

Basic concepts and the construction of compartmental models in zoonotic disease epidemiology in Thailand

Anuwat Wiratsudakul*

*Department of Clinical Sciences and Public Health, Faculty of Veterinary Science, Mahidol University,
999 Phuttamonthon 4 Road, Salaya, Phuttamonthon, Nakhon Pathom 73170

*Corresponding author, E-mail address: anuwat.wir@mahidol.edu

Abstract

More than 75% of emerging infectious diseases are zoonosis. Therefore, comprehension on mechanisms of disease transmission within animal and human populations and among these populations is vitally important. Mathematical models have been developed to simulate how infectious diseases occur and spread as well as effectiveness of related control measures. Compartmental model is one of the most common infectious disease models, for example, SIR (Susceptible-Infectious-Recovered) model. The model is adjustable to the interested factors and dynamics of disease spread. Thus, fundamental data on the occurrence and propagation of disease directly affect model accuracy. To control model complexity, compartmental model is, however, based on multiple basic assumptions. In Thailand, zoonotic models were constructed for some diseases such as avian influenza and leptospirosis. Nevertheless, these models were limitedly developed and lack of policy application. Model translation and communication are crucial to let the model guide interventions for disease control and prevention.

Keywords: epidemiology, mathematical model, Thailand, zoonosis

หลักการพื้นฐานและการสร้างแบบจำลองแบบแบ่งส่วน ในงานด้านวิทยาการระบาดโรคสัตว์สู่คนในประเทศไทย

อนุวัฒน์ วิรัชสุดากุล*

*ภาควิชาเวชศาสตร์คลินิกและการสาธารณสุข คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล
999 ถ.พุทธมณฑล สาย 4 ต. ศาลายา อ.พุทธมณฑล จ.นครปฐม 73170

*ผู้รับผิดชอบบทความ E-mail address: anuwat.wir@mahidol.edu

บทคัดย่อ

โรคติดเชื้ออุบัติใหม่ที่เกิดขึ้นอย่างต่อเนื่องในปัจจุบันกว่า 75% เป็นโรคสัตว์สู่คน ดังนั้น การทำความเข้าใจถึงกลไกการแพร่กระจายของโรคภายในประชากรสัตว์ ประชากรคน รวมทั้งระหว่างประชากรสัตว์และคน จึงมีความสำคัญเป็นอย่างมาก แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ถูกพัฒนาขึ้นเพื่อจำลองการเกิดและการแพร่กระจายของโรคติดเชื้อ รวมทั้งประสิทธิภาพของมาตรการต่างๆ ที่เกี่ยวข้อง แบบจำลองแบบแบ่งส่วนเป็นแบบจำลองโรคติดเชื้อแบบหนึ่งที่ใช้กันมากที่สุด ตัวอย่างเช่น แบบจำลอง SIR (Susceptible-Infectious-Recovered) แบบจำลองนี้สามารถปรับเปลี่ยนได้ตามปัจจัยที่สนใจและพลวัตของการแพร่เชื้อ ดังนั้น ข้อมูลพื้นฐานเกี่ยวกับกลไกการเกิดและการแพร่กระจายของโรคจึงมีผลโดยตรงต่อความแม่นยำของแบบจำลอง อย่างไรก็ตาม แบบจำลองแบบแบ่งส่วนยังอยู่บนพื้นฐานของข้อตกลงเบื้องต้นหลายประการที่กำหนดขึ้นเพื่อให้แบบจำลองไม่ซับซ้อนจนเกินไป ในประเทศไทย มีนักวิจัยสร้างแบบจำลองของโรคสัตว์สู่คนอยู่บ้าง ดังจะเห็นได้จากตัวอย่างของโรคไข้หวัดนกและโรคเลปโตสไปโรซิส อย่างไรก็ตาม การสร้างแบบจำลองเหล่านี้ยังอยู่ในวงจำกัดและขาดการนำไปใช้จริงในเชิงนโยบาย การแปลผล และการสื่อสารแบบจำลองไปสู่แนวทางการสร้างมาตรการป้องกันและควบคุมโรคจึงเป็นเรื่องที่สำคัญยิ่ง

คำสำคัญ : แบบจำลองทางคณิตศาสตร์, ประเทศไทย, โรคสัตว์สู่คน, วิทยาการระบาด

บทนำ

ในปัจจุบัน มีโรคติดเชื้ออุบัติใหม่และอุบัติซ้ำเกิดขึ้นอย่างต่อเนื่อง ตัวอย่างเช่น โรคไขหวัดนก โรคซาร์ส โรคไวรัสอีโบลา โรคเมอร์ส และล่าสุด โรคไวรัสซิกา การระบาดของโรคเหล่านี้ส่งผลกระทบต่อการดำเนินชีวิตของผู้คนและส่งผลเสียหายสาหัสต่อระบบเศรษฐกิจ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในประเทศที่เกิดการระบาดในวงกว้าง เป็นที่น่าสังเกตว่า กว่า 60% ของโรคติดเชื้อที่เกิดขึ้นในคน หรือประมาณ 75% ของโรคติดเชื้ออุบัติใหม่เป็นโรคสัตว์สู่คน (zoonotic diseases) (Taylor et al., 2001; Woolhouse and Gowtage-Sequeria 2005) การติดต่อและการระบาดของโรคเหล่านี้มักมีความซับซ้อน เนื่องจากมีทั้งคนและสัตว์เข้ามาเกี่ยวข้อง การเข้าใจถึงกลไกของการแพร่กระจายของเชื้อ จะช่วยให้การควบคุมและป้องกันโรคเป็นไปได้โดยมีประสิทธิภาพ

