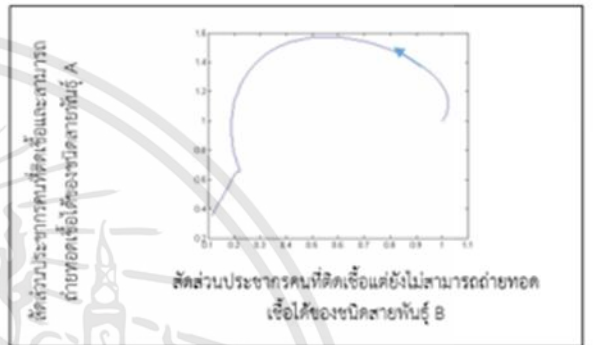
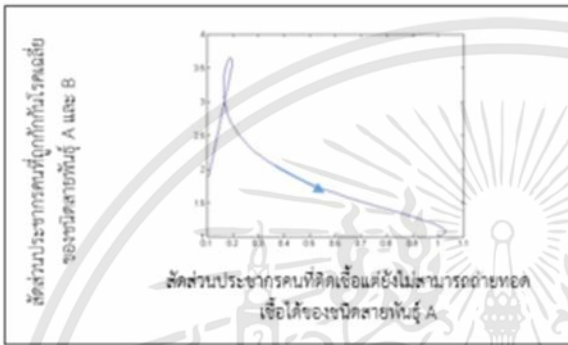
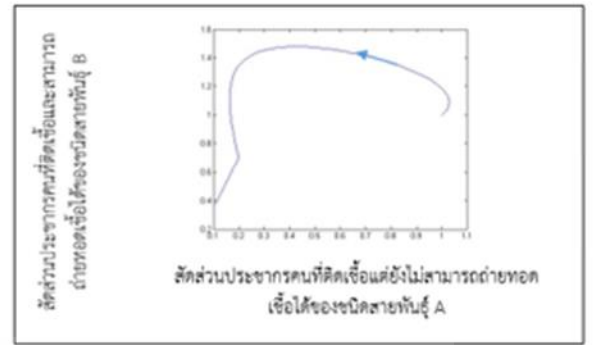
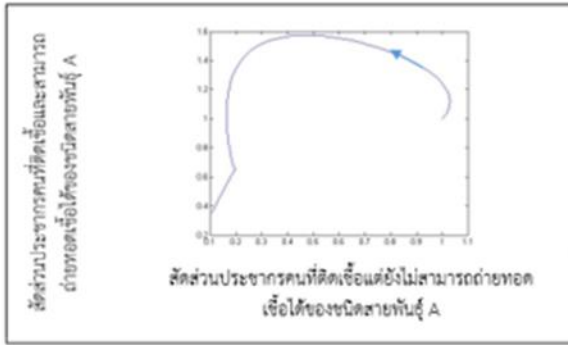
คือ  $E_1 = (1, 0, 0, 0, 0)$  โดยสัดส่วนประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อจะลู่เข้าสู่ 1 คน เมื่อเวลา 60 วัน นั้นแสดงว่าประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อจะเพิ่มมากขึ้นเมื่อเวลาเพิ่มขึ้น และสัดส่วนเอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นิยมนำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A จะลู่เข้าสู่ 0 คน เมื่อเวลา 4000 วัน สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B จะลู่เข้าสู่ 0 คน เมื่อเวลา 4000 วัน สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A จะลู่เข้าสู่ 0 คน เมื่อเวลา 5000 วัน สัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B จะลู่เข้าสู่ 0 คน เมื่อเวลา 5000 วัน และสัดส่วนประชากรคนที่ฟื้นฟู จะลู่เข้าสู่ 0 คน เมื่อเวลา 6000 วัน

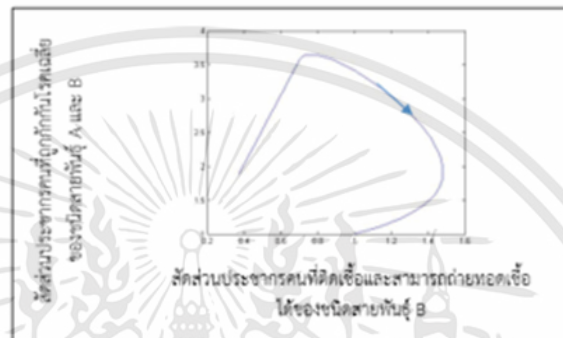
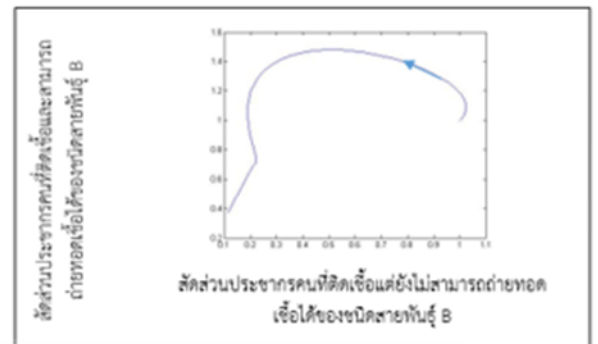
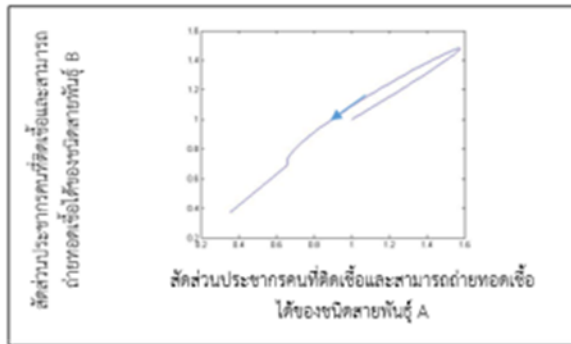
### กราฟแสดงแนวโน้มของผลเฉลยบนระนาบในสถานะไร้โรค



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.24 กราฟแสดงแนววิถีของผลเฉลยบนระนาบ  $(S, E_A), (S, E_B), (S, I_A), (S, I_B), (S, R), (E_A, E_B), (E_A, I_A), (E_A, I_B), (E_A, R), (E_B, I_A), (E_B, I_B), (E_B, R), (I_A, I_B), (I_A, R), (I_B, R)$  ตามลำดับ สำหรับ  $\mathcal{R}_0 < 1$  สัดส่วนของประชากรจะลู่เข้าสู่จุดสมดุลในสภาวะไร้โรค คือ  $E_1 = (1, 0, 0, 0, 0, 0)$  แบบจำลองที่ 2

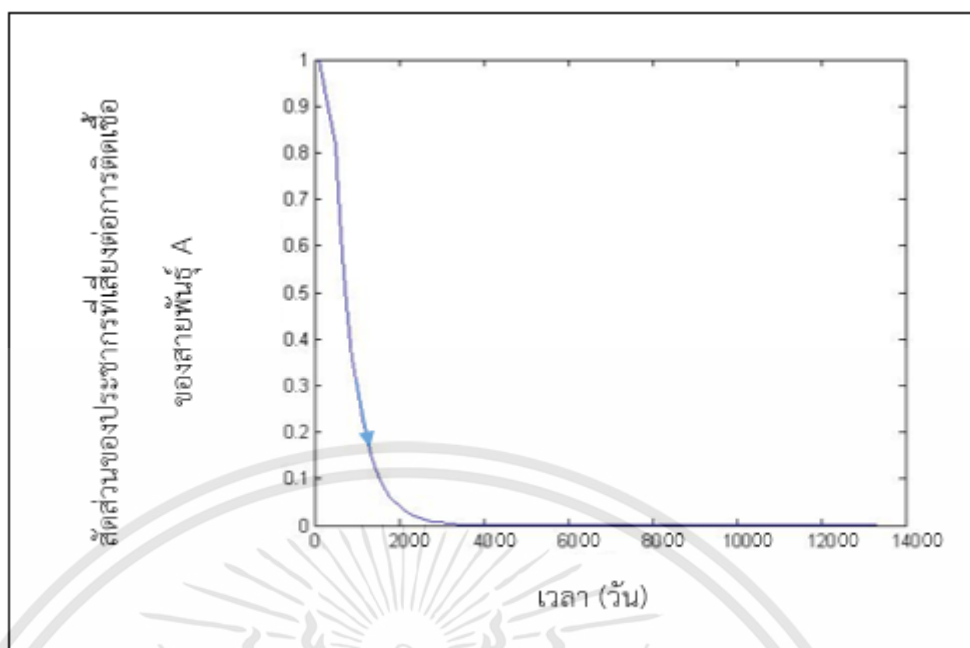
แบบจำลองเชิงตัวเลข สภาวะระบาดเรื้อรังของสายพันธุ์ชนิด A

ในสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A ได้กำหนดพารามิเตอร์ ดังนี้

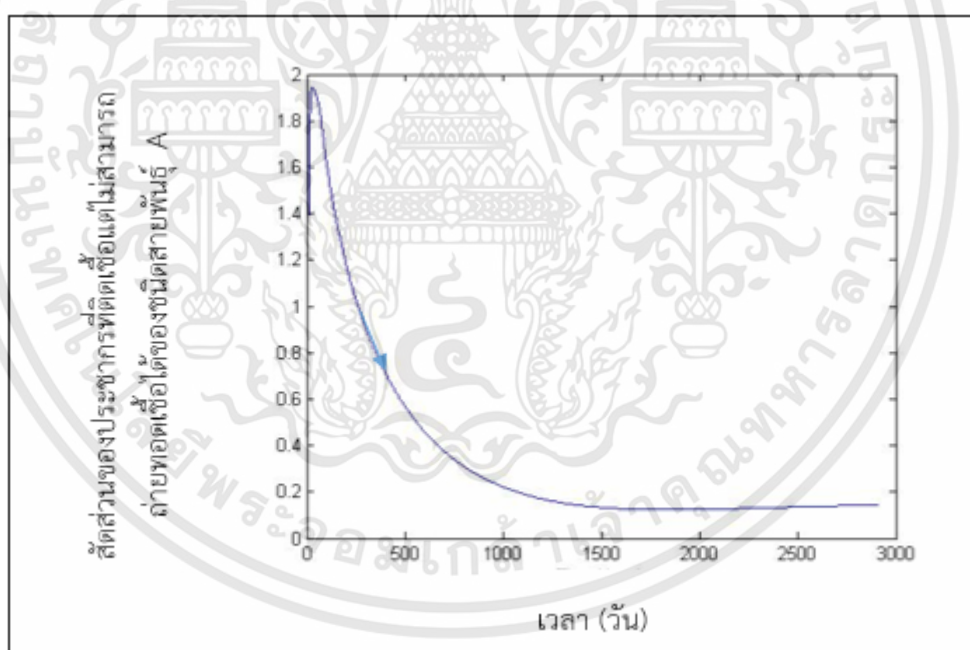
$$N = 900000, d = \frac{1}{365 \times 70}, \mu_H = \frac{1}{365 \times 70}, \beta_A = 0.00075, I p_A = 3, \gamma_A = \frac{1}{14}, \alpha = \frac{1}{180}$$

$$\mathcal{R}_0 = 524.619$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

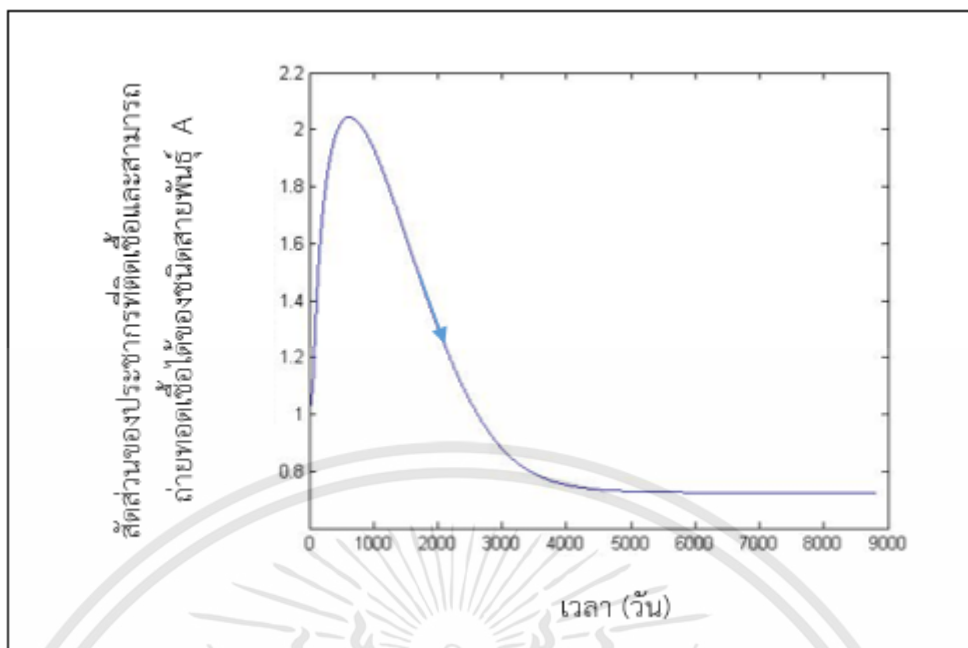


รูปที่ 4.25 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2

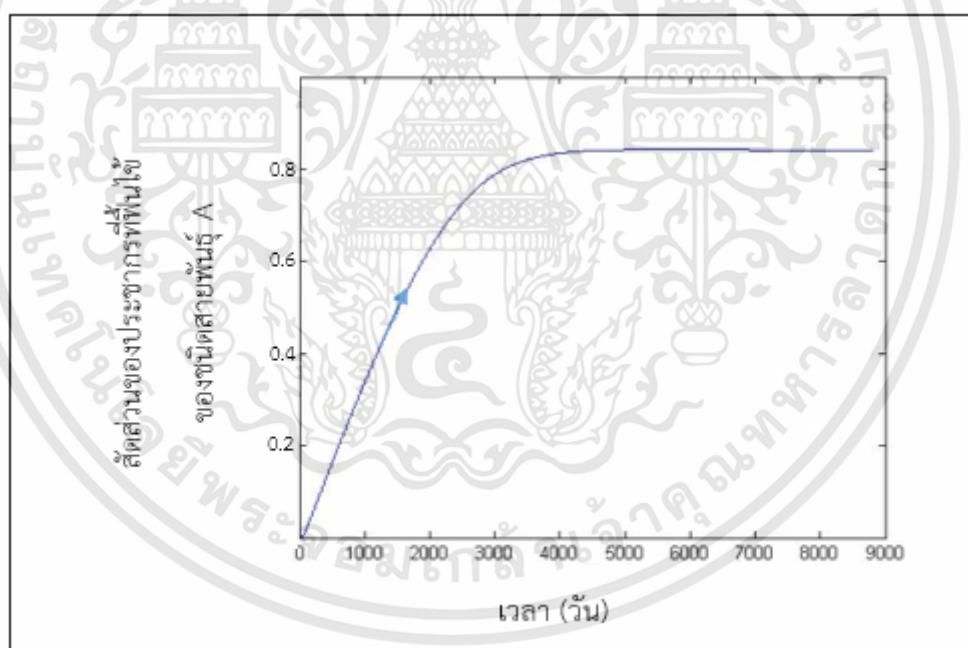


รูปที่ 4.26 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.27 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื่อและสามารถถ่ายถอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2



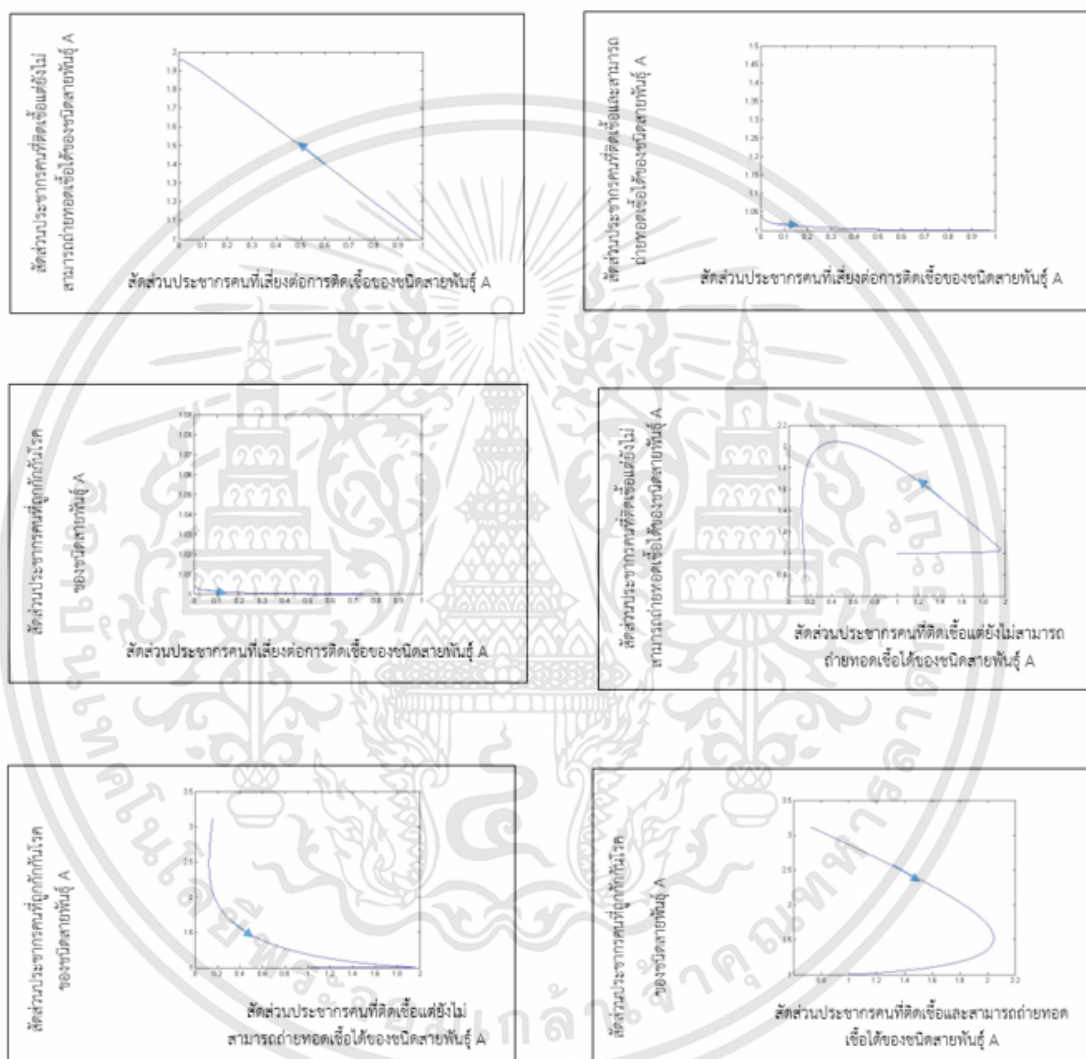
รูปที่ 4.28 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรคนที่ติดเชื้อของชนิดสายพันธุ์ A เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2

จากรูปที่ 2.25 – รูปที่ 2.28 สภาวะระบอบเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A สัดส่วนของ ประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื่อ ประชากรที่ติดเชื่อแต่ยังไม่สามารถถ่ายถอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ A ประชากรที่ติดเชื่อและสามารถถ่ายถอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ A จะมีค่าลดลงเมื่อเวลาเพิ่มขึ้น ประมาณ 60 วัน 3000 วัน และ 6000 วัน ตามลำดับ ส่วนประชากรที่ติดเชื้อ จะมีค่าเพิ่มขึ้นเมื่อเวลาเพิ่มขึ้นประมาณ 6000 วัน เมื่อเวลาเพิ่มขึ้นจะเข้าสู่จุดสมดุล

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$E_2 = (0.0000000018, 0.0388, 0, 0.01821, 0, 0.7784)$  และค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน  $\mathcal{R}_0 = 524.619$  หมายความว่า ผู้ป่วย 1 คน จะแพร่เชื้อให้ผู้อื่นในประชากรที่ไม่มีภูมิคุ้มกันถึง 524 คน ซึ่ง  $\mathcal{R}_0 > 1$  ทำให้เกิดการระบาดของโรค นั่นคือสภาวะระบาดเรื้อรังของสายพันธุ์ A

กราฟแสดงแนววิถีของผลเฉลยบนระนาบในสภาวะระบาดเรื้อรังของสายพันธุ์ A



รูปที่ 4.29 กราฟแสดงแนววิถีของผลเฉลยบนระนาบ

$(S, E_A), (S, I_A), (S, R), (E_A, I_A), (E_A, R), (I_A, R)$  ตามลำดับ สำหรับ  $\mathcal{R}_0 > 1$  สัดส่วนประชากรจะลู่เข้าสู่จุดสมดุลในสภาวะเรื้อรัง คือ  $E_2 = (0.0000000018, 0.0388, 0, 0.01821, 0, 0.7784)$  แบบจำลองที่ 2

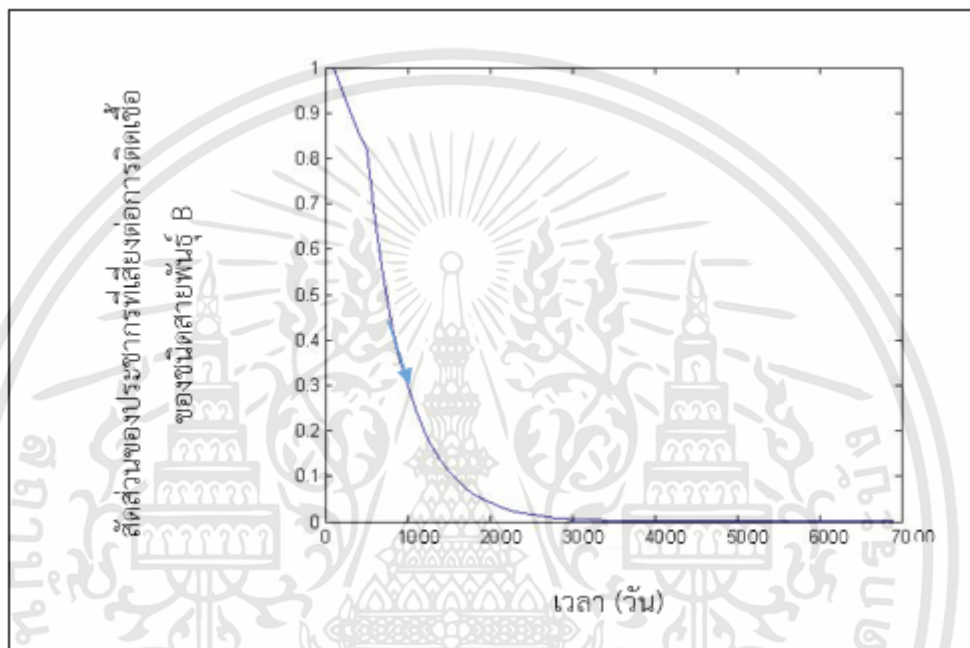
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## แบบจำลองเชิงตัวเลข สภาวะระบาดเรื้อรังของสายพันธุ์ชนิด B

