

การศึกษาพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019
(โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด

ANALYSIS OF COVID-19 OUTBREAK IN CONTAINED SPACE

ภัทรา กุลเดชชัยชาญ

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
ปริญญาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า
คณะวิศวกรรมศาสตร์
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี
ปีการศึกษา 2567
ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี

การศึกษาพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019
(โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด

ภัทรา กุลเดชชัยชาญ

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
ปริญญาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า
คณะวิศวกรรมศาสตร์
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี
ปีการศึกษา 2567
ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นงานวิจัยที่เกิดจากการค้นคว้าและวิจัย ขณะที่ข้าพเจ้าศึกษาอยู่ในคณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี ดังนั้นงานวิจัยในวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ถือเป็นลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี และข้อความต่างๆในวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ข้าพเจ้าขอรับรองว่าไม่มีการคัดลอกหรือนำงานวิจัยของผู้อื่นมานำเสนอในชื่อของข้าพเจ้า

This thesis consists of research materials conducted at the Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi and hence the copyright owner. I hereby certify that the thesis does not contain any forms of plagiarism.



ภัทรา

(นางสาวภัทรา กุลเดชชัยชาญ)

หัวข้อวิทยานิพนธ์

การศึกษาพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด

Analysis of COVID-19 Outbreak in Contained Space

ชื่อ - นามสกุล

นางสาวภัทรา กุลเดชชัยชาญ

สาขาวิชา

วิศวกรรมไฟฟ้า

อาจารย์ที่ปรึกษา

รองศาสตราจารย์พฤศยน นินทนาวงศา, Ph.D.

ปีการศึกษา

2567

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

ประธานกรรมการ

(รองศาสตราจารย์ณัฐภัทร พันธุ์คง, Ph.D.)

กรรมการ

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์วันวิสา ชัชวงษ์, วศ.ด.)

กรรมการ

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ศิวัฒน์ ร่มโพธิ์ชัย, วศ.ด.)

กรรมการ

(รองศาสตราจารย์พฤศยน นินทนาวงศา, Ph.D.)

คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี อนุมัติวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็น
ส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาโทฉบับนี้

คณบดีคณะวิศวกรรมศาสตร์

(รองศาสตราจารย์สรพงษ์ ภาวสุปรีดิ์, Ph.D.)

วันที่ 8 เดือน เมษายน พ.ศ. 2568

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การศึกษาพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด
ชื่อ – นามสกุล	นางสาวภัทรา กุลเดชชัยชาญ
สาขาวิชา	วิศวกรรมไฟฟ้า
อาจารย์ที่ปรึกษา	รองศาสตราจารย์พศยน นินทนาวงศา, Ph.D.
ปีการศึกษา	2567

บทคัดย่อ

การระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 หรือโรคโควิด 19 ที่ลุกลามไปทั่วโลก ด้วยลักษณะเฉพาะการแพร่กระจายที่รุนแรงและรวดเร็วของโรคโควิด 19 ไม่เพียงแต่ส่งผลกระทบต่อสุขภาพของประชากรเท่านั้น แต่ยังส่งผลกระทบต่อเศรษฐกิจ สังคม และวิถีชีวิตของผู้คนทั่วโลก วิทยานิพนธ์นี้ นำเสนอการศึกษาพฤติกรรมการแพร่ระบาดของโรคโควิด 19 ในพื้นที่จำกัด เช่น อาคาร ห้องประชุม หรือระบบขนส่งสาธารณะ เนื่องจากพื้นที่เหล่านี้ มีประชากรหนาแน่นและมีโอกาสสูงที่ไวรัสจะแพร่กระจายได้ง่าย โดยสร้างแบบจำลองพฤติกรรมการระบาดด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ MATLAB

วัตถุประสงค์และขอบเขตของงานวิจัยนี้ เพื่อทำความเข้าใจพฤติกรรมการระบาดในพื้นที่จำกัด โดยแบ่งกลุ่มประชากรออกเป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy) กลุ่มผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick) กลุ่มผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) และกลุ่มผู้เสียชีวิต (Deaths) ในแบบจำลองนี้ กำหนดจำนวนประชากรเริ่มต้น ขนาดของพื้นที่จำลอง และวิธีการเคลื่อนที่ของประชากรในพื้นที่จำลอง และทดสอบปัจจัย 4 แบบ ได้แก่ ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ ระยะเวลาติดเชื้อ (ผู้ป่วยติดเชื้อหายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน) จำนวนผู้ป่วยติดเชื้อที่เข้ามาในพื้นที่จำลอง การสร้างกำแพงเพื่อแบ่งกั้นพื้นที่จำลอง วิเคราะห์และสรุปผลกระทบที่มีต่อกลุ่มประชากรทั้ง 4 กลุ่ม

ผลการศึกษาพบว่า การลดระยะเวลาติดเชื้อ (ผู้ป่วยติดเชื้อหายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน) ส่งผลต่อจำนวนผู้ที่ไม่ติดเชื้อมากที่สุดมีค่าเป็น 82 (Healthy = 82) และมีจำนวนผู้เสียชีวิตน้อยที่สุดมีค่าเป็น 19 (Deaths = 19) รองลงมาคือ การสร้างกำแพงเพื่อแบ่งกั้นพื้นที่จำลอง มีจำนวนผู้ที่ไม่ติดเชื้อมีค่าเป็น 81 (Healthy = 81) และจำนวนผู้เสียชีวิตมีค่าเป็น 25 (Deaths = 25) จากการศึกษาเพื่อจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรคโควิด 19 ในพื้นที่จำกัด เพื่อนำมาใช้เป็นแนวทางในการออกแบบมาตรการป้องกันและควบคุมโรคที่เหมาะสมได้อย่างมีประสิทธิภาพ

คำสำคัญ: โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 การระบาด พื้นที่จำกัด พฤติกรรมการแพร่ระบาด

Thesis Title	Analysis of COVID-19 Outbreak in Contained Space
Name – Surname	Miss Pattra Kuladejchaichan
Program	Electrical Engineering
Thesis Advisor	Associate Professor Prusayon Nintanavongsa, Ph.D.
Academic Year	2024

ABSTRACT

The global outbreak of the Coronavirus Disease 2019 (COVID-19), characterized by its rapid and severe transmission, has significantly impacted not only public health but also disruptions to the economy, society, and people's lifestyles. This thesis focuses on studying the transmission behavior of COVID-19 in contained spaces such as buildings, meeting rooms, or public transportation systems, where population density is high and the risk of viral spread is elevated. A simulation model of the transmission behavior was developed using MATLAB.

The purpose of this research is to understand the transmission behavior in contained spaces. The population is categorized into four groups: Healthy, Sick, Immune, and Deaths. The model incorporates initial population size, simulated space dimensions, and population movement within the areas. Four factors were tested: the infection distance, the duration of infection (time until recovery and immunity), the number of infected individuals entering the area, and the impact of creating barriers within the area. The impact of these factors on the four population groups was analyzed and summarized.

The study found that reducing the duration of infection (time until recovery and immunity) resulted in the highest number of remaining healthy individuals (Healthy = 82) and the lowest number of deaths (Deaths = 19). The second most effective measure was creating barriers to divide the area, which resulted in 81 healthy individuals and 25 deaths. This study aims to further understand the transmission behavior of COVID-19 in contained spaces, providing insights for developing effective prevention and control measures.

Keywords: COVID-19, outbreak, contained space, transmission behavior

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์นี้สำเร็จลุล่วงตามวัตถุประสงค์ได้ด้วยความกรุณา และความอนุเคราะห์ของ รองศาสตราจารย์พฤษยน นินทนาวงศา อาจารย์ที่ปรึกษา ที่ได้กรุณาเสียสละเวลาให้คำปรึกษา คำแนะนำ และให้ข้อเสนอแนะในการปรับปรุงแก้ไขข้อบกพร่องต่าง ๆ จนสำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี ผู้วิจัย ขอกราบขอบพระคุณเป็นอย่างสูงมา ณ ที่นี้

ขอขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์ณัฐภัทร พันธุ์คง ประธานกรรมการสอบ ผู้ช่วย ศาสตราจารย์วันวิสา ชัชวงษ์ ผู้ทรงคุณวุฒิ และผู้ช่วยศาสตราจารย์ศิวัต รมโพธิ์ชัย กรรมการสอบ ที่ได้ให้ความกรุณาให้คำแนะนำในการแก้ไขข้อบกพร่องต่าง ๆ ของงานวิจัย รวมทั้งเสียสละเวลาในการเป็น กรรมการสอบในครั้งนี้

ขอขอบพระคุณ นายบุญณพิชญ์ ศรีจันทร์ รองผู้อำนวยการฝ่ายปฏิบัติการและบำรุงรักษา การไฟฟ้าส่วนภูมิภาค เขต 1 (ภาคกลาง) จังหวัดพระนครศรีอยุธยา ที่ได้ให้คำปรึกษาด้านการเขียน โปรแกรมเชิงโครงสร้าง ขอขอบคุณบิดา มารดา ครอบครัว เป็นกำลังใจและให้การสนับสนุน และ คณาจารย์ทุกท่าน ที่ประสิทธิ์ประสาทวิชาความรู้แก่ผู้วิจัย

สุดท้ายนี้ ผู้วิจัยหวังเป็นอย่างยิ่งว่า วิทยานิพนธ์นี้จะเป็นประโยชน์สำหรับผู้สนใจ หากมี ข้อบกพร่องประการใด ผู้วิจัยต้องขออภัยมา ณ โอกาสนี้ด้วย

ภัทรา กุลเดชชัยชาญ



สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อ	(3)
ABSTRACT	(4)
กิตติกรรมประกาศ	(5)
สารบัญ.....	(6)
สารบัญตาราง.....	(8)
สารบัญรูป	(9)
บทที่ 1 บทนำ	11
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	11
1.2 วัตถุประสงค์การวิจัย	12
1.3 ขอบเขตของการวิจัย	12
1.4 ขั้นตอนการวิจัย	13
1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	13
บทที่ 2 ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	14
2.1 ไวรัสโคโรนา และ SARS-CoV-2	14
2.2 การแพร่ระบาดของไวรัสโคโรนาสายพันธุ์ใหม่ SARS-CoV-2.....	18
2.3 อาการของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019	20
2.4 ระบาดวิทยากับโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019	21
2.5 แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคระบาด	25
2.6 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	26
บทที่ 3 วิธีดำเนินการวิจัย	28
3.1 เครื่องมือที่ใช้ในการวิจัย	28
3.2 ขั้นตอนในการดำเนินงาน	28
3.3 ขั้นตอนการศึกษารว้าง.....	29

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
3.4 ขั้นตอนการออกแบบโปรแกรมการจำลอง	30
3.5 ขั้นตอนและวิธีการทดสอบ	37
3.6 การเปรียบเทียบโปรแกรมจำลอง COVID-19 กับแบบจำลอง SIR/D Model	39
บทที่ 4 ผลการวิเคราะห์ข้อมูล	43
4.1 ผลการทดสอบโปรแกรมจำลอง COVID-19	44
4.2 ผลการทดสอบเพิ่มระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ	46
4.3 ผลการทดสอบลดระยะเวลาการติดเชื้อ	48
4.4 ผลการทดสอบเพิ่มผู้ป่วยใหม่เข้ามาในพื้นที่จำลอง	50
4.5 ผลการทดสอบการแบ่งกันพื้นที่จำลอง	52
4.6 สรุปผลการทดสอบ	53
บทที่ 5 สรุปผลการวิจัย และข้อเสนอแนะ	56
5.1 สรุปผลการวิจัย	56
5.2 ข้อเสนอแนะที่ได้จากการวิจัย	57
บรรณานุกรม	58
ภาคผนวก	60
ภาคผนวก ก โปรแกรมที่ใช้ในการทดลอง	61
ภาคผนวก ข ผลงานตีพิมพ์เผยแพร่	77
ประวัติผู้เขียน	93

สารบัญตาราง

หน้า

ตารางที่ 3.1 กำหนดค่าตัวแปรต่าง ๆ ที่ใช้ในการทดลอง	32
ตารางที่ 3.2 กำหนดสัญลักษณ์ของกลุ่มประชากรที่ใช้ทดลอง	33
ตารางที่ 3.3 กำหนดค่าตัวแปรของปัจจัยทั้ง 4 แบบ เพื่อเปรียบเทียบการทดสอบโปรแกรมจำลอง	37
ตารางที่ 3.4 ค่าตัวแปรต่าง ๆ ของแบบจำลอง SIR/D Model	41
ตารางที่ 3.5 เปรียบเทียบโปรแกรมจำลอง COVID-19 กับแบบจำลอง SIR/D Model	42
ตารางที่ 4.1 กำหนดค่าตัวแปรต่าง ๆ ที่ใช้ในการทดลอง	44
ตารางที่ 4.2 กำหนดค่าตัวแปรของปัจจัยทั้ง 4 แบบ เพื่อเปรียบเทียบการทดสอบโปรแกรมจำลอง	46
ตารางที่ 4.3 สรุปผลการทดสอบ	54



สารบัญรูป

หน้า

รูปที่ 2.1 ขนาดของไวรัสเปรียบเทียบกับจุลินทรีย์ชนิดอื่น ๆ [3]	14
รูปที่ 2.2 โครงสร้างของไวรัสที่ไม่มีเปลือกหุ้ม (Naked virus) และไวรัสที่มีเปลือกหุ้ม (Enveloped virus)..	15
รูปที่ 2.3 รูปร่างของไวรัสโคโรนาจากกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอน	16
รูปที่ 2.4 โครงสร้างและส่วนประกอบของไวรัสโคโรนา	16
รูปที่ 2.5 ลำดับเหตุการณ์ช่วงเริ่มต้นในการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 [6].....	18
รูปที่ 2.6 โครงสร้างของไวรัสซาร์ส-โควี-2 (SARS-CoV-2)	19
รูปที่ 2.7 อาการของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19) [11]	21
รูปที่ 2.8 ระยะห่างของการแพร่กระจายเชื้อไวรัสซาร์ส-โควี-2 ผ่านฝอยละอองขนาดใหญ่ [14]	23
รูปที่ 2.9 ลำดับการเกิดระยะโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19) [16].....	24
รูปที่ 2.10 แผนภาพแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ SIR Model	25
รูปที่ 3.1 ผังงาน (Flowchart) ขั้นตอนการศึกษาวิจัย.....	29
รูปที่ 3.2 Flowchart โปรแกรมจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรค	30
รูปที่ 3.3 หน้าต่างแสดงผลการจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรค	33
รูปที่ 3.4 หน้าต่างแสดงผลการจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรค โดยแบ่งกันพื้นที่จำลอง.....	39
รูปที่ 3.5 แผนภาพความสัมพันธ์ของประชากรแต่ละกลุ่มของแบบจำลอง SIR/D	39
รูปที่ 4.1 Flowchart โปรแกรมจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรค	43
รูปที่ 4.2 หน้าต่างแสดงผลของโปรแกรมจำลอง COVID-19 ด้วยค่าตัวแปรที่กำหนดเริ่มต้น.....	44
รูปที่ 4.3 กราฟแสดงผลการทดสอบโปรแกรมจำลอง COVID-19 ด้วยค่าตัวแปรที่กำหนดเริ่มต้น.....	45
รูปที่ 4.4 หน้าต่างแสดงผลของโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence) จากเดิมมีค่าเป็น 0.020 เพิ่มขึ้นเป็น 0.040.....	46
รูปที่ 4.5 กราฟแสดงผลการทดสอบโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence) จากเดิมมีค่าเป็น 0.020 เพิ่มขึ้นเป็น 0.040.....	47
รูปที่ 4.6 หน้าต่างแสดงผลของโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรระยะการติดเชื้อ (duration) จากเดิมมีค่าเป็น 35 ลดลงเป็น 17	48
รูปที่ 4.7 กราฟแสดงผลการทดสอบโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรระยะการติดเชื้อ (duration) จากเดิมมีค่าเป็น 35 ลดลงเป็น 17	49

สารบัญรูป (ต่อ)

หน้า

รูปที่ 4.8 หน้าต่างแสดงผลของโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยใหม่ (infect) จากเดิมมีค่าเป็น 10 เพิ่มขึ้นเป็น 20	50
รูปที่ 4.9 กราฟแสดงผลการทดสอบโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยใหม่ (infect) จากเดิมมีค่าเป็น 10 เพิ่มขึ้นเป็น 20	51
รูปที่ 4.10 หน้าต่างแสดงผลของโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรความยาวของกำแพง (barrier) จากเดิมมีค่าเป็น 0.000 เพิ่มขึ้นเป็น 0.900	52
รูปที่ 4.11 กราฟแสดงผลการทดสอบโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรความยาวของกำแพง (barrier) จากเดิมมีค่าเป็น 0.000 เพิ่มขึ้นเป็น 0.900	53
รูปที่ 4.12 กราฟเปรียบเทียบจำนวนประชากรจากการทดลองปรับเปลี่ยนค่าตัวแปรต่าง ๆ ในโปรแกรมจำลอง COVID-19	54



บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

การแพร่ระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 หรือโรคโควิด 19 (Coronavirus disease 2019: COVID-19) ซึ่งเกิดจากเชื้อไวรัส SARS-CoV-2 ได้ก่อให้เกิดวิกฤตด้านสาธารณสุขครั้งใหญ่ของโลกในศตวรรษที่ 21 การระบาดเริ่มต้นขึ้นในเดือนธันวาคม พ.ศ. 2562 ในเมืองอู่ฮั่น มณฑลหูเป่ย์ สาธารณรัฐประชาชนจีน โดยมีรายงานกลุ่มผู้ป่วยปอดอักเสบรุนแรงที่ไม่ทราบสาเหตุจำนวนหนึ่ง ซึ่งส่วนใหญ่มีประวัติเกี่ยวข้องกับตลาดขายส่งอาหารทะเลและสัตว์สดในเมืองอู่ฮั่น ตลาดแห่งนี้เป็นแหล่งค้าขายสัตว์ป่าและสัตว์ทะเลหลากหลายชนิด ซึ่งอาจเป็นแหล่งแพร่เชื้อจากสัตว์สู่มนุษย์ (Zoonotic Transmission) ได้ จากการศึกษาพบว่าเชื้อ SARS-CoV-2 มีลักษณะทางพันธุกรรมใกล้เคียงกับไวรัสในค้างคาว ทำให้เกิดข้อสันนิษฐานว่าไวรัสดังกล่าวอาจมีต้นกำเนิดจากสัตว์ก่อนจะกลายพันธุ์และแพร่สู่มนุษย์

การแพร่กระจายของไวรัสเกิดขึ้นอย่างรวดเร็วทั้งในประเทศจีนและภูมิภาคต่าง ๆ ทั่วโลก ในวันที่ 13 มกราคม 2563 ประเทศไทยรายงานผู้ป่วยนอกประเทศจีนเป็นครั้งแรก ส่งสัญญาณเตือนถึงการแพร่ระบาดข้ามพรมแดน ทางกรมการแพทย์สั่งปิดเมืองอู่ฮั่นในวันที่ 23 มกราคม 2563 เพื่อควบคุมการแพร่ระบาด อย่างไรก็ตามมาตรการดังกล่าวไม่สามารถหยุดยั้งการแพร่กระจายของไวรัสได้ทันเนื่องจากเชื้อสามารถแพร่จากคนสู่คนได้ง่ายผ่านทางละอองฝอย (Droplet Transmission) และการสัมผัสใกล้ชิด

องค์การอนามัยโลก (World Health Organization: WHO) ประกาศให้ COVID-19 เป็นโรคระบาดใหญ่ทั่วโลก (Pandemic) เมื่อวันที่ 11 มีนาคม พ.ศ. 2563 เนื่องจากมีจำนวนผู้ติดเชื้อ ผู้ป่วย และผู้เสียชีวิตเพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็ว ปัจจุบันจากข้อมูลขององค์การอนามัยโลก (WHO) ณ วันที่ 2 มีนาคม พ.ศ. 2567 มีผู้ติดเชื้อสะสมทั่วโลก 777,594,331 คน และผู้เสียชีวิต 7,089,989 คน โดยการระบาดเกิดขึ้นใน 240 ประเทศ [1]

การระบาดของ COVID-19 ในช่วงเริ่มต้นได้สร้างความตื่นตระหนกและความไม่แน่นอนให้กับประชาคมโลก เนื่องจากเป็นโรคใหม่ที่ยังไม่มีการรักษาหรือวัคซีนที่เฉพาะเจาะจง ความรุนแรงของโรคและอัตราการแพร่เชื้อที่สูงส่งผลให้ระบบสาธารณสุขในหลายประเทศประสบภาวะล้นหลาม ขาดแคลนอุปกรณ์ทางการแพทย์ และไม่สามารถรองรับผู้ป่วยได้ทัน สิ่งเหล่านี้สะท้อนให้เห็นถึงความสำคัญของการศึกษาวิจัยเพื่อทำความเข้าใจธรรมชาติของไวรัส พัฒนาวិธีการป้องกัน และหาแนวทางรักษาที่มีประสิทธิภาพ

การศึกษาพฤติกรรมการระบาดของ COVID-19 ในพื้นที่จำกัด ที่มีการควบคุมจำนวนประชากรและขนาดของพื้นที่ในการจำลอง เช่น ในอาคาร ห้องประชุม หรือระบบขนส่งสาธารณะ เนื่องจากพื้นที่เหล่านี้ มีประชากรหนาแน่นและมีโอกาสสูงที่ไวรัสจะแพร่กระจายได้ง่าย โดยทำการสร้างแบบจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรค ด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ MATLAB กำหนดขนาดพื้นที่ในการจำลอง และกลุ่มประชากรออกเป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy) กลุ่มผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick) กลุ่มที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) และกลุ่มผู้เสียชีวิต (Deaths) และให้กลุ่มประชากรต่าง ๆ เคลื่อนที่แบบสุ่มในพื้นที่จำลอง โดยทำการทดสอบปัจจัย 4 แบบ ได้แก่ ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ ระยะเวลาติดเชื้อ (ผู้ป่วยติดเชื้อหายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน) จำนวนผู้ป่วยติดเชื้อที่เข้ามาในพื้นที่จำลอง การสร้างกำแพงเพื่อแบ่งพื้นที่จำลอง ทำการสรุปวิเคราะห์ปัจจัยที่ส่งผลต่อการแพร่กระจายของไวรัส เพื่อนำมาใช้เป็นแนวทางการเตรียมความพร้อมวางแผนรับมือสถานการณ์การแพร่ระบาดของโรคติดเชื้อในระยะเริ่มแรก และแนวทางในการออกแบบมาตรการป้องกันและควบคุมโรคที่เหมาะสมได้อย่างมีประสิทธิภาพ

1.2 วัตถุประสงค์การวิจัย

- 1.2.1 เพื่อสร้างแบบจำลองพฤติกรรมการระบาดของ COVID-19 ในพื้นที่จำกัด
- 1.2.2 เพื่อจำลองและวิเคราะห์พฤติกรรมของกลุ่มประชากรในพื้นที่จำลอง
- 1.2.3 เพื่อทดสอบปัจจัยที่ส่งผลต่อการแพร่กระจายของไวรัส
- 1.2.4 เพื่อสรุปและวิเคราะห์ปัจจัยที่ส่งผลต่อการแพร่กระจายของไวรัส

1.3 ขอบเขตของการวิจัย

- 1.3.1 ออกแบบและพัฒนาแบบจำลองการแพร่ระบาดของโรค COVID-19 โดยใช้โปรแกรม MATLAB
- 1.3.2 กำหนดขนาดพื้นที่ในการจำลองเป็นพื้นที่ขนาดเล็ก เช่น ห้องประชุม
- 1.3.3 กำหนดกลุ่มประชากรออกเป็น 4 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy) กลุ่มผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick) กลุ่มที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) และกลุ่มผู้เสียชีวิต (Deaths)
- 1.3.4 กำหนดให้กลุ่มประชากรในพื้นที่จำลอง เคลื่อนที่แบบสุ่ม
- 1.3.5 ทดสอบปัจจัยที่ส่งผลต่อการระบาดของโรค จำนวน 4 แบบ ได้แก่ ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ ระยะเวลาติดเชื้อ จำนวนผู้ป่วยติดเชื้อที่เข้ามาในพื้นที่จำลอง การสร้างกำแพงเพื่อแบ่งพื้นที่จำลอง
- 1.3.6 สรุปและวิเคราะห์ข้อมูลจากการทดสอบเพื่อระบุปัจจัยที่มีผลกระทบมากที่สุดต่อการแพร่ระบาด

1.4 ขั้นตอนการวิจัย

- 1.4.1 พัฒนาแบบจำลองการแพร่ระบาดของโรคโดยใช้โปรแกรม MATLAB
- 1.4.2 จำลองพื้นที่ และกำหนดกลุ่มประชากรออกเป็น 4 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy) กลุ่มผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick) กลุ่มที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) และกลุ่มผู้เสียชีวิต (Deaths)
- 1.4.3 จำลองการเคลื่อนที่แบบสุ่มของกลุ่มประชากรในพื้นที่จำลองเพื่อศึกษาพฤติกรรมการแพร่ระบาด
- 1.4.4 ทดสอบและวิเคราะห์ผลของระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ ระยะเวลาติดเชื้อที่มีต่อการฟื้นตัวและสร้างภูมิคุ้มกันของผู้ป่วย จำนวนผู้ป่วยติดเชื้อที่เข้ามาในพื้นที่จำลองต่อการแพร่ระบาด
- 1.4.5 ศึกษาและวิเคราะห์ผลของการสร้างกำแพงเพื่อแบ่งกั้นพื้นที่ (Partitioning) ต่อการควบคุมการแพร่ระบาด
- 1.4.6 สรุปและวิเคราะห์ปัจจัยที่ส่งผลกระทบต่ออัตราการแพร่ระบาดของโรค COVID-19

1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

- 1.5.1 ได้แบบจำลองทางคณิตศาสตร์และคอมพิวเตอร์ที่สามารถใช้ศึกษาพฤติกรรมการแพร่ระบาดของโรคติดเชื้อในพื้นที่จำกัด ซึ่งสามารถนำไปปรับใช้กับการวิจัยโรคติดเชื้ออื่น ๆ ในอนาคต
- 1.5.2 ทำให้ทราบข้อมูลเชิงลึกเกี่ยวกับปัจจัยต่าง ๆ ที่ส่งผลต่อการแพร่กระจายของไวรัสในพื้นที่จำกัด เช่น ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ ระยะเวลาติดเชื้อ จำนวนผู้ป่วยเริ่มต้น และการแบ่งกั้นพื้นที่
- 1.5.3 เพิ่มความตระหนักและความเข้าใจเกี่ยวกับพฤติกรรมการแพร่ระบาดของโรคในพื้นที่จำกัด ซึ่งช่วยให้ประชาชนและหน่วยงานต่าง ๆ ปรับเปลี่ยนพฤติกรรมเพื่อป้องกันตนเองได้ดียิ่งขึ้น
- 1.5.4 เพื่อให้หน่วยงานที่เกี่ยวข้องสามารถออกแบบนโยบาย มาตรการป้องกันและควบคุมโรคที่เหมาะสมกับบริบทของพื้นที่และประชากร

บทที่ 2

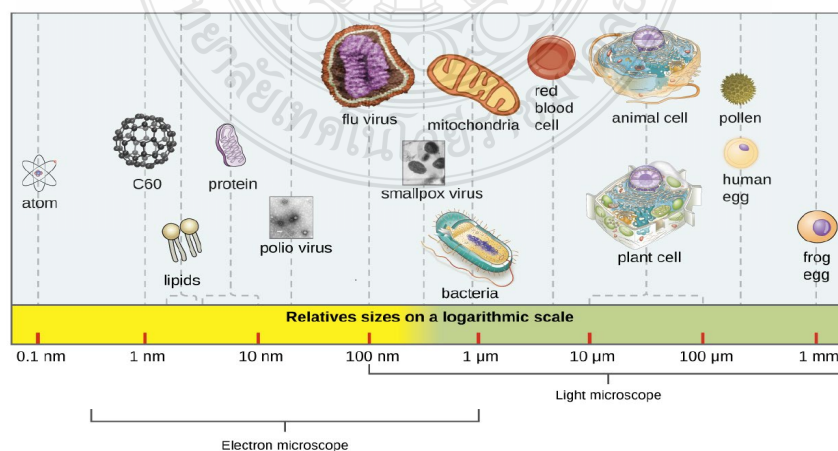
ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

งานวิจัยนี้ เป็นการนำเสนอการศึกษาพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 ในพื้นที่จำกัด เช่น อาคาร ห้องประชุม หรือระบบขนส่งสาธารณะ เนื่องจากพื้นที่เหล่านี้ มีประชากรหนาแน่นและมีโอกาสสูงที่ไวรัสจะแพร่กระจายได้ง่าย โดยทำการสร้างแบบจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรคโควิด 19 ด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ MATLAB วิเคราะห์ปัจจัยที่ส่งผลกระทบต่อพฤติกรรมการระบาดของโรคในกลุ่มประชากรแต่ละประเภท เพื่อนำมาใช้เป็นแนวทางในเตรียมความพร้อมวางแผนรับมือสถานการณ์การแพร่ระบาดของโรคติดเชื้อในระยะเริ่มแรก และแนวทางในการออกแบบมาตรการป้องกันและควบคุมโรคที่เหมาะสมได้อย่างมีประสิทธิภาพ โดยในบทนี้จะกล่าวถึงทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 ไวรัสโคโรนา และ SARS-CoV-2

ไวรัส (Virus) เป็นจุลินทรีย์ที่มีขนาดเล็กมาก โดยมีขนาดประมาณ 20–300 นาโนเมตร โครงสร้างของไวรัสแตกต่างจากสิ่งมีชีวิตอื่น ๆ เนื่องจากไม่มีเยื่อหุ้มเซลล์ (Cell membrane) และโปรโตพลาสซึม (Protoplasm) จึงไม่จัดเป็นเซลล์ (Cell) แต่เรียกได้ว่าเป็นอนุภาค ไวรัสไม่สามารถมองเห็นได้ด้วยตาเปล่าหรือกล้องจุลทรรศน์ทั่วไป ต้องใช้กล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนเท่านั้นจึงจะสังเกตเห็นได้

ไวรัสมีลักษณะคล้ายกาฝากที่ต้องอาศัยเซลล์ของสิ่งมีชีวิตอื่น (Host) เพื่อการเจริญเติบโตและเพิ่มจำนวน โดยสามารถแพร่พันธุ์หรือถ่ายทอดสารพันธุกรรมจากรุ่นหนึ่งไปยังอีกรุ่นหนึ่งได้ โดยปกติไวรัสจะไม่ติดต่อข้ามสายพันธุ์ ยกเว้นในกรณีที่ไวรัสเกิดการกลายพันธุ์ การติดเชื้อไวรัสสามารถทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงต่าง ๆ ในเซลล์ของสิ่งมีชีวิตอื่นได้ เช่น ทำให้เซลล์ตาย เกิดการรวมตัวของเซลล์ หรือเปลี่ยนแปลงคุณสมบัติของเซลล์ ส่งผลให้ก่อโรคได้ทั้งในพืช สัตว์ มนุษย์ และสิ่งมีชีวิตอื่นที่มีเซลล์ [2]



รูปที่ 2.1 ขนาดของไวรัสเปรียบเทียบกับจุลินทรีย์ชนิดอื่น ๆ [3]

โครงสร้างและส่วนประกอบของไวรัส ประกอบด้วย 4 ส่วน คือ

1. แกนกลาง (Core)