แบบจำลองทางคณิตศาสตร์เป็นเครื่องมือที่ใช้ในการอธิบายพลวัตการระบาดของโรคติดเชื้อทั้งในคนและสัตว์ รวมทั้งพยากรณ์การระบาดของโรคและจำลองแนวทางเพื่อให้ผู้มีอำนาจตัดสินใจ (policy maker) เลือกนโยบายที่เหมาะสมในการป้องกันและควบคุมการระบาดของโรคที่เกิดขึ้นได้ (Siettos and Russo 2013) ด้วยพัฒนาการที่รวดเร็วของวงการคอมพิวเตอร์ คอมพิวเตอร์ในปัจจุบันจึงมีความสามารถในการประมวลผลข้อมูลขนาดใหญ่ได้ภายในระยะเวลาอันสั้น สามารถรองรับการสร้างแบบจำลองที่มีความซับซ้อนได้ เป็นผลให้งานทางด้านแบบจำลองทางคณิตศาสตร์พัฒนาไปอย่างรวดเร็วเช่นกัน

การทบทวนวรรณกรรมครั้งนี้ จึงมีจุดประสงค์ที่จะอธิบายถึงพัฒนาการของการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ด้านวิทยาการระบาด หลักการพื้นฐานและการประยุกต์ใช้กับโรคสัตว์สู่คนที่เกิดขึ้นในประเทศไทย เพื่อให้เข้าใจการศึกษาในลักษณะนี้ สามารถนำไปต่อยอดงานวิจัย และนำไปสู่การสร้างนโยบายที่เกี่ยวข้องได้

พัฒนาการของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

ในทางวิทยาการระบาด แบบจำลองทางคณิตศาสตร์เป็นกระบวนการรวบรวมข้อมูลและสมมติฐานที่เกี่ยวข้องกับการแพร่กระจายของโรคติดเชื้ออย่างเป็นระบบ แล้วนำไปใช้คาดการณ์การระบาดของโรคในเชิงปริมาณ โดยอยู่บนกฎและพื้นฐานทางคณิตศาสตร์ (Wu and Cowling 2011) การประยุกต์ใช้แบบจำลองทางคณิตศาสตร์

ในการศึกษาเกี่ยวกับการระบาดของโรคไม่ใช่เรื่องใหม่แต่อย่างใด งานที่ถือได้ว่าเป็นยุคบุกเบิกของการศึกษาด้านนี้คือ การศึกษาของ Bernoulli (1766) ซึ่งสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์เพื่อวิเคราะห์ผลของการปลูกฝีป้องกันโรคไข้ทรพิษแบบโบราณ โดยใช้เชื้อจากหนองฝีหรือสะเก็ดฝี (variolation) ที่มีต่อการคาดหมายคงชีพ (life expectancy) ของคนที่อาศัยอยู่ในสหราชอาณาจักร ต่อมา Lambert (1772) ได้ศึกษาต่อยอดจากงานของ Bernoulli โดยนำพารามิเตอร์เกี่ยวกับอายุมาใช้ในการวิเคราะห์เพิ่มเติม

อย่างไรก็ตาม การศึกษาการระบาดของโรคติดเชื้อโดยใช้แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ในระยะแรกนั้น ยังคงพัฒนาอย่างไม่เป็นระบบ จนกระทั่ง Sir Ronald Ross ได้สร้างชุดสมการเพื่ออธิบายพลวัตการติดต่อของเชื้อมาลาเรียระหว่างคนและยุง (Ross 1911) นับว่าเป็นจุดเริ่มต้นของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ด้านวิทยาการระบาดยุคใหม่ จากนั้น Kermack และ McKendrick (1927, 1932, 1933) ได้ต่อยอดแนวคิดของ Ross โดยสร้างแบบจำลองแบบแบ่งส่วนบนพื้นฐานของกฎอัตรา (law of mass action) และ Macdonald (1952) ได้อธิบายการแพร่กระจายของเชื้อมาลาเรียในเชิงลึกและเสนอวิธีการกำจัดโรคอย่างเป็นรูปธรรม ทำให้แบบจำลองที่อธิบายถึงพลวัตของการระบาดและการควบคุมโรคติดเชื้อที่นำโดยยุง ถูกเรียกว่า แบบจำลอง Ross-Macdonald (Smith et al., 2012) ต่อมา Reed และ Frost ได้เสนอแบบจำลองแบบลูกโซ่ทวินาม (chain binomial model) (Frost 1976) และ Enko (1989) ได้พัฒนาแบบจำลองความน่าจะเป็น (probabilistic model) เพื่ออธิบายการระบาดของโรคหัด ซึ่งเป็นพื้นฐานนำไปสู่การพัฒนาแบบจำลองขั้นสูงในเวลาต่อมา โดยลำดับเวลาของการพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ด้านวิทยาการระบาด สามารถสรุปได้ดังตารางที่ 1