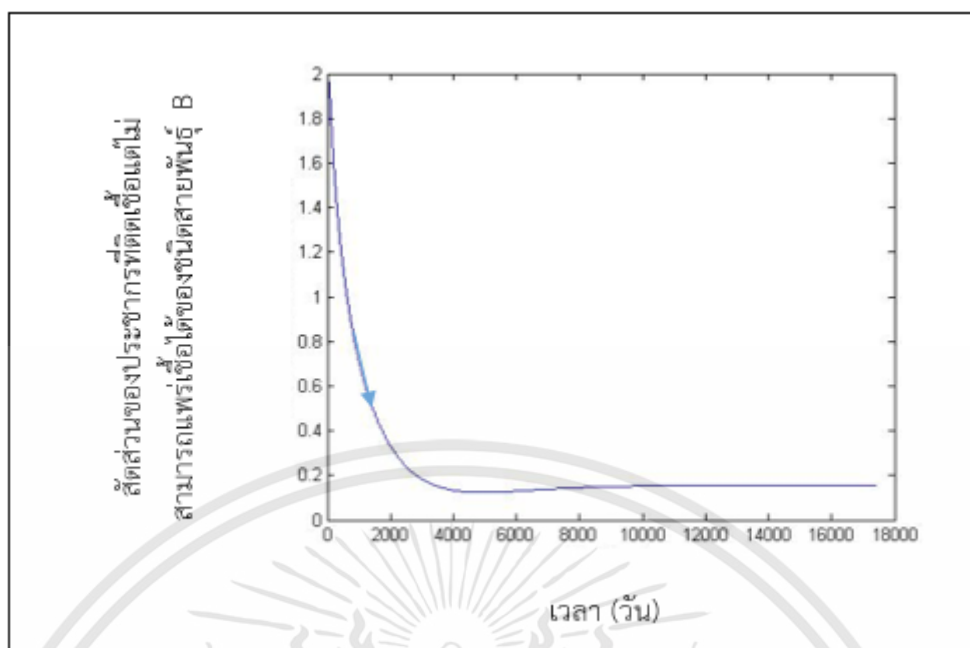
ในสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ B ได้กำหนดพารามิเตอร์ ดังนี้

$$N = 900000, d = \frac{1}{365 \times 70}, \mu_H = \frac{1}{365 \times 70}, \beta_A = 0.00025, \beta_B = 4, \gamma_B = \frac{1}{14}, \alpha = \frac{1}{180}$$

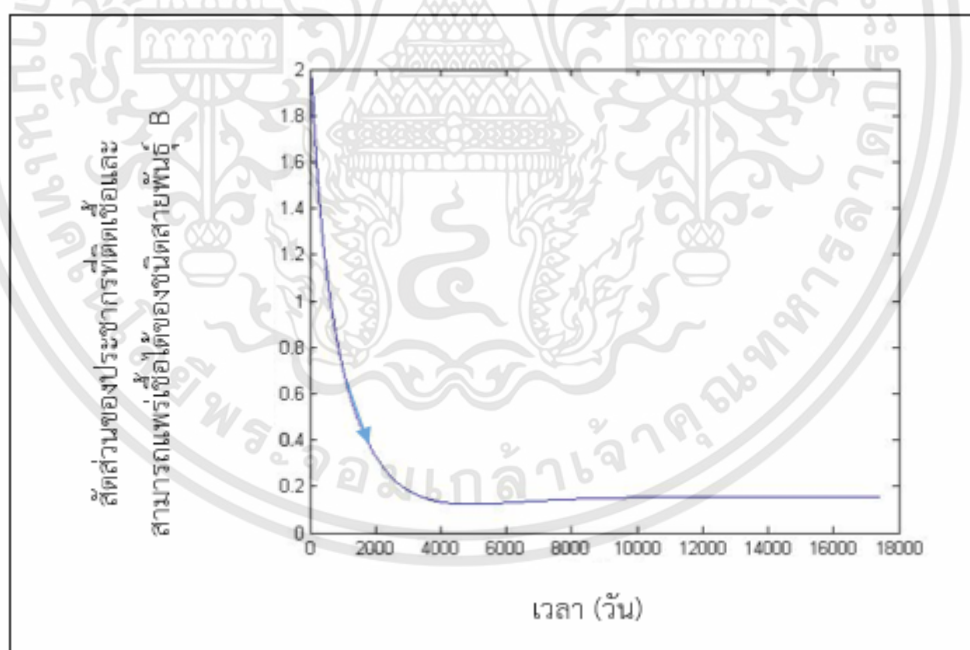
$$\mathfrak{R}_0 = 174.873$$



รูปที่ 4.30 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลาแบบจำลองที่ 2

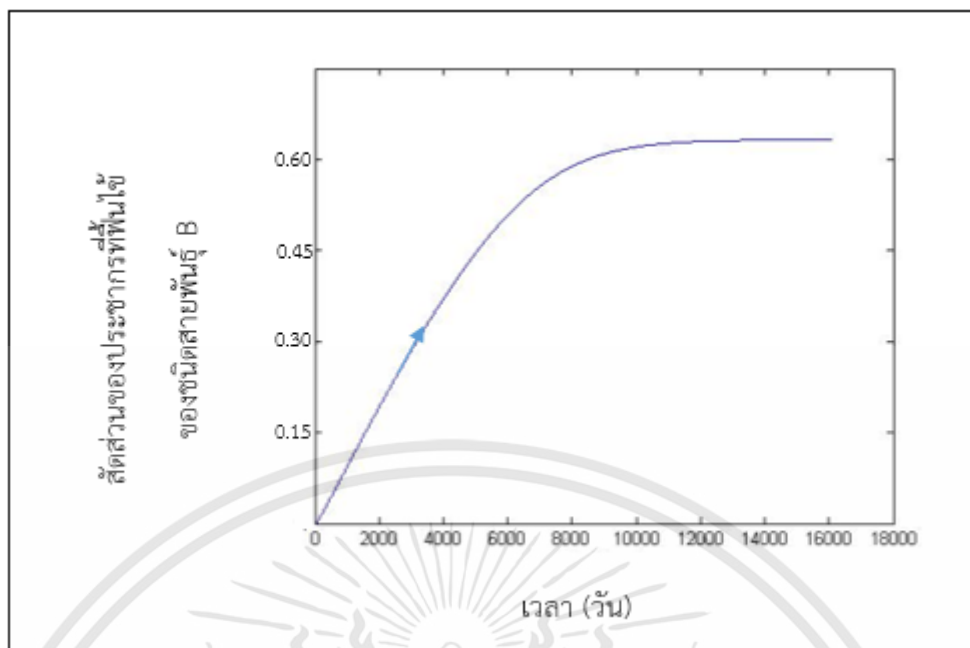


รูปที่ 4.31 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรที่ติดเชื่อแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2



รูปที่ 4.32 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรที่ติดเชื่อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



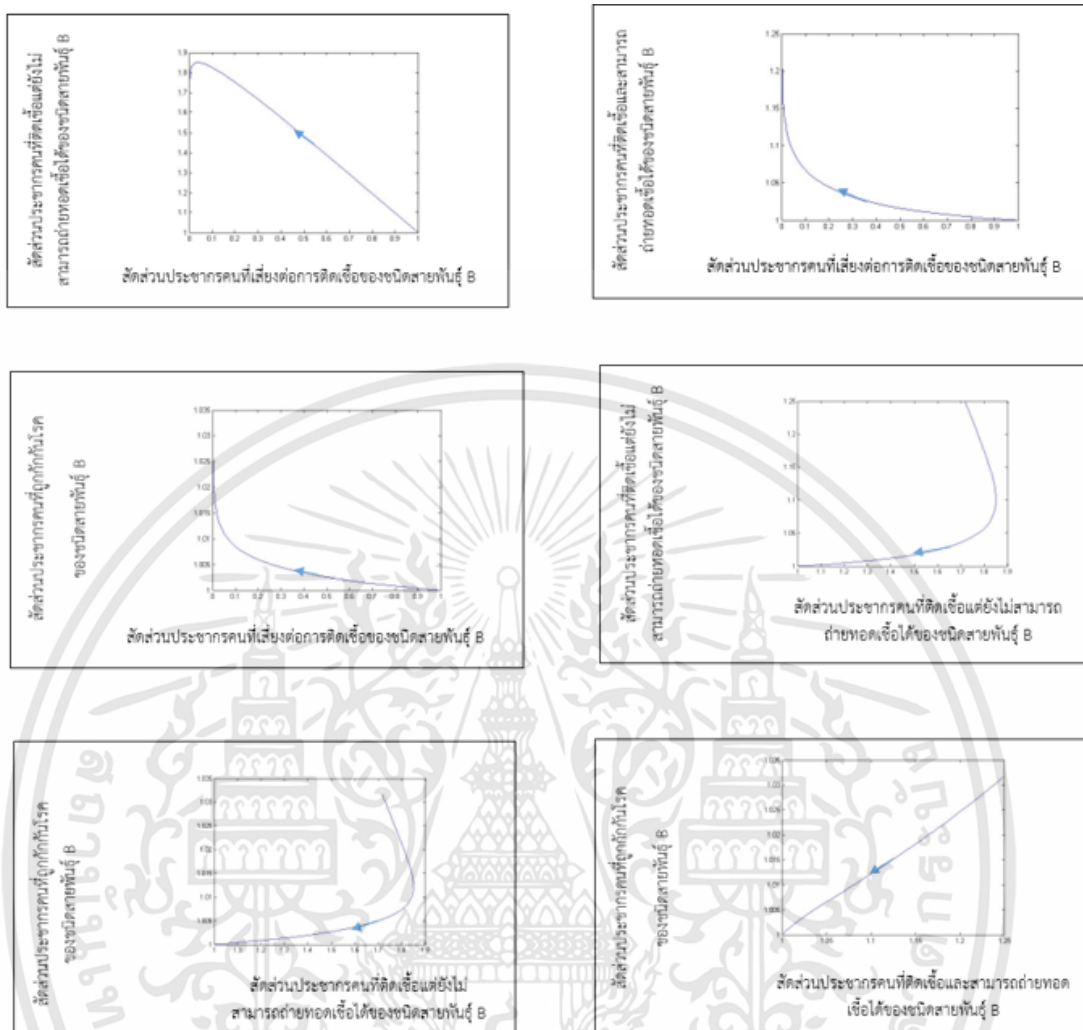
รูปที่ 4.33 กราฟแสดงสัดส่วนประชากรที่ฟื้นไข้ของชนิดสายพันธุ์ B เทียบเวลา แบบจำลองที่ 2

จากรูปที่ 2.28 – รูปที่ 2.31 สภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ B สัดส่วนของ ประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ ประชากรที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B ประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B จะมีค่าลดลงเมื่อเวลาเพิ่มขึ้น ประมาณ 40 วัน 1500 วัน และ 2000 วัน ตามลำดับ ส่วนประชากรที่ฟื้นไข้ จะมีค่าเพิ่มขึ้นเมื่อเวลาเพิ่มขึ้นประมาณ 1200 วัน เมื่อเวลาเพิ่มขึ้นจะเข้าสู่จุดสมดุล

$E_3 = (0.0000000023, 0, 0.0511, 0, 0.01719, 0, 0.07682)$  และค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน

$\mathcal{R}_0 = 174.873$  หมายความว่า ผู้ป่วย 1 คน จะแพร่เชื้อให้ผู้อื่นในประชากรที่ไม่มีภูมิคุ้มกันถึง 174 คน ซึ่ง  $\mathcal{R}_0 > 1$  ทำให้เกิดการระบาดของโรค นั่นคือสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ B

กราฟแสดงแนววิถีของผลเฉลยบนระนาบในสภาวะระบาคเรื้อรังของสายพันธุ์ชนิด B



รูปที่ 4.34 กราฟแสดงแนววิถีของผลเฉลยบนระนาบ  $(S, E_B), (S, I_B), (S, R), (E_B, I_B), (E_B, R), (I_B, R)$  ตามลำดับ สำหรับ  $\mathfrak{R}_0 > 1$  สัดส่วนประชากรจะลู่เข้าสู่จุดสมดุลในสภาวะเรื้อรัง คือ  $E_3 = (0.0000000023, 0, 0.0511, 0, 0.01719, 0, 0.07682)$  แบบจำลองที่ 2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## แผนภาพไบเฟอร์เคชัน (bifurcation) ของจุดสมดุล

### แบบจำลองที่ 1 SEIQR

กำหนดให้

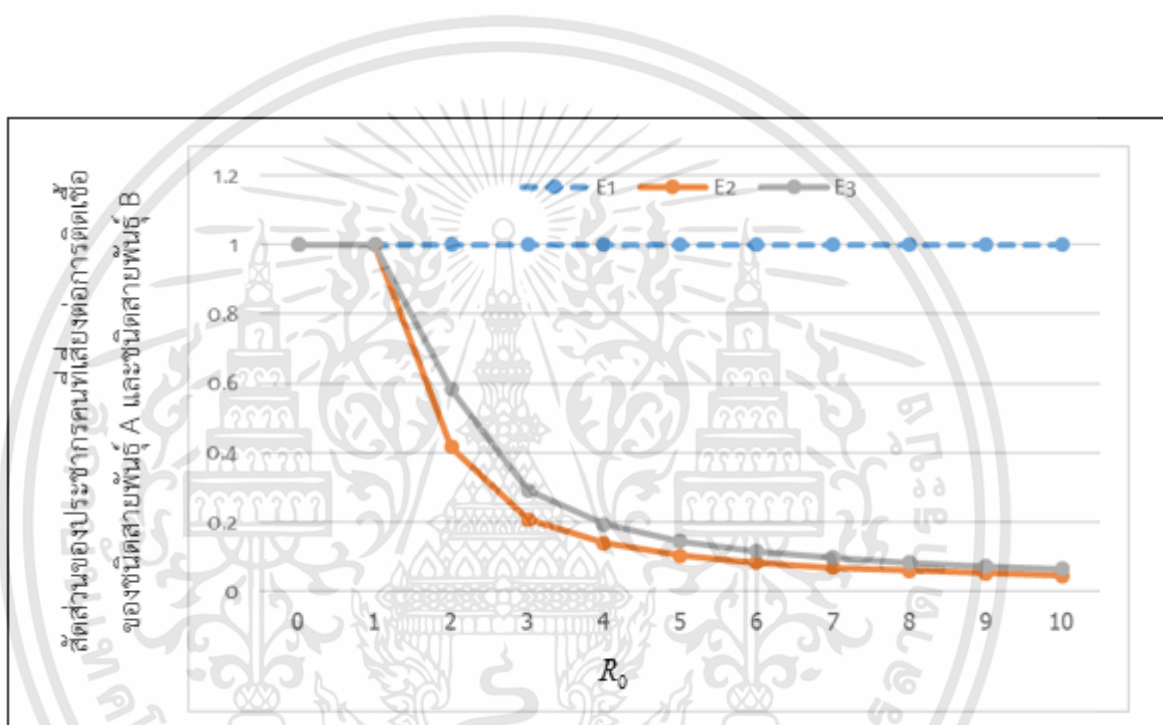


แทนผลเฉลยที่เสถียรภาพ

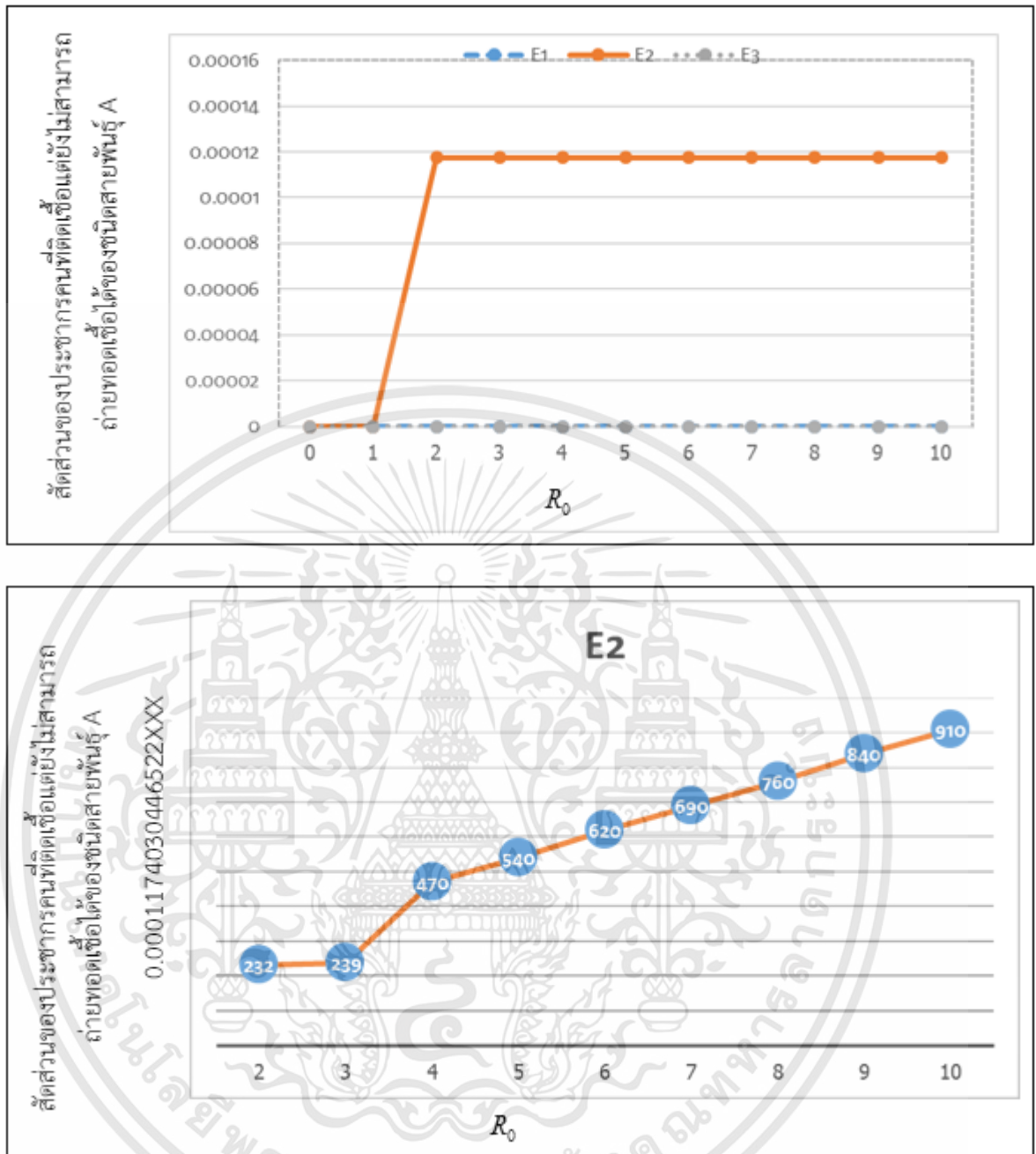


แทนผลเฉลยที่ไม่เสถียรภาพ

$$N = 900000, d = \frac{1}{365 \times 70}, \mu_H = \frac{1}{365 \times 70}, \gamma = \frac{1}{14}, \beta p_A = 3, \beta p_B = 4, \beta q_A = 7, \beta q_B = 5$$

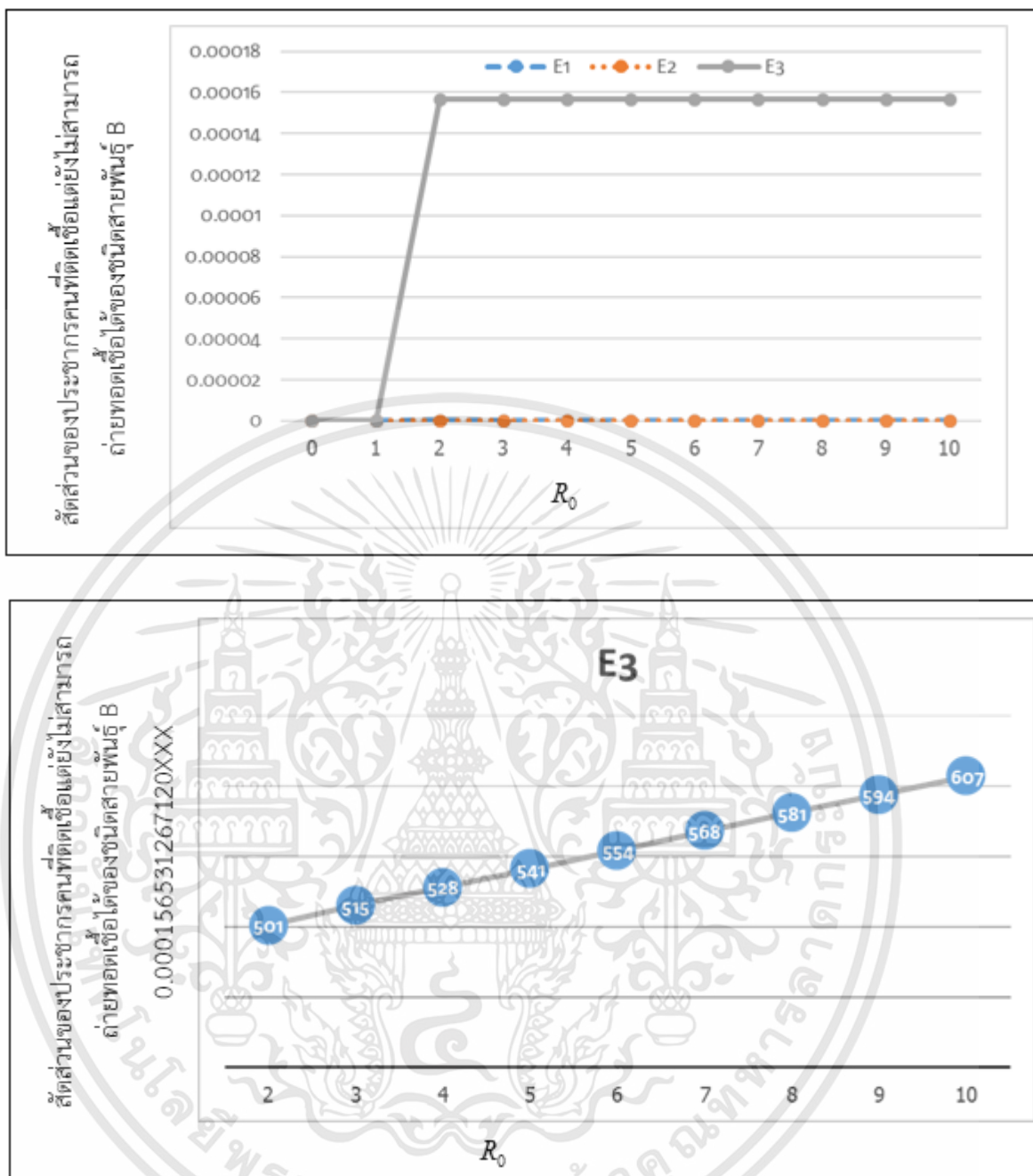


รูปที่ 4.35 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 1



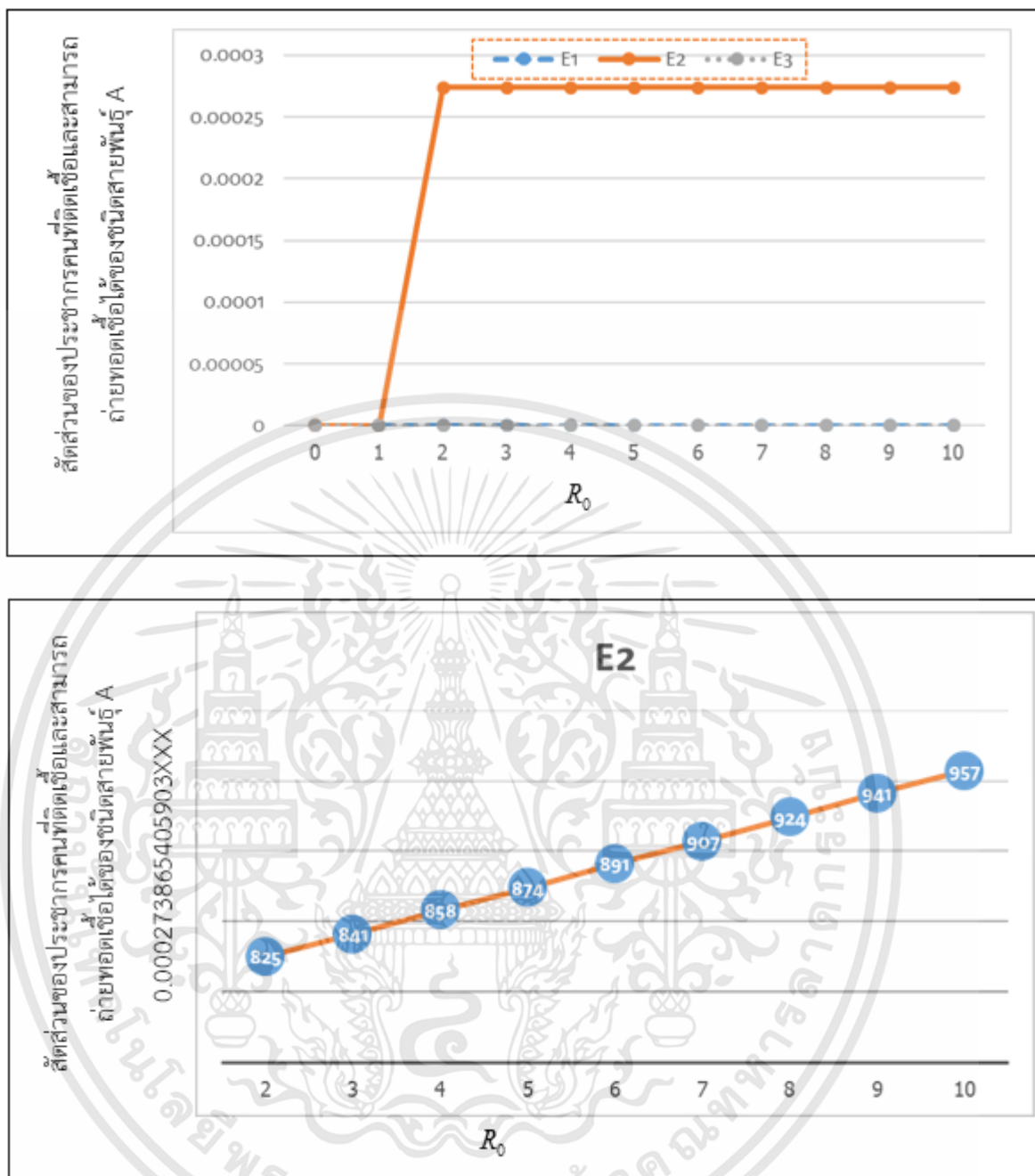
รูปที่ 4.36 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A แบบจำลองที่ 1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