เป็นกรดนิวคลีอิก (Nucleic acid) ซึ่งอาจเป็นดีเอ็นเอ (Deoxyribonucleic acid: DNA) หรืออาร์เอ็นเอ (Ribonucleic acid: RNA) โดยมีได้ทั้งรูปแบบเส้นเดี่ยว (Single Strand) และเส้นคู่ (Double Strand) ขึ้นอยู่กับชนิดของไวรัส ดังนั้น กรดนิวคลีอิกในไวรัส สามารถแบ่งได้เป็น 4 แบบ ได้แก่ ดีเอ็นเอเส้นเดี่ยว ดีเอ็นเอเส้นคู่ อาร์เอ็นเอเส้นเดี่ยว และอาร์เอ็นเอเส้นคู่ กรดนิวคลีอิกเหล่านี้ทำหน้าที่ควบคุมการสร้างส่วนประกอบต่าง ๆ ของไวรัส และเป็นตัวกลางในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม

2. แคปซิด (Capsid)

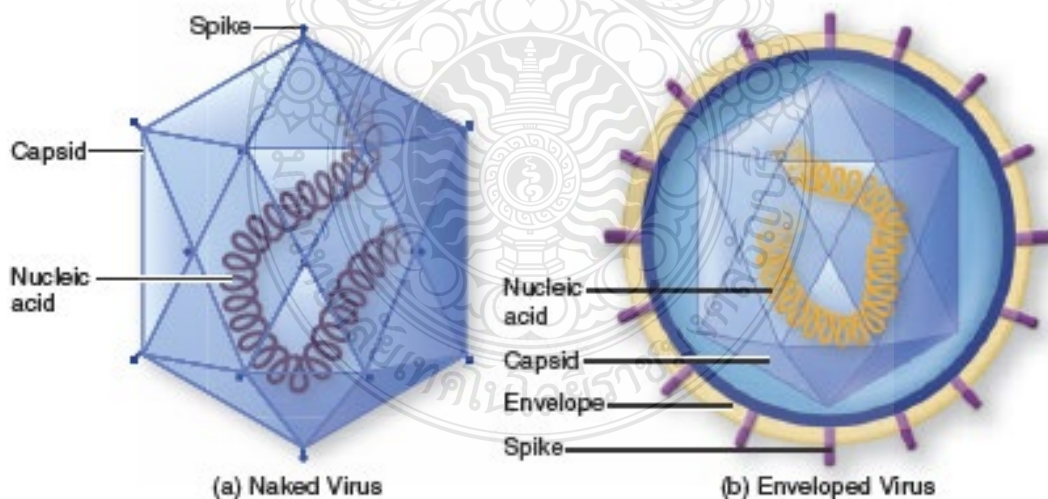
เป็นโครงสร้างโปรตีนที่หุ้มรอบกรดนิวคลีอิก ทำหน้าที่ปกป้องกรดนิวคลีอิกและช่วยในการเกาะติดกับเซลล์โฮสต์

3. เปลือกหุ้ม (Envelope)

เป็นชั้นหุ้มที่ประกอบด้วยโปรตีน คาร์โบไฮเดรต และไขมัน ซึ่งห่อหุ้มแคปซิดไวรัสบ้างหนึ่ง ไวรัสที่มีชั้นเปลือกหุ้มนี้เรียกว่า ไวรัสที่มีเปลือกหุ้ม (Enveloped Virus) ในขณะที่ไวรัสบางชนิดไม่มีชั้นเปลือกหุ้ม เรียกว่า ไวรัสที่ไม่มีเปลือกหุ้ม หรือไวรัสเปลือย (Naked Virus)

4. สไปค์ (Spike)

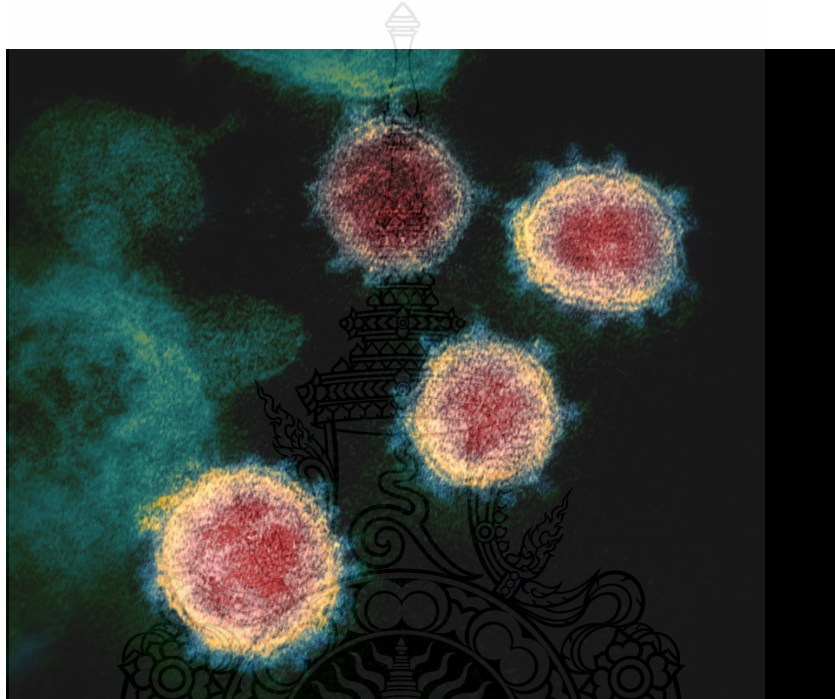
เป็นโครงสร้างโปรตีนที่ยื่นออกมาจากชั้นเปลือกหุ้ม ทำหน้าที่ช่วยในการเกาะติดกับตัวรับบนผิวเซลล์โฮสต์ และในบางชนิดยังทำหน้าที่กระตุ้นระบบภูมิคุ้มกันของร่างกายอีกด้วย [4]



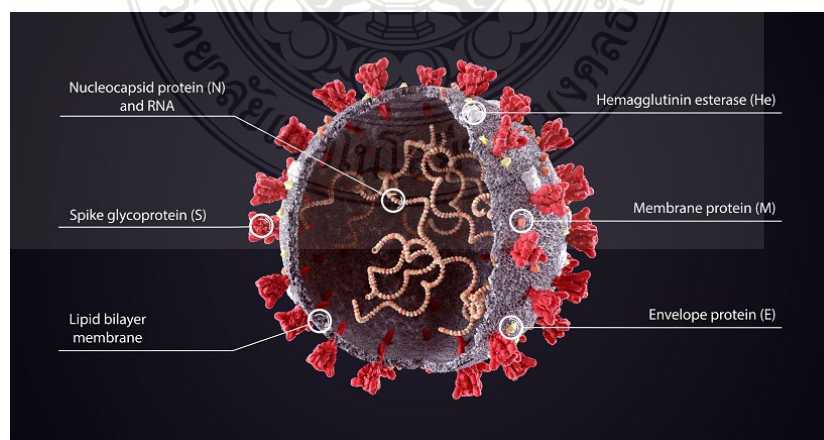
รูปที่ 2.2 โครงสร้างของไวรัสที่ไม่มีเปลือกหุ้ม (Naked virus) และไวรัสที่มีเปลือกหุ้ม (Enveloped virus)

ไวรัสโคโรนา (Coronavirus) เป็นไวรัสมีสารพันธุกรรมเป็นอาร์เอ็นเอ (RNA Virus) และมีขนาดใหญ่ที่สุด โดยคำว่า "โคโรนา" (Corona) มาจากภาษาละตินว่า "Crown" ซึ่งแปลว่า "มงกุฎ" เนื่องจากเมื่อส่องดูไวรัสชนิดนี้ผ่านกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอน จะเห็นกลุ่มคาร์โบไฮเดรตที่ยื่นออกมาเป็นปุ่ม (Spikes) รอบอนุภาคไวรัส มีลักษณะคล้ายมงกุฎที่ล้อมรอบอยู่

ไวรัสโคโรนา เป็นไวรัสที่มีเปลือกหุ้ม (Enveloped Virus) ลักษณะรูปร่างกลมหรือรูปไข่ โดยมีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางประมาณ 120-160 นาโนเมตร และมีสารพันธุกรรมเป็นอาร์เอ็นเอชนิดเส้นเดี่ยว (Single-stranded RNA Virus)



รูปที่ 2.3 รูปร่างของไวรัสโคโรนาจากกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอน



รูปที่ 2.4 โครงสร้างและส่วนประกอบของไวรัสโคโรนา

ไวรัสโคโรนาถูกค้นพบครั้งแรกเมื่อปี พ.ศ. 2503 (ค.ศ. 1960) เป็นกลุ่มไวรัสที่ก่อโรคในสัตว์ เลี้ยงลูกด้วยนม สัตว์ปีก และมนุษย์ โดยสามารถทำให้เกิดการติดเชื้อในระบบทางเดินหายใจได้ ตั้งแต่ระดับไม่รุนแรงจนถึงระดับรุนแรงและเสียชีวิต

สายพันธุ์ของไวรัสโคโรนาที่สามารถก่อโรคในมนุษย์ได้มีอยู่ทั้งหมด 7 สายพันธุ์ แบ่งออกเป็น 2 กลุ่มหลัก คือ สายพันธุ์ที่ก่อโรคไม่รุนแรง จำนวน 4 สายพันธุ์ และสายพันธุ์ที่ก่อโรครุนแรง จำนวน 3 สายพันธุ์ รายละเอียดดังนี้

1. สายพันธุ์ที่ก่อโรคไม่รุนแรง จำนวน 4 สายพันธุ์ ได้แก่

1.1 Human Coronavirus 229E (HCoV-229E)

1.2 Human Coronavirus NL63 (HCoV-NL63)

1.3 Human Coronavirus OC43 (HCoV-OC43)

1.4 Human Coronavirus HKU1 (HCoV-HKU1)

สายพันธุ์เหล่านี้มักทำให้เกิดการติดเชื้อในระบบทางเดินหายใจส่วนบน (Upper Respiratory Tract Infection) และก่อให้เกิดอาการคล้ายไข้หวัดธรรมดาในมนุษย์

2. สายพันธุ์ที่ก่อโรครุนแรง จำนวน 3 สายพันธุ์ ได้แก่

2.1 Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus (SARS-CoV)

ไวรัสซาร์ส-โควี (SARS-CoV) เป็นสาเหตุของโรคทางเดินหายใจเฉียบพลันรุนแรง หรือโรคซาร์ส (SARS) พบการระบาดครั้งแรกในสาธารณรัฐประชาชนจีนระหว่างปี พ.ศ. 2545–2546 หรือ ค.ศ. 2002–2003 เชื้อไวรัสสายพันธุ์นี้ทำให้เกิดอาการปอดบวมอักเสบรุนแรง ร่วมกับภาวะหายใจลำบาก และแพร่ระบาดไปทั่วโลกอย่างรวดเร็ว โดยมีผู้ติดเชื้อมากกว่า 8,000 ราย และมีอัตราการเสียชีวิตสูงถึงร้อยละ 10

2.2 Middle East Respiratory Syndrome (MERS-CoV)

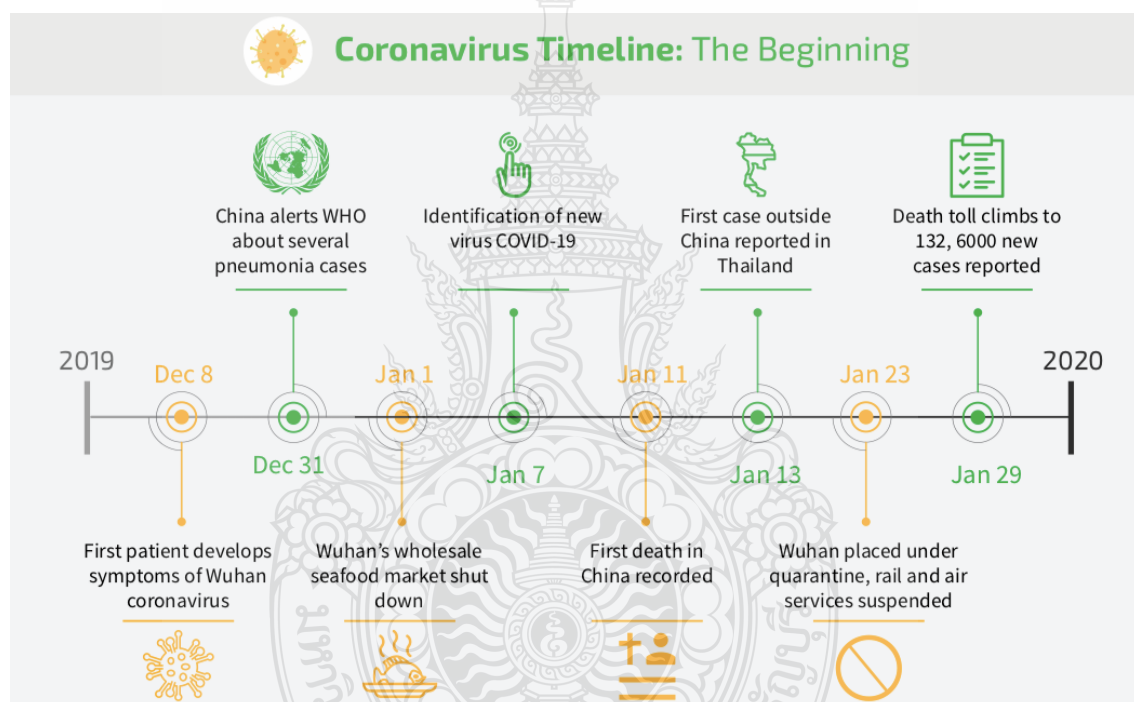
ไวรัสเมอร์ส-โควี (MERS-CoV) เป็นสาเหตุของโรคทางเดินหายใจตะวันออกกลาง หรือโรคเมอร์ส (MERS) พบการระบาดครั้งแรกในราชอาณาจักรซาอุดีอาระเบีย ในปี พ.ศ. 2555 หรือ ค.ศ. 2012 เชื้อไวรัสนี้ทำให้เกิดโรคปอดอักเสบชนิดรุนแรง และมีอัตราการเสียชีวิตสูงถึงร้อยละ 40

2.3 Severe Acute Respiratory Syndrome-Coronavirus-2 (SARS-CoV-2)

ไวรัสซาร์ส-โควี-2 (SARS-CoV-2) เป็นเชื้อไวรัสโคโรนาสายพันธุ์ใหม่ที่ถูกค้นพบที่ นครอู่ฮั่น มณฑลหูเป่ย์ สาธารณรัฐประชาชนจีน ในปลายปี พ.ศ. 2562 หรือ ค.ศ. 2019 นับเป็นเชื้อไวรัสโคโรนาสายพันธุ์ที่ 7 ที่ก่อโรคในมนุษย์ โดยแยกเชื้อได้จากผู้ป่วยที่มีอาการปอดอักเสบคล้ายโรคซาร์ส [5]

2.2 การแพร่ระบาดของไวรัสโคโรนาสายพันธุ์ใหม่ SARS-CoV-2

การแพร่ระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (Coronavirus disease 2019: COVID-19) เริ่มต้นขึ้นในเดือนธันวาคม พ.ศ. 2562 หรือ ค.ศ. 2019 ในเมืองอู่ฮั่น มณฑลหูเป่ย์ สาธารณรัฐประชาชนจีน ทางศูนย์ควบคุมและป้องกันโรคแห่งสาธารณรัฐประชาชนจีน (China CDC) ได้แจ้งองค์การอนามัยโลก (WHO) เกี่ยวกับการณ์ผู้ป่วยปอดอักเสบที่ไม่ทราบสาเหตุเมื่อวันที่ 31 ธันวาคม 2562 ต่อมาในวันที่ 7 มกราคม 2563 นักวิทยาศาสตร์จีนสามารถระบุสาเหตุของโรค เกิดจากเชื้อไวรัสโคโรนาสายพันธุ์ใหม่ และเมื่อวันที่ 11 มกราคม 2563 ได้มีผู้เสียชีวิตรายแรกจากไวรัสชนิดนี้ที่สาธารณรัฐประชาชนจีน หลังจากนั้น การระบาดของโรคได้ขยายตัวอย่างรวดเร็ว จากจุดเริ่มต้นในจีนเพียงประเทศเดียว ก็แพร่กระจายไปยังประเทศและภูมิภาคต่าง ๆ ทั่วโลก



รูปที่ 2.5 ลำดับเหตุการณ์ช่วงเริ่มต้นในการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 [6]

การแพร่กระจายของไวรัสเกิดขึ้นอย่างรวดเร็วทั้งในจีนและต่างประเทศ เมื่อวันที่ 13 มกราคม 2563 ได้มีรายงานพบผู้ป่วยนอกประเทศจีนเป็นครั้งแรก ซึ่งตรวจพบที่ประเทศไทย ส่งสัญญาณเตือนถึงการแพร่ระบาดข้ามพรมแดน และทางการจีนมีประกาศปิดเมืองอู่ฮั่นในวันที่ 23 มกราคม 2563 เพื่อควบคุมการแพร่ระบาด

เมื่อวันที่ 30 มกราคม พ.ศ. 2563 องค์การอนามัยโลก (WHO) ประกาศให้การระบาดของไวรัสโคโรนาสายพันธุ์ใหม่ เป็นภาวะฉุกเฉินทางสาธารณสุขระหว่างประเทศ (Public Health Emergency of International Concern: PHEIC)

ต่อมาในวันที่ 11 กุมภาพันธ์ พ.ศ. 2563 คณะกรรมการระหว่างประเทศว่าด้วยอนุกรมวิธานของไวรัส (The International Committee on Taxonomy of Viruses: ICTV) มีการประกาศชื่อของไวรัสอย่างเป็นทางการว่า ไวรัสซาร์ส-โควี-2 (Severe Acute Respiratory Syndrome-Coronavirus-2: SARS-CoV-2) เนื่องจากมีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมกับไวรัสที่ก่อให้เกิดโรคซาร์ส (SARS)

องค์การอนามัยโลก (WHO) ได้กำหนดชื่อเรียกโรคติดเชื้อจากไวรัสชนิดดังกล่าวว่า Coronavirus disease 2019 (COVID-19) โดยชื่อนี้มีที่มาจาก

CO มาจาก Corona

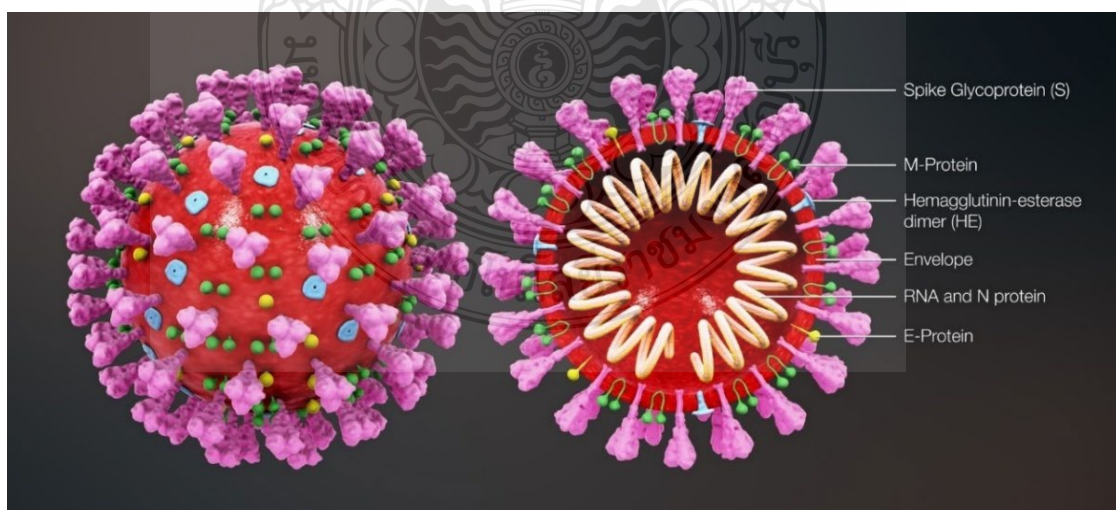
VI มาจาก Virus

D มาจาก Disease

19 แทนปี ค.ศ. 2019 ซึ่งเป็นปีที่พบการระบาดครั้งแรก

กระทรวงสาธารณสุขของประเทศไทย ได้เรียกชื่อโรคนี้ว่า โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 หรือโรคโควิด 19 [7]

ในวันที่ 11 มีนาคม พ.ศ. 2563 องค์การอนามัยโลกได้ประกาศให้โรคโควิด 19 เป็นโรคระบาดใหญ่ทั่วโลก (Pandemic) เนื่องจากไวรัสได้แพร่กระจายไปยังกว่า 100 ประเทศทั่วโลกภายในเวลาอันสั้น และมีจำนวนผู้ติดเชื้อ ผู้ป่วย และผู้เสียชีวิตเพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็ว ปัจจุบันข้อมูลจากองค์การอนามัยโลก ณ วันที่ 2 มีนาคม พ.ศ. 2567 มีจำนวนผู้ติดเชื้อสะสมทั่วโลก 777,594,331 คน และจำนวนผู้เสียชีวิต 7,089,989 คน การระบาดเกิดขึ้นใน 240 ประเทศ โดยมีอัตราการเสียชีวิตร้อยละ 0.91 [8]



รูปที่ 2.6 โครงสร้างของไวรัสซาร์ส-โควี-2 (SARS-CoV-2)

โครงสร้างของไวรัสซาร์ส-โควี-2 (SARS-CoV-2) จัดเป็นไวรัสแบบโพลิมอร์ฟิก (Polymorphic) หมายความว่า ขนาดของอนุภาคไวรัสแต่ละอนุภาคอาจแตกต่างกัน โดยมีขนาดตั้งแต่ 50-150 นาโนเมตร จากการศึกษาหาลำดับพันธุกรรมและการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้งหมดในจีโนม (Whole Genome Sequencing) ของไวรัสซาร์ส-โควี-2 (SARS-CoV-2) พบว่า ไวรัสชนิดนี้มีลำดับนิวคลีโอไทด์ประมาณ 29,903 คู่เบส เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ (Phylogenetic Tree) พบว่าไวรัสซาร์ส-โควี-2 มีความใกล้เคียงกับไวรัสซาร์สของค้างคาวที่พบในประเทศจีน (Bat SARS-like Coronavirus ZC45) ประมาณร้อยละ 89 และมีความใกล้เคียงกับไวรัสซาร์สของมนุษย์ (SARS-CoV) ประมาณร้อยละ 79

ในปัจจุบัน นักวิทยาศาสตร์เชื่อว่าไวรัสซาร์ส-โควี-2 (SARS-CoV-2) มีต้นกำเนิดมาจากเชื้อไวรัสโคโรนาในค้างคาว ซึ่งเกิดการกลายพันธุ์จนกลายเป็นไวรัสซาร์ส-โควี-2 อย่างไรก็ตาม ยังไม่มีหลักฐานชัดเจนว่าสัตว์ตัวกลาง (Intermediate Host) ที่ทำให้เชื้อไวรัสจากค้างคาวแพร่มาสู่มนุษย์คือสัตว์ชนิดใด โดยในอดีตพบว่า ไวรัสซาร์ส-โควี (SARS-CoV) มีชะมด (Palm Civet) เป็นสัตว์ตัวกลาง และไวรัสเมอร์ส-โควี (MERS-CoV) มีอูฐหนอกเดียว (Dromedary Camel) เป็นสัตว์ตัวกลาง [9]

2.3 อาการของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019

โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19) เป็นโรคติดเชื้อทางเดินหายใจที่เกิดจากไวรัสซาร์ส-โควี-2 (SARS-CoV-2) เมื่อเซลล์ปอดติดเชื้อไวรัสนี้อย่างสมบูรณ์ ผู้ป่วยจะมีอาการเบื้องต้นคล้ายโรคไข้หวัดใหญ่ (Influenza-like illness) ซึ่งประกอบด้วยอาการที่ไม่จำเพาะ เช่น มีไข้ (อุณหภูมิ 37.5 องศาเซลเซียสขึ้นไป) ไอแห้ง หายใจลำบาก ปวดหัว ปวดกล้ามเนื้อ ครั่นเนื้อครั่นตัว อาการทางระบบทางเดินหายใจ บางรายอาจพบอาการอื่น ๆ เช่น จมูกไม่ได้กลิ่น ลิ้นไม่รับรส ตาแดง ผื่นขึ้น หรือท้องเสีย ในกรณีที่อาการรุนแรง อาจพบปอดอักเสบร่วมกับอาการเหนื่อยหอบ หายใจลำบาก หรือหายใจเร็ว อาการของโรคโควิด 19 มีได้ตั้งแต่ระดับไม่แสดงอาการ (Asymptomatic) ไปจนถึงระดับรุนแรงและเสียชีวิตได้ เช่น ปอดอักเสบรุนแรง (Pneumonia)

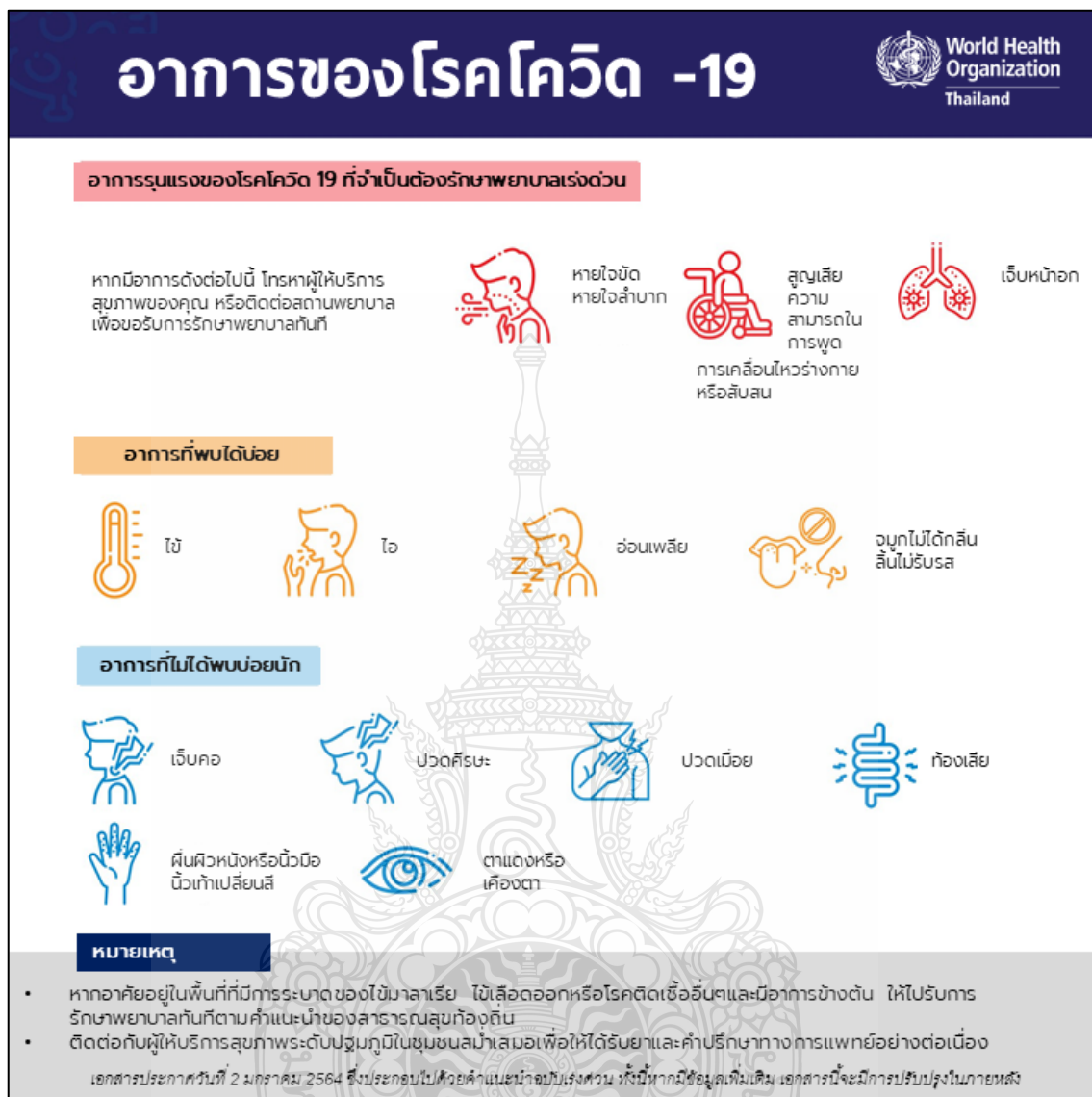
สัดส่วนความรุนแรงของอาการผู้ป่วยโควิด 19 จำแนกได้ดังนี้

ร้อยละ 80 ของผู้ป่วยมีอาการเล็กน้อย คล้ายไข้หวัดธรรมดาหรือไข้หวัดใหญ่ และสามารถหายได้เองโดยไม่ต้องใช้ยาด้านไวรัส

ร้อยละ 14 ของผู้ป่วยมีอาการหนักจากปอดอักเสบ หายใจผิดปกติ

ร้อยละ 5 ของผู้ป่วยมีอาการวิกฤติ เช่น การหายใจล้มเหลว ช็อคจากการป่วยรุนแรง

ร้อยละ 1-2 ของผู้ป่วยเสียชีวิตหลังจากมีอาการหนัก มักเกิดขึ้นในกลุ่มผู้สูงอายุและผู้ที่มีโรคประจำตัว เช่น โรคหัวใจ ความดันโลหิตสูง เบาหวาน ภูมิคุ้มกันต่ำ หรือโรคมะเร็ง [10]



รูปที่ 2.7 อาการของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19) [11]

2.4 ระบาดวิทยากับโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019

จุดประสงค์ของระบาดวิทยา (Epidemiology) มี 4 ข้อดังนี้

1. เพื่อวัดความถี่ของการเกิดโรค บอกจำนวนของการเกิดโรค
2. เพื่อประเมินการกระจายของโรค ได้แก่ ใครเป็นโรค (Who) เกิดโรคที่ไหน (Where) และเกิดโรคเมื่อไหร่ (When)
3. เพื่อตั้งสมมติฐานเกี่ยวกับสาเหตุและปัจจัยป้องกัน
4. เพื่อระบุปัจจัยของการเกิดโรค นำไปสู่การทดสอบทางสมมติฐานโดยใช้การศึกษาทางระบาดวิทยา

นิยามของระบาดวิทยา คือ การศึกษาการกระจาย และปัจจัยที่เกี่ยวข้องกับภาวะสุขภาพในกลุ่มประชากรหนึ่ง ๆ และนำไปประยุกต์ใช้เพื่อควบคุมปัญหาสุขภาพ มีความหมายดังนี้