ปัจจุบัน มีผู้พัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์เพื่อศึกษาการระบาดของโรคติดเชื้อในหลายรูปแบบ อย่างไรก็ตาม แบบจำลองแบบแบ่งส่วน (compartmental model) ยังเป็นแบบจำลองที่ได้รับความนิยมอย่างต่อเนื่อง จากลักษณะของแบบจำลองที่มีความชัดเจน สามารถอธิบายพลวัตของการระบาดได้ง่าย ซึ่งผู้เขียนจะขยายความในลำดับถัดไป

ตารางที่ 1 พัฒนาการของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ด้านวิทยาการระบาด

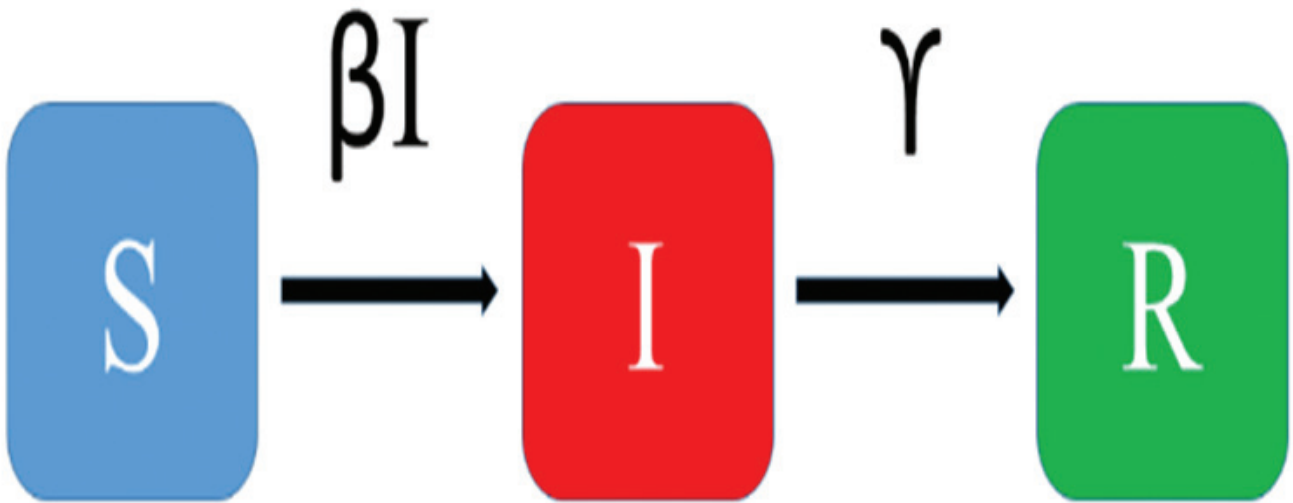
ปี พ.ศ.	การศึกษาเกี่ยวกับแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ด้านวิทยาการระบาด	อ้างอิง
2309	Bernoulli สร้างแบบจำลองเพื่อวิเคราะห์ผลของการทำ Variolation ที่มีต่ออายุคาดเฉลี่ยของคนในสหราชอาณาจักร	Bernoulli (1766)
2315	Lambert ต่อยอดการศึกษาของ Bernoulli โดยเพิ่มพารามิเตอร์เกี่ยวกับอายุ	Lambert (1772)
2454	Ross สร้างแบบจำลองเพื่ออธิบายการติดต่อของเชื้อมาลาเรียระหว่างคนและยุง เป็นจุดเริ่มต้นของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ด้านวิทยาการระบาดยุคใหม่	Ross (1911)
2470-2476	Kermack และ McKendrick สร้างแบบจำลองอันเป็นจุดเริ่มต้นของแบบจำลอง SIR	Kermack and McKendrick (1927, 1932, 1933)
2495	Macdonald พัฒนาแบบจำลองของ Ross ไปสู่แบบจำลองเชิงปฏิบัติการ จนกลายเป็นแบบจำลอง Ross-Macdonald	Macdonald (1952)
2519	Reed และ Frost เสนอแบบจำลองลูกโซ่ทวินาม	Frost (1976)
2532	Enko สร้างแบบจำลองความน่าจะเป็น เพื่ออธิบายการระบาดของโรคหัด ซึ่งเป็นพื้นฐานของแบบจำลองชั้นสูง	Enko (1989)

แบบจำลองแบบแบ่งส่วน

แบบจำลองแบบแบ่งส่วนได้แบ่งประชากรที่สนใจตามสถานะสุขภาพ (health status) และรูปแบบการตอบสนองทางวิทยามิคุ้มกันของโรคที่ศึกษา โดยสามารถแบ่งได้หลายแบบ เช่น SI (Susceptible-Infectious), SIS (Susceptible-Infectious-Susceptible), SIR (Susceptible-Infectious-Recovered), SEIR (Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered), SEIRS (Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered-Susceptible), MSEIR (Maternal-Susceptible-