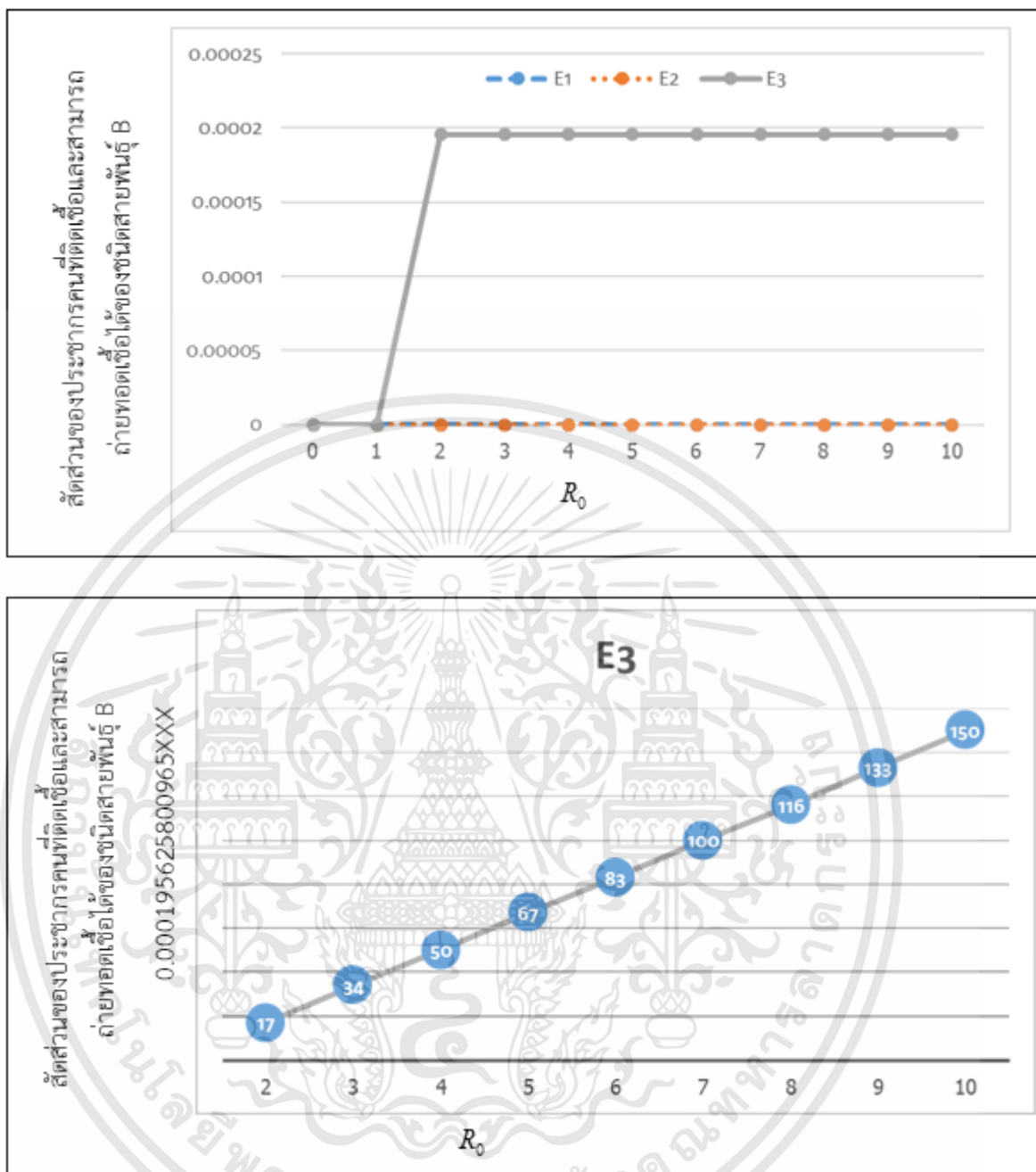
รูปที่ 4.37 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



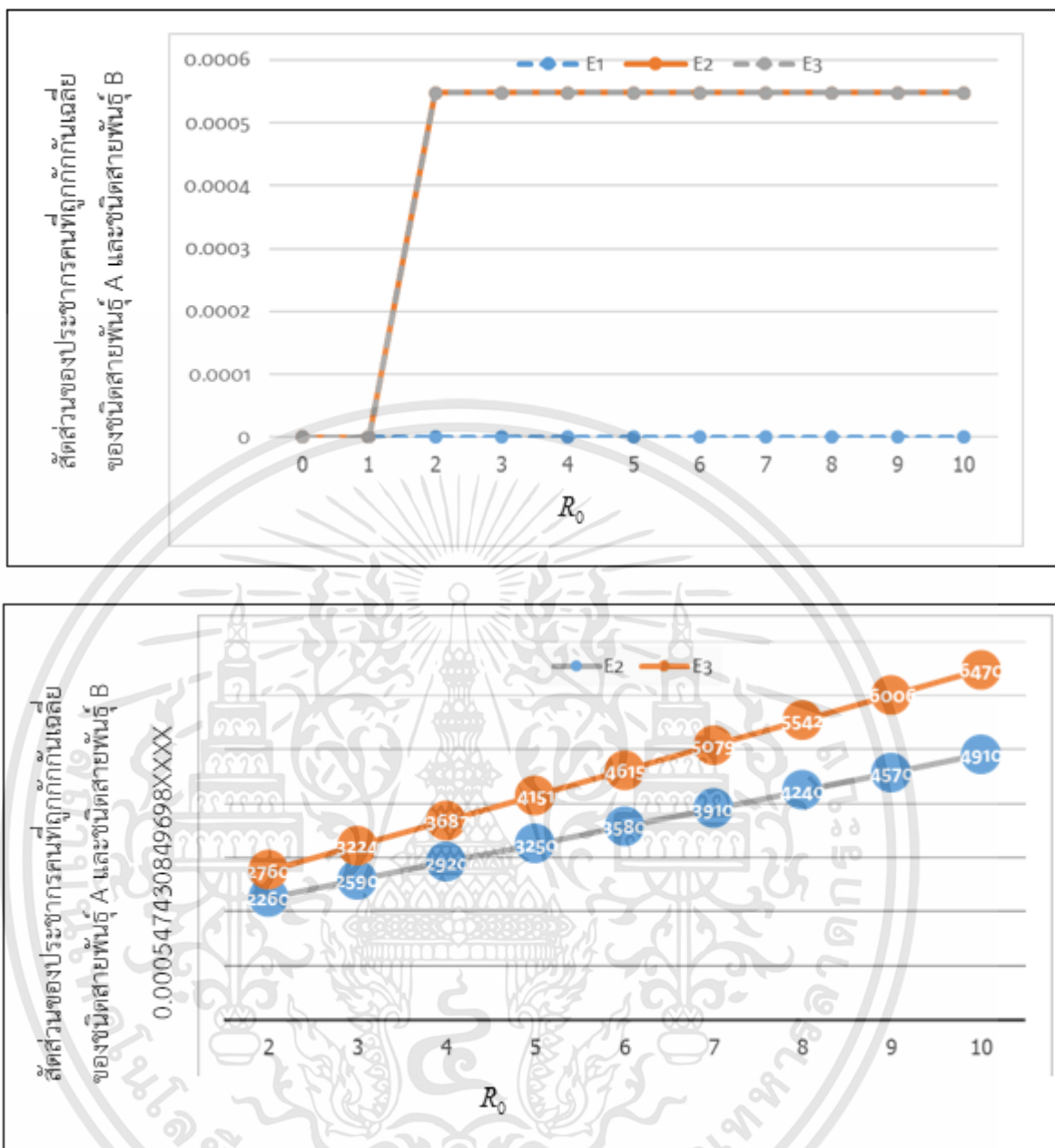
รูปที่ 4.38 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่ติดเชื่อ และสามารถถ่ายทอดเชื่อได้ของชนิดสายพันธุ์ A แบบจำลองที่ 1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.39 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่ติดเชื้อ และสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.40 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่ติดถูกกักกันเฉลี่ยของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 1

จากรูปที่ 4.35 – รูปที่ 4.40 จะพบว่าในสภาวะไร้โรค ( $E_1$ ) ผลเฉลยจะเสถียรภาพภายในเมื่อ  $R_0 < 1$  และในทางกลับกัน  $E_2$  และ  $E_3$  ผลเฉลยมีความเสถียรภาพภายในเมื่อ  $R_0 > 1$  โดยสัดส่วนของประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อจะมีค่าลดลงเรื่อยๆ หมายความว่า ถ้าค่าสืบพันธุ์พื้นฐานมีค่ามากขึ้น สัดส่วนของประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ จะมีค่าลดลง และสำหรับสัดส่วนของประชากรที่ติดเชื้อแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B สัดส่วนของประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B และสัดส่วนของประชากรที่ฟื้นไข้ มีค่าเพิ่มเรื่อยๆ หมายความว่า ถ้าค่าสืบพันธุ์พื้นฐานมีค่ามากขึ้น สัดส่วนของประชากรที่ติดเชื้อแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B สัดส่วนของประชากรที่ติดเชื้อและ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A และชนิด สายพันธุ์ B และสัดส่วนของประชากรที่ฟื้นไข้ จะมีค่าเพิ่มขึ้น

ดังนั้นสรุปได้ว่าในสภาวะไรโรคจะเกิดความเสถียรภาพภายในเมื่อค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน  $R_0 < 1$  และในสภาวะระบาดเรื้อรังจะเกิดความเสถียรภาพภายในเมื่อค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน  $R_0 > 1$



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## แบบจำลองที่ 2 SEIR

กำหนดให้

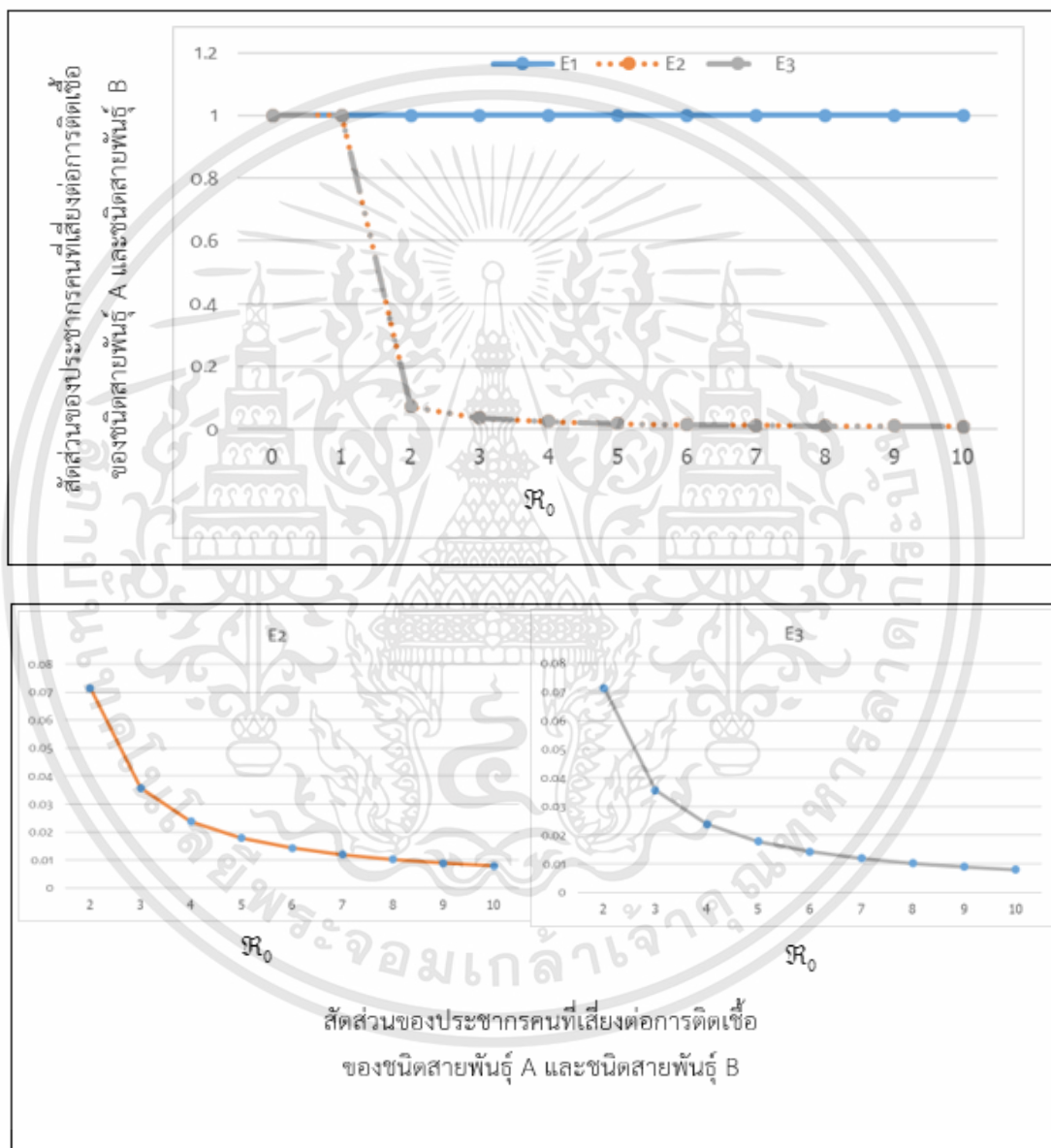


แทนผลเฉลยที่เสถียรภาพ



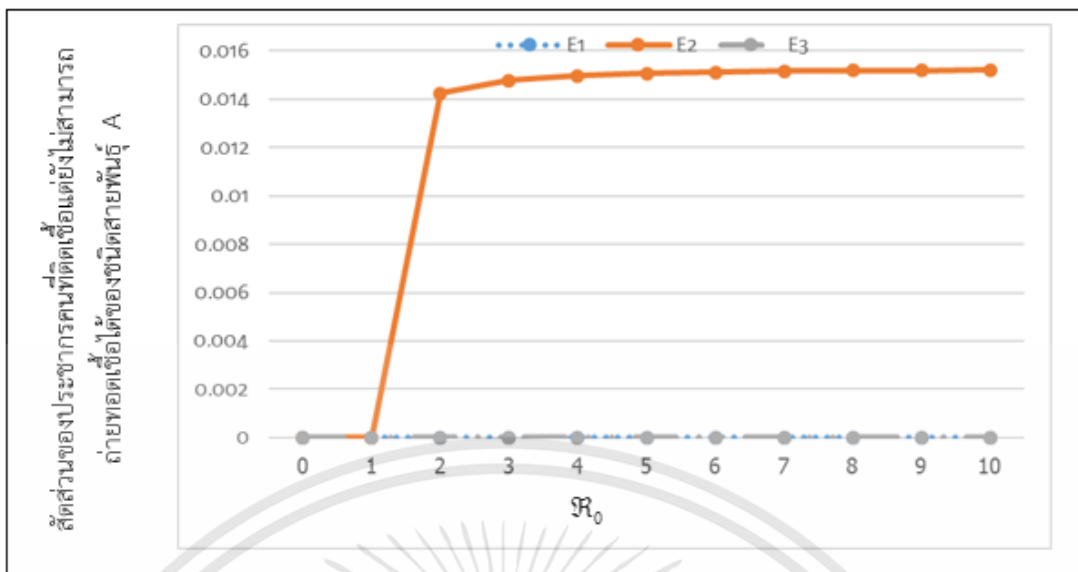
แทนผลเฉลยที่ไม่เสถียรภาพ

$$N = 900000, d = \frac{1}{365 \times 70}, \mu_H = \frac{1}{365 \times 70}, \alpha = \frac{1}{180}, Hp_A = 3, Hp_B = 4, \gamma_A = \frac{1}{14}, \gamma_B = \frac{1}{14}$$



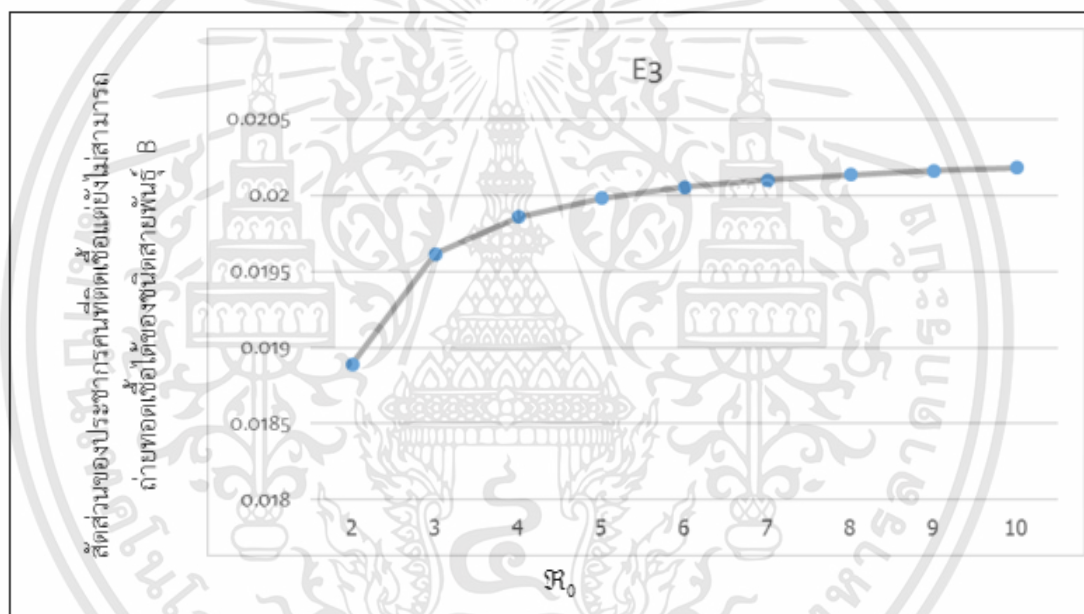
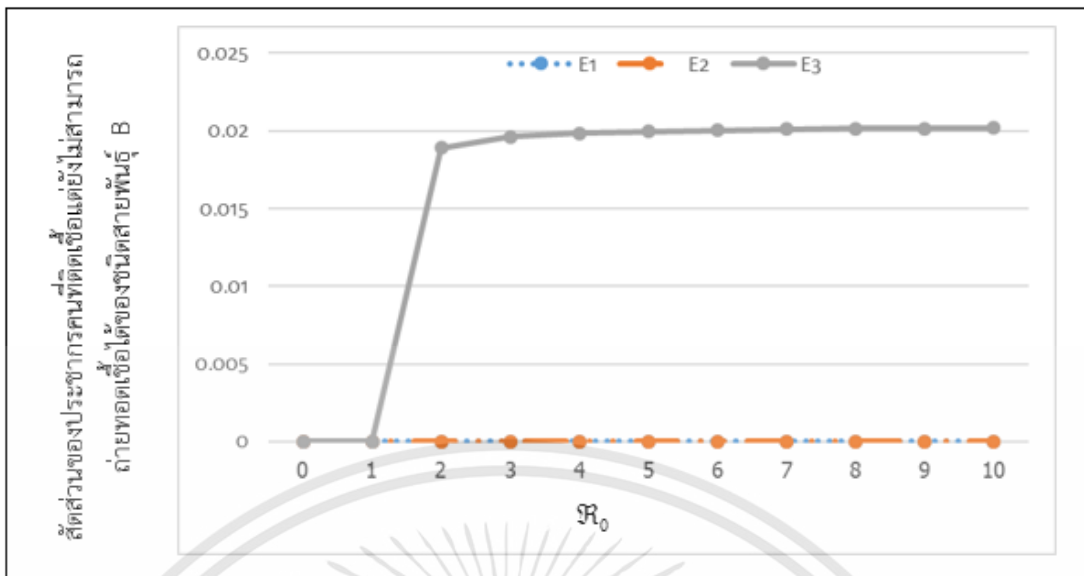
รูปที่ 4.41 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

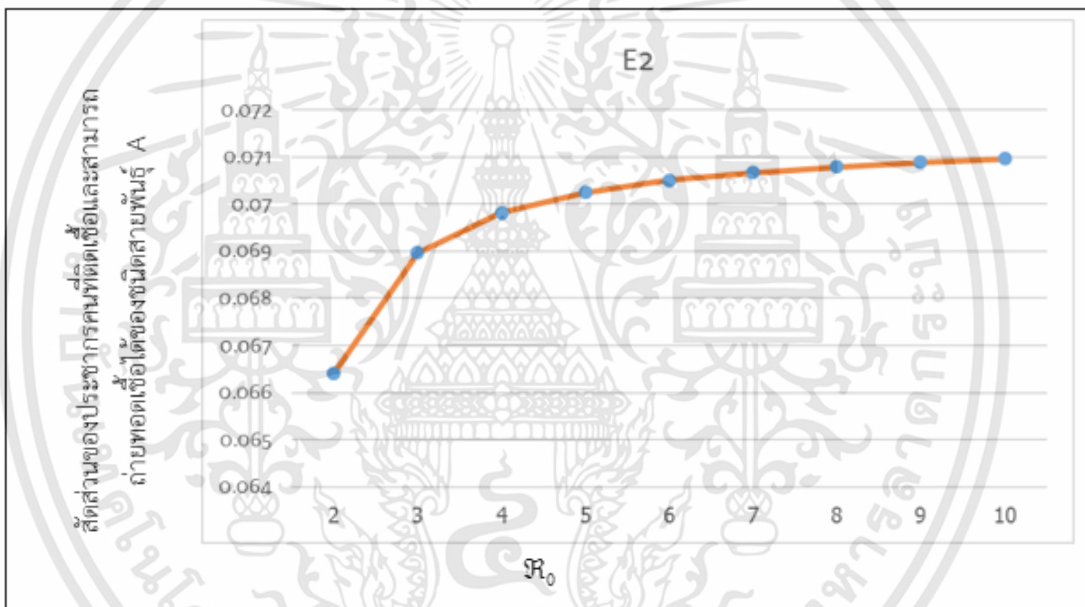
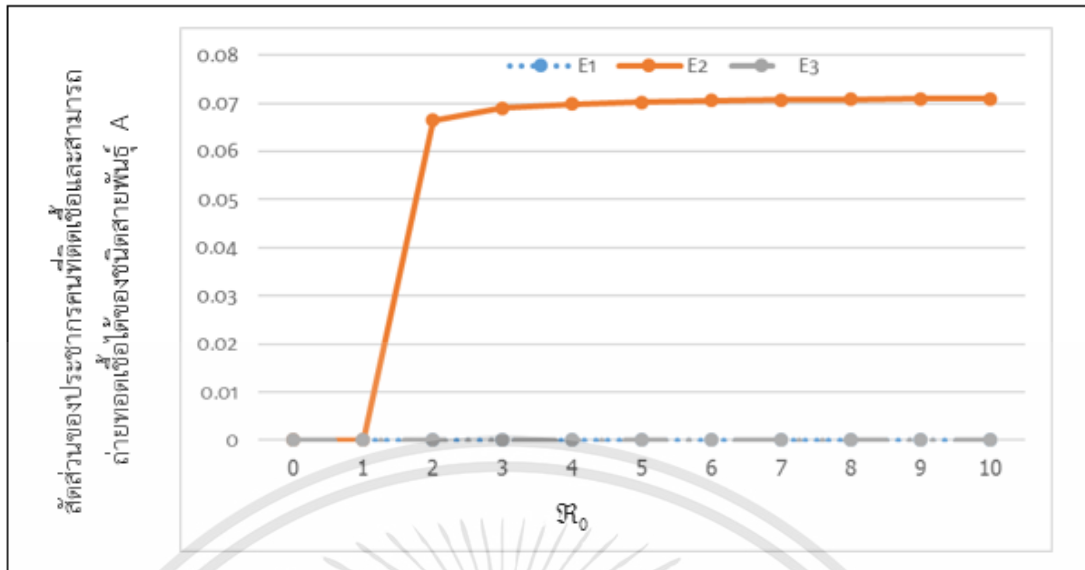