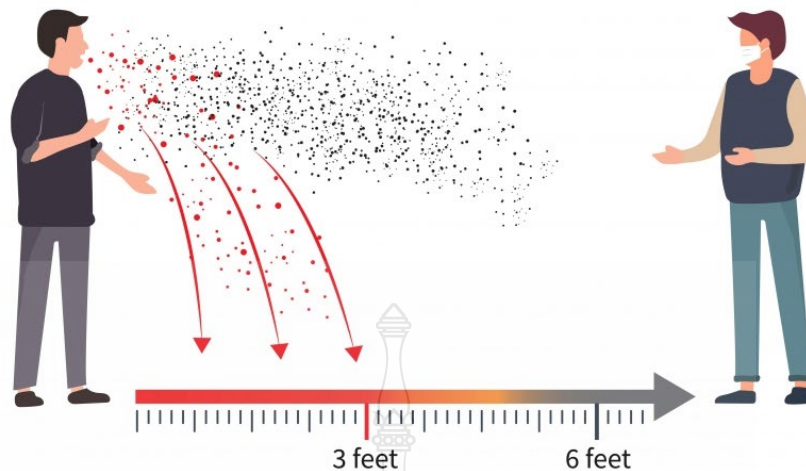
1. การกระจาย (Distribution) หมายถึง การเกิดโรคของผู้ป่วย แบ่งตามเวลา สถานที่ และบุคคล
2. ปัจจัย (Determinants) หมายถึง สาเหตุทั้งหมดและปัจจัยต่อการเกิดโรค ทั้งทางกายภาพ (Physical) ชีวภาพ (Biological) สังคม (Social) วัฒนธรรม (Cultural) และพฤติกรรม (Behavioral)
3. ภาวะสุขภาพ (Health-Related States) หมายถึง การวินิจฉัยโรคหนึ่ง ๆ หรือสาเหตุของการเสียชีวิต พฤติกรรมที่เกี่ยวข้องกับสุขภาพ เช่น การสูบบุหรี่ การรับประทานวิตามินชนิดสังเคราะห์
4. กลุ่มประชากรหนึ่ง ๆ (Specified Population) หมายถึง กลุ่มที่สามารถวัดได้ กำหนดจากสถานที่ เวลา ลักษณะทางประชากร (Demographics) และลักษณะอื่น ๆ
5. การประยุกต์ (Application) หมายถึง การวิเคราะห์ การสรุป การกระจาย และการใช้ข้อมูลทางระบาดวิทยาอย่างทันเวลา เพื่อปกป้องสุขภาพของประชากร

วิธีการทางระบาดวิทยา แบ่งออกเป็น 2 วิธี ได้แก่

1. ระบาดวิทยาเชิงพรรณนา (Descriptive Epidemiology) เป็นการศึกษารูปแบบของเหตุการณ์สุขภาพ และความถี่ของการเกิดโรคในกลุ่มประชากรในแง่ของบุคคล สถานที่ และเวลา มีจุดประสงค์เพื่อระบุปัญหาสำหรับการศึกษาต่อไป เพื่อวางแผน การให้บริการ และประเมินการบริการทางด้านสุขภาพ
2. ระบาดวิทยาเชิงวิเคราะห์ (Analytic Epidemiology) เป็นการศึกษาเกี่ยวกับความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยเสี่ยงและโรค มีจุดประสงค์เพื่อหาว่า ทำไมอัตราการเกิดโรคจึงสูง (หรือต่ำ) ในประชากรนั้น ๆ [12]

จากแนวทางการศึกษาของระบาดวิทยากับข้อมูลโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 นำมาสรุปได้ 3 ประเด็นหลัก ดังนี้

1. ปัจจัยที่ทำให้เกิดโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19) มีสาเหตุหลักจาก
 - 1.1 การติดต่อผ่านฝอยละอองขนาดใหญ่ (Respiratory Droplet) จากผู้ป่วยติดเชื้อ เช่น การไอ จาม พุดคุย ตะโกน หรือร้องเพลงเสียงดัง เมื่อผู้ที่อยู่ใกล้ชิด (ภายในระยะไม่เกิน 2 เมตร) การสูดหายใจเอาละอองฝอยเหล่านี้เข้าไป เชื้อไวรัสจะเข้าสู่ทางเดินหายใจและทำให้เกิดการติดเชื้อได้
 - 1.2 การสัมผัสวัตถุ พื้นผิวที่ปนเปื้อนเชื้อ แล้วนำเข้าสู่ร่างกายโดยไม่ตั้งใจ โดยผู้สัมผัสอาจนำเชื้อเข้าสู่ร่างกายผ่านการขยี้ตา แคะจมูก หรือสัมผัสปากส่วนที่เป็นเนื้อเยื่ออ่อน อย่างไรก็ตามช่องทางนี้มักไม่ทำให้เกิดการระบาดเป็นกลุ่มก้อนอย่างรวดเร็ว
 - 1.3 การรับฝอยละอองขนาดเล็ก (Airborne) ซึ่งอาจเกิดขึ้นเมื่อมีการทำหัตถการบางอย่างในผู้ป่วยที่ทำให้เกิดฝอยละอองเสมหะขนาดเล็ก (Aerosolized Generation Procedure) เช่น การใส่หรือถอดท่อช่วยหายใจ การพ่นยา การดูดเสมหะผ่านทางท่อช่วยหายใจ และการช่วยฟื้นคืนชีพ เป็นต้นช่องทางนี้มีความเสี่ยงสูงในการแพร่กระจายเชื้อไวรัสในสถานการณ์เฉพาะทางแพทย์หรือการรักษาพยาบาล [13]



รูปที่ 2.8 ระยะห่างของการแพร่กระจายเชื้อไวรัสซาร์ส-โควี-2 ผ่านฝอยละอองขนาดใหญ่ [14]

ผลจากการสัมผัสกับเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19) หากได้รับเชื้อเข้ามาอาจส่งผลให้เป็นพาหะของเชื้อ หมายถึงผู้ที่รับเชื้อโรคแต่ไม่เกิดการติดเชื้อ มักเกิดจากการสัมผัสเชื้อผ่านมือ หรือกลายเป็นผู้ติดเชื้อ ซึ่งสามารถตรวจพบได้ผ่านการตรวจเลือด โดยแบ่งเป็น 2 ประเภท ได้แก่ ผู้ติดเชื้อที่ไม่มีอาการ และผู้ป่วยติดเชื้อที่มีอาการ ซึ่งอาจมีอาการน้อยไปจนถึงอาการรุนแรง [15]

การทราบปัจจัยเหล่านี้ช่วยให้หน่วยงานสาธารณสุขกำหนดมาตรการป้องกันได้ เช่น การสวมหน้ากากเพื่อลดการกระจายเชื้อ การใช้ยาฆ่าเชื้อทำความสะอาดพื้นผิวต่าง ๆ เพื่อลดการสะสมของเชื้อ

2. ระยะของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19) จากการศึกษาาระบาดวิทยาของโรคโควิด 19 ทำให้กำหนดระยะของโรคได้ ดังนี้

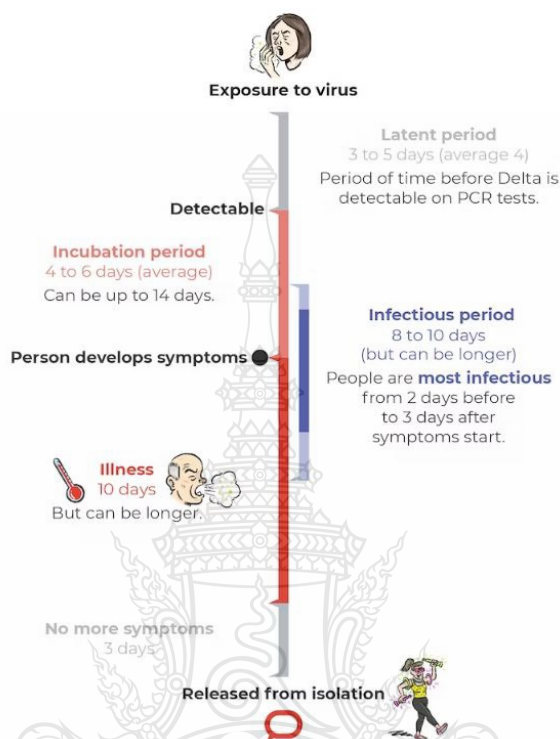
2.1 ระยะแฝงตัว (Latent period) หรือระยะก่อนมีอาการ เป็นระยะที่ยังไม่มีอาการ แต่สามารถตรวจพบเชื้อได้ผ่านการตรวจคัดกรอง เช่น การตรวจ RT-PCR โดยทั่วไปจะอยู่ที่ 3-5 วัน

2.2 ระยะฟักตัว (Incubation period) เป็นช่วงเวลาตั้งแต่ตรวจพบเชื้อจนถึงเริ่มแสดงอาการ โดยเฉลี่ยอยู่ที่ 4-6 วัน หรืออาจนานถึง 14 วัน ในระยะนี้ ผู้ติดเชื้อสามารถแพร่เชื้อได้ตั้งแต่ 2-3 วันก่อนแสดงอาการ เนื่องจากระยะฟักตัวของแต่ละคนอาจแตกต่างกัน จึงควรกักตัวอย่างน้อย 14 วันทันทีหลังเสี่ยงรับเชื้อ

2.3 ระยะแพร่เชื้อ (Infectious period) เป็นช่วงที่ผู้ติดเชื้อสามารถแพร่เชื้อให้ผู้อื่นได้ โดยส่วนใหญ่โรคโควิด-19 จะเริ่มแพร่เชื้อได้ 2-3 วันก่อนแสดงอาการ และสามารถแพร่เชื้อได้นานถึง 8-10 วัน

2.4 ระยะเจ็บป่วย (Illness) หรือระยะเวลาในการรักษาตัว เป็นช่วงเวลาที่ผู้ติดเชื้อแสดงอาการจนถึงช่วงที่ไม่แสดงอาการอีกต่อไป โดยทั่วไปจะอยู่ที่ 10 วัน หรือมากกว่านั้น อาการของโรคอาจมีได้ตั้งแต่ ไม่แสดงอาการ (Asymptomatic) ไปจนถึงอาการน้อย ปานกลาง รุนแรง หรือเสียชีวิต ขึ้นอยู่กับปัจจัยต่าง ๆ เช่น อายุ โรคประจำตัว เป็นต้น

การศึกษาระยะของโรคช่วยให้หน่วยงานที่เกี่ยวข้องสามารถแจ้งเตือนประชาชนให้ป้องกันตนเอง สังเกตอาการ และปฏิบัติตามมาตรการกักตัว 14 วัน เพื่อบรรเทาผลกระทบของโรค จากรูปที่ 2.9 เป็นการแสดงลำดับการเกิดระยะของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019



รูปที่ 2.9 ลำดับการเกิดระยะโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19) [16]

3. วิธีการกระจายเชื้อ

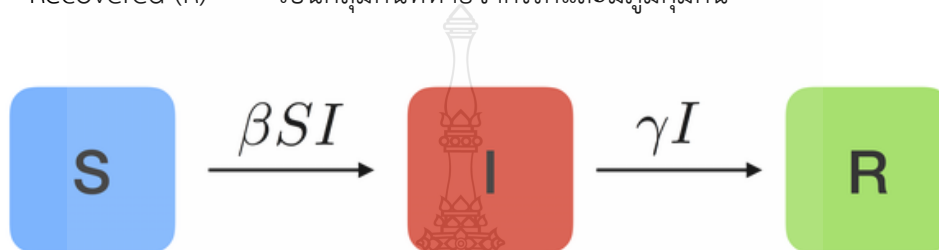
การแพร่กระจายเชื้อของโรคโควิด 19 เกิดขึ้นผ่าน ฝอยละอองขนาดใหญ่ (Respiratory Droplet) เช่น การไอ จาม พุดคุย ตะโกน หรือร้องเพลงเสียงดัง เมื่อผู้ที่อยู่ใกล้ชิด (ภายในระยะไม่เกิน 2 เมตร) สูดหายใจเอาละอองฝอยเหล่านี้เข้าไป เชื้อไวรัสจะเข้าสู่ทางเดินหายใจและทำให้เกิดการติดเชื้อได้ นอกจากนี้ การทราบว่าผู้ติดเชื้อสามารถแพร่เชื้อได้แม้ใน ระยะฟักตัวที่ยังไม่มีอาการ ช่วยให้เข้าใจการแพร่กระจายของโรคได้ดียิ่งขึ้น

การทราบวิธีการกระจายเชื้อช่วยให้เจ้าหน้าที่สาธารณสุขออกมาตรการควบคุมโรคได้ เช่น การหลีกเลี่ยงพื้นที่ชุมชน การหลีกเลี่ยงการสัมผัสใกล้ชิด การสวมหน้ากากอนามัย การสอบสวนโรคเพื่อระบุแหล่งระบาดและกลุ่มเสี่ยง มาตรการเหล่านี้มีส่วนสำคัญในการควบคุมและป้องกันการแพร่กระจายของโรคโควิด 19

2.5 แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคระบาด

แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคระบาด SIR Model (Susceptible – Infected – Recovered) คิดค้นโดย Kermack W.O. และ Mckendrick A. G. [17] แบ่งประชากรออกเป็น 3 กลุ่ม ดังนี้

Susceptible (S)	เป็นกลุ่มคนที่มีโอกาสติดเชื้อ
Infected (I)	เป็นกลุ่มคนที่ติดเชื้อ
Recovered (R)	เป็นกลุ่มคนที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน



รูปที่ 2.10 แผนภาพแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ SIR Model

จากรูปที่ 2.10 จะได้สมการพื้นฐานของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ SIR Model ดังต่อไปนี้

$$\frac{dS}{dt} = \frac{\beta SI}{N} \quad (2.1)$$

สมการ 2.1 หมายถึง อัตราการเปลี่ยนแปลงของกลุ่มที่มีโอกาสติดเชื้อ (S) ต่อหน่วยเวลา

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \gamma I \quad (2.2)$$

สมการ 2.2 หมายถึง อัตราการเปลี่ยนแปลงของกลุ่มที่ติดเชื้อ (I) ต่อหน่วยเวลา

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (2.3)$$

สมการ 2.3 หมายถึง อัตราการเปลี่ยนแปลงของกลุ่มที่มีภูมิคุ้มกัน (R) ต่อหน่วยเวลา

โดยที่ μ คือ อัตราการเกิดของประชากร

β คือ อัตราการแพร่เชื้อ

γ คือ อัตราการหายป่วย

N คือ จำนวนประชากรทั้งหมด ($N = S + I + R$)

ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic Reproductive Number: R_0) หมายถึง ค่าเฉลี่ยจำนวนผู้ติดเชื้อรายใหม่ที่ได้รับเชื้อจากผู้ป่วยรายแรก ๆ หรือค่าที่ใช้อธิบายว่าในประชากรที่ไม่มีภูมิคุ้มกันและไม่มีการควบคุมโรค คน 1 คน จะแพร่เชื้อให้ผู้อื่นได้เฉลี่ยกี่คน ค่านี้สามารถแสดงได้ผ่านสมการทางระบาดวิทยา และใช้เป็นตัวชี้วัดความสามารถในการแพร่กระจายของโรคได้ แสดงได้ดังสมการนี้

$$R_0 = \frac{\beta}{\mu + \gamma} \quad (2.4)$$

โดยที่ $R_0 > 1$ แสดงว่า จำนวนผู้ป่วยจะเพิ่มขึ้น และมีการระบาดของโรคเกิดขึ้น และ $R_0 < 1$ แสดงว่า จำนวนผู้ติดเชื้อลดลง และโรคจะถูกควบคุมให้หมดไปในที่สุด

ภูมิคุ้มกันหมู่ (Herd Immunity) หมายถึง ภาวะที่ประชากรส่วนใหญ่ในสังคมมีภูมิคุ้มกันต่อโรค โดยมีสัดส่วนของคนที่มีภูมิคุ้มกันสูงพอที่จะป้องกันการแพร่ระบาดของโรคไม่ให้เกิดขึ้นอีกในอนาคต ภูมิคุ้มกันหมู่สามารถเกิดขึ้นได้สองทาง คือ

1. การหายจากโรคตามธรรมชาติ ซึ่งทำให้ร่างกายสร้างภูมิคุ้มกันขึ้นมา
2. การได้รับวัคซีน

ภูมิคุ้มกันหมู่มักแสดงเป็นเปอร์เซ็นต์ (%) และสามารถคำนวณได้จากสมการทางระบาดวิทยา เพื่อประเมินสัดส่วนประชากรที่จำเป็นต้องมีภูมิคุ้มกันเพื่อหยุดการแพร่ระบาดของโรค

$$\text{Herd Immunity} = 1 - (1/R_0) \quad (2.5)$$

2.6 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

เทียนสิริ เหลืองวิไล และคณะ [18] งานวิจัยนี้นำเสนอการใช้แบบจำลอง Susceptible-Infectious-Recovered-Dead หรือ SIR/D เพื่อมาวิเคราะห์สถานการณ์การติดต่อของโรคโควิด 19 ในประเทศไทย โดยใช้ข้อมูลของสถานการณ์โรคโควิด 19 ที่เกิดขึ้นจริงในประเทศไทย จนถึงวันที่ 14 เมษายน พ.ศ. 2563 มาวิเคราะห์พฤติกรรม และดำเนินการทำประมาณการแบบถดถอยที่ไม่เป็นเชิงเส้น เข้ากับระบบสมการเชิงอนุพันธ์ลำดับที่หนึ่ง จำนวน 4 สมการ เพื่อหาค่าตัวแปรที่ยังไม่ทราบค่าในแบบจำลอง SIR/D ที่มีทั้งสิ้น 4 ตัวแปร คือ $S(0)$, β , α และ γ ซึ่งนำข้อมูลของสถานการณ์โรคโควิด 19 ที่เกิดขึ้นจริงในประเทศไทย มาใช้เป็นค่าเริ่มต้น จำนวน 3 ตัวแปร คือ $I(0)$, $R(0)$ และ $D(0)$ จากนั้นทำการแก้สมการเชิงอนุพันธ์ทั้ง 4 สมการ เพื่อทำนายสถานการณ์การแพร่กระจายโรคโควิด 19 ในประเทศไทย จากกระบวนการวิเคราะห์ที่ได้พบว่า จำนวนผู้ติดเชื้อโควิด 19 ทั้งหมดในประเทศไทย จะมีจำนวนทั้งสิ้น 2,803 คน โดยจำนวนผู้ติดเชื้อรายใหม่จะลดลงจนเข้าใกล้ศูนย์ เมื่อประมาณกลางเดือนพฤษภาคม พ.ศ. 2563

อิทธิเทพ นวาระสุจิตร์ และคณะ [19] งานวิจัยนี้นำเสนอการใช้แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ SIR มาวิเคราะห์สถานการณ์การติดต่อของโรคโควิด-19 ในประเทศไทย รวมถึงการวิเคราะห์ความเสถียรภาพของตัวแบบ โดยการจำลองค่าพารามิเตอร์ที่แตกต่างกัน เพื่อคาดการณ์จำนวนผู้ติดเชื้อโรคโควิด-19 และ ใช้สมการโลจิสติกส์เพื่อดูแนวโน้มผู้ติดเชื้อรายใหม่ เพื่อควบคุมจำนวนผู้ติดเชื้อให้เพียงพอต่อวัคซีนที่จะเข้ามาในอนาคต โดยใช้ข้อมูลจาก กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข ช่วงวันที่ 15 ธันวาคม พ.ศ. 2563 ถึง 28 กุมภาพันธ์ พ.ศ. 2564 มาแทนค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ โดยใช้วิธีการเชิงตัวเลขในการคำนวณผ่านโปรแกรมคำนวณ MATLAB ผลการวิจัยพบว่า เมื่อ $R_0 = 2.7$ ซึ่งเกิดขึ้นในการระบาดระลอกแรก ถ้าไม่มีมาตรการป้องกัน ใด ๆ เกิดขึ้น จำนวนผู้ติดเชื้อจะสูงถึง 78,901 ราย แต่เมื่อมีมาตรการต่าง ๆ เช่น การเว้นระยะห่าง การสวมหน้ากากอนามัย ล้างมือบ่อย ๆ และการล็อกดาวน์ในพื้นที่เสี่ยง เป็นต้น จะพบว่า R_0 จะมีค่าลดลง ซึ่งจะทำให้จำนวนผู้ติดเชื้อรายใหม่มีจำนวนลดลงด้วย

ธนภรณ์ จันทร์ทอง และคณะ [20] งานวิจัยนี้ได้ทำการศึกษาผลเชิงตัวเลขของแบบจำลองการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา (โควิด-19) โดยแบ่งประชากรออกเป็น 7 กลุ่ม ได้แก่ ผู้ที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ ผู้ที่เชื้อฟักตัวแต่ไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ผู้ที่เสียชีวิตจากการติดเชื้อ ผู้ที่ติดเชื้อและสามารถถ่ายทอดเชื้อได้ ผู้ที่หายจากการติดเชื้อ ผู้ที่ได้รับการฉีดวัคซีน และผู้ติดเชื้อที่ถูกคัดแยก ใน การวิเคราะห์เสถียรภาพจุดสมดุลของแบบจำลอง โดยการแก้ระบบสมการเชิงอนุพันธ์ พบว่ามีจุดสมดุล 2 จุด ได้แก่ จุดสมดุลที่อิสระจากโรค และจุดสมดุลที่โรคคงอยู่ จากการศึกษาพบว่า หากค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน น้อยกว่า 1 จุดสมดุลที่อิสระจากโรคจะเป็นจุดที่มีเสถียรภาพเชิงเส้นกำกับ ในทางกลับกัน หากค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน มากกว่า 1 จุดสมดุลที่โรคคงอยู่จะเป็นจุดที่มีเสถียรภาพเชิงเส้นกำกับ แบบจำลองนี้สามารถนำไปประยุกต์ใช้กับสถานการณ์การระบาดจริงได้ เนื่องจากแบบจำลองทางคณิตศาสตร์สามารถช่วยพยากรณ์จำนวนผู้ติดเชื้อและระยะเวลาของการระบาดได้ ซึ่งจะเป็นประโยชน์ต่อหน่วยงานที่เกี่ยวข้องในการกำหนดนโยบายหรือแนวทางการป้องกันโรคที่เหมาะสมต่อไป

จุฑารัตน์ โพธิ์หลวง และ ณัฐกาญจน์ น้าพันธุ์วัฒน์ [21] งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อพัฒนาและวิเคราะห์เสถียรภาพของแบบจำลองเชิงคณิตศาสตร์สำหรับการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ในกรุงเทพมหานคร รวมทั้งศึกษาผลของการสวมหน้ากากอนามัยที่มีต่อการแพร่ระบาดตามฤดูกาล โดยใช้แบบจำลอง SEIR ซึ่งแบ่งประชากรออกเป็น 4 กลุ่ม ได้แก่ ประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ ประชากรที่ติดเชื้อแล้วอยู่ในระยะฟักตัวแต่ไม่แสดงอาการ ประชากรที่ติดเชื้อและสามารถแพร่เชื้อได้ และประชากรหายจากการติดเชื้อและมีภูมิคุ้มกัน จากผลการศึกษาพบว่า เมื่ออัตราการสวมหน้ากากอนามัย (ϕ) เพิ่มขึ้น ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (R_0) จะลดลง ในช่วงฤดูกาลที่มีการแพร่ระบาดสูง เช่น ฤดูฝนและฤดูหนาว ซึ่งมีอัตราการสัมผัสเชื้อสูง ค่า $R_0 > 1$ แสดงว่ามีการระบาดของโรคเกิดขึ้น การเพิ่มอัตราการสวมหน้ากากอนามัยส่งผลให้จำนวนประชากรในกลุ่มที่ติดเชื้อและสามารถแพร่เชื้อได้ลดลงอย่างมีนัยสำคัญ จนเข้าสู่จุดสมดุลที่มีการแพร่ระบาดของโรค ในช่วงฤดูกาลที่มีการแพร่ระบาดต่ำ เช่น ฤดูร้อน ซึ่งมีอัตราการสัมผัสเชื้อต่ำ ค่า $R_0 < 1$ แสดงว่าไม่มีการระบาดของโรคเกิดขึ้น และการสวมหน้ากากอนามัยไม่ส่งผลต่อการป้องกันโรคไข้หวัดใหญ่ในสถานการณ์นี้ การศึกษานี้ชี้ให้เห็นว่าการสวมหน้ากากอนามัยมีบทบาทสำคัญในการลดการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ โดยเฉพาะในช่วงฤดูกาลที่มีการระบาดสูง

บทที่ 3

วิธีดำเนินการวิจัย

3.1 เครื่องมือที่ใช้ในการวิจัย

MATLAB (Matrix Laboratory) เป็นภาษาโปรแกรมระดับสูงและสภาพแวดล้อมการคำนวณเชิงตัวเลขที่พัฒนาโดย MathWorks โดยถูกออกแบบมาเพื่อการคำนวณทางคณิตศาสตร์ การวิเคราะห์ข้อมูล การสร้างแบบจำลอง และการพัฒนาแอปพลิเคชัน MATLAB มีความสามารถในการจัดการเมทริกซ์และอาร์เรย์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ ทำให้เป็นเครื่องมือที่นิยมใช้ในวงการวิทยาศาสตร์ วิศวกรรม และการวิจัย

3.2 ขั้นตอนในการดำเนินงาน

วิทยานิพนธ์นี้ เป็นการนำเสนอการศึกษาพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 ในพื้นที่จำกัด เช่น ในอาคาร ห้องประชุม หรือระบบขนส่งสาธารณะ เนื่องจากพื้นที่เหล่านี้ มีประชากรหนาแน่นและมีโอกาสสูงที่ไวรัสจะแพร่กระจายได้ง่าย โดยทำการสร้างแบบจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรค COVID-19 ด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ MATLAB มีขั้นตอนดังนี้

3.2.1 ศึกษาความรู้เกี่ยวกับโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 และพฤติกรรมการรับเชื้อ การแพร่เชื้อของโรค

3.2.2 ศึกษาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคระบาด SIR Model และ SIR/D Model

3.2.3 ออกแบบและสร้างโปรแกรมจำลองการระบาดของโรค COVID-19 ด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ MATLAB

3.2.4 กำหนดขนาดพื้นที่ในการจำลอง จำนวนประชากรเริ่มต้น และแบ่งกลุ่มประชากรออกเป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy) กลุ่มผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick) กลุ่มที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) และกลุ่มผู้เสียชีวิต (Deaths)

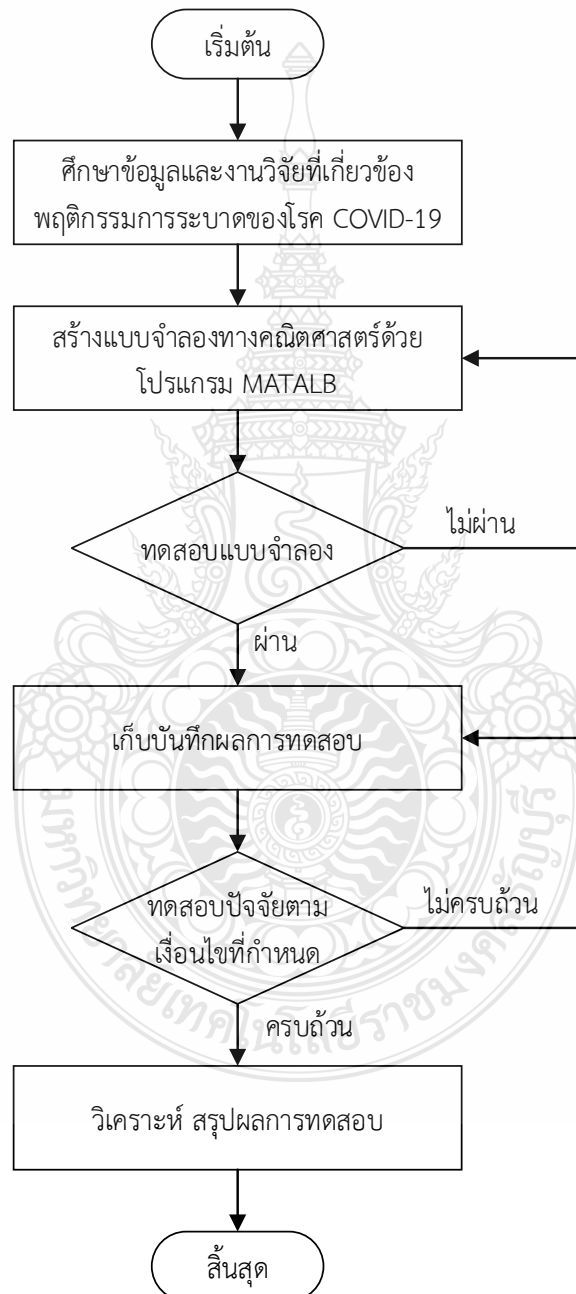
3.2.5 กำหนดให้กลุ่มประชากรต่าง ๆ เคลื่อนที่แบบสุ่มในพื้นที่จำลอง

3.2.6 กำหนดค่าตัวแปร และทดสอบปัจจัยที่ส่งผลกระทบต่อพฤติกรรมการระบาด 4 แบบ ได้แก่ ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ ระยะเวลาติดเชื้อ (ผู้ป่วยติดเชื้อหายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน) จำนวนผู้ป่วยติดเชื้อที่เข้ามาในพื้นที่จำลอง และการสร้างกำแพงเพื่อแบ่งพื้นที่จำลอง

3.2.7 วิเคราะห์และสรุปปัจจัยที่ส่งผลกระทบต่อพฤติกรรมการระบาดของโรคในพื้นที่จำกัดของกลุ่มประชากรแต่ละประเภท

3.3 ขั้นตอนการศึกษาวิจัย

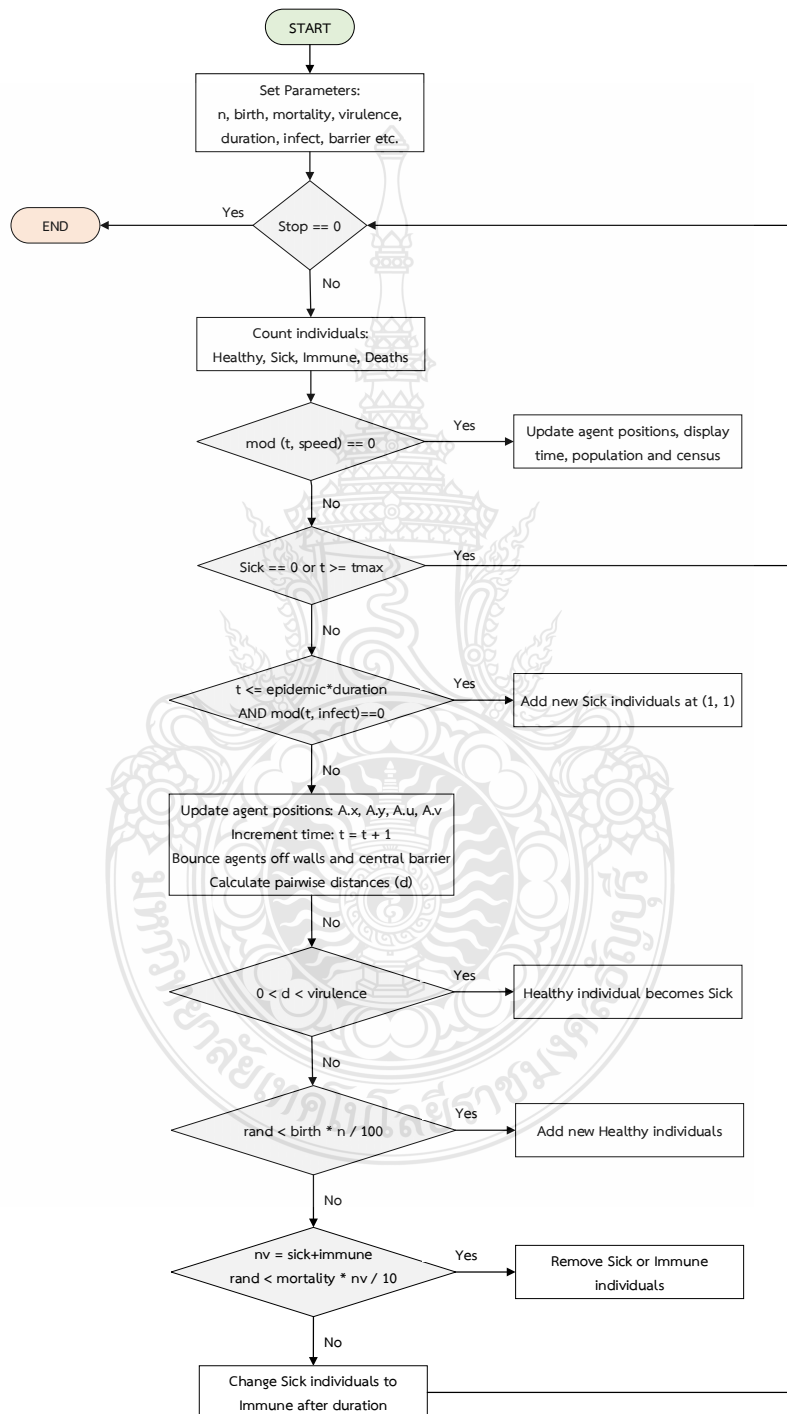
เพื่อการศึกษาโปรแกรมแบบจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด ในคอมพิวเตอร์โดยใช้โปรแกรม MATLAB เพื่อนำมาใช้เป็นแนวทางในเตรียมความพร้อมวางแผนรับมือสถานการณ์การแพร่ระบาดของโรคติดเชื้อในระยะเริ่มแรก และการออกแบบมาตรการป้องกันและควบคุมโรคที่เหมาะสม โดยมีลำดับขั้นตอนการศึกษาวิจัย ดังนี้