Exposed-Infectious-Recovered), MSEIRS (Maternal-Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered-Susceptible) เป็นต้น ในที่นี้จะขออธิบายถึงแบบจำลอง SIR เพื่อสร้างความเข้าใจถึงรูปแบบของแบบจำลองแบบแบ่งส่วนดังนี้

แบบจำลอง SIR แบ่งประชากรเป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มไวต่อการติดเชื้อ (Susceptible) กลุ่มที่ติดและสามารถแพร่เชื้อได้ (Infectious) และกลุ่มที่หายจากการติดเชื้อและมีคุ้มกันต่อเชื้อ (Recovered) ดังแสดงในรูปที่ 1



รูปที่ 1 แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ SIR โดยที่ S แทนกลุ่มประชากรที่ไวต่อการติดเชื้อ (Susceptible) I แทนกลุ่มที่ติดและสามารถแพร่เชื้อได้ (Infectious) และ R แทนประชากรที่หายจากการติดเชื้อและมีภูมิคุ้มกันต่อเชื้อ (Recovered) β แทนอัตราการแพร่เชื้อ (Transmission rate) และ γ แทนอัตราการหายจากการติดเชื้อ (Recovery rate)

ประชากรในแต่ละสถานะจะมีการเปลี่ยนผ่านสถานะเมื่อเวลาผ่านไป ดังแสดงในสมการเชิงอนุพันธ์ของ Kermack and McKendrick (1927) ต่อไปนี้

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N} \quad (1)$$

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

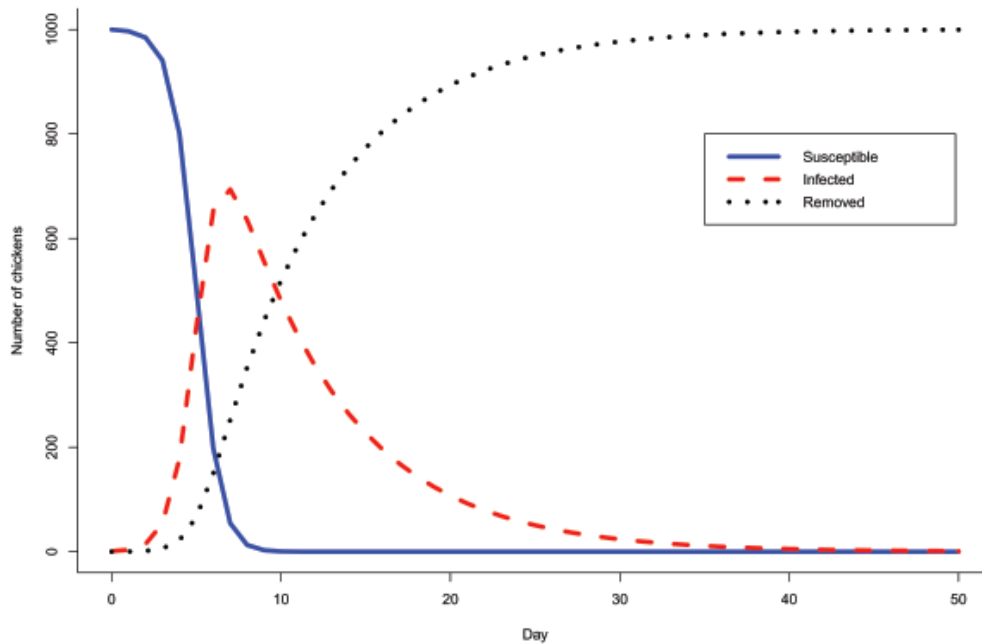
$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3)$$

เพื่อให้เกิดความเข้าใจถึงกลไกการเปลี่ยนสถานะของประชากร ขอยกตัวอย่างการศึกษาของ Wiratsudakul (2014) ซึ่งได้สร้างแบบจำลอง SIR เพื่อศึกษาการแพร่กระจายของเชื้อไข้หวัดนก สายพันธุ์ H5N1 ในไก่พื้นเมืองในจังหวัดพิษณุโลก โดยเริ่มจากการกำหนดให้ไก่ทุกตัวอยู่ในสถานะไวต่อการติดเชื้อ (S) จากนั้น จึงจำลองการเกิดโรคโดยกำหนดให้ไก่ 1 ตัวติดเชื้อ (I) และให้เชื้อแพร่กระจายออกไปด้วยอัตราการแพร่เชื้อ (β) ค่าหนึ่ง และไก่ที่ติดเชื้อจะตายจากการติดเชื้อ (R) ด้วยอัตราการตายอีกค่าหนึ่ง (γ) ในรูปที่ 2 กำหนดให้จำนวนไก่ที่ไวต่อการติดเชื้อมี 1,000 ตัว และในวันแรกของการ