รูปที่ 4.42 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A แบบจำลองที่ 2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

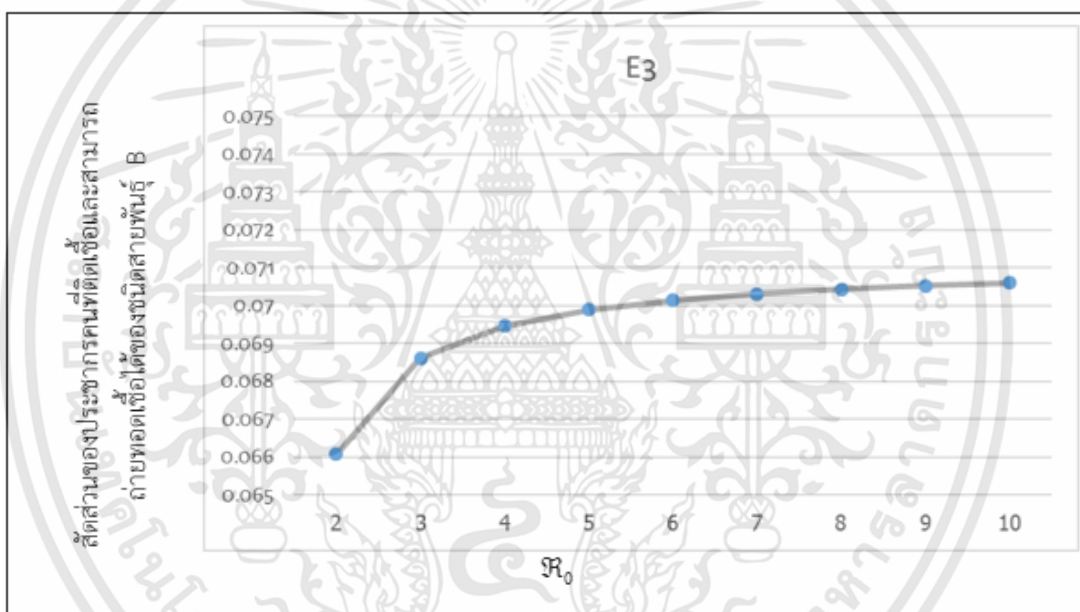
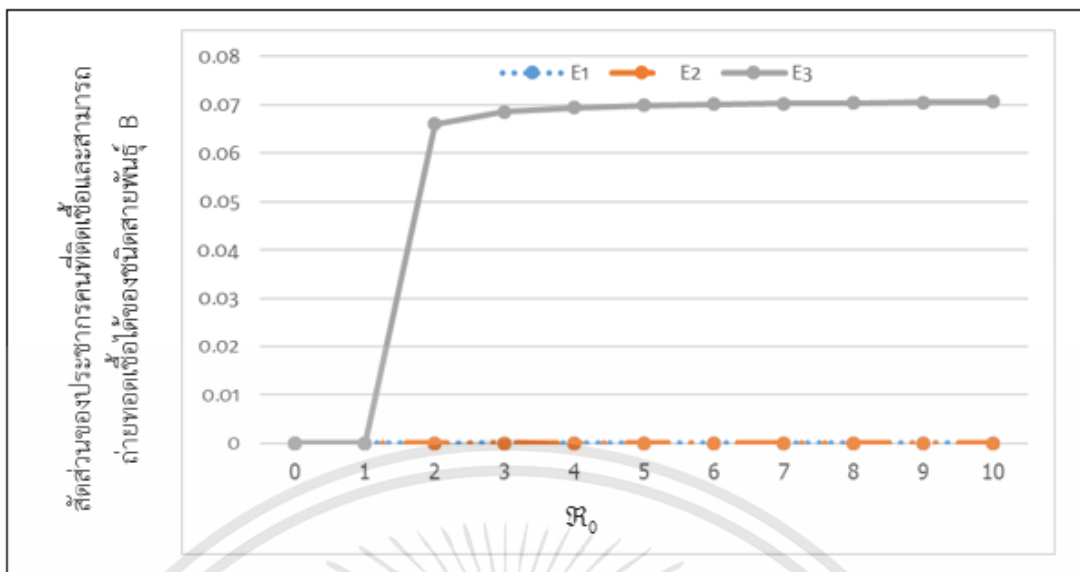


รูปที่ 4.43 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่ติดเชื้อแต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 2



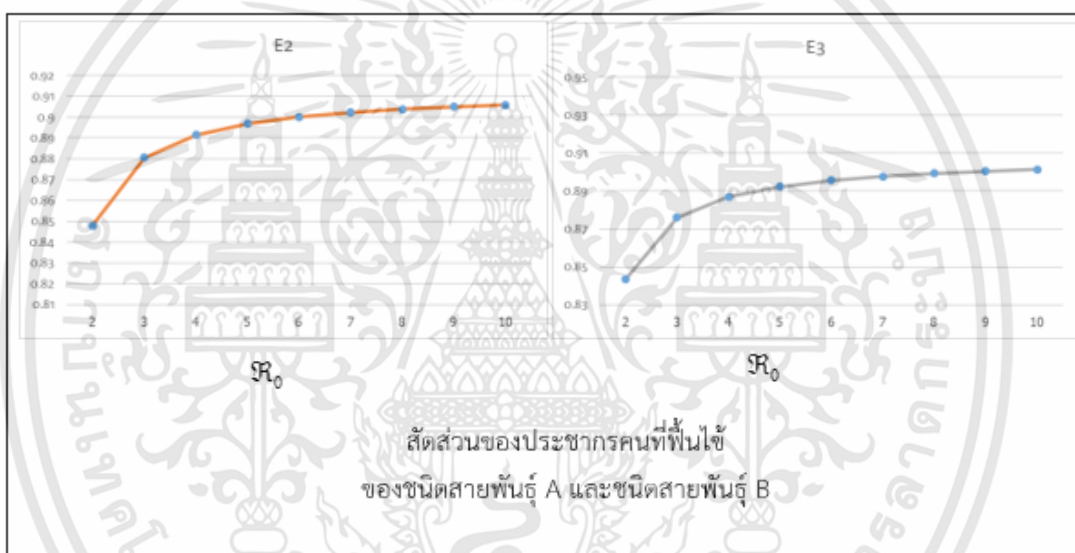
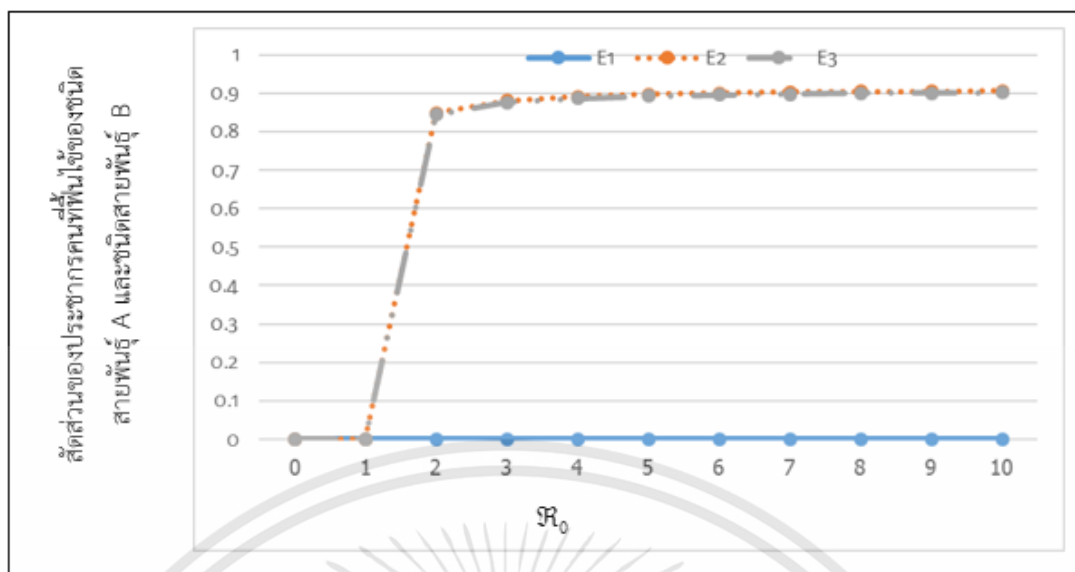
รูปที่ 4.44 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่ติดเชื้อ และสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A แบบจำลองที่ 2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.45 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่ติดเชื้อ และสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.46 แผนภาพไบเฟอร์เคชันแสดงความเสถียรภาพของจุดสมดุลของสัดส่วนประชากรที่พ้นไข้ของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B แบบจำลองที่ 2

จากรูปที่ 4.41 – รูปที่ 4.46 จะพบว่าในสภาวะไร้โรค ( $E_1$ ) ผลเฉลยจะเสถียรภาพภายในเมื่อ  $R_0 < 1$  และในทางกลับกัน  $E_2$  และ  $E_3$  ผลเฉลยมีความเสถียรภาพภายในเมื่อ  $R_0 > 1$  โดยสัดส่วนของประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อจะมีค่าลดลงเรื่อยๆ หมายความว่า ถ้าค่าสืบพันธุ์พื้นฐานมีค่ามากขึ้น สัดส่วนของประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อจะมีค่าลดลง และสำหรับสัดส่วนของประชากรที่ติดเชื้อแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B สัดส่วนของประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B และสัดส่วนของประชากรที่พ้นไข้ มีค่าเพิ่มเรื่อยๆ หมายความว่า ถ้าค่าสืบพันธุ์พื้นฐานมีค่ามากขึ้น สัดส่วนของประชากรที่ติดเชื้อแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B สัดส่วนของประชากรที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B และสัดส่วนของประชากรที่พ้นไข้จะมีค่าเพิ่มขึ้น

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ดังนั้นสรุปได้ว่าในสภาวะไร้โรคจะเกิดความเสถียรภาพภายในเมื่อค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน  $R_0 < 1$  และในสภาวะระบาดเรื้อรังจะเกิดความเสถียรภาพภายในเมื่อค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน  $R_0 > 1$

### การเปรียบเทียบค่าสืบพันธุ์พื้นฐานในสภาวะระบาดเรื้อรัง

ตารางที่ 4.5 การเปรียบเทียบเวลาที่ใช้ในการเข้าสู่ของค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน ของชนิดสายพันธุ์ A

จุดสมดุล	แบบจำลองที่ 1 $R_0 = 551.086$	แบบจำลองที่ 2 $R_0 = 524.619$
	เข้าสู่ ณ เวลา (วัน)	เข้าสู่ ณ เวลา (วัน)
$S^*$	1000	4000
$E_A^*$	1000	2500
$I_A^*$	1000	7000

ตารางที่ 4.6 การเปรียบเทียบเวลาที่ใช้ในการเข้าสู่ของค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน ของชนิดสายพันธุ์ B

จุดสมดุล	แบบจำลองที่ 1 $R_0 = 180.574$	แบบจำลองที่ 2 $R_0 = 174.873$
	เข้าสู่ ณ เวลา (วัน)	เข้าสู่ ณ เวลา (วัน)
$S^*$	1500	4000
$E_B^*$	1500	6000
$I_B^*$	1500	6000

จากตารางที่ 4.5 และตารางที่ 4.6 จะสรุปได้ว่าค่าสืบพันธุ์พื้นฐานที่มากกว่าจะเข้าสู่จุดสมดุลด้วยเวลาที่เร็วกว่าค่าสืบพันธุ์พื้นฐานที่น้อยกว่า เนื่องจากค่าสืบพันธุ์พื้นฐานเป็นการบ่งบอกถึงการติดเชื้อในครั้งที่สองว่าผู้ติดเชื้อหนึ่งคนสามารถแพร่เชื้อไปยังประชากรที่ไม่มีภูมิคุ้มกันได้กี่คน ซึ่งหากการติดเชื้อมากกว่าการระบาดจะใช้เวลาในการระบาดน้อยกว่าการติดเชื้อน้อย ดังนั้นถ้าค่าสืบพันธุ์พื้นฐานมากจะทำให้เวลาในการระบาดเร็วและเข้าสู่จุดสมดุลได้เร็วกว่าค่าสืบพันธุ์พื้นฐานน้อย

## 4.5 ความเสถียรภาพภายใน

### แบบจำลองที่ 1 SEIQR

การหาความเสถียรภาพของจุดสมดุลสามารถพิจารณาได้จากค่าลักษณะเฉพาะของเมทริกซ์จาโคเบียนจากระบบสมการ (4.8) – (4.13) สามารถเขียนในรูปเมทริกซ์จาโคเบียนได้ดังนี้

$$J = \begin{bmatrix} -\beta_A I_A N - \beta_B I_B N - d & 0 & 0 & -\beta_A SN & -\beta_B SN & 0 \\ \beta_A I_A N & \frac{-1}{\Pi p_A} - d & 0 & \beta_A SN & 0 & 0 \\ \beta_B I_B N & 0 & \frac{-1}{\Pi p_B} - d & 0 & \beta_B SN & 0 \\ 0 & \frac{1}{\Pi p_A} & 0 & \frac{-1}{\Pi q_A} - d & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{\Pi p_B} & 0 & \frac{-1}{\Pi q_B} - d & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \frac{1}{\Pi q_A} & \frac{1}{\Pi q_B} & -\gamma - d \end{bmatrix} \quad (S, E_A, E_B, I_A, I_B, Q)$$

พิจารณาค่าลักษณะเฉพาะได้จากสมการลักษณะเฉพาะ

$$\det(J - \lambda I_6) = 0$$

เมื่อ  $I_6$  คือ เมทริกซ์เอกลักษณ์ขนาด  $6 \times 6$  หรือ  $I_6 =$

$$\begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

i) จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค  $E_1 = (\frac{\mu_H}{d}, 0, 0, 0, 0, 0)$

จากการคำนวณค่าลักษณะเฉพาะคือ

$$\lambda_1 = -d,$$

$$\lambda_2 = -d - \gamma$$

$$\lambda_3 = \frac{-d\Pi p_A - d\Pi q_A - 2d^2\Pi p_A\Pi q_A - \sqrt{d^2\Pi p_A^2 - 2d^2\Pi p_A\Pi q_A + d^2\Pi q_A^2 + 4dN\Pi p_A\Pi q_A^2\beta_A\mu_H}}{2d\Pi p_A\Pi q_A}$$

$$\lambda_4 = \frac{-d\Pi p_A - d\Pi q_A - 2d^2\Pi p_A\Pi q_A + \sqrt{d^2\Pi p_A^2 - 2d^2\Pi p_A\Pi q_A + d^2\Pi q_A^2 + 4dN\Pi p_A\Pi q_A^2\beta_A\mu_H}}{2d\Pi p_A\Pi q_A}$$

มีค่าเป็นลบ เมื่อ

$$\sqrt{d^2\Pi p_A^2 - 2d^2\Pi p_A\Pi q_A + d^2\Pi q_A^2 + 4dN\Pi p_A\Pi q_A^2\beta_A\mu_H} < d\Pi p_A + d\Pi q_A + 2d^2\Pi p_A\Pi q_A$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\lambda_5 = \frac{-dIIP_B - dIIq_B - 2d^2IIP_BIIq_B - \sqrt{d^2IIP_B^2 - 2d^2IIP_BIIq_B + d^2IIq_B^2 + 4dNIIIP_BIIq_B^2\beta_B\mu_H}}{2dIIP_BIIq_B}$$

$$\lambda_6 = \frac{-dIIP_B - dIIq_B - 2d^2IIP_BIIq_B + \sqrt{d^2IIP_B^2 - 2d^2IIP_BIIq_B + d^2IIq_B^2 + 4dNIIIP_BIIq_B^2\beta_B\mu_H}}{2dIIP_BIIq_B}$$

มีค่าเป็นลบ เมื่อ

$$\sqrt{d^2IIP_B^2 - 2d^2IIP_BIIq_B + d^2IIq_B^2 + 4dNIIIP_BIIq_B^2\beta_B\mu_H} < dIIP_B + dIIq_B + 2d^2IIP_BIIq_B$$

เนื่องจากค่าเจาะจง (Eigenvalue) มีค่าเป็นลบทุกตัว

ดังนั้น จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรคมีความเสถียรภาพในเชิงเส้นกำกับ (local asymptotically stable) เมื่อ  $R_0 < 1$

ii) จุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรัง  $E_2 = (S^*, E_A^*, 0, I_A^*, 0, Q^*)$

จากการคำนวณค่าลักษณะเฉพาะคือ

$$(d + \gamma + \lambda)(\lambda^5 + a_1\lambda^4 + a_2\lambda^3 + a_3\lambda^2 + a_4\lambda + a_5) = 0 \quad (20)$$

โดยที่

$$a_1 = \frac{1}{IIP_A} (1 + dIIP_A)^3 IIP_B^3 IIq_A^3 (1 + dIIq_A)^3 IIq_B\beta_A^4 ((1 + dIIP_A)(1 + dIIq_A)(IIP_B IIq_A IIq_B + IIP_A (IIq_A IIq_B + IIP_B (IIq_A + IIq_B + 4dIIq_A IIq_B)))) + NIIIP_A IIP_B IIq_A^2 IIq_B\beta_A\mu_H)$$

$$a_2 = \frac{-1}{IIP_A} (1 + dIIP_A)^3 IIP_B^3 IIq_A^7 (1 + dIIq_A)^3 IIq_B\beta_A^3 (d^2 IIP_A^3 (1 + dIIq_A)^2 IIq_B\beta_B + dIIP_A^2 (1 + dIIP_A)((-IIq_A - IIq_B - 3dIIq_A IIq_B - IIP_B(1 + 3dIIq_A + d(2 + 5dIIq_A) IIq_B))\beta_A + 2(1 + dIIq_A) IIq_B\beta_B) + IIq_A\beta_A((-1 - dIIq_A)(IIq_B + IIP_B(1 + 2dIIq_B)) - NIIIP_B IIq_A IIq_B\beta_A\mu_H) + IIP_A((1 + dIIq_A)((-IIq_A - IIq_B - 4dIIq_A IIq_B - IIP_B(1 + 4dIIq_A + d(2 + 7dIIq_A) IIq_B))\beta_A + (1 + dIIq_A) IIq_B\beta_B) - NIIq_A(IIq_A IIq_B + IIP_B(IIq_A + IIq_B + 4dIIq_A IIq_B))\beta_A^2\mu_H))$$

$$a_3 = \frac{-1}{IIP_A} (1 + dIIP_A)^3 IIP_B^3 IIq_A^6 (1 + dIIq_A)^3 IIq_B\beta_A^3 (d^2 IIP_A^3 (1 + dIIq_A)^2 (1 + 2dIIq_A) IIq_B\beta_B + IIq_A((1 + dIIq_A)(IIq_B(dIIP_B\beta_A + \beta_B) + IIq_A((-1 - d(IIp_B + IIq_B))\beta_A + dIIq_B\beta_B)) - NIIq_A(IIq_A IIq_B + IIP_B(IIq_A + IIq_B + 3dIIq_A IIq_B))\beta_A^2\mu_H) + IIP_A((1 + dIIq_A)(-IIq_A((1 + 3dIIq_A)(1 + dIIq_B) + dIIP_B(1 + 3dIIq_A + d(-1 + dIIq_A) IIq_B))\beta_A + (1 + dIIq_A)(1 + 4dIIq_A) IIq_B\beta_B) - NIIq_A^2\beta_A((IIq_A + IIq_B + 3dIIq_A IIq_B + IIP_B(1 + 3d(IIq_A + IIq_B + 2dIIq_A IIq_B)))\beta_A - (1 + dIIq_A) IIq_B\beta_B)\mu_H) - dIIP_A^2(1 + dIIq_A)(-2IIq_B\beta_B + IIq_A((1 + d(IIp_B + IIq_B))\beta_A - 7dIIq_B\beta_B) + IIq_A^2(-5d^2 IIq_B\beta_B + \beta_A(d(2 + 2dIIP_B + d(2 + dIIP_B) IIq_B) - NIIq_B\beta_B\mu_H))))$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$a_4 = \frac{-1}{I p_A} (1 + d I p_A)^3 I p_B^3 I q_A^7 (1 + d I q_A)^3 I q_B \beta_A^4 (d(1 + d I p_A)^2 (1 + d I q_A)^2 I q_B + N(-I q_A (I q_A + I q_B + 2 d I q_A I q_B + I p_A 91 + 2 d I q_A + d(2 + 3 d I q_A) I q_B)) \beta_A + (1 + d I p_A)(1 + d I q_A)(I q_A + I p_A(1 + 2 d I q_A)) I q_B \beta_B) \mu_H + I p_B (d(1 + d I p_A)^2 (1 + d I q_A)^2 (1 + 2 d I q_B) - N I q_A (1 + 2 d I q_A + d(2 + 3 d I q_A) I q_B + d I p_A (2 + 3 d I q_A + d(3 + 4 d I q_A) I q_B)) \beta_A \mu_H)$$