รูปที่ 3.1 ผังงาน (Flowchart) ขั้นตอนการศึกษาวิจัย

3.4 ขั้นตอนการออกแบบโปรแกรมการจำลอง

หลังจากศึกษาข้อมูลความรู้เกี่ยวกับโรคโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) และงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง จึงนำมาออกแบบโปรแกรมจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรคในพื้นที่จำกัด ด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ MATLAB โดยสามารถเขียน Flowchart ขั้นตอนการทำงาน ได้ดังนี้



รูปที่ 3.2 Flowchart โปรแกรมจำลองพฤติกรรมการณ์การระบาดของโรค

จาก Flowchart ในรูปที่ 3.2 นำมาเขียนเป็นโค้ดโปรแกรม MATLAB เพื่อจำลองพฤติกรรม การระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด มีขั้นตอนการทำงานดังนี้

Step 1: กำหนดค่าตัวแปรต่าง ๆ ที่ใช้ในการทดลอง ขนาดของพื้นที่ในการจำลอง วิธีการ เคลื่อนที่แบบสุ่มของกลุ่มประชากร (ฟังก์ชัน randu)

ฟังก์ชัน randu - สร้างตัวเลขสุ่มในช่วง $[-1, 1]$ สำหรับกำหนดตำแหน่งและ ความเร็วของแต่ละบุคคล

```
% Function to generate uniform random numbers in the range [-1, 1]
randu = @(n,m) 2*rand(n,m)-1;
```

เนื่องจากงานวิจัยนี้ เป็นการศึกษาพฤติกรรมการระบาดของโรคในพื้นที่จำกัด เช่น ห้องประชุม หรือระบบขนส่งสาธารณะ กำหนดให้จำนวนประชากรเริ่มต้น มีค่า 100 คน ($n = 100$) และมีขนาดพื้นที่ในการจำลองเป็นสี่เหลี่ยมจัตุรัส โดยกำหนดค่าตัวแปรต่าง ๆ ที่ใช้ในการทดลอง ใน โปรแกรมจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด มี รายละเอียดตามตารางที่ 3.1 ดังนี้

```
% Parameters in the control panel.
n = 100;           % Initial population size
infect = 10;       % Interval between new sick individuals
birth = .020;      % Birth rate
mortality = .090;  % Mortality rate
virulence = .020;  % Infectious distance
duration = 35;     % Time of infection
speed = 1;         % Interval between display updates
barrier = .00;     % Barrier length

% Fixed parameters
bw = .02;          % Barrier width
ms = 24;           % Marker size for plotting
epidemic = 10;     % Durations per epidemic
stepsize = .03;    % Step size for agent movement
tmax = 10000;      % Maximum simulation time
fontsize = 9;      % Font size for GUI
fontname = get(groot,'fixedwidthfontname'); % Fixed-width font for GUI
```

ตารางที่ 3.1 กำหนดค่าตัวแปรต่าง ๆ ที่ใช้ในการทดลอง

ตัวแปร	สัญลักษณ์	ค่าตัวแปร	อ้างอิง
จำนวนประชากรเริ่มต้น	n	100	Assumed
ช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยใหม่	infect	10	Assumed
อัตราการเพิ่มของประชากร	birth	0.020	Assumed
อัตราการตายของประชากร	mortality	0.090	WHO [1]
ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ	virulence	0.020	Assumed
ระยะเวลาการติดเชื้อ	duration	35	WHO [1]
ระยะเวลาของการแพร่ระบาด	epidemic	10	WHO [1]
ความยาวของกำแพง (แบ่งพื้นที่จำลอง)	barrier	0.000	Assumed

Step 2: นับจำนวนประชากรของแต่ละประเภท โดยแบ่งกลุ่มประชากรออกเป็น 4 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy), ผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick), กลุ่มผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) และกลุ่มผู้เสียชีวิต (Deaths) พร้อมทั้งกำหนดสัญลักษณ์ของกลุ่มประชากรแต่ละประเภทที่แสดงบนโปรแกรมจำลอง ดังตารางที่ 3.2

```

while get(stop, 'value') == 0
    % Census: Count the number of individuals in each category
    count = histc(A.type, 1:3); % Healthy (1), Sick (2), Immune (3)
    count(4) = deaths; % Add deaths to the count

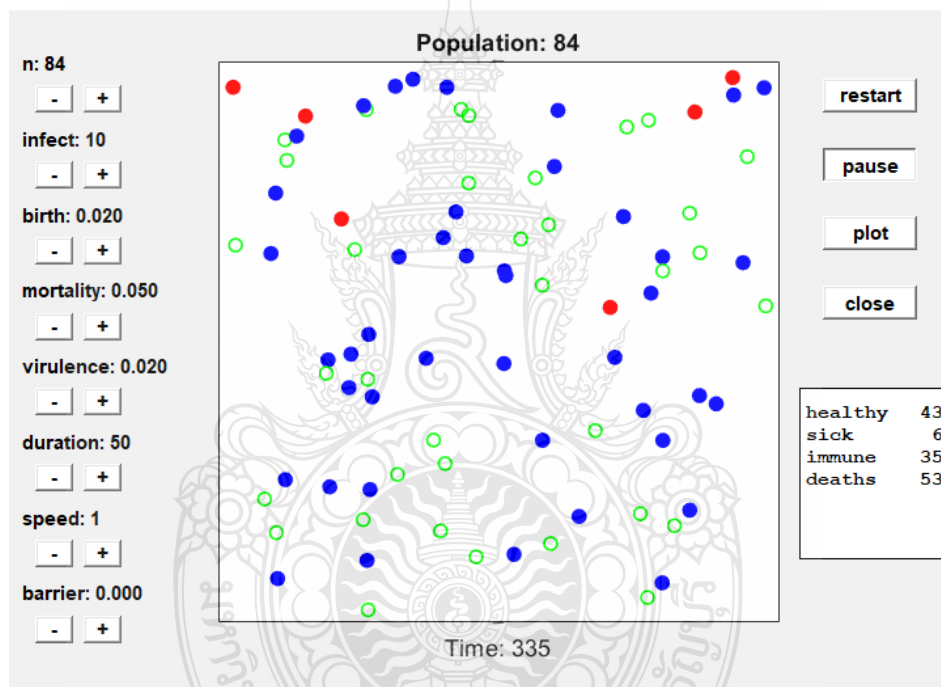
    function color = colors(n)
        % Define colors for Healthy (Blue), Sick (Red),
        % Immune (Green circle), Deaths (Purple)
        blue = [0 0 1]; % Healthy
        red = [1 0 0]; % Sick
        green = [0 1 0]; % Immune
        purple = [0.5 0 0.5]; % Deaths
        clrs = [blue; red; green; purple];
        if nargin == 1
            color = clrs(n, :); % Return the color for the specified type
        else
            color = clrs; % Return the entire color matrix
        end
    end
end

```

ตารางที่ 3.2 กำหนดสัญลักษณ์ของกลุ่มประชากรที่ใช้ทดลอง

กลุ่มประชากร	สัญลักษณ์
ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy)	จุดสีน้ำเงิน
ผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick)	จุดสีแดง
ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune)	วงกลมสีเขียว
ผู้เสียชีวิต (Deaths)	ไม่แสดงผล

การแสดงผลหน้าต่างโปรแกรมจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) โดยแสดงจำนวนและสัญลักษณ์ของกลุ่มประชากรแต่ละประเภท ดังรูปที่ 3.3



รูปที่ 3.3 หน้าต่างแสดงผลการจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรค

Step 3: ตรวจสอบเงื่อนไข ถ้าระยะเวลาทดลองถึงค่าที่กำหนด ($t_{max} = 10000$) และผู้ป่วยติดเชื้อมีค่าเป็น 0 ($Sick = 0$) ให้สิ้นสุดการทดลอง

```
% the simulation is paused, or the maximum time is reached
if (t > 0 && count(2) == 0) || get(paws, 'value') == 1 || t >= tmax
    continue;
end
```

Step 4: ตรวจสอบเงื่อนไข เพิ่มผู้ป่วยติดเชื้อเข้ามาใหม่ตามช่วงเวลาที่กำหนด ให้ปรากฏที่มุมขวบนของพื้นที่การทดลอง

```
% Introduce new sick individuals at regular intervals
if t <= epidemic * duration && mod(t, infect) == 0
    introduce_sick;
end

function introduce_sick
    % Introduce a new Sick individual
    n = n + 1; % Increase the population size
    narg = findobj('tag', 'n+');
    display_parm_value(narg, n); % Update the displayed population size
    A.type(n) = 2; % Set the new individual's type to Sick
    A.x(n) = 1; % Place the individual in the upper right corner
    A.y(n) = 1;
    A.u(n) = -rand; % Set a random velocity
    A.v(n) = -rand;
    A.t(n) = t; % Record the current time step
    A.p(n) = line(A.x(n), A.y(n), ... % Plot the individual as a red dot
        'linestyle', 'none', ...
        'marker', '.', ...
        'color', colors(2), ...
        'markersize', ms);
end
```

Step 5: เก็บค่าตำแหน่งของกลุ่มประชากรแต่ละประเภท ถ้ากลุ่มประชากรเดินชนขอบหรือกำแพงแบ่งกันพื้นที่ ให้กระเด็นออกจากขอบและกำแพง

```
% Time step: Move agents based on their velocity
A.x = A.x + stepsize * A.u;
A.y = A.y + stepsize * A.v;
t = t + 1; % Increment time step

% Bounce off the sides of the simulation area
k = find(abs(A.x) > 1 - stepsize);
A.x(k) = sign(A.x(k)) * (1 - stepsize);
A.u(k) = -A.u(k);

k = find(abs(A.y) > 1 - stepsize);
A.y(k) = sign(A.y(k)) * (1 - stepsize);
A.v(k) = -A.v(k);

% Bounce off the central barrier
k = find(abs(A.y) >= (1 - barrier) & abs(A.x) < 2 * bw);
A.x(k) = 2 * bw * sign(A.x(k));
A.u(k) = -A.u(k);
```

Step 6: ตรวจสอบเงื่อนไขการติดเชื้อ (virulence) ถ้ามีผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick) อยู่ใกล้กับผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy) จะทำการเปลี่ยนมาเป็นผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick)

```
% Possibly infectious encounters
z = A.x + A.y * 1i; % Represent positions as complex numbers
d = triu(abs(z - z.')); % Calculate pairwise distances
[r, q] = find(0 < d & d < virulence); % Find pairs within infectious distance
for k = 1:length(r)
    rk = A.type(r(k)); % Type of the first individual in the pair
    qk = A.type(q(k)); % Type of the second individual in the pair
    if rk == 2 && qk == 1 % If the first is Sick and the second is Healthy
        A.type(q(k)) = 2; % The Healthy individual becomes Sick
        set(A.p(q(k)), 'color', colors(2)); % Update the color to red
        A.t(q(k)) = t; % Record the time of infection
    end
    if qk == 2 && rk == 1 % If the second is Sick and the first is Healthy
        A.type(r(k)) = 2; % The Healthy individual becomes Sick
        set(A.p(r(k)), 'color', colors(2)); % Update the color to red
        A.t(r(k)) = t; % Record the time of infection
    end
end
end
```

Step 7: ตรวจสอบเงื่อนไขอัตราการเพิ่มของประชากร (birth) เพื่อเพิ่มบุคคลใหม่เข้ามาในพื้นที่จำลอง

```
% Births: Introduce new Healthy individuals at a rate determined by birth rate
if rand < birth * n / 100
    narg = findobj('tag', 'n+');
    n_callback(narg);
end
```

Step 8: ตรวจสอบเงื่อนไขอัตราการตายของประชากร (mortality) เพื่อลบจำนวนผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick) หรือผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) ตามอัตราการตายของประชากร และใช้ฟังก์ชัน n_callback ในการเพิ่มหรือลดจำนวนประชากร

```
% Deaths: Remove Sick or Immune individuals at a rate determined by mortality rate
nv = count(2) + count(3); % Number of Sick and Immune individuals
if rand < mortality * nv / 10
    narg = findobj('tag', 'n-');
    n_callback(narg, nv);
end
```

```

function n_callback(arg, ~)
    % Callback for increasing or decreasing the population size
    if get(arg, 'string') == '-'
        if n == 1
            return; % Cannot decrease below 1
        end
        if nargin > 1 % Limit to Sick or Immune individuals
            j = find(A.type > 1);
            if isempty(j)
                return;
            end
            k = j(ceil(rand * length(j))); % Randomly select a Sick or Immune individual
        else
            k = 1 + floor(rand * n); % Randomly select any individual
        end
        delete(A.p(k)); % Remove the individual from the plot
        A.type(k) = []; % Remove the individual's type
        A.x(k) = []; % Remove the individual's x position
        A.y(k) = []; % Remove the individual's y position
        A.u(k) = []; % Remove the individual's x velocity
        A.v(k) = []; % Remove the individual's y velocity
        A.t(k) = []; % Remove the individual's infection time
        A.p(k) = []; % Remove the individual's graphics pointer
        n = n - 1; % Decrease the population size
        deaths = deaths + 1; % Increment the death count
    else % '+'
        n = n + 1; % Increase the population size
        A.type(n) = 1; % Set the new individual's type to Healthy
        A.x(n) = randu(1, 1); % Set a random x position
        A.y(n) = randu(1, 1); % Set a random y position
        A.u(n) = randu(1, 1); % Set a random x velocity
        A.v(n) = randu(1, 1); % Set a random y velocity
        A.t(n) = t; % Record the current time step
        A.p(n) = line(A.x(n), A.y(n), ... % Plot the individual as a blue dot
            'linestyle', 'none', ...
            'marker', '.', ...
            'color', colors(1), ...
            'markersize', ms);
    end
    display_parm_value(arg, n); % Update the displayed population size
end

```

Step 9: การเปลี่ยนจากผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick) มาเป็นผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) หลังจากครบกำหนดระยะเวลาการติดเชื้อ (duration)

```

% Sick -> Immune: After 'duration' time steps, Sick individuals become Immune
f = (A.type == 2) & (A.t < t - duration);
A.type(f) = 3; % Change type to Immune
set(A.p(f), 'marker', 'o', ... % Update marker to a circle
    'markersize', ms / 4, ... % Reduce marker size
    'linewidth', 1, ... % Set line width
    'color', colors(3)); % Change color to green

```

3.5 ขั้นตอนและวิธีการทดสอบ

จากการออกแบบโปรแกรมจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด ดังกล่าวข้างต้น จะทำการทดสอบโปรแกรมจำลองฯ เพื่อเก็บรวบรวมข้อมูลมาเป็นค่าพื้นฐาน (Baseline) ของกลุ่มประชากรแต่ละประเภท และทำการทดลองปรับเปลี่ยนค่าตัวแปรของปัจจัย 4 แบบ ได้แก่ ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence), ระยะเวลาการติดเชื้อ (duration), ช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยรายใหม่ (infect) ที่เข้ามาในพื้นที่จำลอง และความยาวของกำแพง (barrier) เพื่อแบ่งพื้นที่จำลองออกเป็น 2 ส่วน ผลลัพธ์ที่ได้นำมาสรุปวิเคราะห์ปัจจัยที่ส่งผลกระทบต่อพฤติกรรมการระบาดของโรคของกลุ่มประชากรแต่ละประเภท

ตารางที่ 3.3 กำหนดค่าตัวแปรของปัจจัยทั้ง 4 แบบ เพื่อเปรียบเทียบการทดสอบโปรแกรมจำลอง

ปัจจัย	การทดสอบที่ 1 ค่าตัวแปร เริ่มต้น	การทดสอบที่ 2 เพิ่มระยะห่างที่ ทำให้ติดเชื้อ	การทดสอบที่ 3 ลดระยะเวลา การติดเชื้อ	การทดสอบที่ 4 เพิ่มผู้ป่วย เข้ามาในพื้นที่	การทดสอบที่ 5 เพิ่มกำแพง แบ่งพื้นที่
ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ	0.020	0.040	0.020	0.020	0.020
ระยะเวลาการติดเชื้อ	35	35	17	35	35
ช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยใหม่	10	10	10	20	10
ความยาวของกำแพง	0.000	0.000	0.000	0.000	0.900

จากตารางที่ 3.3 นำมาอธิบายขั้นตอนและวิธีการทดสอบโปรแกรมจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด โดยการทดสอบจะสิ้นสุด เมื่อในพื้นที่การจำลองไม่มีผู้ป่วยติดเชื้อเหลืออยู่ (Sick = 0) หรือถึงเวลาที่กำหนด ($t_{max} = 10000$) แล้วทำการบันทึกข้อมูลจำนวนประชากรและระยะเวลาในการทดสอบ โดยมีรายละเอียดดังนี้

การทดสอบที่ 1 กำหนดค่าตัวแปรเริ่มต้น จำนวน 4 ตัวแปร ได้แก่ ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ มีค่าเป็น 0.020 (virulence = 0.020), ระยะเวลาการติดเชื้อ มีค่าเป็น 35 (duration = 35), ช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยรายใหม่ มีค่าเป็น 10 (infect = 10) และความยาวของกำแพง มีค่าเป็น 0 (barrier = 0.000)

การทดสอบที่ 2 กำหนดค่าตัวแปร “ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence)” เพิ่มขึ้น จากเดิมมีค่าเป็น 0.020 (virulence = 0.020) เพิ่มขึ้นเป็น 0.040 (virulence = 0.040) โดยอีก 3 ตัวแปร มีค่าเท่าเดิม (duration = 35, infect = 10, barrier = 0.000)

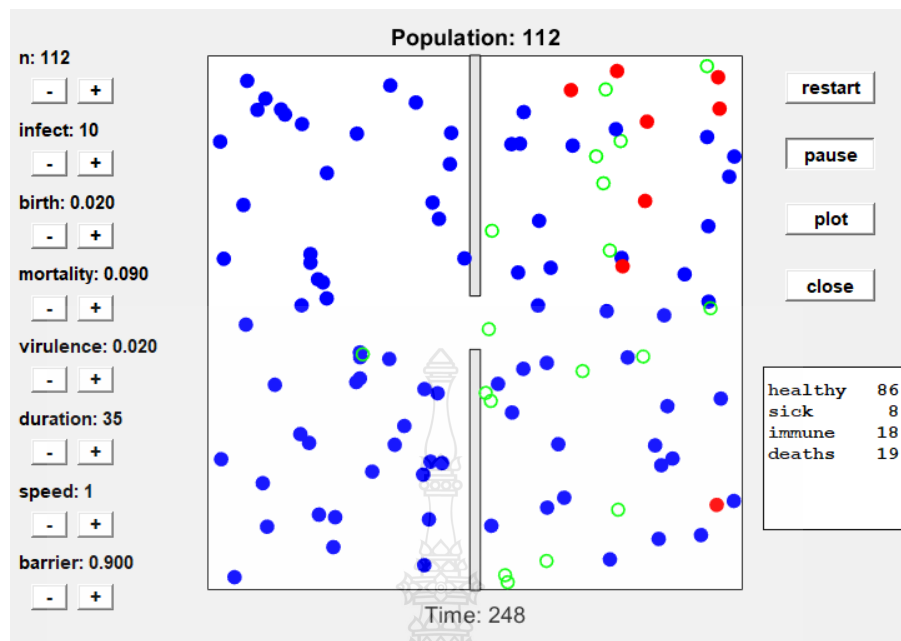
การทดสอบที่ 3 กำหนดค่าตัวแปร “ระยะเวลาการติดเชื้อ (duration)” ลดลง จากเดิมมีค่าเป็น 35 (duration = 35) ลดลงเป็น 17 (duration = 17) โดยอีก 3 ตัวแปร มีค่าเท่าเดิม (virulence = 0.020, infect = 10, barrier = 0.000)

การทดสอบที่ 4 กำหนดค่าตัวแปร “ช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยใหม่ (infect)” เพิ่มขึ้น จากเดิมมีค่าเป็น 10 (infect = 10) เพิ่มขึ้นเป็น 20 (infect = 20) โดยอีก 3 ตัวแปร มีค่าเท่าเดิม (virulence = 0.020, duration = 35, barrier = 0.000)

การทดสอบที่ 5 กำหนดค่าตัวแปร “ความยาวของกำแพง (barrier)” เพิ่มขึ้น จากเดิมมีค่าเป็น 0.000 (barrier = 0.000) เพิ่มขึ้นเป็น 0.900 (barrier = 0.900) โดยอีก 3 ตัวแปร มีค่าเท่าเดิม (virulence = 0.020, duration = 35, infect = 10) โดยใช้ฟังก์ชัน make_barrier และฟังก์ชัน barrier_callback เพื่อสร้างกำแพงแบ่งกันพื้นที่ในการจำลองออกเป็น 2 ส่วน และเว้นช่องว่างตรงกลางให้กลุ่มประชากรสามารถมีปฏิสัมพันธ์กันได้

```
function make_barrier(barrier, bw)
    % Draw the central barrier
    bx = [bw bw -bw -bw];
    by = [1 1 - barrier 1 - barrier 1];
    grey = [.9 .9 .9];
    delete(findobj('type', 'patch')); % Remove any existing barrier
    patch(bx, by, grey); % Draw the barrier on the top half
    patch(bx, -by, grey); % Draw the barrier on the bottom half
end

function barrier_callback(pm, ~)
    % Adjust the length of the central barrier
    if get(pm, 'string') == '-'
        if round(100 * barrier) <= 90
            barrier = barrier - .10;
        else
            barrier = barrier - .01;
        end
    else
        if barrier >= 1
            % do nothing
        elseif round(100 * barrier) >= 90
            barrier = barrier + .01;
        else
            barrier = barrier + .10;
        end
    end
    display_parm_value(pm, barrier); % Update the displayed barrier length
    make_barrier(barrier, bw); % Redraw the barrier
end
```

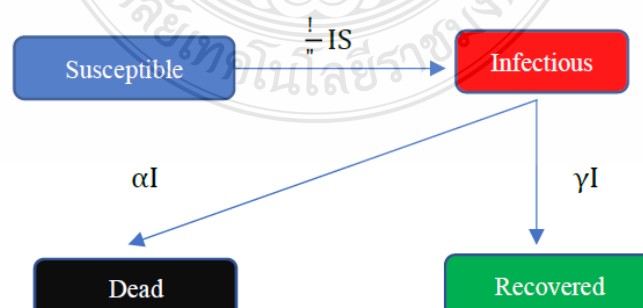


รูปที่ 3.4 หน้าต่างแสดงผลการจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรค โดยแบ่งกันพื้นที่จำลอง

จากรูปที่ 3.4 แสดงผลหน้าต่างโปรแกรมจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด ที่มีการสร้างกำแพงกั้นแบ่งพื้นที่จำลองออกเป็น 2 ส่วน โดยสามารถกำหนดความยาวกำแพงได้ และเว้นช่องว่างตรงกลางให้กลุ่มประชากรที่มีการเคลื่อนที่แบบสุ่มสามารถมีปฏิสัมพันธ์กันได้

3.6 การเปรียบเทียบโปรแกรมจำลอง COVID-19 กับแบบจำลอง SIR/D Model

แบบจำลอง SIR/D Model (Susceptible-Infectious-Recovered-Dead) ในงานวิจัยคุณเทียนสิริ เหลืองวิไล และคณะ [18] เป็นแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคโควิด 19 ในประเทศไทย ที่แบ่งกลุ่มประชากรออกเป็น 4 กลุ่ม และมีความสัมพันธ์ดังรูปที่ 3.5



รูปที่ 3.5 แผนภาพความสัมพันธ์ของประชากรแต่ละกลุ่มของแบบจำลอง SIR/D

แบ่งกลุ่มประชากร ในแบบจำลอง SIR/D Model ออกเป็น 4 กลุ่ม ดังนี้

1. กลุ่มคนที่มีความเสี่ยงในการติดโรค (Susceptible: S)
2. กลุ่มคนติดเชื้อ (Infectious: I)
3. กลุ่มคนหายป่วยจากโรคโควิด 19 (Recovered: R)
4. กลุ่มผู้เสียชีวิตจากโรคโควิด 19 (Death: D)

จากรูปที่ 3.5 นำมาเขียนสมการอนุพันธ์จำนวน 4 สมการ เพื่อใช้ในการอธิบายจำนวนประชากรในแต่ละกลุ่มของโรคโควิด 19 ดังนี้

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N}IS \quad (3.1)$$

สมการ 3.1 หมายถึง อัตราการเปลี่ยนแปลงของกลุ่มคนที่มีความเสี่ยงในการติดโรค (S) ต่อหน่วยเวลา

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}IS - \gamma I - \alpha I \quad (3.2)$$

สมการ 3.2 หมายถึง อัตราการเปลี่ยนแปลงของกลุ่มคนติดเชื้อ (I) ต่อหน่วยเวลา

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3.3)$$

สมการ 3.3 หมายถึง อัตราการเปลี่ยนแปลงของกลุ่มคนหายป่วยจากโรคโควิด 19 (R) ต่อหน่วยเวลา

$$\frac{dD}{dt} = \alpha I \quad (3.4)$$

สมการ 3.4 หมายถึง อัตราการเปลี่ยนแปลงของผู้เสียชีวิตจากโรคโควิด 19 (D) ต่อหน่วยเวลา

ในงานวิจัยดังกล่าว นำข้อมูลรายงานสถานการณ์โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 ณ วันที่ 4 เมษายน พ.ศ. 2563 ของกรมควบคุมโรค มาเป็นจำนวนผู้ป่วยยืนยันติดเชื้อ $I(0) = 2067$, ผู้ที่รักษาหายจากโรค $R(0) = 674$, ผู้เสียชีวิตจากโรค $D(0) = 20$ และได้ผลลัพธ์ค่าตัวแปรอัตราการแพร่เชื้อ $\beta = 0.2169$, อัตราการหายป่วย $\gamma = 0.0267$, อัตราการตาย $\alpha = 6.5353 \times 10^{-4}$ และค่าเริ่มต้นของคนที่มีความเสี่ยงในการติดโรคโควิด 19 $S(0) = 2762$ โดยที่ N คือ จำนวนประชากรทั้งหมด ($N = S + I + R + D$) สรุปค่าตัวแปรต่าง ๆ จากแบบจำลอง SIR/D Model ได้ดังตารางที่ 3.4

ตารางที่ 3.4 ค่าตัวแปรต่าง ๆ ของแบบจำลอง SIR/D Model

ตัวแปร	สัญลักษณ์	ค่าตัวแปร
จำนวนประชากรทั้งหมด	N	5523
กลุ่มคนที่มีความเสี่ยงในการติดโรค	$S(0)$	2762
กลุ่มคนติดเชื้อ	$I(0)$	2067
กลุ่มคนหายป่วยจากโรคโควิด 19	$R(0)$	674
กลุ่มผู้เสียชีวิตจากโรคโควิด 19	$D(0)$	20
อัตราการแพร่เชื้อ	β	0.2169
อัตราการหายป่วย	γ	0.0267
อัตราการตาย	α	6.5353×10^{-4}

งานวิจัยของเทียนสิริ เหลืองวิไล และคณะ [18] เป็นการใช้แบบจำลอง SIR/D Model (Susceptible-Infectious-Recovered-Dead) มาวิเคราะห์สถานการณ์การติดต่อของโรคโควิด 19 ในประเทศไทย โดยในแบบจำลองใช้สมการอนุพันธ์ จำนวน 4 สมการ มาออกแบบและอธิบายแนวโน้มจำนวนประชากรทั้ง 4 กลุ่ม ดังนี้ กลุ่มคนที่มีความเสี่ยงในการติดโรค (Susceptible: S), กลุ่มคนติดเชื้อ (Infectious: I), กลุ่มคนหายป่วยจากโรคโควิด 19 (Recovered: R) และกลุ่มผู้เสียชีวิตจากโรคโควิด 19 (Death: D) เพื่อการทำนายสถานการณ์การแพร่กระจายของโรคโควิด 19 ในประเทศไทยจาก

ในส่วนวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ เป็นการศึกษาพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด โดยออกแบบโปรแกรมการจำลองด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ MATLAB และมีขอบเขตการวิจัย กำหนดให้พื้นที่ในการจำลองมีขนาดเล็ก เช่น ในอาคาร ห้องประชุม หรือระบบขนส่งสาธารณะ รถโดยสารประจำทาง รถไฟ เครื่องบิน และทำการทดสอบโปรแกรมจำลองฯ เพื่อเก็บรวบรวมข้อมูลมาเป็นค่าพื้นฐาน (Baseline) ของกลุ่มประชากรแต่ละประเภท และทำการทดลองปรับเปลี่ยนค่าตัวแปรของปัจจัย 4 แบบ ได้แก่ ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence), ระยะเวลาการติดเชื้อ (duration), ช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยรายใหม่ (infect) ที่เข้ามาในพื้นที่จำลอง และความยาวของกำแพง (barrier) เพื่อแบ่งกั้นพื้นที่จำลองออกเป็น 2 ส่วน ผลลัพธ์ที่ได้นำมาสรุปวิเคราะห์ปัจจัยที่ส่งผลกระทบต่อพฤติกรรมการระบาดของโรคโควิด 19 ในพื้นที่จำกัด ในกลุ่มประชากรแต่ละประเภท เพื่อนำมาใช้เป็นแนวทางการเตรียมความพร้อมวางแผนรับมือสถานการณ์การแพร่ระบาดของโรคติดเชื้อในระยะเริ่มแรก และแนวทางในการออกแบบมาตรการป้องกันและควบคุมโรคที่เหมาะสมได้อย่างมีประสิทธิภาพ

จากการเปรียบเทียบโปรแกรมจำลอง COVID-19 ของงานวิจัยฉบับนี้ กับแบบจำลอง SIR/D Model ในงานวิจัยของเทียนสิริ เหลืองวิไล และคณะ [18] รายละเอียดตามตารางที่ 3.5 สรุปได้ว่าแบบจำลอง COVID-19 และแบบจำลอง SIR/D Model มีข้อแตกต่างค่อนข้างมาก จึงไม่สามารถนำค่าตัวแปร และผลการเปลี่ยนแปลงของกลุ่มประชากร มาเปรียบเทียบกันได้