จำลอง กำหนดให้ไก่ 1 ตัวติดเชื้อ ด้วยอัตราการแพร่เชื้อเท่ากับ 1.5 ผลปรากฏว่า จำนวนไก่ที่ไวต่อการติดเชื้อลดลงอย่างรวดเร็ว และไก่ทั้ง 1,000 ตัว ติดเชื้อทั้งหมดภายในระยะเวลา 10 วัน ในขณะเดียวกัน ไก่ที่ติดเชื้อได้ทยอยตายด้วยอัตราการตาย 0.15 จนตายหมดเมื่อเวลาผ่านไป 47 วัน แบบจำลองนี้สร้างขึ้นบนข้อตกลงเบื้องต้น (basic assumption) ที่ว่า ไก่ทุกตัวมีโอกาสสัมผัสและติดเชื้อกันได้ (homogenous mixing) และไม่มีการควบคุมการติดเชื้อ

จะเห็นได้ว่า แบบจำลองแบบแบ่งส่วนนี้ยังอยู่บนพื้นฐานของข้อตกลงเบื้องต้นหลายข้อ โดยทั่วไป แบบจำลองแบบแบ่งส่วนมีข้อตกลงเบื้องต้น (Johnson and Mcquarrie 2009) ดังต่อไปนี้

1. ประชากรในแบบจำลองไม่มีการเปลี่ยนแปลงตลอดช่วงเวลาที่สนใจ
2. ทางเดียวที่ประชากรที่ไวต่อการติดเชื้อจะเปลี่ยนสถานะได้คือการติดเชื้อเท่านั้น
3. ทางเดียวที่ประชากรที่ติดเชื้อจะเปลี่ยนสถานะได้คือการตายหรือหายจากการติดเชื้อและมีภูมิคุ้มกันต่อเชื้อเท่านั้น
4. อายุ เพศ พันธุ์ เชื้อชาติ ไม่มีผลต่อโอกาสในการติดเชื้อ



รูปที่ 2 การเปลี่ยนผ่านสถานะในแบบจำลอง SIR ของการติดเชื้อไข้หวัดนก สายพันธุ์ H5N1 ในไก่พื้นเมืองในจังหวัดพิษณุโลก (Wiratsudakul 2014) โดยเริ่มจากไก่ที่ไวต่อการติดเชื้อจำนวน 1,000 ตัว ($\beta = 1.5$ และ $\gamma = 0.15$)

5. ภูมิคุ้มกันจากแม่สู่ลูกไม่ถูกนำมาพิจารณาในแบบจำลอง

6. ประชากรที่สนใจทั้งหมดมีโอกาสสัมผัสและติดเชื้อกันได้

อย่างไรก็ตาม ผู้สร้างแบบจำลองมักปรับข้อตกลงเบื้องต้นเหล่านี้ เพื่อให้แบบจำลองมีความใกล้เคียงกับความเป็นจริงมากขึ้น

แบบจำลองแบบแบ่งส่วนกับวิทยาการระบาดโรคสัตว์สู่คนในประเทศไทย

จากการระบาดของโรคไข้หวัดนก สายพันธุ์ H5N1 ในประเทศไทย ระหว่างปี พ.ศ. 2547-2551 (Chantong and Kaneene 2011) แบบจำลองแบบแบ่งส่วนได้ถูกนำมาอธิบายการระบาดดังกล่าวในหลายรูปแบบ ตัวอย่างเช่น Tiensin et al. (2007) ใช้แบบจำลอง SIR ระดับภายในฝูงในการประมาณค่าอัตราการแพร่เชื้อและค่า Basic reproduction number ของการระบาดที่เกิดขึ้นในปี พ.ศ. 2547 ต่อมา แบบ

จำลอง SIR ได้ถูกนำมาใช้ประมาณค่า Reproduction number ในการระบาดระดับตำบลของโรคไข้หวัดนก ระหว่างปี พ.ศ. 2547-2548 การศึกษานี้ได้นำศาสตร์ด้านวิทยาการระบาดเชิงพื้นที่มาร่วมในการวิเคราะห์ และพบว่าการแพร่กระจายของเชื้อส่วนใหญ่เกิดขึ้นในรัศมีไม่เกิน 32 กิโลเมตร จากจุดเกิดโรค (Marquetoux et al., 2012) จากนั้น Wiratsudakul (2014) ได้สร้างแบบจำลองพลวัต (dynamic model) เพื่ออธิบายรูปแบบการค้าไก่บนเครือข่ายของผู้ค้าไก่พื้นเมืองในจังหวัดพิษณุโลก และใช้แบบจำลอง SIR อธิบายการแพร่กระจายของเชื้อไข้หวัดนกบนเครือข่ายดังกล่าว แล้วจึงสร้างแบบจำลองเชิงนโยบาย (intervention model) เพื่อประเมินผลของมาตรการที่ควรใช้ในการควบคุมการระบาดของโรคไข้หวัดนกในจังหวัดพิษณุโลก อย่างไรก็ตาม ยังมีผู้สร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์รูปแบบอื่น เพื่ออธิบายการระบาดของโรคไข้หวัดนกในประเทศไทย ตัวอย่างเช่น แบบจำลอง Individual-based (Wilasang et al., 2016) เป็นต้น