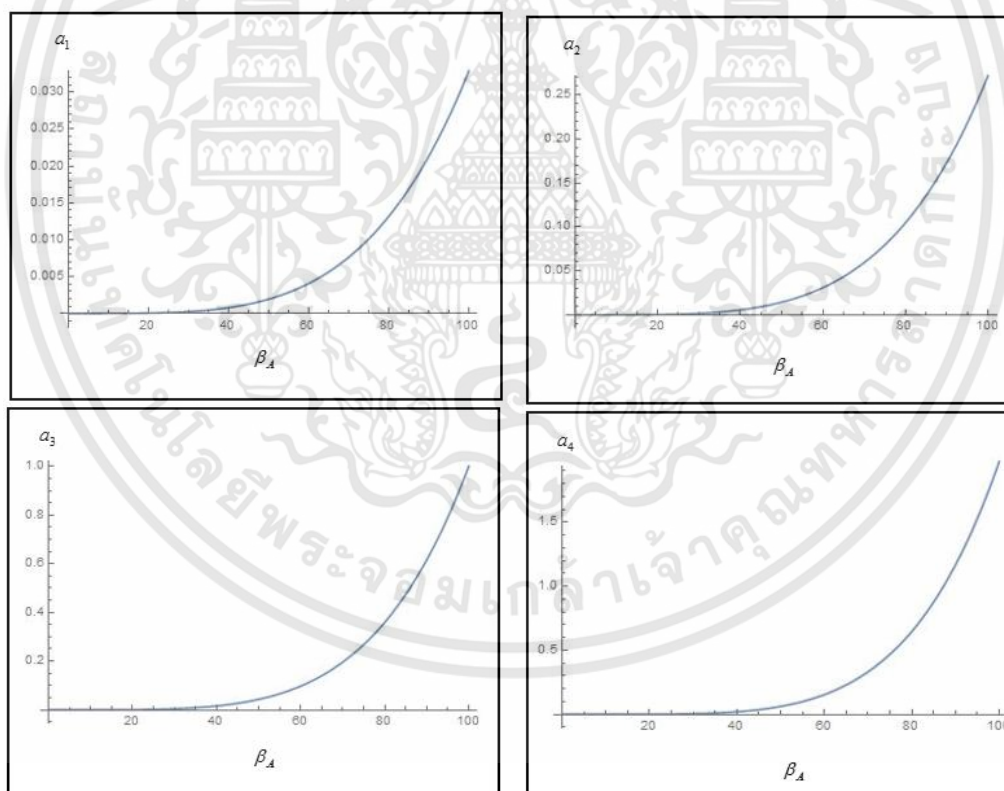
$$a_5 = \frac{1}{I p_A} (1 + d I p_A)^4 I p_B^3 I q_A^7 (1 + d I q_A)^4 I q_B \beta_A^3 (- (1 + d I p_B) I q_A (1 + d I q_B) \beta_A + (1 + d I p_A)(1 + d I q_A) I q_B \beta_B) (d(1 + d I p_A)(1 + d I q_A) - N I q_A \beta_A \mu_H)$$

จะได้ว่า

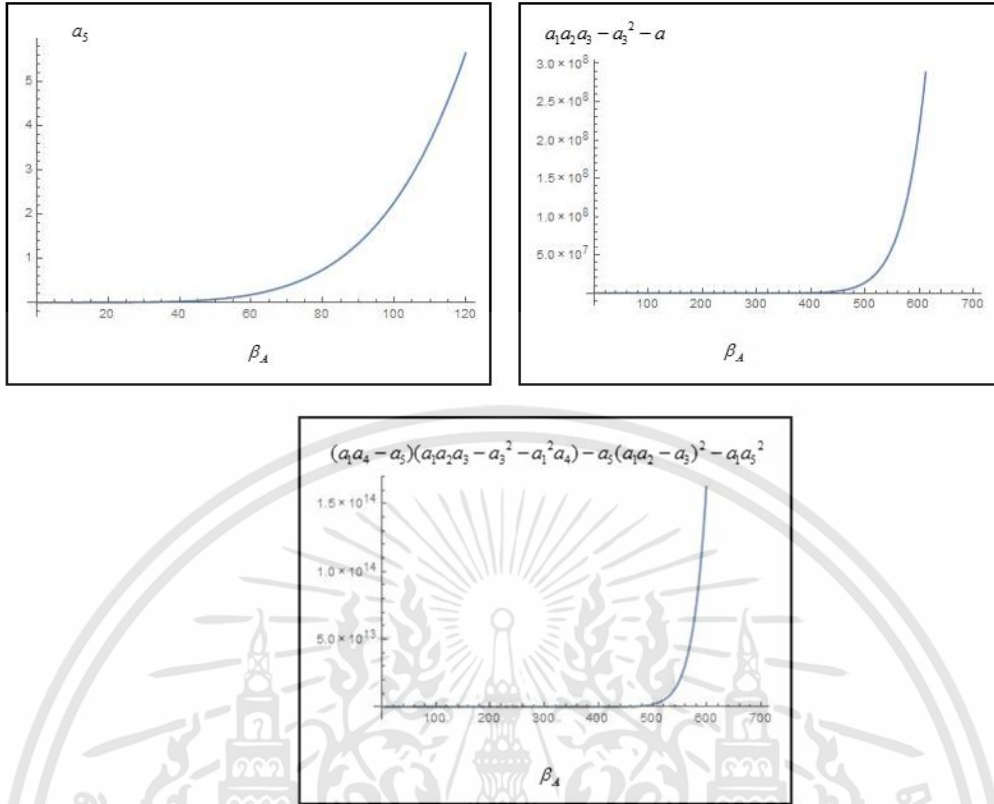
$$a_1 > 0, a_2 > 0, a_3 > 0, a_4 > 0, a_5 > 0, a_1 a_2 a_3 - a_3^2 - a_1^2 a_4 > 0 \text{ และ}$$

$$(a_1 a_4 - a_5)(a_1 a_2 a_3 - a_3^2 - a_1^2 a_4) - a_5 (a_1 a_2 - a_3)^2 - a_1 a_5^2 > 0$$

โดยแสดงดังรูปที่ 4.47



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.47 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับจุดสมดุลในสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A ซึ่งสอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh-Hurwitz โดยมีค่าพารามิเตอร์ดังตารางที่ 4.2

นั่นคือ สมการ (20) สอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh - Hurwitz [32-33] ดังนั้นจุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรังมีความเสถียรภาพในเชิงเส้นกำกับ (local asymptotically stable) เมื่อ  $R_0 > 1$

iii) จุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรัง  $E_3 = (S^*, 0, E_B^*, 0, I_B^*, Q^*)$

จากการคำนวณค่าลักษณะเฉพาะคือ

$$(d + \gamma + \lambda)\lambda^5 + b_1\lambda^4 + b_2\lambda^3 + b_3\lambda^2 + b_4\lambda + b_5 = 0 \tag{21}$$

โดยที่

$$b_1 = \frac{1}{\Pi p_A} \Pi p_B^3 (1 + d\Pi p_B)^3 \Pi q_A \Pi q_B^7 (1 + d\Pi q_B)^3 \beta_B^4 ((1 + d\Pi p_B)(1 + d\Pi q_B)(\Pi p_B \Pi q_A \Pi q_B + \Pi p_A (\Pi q_A \Pi q_B + \Pi p_B (\Pi q_A + \Pi q_B + 4d\Pi q_A \Pi q_B))) + N\Pi p_A \Pi p_B \Pi q_A \Pi q_B^2 \beta_B \mu_H)$$

$$b_2 = \frac{-1}{\Pi p_A} \Pi p_B^3 (1 + d\Pi p_B)^3 \Pi q_A \Pi q_B^7 (1 + d\Pi p_B)^3 \beta_B^3 ((1 + d\Pi p_B)(1 + d\Pi q_B)(\Pi p_B (1 + d\Pi p_B) \Pi q_A (1 + d\Pi q_B) \beta_A - (\Pi p_B (\Pi q_A + \Pi p_A (1 + 2d\Pi q_A)) + (\Pi q_A + \Pi p_B (1 + 3d\Pi q_A)) + \Pi p_A (1 + 2d\Pi q_A + d\Pi p_B (3 + 5d\Pi q_A))) \Pi q_B) \beta_B) - N\Pi q_B (\Pi p_B \Pi q_A \Pi q_B + \Pi p_A (\Pi q_A \Pi q_B + \Pi p_B (\Pi q_A + \Pi q_B + 4d\Pi q_A \Pi q_B))) \beta_B^2 \mu_H)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\begin{aligned}
b_3 = & \frac{-1}{\Pi p_A} \Pi p_B^3 (1+d\Pi p_B)^3 \Pi q_A \Pi q_B^6 (1+d\Pi q_B)^3 \beta_B^3 (d^2 \Pi p_B^3 \Pi q_A (1+d\Pi q_B)^2 (1+2d\Pi q_B) \beta_A + \\
& (-d\Pi p_A \Pi q_A + (1+d(\Pi p_A + \Pi q_A)) \Pi q_B) \beta_B) - N \Pi q_B (\Pi q_A \Pi q_B + \Pi p_A (\Pi q_A + \Pi q_B + \\
& 3d\Pi q_A \Pi q_B)) \beta_B^2 \mu_H + \Pi p_B ((1+d\Pi q_B) (\Pi q_A (1+d\Pi q_B) (1+4d\Pi q_B) \beta_A - \\
& \Pi q_B ((1+d\Pi q_A) (1+3d\Pi q_B) + d\Pi p_A (1-d\Pi q_A + d(3+d\Pi q_A) \Pi q_B)) \beta_B) - \\
& N \Pi q_B^2 \beta_B (-\Pi q_A (1+d\Pi q_B) \beta_A + (\Pi q_A + \Pi q_B + 3d\Pi q_A \Pi q_B + \Pi p_A (1+3d(\Pi q_A + \Pi q_B + \\
& 2d\Pi q_A \Pi q_B))) \beta_B) \mu_H - d\Pi p_B^2 (1+d\Pi q_B) ((1+d\Pi p_A) \Pi q_B (1+2d\Pi q_B) \beta_B + \\
& \Pi q_A (d\Pi q_B (1+d(2+d\Pi p_A) \Pi q_B) \beta_B - \beta_A (2+\Pi q_B (d(7+5d\Pi q_B) + N \Pi q_B \beta_B \mu_H))))))
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
b_4 = & \frac{-1}{\Pi p_A} \Pi p_B^3 (1+d\Pi p_B)^3 \Pi q_A \Pi q_B^7 (1+d\Pi q_B)^3 \beta_B^4 (d(1+d\Pi p_B)^2 \Pi q_A (1+d\Pi q_B)^2 + \\
& N((1+d\Pi p_B) \Pi q_A (1+d\Pi q_B) (\Pi q_B + \Pi p_B (1+2d\Pi q_B)) \beta_A - \\
& \Pi q_B (\Pi q_A + \Pi q_B + 2d\Pi q_A \Pi q_B + \Pi p_B (1+2d\Pi q_A + d(2+3d\Pi q_A) \Pi q_B)) \beta_B) \mu_H + \\
& \Pi p_A (d(1+d\Pi p_B)^2 (1+2d\Pi q_A) (1+d\Pi q_B)^2 - N \Pi q_B (1+2d\Pi q_A + d(2+3d\Pi q_A) \Pi q_B + \\
& d\Pi p_B (2+3d\Pi q_A + d(3+4d\Pi q_A) \Pi q_B)) \beta_B \mu_H))
\end{aligned}$$

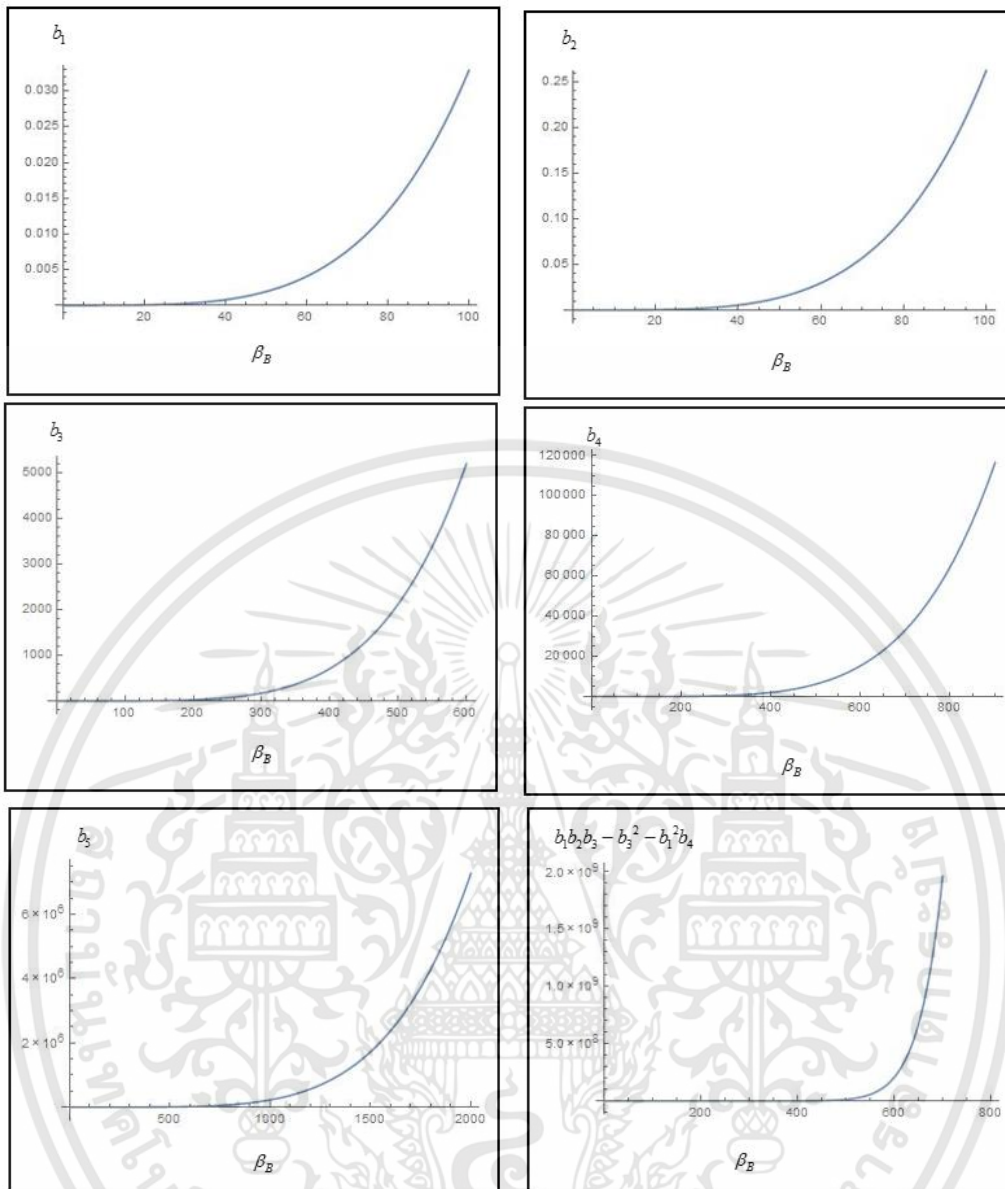
$$\begin{aligned}
b_5 = & \frac{1}{\Pi p_A} \Pi p_B^3 (1+d\Pi p_B)^4 \Pi q_A \Pi q_B^6 (1+d\Pi q_B)^4 \beta_B^3 ((1+d\Pi p_B) \Pi q_A (1+d\Pi q_B) \beta_A - \\
& (1+d\Pi p_A) (1+d\Pi q_A) \Pi q_B \beta_B) (d(1+d\Pi p_B) (1+d\Pi q_B) - N \Pi q_B \beta_B \mu_H)
\end{aligned}$$

จะได้ว่า

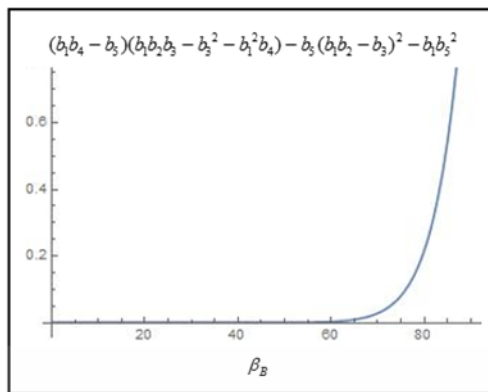
$$b_1 > 0, b_2 > 0, b_3 > 0, b_4 > 0, b_5 > 0, b_1 b_2 b_3 - b_3^2 - b_1^2 b_4 > 0 \text{ และ}$$

$$(b_1 b_4 - b_5)(b_1 b_2 b_3 - b_3^2 - b_1^2 b_4) - b_5 (b_1 b_2 - b_3)^2 - b_1 b_5^2 > 0$$

โดยแสดงดังรูปที่ 4.48



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.48 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับจุดสมดุลในสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ B ซึ่งสอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh-Hurwitz โดยมีค่าพารามิเตอร์ดังตารางที่ 4.2

นั่นคือ สมการ (21) สอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh – Hurwitz [32-33] ดังนั้นจุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรังมีความเสถียรภาพในเชิงเส้นกำกับ (local asymptotically stable) เมื่อ  $R_0 > 1$

**แบบจำลองที่ 2 SEIR**

การหาความเสถียรภาพของจุดสมดุลสามารถพิจารณาได้จากค่าลักษณะเฉพาะของเมทริกซ์จาโคเบียนจากระบบสมการ (4.14) – (4.19) สามารถเขียนในรูปเมทริกซ์จาโคเบียนได้ดังนี้

$$J = \begin{bmatrix} -\beta_A I_A N - \beta_B I_B N - d & 0 & 0 & -\beta_A S N & -\beta_B S N & \alpha \\ \beta_A I_A N & \frac{-1}{\Pi p_A} - d & 0 & \beta_A S N & 0 & 0 \\ \beta_B I_B N & 0 & \frac{-1}{\Pi p_B} - d & 0 & \beta_B S N & 0 \\ 0 & \frac{1}{\Pi p_A} & 0 & -\gamma_A - d & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{\Pi p_B} & 0 & -\gamma_B - d & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \gamma_A & \gamma_B & -\alpha - d \end{bmatrix}_{(S, E_A, E_B, I_A, I_B, R)}$$

พิจารณาค่าลักษณะเฉพาะได้จากสมการลักษณะเฉพาะ

$$\det(J - \lambda I_6) = 0$$

เมื่อ  $I_6$  คือ เมทริกซ์เอกลักษณ์ขนาด  $6 \times 6$  หรือ  $I_6 = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$

i) จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรค  $E_1 = (\frac{\mu_H}{d}, 0, 0, 0, 0, 0)$

จากการคำนวณค่าลักษณะเฉพาะคือ

$$\lambda_1 = -d$$

$$\lambda_2 = -d - \alpha$$

$$\lambda_3 = -\left[ \frac{d + dIIP_A(2d + \gamma_A) + \sqrt{d(d(1 + IIP_A\gamma_A)^2 + 4NIIp_A\beta_A\mu_H)}}{2dIIP_A} \right]$$

$$\lambda_4 = \frac{-d + dIIP_A(-2d + \gamma_A) + \sqrt{d(d(1 + IIP_A\gamma_A)^2 + 4NIIp_A\beta_A\mu_H)}}{2dIIP_A}$$

มีค่าเป็นลบ เมื่อ  $\sqrt{d(d(1 + IIP_A\gamma_A)^2 + 4NIIp_A\beta_A\mu_H)} + dIIP_A\gamma_A < d + 2d^2IIP_A$

$$\lambda_5 = -\left[ \frac{d + dIIP_B(2d + \gamma_B) + \sqrt{d(d(1 + IIP_B\gamma_B)^2 + 4NIIp_B\beta_B\mu_H)}}{2dIIP_B} \right]$$

$$\lambda_6 = \frac{-d + dIIP_B(-2d + \gamma_B) + \sqrt{d(d(1 + IIP_B\gamma_B)^2 + 4NIIp_B\beta_B\mu_H)}}{2dIIP_B}$$

มีค่าเป็นลบ เมื่อ  $\sqrt{d(d(1 + IIP_B\gamma_B)^2 + 4NIIp_B\beta_B\mu_H)} + dIIP_B\gamma_B < d + 2d^2IIP_B$

เนื่องจากค่าเจาะจง (Eigenvalue) มีค่าเป็นลบทุกตัว

ดังนั้น จุดสมดุลภายใต้สภาวะไร้โรคมีความเสถียรภาพในเชิงเส้นกำกับ (local asymptotically stable) เมื่อ  $R_0 < 1$

ii) จุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรัง  $E_2 = (S^*, 0, E_A^*, 0, I_A^*, R^*)$

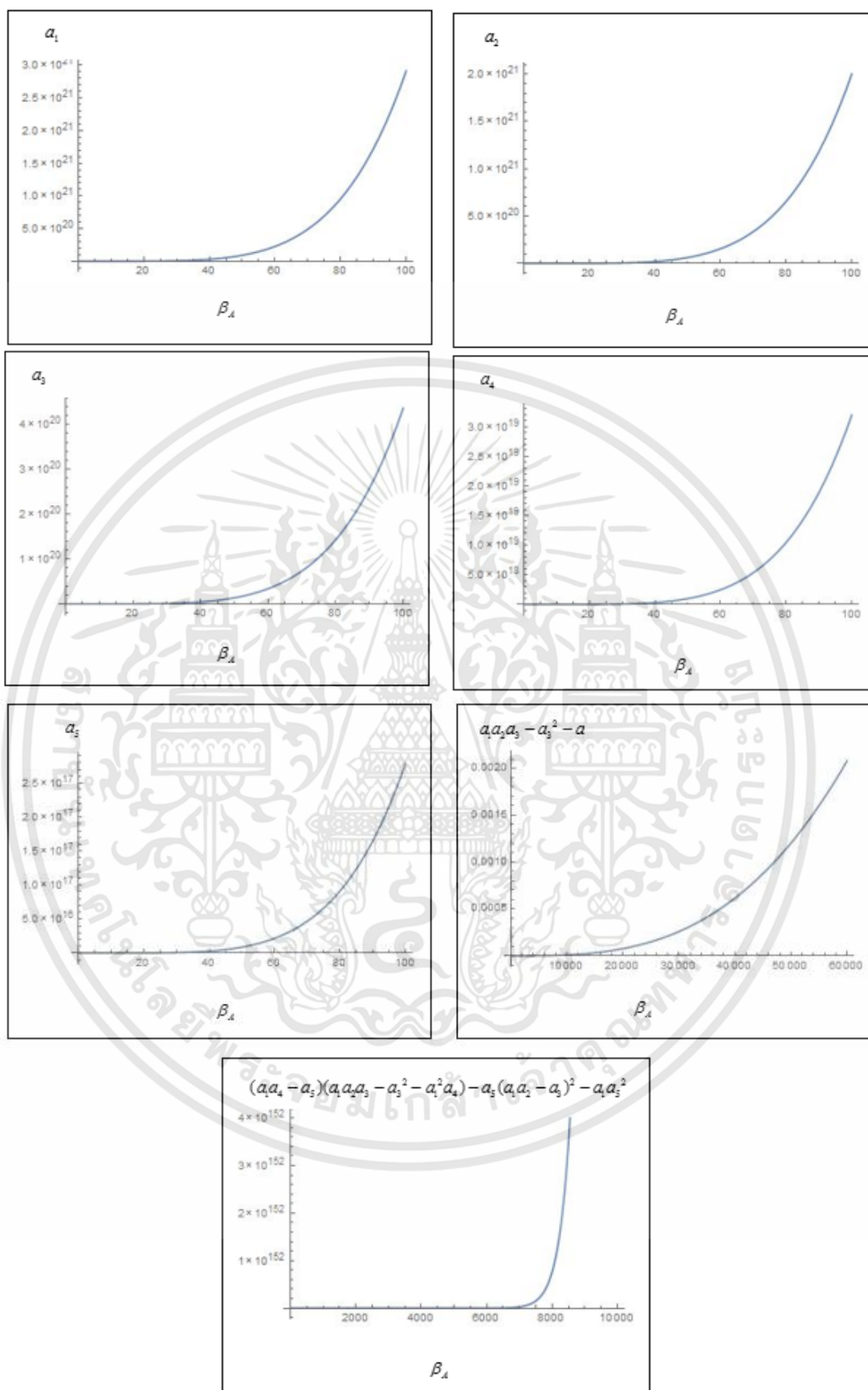
จากการคำนวณค่าลักษณะเฉพาะคือ

$$(d - \alpha - \lambda)(\lambda^5 + a_1\lambda^4 + a_2\lambda^3 + a_3\lambda^2 + a_4\lambda + a_5) = 0 \quad (22)$$

โดยที่  $a_1, a_2, a_3, a_4, a_5$  แสดงในภาคผนวก ก. จะได้ว่า

$$a_1 > 0, a_2 > 0, a_3 > 0, a_4 > 0, a_5 > 0, a_1a_2a_3 - a_3^2 - a_1^2a_4 > 0 \text{ และ}$$

$$(a_1a_4 - a_5)(a_1a_2a_3 - a_3^2 - a_1^2a_4) - a_5(a_1a_2 - a_3)^2 - a_1a_5^2 > 0 \text{ แสดงดังรูปที่ 4.49}$$