ตารางที่ 3.5 เปรียบเทียบโปรแกรมจำลอง COVID-19 กับแบบจำลอง SIR/D Model

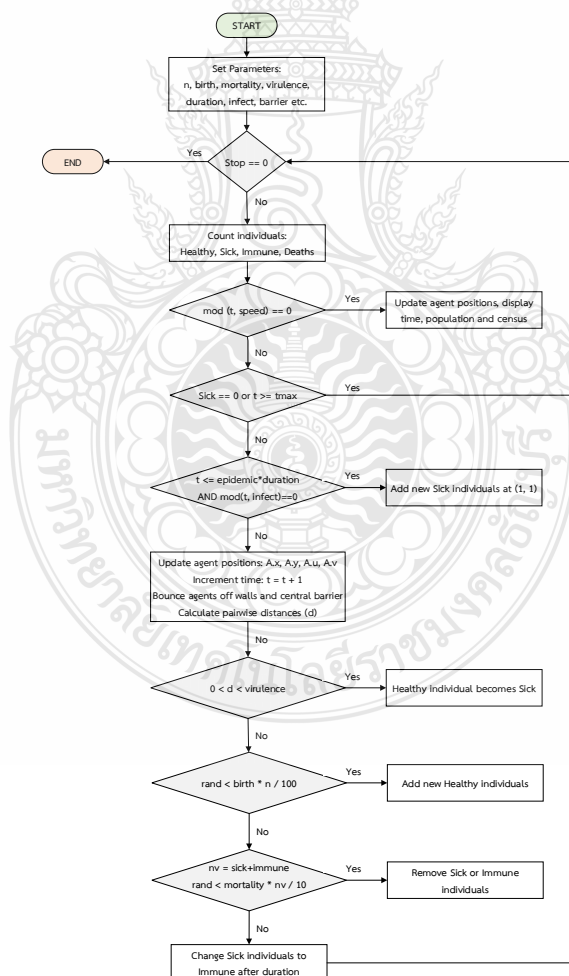
รายละเอียด	โปรแกรมจำลอง COVID-19	แบบจำลอง SIR/D Model
โครงสร้าง	Agent-Based Model (ABM) จำลองพฤติกรรมของแต่ละบุคคล	Compartmental Model
กลุ่มประชากร	1. ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy) 2. ผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick) 3. ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) 4. ผู้เสียชีวิต (Deaths)	1. กลุ่มคนที่มีความเสี่ยงในการติดโรค (Susceptible) 2. กลุ่มคนติดเชื้อ (Infectious) 3. กลุ่มคนหายป่วยจากโรคโควิด 19 (Recovered) 4. กลุ่มผู้เสียชีวิตจากโรคโควิด 19 (Death)
ขั้นตอนการทำงาน	มีการกำหนดเงื่อนไขต่าง ๆ เช่น - การจำลองการเคลื่อนที่ของบุคคลและปฏิสัมพันธ์ระหว่างบุคคล - การแพร่เชื้อเกิดขึ้นเมื่อบุคคลสองคนอยู่ใกล้กันในระยะที่กำหนด (virulence) - การเปลี่ยนสถานะจาก Sick เป็น Immune เกิดขึ้นหลังจากที่บุคคลป่วยเป็นระยะเวลาหนึ่ง (duration)	- ไม่มีการจำลองการเคลื่อนที่หรือปฏิสัมพันธ์ระหว่างบุคคล - ใช้สมการเชิงอนุพันธ์ (Ordinary Differential Equations: ODEs) เพื่ออธิบายและคำนวณการเปลี่ยนแปลงของกลุ่มประชากรแต่ละประเภท
การแสดงผล	แสดงผลแบบ Real-Time โดยแสดงตำแหน่งและสถานะของแต่ละบุคคลบนพื้นที่จำลอง และแสดงกราฟจำนวนบุคคลในแต่ละสถานะ (Healthy, Sick, Immune, Deaths)	แสดงผลเป็นกราฟ โดยแสดงการเปลี่ยนแปลงของประชากรในแต่ละกลุ่ม (S, I, R, D) ตามเวลา
วัตถุประสงค์ของการใช้งาน	การศึกษาการแพร่กระจายของโรคในระดับบุคคล และผลกระทบของพฤติกรรม เพื่อทดสอบมาตรการต่าง ๆ เช่น การเว้นระยะห่างทางสังคม (Social Distancing) หรือการกักตัว (Quarantine)	การศึกษาการแพร่กระจายของโรคในระดับประชากร และการทำนายแนวโน้มการแพร่ระบาดในภาพรวม

บทที่ 4

ผลการวิเคราะห์ข้อมูล

วัตถุประสงค์และขอบเขตของงานวิทยานิพนธ์นี้ เป็นการนำเสนอการศึกษาพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด เช่น ในอาคาร ห้องประชุม หรือระบบขนส่งสาธารณะ รถโดยสารประจำทาง รถไฟ เครื่องบิน เนื่องจากพื้นที่เหล่านี้ มีประชากรหนาแน่นและมีโอกาสสูงที่ไวรัสจะแพร่กระจายได้ง่าย โดยทำการออกแบบจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรคโควิด 19 ด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ MATLAB ดังรูปที่ 4.1

กำหนดขนาดพื้นที่ในการจำลอง และกลุ่มประชากรออกเป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy), กลุ่มผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick), กลุ่มที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) และกลุ่มผู้เสียชีวิต (Deaths) โดยให้กลุ่มประชากรต่าง ๆ เคลื่อนที่แบบสุ่มในพื้นที่จำลอง และกำหนดค่าตัวแปรต่าง ๆ ตามตารางที่ 4.1 จากนั้นทำการทดสอบโปรแกรมจำลอง เพื่อเก็บรวบรวมข้อมูลมาเป็นค่าพื้นฐาน (Baseline) ของกลุ่มประชากรแต่ละประเภท



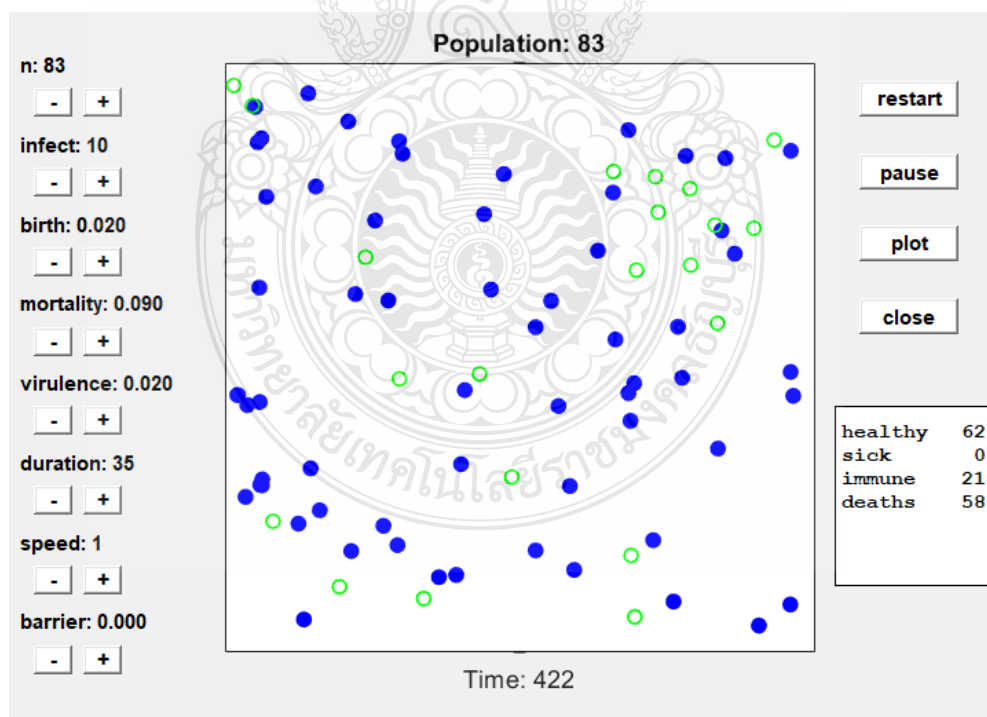
รูปที่ 4.1 Flowchart โปรแกรมจำลองพฤติกรรมการณ์การระบาดของโรค

ตารางที่ 4.1 กำหนดค่าตัวแปรต่าง ๆ ที่ใช้ในการทดลอง

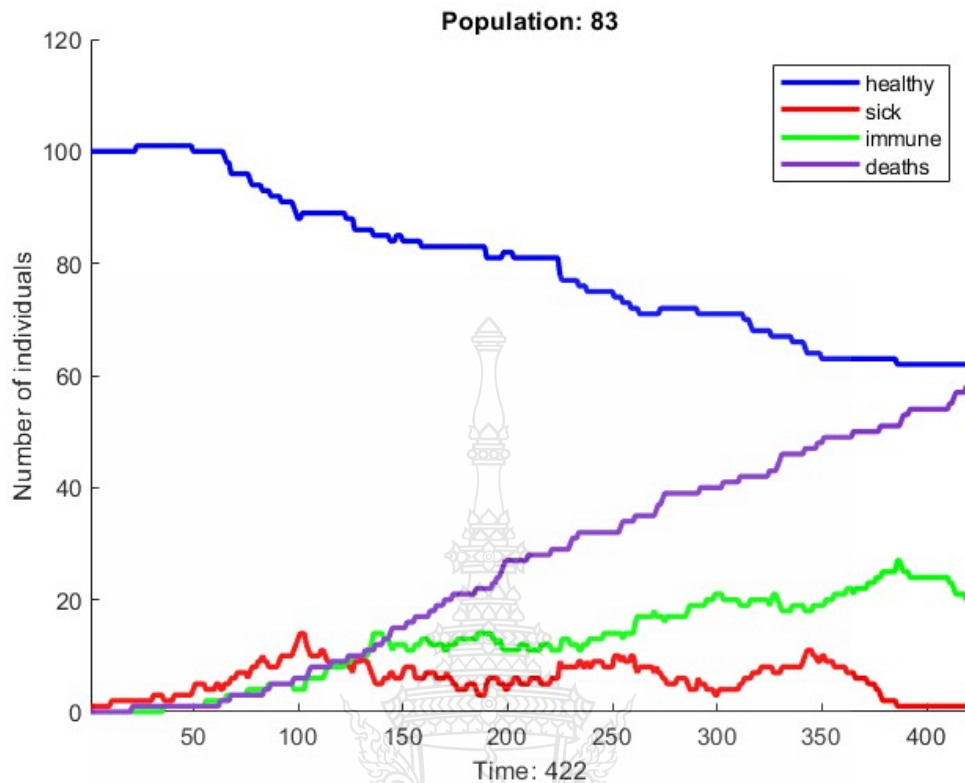
ตัวแปร	สัญลักษณ์	ค่าตัวแปร	อ้างอิง
จำนวนประชากรเริ่มต้น	n	100	Assumed
ช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยใหม่	infect	10	Assumed
อัตราการเพิ่มของประชากร	birth	0.020	Assumed
อัตราการตายของประชากร	mortality	0.090	WHO [1]
ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ	virulence	0.020	Assumed
ระยะเวลาการติดเชื้อ	duration	35	WHO [1]
ระยะเวลาของการแพร่ระบาด	epidemic	10	WHO [1]
ความยาวของกำแพง (แบ่งพื้นที่จำลอง)	barrier	0.000	Assumed

4.1 ผลการทดสอบโปรแกรมจำลอง COVID-19

ผลการทดสอบโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่จำลองพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด ที่ใช้ค่าตัวแปรตามตารางที่ 4.1 โดยการทดสอบจะสิ้นสุดลง เมื่อในพื้นที่การจำลองไม่มีผู้ป่วยติดเชื้อเหลืออยู่ (Sick = 0) หรือถึงเวลาที่กำหนด ($t_{max} = 10000$) แล้วทำการบันทึกข้อมูลจำนวนประชากรและระยะเวลาในการทดสอบ



รูปที่ 4.2 หน้าต่างแสดงผลของโปรแกรมจำลอง COVID-19 ด้วยค่าตัวแปรที่กำหนดเริ่มต้น



รูปที่ 4.3 กราฟแสดงผลการทดสอบโปรแกรมจำลอง COVID-19 ด้วยค่าตัวแปรที่กำหนดเริ่มต้น

จากรูปที่ 4.2 แสดงผลของการทดสอบโปรแกรมจำลองพฤติกรรมและการระบาดของโรคโควิด 19 ในพื้นที่จำกัด ด้วยค่าตัวแปรตามตารางที่ 4.1 หลังจากสิ้นสุดการทดลองที่เวลา 422 (Time = 422) และผู้ป่วยติดเชื้อ (จุดสีแดง) มีค่าเป็น 0 (Sick = 0) ผลลัพธ์ที่ได้คือ ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (จุดสีน้ำเงิน) มีค่าเป็น 62 (Healthy = 62), ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (วงกลมสีเขียว) มีค่าเป็น 21 (Immune = 21) และผู้เสียชีวิต (ไม่แสดงสัญลักษณ์) มีค่าเป็น 58 (Deaths = 58)

จากหน้าต่างผลการทดสอบ เมื่อนำมาแสดงผลในรูปแบบกราฟ ดังรูปที่ 4.3 จะเห็นได้ว่า ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy) จะลดลงจนถึงจุดหนึ่งแล้วเข้าสู่จุดสมดุล ในขณะที่กลุ่มประชากรอื่น ๆ ได้แก่ ผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick), ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) และผู้เสียชีวิต (Deaths) จะเพิ่มขึ้นจนถึงจุดหนึ่งแล้วเข้าสู่จุดสมดุล

จากการทดสอบที่ 1 ของโปรแกรมจำลองพฤติกรรมและการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด ด้วยค่าตัวแปรที่กำหนดเริ่มต้น ผลลัพธ์ที่ได้จำนวนของกลุ่มประชากรแต่ละประเภท นำมาเป็นข้อมูลค่าพื้นฐาน (Baseline) เพื่อทำการเปรียบเทียบผลการทดสอบที่มีค่าปรับเปลี่ยนค่าตัวแปร ที่เป็นปัจจัยส่งผลกระทบต่อพฤติกรรมและการระบาดของโรคโควิด 19

กำหนดตัวแปรที่สนใจ 4 ตัวแปร ได้แก่ ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence), ระยะเวลาการติดเชื้อ (duration), ช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยรายใหม่ (infect) ที่เข้ามาในพื้นที่จำลอง และความยาวของกำแพง (barrier) เพื่อแบ่งพื้นที่จำลองออกเป็น 2 ส่วน

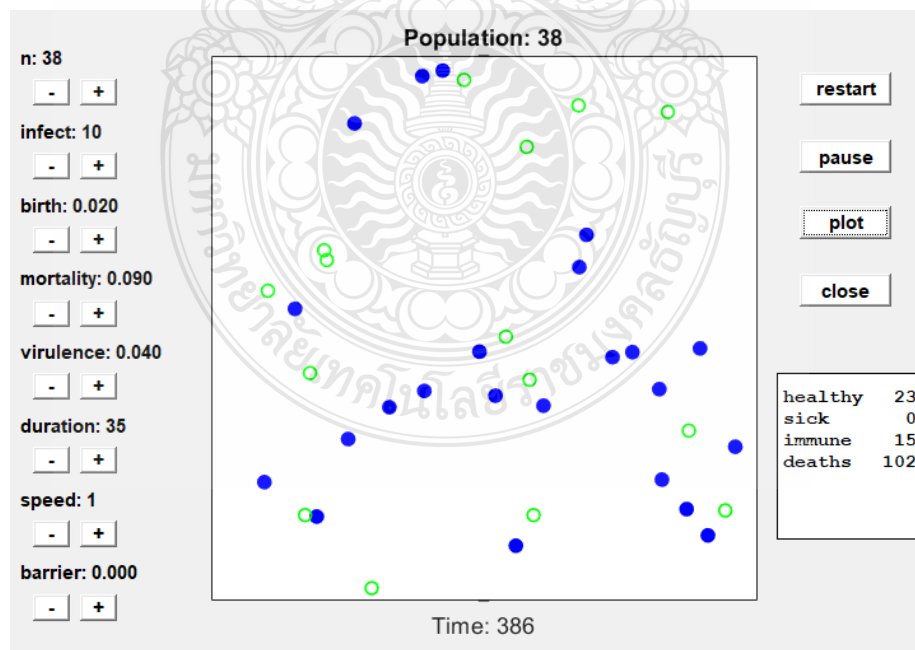
กำหนดค่าตัวแปรที่เปลี่ยนแปลงไป ตามตารางที่ 4.2 เพื่อนำผลลัพธ์ที่ได้นำมาสรุปวิเคราะห์ปัจจัยที่ส่งผลกระทบต่อพฤติกรรมกระบาดของโรคในกลุ่มประชากรแต่ละประเภท ที่สามารถนำไปใช้เป็นแนวทางการเตรียมเตรียมความพร้อมวางแผนรับมือสถานการณ์การแพร่ระบาดของโรคติดเชื้อในระยะเริ่มแรก และแนวทางในการออกแบบมาตรการป้องกันและควบคุมโรคที่เหมาะสมได้อย่างมีประสิทธิภาพ

ตารางที่ 4.2 กำหนดค่าตัวแปรของปัจจัยทั้ง 4 แบบ เพื่อเปรียบเทียบการทดสอบโปรแกรมจำลอง

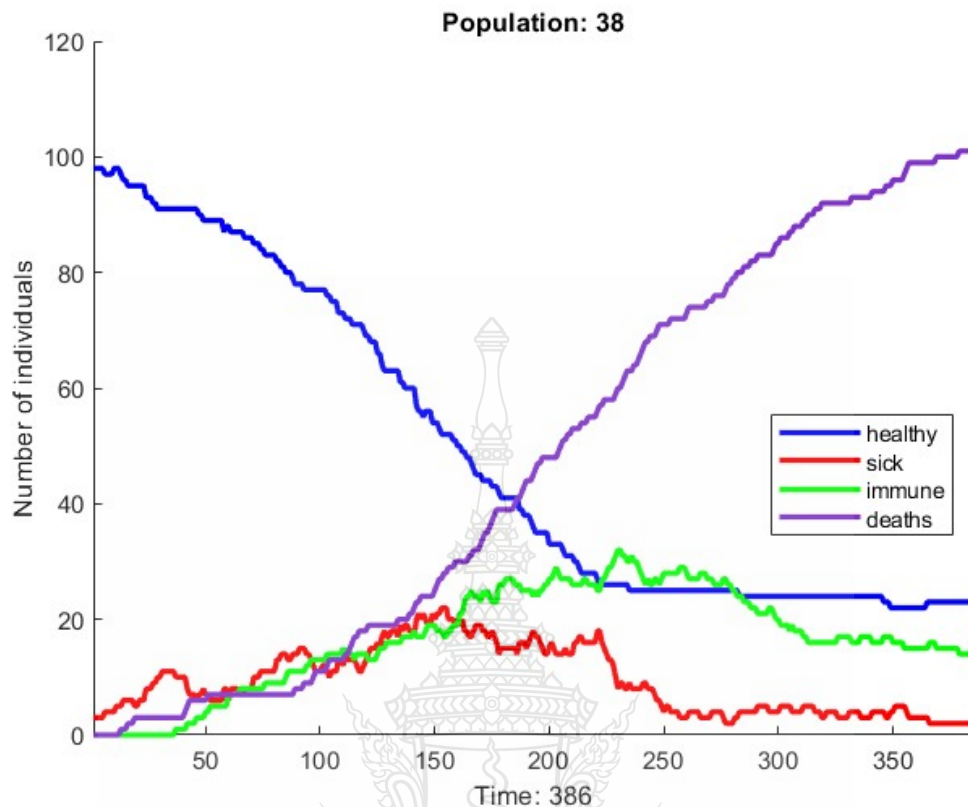
ปัจจัย	การทดสอบที่ 1 ค่าตัวแปรเริ่มต้น	การทดสอบที่ 2 เพิ่มระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ	การทดสอบที่ 3 ลดระยะเวลาการติดเชื้อ	การทดสอบที่ 4 เพิ่มผู้ป่วยเข้ามาในพื้นที่	การทดสอบที่ 5 เพิ่มกำแพงแบ่งพื้นที่
ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ	0.020	0.040	0.020	0.020	0.020
ระยะเวลาการติดเชื้อ	35	35	17	35	35
ช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยใหม่	10	10	10	20	10
ความยาวของกำแพง	0.000	0.000	0.000	0.000	0.900

4.2 ผลการทดสอบเพิ่มระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ

การทดสอบที่ 2 กำหนดค่าตัวแปร “ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence)” เพิ่มขึ้น จากเดิมมีค่าเป็น 0.020 (virulence = 0.020) เพิ่มขึ้นเป็น 0.040 (virulence = 0.040) โดยอีก 3 ตัวแปร มีค่าเท่าเดิม (duration = 35, infect = 10, barrier = 0.000) ผลลัพธ์ที่ได้ มีดังนี้



รูปที่ 4.4 หน้าต่างแสดงผลของโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence) จากเดิมมีค่าเป็น 0.020 เพิ่มขึ้นเป็น 0.040



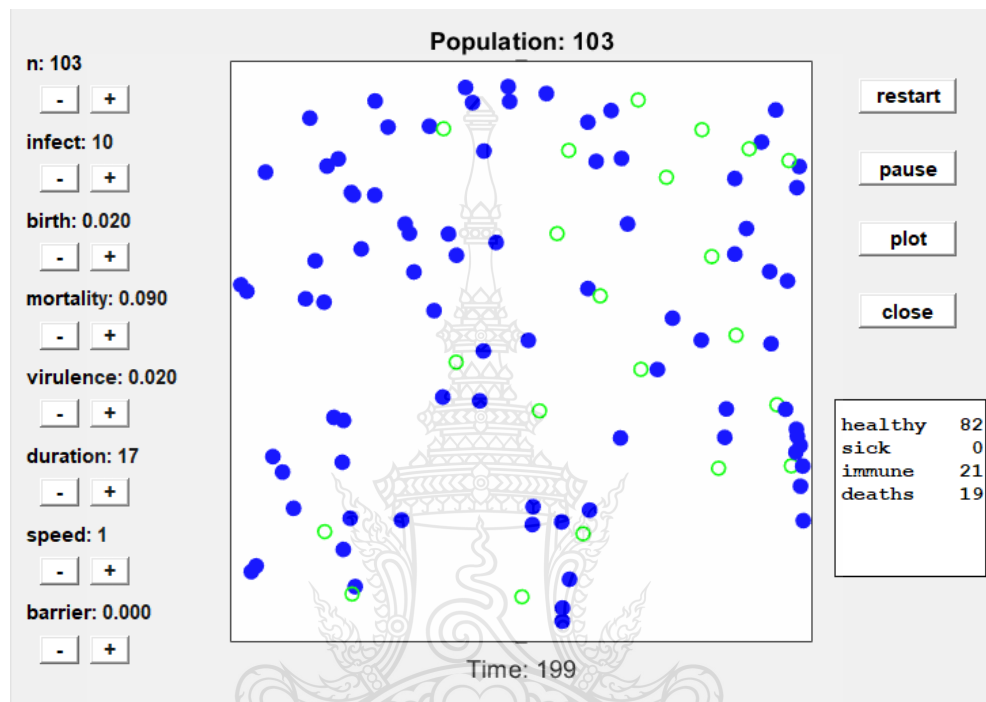
รูปที่ 4.5 กราฟแสดงผลการทดสอบโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence) จากเดิมมีค่าเป็น 0.020 เพิ่มขึ้นเป็น 0.040

จากรูปที่ 4.4 เป็นการทดสอบที่ 2 เพิ่มระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence) จากเดิมมีค่าเป็น 0.020 เพิ่มขึ้นเป็น 0.040 โดยใช้ค่าตัวแปรจากตารางที่ 4.2 ผลลัพธ์ที่ได้จากการทดสอบโปรแกรมจำลองพฤติกรรมและการระบาดของโรคโควิด 19 ในพื้นที่จำกัด หลังจากสิ้นสุดการทดลองที่เวลา 386 (Time = 386) และผู้ป่วยติดเชื้อ (จุดสีแดง) มีค่าเป็น 0 (Sick = 0) คือ ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (จุดสีน้ำเงิน) มีค่าเป็น 23 (Healthy = 23), ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (วงกลมสีเขียว) มีค่าเป็น 15 (Immune = 15) และผู้เสียชีวิต (ไม่แสดงสัญลักษณ์) มีค่าเป็น 102 (Deaths = 102)

เมื่อนำผลการทดสอบที่ 2 มาแสดงในรูปแบบกราฟ ดังรูปที่ 4.5 จะเห็นได้ว่า ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy) จะลดลงอย่างรวดเร็วตามระยะเวลาทดลองและเข้าสู่จุดสมดุลในช่วงท้ายของการทดลอง ในขณะที่กลุ่มประชากรอื่น ๆ ได้แก่ ผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick), ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) และ ผู้เสียชีวิต (Deaths) จะเพิ่มขึ้นมากกว่า และใช้ระยะเวลาทดลองน้อยกว่า เมื่อเปรียบเทียบกับผลการทดสอบที่ 1 ที่กำหนดค่าตัวแปรเริ่มต้น (Baseline)

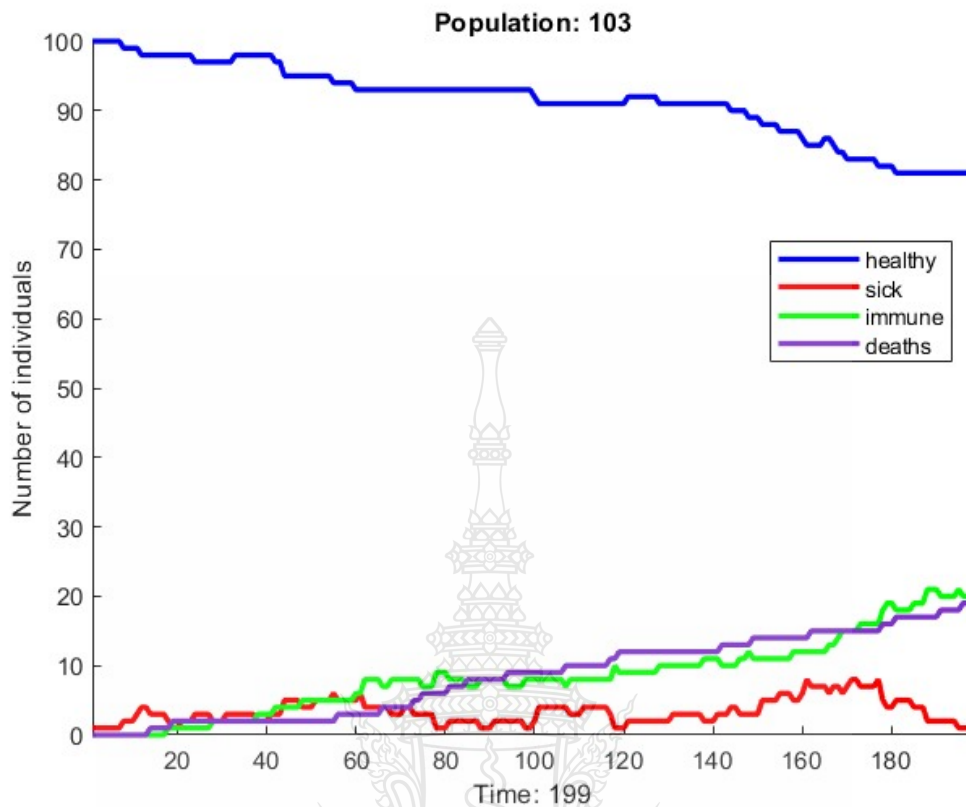
4.3 ผลการทดสอบลดระยะเวลาการติดเชื้อ

การทดสอบที่ 3 กำหนดค่าตัวแปร “ระยะการติดเชื้อ (duration)” ลดลง จากเดิมมีค่าเป็น 35 (duration = 35) ลดลงเป็น 17 (duration = 17) โดยอีก 3 ตัวแปร มีค่าเท่าเดิม (virulence = 0.020, infect = 10, barrier = 0.000) ผลลัพธ์ที่ได้ มีดังนี้



รูปที่ 4.6 หน้าต่างแสดงผลของโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรระยะการติดเชื้อ (duration) จากเดิมมีค่าเป็น 35 ลดลงเป็น 17

จากรูปที่ 4.6 เป็นการทดสอบที่ 3 ลดระยะการติดเชื้อ (duration) จากเดิมมีค่าเป็น 35 ลดลงเป็น 17 โดยใช้ค่าตัวแปรจากตารางที่ 4.2 ผลลัพธ์ที่ได้จากการทดสอบโปรแกรมจำลองพฤติกรรม การระบาดของโรคโควิด 19 ในพื้นที่จำกัด หลังจากสิ้นสุดการทดลองที่เวลา 199 (Time = 199) และ ผู้ป่วยติดเชื้อ (จุดสีแดง) มีค่าเป็น 0 (Sick = 0) คือ ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (จุดสีน้ำเงิน) มีค่าเป็น 82 (Healthy = 82), ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (วงกลมสีเขียว) มีค่าเป็น 21 (Immune = 21) และผู้เสียชีวิต (ไม่แสดงสัญลักษณ์) มีค่าเป็น 19 (Deaths = 19)

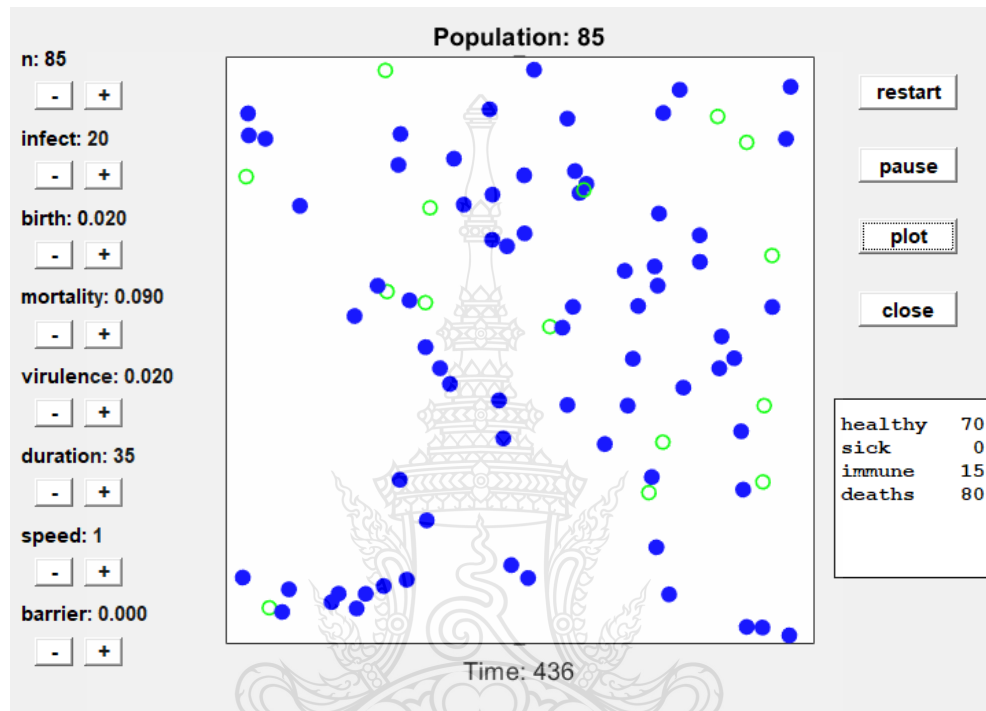


รูปที่ 4.7 กราฟแสดงผลการทดสอบโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรระยะการติดเชื้อ (duration) จากเดิมมีค่าเป็น 35 ลดลงเป็น 17