โรคเลปโตสไปโรซิสเป็นโรคสัตว์คู่คนอีกโรคหนึ่งที่มีความสำคัญมากในทางสาธารณสุข โรคนี้ถูกรายงานครั้งแรกในประเทศไทย เมื่อปี พ.ศ. 2485 (Tangkanakul et al., 2005) แม้เวลาจะผ่านไปกว่า 70 ปี การระบาดของโรคนี้ยังคงพบได้อย่างต่อเนื่อง เพื่อให้เกิดความเข้าใจในพลวัตการระบาดของโรค นักวิจัยได้นำแบบจำลองแบบแบ่งส่วนมาใช้ในการอธิบายการแพร่กระจายของเชื้อทั้งภายในประชากรคน ประชากรสัตว์ รวมทั้งระหว่างคนและสัตว์ Triampo et al. (2006) ได้สร้างแบบจำลองอย่างง่าย โดยแบ่งประชากรออกเป็นสองส่วนคือ หนูและคน ในหนู นักวิจัยได้สร้างแบบจำลอง SI ขึ้น ส่วนในคน นักวิจัยได้ใช้แบบจำลอง SIR ในการอธิบายการแพร่กระจายของเชื้อ ผลที่ได้จากแบบจำลองมีความสอดคล้องกับข้อมูลเชิงประจักษ์ จากนั้น มีนักวิจัยเสนอแบบจำลองที่ซับซ้อนยิ่งขึ้นโดยนำปัจจัยด้านอายุของคนเข้ามาเกี่ยวข้อง โดยอ้างอิงจากข้อสังเกตที่ว่า โรคเลปโตสไปโรซิสพบในผู้ใหญ่มากกว่าเด็ก นักวิจัยท่านนี้จึงแยกประชากรคนออกเป็นสองกลุ่ม คือ ผู้ใหญ่และเด็กอายุไม่เกิน 15 ปี จากนั้นจึงสร้างแบบจำลองของประชากรทั้งสองกลุ่มนี้แยกกัน ส่วนในหนู ยังคงใช้แบบจำลอง SI เหมือนเดิม (Pongsumpun 2012) นอกจากนี้ปัจจัยด้านอายุแล้ว เพศเป็นอีกปัจจัยหนึ่งที่สามารถนำมาแบ่งส่วนแบบจำลองได้ ดังจะเห็นได้จากการศึกษาของ Pongsumpun (2014) ที่แบ่งแบบจำลอง SIR ในส่วนของคนเป็นเพศหญิงและชาย เนื่องจากโรคเลปโตสไปโรซิสพบได้ในเพศชายมากกว่าเพศหญิง จะเห็นได้ว่า แบบจำลองทางคณิตศาสตร์สามารถปรับเปลี่ยนได้ตามปัจจัยที่สนใจศึกษา ทั้งนี้เพื่อให้เข้าใจถึงผลของปัจจัยดังกล่าวและนำไปสู่การสร้างมาตรการในการป้องกันและควบคุมโรคที่มีประสิทธิภาพต่อไป

อย่างไรก็ตาม การสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคสัตว์คู่คนในประเทศไทยยังมีข้อจำกัดอยู่บ้าง ข้อจำกัดที่เป็นอุปสรรคมากที่สุดคือ ข้อมูลในภาคสนามทั้งเชิงปริมาณและคุณภาพ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในโรคสัตว์คู่คน ซึ่งต้องใช้ข้อมูลทั้งส่วนของคนและสัตว์ เมื่อเกิดการระบาดของโรคขึ้น การสร้างเส้นโค้งการระบาด (epidemic curve) มีความสำคัญมากในการอธิบายพลวัตของการระบาดและนำไปสู่การสร้างแบบจำลองที่สมจริง ทว่า หากได้ข้อมูลที่ไม่ครบถ้วน เช่น ในเชิงปริมาณ ไม่สามารถติดตามจำนวนคนหรือสัตว์ป่วยได้ครบ หรือในเชิงคุณภาพ นิยามผู้ป่วยหรือสัตว์ป่วย (case definition) มีความไวและความจำเพาะที่ไม่เหมาะสม อาจทำให้ไม่สามารถสร้างแบบจำลองที่สะท้อนการระบาดครั้งนั้นได้