รูปที่ 4.49 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับจุดสมดุลในสภาวะระบดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A ซึ่งสอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh-Hurwitz โดยมีค่าพารามิเตอร์ดังตารางที่ 4.4 เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นอนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

นั่นคือ สมการ (22) สอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh – Hurwitz [32-33]  
 ดังนั้นจุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรังมีความเสถียรภาพในเชิงเส้นกำกับ (local asymptotically stable) เมื่อ  $R_0 > 1$

$$\text{iii) จุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรัง } E_3 = (S^*, 0, E_B^*, 0, I_B^*, R^*)$$

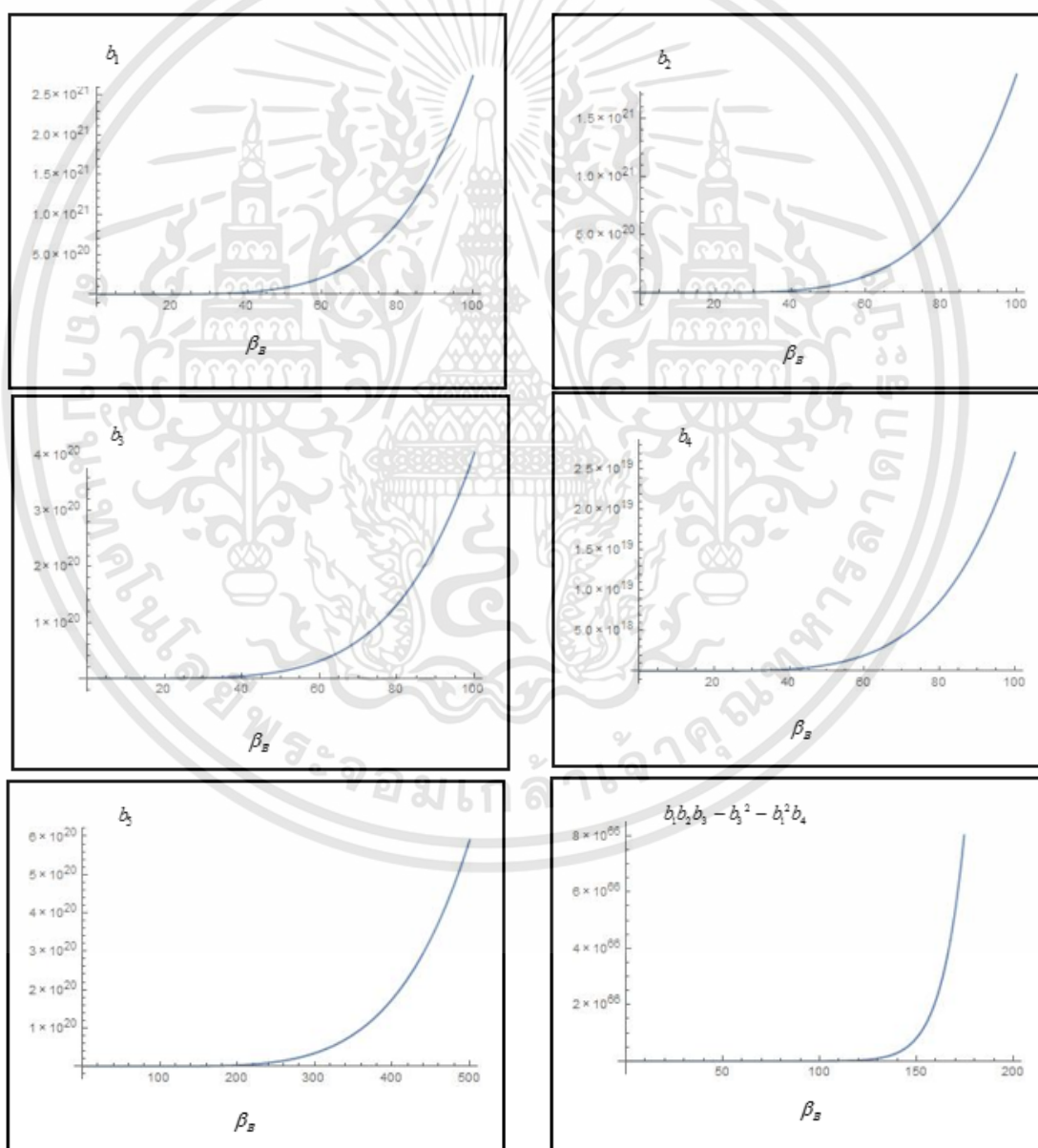
จากการคำนวณค่าลักษณะเฉพาะคือ

$$(d - \alpha - \lambda)(\lambda^5 + b_1\lambda^4 + b_2\lambda^3 + b_3\lambda^2 + b_4\lambda + b_5) = 0 \quad (23)$$

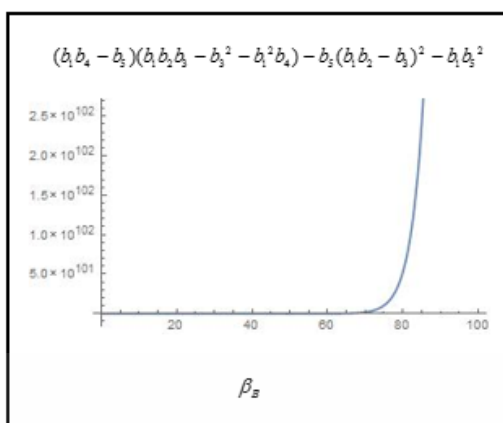
โดยที่  $b_1, b_2, b_3, b_4, b_5$  แสดงในภาคผนวก ก. จะได้ว่า

$$b_1 > 0, b_2 > 0, b_3 > 0, b_4 > 0, b_5 > 0, b_1 b_2 b_3 - b_3^2 - b_1^2 b_4 > 0 \text{ และ}$$

$$(b_1 b_4 - b_5)(b_1 b_2 b_3 - b_3^2 - b_1^2 b_4) - b_5 (b_1 b_2 - b_3)^2 - b_1 b_5^2 > 0 \text{ แสดงดังรูปที่ 4.50}$$



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.50 แสดงค่าพารามิเตอร์สำหรับจุดสมดุลในสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ B ซึ่งสอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh-Hurwitz โดยมีค่าพารามิเตอร์ดังตารางที่ 4.4

นั่นคือ สมการ (23) สอดคล้องกับเงื่อนไขของ Routh – Hurwitz [32-33] ดังนั้นจุดสมดุลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรังมีความเสถียรภาพในเชิงเส้นกำกับ (local asymptotically stable) เมื่อ  $R_0 > 1$

#### 4.6 ความเสถียรภาพวงกว้าง

##### แบบจำลองที่ 1 SEIQR

ทฤษฎีบท 4.1 ให้  $E_1 = (S^*, E_A^*, E_B^*, I_A^*, I_B^*, Q^*) = (\frac{\mu_H}{d}, 0, 0, 0, 0, 0)$  ถ้า  $R_0 < 1$

แล้วจุดสมดุลสภาวะไร้โรค  $E_1$  จะมีความเสถียรภาพวงกว้างบน

$$\Omega = \{(S, E_A, E_B, I_A, I_B, Q) \in \mathbb{R}_+^5 : N \leq \frac{\mu_H}{d}\} \text{ และสมมติให้ } S^* N(\beta_A I_A + \beta_B I_B) = 0$$

พิสูจน์ พิจารณาฟังก์ชันไลปูนอฟ (Lyapunov function)

$$P(S, E_A, E_B, I_A, I_B, Q) = (S - S^* \ln S) + E_A + E_B + I_A + I_B + Q$$

จะได้ว่า

1.  $P(S, E_A, E_B, I_A, I_B, Q)$  เป็นฟังก์ชันต่อเนื่อง
2.  $P(S, E_A, E_B, I_A, I_B, Q)$  เป็นฟังก์ชันบวกแน่นอน (positive definite function)

นั่นคือ  $P(x(t)) > 0$  สำหรับ  $x(t) \neq 0$

$$\text{พิจารณา } P(S, E_A, E_B, I_A, I_B, Q) = (S - S^* \ln S) + E_A + E_B + I_A + I_B + Q$$

ซึ่ง  $0 < S \leq 1$  จะได้  $\ln(0) < \ln(S) \leq \ln(1)$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\text{นั่นคือ } -\infty < \ln S \leq 0$$

$$0 \leq -\ln S < \infty$$

$$0 \leq -S^* \ln S < \infty$$

$$S \leq S - S^* \ln S < S + \infty$$

จะได้ว่า  $P(x(t)) > 0$

3. พิจารณา  $\frac{dP}{dt} < 0$

$$\begin{aligned} \frac{dP}{dt} &= \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) \frac{dS}{dt} + \frac{dE_A}{dt} + \frac{dE_B}{dt} + \frac{dI_A}{dt} + \frac{dI_B}{dt} + \frac{dQ}{dt} \\ \frac{dP}{dt} &= \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) \left(-\beta_A S N I_A - \beta_B S N I_B + \mu_H - dS\right) + \left(\beta_A S N I_A - \frac{1}{\Pi p_A} E_A - dE_A\right) \\ &\quad + \left(\beta_B S N I_B - \frac{1}{\Pi p_B} E_B - dE_B\right) + \left(\frac{1}{\Pi p_A} E_A - \frac{1}{\Pi q_A} I_A - dI_A\right) \\ &\quad + \left(\frac{1}{\Pi p_B} E_B - \frac{1}{\Pi q_B} I_B - dI_B\right) + \left(\frac{1}{\Pi q_A} I_A + \frac{1}{\Pi q_B} I_B - (\gamma + d)Q\right) \\ \frac{dP}{dt} &= \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) \left(-\beta_A S N I_A - \beta_B S N I_B + \mu_H - dS\right) \\ &\quad + \beta_A S N I_A + \beta_B S N I_B - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - (\gamma + d)Q \\ \frac{dP}{dt} &= -\beta_A S N I_A - \beta_B S N I_B + \mu_H - dS + \frac{\beta_A S N I_A S^*}{S} + \frac{\beta_B S N I_B S^*}{S} - \frac{\mu_H S^*}{S} \\ &\quad + \frac{dSS^*}{S} + \beta_A S N I_A + \beta_B S N I_B - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - (\gamma + d)Q \\ \frac{dP}{dt} &= \mu_H - \frac{\mu_H S^*}{S} - dS + \frac{dSS^*}{S} + \frac{\beta_A S N I_A S^*}{S} + \frac{\beta_B S N I_B S^*}{S} \\ &\quad - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - (\gamma + d)Q \end{aligned}$$

เนื่องจาก  $S^* = \frac{\mu_H}{d}$  และ  $S^* N(\beta_A I_A + \beta_B I_B) = 0$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\frac{dP}{dt} = \mu_H \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) - d \frac{\mu_H}{\mu_H} S + \mu_H - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - (\gamma + d)Q$$

$$\frac{dP}{dt} = \mu_H \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) - \frac{\mu_H}{S^*} S + \mu_H - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - (\gamma + d)Q$$

$$\frac{dP}{dt} = \mu_H \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) + \mu_H \left(1 - \frac{S}{S^*}\right) - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - (\gamma + d)Q$$

$$\frac{dP}{dt} = \mu_H \left[ \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) + \left(1 - \frac{S}{S^*}\right) \right] - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - (\gamma + d)Q$$

$$\frac{dP}{dt} = \mu_H \left[ 2 - \frac{S^*}{S} - \frac{S}{S^*} \right] - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - (\gamma + d)Q$$

$$\frac{dP}{dt} = \mu_H \left[ \frac{2SS^* + S^{*2} + S^2}{SS^*} \right] - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - (\gamma + d)Q$$

$$\frac{dP}{dt} = -\mu_H \left[ \frac{(S - S^*)^2}{SS^*} \right] - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - (\gamma + d)Q$$

$$\frac{dP}{dt} = -\mu_H \left[ \left( \frac{(S - S^*)^2}{SS^*} \right) + dE_A + dE_B + dI_A + dI_B + (\gamma + d)Q \right] < 0$$

จะได้ว่า  $\frac{dP}{dt} < 0$  ซึ่งมีค่าเป็นลบ

ดังนั้น  $E_1 = (S^*, E_A^*, E_B^*, I_A^*, I_B^*, Q^*)$  มีความเสถียรภาพวงกว้างเชิงเส้นกำกับ (global asymptotically stable) บน  $\Omega$  □

**ทฤษฎีบท 4.2** ให้  $E_2 = (S^*, E_A^*, 0, I_A^*, 0, Q^*)$  ถ้า  $R_0 > 1$  แล้วจุดสมดุลสถานะเรื้อรังของสายพันธุ์ A นั้นคือ  $E_2$  จะมีความเสถียรภาพวงกว้างบน

$$\Omega = \{(S, E_A, E_B, I_A, I_B, Q) \in \mathbb{R}_+^5 : N \leq \frac{\mu_H}{d}\} \text{ เมื่อ } \frac{dI_A}{\mu_H + S^* N \beta_A I_A + dS^*} > 1$$

**พิสูจน์** พิจารณาฟังก์ชันไลปูนอฟ (Lyapunov function)

$$P(S, E_A, E_B, I_A, I_B, Q) = (S - S^* \ln S) + E_A + I_A + Q$$

$$\frac{dP}{dt} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) \frac{dS}{dt} + \frac{dE_A}{dt} + \frac{dI_A}{dt} + \frac{dQ}{dt}$$

$$\frac{dP}{dt} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) (-\beta_A S N I_A + \mu_H - dS) + \left(\beta_A S N I_A - \frac{1}{\Pi p_A} E_A - dE_A\right)$$

$$+ \left(\frac{1}{\Pi p_A} E_A - \frac{1}{\Pi q_A} I_A - dI_A\right) + \left(\frac{1}{\Pi q_A} I_A - (\gamma + d)Q\right)$$

$$\frac{dP}{dt} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) (-\beta_A S N I_A + \mu_H - dS) + \beta_A S N I_A - dE_A - dI_A - (\gamma + d)Q$$

$$\frac{dP}{dt} = -\beta_A S N I_A + \mu_H - dS + \frac{\beta_A S N I_A S^*}{S} - \frac{\mu_H S^*}{S} + \frac{dS S^*}{S} + \beta_A S N I_A - dE_A - dI_A - (\gamma + d)Q$$

$$\frac{dP}{dt} = \beta_A S^* N I_A + \mu_H - dS - \frac{\mu_H S^*}{S} + dS^* - dE_A - dI_A - (\gamma + d)Q$$

$$\frac{dP}{dt} = -S\left(d + \frac{\mu_H S^*}{S^2}\right) + \beta_A S^* N I_A + \mu_H + dS^* - dE_A - dI_A - (\gamma + d)Q$$

เนื่องจาก  $\frac{dI_A}{\mu_H + S^* N \beta_A I_A + dS^*} > 1$

$$\frac{dP}{dt} = -S\left(d + \frac{\mu_H S^*}{S^2}\right) - dE_A - (\gamma + d)Q$$

จะได้ว่า  $\frac{dP}{dt} < 0$  ซึ่งมีค่าเป็นลบ

ดังนั้น  $E_2$  มีความเสถียรภาพวงกว้างเชิงเส้นกำกับ (global asymptotically stable) บน  $\Omega$

□

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

**ทฤษฎีบท 4.3** ให้  $E_3 = (S^*, 0, E_B^*, 0, I_B^*, Q^*)$  ถ้า  $R_0 > 1$  แล้วจุดสมดุลสถานะเรื้อรังของสายพันธุ์ B นั้นคือ  $E_3$  จะมีความเสถียรภาพวงกว้างบน

$$\Omega = \{(S, E_A, E_B, I_A, I_B, Q) \in \mathbb{R}_+^5 : N \leq \frac{\mu_H}{d}\} \text{ เมื่อ } \frac{dI_B}{\mu_H + S^* N \beta_B I_B + dS^*} > 1$$

พิสูจน์ พิจารณาฟังก์ชันไลปูนอฟ (Lyapunov function)

$$P(S, E_A, E_B, I_A, I_B, Q) = (S - S^* \ln S) + E_B + I_B + Q$$

$$\frac{dP}{dt} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) \frac{dS}{dt} + \frac{dE_B}{dt} + \frac{dI_B}{dt} + \frac{dQ}{dt}$$

$$\frac{dP}{dt} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) (-\beta_B S N I_B + \mu_H - dS) + \left(\beta_B S N I_B - \frac{1}{\Pi p_B} E_B - dE_B\right)$$

$$+ \left(\frac{1}{\Pi p_B} E_B - \frac{1}{\Pi q_B} I_B - dI_B\right) + \left(\frac{1}{\Pi q_B} I_B - (\gamma + d)Q\right)$$

$$\frac{dP}{dt} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) (-\beta_B S N I_B + \mu_H - dS) + \beta_B S N I_B - dE_B - dI_B - (\gamma + d)Q$$

$$\frac{dP}{dt} = -\beta_B S N I_B + \mu_H - dS + \frac{\beta_B S N I_B S^*}{S} - \frac{\mu_H S^*}{S} + \frac{dS S^*}{S} + \beta_B S N I_B - dE_B - dI_B - (\gamma + d)Q$$

$$\frac{dP}{dt} = \beta_B S^* N I_B + \mu_H - dS - \frac{\mu_H S^*}{S} + dS^* - dE_B - dI_B - (\gamma + d)Q$$

$$\frac{dP}{dt} = -S\left(d + \frac{\mu_H S^*}{S^2}\right) + \beta_B S^* N I_B + \mu_H + dS^* - dE_B - dI_B - (\gamma + d)Q$$

เนื่องจาก  $\frac{dI_B}{\mu_H + S^* N \beta_B I_B + dS^*} > 1$

$$\frac{dP}{dt} = -S\left(d + \frac{\mu_H S^*}{S^2}\right) - dE_B - (\gamma + d)Q$$

จะได้ว่า  $\frac{dP}{dt} < 0$  ซึ่งมีค่าเป็นลบ

ดังนั้น  $E_3$  มีความเสถียรภาพวงกว้างเชิงเส้นกำกับ (global asymptotically stable) บน  $\Omega$

□

## แบบจำลองที่ 2 SEIR

**ทฤษฎีบท 4.4** ให้  $E_1 = (S^*, E_A^*, E_B^*, I_A^*, I_B^*, R^*) = (\frac{\mu_H}{d}, 0, 0, 0, 0, 0)$  ถ้า  $\mathcal{R}_0 < 1$

แล้วจุดสมดุลสถานะไร้โรค  $E_1$  จะมีความเสถียรภาพวงกว้างบน

$\Omega = \{(S, E_A, E_B, I_A, I_B, R) \in \mathbb{R}_+^5 : N \leq \frac{\mu_H}{d}\}$  และสมมติให้

$$\frac{S^*}{S} (\beta_A S N I_A + \beta_B S N I_B - \alpha R) = 0$$

**พิสูจน์** พิจารณาฟังก์ชันไลปูนอฟ (Lyapunov function)

$$P(S, E_A, E_B, I_A, I_B, R) = [(S - S^* \ln S) - 1] + E_A + E_B + I_A + I_B + R$$

จะได้ว่า

1.  $P(S, E_A, E_B, I_A, I_B, R)$  เป็นฟังก์ชันต่อเนื่อง
2.  $P(S, E_A, E_B, I_A, I_B, R)$  เป็นฟังก์ชันบวกแน่นอน (positive definite function)

นั่นคือ  $P(x(t)) > 0$  สำหรับ  $x(t) \neq 0$

พิจารณา  $P(S, E_A, E_B, I_A, I_B, R) = (S - S^* \ln S) + E_A + E_B + I_A + I_B + R$

ซึ่ง  $0 < S \leq 1$  จะได้  $\ln(0) < \ln(S) \leq \ln(1)$

นั่นคือ  $-\infty < \ln S \leq 0$

$$0 \leq -\ln S < \infty$$

$$0 \leq -S^* \ln S < \infty$$

$$S \leq S - S^* \ln S < S + \infty$$

จะได้ว่า  $P(x(t)) > 0$

3. พิจารณา  $\frac{dP}{dt} < 0$

$$\frac{dP}{dt} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) \frac{dS}{dt} + \frac{dE_A}{dt} + \frac{dE_B}{dt} + \frac{dI_A}{dt} + \frac{dI_B}{dt} + \frac{dR}{dt}$$

$$\begin{aligned} \frac{dP}{dt} &= \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) \left(-\beta_A S N I_A - \beta_B S N I_B + \mu_H - dS + \alpha R\right) + \left(\beta_A S N I_A - \frac{1}{I p_A} E_A - dE_A\right) \\ &+ \left(\beta_B S N I_B - \frac{1}{I p_B} E_B - dE_B\right) + \left(\frac{1}{I p_A} E_A - \gamma_A I_A - dI_A\right) \\ &+ \left(\frac{1}{I p_B} E_B - \gamma_B I_B - dI_B\right) + (\gamma_A I_A + \gamma_B I_B - (\alpha + d)R) \end{aligned}$$

$$\frac{dP}{dt} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) \left(-\beta_A S N I_A - \beta_B S N I_B + \mu_H - dS + \alpha R\right)$$

$$+ \beta_A S N I_A + \beta_B S N I_B - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - (\alpha + d)R$$

$$\begin{aligned} \frac{dP}{dt} &= -\beta_A S N I_A - \beta_B S N I_B + \mu_H - dS + \alpha R + \frac{\beta_A S N I_A S^*}{S} + \frac{\beta_B S N I_B S^*}{S} - \frac{\mu_H S^*}{S} \\ &+ \frac{dS S^*}{S} - \frac{\alpha R S^*}{S} + \beta_A S N I_A + \beta_B S N I_B - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - (\alpha + d)R \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \frac{dP}{dt} &= \mu_H - \frac{\mu_H S^*}{S} - dS + \frac{dS S^*}{S} - \frac{\alpha R S^*}{S} + \frac{S^*}{S} (\beta_A S N I_A + \beta_B S N I_B - \alpha R) \\ &- dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - dR \end{aligned}$$

เนื่องจาก  $S^* = \frac{\mu_H}{d}$  และ  $\frac{S^*}{S} (\beta_A S N I_A + \beta_B S N I_B - \alpha R) = 0$

$$\frac{dP}{dt} = \mu_H \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) - d \frac{\mu_H}{\mu_H} S + \mu_H - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - dR$$

$$\frac{dP}{dt} = \mu_H \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) - \frac{\mu_H}{S^*} S + \mu_H - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - dR$$

$$\frac{dP}{dt} = \mu_H \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) + \mu_H \left(1 - \frac{S}{S^*}\right) - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - dR$$

$$\frac{dP}{dt} = \mu_H \left[ \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) + \left(1 - \frac{S}{S^*}\right) \right] - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - dR$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\frac{dP}{dt} = \mu_H \left[ 2 - \frac{S^*}{S} - \frac{S}{S^*} \right] - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - dR$$

$$\frac{dP}{dt} = \mu_H \left[ \frac{2SS^* + S^{*2} + S^2}{SS^*} \right] - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - dR$$

$$\frac{dP}{dt} = -\mu_H \left[ \frac{(S - S^*)^2}{SS^*} \right] - dE_A - dE_B - dI_A - dI_B - dR$$

$$\frac{dP}{dt} = -\mu_H \left[ \left( \frac{(S - S^*)^2}{SS^*} \right) + dE_A + dE_B + dI_A + dI_B + dR \right] < 0$$

จะได้ว่า  $\frac{dP}{dt} < 0$  ซึ่งมีค่าเป็นลบ

ดังนั้น  $E_1 = (S^*, E_A^*, E_B^*, I_A^*, I_B^*, Q^*)$  มีความเสถียรภาพวงกว้างเชิงเส้นกำกับ (global asymptotically stable) บน  $\Omega$  □

**ทฤษฎีบท 4.5** ให้  $E_2 = (S^*, E_A^*, 0, I_A^*, 0, R^*)$  ถ้า  $\mathcal{R}_0 > 1$  แล้วจุดสมดุลสถานะเรื้อรังของสายพันธุ์ A นั่นคือ  $E_2$  จะมีความเสถียรภาพวงกว้างบน

$$\Omega = \{(S, E_A, E_B, I_A, I_B, R) \in \mathbb{R}_+^5 : N \leq \frac{\mu_H}{d}\} \text{ เมื่อ } \frac{dI_A}{\mu_H + \beta_A S^* N I_A + dS^*} > 1$$