เมื่อนำผลการทดสอบที่ 3 มาแสดงในรูปแบบกราฟ ดังรูปที่ 4.7 จะเห็นได้ว่า ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy) ลดลงน้อยมาก จนเกือบเป็นเส้นตรง ในขณะที่กลุ่มประชากรอื่น ๆ ได้แก่ ผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick), ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) และผู้เสียชีวิต (Deaths) จะเพิ่มขึ้นเล็กน้อยและมีค่าใกล้เคียงกัน และในการทดลองครั้งนี้ ใช้ระยะเวลาน้อยที่สุด

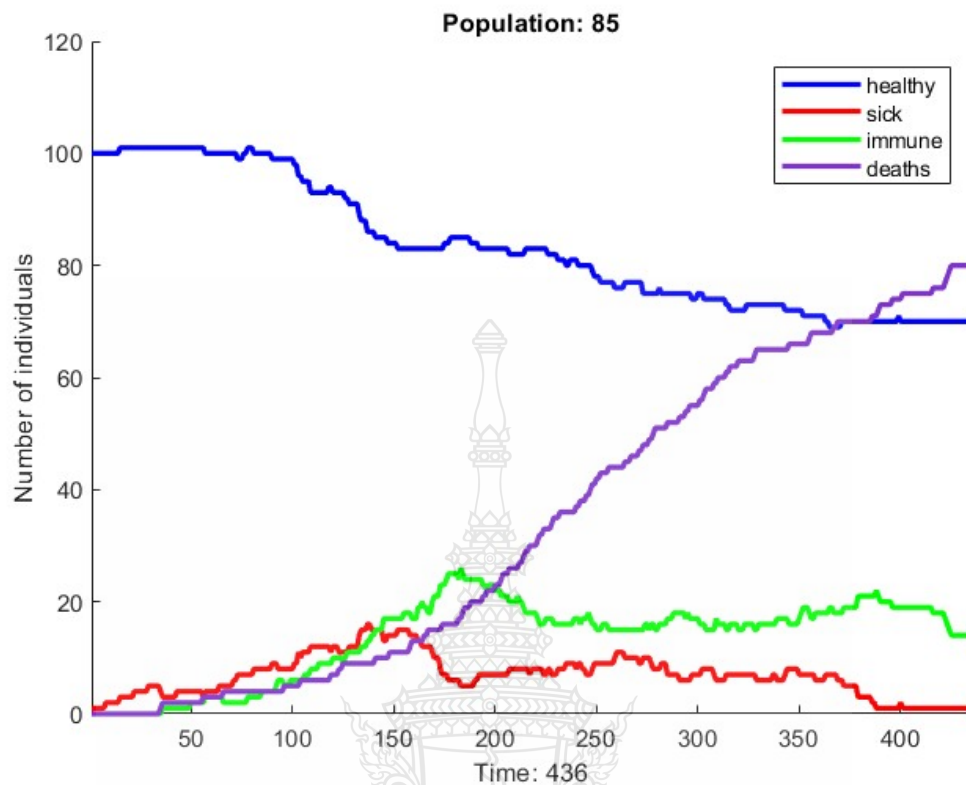
4.4 ผลการทดสอบเพิ่มผู้ป่วยใหม่เข้ามาในพื้นที่จำลอง

การทดสอบที่ 4 กำหนดค่าตัวแปร “ช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยใหม่ (infect)” เพิ่มขึ้น จากเดิมมีค่าเป็น 10 (infect = 10) เพิ่มขึ้นเป็น 20 (infect = 20) โดยอีก 3 ตัวแปร มีค่าเท่าเดิม (virulence = 0.020, duration = 35, barrier = 0.000) ผลลัพธ์ที่ได้ มีดังนี้



รูปที่ 4.8 หน้าต่างแสดงผลของโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยใหม่ (infect) จากเดิมมีค่าเป็น 10 เพิ่มขึ้นเป็น 20

จากรูปที่ 4.8 เป็นการทดสอบที่ 4 เพิ่มช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยใหม่ (infect) จากเดิมมีค่าเป็น 10 เพิ่มขึ้นเป็น 20 โดยใช้ค่าตัวแปรจากตารางที่ 4.2 ผลลัพธ์ที่ได้จากการทดสอบโปรแกรมจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรคโควิด 19 ในพื้นที่จำกัด หลังจากสิ้นสุดการทดลองที่เวลา 436 (Time = 436) และผู้ป่วยติดเชื้อ (จุดสีแดง) มีค่าเป็น 0 (Sick = 0) คือ ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (จุดสีน้ำเงิน) มีค่าเป็น 70 (Healthy = 70), ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (วงกลมสีเขียว) มีค่าเป็น 15 (Immune = 15) และผู้เสียชีวิต (ไม่แสดงสัญลักษณ์) มีค่าเป็น 80 (Deaths = 80)

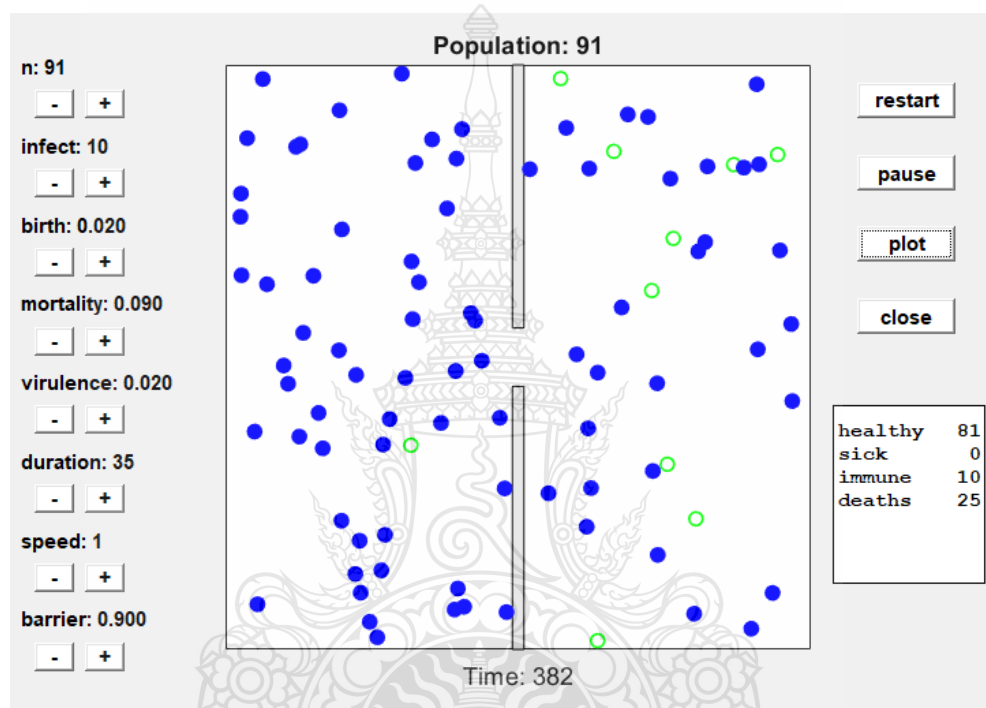


รูปที่ 4.9 กราฟแสดงผลการทดสอบโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยใหม่ (infect) จากเดิมมีค่าเป็น 10 เพิ่มขึ้นเป็น 20

เมื่อนำผลการทดสอบที่ 4 มาแสดงในรูปแบบกราฟ ดังรูปที่ 4.9 จะเห็นได้ว่า ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy) จะลดลงจนถึงจุดหนึ่งแล้วเข้าสู่จุดสมดุล ในขณะที่กลุ่มประชากรอื่น ๆ ได้แก่ ผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick), ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) เพิ่มขึ้นเล็กน้อยและมีค่าใกล้เคียงกัน และผู้เสียชีวิต (Deaths) จะเพิ่มขึ้นแบบสมการเชิงเส้น

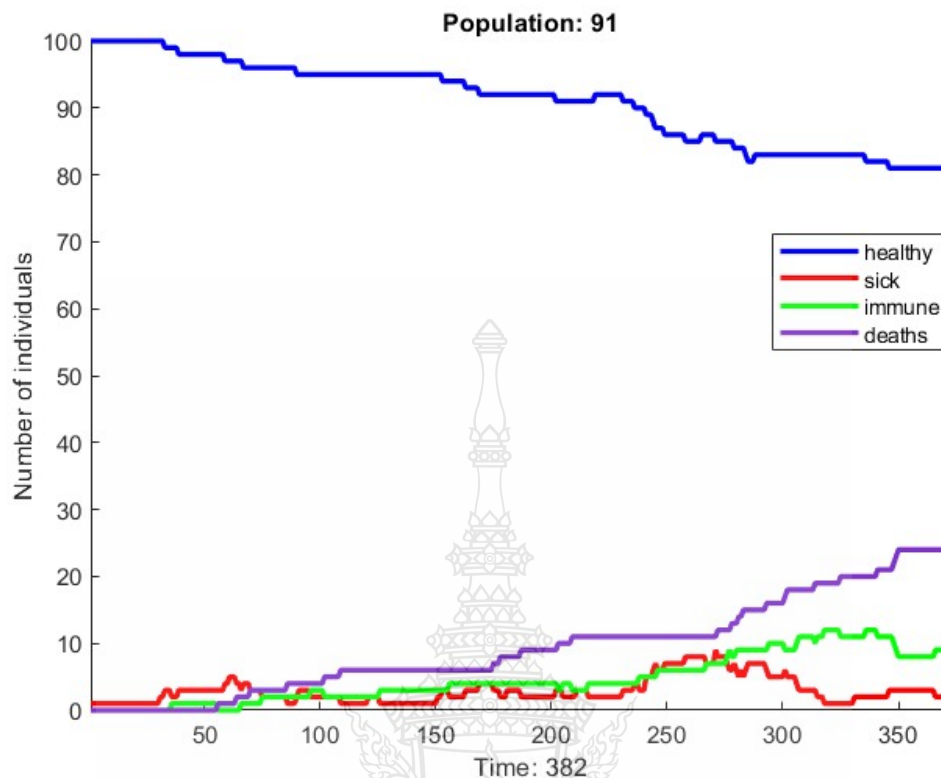
4.5 ผลการทดสอบการแบ่งกันพื้นที่จำลอง

การทดสอบที่ 5 กำหนดค่าตัวแปร “ความยาวของกำแพง (barrier)” เพิ่มขึ้น จากเดิมมีค่าเป็น 0.000 (barrier = 0.000) เพิ่มขึ้นเป็น 0.900 (barrier = 0.900) โดยอีก 3 ตัวแปร มีค่าเท่าเดิม (virulence = 0.020, duration = 35, infect = 10) โดยใช้ฟังก์ชัน make_barrier และฟังก์ชัน barrier_callback เพื่อสร้างกำแพงแบ่งกันพื้นที่ในการจำลองออกเป็น 2 ส่วน และเว้นช่องว่างตรงกลางให้กลุ่มประชากรสามารถมีปฏิสัมพันธ์กันได้ ผลลัพธ์ที่ได้ ดังนี้



รูปที่ 4.10 หน้าต่างแสดงผลของโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรความยาวของกำแพง (barrier) จากเดิมมีค่าเป็น 0.000 เพิ่มขึ้นเป็น 0.900

จากรูปที่ 4.10 เป็นการทดสอบที่ 5 เพิ่มความยาวของกำแพง (barrier) จากเดิมมีค่าเป็น 0.000 เพิ่มขึ้นเป็น 0.900 เพื่อแบ่งกันพื้นที่การจำลองออกเป็น 2 ส่วน แต่ยังมีช่องว่างตรงกลางให้สามารถเดินทางถึงกันได้ โดยใช้ค่าตัวแปรจากตารางที่ 4.2 ผลลัพธ์ที่ได้จากการทดสอบโปรแกรมจำลองพฤติกรรมของการระบาดของโรคโควิด 19 ในพื้นที่จำกัด หลังจากสิ้นสุดการทดลองที่เวลา 382 (Time = 382) และผู้ป่วยติดเชื้อ (จุดสีแดง) มีค่าเป็น 0 (Sick = 0) คือ ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (จุดสีน้ำเงิน) มีค่าเป็น 81 (Healthy = 81), ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (วงกลมสีเขียว) มีค่าเป็น 10 (Immune = 10) และผู้เสียชีวิต (ไม่แสดงสัญลักษณ์) มีค่าเป็น 25 (Deaths = 25)



รูปที่ 4.11 กราฟแสดงผลการทดสอบโปรแกรมจำลอง COVID-19 ที่เปลี่ยนค่าตัวแปรความยาวของกำแพง (barrier) จากเดิมมีค่าเป็น 0.000 เพิ่มขึ้นเป็น 0.900

เมื่อนำผลการทดสอบที่ 5 มาแสดงในรูปแบบกราฟ ดังรูปที่ 4.11 จะเห็นได้ว่า ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy) ลดลงน้อยมาก จนเกือบเป็นเส้นตรง ในขณะที่กลุ่มประชากรอื่น ๆ ได้แก่ ผู้ป่วยติดเชื้อ (Sick), ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) และผู้เสียชีวิต (Deaths) จะเพิ่มขึ้นเล็กน้อยและมีค่าใกล้เคียงกัน

4.6 สรุปผลการทดสอบ

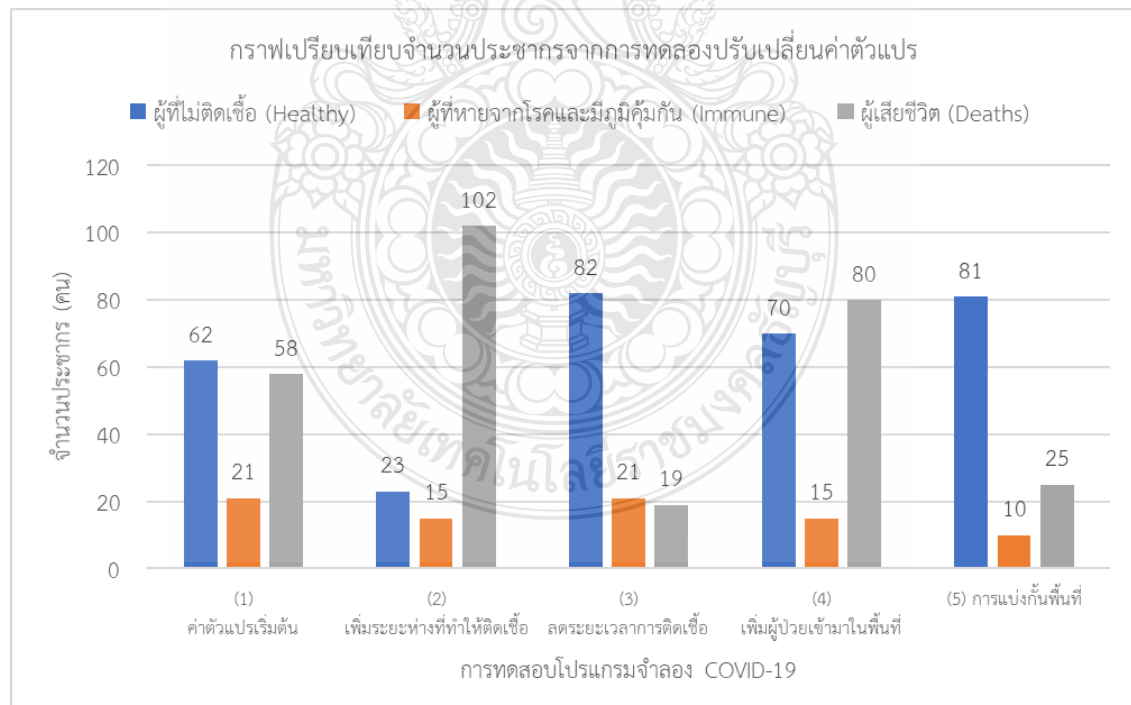
จากการทดสอบโปรแกรมจำลองพฤติกรรมและการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด ด้วยค่าตัวแปรที่กำหนดเริ่มต้นตามตารางที่ 4.1 ผลลัพธ์ที่ได้จำนวนของกลุ่มประชากรแต่ละประเภท นำมาเป็นข้อมูลค่าพื้นฐาน (Baseline) เพื่อทำการเปรียบเทียบผลการทดสอบที่มีค่าปรับเปลี่ยนค่าตัวแปร ที่เป็นปัจจัยส่งผลกระทบต่อพฤติกรรมและการระบาดของโรคโควิด 19

กำหนดตัวแปรที่สนใจ 4 ตัวแปร ตามตารางที่ 4.2 ได้แก่ ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence), ระยะเวลาการติดเชื้อ (duration), ช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยรายใหม่ (infect) ที่เข้ามาในพื้นที่จำลอง และความยาวของกำแพง (barrier) เพื่อแบ่งกันพื้นที่จำลองออกเป็น 2 ส่วน ผลการทดสอบสรุปได้ดังนี้

ตารางที่ 4.3 สรุปผลการทดสอบ

การทดสอบ	จำนวน ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ	จำนวนผู้ที่ย้าย จากโรคและมี ภูมิคุ้มกัน	จำนวน ผู้เสียชีวิต	ระยะเวลา ในการทดสอบ
การทดสอบที่ 1 ค่าตัวแปรเริ่มต้น	62	21	58	422
การทดสอบที่ 2 เพิ่มระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ	23	15	102	386
การทดสอบที่ 3 ลดระยะเวลาการติดเชื้อ	82	21	19	199
การทดสอบที่ 4 เพิ่มผู้ป่วยเข้ามาในพื้นที่	70	15	80	436
การทดสอบที่ 5 การแบ่งพื้นที่	81	10	25	382

นำข้อมูลจำนวนประชากรแต่ละกลุ่ม ได้แก่ ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ (Healthy), ผู้ที่ย้ายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน (Immune) และผู้เสียชีวิต (Deaths) มาแสดงผลเปรียบเทียบในรูปแบบกราฟ ในรูปที่ 4.12



รูปที่ 4.12 กราฟเปรียบเทียบจำนวนประชากรจากการทดลองปรับเปลี่ยนค่าตัวแปรต่าง ๆ ในโปรแกรมจำลอง COVID-19

ทดสอบแบบจำลองพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด ด้วยคอมพิวเตอร์โดยใช้โปรแกรม MATLAB โดยทำการปรับเปลี่ยนค่าตัวแปรต่าง ๆ ที่สนใจ 4 ตัวแปร ได้แก่ ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence), ระยะเวลาการติดเชื้อ (duration), ช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยรายใหม่ (infect) ที่เข้ามาในพื้นที่จำลอง และความยาวของกำแพง (barrier) เพื่อแบ่งพื้นที่จำลองออกเป็น 2 ส่วน

ผลการทดสอบจะเห็นได้ว่า ปัจจัยที่ส่งผลกระทบต่อพฤติกรรมการระบาดของโรคโควิด 19 ในพื้นที่จำกัด มากที่สุดเป็นอันดับหนึ่ง คือ การทดสอบที่ 3 “ลดระยะเวลาติดเชื้อ (duration)” จากเดิมมีค่าเป็น 35 (duration = 35) ลดลงเป็น 17 (duration = 17) ผลลัพธ์ที่ได้ ผู้ที่ไม่ติดเชื้อคงเหลือมากที่สุด มีค่าเป็น 82 (Healthy = 82), ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน มีค่าเป็น 21 (Immune = 21) เท่ากับการทดสอบที่ 1 ที่เป็นค่าตั้งต้น (Baseline) และผู้เสียชีวิตลดลงน้อยที่สุด มีค่าเป็น 19 (Deaths = 19)

ปัจจัยที่ส่งผลกระทบต่อพฤติกรรมการระบาดของโรคโควิด 19 ในพื้นที่จำกัด อันดับที่สอง คือ การทดสอบที่ 5 “ความยาวของกำแพง (barrier)” จากเดิมมีค่าเป็น 0.000 (barrier = 0.000) เพิ่มขึ้นเป็น 0.900 (barrier = 0.900) โดยสร้างกำแพงแบ่งพื้นที่ในการจำลองออกเป็น 2 ส่วน และเว้นช่องว่างตรงกลางให้กลุ่มประชากรสามารถมีปฏิสัมพันธ์กันได้ ผลลัพธ์ที่ได้ ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ มีค่าเป็น 81 (Healthy = 81), ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน มีค่าเป็น 10 (Immune = 10) และผู้เสียชีวิต มีค่าเป็น 25 (Deaths = 25)

ส่วนของการทดสอบที่ 2 “ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence)” จากเดิมมีค่าเป็น 0.020 (virulence = 0.020) เพิ่มขึ้นเป็น 0.040 (virulence = 0.040) และการทดสอบที่ 4 “ช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยใหม่ (infect)” จากเดิมมีค่าเป็น 10 (infect = 10) เพิ่มขึ้นเป็น 20 (infect = 20) ส่งผลให้มีผู้เสียชีวิตสูงมาก มีค่าเป็น 102 และ 80 ตามลำดับ

บทที่ 5

สรุปผลการวิจัย และข้อเสนอแนะ

5.1 สรุปผลการวิจัย

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้ เป็นการศึกษาพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (โรคโควิด 19) ในพื้นที่จำกัด โดยออกแบบโปรแกรมการจำลองด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ MATLAB ขอบเขตการวิจัย กำหนดให้พื้นที่ในการจำลองมีขนาดเล็ก เช่น ในอาคาร ห้องประชุม หรือระบบขนส่งสาธารณะ รถโดยสารประจำทาง รถไฟ เครื่องบิน เนื่องจากพื้นที่เหล่านี้ มีประชากรหนาแน่นและมีโอกาสสูงที่ไวรัสจะแพร่กระจายได้ง่าย ทำการทดสอบโปรแกรมจำลอง โดยกำหนดค่าตัวแปรเริ่มต้น เพื่อบรรวบรวมข้อมูลจำนวนกลุ่มประชากรแต่ละประเภทมาเป็นค่าพื้นฐาน (Baseline) สำหรับเปรียบเทียบการทดสอบต่าง ๆ จากนั้นทำการทดสอบปรับเปลี่ยนค่าตัวแปรของปัจจัย 4 แบบ ได้แก่ ระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence), ระยะเวลาการติดเชื้อ (duration), ช่วงเวลาการเพิ่มผู้ป่วยรายใหม่ (infect) ที่เข้ามาในพื้นที่จำลอง และความยาวของกำแพง (barrier) เพื่อแบ่งกันพื้นที่จำลอง ออกเป็น 2 ส่วน ผลลัพธ์ที่ได้นำมาสรุปและวิเคราะห์ปัจจัยที่ส่งผลกระทบต่อพฤติกรรมการแพร่ระบาดของโรคโควิด 19 ในพื้นที่จำกัด ในกลุ่มประชากรแต่ละประเภท

ผลการวิจัยสรุปได้ว่า ปัจจัยที่ส่งผลกระทบมากที่สุดเป็นอันดับหนึ่ง ของพฤติกรรมการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 ในพื้นที่จำกัด คือ การลดระยะเวลาติดเชื้อ (duration) จากเดิมมีค่าเป็น 35 (duration = 35) ลดลงเป็น 17 (duration = 17) ผลลัพธ์ที่ได้ ผู้ที่ไม่ติดเชื้อคงเหลือมากที่สุด มีค่าเป็น 82 (Healthy = 82), ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน มีค่าเป็น 21 (Immune = 21) ซึ่งมีค่าเท่ากับการทดสอบแรกที่เป็นค่าพื้นฐาน (Baseline) และผู้เสียชีวิตลดลงน้อยที่สุด มีค่าเป็น 19 (Deaths = 19)

ปัจจัยที่ส่งผลกระทบรองลงมาเป็นอันดับสอง ของพฤติกรรมการระบาดของโรคโควิด 19 ในพื้นที่จำกัด คือ การเพิ่มความยาวของกำแพง (barrier) จากเดิมมีค่าเป็น 0.000 (barrier = 0.000) เพิ่มขึ้นเป็น 0.900 (barrier = 0.900) โดยในโปรแกรมแบบจำลอง ได้ทำการสร้างกำแพงแบ่งกันพื้นที่ในการจำลองออกเป็น 2 ส่วน และเว้นช่องว่างตรงกลางให้กลุ่มประชากรสามารถมีปฏิสัมพันธ์กันได้ ผลลัพธ์ที่ได้ ผู้ที่ไม่ติดเชื้อ มีค่าเป็น 81 (Healthy = 81), ผู้ที่หายจากโรคและมีภูมิคุ้มกัน มีค่าเป็น 10 (Immune = 10) และผู้เสียชีวิต มีค่าเป็น 25 (Deaths = 25) ในส่วนของปัจจัยเรื่อง การลดระยะห่างที่ทำให้ติดเชื้อ (virulence) จากเดิมมีค่าเป็น 0.020 (virulence = 0.020) เพิ่มขึ้นเป็น 0.040 (virulence = 0.040) และการเพิ่มผู้ป่วยใหม่เข้ามาในพื้นที่จำลอง (infect)” จากเดิมมีค่าเป็น 10 (infect = 10) เพิ่มขึ้นเป็น 20 (infect = 20) ส่งผลให้มีผู้เสียชีวิตสูงมากเมื่อเทียบกับปัจจัยอื่น มีค่าเป็น 102 และ 80 ตามลำดับ

การแพร่ระบาดของไวรัสโคโรนา 2019 ได้ส่งผลกระทบอย่างกว้างขวางต่อทุกมิติของชีวิตประจำวัน ทั้งในด้านการเดินทาง การท่องเที่ยว การค้า และเศรษฐกิจ สิ่งเหล่านี้ได้นำไปสู่การเปลี่ยนแปลงวิถีชีวิตเดิมสู่รูปแบบใหม่ที่เรียกว่า New Normal เนื่องจากปัจจัยภายนอกที่เข้ามากระทบทำให้แบบแผนและแนวทางปฏิบัติที่สังคมเคยคุ้นชินต้องปรับตัวเข้าสู่มาตรฐานใหม่ที่ไม่เคยเผชิญมาก่อน ประโยชน์ของงานวิจัยนี้ เพื่อนำมาเป็นแนวทางสำหรับการเตรียมความพร้อมและวางแผนรับมือสถานการณ์การแพร่ระบาดของโรคติดเชื้อในระยะเริ่มแรก รวมถึงการออกแบบมาตรการป้องกันควบคุมโรค และเฝ้าระวังการแพร่ระบาด เช่น การฉีดวัคซีนป้องกัน ช่วยเพิ่มโอกาสในการลดระยะเวลาการติดเชื้อ มาตรการกักตัว และการหลีกเลี่ยงพื้นที่ชุมชน มาตรการเหล่านี้ช่วยควบคุมและป้องกันการแพร่ระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19) ได้อย่างมีประสิทธิภาพและเหมาะสมกับสถานการณ์

5.2 ข้อเสนอแนะที่ได้จากการวิจัย

งานวิจัยครั้งนี้ ยังขาดการศึกษาที่น่าแบบจำลองไปประยุกต์ใช้กับการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19) ในสถานการณ์การแพร่ระบาดจริง เนื่องจากค่าตัวแปรต่าง ๆ ที่นำมาใช้ในแบบจำลองนี้ เป็นค่าสมมติฐานขึ้นบางส่วน เพื่อที่จะจำลองพฤติกรรมของการแพร่ระบาดของโรค ดังนั้นจึงควรระมัดระวังในการแปลผลและนำผลการศึกษาไปใช้งานต่อไป

บรรณานุกรม

- [1] Coronavirus disease (COVID-19) pandemic, World Health Organization (WHO).
[Online]. <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>
- [2] ยุพา ฝั่งน้อย. (2542). “จุลชีววิทยา” โครงการตำราวิชาการราชภัฏเฉลิมพระเกียรติ เนื่องในวโรกาส สมเด็จพระเจ้าอยู่หัวทรงเจริญพระชนมพรรษา 72 พรรษา. โครงการส่งเสริมการเข้าสู่ ตำแหน่งทางวิชาการ สถาบันราชภัฏนครราชสีมา.
- [3] Parker, N., Schneegurt, M., Tu, A-H., Forester, B.M. and Lister, P. (2017). Microbiology. USA: ASM Press
- [4] ดลฤดี สงวนเสริมศรี. (2558). ไวรัสวิทยาทางการแพทย์พื้นฐาน. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์แห่ง จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.
- [5] รศ.ดร.พญ.ทวีติยา สุจริตรักษ์. ประเด็นน่ารู้เกี่ยวกับไวรัส SARS-CoV-2: ไวรัสที่ก่อให้เกิดโรค โควิด-19, สมาคมโรคติดต่อในเด็กแห่งประเทศไทย [Online]
<https://pidst.or.th/A966.html>
- [6] Key milestones in the spread of the coronavirus pandemic Apr 22, 2020 [Online]
<https://www.weforum.org/agenda/2020/04/coronavirus-spread-covid19-pandemic-timeline-milestones/>
- [7] Timeline: WHO's COVID-19 response, World Health Organization (WHO). [Online].
<https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/interactive-timeline>
- [8] Number of COVID-19 cases reported to WHO (cumulative total), World Health Organization (WHO). [Online]. <https://data.who.int/dashboards/covid19/cases>
- [9] SARS-CoV-2: ไวรัสโคโรนาสายพันธุ์ใหม่ 2019 18 ธ.ค. 2564 ดร. ชรินทร์ สารีภักดี กองวิชาการ วิทยาศาสตร์ พิพิธภัณฑวิทยาศาสตร์ องค์การพิพิธภัณฑวิทยาศาสตร์แห่งชาติ (อพวช.) [Online]. <https://www.nsm.or.th/nsm/th/node/6367>
- [10] คู่มือการดูแลสุขภาพสำหรับประชาชน ในสถานการณ์การแพร่ระบาดของโควิด 19 ระลอก 3 ด้วยศาสตร์การแพทย์แผนไทยและสมุนไพร โรงพยาบาลเจ้าพระยาอภัยภูเบศร จ.ปราจีนบุรี จัดทำครั้งที่ 2 วันที่ 12 พฤษภาคม 2564
- [11] Coronavirus disease (COVID-19), World Health Organization (WHO). [Online].
<https://www.who.int/thailand/emergencies/novel-coronavirus-2019/q-a-on-covid-19/q-a-on-covid-19-general>
- [12] พญ.ณิชากุล พิษฐ์พัต. หลักการระบาดวิทยา. กองระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค [Online].
<https://www.youtube.com/watch?v=gbqTKEF2YVo>

บรรณานุกรม (ต่อ)

- [13] The special session of COVID-19: Virology and Diagnosis รศ. ดร. พญ. ทวีติยา สุจริตรักษ์
งานประชุมใหญ่ประจำปี 2563 ครั้งที่ 24 จัดโดย สมาคมโรคติดเชื้อในเด็กแห่งประเทศไทย
วันที่ 17 ตุลาคม 2563 <https://cimjournal.com/idv-conference/virology-and-diagnosis/>
- [14] COVID-19 แพร่กระจายได้อย่างไร 18 ธ.ค. 2564 [Online]. ดร.ชนินทร์ สาริกฤติ
กองวิชาการวิทยาศาสตร์ พิพิธภัณฑสถานวิทยาศาสตร์ องค์การพิพิธภัณฑสถานวิทยาศาสตร์แห่งชาติ
(อพวช.) <https://www.nsm.or.th/nsm/th/node/6368>
- [15] ความรู้พื้นฐาน COVID-19, คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล
23 มีนาคม 2563
- [16] L. Wynants et al., “Prediction models for diagnosis and prognosis of COVID-19
infection: Systematic review and critical appraisal,” *BMJ*, vol. 369, 2020.
- [17] Kermack, W. O., and McKendrick, A. G. (1927). A Contribution to the Mathematical
Theory of Epidemics. Containing Papers of a Mathematical and Physical
Character, 115(772), 700-721. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>
- [18] เทียนสิริ เหลืองวิไล, ฐาปนัต บัณฑิต, สามารถ หมดและ, วีระพล วิลามาต, สมภูมิ มีชานา
และสุภาวดี สีสายทอ. (2563). การประเมินสถานการณ์โรคโควิด 19 ในประเทศไทยโดยใช้
แบบจำลอง SIR/D. วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีนายเรืออากาศ, 16(2), 67-73.
- [19] อธิเทพ นวาระสุจิตร์, ณัฐดนัย ปานพวง และวุฒิชัย ศรีวงศ์แสน. (2565). ตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์
ของโรคโควิด-19 ในประเทศไทย. วารสารวิชาการวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัย
ราชภัฏนครสวรรค์, 14(19), 26-37.
- [20] ธนาภรณ์ จันทร์ทอง, วริศรา ห่วงเป็ย, ประพรรณพร รัตน์ และอดิศักดิ์ เต็มเพ็ชรหนอง. (2565).
แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ สำหรับการแพร่ระบาดของโควิด-19. การประชุมวิชาการระดับชาติ
ด้านวิทยาศาสตร์ เทคโนโลยี และนวัตกรรม ครั้งที่ 4 (น. 51-59) มหาวิทยาลัยราชภัฏเลย.
- [21] จุฑารัตน์ โพธิ์หลวง และ ณัฐกาญจน์ นำพันธุวัฒน์. (2567). ผลของการสวมหน้ากากอนามัยที่มี
ต่อตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์ SEIR สำหรับการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ตามฤดูกาลใน
กรุงเทพมหานคร. วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีหัวเฉียวเฉลิมพระเกียรติ, 10(1),
83-92.