ข้อจำกัดที่สำคัญอีกประการหนึ่งคือ ตัวแบบจำลองทางคณิตศาสตร์เองที่สร้างอยู่บนพื้นฐานของสหสาขาวิชา กล่าวคือ ต้องใช้ความรู้ทางคณิตศาสตร์ในการสร้าง แต่กลไกภายในเป็นไปตามหลักการทางชีวการแพทย์ ดังนั้น จึงทำให้ยากแก่การแปลผลและการสื่อสารผลของแบบจำลอง อีกทั้งแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ยังสร้างโดยมีข้อตกลงพื้นฐานหลายประการ ดังที่กล่าวไว้ในข้างต้น ทั้งนี้เนื่องจากการระบาดที่เกิดขึ้นจริงมีความซับซ้อนและมีปัจจัยที่เกี่ยวข้องมากกว่าที่จะนำมาจำลองพร้อมกันทั้งหมดได้ นักวิจัยจึงจำเป็นต้องใช้ข้อตกลงพื้นฐานเหล่านี้มาร่วมในการสร้างแบบจำลอง นอกจากนั้น พลวัตของการระบาดของโรอยังเกิดขึ้นอย่างรวดเร็ว และเมื่อเกิดการระบาด หน่วยงานที่เกี่ยวข้องจำเป็นต้องสร้างมาตรการเพื่อรับมือการระบาดนั้นโดยเร็ว ทำให้สิ่งที่คาดการณ์ในแบบจำลองซึ่งอาจสร้างบนพื้นฐานของเหตุการณ์ที่เลวร้ายที่สุด (worst-case scenario) ไม่ตรงกับความเป็นจริงที่เกิดขึ้น เป็นผลให้เกิดความไม่มั่นใจในความแม่นยำของแบบจำลอง เช่น กรณีตัวอย่างของความไม่มั่นใจและการวิพากษ์วิจารณ์ที่เกิดกับแบบจำลอง

การระบาดของโรคไวรัสอีโบล่า (Butler 2014) โรคไข้หวัดใหญ่ (Nougairède et al., 2011) และโรคซาร์ส (Glasser et al., 2011) การสื่อสารแบบจำลองให้สังคมเข้าใจ จึงเป็นสิ่งที่นักวิจัยด้านแบบจำลองจำเป็นต้องเรียนรู้และปฏิบัติให้ได้

ด้วยข้อจำกัดที่กล่าวไว้ในข้างต้น ทำให้การสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคติดเชื้อ โดยเฉพาะอย่างยิ่งโรคสัตว์สู่คน ยังคงอยู่ในวงจำกัด และการนำแบบจำลองไปใช้ในการกำหนดนโยบายเพื่อรับมือกับการระบาดยังไม่เกิดขึ้นอย่างเป็นรูปธรรม ดังนั้น นักวิจัยที่มีความสนใจในงานด้านแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคติดเชื้อจำเป็นต้องเข้าใจถึงข้อจำกัดและพยายามสื่อสารผลของสร้างแบบจำลองกับผู้กำหนดนโยบาย เพื่อให้เกิดนำไปใช้จริงในการป้องกันและควบคุมโรค และเกิดการพัฒนาต่อยอดเป็นแบบจำลองที่มีถูกต้องแม่นยำมากขึ้นต่อไป สำหรับผู้ที่สนใจในศาสตร์ด้านนี้ แต่ยังไม่มีความรู้พื้นฐานในการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ ควรเริ่มต้นด้วยการทำความเข้าใจเกี่ยวกับพลวัตการระบาดของโรคติดเชื้อและพื้นฐานการสร้างแบบจำลองเบื้องต้น จากนั้น จึงเลือกโรคที่สนใจหรือมีความถนัด เพื่อใช้เป็นตัวอย่างในการสร้างแบบจำลอง และในปัจจุบัน มีโปรแกรมคอมพิวเตอร์หลายโปรแกรมที่สามารถนำมาใช้ในการสร้างแบบจำลองได้อย่างมีประสิทธิภาพ ตัวอย่างเช่น MathLab (MathWorks, MA, USA) และ โปรแกรม R (R development core team, Vienna, Austria) ซึ่งจำเป็นต้องทำความเข้าใจและฝึกใช้งานจนเกิดความชำนาญ และนำไปใช้ในการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคติดเชื้อได้

สรุป

แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ถูกพัฒนาขึ้นและนำมาใช้ในทางวิทยาการระบาดมาแล้วไม่ต่ำกว่า 250 ปี ดังนั้น ศาสตร์นี้จึงไม่ใช่เรื่องใหม่แต่อย่างใด แบบจำลองแบบแบ่งส่วนได้เริ่มใช้ครั้งแรกในการอธิบายการระบาดของเชื้อ

มาลาเรีย จากนั้น จึงนำมาประยุกต์ใช้กับโรคติดเชื้ออุบัติใหม่อื่นๆ โดยเฉพาะอย่างยิ่งโรคสัตว์สู่คน การแบ่งส่วนในแบบจำลองมักอิงตามกลไกการแพร่กระจายของเชื้อแต่ละชนิด ดังนั้น ข้อมูลพื้นฐานของการเกิดและแพร่กระจายของเชื้อ จึงมีผลอย่างมากต่อความแม่นยำของแบบจำลอง สำหรับประเทศไทย มีนักวิจัยสนใจสร้างแบบจำลองโรคสัตว์สู่คนอยู่บ้าง ดังจะเห็นได้จากตัวอย่างของโรคไข้หวัดนกและโรคเลปโตสไปโรซิส อย่างไรก็ตาม การสร้างแบบจำลองเหล่านี้ยังอยู่ในวงจำกัดและขาดการนำไปใช้จริงในเชิงนโยบาย การแปลผลและการสื่อสารแบบจำลองไปสู่แนวทางการสร้างมาตรการป้องกันและควบคุมโรคจึงเป็นเรื่องที่สำคัญยิ่ง