**พิสูจน์** พิจารณาฟังก์ชันไลปูนอฟ (Lyapunov function)

$$P(S, E_A, E_B, I_A, I_B, R) = (S - S^* \ln S) + E_A + E_B + I_A + I_B + R$$

$$\frac{dP}{dt} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) \frac{dS}{dt} + \frac{dE_A}{dt} + \frac{dI_A}{dt} + \frac{dR}{dt}$$

$$\frac{dP}{dt} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) (-\beta_A S N I_A + \mu_H - dS + \alpha R) + \left(\beta_A S N I_A - \frac{1}{H p_A} E_A - dE_A\right)$$

$$+ \left(\frac{1}{H p_A} E_A - \gamma_A I_A - dI_A\right) + (\gamma_A I_A - (\alpha + d)R)$$

$$\frac{dP}{dt} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) (-\beta_A S N I_A + \mu_H - dS + \alpha R) + \beta_A S N I_A - dE_A - dI_A - (\alpha + d)R$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\frac{dP}{dt} = \mu_H - dS + \alpha R + \frac{\beta_A S N I_A S^*}{S} - \frac{\mu_H S^*}{S} + dS^* - \frac{\alpha R S^*}{S} - dE_A - dI_A - (\alpha + d)R$$

$$\frac{dP}{dt} = -S(d - \frac{\mu_H S^*}{S^2}) + \mu_H + \beta_A N I_A S^* + dS^* - dE_A - dI_A - R(d + \frac{\alpha S^*}{S})$$

เนื่องจาก  $\frac{dI_A}{\mu_H + \beta_A S^* N I_A + dS^*} > 1$

$$\frac{dP}{dt} = -S(d - \frac{\mu_H S^*}{S^2}) - dE_A - R(d + \frac{\alpha S^*}{S})$$

จะได้ว่า  $\frac{dP}{dt} < 0$  ซึ่งมีค่าเป็นลบ

ดังนั้น  $E_2$  มีความเสถียรภาพวงกว้างเชิงเส้นกำกับ (global asymptotically stable) บน  $\Omega$

□

**ทฤษฎีบท 4.6** ให้  $E_3 = (S^*, E_B^*, 0, I_B^*, 0, R^*)$  ถ้า  $\mathcal{R}_0 > 1$  แล้วจุดสมดุลสถานะเรื้อรังของสายพันธุ์ B นั้นคือ  $E_3$  จะมีความเสถียรภาพวงกว้างบน

$$\Omega = \{(S, E_A, E_B, I_A, I_B, R) \in \mathbb{R}_+^5 : N \leq \frac{\mu_H}{d}\} \text{ เมื่อ } \frac{dI_B}{\mu_H + \beta_B S^* N I_B + dS^*} > 1$$

**พิสูจน์** พิจารณาฟังก์ชันไลปูนอฟ (Lyapunov function)

$$P(S, E_A, E_B, I_A, I_B, R) = (S - S^* \ln S) + E_A + E_B + I_A + I_B + R$$

$$\frac{dP}{dt} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) \frac{dS}{dt} + \frac{dE_B}{dt} + \frac{dI_B}{dt} + \frac{dR}{dt}$$

$$\frac{dP}{dt} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) (-\beta_B S N I_B + \mu_H - dS + \alpha R) + \left(\beta_B S N I_B - \frac{1}{\Pi p_B} E_B - dE_B\right)$$

$$+ \left(\frac{1}{\Pi p_B} E_B - \gamma_B I_B - dI_B\right) + (\gamma_B I_B - (\alpha + d)R)$$

$$\frac{dP}{dt} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) (-\beta_B S N I_B + \mu_H - dS + \alpha R) + \beta_B S N I_B - dE_B - dI_B - (\alpha + d)R$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\frac{dP}{dt} = \mu_H - dS + \alpha R + \frac{\beta_B S N I_B S^*}{S} - \frac{\mu_H S^*}{S} + dS^* - \frac{\alpha R S^*}{S} - dE_B - dI_B - (\alpha + d)R$$

$$\frac{dP}{dt} = -S(d - \frac{\mu_H S^*}{S^2}) + \mu_H + \beta_B N I_B S^* + dS^* - dE_B - dI_B - R(d + \frac{\alpha S^*}{S})$$

เนื่องจาก  $\frac{dI_B}{\mu_H + \beta_B S^* N I_B + dS^*} > 1$

$$\frac{dP}{dt} = -S(d - \frac{\mu_H S^*}{S^2}) - dE_B - R(d + \frac{\alpha S^*}{S})$$

จะได้ว่า  $\frac{dP}{dt} < 0$  ซึ่งมีค่าเป็นลบ

ดังนั้น  $E_3$  มีความเสถียรภาพวงกว้างเชิงเส้นกำกับ (global asymptotically stable) บน  $\Omega$

□

## บทที่ 5

### สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

งานวิจัยนี้ได้แสดงรายละเอียดของโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยโดยแยกตามชนิดของเชื้อ และได้นำความรู้ทางคณิตศาสตร์มาประยุกต์ใช้การติดเชื้ของโรค โดยการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคไข้หวัดใหญ่โดยใช้พื้นฐานของการสร้างแบบจำลอง SEIQR และ SEIR ซึ่งในงานวิจัยนี้จะมีการแบ่งเป็น 2 แบบจำลอง ซึ่งในแบบจำลองที่ 1 จะมีการพิจารณาการกักกันผู้ป่วยเพื่อรองรับผู้ป่วย และแบบจำลองที่ 2 จะมีการพิจารณาการติดเชื้ซ้ำหลังจากหายจากโรคไข้หวัดใหญ่

แบบจำลองที่ 1 ได้สร้างแบบจำลอง SEIQR ได้สมมติให้จำนวนประชากรเป็นค่าคงที่ให้อัตราการเกิดเท่ากับอัตราการตาย ซึ่งสมการทางคณิตศาสตร์ที่ได้ จะเป็นสมการเชิงอนุพันธ์ของประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้ ประชากรที่ติดเชื้แต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้ได้ของชนิดสายพันธุ์ A ประชากรที่ติดเชื้แต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้ได้ของชนิดสายพันธุ์ B ประชากรที่ติดเชื้และสามารถถ่ายทอดเชื้ได้ของชนิดสายพันธุ์ A ประชากรที่ติดเชื้และสามารถถ่ายทอดเชื้ได้ของชนิดสายพันธุ์ B ประชากรที่ถูกกักกันโรคเฉลี่ยของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B และประชากรที่ฟื้นไข้ จากนั้นใช้วิธีเชิงพลวัตมาตรฐานในการหาจุดสมดุล โดยพบว่าจะได้จุดสมดุลทั้งหมด 3 จุดสมดุล คือ จุดสมดุลสภาวะไร้โรค 1 จุดสมดุล และจุดสมดุลสภาวะระบาดเรื้อรัง 2 จุดสมดุล ได้แก่ สภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A และ สภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ B ตามเงื่อนไขของพารามิเตอร์ อีกทั้งแสดงเงื่อนไขของตัวแปรที่ทำให้เกิดความเสถียรภาพในแต่ละจุดสมดุล แล้วนำการจำลองเชิงตัวเลขมาแสดงเพื่อยืนยันผลลัพธ์ จากแบบจำลองของโรคไข้หวัดใหญ่ที่ศึกษาแบบจำลองที่ 1 จะได้ค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน ( $R_0$ ) คือ

$$R_0 = \frac{\mu_H N (I p_A + I p_B) I I q_A I I q_B (\beta_A + \beta_B)}{d (I I p_B + I I p_A (1 + 2d I I p_B)) (I I q_B + I I q_A (1 + 2d I I q_B))}$$

โดยการพิจารณาค่าสืบพันธุ์พื้นฐานของสภาวะไร้โรคและสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B โดยสภาวะไร้โรคจะเกิดความเสถียรภาพภายในเมื่อ  $R_0 < 1$  และในสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B จะเกิดความเสถียรภาพภายในเมื่อ  $R_0 > 1$

แบบจำลองที่ 2 ได้สร้างแบบจำลอง SEIR ได้สมมติให้จำนวนประชากรเป็นค่าคงที่ให้อัตราการเกิดเท่ากับอัตราการตาย ซึ่งสมการทางคณิตศาสตร์ที่ได้ จะเป็นสมการเชิงอนุพันธ์ของประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้ ประชากรที่ติดเชื้แต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้ได้ของชนิดสายพันธุ์ A ประชากรที่ติดเชื้แต่ยังไม่สามารถถ่ายทอดเชื้ได้ของชนิดสายพันธุ์ B ประชากรที่ติดเชื้และสามารถถ่ายทอดเชื้ได้ของชนิดสายพันธุ์ A ประชากรที่ติดเชื้และสามารถถ่ายทอดเชื้ได้ของชนิดสายพันธุ์ B และ ประชากรที่ฟื้นไข้ จากนั้นใช้วิธีเชิงพลวัตมาตรฐานในการหาจุดสมดุล โดยพบว่าจะได้จุดสมดุลทั้งหมด 3 จุดสมดุล คือจุดสมดุลสภาวะไร้โรค 1 จุดสมดุล และจุดสมดุลสภาวะระบาดเรื้อรัง 2 จุดสมดุล ได้แก่ สภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A และ สภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ B ตาม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

เงื่อนไขของพารามิเตอร์ อีกทั้งแสดงเงื่อนไขของตัวแปรที่ทำให้เกิดความเสถียรภาพในแต่ละจุดสมดุล แล้วนำการจำลองเชิงตัวเลขมาแสดงเพื่อยืนยันผลลัพธ์ จากแบบจำลองของโรคไข้หวัดใหญ่ที่ศึกษา แบบจำลองที่ 2 จะได้ค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน ( $\mathcal{R}_0$ ) คือ

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\mu_H N (I p_A + I p_B) (\beta_A + \beta_B)}{d (I p_B + I p_A (1 + 2d I p_B)) (\gamma_A + \gamma_B + 2d)}$$

โดยการพิจารณาค่าสืบพันธุ์พื้นฐานของสภาวะไร้โรคและสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B โดยสภาวะไร้โรคจะเกิดความเสถียรภาพภายในเมื่อ  $\mathcal{R}_0 < 1$  และในสภาวะระบาดเรื้อรังของชนิดสายพันธุ์ A และชนิดสายพันธุ์ B จะเกิดความเสถียรภาพภายในเมื่อ  $\mathcal{R}_0 > 1$

จากทั้ง 2 แบบจำลองข้างต้นพบว่าค่าสืบพันธุ์พื้นฐานมีผลต่อการเข้าสู่จุดสมดุล ซึ่งถ้าค่าสืบพันธุ์พื้นฐานมีค่ามากกว่าจะเกิดการระบาดได้เร็วกว่า โรคจึงหยุดการระบาดได้เร็วกว่าค่าสืบพันธุ์พื้นฐานที่น้อยกว่าซึ่งจะเกิดการระบาดได้ช้ากว่า โรคจึงใช้ระยะเวลาในการระบาดนานกว่าจึงจะหยุดการระบาดพร้อมทั้งหาความเสถียรภาพวงกว้างของแบบจำลองทั้งสองด้วยในแต่ละจุดสมดุล

จากที่กล่าวมาข้างต้น สามารถสรุปได้ว่าการลดการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ ทำได้โดยการลดจำนวนประชากรคน อัตราการติดเชื้อทั้งสองสายพันธุ์ อัตราการถูกกักกันโรค เพื่อกรองผู้ป่วยที่มีอาการเสี่ยงต่อการติดเชื้อไข้หวัดใหญ่ เนื่องจาก จำนวนประชากรคน อัตราการติดเชื้อทั้งสองสายพันธุ์ อัตราการถูกกักกันโรค มีผลต่อค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน ซึ่งถ้าค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน  $R_0, \mathcal{R}_0 > 1$  จะทำให้เกิดการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ จากแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคไข้หวัดใหญ่สำหรับสายพันธุ์ A และสายพันธุ์ B ในการลดการระบาดเพื่อให้แบบจำลองมีประสิทธิภาพ และใช้ได้จริง จึงได้มีการนำโปรแกรม Mathematica และ MATLAB มาช่วยในการคำนวณและแสดงผลเชิงตัวเลขของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ที่สอดคล้องกับเงื่อนไขของการระบาดภายใต้สภาวะไร้โรค และสภาวะระบาดเรื้อรัง ซึ่งทำให้สามารถลดการระบาดของโรคได้

การสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคไข้หวัดใหญ่ได้มีการเปรียบเทียบ 2 แบบจำลอง ได้แก่แบบจำลองที่ 1 คือ SEIQR และแบบจำลองที่ 2 คือ SEIR ให้ความแตกต่างของแต่ละแบบจำลองและเสนอแนวทางในการลดการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ ทั้งนี้ผู้สนใจอาจจะพัฒนาแบบจำลองนี้ให้มีความสมบูรณ์มากกว่านี้ โดยพิจารณาวัคซีนในการป้องกันโรคไข้หวัดใหญ่ หรือกำหนดให้ขนาดของประชากรไม่คงที่

## เอกสารอ้างอิง

[1] สำนักโรคบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2561. การเฝ้าระวังโรคไข้หวัดใหญ่ (Influenza) [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[2] สำนักโรคบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2561. ไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก <http://www.boe.moph.go.th/fact/Influenza.htm> ( 30 ตุลาคม 2561.)

[3] Pobpad-พบแพทย์-ข้อมูลสุขภาพดีครบถ้วนและเชื่อถือได้. ไข้หวัดใหญ่. [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก <https://www.pobpad.com/>. (30 ตุลาคม 2561)

[4] สำนักโรคติดต่ออุบัติใหม่ กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2560.รายงานการพยากรณ์โรคและภัยสุขภาพ กรณีโรคไข้หวัดใหญ่ ในประเทศไทย ปี 2560.

[5] ประเสริฐ เอื้อวรากุล. 2551. ไข้หวัดใหญ่ / ไข้หวัดนก. พิมพ์ครั้งที่ 2. นนทบุรี:บริษัทโนว์เลจันเพรส จำกัด.

[6] จิราพร ล้างษ์. 2559. แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของผู้ป่วยโรคไข้หวัดนกในประเทศไทย โดยจำแนกตามโครงสร้างอายุและสายพันธุ์ที่มีการกลายพันธุ์. วิทยานิพนธ์วิทยาศาตรมหาบัณฑิต ภาควิชาคณิตศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง.

[7] รุจิรา คงนุ้ย, เอกชัย เนาวนิช และ เสาวรัตน์ ชูพินิจ. 2557. ตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์กับวิวัฒนาการระบาดของไข้หวัด ไข้หวัดใหญ่ ไข้หวัดนก ไข้หวัดหมู ในประเทศไทย. รายงานการวิจัยประจำปีงบประมาณ 2557 มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลสุวรรณภูมิ.

[8] สำนักโรคบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2546. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[9] สำนักโรคบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2547. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[10] สำนักโรคบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2548. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[11] สำนักโรคบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2549. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[12] สำนักโรคบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2550. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[13] สำนักโรคบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2551. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

[14] สำนักกระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2552. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[15] สำนักกระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2553. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[16] สำนักกระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2554. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[17] สำนักกระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2555. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[18] สำนักกระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2556. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[19] สำนักกระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2557. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[20] สำนักกระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2558. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[21] สำนักกระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2559. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[22] สำนักกระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. 2560. จำนวนผู้ป่วย – เสียชีวิตของโรคไข้หวัดใหญ่ [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก [www.boe.moph.go.th](http://www.boe.moph.go.th) ( 30 ตุลาคม 2561.)

[23] ศูนย์ไข้หวัดใหญ่แห่งชาติ กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ กระทรวงสาธารณสุข. Report 2009. [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก <http://www.thainihnic.org/influenza/main.php?option=report>

[24] ศูนย์ไข้หวัดใหญ่แห่งชาติ กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ กระทรวงสาธารณสุข. Report 2010. [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก <http://www.thainihnic.org/influenza/main.php?option=report>

[25] ศูนย์ไข้หวัดใหญ่แห่งชาติ กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ กระทรวงสาธารณสุข. Report 2011. [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก <http://www.thainihnic.org/influenza/main.php?option=report>

[26] ศูนย์ไข้หวัดใหญ่แห่งชาติ กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ กระทรวงสาธารณสุข. Report 2012. [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก <http://www.thainihnic.org/influenza/main.php?option=report>

- [27] ศูนย์ใช้หวัดใหญ่แห่งชาติ กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ กระทรวงสาธารณสุข. Report 2013. [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก  
<http://www.thainihnic.org/influenza/main.php?option=report>
- [28] ศูนย์ใช้หวัดใหญ่แห่งชาติ กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ กระทรวงสาธารณสุข. Report 2014. [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก  
<http://www.thainihnic.org/influenza/main.php?option=report>
- [29] ศูนย์ใช้หวัดใหญ่แห่งชาติ กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ กระทรวงสาธารณสุข. Report 2015. [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก  
<http://www.thainihnic.org/influenza/main.php?option=report>
- [30] ศูนย์ใช้หวัดใหญ่แห่งชาติ กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ กระทรวงสาธารณสุข. Report 2016. [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก  
<http://www.thainihnic.org/influenza/main.php?option=report>
- [31] ศูนย์ใช้หวัดใหญ่แห่งชาติ กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ กระทรวงสาธารณสุข. Report 2017. [ออนไลน์] เข้าถึงได้จาก  
<http://www.thainihnic.org/influenza/main.php?option=report>
- [32] Miller, R.K. and Michel, A.N. 1982. "Ordinary Differential Equations." Academic Press.
- [33] Leah, E.K. 1998. "Mathematical Model in Biology." New York : Random House.
- [34] Driessche, V.V.D. and Watmough, J. 2002. "Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission." *Mathematical Biosciences* 180,29-48.
- [35] Heffernan, J.M. Smith, R.J. and Wahll, L.M. 2005. "Perspectives on the basic reproduction ratio." *Journal of the Royal Society interface* 2,281-293.
- [36] Yang, H.M. 2014. "The basic reproduction number obtained from Jacobian and next generation matrices – A case study of dengue transmission modelling." *BioSystems* 126(2014) 52-75.
- [37] Jodar, L. Villanueva, R.J. Arenas, A.J. and Gonzalez, G.C. 2008. "Nonstandard numerical methods for a mathematical model for influenza disease," *Mathematics and Computers in Simulation*, Volume 79 (2008). Pages 662-663.

[38]Kongnuy, R. and Naowanich, E. 2014. “Mathematical model of influenza dynamics compare the incubation period and control : in THAILAND.” Mathematical Methods in Science and Engineering. ISBN : 978-1-61804-256-9.

[39] Pongsumpun, P. and Tang, I.M. 2014. “Dynamical of a new strain of the H1N1 influenza A virus incorporating the effects of repetitive contacts.”Computational and Mathematical Methods in Medicine. Volume 2014. Article ID 487974. Pages9.

[40]Kharis, M. and Arifudin, R. 2017. “Mathematical model of seasonal influenza epidemic in central java with treatment action.” International Journal of Pure and Applied Mathematics. Volume 112. No. 3 2017, 517- 558.

[41] Krishnapriya, P. Pitchaimani, M. and Witten, T.M. 2017. “Mathematical analysis of an influenza A epidemic model with discrete delay.” Journal of Computational and Applied Mathematics. Volume324. Pages155-172.

[42]Chong, N.S. Tchuenche, J.M. and Smith, R.J. 2013. “A mathematical model of avian influenza with half-saturated Incidence.” Theory Biosci.(2014)133:23-38. DOI 10.1007/s12064-013-0183-6.

[43]Chanprasopchai, P. Pongsumpun, P. and Tang, I.M. 2017. “Effect of rainfall for the dynamical transmission model of the dengue disease in Thailand.” Computational and Mathematical Methods in Medicine. Volume 2017. Article ID 2541862. Pages17.

[44] Reynolds, J. H. Torremorell, M. and Craft, M. E. 2014. “Mathematical modeling of Influenza A virus dynamics within swine farms and the effects of vaccination.”PLOS ONE 9(8): e106177.doi:10.1371/journal.pone.0106177.

[45]Zhang, L. Li, T. and Xue, Z. 2014. “Mathematical model of influenza viruses.” Project Number: MA-RYL-1314.

[46]Hay, A.J. Gregory, V. Douglas, A.R. and Lin, Y.P. 2011. “The evolution of human influenza viruses.” THE ROYAL SOCIETY. doi10.1098/rstb.2011.0999.

[47]Diekmann, O. Heesterbeek, J.A.P. and Metz, J.A.J. 1990.“On the definition and the computation of the basic reproduction ratio  $R_0$  in models for infectious diseases in heterogeneous populations.” J. Math. Biol. (1990) 28 : 365-382.

[48]Tewa, J.J. Dimi, J.L. and Bowong, S. 2007. “Lyapunov function for dengue disease transmission model.” doi: 10.1016/j.chaos.2007.01.069.

[49]Alexander, M.E. Bowman, C. Moghadas, S.M. Summers, R. Gumel, A.B. and Sahai, B.M. 2004. “A vaccination model for transmission dynamics of influenza.” SIAM J. Applied Dynamical Systems. Vol. 3. No. 4 pp. 503-524.