ภาคผนวก





function covid19

% Parameters in the control panel.

n = 100; % Initial population size
infect = 10; % Interval between new sick individuals
birth = .020; % Birth rate
mortality = .090; % Mortality rate
virulence = .020; % Infectious distance
duration = 35; % Time of infection
speed = 1; % Interval between display updates
barrier = .900; % Barrier length

% Fixed parameters

bw = .02; % Barrier width
ms = 24; % Marker size for plotting
epidemic = 10; % Durations per epidemic
stepsize = .03; % Step size for agent movement
tmax = 10000; % Maximum simulation time
fontsize = 9; % Font size for GUI
fontname = get(groot,'fixedwidthfontname'); % Fixed-width font for GUI

% -----

A = []; % Structure to store agent data (positions, types, etc.)
data = []; % Data for plotting (counts over time)
deaths = 0; % Death count
figs = gcf; % Handle for the current figure
n0 = n; % Initial population size

% -----

% Function to generate uniform random numbers in the range [-1, 1]

randu = @(n,m) 2*rand(n,m)-1;

% -----

```

% If the function is called with an argument, generate a thumbnail and return
if nargin == 1
    thumbnail
    return
end

% -----

% Initialize the GUI and get handles for pause, stop, and census controls
[paws, stop, census] = init_gui;
% Start the simulation by calling the restart callback
restart_callback;

% -----

% Main simulation loop
while get(stop, 'value') == 0
    % Census: Count the number of individuals in each category
    count = histc(A.type, 1:3); % Healthy (1), Sick (2), Immune (3)
    count(4) = deaths; % Add deaths to the count

    % Update display every 'speed' time steps
    if mod(t, speed) == 0
        for k = 1:n
            % Update the position of each agent on the plot
            set(A.p(k), 'xdata', A.x(k), 'ydata', A.y(k));
        end
        % Display the current time step and population size
        xlabel(sprintf('Time: %d', t));
        title(sprintf('Population: %d', n));
        % Update the census display with the current counts
        set(census, 'string', num2str(count, '%3d'));
        drawnow limitrate; % Refresh the display
    end
end

```

% Skip the rest of the loop if there are no more sick individuals,

% the simulation is paused, or the maximum time is reached

if (t > 0 && count(2) == 0) || get(paws, 'value') == 1 || t >= tmax

continue;

end

% Store data for plotting if the simulation has started

if t > 0

data(:, end+1) = count; % Append current counts to the data matrix

end

% Introduce new sick individuals at regular intervals

if t <= epidemic * duration && mod(t, infect) == 0

introduce_sick;

end

% Time step: Move agents based on their velocity

A.x = A.x + stepsize * A.u;

A.y = A.y + stepsize * A.v;

t = t + 1; % Increment time step

% Bounce off the sides of the simulation area

k = find(abs(A.x) > 1 - stepsize);

A.x(k) = sign(A.x(k)) * (1 - stepsize);

A.u(k) = -A.u(k);

k = find(abs(A.y) > 1 - stepsize);

A.y(k) = sign(A.y(k)) * (1 - stepsize);

A.v(k) = -A.v(k);

% Bounce off the central barrier

k = find(abs(A.y) >= (1 - barrier) & abs(A.x) < 2 * bw);

A.x(k) = 2 * bw * sign(A.x(k));

A.u(k) = -A.u(k);

```

% Possibly infectious encounters
z = A.x + A.y * 1i; % Represent positions as complex numbers
d = triu(abs(z - z.')); % Calculate pairwise distances
[r, q] = find(0 < d & d < virulence); % Find pairs within infectious distance
for k = 1:length(r)
    rk = A.type(r(k)); % Type of the first individual in the pair
    qk = A.type(q(k)); % Type of the second individual in the pair
    if rk == 2 && qk == 1 % If the first is Sick and the second is Healthy
        A.type(q(k)) = 2; % The Healthy individual becomes Sick
        set(A.p(q(k)), 'color', colors(2)); % Update the color to red
        A.t(q(k)) = t; % Record the time of infection
    end
    if qk == 2 && rk == 1 % If the second is Sick and the first is Healthy
        A.type(r(k)) = 2; % The Healthy individual becomes Sick
        set(A.p(r(k)), 'color', colors(2)); % Update the color to red
        A.t(r(k)) = t; % Record the time of infection
    end
end
end

% Births: Introduce new Healthy individuals at a rate determined by birth rate
if rand < birth * n / 100
    narg = findobj('tag', 'n+');
    n_callback(narg);
end

% Deaths: Remove Sick or Immune individuals at a rate determined by mortality
rate
nv = count(2) + count(3); % Number of Sick and Immune individuals
if rand < mortality * nv / 10
    narg = findobj('tag', 'n-');
    n_callback(narg, nv);
end

```

```

% Sick -> Immune: After 'duration' time steps, Sick individuals become Immune
f = (A.type == 2) & (A.t < t - duration);
A.type(f) = 3; % Change type to Immune
set(A.p(f), 'marker', 'o', ... % Update marker to a circle
    'markersize', ms / 4, ... % Reduce marker size
    'linewidth', 1, ... % Set line width
    'color', colors(3)); % Change color to green
end
close(figs); % Close the figure when the simulation ends

% -----

function restart_callback(~, ~)
    % Reset the simulation to its initial state
    axis([-1 1 -1 1]); % Set the axis limits
    axis square; % Make the axis square
    noticks; % Remove axis ticks
    t = 0; % Reset time
    n0 = n; % Reset initial population size
    shg; % Bring the figure to the front

    drawnow limitrate; % Refresh the display
    cla; % Clear the axes
    make_barrier(barrier, bw); % Redraw the barrier
    t = 0; % Reset time
    deaths = 0; % Reset death count
    data = zeros(4, 0); % Reset data for plotting
    narg = findobj('tag', 'n+');
    % Initialize agent positions, velocities, types, and graphics pointers
    A.x = randu(n, 1); % Random initial x positions
    A.y = randu(n, 1); % Random initial y positions
    A.u = randu(n, 1); % Random initial x velocities
    A.v = randu(n, 1); % Random initial y velocities
    A.type = ones(n, 1); % All agents start as Healthy
    A.t = zeros(n, 1); % Initialize infection times to zero

```

```

A.p = zeros(n, 1); % Initialize graphics pointers
c = colors(1); % Set color to blue for Healthy individuals
for k = 1:n
    % Plot each agent as a blue dot
    A.p(k) = line(A.x(k), A.y(k), ...
        'linestyle', 'none', ...
        'marker', '.', ...
        'color', c, ...
        'markersize', ms);
end
end

function [paws, stop, census] = init_gui
    % Initialize the GUI controls
    if isequal(get(gcf, 'name'), 'covid19-1')
        clf; % Clear the figure if it already exists
    else
        set(gcf, 'name', 'covid19-1', 'numbertitle', 'off'); % Set figure name
    end

    % Add a restart button
    uicontrol('style', 'pushbutton', ...
        'units', 'normal', ...
        'position', [.86 .85 .10 .05], ...
        'background', 'w', ...
        'string', 'restart', ...
        'fontsize', fontsize, ...
        'fontweight', 'bold', ...
        'callback', @restart_callback);

    % Add a pause toggle button
    paws = uicontrol('style', 'toggle', ...
        'units', 'normal', ...
        'position', [.86 .75 .10 .05], ...
        'background', 'w', ...

```

```

    'string', 'pause', ...
    'fontweight', 'bold', ...
    'fontsize', fontsize);

% Add a plot button
uicontrol('style', 'push', ...
    'units', 'norm', ...
    'position', [.86 .65 .10 .05], ...
    'string', 'plot', ...
    'background', 'w', ...
    'fontsize', fontsize, ...
    'fontweight', 'bold', ...
    'callback', @plot_callback);

% Add a close toggle button
stop = uicontrol('style', 'toggle', ...
    'units', 'norm', ...
    'position', [.86 .55 .10 .05], ...
    'string', 'close', ...
    'background', 'w', ...
    'fontweight', 'bold', ...
    'fontsize', fontsize);

% Add a frame and text for the census display
types = 'healthy sick immune deaths';
uicontrol('style', 'frame', ...
    'units', 'normal', ...
    'position', [.835 .20 .155 .25], ...
    'background', 'w');
uicontrol('style', 'text', ...
    'units', 'normal', ...
    'position', [.84 .22 .09 .21], ...
    'fontname', fontname, ...
    'fontsize', fontsize, ...
    'fontweight', 'bold', ...

```

```

    'background', 'w', ...
    'horiz', 'left', ...
    'string', types);
census = uicontrol('style', 'text', ...
    'units', 'normal', ...
    'position', [.938 .22 .05 .21], ...
    'fontname', fontname, ...
    'fontsize', fontsize, ...
    'fontweight', 'bold', ...
    'background', 'w', ...
    'horiz', 'right', ...
    'string', num2str(zeros(4, 1), '%3d'));

% Add parameter controls for n, infect, birth, mortality, virulence, duration,
speed, barrier
parm(n, 'n: %d', @n_callback, 1);
parm(infect, 'infect: %d', @infect_callback, 2);
parm(birth, 'birth: %5.3f', @birth_callback, 3);
parm(mortality, 'mortality: %5.3f', @mortality_callback, 4);
parm(virulence, 'virulence: %5.3f', @virulence_callback, 5);
parm(duration, 'duration: %d', @duration_callback, 6);
parm(speed, 'speed: %d', @speed_callback, 7);
parm(barrier, 'barrier: %5.3f', @barrier_callback, 8);
end

function label = parm(val, fmt, callback, pos)
% Create a parameter control with a label and +/- buttons
label = uicontrol('style', 'text', ...
    'units', 'normalized', ...
    'position', [.015 1.0 - .11 * pos .187 .05], ...
    'fontsize', fontsize, ...
    'fontweight', 'bold', ...
    'horiz', 'left', ...
    'userdata', fmt, ...
    'string', sprintf(fmt, val));

```

```

name = fmt(1:find(fmt == ':') - 1);
pm = '+';
for j = 1:2
    % Add +/- buttons for adjusting the parameter value
    uicontrol('string', pm(j), ...
        'fontsize', fontsize, ...
        'units', 'normalized', ...
        'fontweight', 'bold', ...
        'position', [.13 - .05 * j 0.96 - .11 * pos .04 .04], ...
        'background', 'white', ...
        'userdata', label, ...
        'tag', [name pm(j)], ...
        'callback', callback);
end
end

function display_parm_value(arg, val)
    % Update the displayed value of a parameter
    label = get(arg, 'userdata');
    fmt = get(label, 'userdata');
    set(label, 'string', sprintf(fmt, val));
end

function introduce_sick
    % Introduce a new Sick individual
    n = n + 1; % Increase the population size
    narg = findobj('tag', 'n+');
    display_parm_value(narg, n); % Update the displayed population size
    A.type(n) = 2; % Set the new individual's type to Sick
    A.x(n) = 1; % Place the individual in the upper right corner
    A.y(n) = 1;
    A.u(n) = -rand; % Set a random velocity
    A.v(n) = -rand;
    A.t(n) = t; % Record the current time step
    A.p(n) = line(A.x(n), A.y(n), ... % Plot the individual as a red dot

```

```

'linestyle', 'none', ...
'marker', '.', ...
'color', colors(2), ...
'markersize', ms);
end

function n_callback(arg, ~)
    % Callback for increasing or decreasing the population size
    if get(arg, 'string') == '-'
        if n == 1
            return; % Cannot decrease below 1
        end
        if nargin > 1 % Limit to Sick or Immune individuals
            j = find(A.type > 1);
            if isempty(j)
                return;
            end
            k = j(ceil(rand * length(j))); % Randomly select a Sick or Immune individual
        else
            k = 1 + floor(rand * n); % Randomly select any individual
        end
        delete(A.p(k)); % Remove the individual from the plot
        A.type(k) = []; % Remove the individual's type
        A.x(k) = []; % Remove the individual's x position
        A.y(k) = []; % Remove the individual's y position
        A.u(k) = []; % Remove the individual's x velocity
        A.v(k) = []; % Remove the individual's y velocity
        A.t(k) = []; % Remove the individual's infection time
        A.p(k) = []; % Remove the individual's graphics pointer
        n = n - 1; % Decrease the population size
        deaths = deaths + 1; % Increment the death count
    else % '+'
        n = n + 1; % Increase the population size
        A.type(n) = 1; % Set the new individual's type to Healthy
        A.x(n) = randu(1, 1); % Set a random x position
    end
end

```

```

A.y(n) = randu(1, 1); % Set a random y position
A.u(n) = randu(1, 1); % Set a random x velocity
A.v(n) = randu(1, 1); % Set a random y velocity
A.t(n) = t; % Record the current time step
A.p(n) = line(A.x(n), A.y(n), ... % Plot the individual as a blue dot
    'linestyle', 'none', ...
    'marker', '.', ...
    'color', colors(1), ...
    'markersize', ms);
end
display_parm_value(arg, n); % Update the displayed population size
end

function v = plus_or_minus(v, d, pm)
    % Adjust a parameter value using +/- buttons
    if get(pm, 'string') == '+'
        if v < .999 * d
            v = v + d / 10;
        elseif v < 10 * d
            v = v + d;
        else
            v = v + 10 * d;
        end
    elseif v > 0
        if v > 10 * d
            v = v - 10 * d;
        elseif v > d
            v = v - d;
        elseif d ~= 1
            v = max(0, v - d / 10);
        end
    else
        % v = v;
    end
    display_parm_value(pm, v); % Update the displayed parameter value
end

```

end

function infect_callback(pm, ~)

% Adjust the interval between new Sick individuals

infect = plus_or_minus(infect, 10, pm);

end

function birth_callback(pm, ~)

% Adjust the birth rate

birth = plus_or_minus(birth, .01, pm);

end

function mortality_callback(pm, ~)

% Adjust the mortality rate

mortality = plus_or_minus(mortality, .01, pm);

end

function virulence_callback(pm, ~)

% Adjust the infectious distance

virulence = plus_or_minus(virulence, .01, pm);

end

function duration_callback(pm, ~)

% Adjust the time steps to become immune

duration = plus_or_minus(duration, 10, pm);

end

function speed_callback(pm, ~)

% Adjust the time interval between display updates

speed = plus_or_minus(speed, 1, pm);

end

function barrier_callback(pm, ~)

% Adjust the length of the central barrier

if get(pm, 'string') == '-'

```

    if round(100 * barrier) <= 90
        barrier = barrier - .10;
    else
        barrier = barrier - .01;
    end
else
    if barrier >= 1
        % do nothing
    elseif round(100 * barrier) >= 90
        barrier = barrier + .01;
    else
        barrier = barrier + .10;
    end
end
display_parm_value(pm, barrier); % Update the displayed barrier length
make_barrier(barrier, bw); % Redraw the barrier
end

function make_barrier(barrier, bw)
    % Draw the central barrier
    bx = [bw bw -bw -bw];
    by = [1 1 - barrier 1 - barrier 1];
    grey = [.9 .9 .9];
    delete(findobj('type', 'patch')); % Remove any existing barrier
    patch(bx, by, grey); % Draw the barrier on the top half
    patch(bx, -by, grey); % Draw the barrier on the bottom half
end

function color = colors(n)
    % Define colors for Healthy (Blue), Sick (Red), Immune (Green circle), Deaths
    (Purple)
    blue = [0 0 1]; % Healthy
    red = [1 0 0]; % Sick
    green = [0 1 0]; % Immune
    purple = [0.5 0 0.5]; % Deaths

```

```

    clrs = [blue; red; green; purple];
    if nargin == 1
        color = clrs(n, :); % Return the color for the specified type
    else
        color = clrs; % Return the entire color matrix
    end
end

function noticks
    % Remove ticks from the axes
    set(gca, 'xtick', [], 'ytick', []);
    box on; % Draw a box around the plot
end

function thumbnail
    % Generate a thumbnail for the simulation
    n = 5 + ceil(rand * (n - 20)); % Randomly reduce the population size
    ms = 16; % Reduce the marker size
    barrier = rand; % Randomize the barrier length
    restart_callback(true); % Restart the simulation with the new parameters
    set(A.p(1:ceil(n / 3)), 'color', colors(2)); % Set some individuals to Sick
end

% -----

function plot_callback(~, ~)
    % Generate a plot of the simulation data
    fig1 = gcf; % Get the current figure handle
    pos1 = get(gcf, 'pos'); % Get the current figure position
    fig2 = figure('units', get(fig1, 'units')); % Create a new figure
    figs(end + 1) = fig2; % Store the new figure handle
    pos1(1) = 0.1 * pos1(3); % Adjust the position of the new figure
    pos2 = pos1;
    pos2(1) = pos1(1) + 1.1 * pos1(3);
    set(fig1, 'pos', pos1); % Set the position of the original figure

```

```

set(fig2, 'pos', pos2); % Set the position of the new figure
set(fig2, 'numbertitle', 'off', ... % Set the new figure's name
    'name', ['covid19-' num2str(length(figs))]);
figure(fig2); % Switch to the new figure

% Plot the data
hold on; % Allow multiple plots on the same figure
plot(data(1, :), 'b', 'linewidth', 2); % Healthy: Blue line
plot(data(2, :), 'r', 'linewidth', 2); % Sick: Red line
plot(data(3, :), 'g', 'linewidth', 2); % Immune: Green line
plot(data(4, :), 'color', [0.5, 0.2, 0.8], 'linewidth', 2); % Deaths: Purple line
hold off;

% Set x-axis limits and font size
set(gca, 'xlim', [1 size(data, 2)], 'fontsize', fontsize);

% Add labels
xlabel('Times'); % Add x-axis label
ylabel('Number of individuals'); % Add y-axis label

% Add a legend
legend({'healthy', 'sick', 'immune', 'deaths'}, ...
    'location', 'best'); % Place the legend in the best location

% Switch back to the original figure
figure(fig1);
end
end

```


ภาคผนวก ข
ผลงานตีพิมพ์เผยแพร่

1. ภัทรา กุลเดชชัยชาญ และคณะ, Analysis of COVID-19 Outbreak in Contained Space

CONFERENCE PROCEEDINGS

EMSES 2022

15th Eco-Energy and Materials Science and
Engineering Symposium

Organized by



**Special issue on Materials and
Energy in Negative and
Neutral Carbon Society**

Co-organized by



7 - 10 DECEMBER 2022

DUSIT THANI PATTAYA
Chonburi, THAILAND

Supported by



Sponsors by



**CARBON
NEUTRALITY**



CO₂

Proceedings

15th Eco-Energy and Materials Science and Engineering Symposium
(EMSES 2022)

Conference Topics:

- Materials Science and Nano Technology (MN)
- Energy Technology (ET)
- Environmental Science (ES)
- Energy Society and Sustainability (ESS)
- Electric Vehicle Technology (EV)
- Carbon Capture and Utilization (CCU)
- Nuclear Technology (NT)
- Related Topics in Material and Energy (ME)

Special Session:

- Generation and Application of High-power Radiation Sources (RS)
- Drone (DR)
- Hospitality and Tradition (HT)

Organized by

Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand

Kyoto University, Japan

Co-Organized by

Silpakorn University, Thailand

Supported by

The Materials Research Society of Thailand

Thailand Chapter – The American Ceramic Society

Association of Rajamangala Network of Manufacturing and Management Technology

EMSES Steering Committee

Honorary Advisory Chair:

Sommai Pivsa-Art (RMUTT, Thailand)

Honorary Advisory Co-Chair:

Hideaki Ohgaki (Kyoto University, Japan)

General Chair:

Krischonme Bhummikittipich (RMUTT, Thailand)

General Co-Chair:

Sorapong Pavasupree (RMUTT, Thailand)

International Advisory Committee:

Hideaki Ohgaki (Kyoto University, Japan)
Sommai Pivsa-Art (RMUTT, Thailand)
Hiroyuki Hama (Tohoku University, Japan)
Ken Miyata (Yamagata University, Japan)
Sadao Miura (Tohoku University, Japan)
Wisanu Pecharapa (KMUTL, Thailand)
Toshiya Muto (Tohoku University, Japan)
Tomoko Ota (Chuo Business Group, Japan)
Jakrapong Kaewkhao (NPRU, Thailand)
Pastraporn Thipayasothorn (KMUTL, Thailand)
Trinet Yingsamphancharoen (KMUTNB, Thailand)
Nipon Ketjoy (Naresuan University, Thailand)
Akihiko Goto (Osaka Sangyo University, Japan)
Naoki Sugiyama (Kyoto Institute of Technology, Japan)
Suthum Patumsawad (KMUTNB, Thailand)
Monchai Jitvisate (SUT, Thailand)
Sakhorn Rimjaem (Chiang Mai University, Thailand)
Sanchai Ramphueiphad (RMUTT, Thailand)
Hadarajah Mithulananthan (UQ, Australia)
Supakij Suttirungwong (Silpakorn University, Thailand)

Technical Program Committee:

Chair:

Sumonman Niamlang (RMUTT, Thailand)

Co-Chairs:

Boonyang Plangklang (RMUTT, Thailand)
Hideaki Ohgaki (Kyoto University, Japan)

Technical Conference Committee:

Suchalineee Mathurosemontri (RMUTT, Thailand)
Nichanan Phansroy (RMUTT, Thailand)
Sirichai Dangeam (RMUTT, Thailand)
Boonyang Plangklang (RMUTT, Thailand)
Monthon Nawong (RMUTT, Thailand)
Sirichai Torsakul (RMUTT, Thailand)
Chatchai Veranisagul (RMUTT, Thailand)
Sorapong Pavasupree (RMUTT, Thailand)
Anin Memon (RMUTT, Thailand)
Uthen Kamnarn (RMUTT, Thailand)
Monthon Nawong (RMUTT, Thailand)
Nitikorn Junhuathon (RMUTT, Thailand)

Suwat Sakulchat (RMUTSB, Thailand)
Watcharaphon Naktong (RMUTI, Thailand)

Publicity and Website Committee:

Nathabhat Phankong (RMUTT, Thailand)
Prusayon Nintanavongsa (RMUTT, Thailand)
Somchai Biansoongnern (RMUTT, Thailand)

Registration Committee:

Anin Memon (RMUTT, Thailand)
Werapom Pivsa-Art (RMUTT, Thailand)
Suchalineee Mathurosemontri (RMUTT, Thailand)
Nichanan Phansroy (RMUTT, Thailand)

Financial Chair:

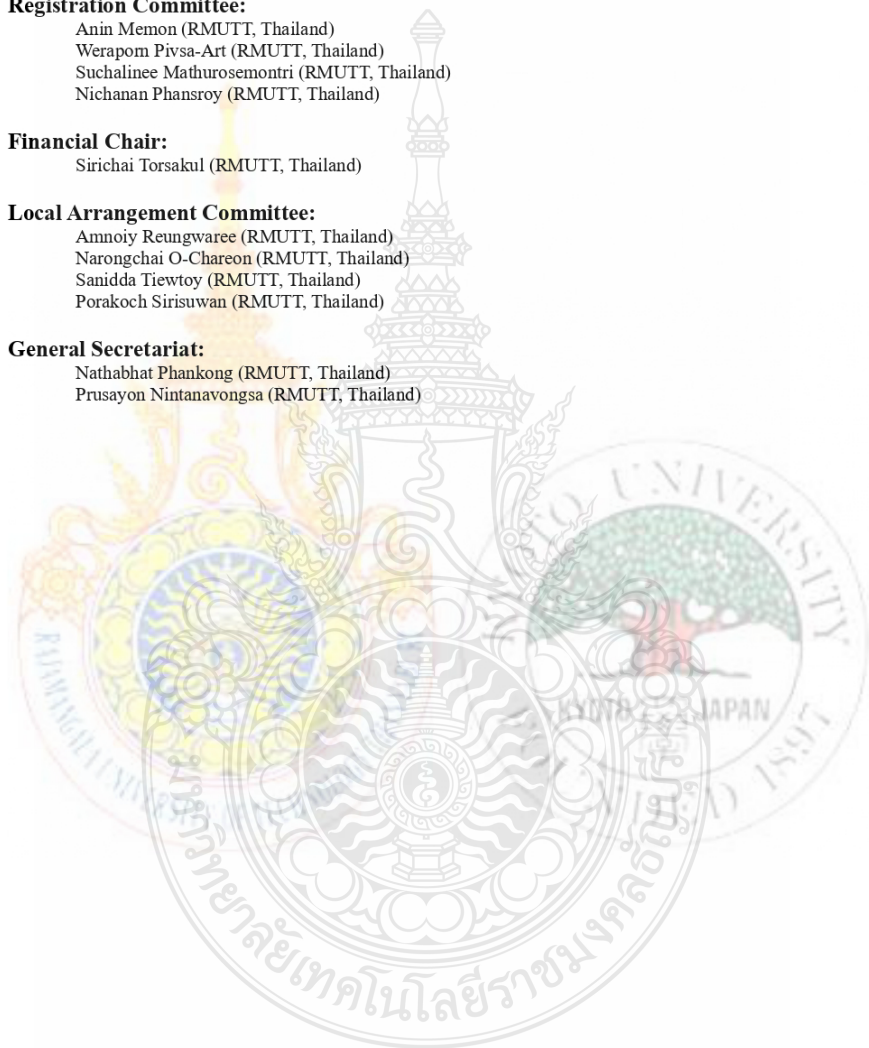
Sirichai Torsakul (RMUTT, Thailand)

Local Arrangement Committee:

Amnoi Reungwaree (RMUTT, Thailand)
Narongchai O-Chareon (RMUTT, Thailand)
Sanidda Tiewtoy (RMUTT, Thailand)
Porakoch Sirisuwan (RMUTT, Thailand)

General Secretariat:

Nathabhat Phankong (RMUTT, Thailand)
Prusayon Nintanavongsa (RMUTT, Thailand)



List of Reviewers

Hideaki Ohgaki	Kyoto University, Japan
Hirofumi Hama	Tohoku University, Japan
Hikaru Yoshida	Kumamoto Industrial Research Institute, Japan
Apirat Laobuthee	Kasetsart University, Thailand
Yuttana Kumsuwan	Chiang Mai University, Thailand
Nathabhat Phankong	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Krischonme Bhumkittipich	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Pimolpun Niamlang	Rajamangala University of Technology Rattanakosin, Thailand
Wissanu Charemtanom	Rajamangala University of Technology Isan, Thailand
Narongchai O-Charoen	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Sumonman Niamlang	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Sirichai Torsakul	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Chatchai Veranitisagul	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Sorapong Pavasupree	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Anin Memon	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Natee Srisawat	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Sirichai Dangeam	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Saichol Chudjuarjeen	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Chokchai Chuenwattanapraniti	Burapha University, Thailand
Prusayon Nintanavongsa	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Itarun Pitimon	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Thanasin Bunnam	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Sakhorn Rimjaem	Chiang Mai University, Thailand
Siriwan Pakluea	Chiang Mai University, Thailand
Araya Mungchamnankit	Rangsit University, Thailand
Atipong Bootchanont	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Rattikarn Khankrua	Suranaree University of Technology, Thailand
Teerin Kongpun	Rajamangala University of Technology Rattanakosin, Thailand
Napaporn Phuangpornpitak	Kasetsart University, Thailand
Uthen Kamnarn	Rajamangala University of Technology Lanna, Thailand
Monthon Nawong	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Nitikorn Junhuathon	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Suwat Sakulchat	Rajamangala University of Technology Suvarnabhumi, Thailand
Watcharaphon Nakong	Rajamangala University of Technology Isan, Thailand
Nophawan Paradee	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Prapita Thanarak	Naresuan University, Thailand
Nithiwatth Choosakul	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Sommai Pivsa-Art	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Anyarat Wathanaphanit	Mahidol University, Thailand
Kulnida Taptim	Rajamangala University of Technology Rattanakosin, Thailand
Pramuk Unahalekhaka	Rajamangala University of Technology Suvarnabhumi, Thailand
Sarawut Jaiyen	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Nophawan Paradee	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Akapong Phunpueok	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Chaiyan Chaiya	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Teeranan Nongnual	Burapha University, Thailand
Chularat Iamsamai	Chulalongkorn University, Thailand
Manop Yamfang	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Porakoch Sirisuwan	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Bawornkit Nekhamanurak	Rajamangala University of Technology Rattanakosin, Thailand
Boonyang Plangklang	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Rattikarn Khankrua	Silpakorn University, Thailand
Nu-orn Choothong	Rajamangala University of Technology Rattanakosin, Thailand
Nattaporn Khanoonkon	Kasetsart University, Thailand
Voranuch Thongpool	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Sillawat Romphochai	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Krawee Treemnuak	Suranaree University of Technology, Thailand
Prachoom Khamput	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand

Jatuphon Tangpagasit	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Suchaline Mathurosemontri	Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Thailand
Pansa Liplap	Suranaree University of Technology, Thailand
Pinyo Puangmali	Chiang Mai University, Thailand
Nampueng Pangpaiboon	King Mongkut's University of Technology North Bangkok, Thailand