เอกสารอ้างอิง

- Bernoulli D. Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite vérole. *Mém Math Phys Acad Roy Sci Paris*. 1766; 1: 1-45.
- Butler D. Models overestimate Ebola cases. *Nature*. 2014; 515(7525): 18-18.
- Chantong W, Kaneene JB. Poultry raising systems and Highly Pathogenic Avian Influenza outbreaks in Thailand: the situation, associations, and impacts. *Southeast Asian J Trop Med Public Health*. 2011; 42(3): 596-608.
- Enko PD. On the course of epidemics of some infectious diseases. *Int J Epidemiol*. 1989; 18(4): 749-55.
- Frost WH. Some conceptions of epidemics in general by Wade Hampton Frost. *Am J Epidemiol*. 1976; 103(2): 141-51.
- Glasser JW, Hupert N, McCauley MM, Hatchett R. Modeling and public health emergency responses: lessons from SARS. *Epidemics*. 2011; 3(1): 32-7.

- Johnson T, Mcquarrie B. Mathematical modeling of diseases: Susceptible-Infected-Recovered (SIR) model. 2009.
- Kermack WO, McKendrick AG. A contribution to the mathematical theory of epidemics. Proc R Soc A Math Phys Eng Sci . 1927; 115(772): 700-21.
- Kermack WO, McKendrick AG. contributions to the mathematical theory of epidemics. II. the problem of endemicity. Proc R Soc A Math Phys Eng Sci. 1932; 138(834): 55-83.
- Kermack WO, McKendrick AG. contributions to the mathematical theory of epidemics. III. further studies of the problem of endemicity. Proc R Soc A Math Phys Eng Sci. 1933; 141(843): 94-122.
- Lambert J. Die Toedlichkeit der Kinderblattern. Beytrage zum gebrauche der mathematik und deren anwendung. Buchhandlung der Realschule. 1772; 3: 568.
- Macdonald G. The analysis of equilibrium in Malaria. Trop Dis Bull. 1952; 49(9): 813-29.
- Marquetoux N, Paul M, Wongnarkpet S, Poolkhet C, Thanapongtharm W, Roger F, et al. Estimating spatial and temporal variations of the reproduction number for Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 epidemic in Thailand. Prev Vet Med. 2012; 106(2): 143-51.
- Nougairede A, Charrel RN, Raoult D. Models cannot predict future outbreaks: A/H1N1 virus, the paradigm. Eur J Epidemiol. 2011; 26(3): 183-6.
- Pongsumpun P. Mathematical model for the transmission of Leptospirosis in juvenile and adults humans. World Acad Sci Eng Technol Int J Math Comput Phys Electr Comput Eng. 2012; 6(12): 1639-44.
- Pongsumpun P. Leptospirosis transmission model with the gender of human and season in Thailand. J Basic Appl Sci Res. 2014; 4(1): 245-56.
- Ross R. The prevention of Malaria. London: John Murray; 1911. p. 651-86.
- Siettos CI, Russo L. Mathematical modeling of infectious disease dynamics. Virulence. 2013; 4(4): 295-306.
- Smith DL, Battle KE, Hay SI, Barker CM, Scott TW, McKenzie FE. Ross, Macdonald, and a theory for the dynamics and control of mosquito-transmitted pathogens. PLoS Pathog. 2012; 8(4): e1002588.
- Tangkanakul W, Smits HL, Jatanasen S, Ashford DA. Leptospirosis: an emerging health problem in Thailand. Southeast Asian J Trop Med Public Health. 2005; 36(2): 281-8.
- Taylor LH, Latham SM, Woolhouse ME. Risk factors for human disease emergence. Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci. 2001; 356(1411): 983-9.
- Tiensin T, Nielen M, Vernooij H, Songserm T, Kalpravidh W, Chotiprasatintara S, et al. Transmission of the Highly Pathogenic Avian Influenza virus H5N1 within flocks during the 2004 epidemic in Thailand. J Infect Dis. 2007; 196(11): 1679-84.

- Triampo W, Baowan D, Tang IM, Nuttavut N, Wong-Ekkabut J, Douchawee G. A simple deterministic model for the spread of Leptospirosis in Thailand. *Int J Biol Med Sci.* 2006; 2(1): 22-6.
- Wilasang C, Wiratsudakul A, Chadsuthi S, Wilasang C, Wiratsudakul A, Chadsuthi S. The dynamics of Avian Influenza: individual-based model with intervention strategies in traditional trade networks in Phitsanulok province, Thailand. *Comput Math Methods Med.* 2016; 2016: 1-12.
- Wiratsudakul A. Mathematical modelling of the infectious spread of Avian Influenza on a backyard chicken production chain in Thailand. PhD thesis. Clermont-Ferrand 2; 2014.
- Woolhouse MEJ, Gowtage-Sequeria S. Host range and emerging and reemerging pathogens. *Emerg Infect Dis.* 2005; 11(12): 1842-7.
- Wu JT, Cowling BJ. The use of mathematical models to inform influenza pandemic preparedness and response. *Exp Biol Med.* 2011; 236(8): 955-61.