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



## ภาคผนวก

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



ภาคผนวก ก

## ความเสถียรภาพภายในของแบบจำลองที่ 2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

กำหนดให้  $Iip_A = p_A, Iip_B = p_B$

จุดสมมูลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรัง  $E_2 = (S^*, 0, E_A^*, 0, I_A^*, R^*)$

จากการคำนวณค่าลักษณะเฉพาะคือ

$$(d - \alpha - \lambda)(\lambda^5 + a_1\lambda^4 + a_2\lambda^3 + a_3\lambda^2 + a_4\lambda + a_5) = 0 \quad (22)$$

โดยที่

$$\begin{aligned} a_1 &= \left[ -dP_B(d + \alpha + \gamma_A + (d + \alpha)p_A(d + \gamma_A)) \right. \\ &\quad + P_A(-d(d + \alpha + \gamma_A) - d(d + \alpha)p_A(d + \gamma_A)(1 + P_B(4d - \gamma_A - \gamma_B))) \\ &\quad + P_B(d\gamma_A(-4d + \alpha + \gamma_A + \gamma_B)) \\ &\quad \left. - (d + \alpha)(4d^2 - d(\gamma_A + \gamma_B) + N\beta_A\mu_H) \right] / [dP_AP_B(d + \alpha + \gamma_A + (d + \alpha)p_A(d + \gamma_A))] \\ a_2 &= \frac{1}{dP_AP_B(d + \alpha + \gamma_A + (d + \alpha)p_A(d + \gamma_A))\beta_A} (-dP_A(1 + dP_A)(1 + d\gamma_A)(d + \alpha + \gamma_A \\ &\quad + (d + \alpha)p_A(d + \gamma_A))\beta_B - d\beta_A(-d - \alpha - \gamma_A + P_B((1 - 3d)(d + \alpha) \\ &\quad + d\gamma_A^2 + (d + \alpha)(\gamma_A + \gamma_B) + \gamma_A(1 + \alpha + d(-3 + d + \alpha) + \gamma_A + \gamma_B)) + (d \\ &\quad + \alpha)p_A(d + \gamma_A)(-1 + P_B(1 - 3d + d\gamma_A + \gamma_A + \gamma_B) + P_A(-3d + \gamma_A + \gamma_B \\ &\quad + P_B(d(1 - 6d + d\gamma_A + 3\gamma_A) + (3d - \gamma_A)\gamma_B))) + P_A(-3d(d + \alpha) + (d \\ &\quad + \alpha)(\gamma_A + \gamma_B) + \gamma_A(-3d + \alpha + \gamma_A + \gamma_B) + P_B(d^2\gamma_A^2 + \gamma_A(d(1 + 4\alpha \\ &\quad + d(-6 + d + \alpha)) + (3d - \alpha)\gamma_A - (-3d + \alpha + \gamma_A)\gamma_B) - (d + \alpha)(d(-1 \\ &\quad + 6d - 3\gamma_B) + \gamma_A(-3d + \gamma_B)))) + N(d + \alpha)\beta_A^2(P_B + P_A(1 + P_B(4d - \gamma_A \\ &\quad - \gamma_B)))\mu_H) \\ a_3 &= \frac{1}{dP_AP_B(d + \alpha + \gamma_A + (d + \alpha)p_A(d + \gamma_A))\beta_A} (-d(1 + dP_A)(1 + d\gamma_A)\beta_B(d + \alpha + \gamma_A \\ &\quad + (d + \alpha)p_A(d + \gamma_A)(1 + P_A(2d - \gamma_A)) + P_A(2d(d + \alpha) + (2d - \alpha)\gamma_A \\ &\quad - (d + \alpha + \gamma_A)\gamma_A)) + N(d + \alpha)\beta_A^2(1 + P_B(3d + (-1 + \alpha)\gamma_A - \gamma_B) \\ &\quad + P_A(3d - \gamma_A - \gamma_B + P_B(6d^2 - 3d\gamma_B + \gamma_A(-3d + \gamma_B))))\mu_H - \beta_A(d(d \\ &\quad + \alpha)p_A(d + \gamma_A)(1 - 2d + \gamma_A + d(\gamma_A + P_B(3 - 3d + 3d\gamma_A + (2 + \alpha)\gamma_A) \\ &\quad + P_A(1 - 3d + d\gamma_A + 2\gamma_A + dP_B(3 - 4d + 3d\gamma_A + 3\gamma_A))) + \gamma_B - (P_B(1 \\ &\quad - 2d + d\gamma_A + \gamma_A) + P_A(-2d + \gamma_A + dP_B(1 - 3d + d\gamma_A + 2\gamma_A)))\gamma_B) \\ &\quad + d((1 - 2d)(d + \alpha) + d\gamma_A^2 + (d + \alpha)(\gamma_A + \gamma_B) + \gamma_A(1 + \alpha + d(-2 + d \\ &\quad + \alpha) + \gamma_A + \gamma_B) + P_B(d\gamma_A^2(3d - \gamma_B) + r_A(3d(1 + \alpha + d(-1 + d + \alpha)) \\ &\quad + \gamma_A((-1 + \alpha)\alpha + d(2 + \alpha) - \gamma_B) - (1 + \alpha + d(-2 + d + \alpha))\gamma_B) + (d \\ &\quad + \alpha)(-3(-1 + d)d + d(2 + \alpha)\gamma_A + (-1 + 2d - \gamma_A)\gamma_B))) + dN(d \\ &\quad + \alpha)P_A^2(1 + d\gamma_A)\beta_B\mu_H + P_A(d(d^2\gamma_A^2 + \gamma_A(d(1 + 3\alpha + d(-3 + d + \alpha)) \\ &\quad + (2d - \alpha)\gamma_A - (-2d + \alpha + \gamma_A)\gamma_B) - (d + \alpha)(d(-1 + 3d - 2\gamma_B) \\ &\quad + \gamma_A(-2d + \gamma_B))) + dP_B(d^2\gamma_A^2(3d - \gamma_B) + d(d + \alpha)(d(3 - 4d + 3\gamma_A) \\ &\quad + (-1 + 3d - 2\gamma_A)\gamma_B) + r_A(\gamma_A(3d(d - \alpha) + (-2d + \alpha)\gamma_B) + d(d(3 \\ &\quad + 6\alpha + d(-4 + 3d + 3\alpha)) - (1 + 3\alpha + d(-3 + d + \alpha))\gamma_B))) + N(d \\ &\quad + \alpha)(1 + d\gamma_A)\beta_B\mu_H) \end{aligned}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$a_4 = \frac{1}{dP_A P_B (d + \alpha + \gamma_A + (d + \alpha)p_A (d + \gamma_A)) \beta_A} (d(1 + dP_A)(1 + d\gamma_A)\beta_B(-(-1 + d)(d + \alpha) + \gamma_A(1 + \alpha + d(-1 + d + \alpha) + d\gamma_A) + (d + \alpha + \gamma_A)\gamma_A + (d + \alpha)p_A(1 + dP_A)(d + \gamma_A)(1 - d + d\gamma_A + \gamma_A) + P_A(d^2\gamma_A^2 + d(d + \alpha)(1 - d + \gamma_A) + \gamma_A(d(1 + 2\alpha + d(-1 + d + \alpha)) + (d - \alpha)\gamma_A))) + N(d + \alpha)\beta_A^2(2d + (-1 + \alpha)\gamma_A + P_B(d(3d - 2\gamma_B) + (-1 + \alpha)\gamma_A(2d - \gamma_B)) - \gamma_B + P_A(d(3d + dP_B(4d - 3\gamma_A) - 2\gamma_A) + (-2d + \gamma_A + dP_B(-3d + 2\gamma_A))\gamma_B))\mu_H - \beta_A(-(-2 + d)d^2(d + \alpha) + 3d^4P_B - d^5P_B + 3d^3\alpha P_B - d^4\alpha P_B + 2d^2\gamma_A - d^3\gamma_A + 2d^4\gamma_A + 2d^2\alpha\gamma_A + 2d^3\alpha\gamma_A + 3d^3P_B\gamma_A - d^4P_B\gamma_A + 3d^5P_B\gamma_A + 3d^3\alpha P_B\gamma_A + 3d^4\alpha P_B\gamma_A + 2d^3\gamma_A^2 + 3d^4P_B\gamma_A^2 + d^3\gamma_A + d^2\alpha\gamma_A + d^3\alpha\gamma_A + d^2\alpha^2\gamma_A + d^4P_B\gamma_A + d^3\alpha P_B\gamma_A + 2d^4\alpha P_B\gamma_A + 2d^3\alpha^2P_B\gamma_A + d^2\gamma_A - d\alpha\gamma_A + d^2\alpha\gamma_A + d\alpha^2\gamma_A + d^3P_B\gamma_A\gamma_A - 2d^2\alpha P_B\gamma_A + 2d^3\alpha P_B\gamma_A + 2d^2\alpha^2P_B\gamma_A - d^2\gamma_B + d^3\gamma_B - d\alpha\gamma_B + d^2\alpha\gamma_B - 2d^3P_B\gamma_B + d^4P_B\gamma_B - 2d^2\alpha P_B\gamma_B + d^3\alpha P_B\gamma_B - d\gamma_A\gamma_B + d^2\gamma_A\gamma_B - d^3r_{A\gamma_B} - d\alpha\gamma_A\gamma_B - d^2\alpha\gamma_A\gamma_B - 2d^2P_B\gamma_A\gamma_B + d^3P_B\gamma_A\gamma_B - 2d^4P_B\gamma_A\gamma_B - 2d^2\alpha P_B\gamma_A\gamma_B - 2d^3\alpha P_B\gamma_A\gamma_B - d^2\gamma_A^2\gamma_B - 2d^3P_B\gamma_A^2\gamma_B - d^2\gamma_A\gamma_B - d\alpha\gamma_A\gamma_B - d^3P_B\gamma_A\gamma_B - d^2\alpha P_B\gamma_A\gamma_B - d^3\alpha P_B\gamma_A\gamma_B - d^2\alpha^2P_B\gamma_A\gamma_B - dr_{A\gamma_A\gamma_B} - d^2P_B\gamma_A\gamma_B + d\alpha P_B\gamma_A\gamma_B - d^2\alpha P_B\gamma_A\gamma_B - d\alpha^2P_B\gamma_A\gamma_B + d(d + \alpha)p_A(d + \gamma_A)(d(1 + dP_A)(2 - d + 2d\gamma_A + dP_B(3 - d + 3d\gamma_A)) + d(1 + \alpha + dP_A + d(1 + 2\alpha + dP_A)P_B)\gamma_A - ((1 + dP_A)(1 - d + dr_A + dP_B(2 - d + 2d\gamma_A)) + (1 + dP_A + d(1 + \alpha + dP_A)P_B)\gamma_A)\gamma_B) + N(d + \alpha)(1 + d\gamma_A)\beta_B\mu_H + dN(d + \alpha)P_A^2(1 + d\gamma_A)\beta_B(2d - \gamma_A)\mu_H + P_A(d^3\gamma_A^2(2d - \gamma_B) + d^2P_B(d^2\gamma_A^2(3d - 2\gamma_B) + d(d + \alpha)(d(3 - d + \gamma_A) + (-2 + d - \gamma_A)\gamma_B) + \gamma_A(d(d(3 + 4\alpha + d(-1 + 3d + 3\alpha)) + (d - 3\alpha)\gamma_A) - (d(2 + 3\alpha + d(-1 + 2d + 2\alpha)) + (d - 2\alpha)\gamma_A)\gamma_B))) + (d + \alpha)(d^2(d(2 - d + \gamma_A) + (-1 + d - \gamma_A)\gamma_B) + N\beta_B(3d - \gamma_A)\mu_H) + dr_A(\gamma_A(d(d - 2\alpha) + (-d + \alpha)\gamma_B - N(d + \alpha)\beta_B\mu_H) + d(d(2 + 3\alpha + d(-1 + 2d + 2\alpha)) - (1 + 2\alpha + d(-1 + d + \alpha))\gamma_B + 3N(d + \alpha)\beta_B\mu_H))))))$$

$$a_5 = [((1 + dP_A)(1 + d\gamma_A)\beta_B - (1 + dP_B)\beta_A(d - \gamma_B))(d^2(d + \alpha)p_A(d + \gamma_A)((1 + dP_A)(1 + d\gamma_A) + \alpha\gamma_A) + d(d(1 + dP_A)(d + \alpha + \gamma_A(1 + \alpha + d(d + \alpha) + d\gamma_A)) + \alpha(d(d + \alpha) + (-1 + d + \alpha - dP_A)\gamma_A)\gamma_A) - N(d + \alpha)\beta_A(d + dP_A(d - \gamma_A) + (-1 + \alpha)\gamma_A)\mu_H)]/[dP_A P_B (d + \alpha + \gamma_A + (d + \alpha)p_A (d + \gamma_A)) \beta_A]$$

จุดสมมูลภายใต้สภาวะระบาดเรื้อรัง  $E_3 = (S^*, 0, E_B^*, 0, I_B^*, R^*)$

จากการคำนวณค่าลักษณะเฉพาะคือ

$$(d - \alpha - \lambda)(\lambda^5 + b_1\lambda^4 + b_2\lambda^3 + b_3\lambda^2 + b_4\lambda + b_5) = 0 \quad (23)$$

โดยที่

$$b_1 = \left[ -dP_B(d + \alpha + \gamma_B + (d + \alpha)p_B(d + \gamma_B)) + P_A(-d(d + \alpha + \gamma_B) - d(d + \alpha)p_B(d + \gamma_B)(1 + P_B(4d - \gamma_A - \gamma_B)) + P_B(d\gamma_B(-4d + \alpha + \gamma_A + \gamma_B) - (d + \alpha)(4d^2 - d(\gamma_A + \gamma_B) + N\beta_B\mu_H))) \right] / [dP_A P_B (d + \alpha + \gamma_B + (d + \alpha)p_B(d + \gamma_B))]$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$b_2 = \frac{1}{dP_A P_B (d + \alpha + \gamma_B + (d + \alpha)p_B (d + \gamma_B))\beta_B} (d^2 P_B^2 (1 + d\gamma_B)(d + \alpha + \gamma_B + (d + \alpha)p_B (d + \gamma_B))\beta_A + \beta_B (-d(d + \alpha) + d(d + \alpha)p_B (d + \gamma_B)(-1 + P_A(1 - 3d + d\gamma_B + \gamma_A + \gamma_B))) + d(-\gamma_B + P_A(-(-1 + 3d)(d + \alpha) + d\gamma_B^2 + (d + \alpha)(\gamma_A + \gamma_B) + \gamma_B(1 + \alpha + d(-3 + d + \alpha) + \gamma_A + \gamma_B))) - N(d + \alpha)P_A \beta_B \mu_H + P_B(d(1 + d\gamma_B)(d + \alpha + \gamma_B + (d + \alpha)p_B (d + \gamma_B))\beta_A + \beta_B(d(-3d(d + \alpha) + (d + \alpha)(\gamma_A + \gamma_B) + \gamma_B(-3d + \alpha + \gamma_A + \gamma_B)) + d(d + \alpha)p_B (d + \gamma_B)(-3d + \gamma_A + \gamma_B + P_A(d(1 - 6d + d\gamma_B + 3\gamma_A) + (3d - \gamma_A)\gamma_B)) - N(d + \alpha)\beta_B \mu_H + P_A(d^3 \gamma_B^2 + d\gamma_B(d(1 + 4\alpha + d(-6 + d + \alpha)) + (3d - \alpha)\gamma_A - (-3d + \alpha + \gamma_A)\gamma_B) + (d + \alpha)(d(\gamma_A(3d - \gamma_B) + d(1 - 6d + 3\gamma_B)) + N\beta_B(-4d + \gamma_A + \gamma_B)\mu_H))))$$

$$b_3 = \frac{1}{dP_A P_B (d + \alpha + \gamma_B + (d + \alpha)p_B (d + \gamma_B))\beta_B} ((1 + dP_B)(1 + d\gamma_B)\beta_A(d(d + \alpha + \gamma_B + (d + \alpha)p_B (d + \gamma_B)(1 + P_B(2d - \gamma_B))) + P_B(2d(d + \alpha) + (2d - \alpha)\gamma_B - (d + \alpha + \gamma_B)\gamma_B)) + N(d + \alpha)P_B \beta_B \mu_H + \beta_B(-d(-1 + 2d)(d + \alpha) + d^3 P_B - 3d^4 P_B + d^2 \alpha P_B - 3d^3 \alpha P_B + d\gamma_B - 2d^2 \gamma_B + d^3 \gamma_B + d\alpha \gamma_B + d^2 \alpha \gamma_B + d^2 P_B \gamma_B - 3d^3 P_B \gamma_B + d^4 P_B \gamma_B + 3d^2 \alpha P_B \gamma_B + d^3 \alpha P_B \gamma_B + d^2 \gamma_B^2 + d^3 P_B \gamma_B^2 + d^2 \gamma_A + d\alpha \gamma_A + 2d^3 P_B \gamma_A + 2d^2 \alpha P_B \gamma_A + d\gamma_B \gamma_A + 2d^2 P_B \gamma_B \gamma_A - d\alpha P_B \gamma_B \gamma_A + d^2 \gamma_B + d\alpha \gamma_B + 2d^3 P_B \gamma_B + 2d^2 \alpha P_B \gamma_B + d\gamma_B + 2d^2 P_B \gamma_B - d\alpha P_B \gamma_B \gamma_B - d^2 P_B \gamma_A \gamma_B - d\alpha P_B \gamma_A \gamma_B - dP_B \gamma_A \gamma_B + d(d + \alpha)p_B (d + \gamma_B)(1 - 2d + d\gamma_B + \gamma_A + \gamma_B + P_B(d(1 - 3d + d\gamma_B + 2\gamma_A) + (2d - \gamma_A)\gamma_B) + P_A(-3(-1 + d)d - \gamma_A + d(d(3\gamma_B + P_B(3 - 4d + 3d\gamma_B)) - (-2 + \gamma_B + P_B(1 - 3d + d\gamma_B))\gamma_A) + (d(2 + \alpha + 3dP_B) - (1 + 2dP_B)\gamma_A)\gamma_B)) - N(d + \alpha)\beta_B(1 + P_B(3d - \gamma_A - \gamma_B))\mu_H + P_A(d^2 \gamma_B^2(3d - \gamma_A) + d\gamma_B(3d(1 + \alpha + d(-1 + d + \alpha)) + ((-1 + \alpha)\alpha + d(2 + \alpha))\gamma_B - \gamma_A(1 + \alpha + d(-2 + d + \alpha) + \gamma_B)) + (d + \alpha)(d(-3(-1 + d)d + \gamma_A(-1 + 2d - \gamma_B) + d(2 + \alpha)\gamma_B) + N\beta_B(-3d + \gamma_A - (-1 + \alpha)\gamma_B)\mu_H) + P_B(d^3 \gamma_B^2(3d - \gamma_A) + d\gamma_B(d(d(3 + 6\alpha + d(-4 + 3d + 3\alpha)) - (1 + 3\alpha + d(-3 + d + \alpha))\gamma_A) + (3d(d - \alpha) + (-2d + \alpha)\gamma_A)\gamma_B) + (d + \alpha)(-d^2(d(-3 + 4d - 3\gamma_B) + \gamma_A(1 - 3d + 2\gamma_B)) + N\beta_B(\gamma_A(3d - \gamma_B) + 3d(-2d + \gamma_B))\mu_H))))$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$b_4 = \frac{1}{dP_A P_B (d + \alpha + \gamma_B + (d + \alpha)p_B (d + \gamma_B))\beta_B} \left( ((1 + dP_B)(1 + d\gamma_B)\beta_A(-(-1 + d)d(d + \alpha) + d(d + \alpha)p_B(1 + dP_B)(d + \gamma_B)(1 - d + d\gamma_B + \gamma_B) + d(\gamma_B(1 + \alpha + d(-1 + d + \alpha) + d\gamma_B) + (d + \alpha + \gamma_B)\gamma_B + P_B(d^2\gamma_B^2 + d(d + \alpha)(1 - d + \gamma_B) + \gamma_B(d(1 + 2\alpha + d(-1 + d + \alpha)) + (d - \alpha)\gamma_B))) - N(d + \alpha)\beta_B(1 + P_B(2d - \gamma_B))\mu_H) + \beta_B((-2 + d)d^2(d + \alpha) - 2d^4P_B + d^5P_B - 2d^3\alpha P_B + d^4\alpha P_B - 2d^2\gamma_B + d^3\gamma_B - 2d^4\gamma_B - 2d^2\alpha\gamma_B - 2d^3\alpha\gamma_B - 2d^3P_B\gamma_B + d^4P_B\gamma_B - 2d^5P_B\gamma_B - 3d^3\alpha P_B\gamma_B - 2d^4\alpha P_B\gamma_B - 2d^3\gamma_B^2 - 2d^4P_B\gamma_B^2 + d^2\gamma_A - d^3\gamma_A + d\alpha\gamma_A - d^2\alpha\gamma_A + d^3P_B\gamma_A - d^4P_B\gamma_A + d^2\alpha P_B\gamma_A - d^3\alpha P_B\gamma_A + d\gamma_B\gamma_A - d^2\gamma_B\gamma_A + d^3\gamma_B\gamma_A + d\alpha\gamma_B\gamma_A + d^2\alpha\gamma_B\gamma_A + d^2P_B\gamma_B\gamma_A - d^3P_B\gamma_B\gamma_A + d^4P_B\gamma_B\gamma_A + 2d^2\alpha P_B\gamma_B\gamma_A + d^3\alpha P_B\gamma_B\gamma_A + d^2\gamma_B^2\gamma_A + d^3P_B\gamma_B^2\gamma_A - d^3\gamma_B - d^2\alpha\gamma_B - d^3\alpha\gamma_B - d^2\alpha^2\gamma_B - d^4P_B\gamma_B - d^3\alpha P_B\gamma_B - d^2\gamma_B + d\alpha\gamma_B - d^2\alpha\gamma_B - d\alpha^2\gamma_B - d^3P_B\gamma_B + 2d^2\alpha P_B\gamma_B + d^2\gamma_A\gamma_B + d\alpha\gamma_A\gamma_B + d^3P_B\gamma_A\gamma_B + d^2\alpha P_B\gamma_A\gamma_B + d\gamma_B\gamma_A\gamma_B + d^2P_B\gamma_A\gamma_B - d\alpha P_B\gamma_A\gamma_B - d(d + \alpha)p_B(d + \gamma_B)((1 + dP_B)(d(2 - d + 2d\gamma_B + dP_A(3 - d + 3d\gamma_B)) + (-1 + d - d\gamma_B + dP_A(-2 + d - 2d\gamma_B))\gamma_A) + (d(1 + \alpha + dP_B + dP_A(1 + 2\alpha + dP_B)) - (1 + dP_B + dP_A(1 + \alpha + dP_B))\gamma_A)\gamma_B) + N(d + \alpha)\beta_B(2d - \gamma_A + (-1 + \alpha)\gamma_B + P_B(d(3d - 2\gamma_B) + \gamma_A(-2d + \gamma_B)))\mu_H + P_A(d^3\gamma_B^2(-3d + 2\gamma_A) + d\gamma_B(d(d(-3 + d - 3d^2 - 3(1 + d)\alpha) + (2 - d + 2d^2 + 2(1 + d)\alpha)\gamma_A) + (-d(d + 2d\alpha + 2(-1 + \alpha)\alpha) + (d + (-1 + d)\alpha + \alpha^2)\gamma_A)\gamma_B) + (d + \alpha)(d^2(\gamma_A(2 - d + (1 + \alpha)\gamma_B) + d(-3 + d - (1 + 2\alpha)\gamma_B)) + N\beta_B(d(3d - 2\gamma_A) + (-1 + \alpha)(2d - \gamma_A)\gamma_B)\mu_H) + dP_B(d^3\gamma_B^2(-3d + 2\gamma_A) + d\gamma_B(d(d(-3 + d - 3d^2 - 4\alpha - 3d\alpha) - (d - 3\alpha)\gamma_B) + \gamma_A(d(2 + 3\alpha + d(-1 + 2d + 2\alpha)) + (d - 2\alpha)\gamma_B)) + (d + \alpha)(d^2(d(-3 + d - \gamma_B) + \gamma_A(2 - d + \gamma_B)) + N\beta_B(d(4d - 3\gamma_B) + \gamma_A(-3d + 2\gamma_B))\mu_H))))))$$

$$b_5 = \left[ ((1 + dP_B)(1 + d\gamma_B)\beta_A - (1 + dP_A)\beta_B(d - \gamma_A))(d^2(d + \alpha)p_B(d + \gamma_B)((1 + dP_B)(1 + d\gamma_B) + \alpha\gamma_B) + d(d(1 + dP_B)(d + \alpha + \gamma_B(1 + \alpha + d(d + \alpha) + d\gamma_B)) + \alpha(d(d + \alpha) + (-1 + d + \alpha - dP_B)\gamma_B)\gamma_B) - N(d + \alpha)\beta_B(d + dP_B(d - \gamma_B) + (-1 + \alpha)\gamma_B)\mu_H) \right] / [dP_A P_B (d + \alpha + \gamma_B + (d + \alpha)p_B (d + \gamma_B))\beta_B]$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## ประวัติผู้เขียน

ชื่อ	นายอนุสิทธิ์ ชำนาญ
วัน เดือน ปีเกิด	3 มกราคม 2538
ที่อยู่ปัจจุบัน	62 หมู่ 6 ต.บ้านดอน อ.ภูเขียว จ.ชัยภูมิ 36110
ประวัติการศึกษา	2560 วิทยาศาสตรบัณฑิต สาขาคณิตศาสตร์ประยุกต์ เกรดเฉลี่ย 3.25 สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง 2562 วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาคณิตศาสตร์ประยุกต์ เกรดเฉลี่ย 3.88 สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
ทุนการศึกษาที่ได้รับ	ทุนอุดหนุนการศึกษาในระดับบัณฑิตศึกษาของคณะวิทยาศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
ผลงานทางวิชาการ	1. “การหาความเสถียรภาพภายในและความเสถียรภาพวงกว้างสำหรับ แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ที่พิจารณาปฏิสัมพันธ์ระหว่างไข้หวัดใหญ่ สายพันธุ์เอ และไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์บี ในประเทศไทย ” วารสารวิทยาศาสตร์ ลาดกระบัง 2. “แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคไข้หวัดใหญ่สองสายพันธุ์โดย พิจารณาการติดเชื้อซ้ำ” การประชุมวิชาการทางคณิตศาสตร์ ครั้งที่ 24 (AMM 2019)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้