Conference Program of EMSES 2022

Time	December 7, 2022			
13:00 – 16:00	Registration			
16:30 – 17:30	EMSES Committee Meeting			
December 8, 2022				
08:00 – 09:00	Registration			
09:00 – 09:30	Opening Ceremony (Napalai Ballroom B&C)			
09:30 – 10:30	Keynote Speaker (KS1): Functionalization-triggered Fractionation of Lignocellulosic Biomass to Afford Cellulose-, Hemicellulose-, and Lignin-based Functional Materials <i>Professor Dr. Hiroshi Kamitakahara</i> <i>Division of Forest and Biomaterials Science,</i> <i>Graduate School of Agriculture, Kyoto University, Japan</i>			
10:30 – 10:45	Coffee Break			
10:45 – 11:45	Keynote Speaker (KS2): Graphene Technology for Next Generation Energy Storage Devices <i>Dr. Adisorn Tuantranont</i> <i>(Acting) Assistant Director,</i> <i>National Science and Technology Development Agency (NSTDA), Thailand</i>			
12:00 – 13:00	Lunch (The Cascade Restaurant)			
Parallel Session				
Room	Dusit 1	Dusit 3	Dusit 4 – 5	Dusit 6 – 7
13:00 – 14:45	Materials Science and Nano Technology I	Materials Science and Nano Technology II	Energy Society and Sustainability	Related Topics in Material and Energy I
Paper ID	IN2, MN1, MN2, MN6, MN7, MN15	IN4, MN16, MN17, MN20, MN21, MN22	ESS1, ESS2, ESS3, ESS4, ESS6, ESS7, ESS8	ME1, ME2, ME3, ME4, ME5, ME6, ME7
Chair	Prof. Dr. Wisanu Pecharapa KMUTL, Thailand	Assoc. Prof. Dr. Ken Miyata Yamagata University, Japan	Assoc. Prof. Dr. Pastraporn Thipayasothorn KMUTL, Thailand	Assoc. Prof. Dr. Trinet Yingsamphancharoen KMUTNB, Thailand
Co-Chair	Assoc. Prof. Dr. Chaiyan Chaiya RMUTT, Thailand	Dr. Nuchanan Phansroy RMUTT, Thailand	Asst. Prof. Dr. Bopit Chainok NPRU, Thailand	Asst. Prof. Dr. Prachoom Khamput RMUTT, Thailand
14:45 – 15:00	Coffee Break			
Room	Dusit 1	Dusit 3	Dusit 4 – 5	Dusit 6 – 7
15:00 – 16:30	Materials Science and Nano Technology III	Environmental Science	Special Session: Generation and Application of High-power Radiation Sources I	Related Topics in Material and Energy II
Paper ID	IN3, MN23, MN24, MN25, MN26	ES1, ES2, ES3, ES5, ES6	IN1, IN6, RS9, RS5, RS7, RS15	ME8, ME9, ME10, ME11, ME12, ME13
Chair	Assoc. Prof. Dr. Jakrapong Kaewkhao NPRU, Thailand	Asst. Prof. Dr. Nathabhat Phankong RMUTT, Thailand	Prof. Dr. Hideaki Ohgaki Kyoto University, Japan	Asst. Prof. Dr. Prusayon Nintanavongsa RMUTT, Thailand
Co-Chair	Asst. Prof. Dr. Ann Memon RMUTT, Thailand	Dr. Therakanya Sripho RMUTT, Thailand	Dr. Monchai Jitvisate SUT, Thailand	Asst. Prof. Dr. Teerapot Wessapan RMUTT, Thailand
16:30 – 18:00	Poster Session			
Paper ID	MN3, MN4, MN5, MN8, MN9, MN10, MN11, MN12, MN13, MN14, MN18, MN19, ET3, ET8, ET10, ET11, ET12, ET15, ET16, ET17, ET18, ES4, ESS5			
Chair	Prof. Dr. Hideaki Ohgaki (Kyoto University, Japan)			
Co-Chair	Assoc. Prof. Dr. Sorapong Pavasupree (RMUTT, Thailand)			
18:30 – 22:00	Banquet			

December 9, 2022				
Parallel Session				
Room	Dusit 1	Dusit 3	Dusit 4 – 5	Dusit 6 – 7
08:45 – 10:15	Special Session: Generation and Application of High- power Radiation Sources II	Energy Technology I	Electric Vehicle Technology	Special Session: Drone and Special Session: Hospitality and Tradition I
Paper ID	RS8, RS10, RS11, RS12, RS14, RS16	ET1, ET2, ET4, ET5, ET6, ET7,	EV1, EV2, EV3, EV4, EV5, EV6	IN8, DR1, DR2, DR3, HT1, HT2
Chair	Assoc. Prof. Dr. Sadao Miura Tohoku University, Japan	Dr. Sanchai Ramphueiphad RMUTI, Thailand	Asst. Prof. Dr. Sirichai Dangeam RMUTI, Thailand	Dr. Tomoko Ota Chuo Business Group, Japan
Co-Chair	Asst. Prof. Dr. Sakhorn Rimjaem Chiang Mai University, Thailand	Assoc. Prof. Dr. Nipon Ketjoy Naresuan University, Thailand	Asst. Prof. Dr. Monthon Nawong RMUTI, Thailand	Dr. Porakoch Sirisuwan RMUTT, Thailand
10:15 – 10:30	Coffee Break			
Room	Dusit 1	Dusit 3	Dusit 4 – 5	Dusit 6 – 7
10:30 – 12:15	Special Session: Generation and Application of High- power Radiation Sources III	Energy Technology II		Special Session: Hospitality and Tradition II
Paper ID	IN5, IN7, RS1, RS3, RS6, RS13, RS2, RS4	ET9, ET13, ET14, ET19, ET20		HT3, HT4, HT5, HT6, HT7, HT8, HT9
Chair	Prof. Dr. Hiroyuki Hama Tohoku University, Japan	Assoc. Prof. Dr. Suthum Patumsawad KMUTNB, Thailand		Asst. Prof. Dr. Narongchai O-Charoen RMUTT, Thailand
Co-Chair	Asst. Prof. Dr. Toshiya Muto Tohoku University, Japan	Asst. Prof. Dr. Winai Chanpeng RMUTT, Thailand		Dr. Nareerut Jariyapunya RMUTT, Thailand
12:15 – 13:15	Lunch (The Cascade Restaurant)			
13:15 – 14:15	Closing Ceremony (Napalai Ballroom B&C)			
14:15 – 14:35	Coffee Break			
December 10, 2022				
09:00 – 16:00	Excursion			

Remark: Please see the Paper ID in the Abstract Book.

Content

EMSES Steering Committee	IX
List of Reviewers	XI
Venue Layout @ Dusit Thani Pattaya, Thailand	XIII
Conference Program of EMSES 2022	XV
Green Composite from Waste Silk Floss Reinforced Natural Rubber <i>Chatchanok Patsanworakit, Kevallee Arworn, Keeratika Wintachai, and Putinun Uawongsuwan*</i> <i>Department of Materials and Production Technology Engineering, Faculty of Engineering, King Mongkut's University of Technology North Bangkok, Thailand</i>	1
Effects of Glycerol and Carboxymethyl Cellulose on Properties of Tapioca-based Thermoplastic Starch <i>Thunyakul Panyasen¹, Atitaya Tohsan¹, Rungsima Yeetsorn², and Putinun Uawongsuwan^{1*}</i> <i>¹Department of Materials and Production Technology Engineering, Faculty of Engineering, King Mongkut's University of Technology North Bangkok, Thailand ²The Srinthorn International Thai-German Graduate School of Engineering (TGGs), King Mongkut's University of Technology North Bangkok, Thailand</i>	5
Thermal and Mechanical Properties of Chitosan Fibers Obtained by Wet-spinning: Effect of Fibroin Nanofibers <i>Shohei Fujita, Shinichi Yagi, Yuno Yasunaga, Huaizhong Li Xu, and Yoko Okahisa*</i> <i>Department of Biobased Materials Science, Kyoto Institute of Technology, Japan</i>	9
Decolorization of Sugar Cane Syrup by Activated Carbon Derived from Bagasse Waste <i>Witthawat Chomchuen, Sasiradee Jantasee, and Chayan Chaiya*</i> <i>Department of Chemical and Materials Engineering, Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani, 12110, Thailand</i>	13
Preparation of Racemic Mixture between PLLA/PDLA and PDLLA/PDLA Through the Twin-screw Micro compounder <i>Nanjaporn Roungpaison¹, Natee Srisawat¹, Sunee Hathaiwaseewong¹, Panmarai Rung-ngam¹, Thanan Rueankhong², Theerakanya Sripho¹, and Nareerut Jariyapunya^{1*}</i> <i>¹Department of Textile Engineering, Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani, Thailand ²Department of Mechanical Engineering, Faculty of Technical Education, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani, Thailand</i>	17
Velocity and Temperature Effects of Hot Air Production from Fluidized Bed Kiln on Cabinet Dryer Performance <i>Winai Chanpeng¹, Aphirak Khadwilard², Chakkrapan Thawongnanyingsakuland², and Phairoach Chumkaew²</i> <i>¹Department of Mechanical Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani, Thailand ²Department of Mechanical Engineering, Rajamangala University of Technology Lanna Tak, Tak, Thailand</i>	21
Design of Fuzzy Logic Controller for High Step-Up DC-DC Boost Converter <i>T. Jinati, K. Chaichavoenudomrung, and A. Bilsalam</i> <i>Department of Electrical Engineering Technology, College of Industrial Technology (CIT), King Mongkut's University of Technology North Bangkok, Bangkok, 10800, Thailand</i>	25
Recovery of Manganese from Spent Primary Batteries by Chemical and Electrochemical Precipitation <i>Kanyanut Konkate^{1,2}, Nattaporn Tonanon³, Nisit Tantavichet^{1,2,4}, Rojana Pornprasertsuk^{1,4,5}, and Jitti Kasemchainan^{1,2,4*}</i> <i>¹Center of Excellence on Petrochemical and Materials Technology, Chulalongkorn University, Bangkok, Thailand ²Department of Chemical Engineering, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok, Thailand ³Department of Chemical Engineering, Faculty of Engineering, Chulalongkorn University, Bangkok, Thailand ⁴Center of Excellence on Advanced Materials for Energy Storage, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok, Thailand ⁵Department of Materials Science, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok, Thailand</i>	29

In-operando Analysis of Behavior on Zn Electrodes in Rechargeable Aqueous Zn-ion Batteries <i>Pornnapa Phummaruee¹ and Jitti Kasemchainan^{1,2*}</i> ¹ Department of Chemical Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok, Thailand ² Center of Excellence on Advanced Materials for Energy Storage, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok, Thailand	33
Highly Mesoporous Carbon Derived from Betal Palm Shell as a Potential Electrode for High Energy Supercapacitors <i>Paniwat Torrarit¹, Prasit Pattananiwat^{2,3}, and Jitti Kasemchainan^{1,3*}</i> ¹ Department of Chemical Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok, Thailand ² Department of Materials Science, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok, Thailand ³ Center of Excellence on Advanced Materials for Energy Storage, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok, Thailand	37
Effect of Potassium Impregnation on Bagasse Torrefaction <i>Sarun Strijuncheum^{1,2}, Varinrumpai Seithanabutra^{1,3}, and Tanakorn Wongwuttanasatian^{1,2*}</i> ¹ Energy Engineering Program, Faculty of Engineering, Khon Kaen University, Thailand ² Department of Mechanical Engineering, Faculty of Engineering, Khon Kaen University, Thailand ³ Department of Chemical Engineering, Faculty of Engineering, Khon Kaen University, Thailand	41
High-Yield Charcoal Production using a Large Scale Metal Kiln with Heat-Distribution System <i>Karan Homchat¹, Apidach Boonjue², Aumpol Pichaicherd³, and Sanchai Ramphueiphad^{2*}</i> ¹ Department of Agricultural Machinery Engineering, Faculty of Engineering and Technology, Rajamangala University of Technology Isan, Nakhon Ratchasima 30000, Thailand ² Department of Energy and Air Conditioning Engineering, Faculty of Engineering and Technology, Rajamangala University of Technology Isan, Nakhon Ratchasima 30000, Thailand ³ Department of Mechanical Technology, Faculty of Technical Education, Rajamangala University of Technology Krungthep, Bangkok, Thailand	45
Design of Rapid Shutdown Switching for Small PV-Wind Hybrid Systems using RMS Technique <i>Supawat Kamtip¹, Werachai Roynarin², and Krischonme Bhunkittipich^{1*}</i> ¹ Department of Electrical Engineering, Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani 12110, Thailand ² Department of Mechanical Engineering, Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani 12110, Thailand	49
Optimal Process for Reduced Pathogen in Carcass Chicken with Ozone Generator for Industrial Plants <i>Karoon Suntharo, Promsak Apiratikul, and Nathabhat Phankong*</i> Department of Electrical Engineering, Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani, Thailand	53
Development of an Energy Audit Application Using Artificial Neural Network (ANN) and MATLAB Graphical User Interface (GUI) <i>Ferdinand L. Marcos¹ and Boonyang Plangklang*</i> Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani 12110 Thailand	57
Energy Assessment and Econometric Analysis of Hybrid Energy-Power Reserve Network in Ko Kut Island, Thailand <i>Oluwaseun. O. Akint¹, Boonyang Plangklang^{1*}, Boonrit Prasartkaew², and Taiwo Aina Samue³</i> ¹ Department of Electrical Engineering, Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani 12110, Thailand ² Department of Mechanical Engineering, Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani 12110, Thailand ³ School of Computer Science and Technology, Faculty of Technology and Science, University of Bedfordshire, Vicarage St, Luton, LU1 3JU, United Kingdom	61
Electric Vehicles: A Case Study of The Conversion of a 4-Door Passenger Car from a Gasoline Engine to an Electric Vehicle <i>Aphichart Chaiyakhan¹, Prasert Hachanont¹, Pannathorn Salidthanawat¹, Panu Pratunniopharat¹, Phairoach Chunkaew², Karan Homchat³, and Winai Champeng^{1*}</i> ¹ Department of Mechanical Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani, Thailand ² Department of Mechanical Engineering, Rajamangala University of Technology Lanna, Tak, Thailand ³ Department of Agricultural Machinery Engineering, Faculty of Engineering and Architecture, Rajamangala University of Technology Isan, Nakhon Ratchasima, Thailand	65

Optimal Placement of Electric Vehicle Charging Station in Active Distribution Network with Integration of PV and BESS <i>Saksit Deeum¹, Natin Janjamraj², Sillawat Romphochai¹, Sergej Baun³, and Krischonme Bhunkittipich^{1*}</i> ¹ Department of Electrical Engineering, Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi (RMUTT), Pathum Thani 12110, Thailand ² Department of Electronic and Telecommunication Engineering, Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi (RMUTT), Pathum Thani 12110, Thailand ³ Cologne Institute of Renewable Energy, Cologne University of Applied Sciences, Cologne, Germany	69
Investigation of the Performance of Air Condition using in EV-car <i>Aphichart Chaiyakhan¹, Prasert Hachanont¹, Pannathorn Salidthanawat¹, Panu Pratumnopharat¹, Phairoach Chunksaew², Karan Homchar³, and Winai Champeng^{1*}</i> ¹ Department of Mechanical Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani, Thailand ² Department of Mechanical Engineering, Rajamangala University of Technology Lanna, Tak, Thailand ³ Department of Agricultural Machinery Engineering, Faculty of Engineering and Architecture, Rajamangala University of Technology Isan, Nakhon Ratchasima, Thailand	73
A New Phase-Locked-Loop Algorithm for an Electric Vehicle Charger Interfaced with Distorted AC-Voltage in Vehicle-to-Grid Applications <i>Thidarat Thanakam¹ and Yuttana Kumsurwan^{2*}</i> ¹ Graduate Program in Electrical Engineering, ^{2,3} Department of Electrical Engineering, Faculty of Engineering, Chiang Mai University, Chiang Mai, Thailand	77
Performance Improvement of a Direct Fired Porous Boiler Using Oxy-fuel Burner <i>Panuwat Pawakote¹ and Boonrit Prasartkaew^{2*}</i> ¹ Engineering Field of Study, Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani 12110, Thailand ² Department of Mechanical Engineering, Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani 12110, Thailand	81
Design and Implementation of Spoofing Email Detection for Email Security Gateway <i>Worawoot Jampahom, Prusayon Nintanavongsa[*], and Itarim Pitimon</i> Department of Computer Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani, Thailand	85
Analysis of COVID-19 Outbreak in Contained Space <i>Pattra Kuladejchaichan, Prusayon Nintanavongsa[*], and Weerachai Yaenwachi</i> Department of Computer Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani, Thailand	89
Preliminary Investigation of Sickle Blade Design for Cutting Oil Palm Frond to Reduce Arm Fatigue <i>Nisakorn Somsuk, Chaiya Praneetpongning, and Porakoch Sirisurwan[*]</i> Department of Industrial Engineering, Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani, Thailand	93
An Empirical Study on Factors Affecting Surface EMG of Upper Trapezius Muscle Activity When Operating a Rubber Two-roll Mill Machine <i>Porakoch Sirisurwan, Ladda Mowong, Chaiya Praneetpongning, and Nisakorn Somsuk[*]</i> Department of Industrial Engineering, Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani, Thailand	97

Analysis of COVID-19 Outbreak in Contained Space

Pattra Kuladejchaichan, Prusayon Nintanavongsa*, and Weerachai Yaemvachi

Department of Computer Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani, Thailand

Email: pattra_k@en.rmUTT.ac.th, prusayon.n@en.rmUTT.ac.th, weerachai.y@en.rmUTT.ac.th

Abstract—COVID-19 outbreak raises a global concern regarding the efficient response to such event, in both small and large scales. Differs from common cold, the infection rate of COVID-19 grows much faster due to its highly contagious nature. Moreover, the infected host is unaware of its capability of spreading out COVID-19 since there exists little to no symptoms. To better understand the outbreak behavior and hence deriving a more effective countermeasure, we investigate the COVID-19 outbreak in contained space. The custom computer simulation is developed to analyze the outbreak behavior on various demographics, i.e., healthy, sick, and immune. The extensive studies reveal the outbreak progression, critically contributed factors, and provide guideline for early intervention.

Keywords—COVID-19, outbreak, contained space.

I. INTRODUCTION

The COVID-19 outbreak originated in the Guangdong province of China and later spread worldwide, causing over 8000 infections and around 774 deaths [1]. The COVID-19 outbreak came to light on 31 December 2019 when 27 cases of pneumonia of unknown etiology were reported at the WHO's country office in China. COVID-19 is highly contagious since one can be infected through contaminated droplets and small airborne particles containing the virus. The risk of infection is greatly increase if one is within close proximity to the host, especially indoor environment. One can remain contagious for up to 20 days, and can spread the virus even if they do not exhibit symptoms. COVID-19 progression is shown in Fig. 1.

The core contributions of our work can be summarized as follows:

- We investigate the COVID-19 outbreak in contained space. The custom computer simulation is developed to analyze the outbreak behavior on various demographics, i.e., healthy, sick, and immune.
- The extensive studies reveal the outbreak progression, critically contributed factors, and provide guideline for early intervention.

The rest of this paper is organized as follows: In Section II, we provide the related work. The simulation parameters are discussed in detailed in Section III. The simulation results are presented in Section IV. Finally, Section V concludes our work.

II. RELATED WORK

In [3], the authors quantified the transmission risk of COVID-19 on high-speed train passengers in China using data from 19 December 2019 to 6 March 2020. It is found that COVID-19 has a high transmission risk among train passengers, but this risk shows drastic differences with co-travel time and seat location and measures should be taken to reduce the risk of disease transmission in confined spaces.

The stochastic model of COVID-19 transmission in a confined space is proposed in [4]. The authors give a detailed about the interaction between dispersing virus and mobile individuals. The model offers a relationship between the epidemic statistics and the physiological parameters of individuals and may serve a theoretical guidance for COVID-19 prevention and control.

In [5], dispersion of droplets as well as evaporation caused by coughing at various velocities is investigated. A multiphase computational fluid dynamic model based on fully coupled Eulerian-Lagrangian techniques is employed. The results reveal that droplets smaller than 150 μm evaporate before 10 s at different heights. For droplets smaller than 30 μm , they evaporate rapidly and exhibit Brownian movements. Lastly, the trajectories of droplets between 30 to 80 μm are governed by inertial forces while larger droplets are influenced by inertial and gravitational forces.

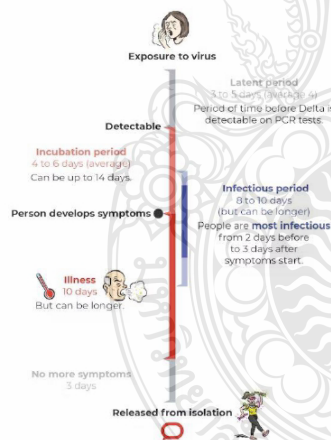


Fig. 1. The COVID-19 progression [2].

Since COVID-19 is highly contagious through airborne droplets, it is urgent and important to gain an insight on how COVID-19 propagates, especially in dense population, i.e., indoor environments. This is not only beneficial to general public on preventive measure but also provide significant parameters that have an impact on keep the outbreak at bay.

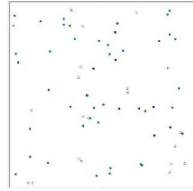


Fig. 2. Outbreak progression in contained space.

III. SIMULATION PARAMETERS

The custom computer simulation, written in MATLAB, is developed to analyze the outbreak in contained space. Fig.2 shows Outbreak progression in contained space with various demographics shown in different color markers. For each type of demographics, one can be mobile and immobile. We design the demographics as follows:

- Healthy: Uninfected individual shown in blue dot.
- Sick: Infected and contagious individual shown in red dot.
- Immune: Recovered and immune individual shown in red circle.
- Death: Perished individual shown in purple dot.

Moreover, critical parameters are incorporated into the simulation to better reflect the outbreak progression. They are infectious radius, recovery period, rate of sick arrival, and partitioning. We will discuss each of these parameters in details below.

A. Infectious radius

Infectious radius is defined as the radius of the contagious virus. If the healthy individual is within the infectious radius of the sick individual, the healthy individual becomes infected and get sicked. The infectious radius imitates the situation that droplets from the infected individual disperse through coughing, sneezing, and talking. We employ the infectious radius of 2 meters.

B. Recovery period

Recovery period is defined as the elapsed time for sick individual to recover and become immune. As shown in Fig.1, the illness usually spans 10 days or more. However, we employ the recovery period of 10 days in this work.

C. Rate of sick arrival

Rate of sick arrival is the rate in which the new sick individual is introduced into the area of deployment. By varying the rate of sick arrival implies that the observed system is loosen or tighten on the quarantine policy. We employ the value of 10 for the rate of sick arrival as a baseline.

D. Partitioning

One of preventive measures to reduce the COVID-19 outbreak is social distancing. We investigate the effect of area partitioning on the COVID-19 outbreak progression. The partition divides the region into two halves with single opening, that is, individuals are confined to either side of the area of deployment unless they go through the small opening. We employ 90% blockage for the partition.

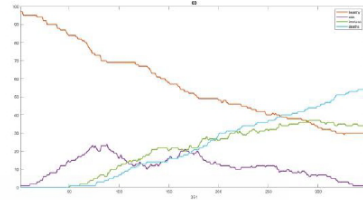


Fig. 3. Preliminary simulation result.

IV. SIMULATION RESULTS

We have conducted an extensive simulation through the custom computer simulation using MATLAB. The area of deployment is 100 x 100 m² grid and 100 individuals are deployed uniformly at random. It is unlikely that the initial placement of individuals incurs any effect on the experiment since they are mobile once the simulation is initiated. The simulation terminates when sick individual is no longer presented in the deployment area.

Our objective is to analyze the outbreak behavior on various demographics and observe on the impact of critically contributed factors described earlier. We study the impact on increased infectious radius, the impact on decreased recovery period, the impact on increased rate of sick arrival, and the impact on partitioning.

To determine the impact of critically contributed factors, the baseline simulation is needed. Fig.3 shows the preliminary simulation result. There exist 4 demographics, healthy, sick, immune, and death in the baseline simulation result. The vertical axis shows the number of individuals in the deployment area while the horizontal axis shows the simulation elapsed time. It is clear that the number of healthy individuals linearly decreases as simulation time progresses.

On the contrary, that the number of dead individuals linearly increases as simulation time progresses beyond 50 time-step. This can be explained by incubation period and sick period which span through the initial of the simulation. The number of sick individuals increases during the beginning of the simulation and slowly decreases as simulation time progresses. Lastly, the number of immune individuals linearly increases as simulation time progresses beyond 50 time-step, similar to that of the dead individuals. The baseline simulation terminates at 350 time-step as no sick individual presented in the deployment area. Needless to say, the preliminary results show various interesting findings.

A. Impact on increased infectious radius

In this section, we investigate on how the infectious radius has an effect on the outbreak behavior, that is, the progression of each type of demographic. The infectious radius of 2 meters is increased to 4 meters in order to observe the impact of increasing infectious radius. Fig.4 shows the impact on increased infectious radius. It is obvious that the number of healthy individuals rapidly decreases as simulation time progresses and remains constant towards the end of the simulation. Note that the number of remaining healthy individuals is less than 10 persons compared with approximately 30 healthy individuals remaining in the

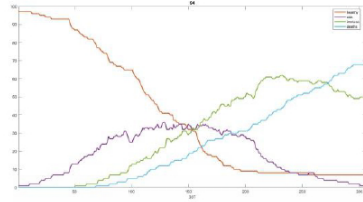


Fig. 4. Impact on increased infectious radius.

baseline simulation. The number of dead individuals monotonically increases as simulation time progresses beyond 50 time-step, similar to that of the baseline simulation. However, the death toll is higher when infectious radius is increased, that is, almost 70 dead individuals at the end of the simulation compared with only 55 dead individuals in case of baseline simulation.

Moreover, the number of sick individuals rapidly increases during the beginning of the simulation, remaining constant in the middle part of the simulation, and rapidly decreases towards the end of the simulation. The number of immune individuals rapidly increases as simulation time progresses beyond 50 time-step, similar to that of the dead individuals. Nevertheless, the number of dead individuals is outnumbered by the number of immune individuals almost throughout the simulation, only at the end of the simulation when the number of dead individuals surpasses the number of immune individuals. The simulation terminates at 310 time-step as no sick individual presented in the deployment area.

B. Impact on decreased recovery period

In this section, we study the impact on decreased recovery period. In the baseline simulation, we employ the recovery period of 10 days, that is, it takes 10 days of elapsed time for sick individual to recover and become immune. We observe the progression of each type of demographic when the recovery period is reduced to 5 days. This can easily be achieved through medicinal administration and vaccination.

Fig.5 depicts the impact on decreased recovery period. Surprisingly, almost all type of demographics exhibit a steady progression throughout the simulation period except for the healthy individuals. It is clear that the number of healthy individuals slowly decreases almost in linear fashion and approximately 70 healthy individuals remaining at the end the simulation. In other words, out of 100 individuals, almost 70 individuals has never been infected and stay healthy. The death toll is very minimal and slow increases as simulation time progresses. It is interesting that the number of sick individuals is also very low and seems to be under control. The number of immune individuals coincided with the number of sick individuals and approximately 20 immune individuals remaining at the end of the simulation. The simulation terminates at 260 time-step as no sick individual presented in the deployment area.

By reducing the time required for sick individuals to recover and become immune, it is obvious that the number of sick individuals is also diminished since the contagious period is shortened. Consequently, the lower number of immune individuals and dead individuals is expected.

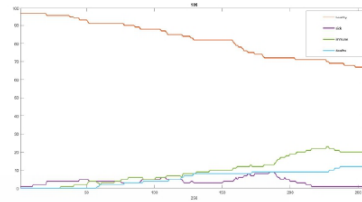


Fig. 5. Impact on decreased recovery period.

C. Impact on increased rate of sick arrival

We then proceed to investigate the impact on increased rate of sick arrival. In the baseline simulation, we employ the value of 10 for the rate of sick arrival. In other words, a sick individual is introduced to the deployment area every 10 time-unit. In this case, a sick individual is introduced to the deployment area every 5 time-unit. By increasing the rate of sick arrival, it implies that the area of deployment is subject to more relaxed quarantine policy.

Fig. 6 illustrates the impact on increased rate of sick arrival. It is frightening to see the number of dead individuals skyrocketing throughout the simulation period. The number of dead individuals monotonically increases and eventually results in over 80 dead individuals when the simulation terminates. The number of sick individuals increases at the beginning of the simulation but slowly decreases during the middle part of the simulation. In fact, it shows a similar pattern to that of the increased infectious radius. The simulation terminates at 410 time-step as no sick individual presented in the deployment area.

The number of healthy individuals rapidly decreases as simulation time progresses and the number of remaining healthy individuals is approximately 20 persons at the end of the simulation. Interestingly, the number of immune individuals exhibits a similar pattern to that found in the increased infectious radius. However, in this case, the number of immune individuals is much lower than that of the increased infectious radius, 30 and 50 individuals, respectively.

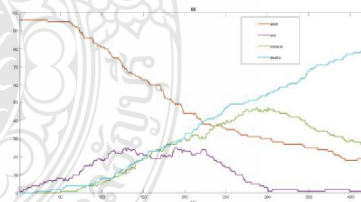


Fig. 6. Impact on increased rate of sick arrival.

D. Impact on partitioning

One of the measures to alleviate the COVID-19 outbreak is to limit the movement of individuals. In fact, it is imperative to keep sick individuals to the confined area, i.e., quarantine. This is achievable by dividing the deployment area into 2 halves through partitioning. However, the

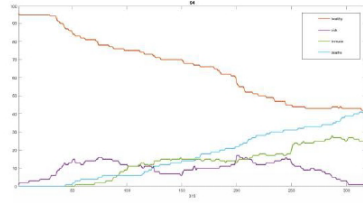


Fig. 7. Impact on partitioning.

complete blockage is not employed in this work but we employ 90% blockage for the partition, that is, there exists 10% opening between the 2 halves of the deployment area which individuals can pass through.

Fig. 7 shows the impact on partitioning. It is clear that partitioning plays a key role in keeping sick individuals at bay. The number of sick individuals stays relatively constant throughout the simulation period and the highest number of sick individuals is less than 20 persons. Consequently, the lower the number of immune individuals and dead individuals when compared to the baseline simulation. It is suffice to say that partitioning is crucial to keep the number of sick individuals under control and ultimately the COVID-19 outbreak.

V. CONCLUSIONS

COVID-19 has a significant impact on how people live and drastically change the future of living, the new normal. The alarming effect of pandemic outbreak forces human to investigate key parameters that have major impact on the outbreak. We investigate the COVID-19 outbreak in contained space through the computer simulation and derive significant parameters as well as their impact on the outbreak behavior. Our studies illustrate the outbreak progression and critically contributed factors that can be used for guideline for early intervention.

REFERENCES

- [1] SARS Basics Fact Sheet, Centers for Disease Control Pre-vention (CDC) [Online]. <https://www.cdc.gov/sars/about/fssar.html>, Dec. 2017.
- [2] L. Wynants et al., "Prediction models for diagnosis and prognosis of COVID-19 infection: Systematic review and critical appraisal," *BMJ*, vol. 369, 2020.
- [3] M. Hu et al., "Risk of Coronavirus Disease 2019 Transmission in Train Passengers: an Epidemiological and Modeling Study," *Clin Infect Dis*, Feb. 2021.
- [4] Z. Yan and Y. Lan, "Modeling COVID-19 infection in a confined space," *Nonlinear Dyn*, 2020.
- [5] S.A. Chillón et al., "Numerical Modeling of the Spread of Cough Saliva Droplets in a Calm Confined Space", *Mathematics*, 2021.

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ - สกุล นางสาวภัทรา กุลเดชชัยชาญ
วัน เดือน ปีเกิด 16 มกราคม 2526
ที่อยู่ 133/1 หมู่ที่ 2 ตำบลบ้านเกาะ อำเภอพระนครศรีอยุธยา
จังหวัดพระนครศรีอยุธยา 13000
การศึกษา ปริญญาตรี คณะวิศวกรรมศาสตร์ สาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า
มหาวิทยาลัยบูรพา
ประสบการณ์การทำงาน หัวหน้าแผนกโครงข่ายสื่อสารหลัก
กองเทคโนโลยีดิจิทัลและการสื่อสาร
ฝ่ายสนับสนุนการบริหารงาน
การไฟฟ้าส่วนภูมิภาค เขต 1 (ภาคกลาง) จังหวัดพระนครศรีอยุธยา
พ.ศ. 2555 ถึงปัจจุบัน
เบอร์โทรศัพท์ 08-9828-5082
อีเมล pattra_k@en.rmutt.ac.th

